

协同人工免疫计算模型的研究

王 磊, 刘小勇

(西安理工大学计算机科学与工程学院, 陕西西安 710048)

摘 要: 针对现有人工免疫模型在计算效能方面仍然存在的一些问题, 本文借鉴生命科学中协同进化的概念与方式, 探讨了一种协同人工免疫计算模型的实现方法, 旨在改善当前该类计算模型中的不足. 其主要思想在于分析种群进化过程中, 在免疫疫苗亦随之进化的情况下, 如何建立疫苗库与种群间的协同进化机制以提高算法全局搜索最优解或者满意解的概率. 通过理论分析和针对多组 TSP 问题的仿真计算, 结果表明该模型在搜索最优解或满意解均优于传统的遗传算法, 同时在寻优效率上有较大提升.

关键词: 智能计算; 免疫算法; 协同进化; TSP 问题

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2009) 08-1739-07

A Study on a Coordinative Immune-Computing Model

WANG Lei, LIU Xiao-yong

(Faculty of Computer Science and Engineering, Xi'an University of Technology, Xi'an, Shaanxi 710048, China)

Abstract: For the limited computing efficiency of existing artificial immune models, a novel method is proposed to improve their searching capabilities, which makes use of some coordinative mechanisms with referring to such kind of models or concepts in natural world. With regarded to the fact that a vaccine itself evolves along with population's evolution, this method aims at setting up a coordinative relation between the population and the vaccination-base during the whole evolutionary process, in order to raise the probability with which the algorithm finds the optimum or a satisfied solution. Both theoretical analysis and the simulation on multi examples of TSP problem, show that this model appears better than traditional genetic algorithms, and the searching efficiency for the globally optimum is greatly improved as well.

Key words: intelligent computing; immune algorithms; cooperation evolution; TSP

1 引言

众所周知, 计算机科学工作者一直对生物界所表现出的智能行为具有浓厚的兴趣, 并不断地从生物免疫系统的结构、功能及其调节机制中获得启发^[1]. 上世纪六十年代, Bagley 和 Rosenberg 等先驱在对遗传 (Heredity) 和免疫 (Immunity) 等自然现象进行了广泛而深入的研究后将其成果成功应用于工程科学的某些领域. 1986 年, Farmer 等人^[2]率先基于免疫网络学说给出了免疫系统的动态模型, 并探讨了免疫系统与其它人工智能方法的联系, 由此开启了针对人工免疫系统研究的热潮. 特别是 1996 年在日本召开的专题讨论会以后, 人工免疫系统的研究更是进入了快速发展期. 诸如 Dasgupta、De Castro、Forrest、丁永生、焦李成等学者也在大量工作的基础上, 认识到人工免疫系统将成为人工智能领域理论和

应用的热点^[3-7], 其相关研究成果也先后面世, 极大地促进了这一领域的研究工作.

在前人工作的基础上, 我们在早期的工作中针对经典遗传算法框架也试探性地引入了一个新的算子——免疫算子 (Immune Operator)^[8]. 但该模型中尚存在一些不完善的地方, 例如一旦对待求问题不具备足够多的正确先验知识或者没有正确地将这些先验知识提取成疫苗, 即提取到了错误的疫苗, 那无疑会给待求问题的求解带来一定的难度, 相应的也会使算法的运行效率大打折扣; 此外, 疫苗被提取出来以后就不再发生变化了, 这些提取出来的疫苗与种群的进化是单方向作用的, 疫苗得不到种群进化过程中的任何信息, 如果疫苗有错, 那将得不到任何的修正, 可以预见这些错误的疫苗会大大降低整个种群的进化效率和在搜索最优解或满意解时起到的阻碍作用.

收稿日期: 2008-08-21; 修回日期: 2008-12-08

基金项目: 国家自然科学基金 (No. 60603026)

本文在人工免疫相关理论的基础上,结合协同进化理论,对现有的人工免疫模型的协同计算方法进行了一些探索.该模型部分仍沿用我们前期提出的人工免疫算法,即利用接种疫苗的方式对进化过程进行必要的干涉,同时结合进化过程中的最优个体对疫苗进行必要的修正.在这种方式下,疫苗与种群的同步进化、相互作用,即达到一种协同进化的状态.通过我们对典型 TSP 问题的仿真实验,并同几个传统的遗传算法进行比较,协同人工免疫模型在求解精度和寻优时间上都表现出一定的优势.

2 协同人工免疫模型

2.1 协同模型

协同进化(Co-evolution)的概念首先来自于生物学,由埃利希和雷文(Ehrlich & Raven, 1964)在讨论植物与植食性昆虫相互作用对进化的影响时最早提出的^[9].此后,不同的研究者虽然对该词从不同角度有不同的理解,但被普遍认可的“协同进化”概念还是在 1980 年由 Jazen 给出^[10],即:协同进化是一个物种的某一特性由于回应另一物种的某一特性而进化,而后者的该特性也同样由于回应前者的特性而进化.其中,特定性,即每一个性状的进化都是由于另一个性状;相互性,即两个性状都必须进化;同时性,即两个性状必须同时进化.

协同进化算法是一种新的进化算法框架,它借鉴了自然界中的协同进化机制,摒弃了传统的只在单物种内部进化的算法,引入了生态的概念,提出了物种之间相互作用的思想,生态系统中多个物种相互作用,共同进化,从而使整个系统不断演进^[11].

2.2 协同人工免疫模型

从前面的分析中可以看出免疫算法的一些不足,在借鉴了协同模型的思想之后,本文提出了一种改进的基于协同模型的人工免疫模型(Cooperation-based artificial immune model, 即 CAIM).该模型在原人工免疫模型的基础上对免疫疫苗进行了加强,使得疫苗可以随着种群的进化不断地更新.这样,疫苗与种群之间就构成了协同关系,它们各自分别进化,又同时相互作用.

2.2.1 模型描述

为了更好地描述 CAIM 模型,先引入如下几个概念.

定义 1 基因(Gene):组成待求问题解的最基本单位.

定义 2 个体(Individual):针对待求问题的一种解.

定义 3 抗体(Antibody):针对待求问题的所有可

能的解.其中,每一种解都是一个个体,个体的集合就形成了抗体.

定义 4 抗原(Antigen):在针对待求问题的解中可能存在着错误的基因.

定义 5 染色体(Chromosome):针对待求问题的解的一种数据组织结构,即基因的组合.

定义 6 疫苗(Vaccine):指根据对待求问题的先验知识以及种群进化过程中的较优个体总结而得到的对最优个体的基因估计.特别地,疫苗是其中较优的染色体.

在实际的操作过程中,首先,对待求问题进行分析,根据对待求问题的先验知识提取出最基本的特征信息,然后将这些信息组合构成最基本的疫苗,存入建立起来的疫苗库中;其次,在种群进化的过程中,将这些疫苗以某种形式逐步地注射给抗原,修改种群个体中的一些不好的染色体,加速其进化;最后,在种群进化过程中得到的较优个体与疫苗库中的疫苗进行对比,根据较优个体中的基因位再对疫苗库中的不良疫苗进行修改以及增加一些新疫苗操作.

综上所述,这里所提出的协同思想主要是从疫苗库中提取出合理的疫苗对抗原进行注射,再通过种群进化过程中得到的优秀个体对疫苗进行必要的修正和补充,使得种群与疫苗之间建立起相互关系,协同发展进化,相互作用,形成良性循环.前者是让疫苗帮助种群更好的进化,防止种群的退化;后者是希望种群帮助疫苗进行必要的改良.具体而言,它们分别是:

接种疫苗,是指从疫苗库中随机选取一条或几条疫苗,对抗原的对应的基因位进行修改,以使得个体在以后的进化过程中具有较高的适应度.

更新疫苗,是指从种群进化过程中得到的优秀个体中提取一些疫苗来更新疫苗库.这一操作要分两步完成.第一步是提取疫苗操作,即从优秀个体中提取到较优的基因染色体放入疫苗库中;第二步则是检测疫苗库操作,即当把新的疫苗加入疫苗库中后,可能会使原有疫苗库中的某些疫苗发生必要的修改以满足疫苗的生成条件.例如,如果从优秀个体中提取到一个疫苗,按照某一概率如果录用此疫苗,将其放入疫苗库中,那么就要检验疫苗库中所有具有此新疫苗基因的疫苗,将它们相对应的基因位上的值均改成新疫苗中的值.

2.2.2 协同算子的机理与构造

设种群在进化过程中到某一代时解集合为 $G_{p_i} = \{I_1, I_2, \dots, I_n\}$, 且 $Fitness(I_i) \geq Fitness(I_j)$, $i \in \{1, 2, \dots, n\}$, $j = \{j | j \in \{1, 2, \dots, n\} \text{ 且 } j \neq i\}$. 经过 α 代的耐受测试之后,则从 I_i 中提取到的疫苗为 $V_{I_i} = \{v_1, v_2, \dots,$

v_m },那么提取出来的新疫苗将更新疫苗库.

设原疫苗库中的疫苗为 $V_0 = \{v_1^0, v_2^0, \dots, v_n^0\}$.

2.2.2.1 吞并算子

设分别从第 t 代的最优个体与原疫苗库中得到的两个疫苗 $v_i^t = \{g_1, g_2, \dots, g_p\}$ 和 $v_i^0 = \{g_1, g_2, \dots, g_q\}$, 如果满足条件

$$\forall g_i \in v_i^0, \text{ 并且 } g_i \in v_i^t, i = 1, 2, \dots, q \quad (1)$$

则疫苗 v_i 完全吞并疫苗 v_i^0 , 产生的新疫苗为 $v_i^{t+1} = \{g_1, g_2, \dots, g_p\}$.

从式(1)可知,疫苗 v_i^t 包含疫苗 v_i^0 , 即整体上疫苗 v_i^0 劣于疫苗 v_i^t , 这时以疫苗 v_i^t 进化种群获得的解比以疫苗 v_i^0 进化种群获得的解更优的可能性很大, 所以疫苗 v_i^0 必须灭亡. 另一方面, 疫苗 v_i^0 的灭亡与新疫苗的生成, 同时会给整个疫苗库中其他的疫苗带来相应的影响, 这时就要用分裂算子进行疫苗的修正.

2.2.2.2 分裂算子

设分别从第 t 代的最优个体与上一代疫苗库中得到的两个疫苗 $v_i^t = \{g_1, \dots, g_k, \dots, g_l\}$ 和 $v_i^{t-1} = \{g_m, \dots, g_n, \dots, g_p\}$, 如果满足条件

$$\{g_k, \dots, g_l\} \subset v_i^t = \{g_m, \dots, g_n\} \subset v_i^{t-1} \quad (2)$$

则表明原疫苗 v_i^{t-1} 中只有部分基因位为最优的, 所以根据新疫苗 v_i^t 的构成来将原疫苗 v_i^{t-1} 分裂成两个新疫苗, 即 $v_{i,1}^{t+1} = \{g_1, \dots, g_k, \dots, g_l\}$ 和 $v_{i,2}^{t+1} = \{g_{l+1}, \dots, g_p\}$.

从式(2)可知,疫苗 v_i^t 只包含了疫苗 v_i^{t-1} 的一部分, 这时就将原疫苗 v_i^{t-1} 分裂成 $v_{i,1}^{t+1}$ 和 $v_{i,2}^{t+1}$ 两个新疫苗了. 这样做虽然疫苗可能会被断开的很多, 但这些疫苗都是最优的, 在进化种群获得的解更优的可能性也就越大. 另一方面, 被断开的疫苗 $v_{i,2}^{t+1}$ 很有可能又会被其他的疫苗吞并, 生成新的疫苗.

由于吞并算子和分裂算子的引入, 使得疫苗库不在是一个被动地只保存最优个体的地方. 疫苗库可以根据吞并算子和分裂算子自己进化, 在疫苗库中将疫苗进化成最优, 就能更好地促进种群的进化. 这样, 疫苗库与种群的并行进化也形成了协同的态势.

2.2.3 算法流程

基于以上对算法过程的描述与分析, 算法的具体执行过程如下表述:

Procedure 基于协同人工免疫模型算法

Begin:

提取疫苗:

While($V_i(g_k) \neq V_j(g_k)$, 即出现两个相同基因位上的值不同时)

if $V_i < V_j$ /* 表示疫苗 V_j 是比疫苗 V_i 较新的疫苗 */

$V_j(g_k) \xrightarrow{\text{吞并}} V_i(g_k);$ /* 新基因吞并旧基因 */

if $V_i(g_{k-m} \dots g_{k-1}) = V_j(g_{k-m} \dots g_{k-1}) \parallel V_i(g_{k+1} \dots g_{k+n}) = V_j$

$(g_{k+1} \dots g_{k+m})$

$V_i(g_{k-m-1} \dots g_k \dots g_{k+n}) \xrightarrow{\text{分裂}} V_{j1}(g_{k-m} \dots g_k) + V_{j2}(g_{k+1} \dots g_{k+m});$ /* 旧基因分裂为两新基因 */

End While

生成疫苗库;

根据提取概率 $P1$ 在疫苗库中选取疫苗 $V_i(g_1 \dots g_k)$;

种群进化:

While(未达到预定迭代次数 $\parallel (F(t) - F(t-1)) \geq \epsilon$)

if $I_i \leq M_1$ (适应度阈值) /* 选取适应度函数值较低的个体进行疫苗接种 */

$I_i(g_1 \dots g_k) = V_i(g_1 \dots g_k);$ /* 疫苗接种 */

计算种群的适应度函数;

$t = t + 1$, 产生新一代种群 $G(t)$;

if $I_i \geq M_2$ /* 选取适应度函数值较高的个体进行疫苗提取 */

$V_j(g_m \dots g_n) = I_i(g_m \dots g_n);$ /* 提取疫苗 */

End While

End.

结合上述过程, CAIM 算法的流程图可如图 1 所示.

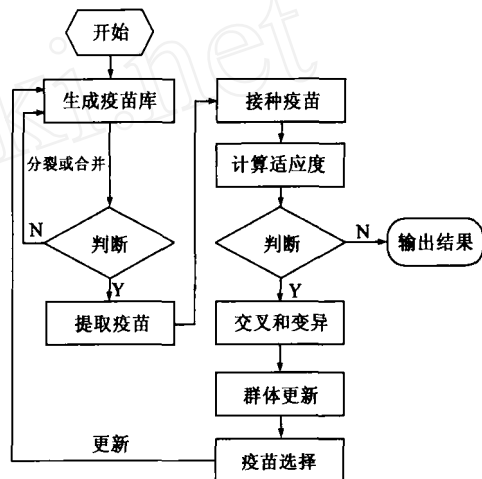


图1 协同免疫算法流程图

2.2.4 算法收敛性分析

为说明 CAIM 算法的收敛性, 这里先给出收敛性的定义, 如下所示:

定义 7 如果对于任意的初始分布均有

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \sum_{i \in S^*} p\{A_k^i\} = 1 \quad (3)$$

则称算法收敛.

定理 1 简单遗传算法(GA)不能以概率 1 收敛到全局最优解^[12].

定理 2 如果在逐代的演化过程中, GA 保留最好的解, 并且算法以杂交和变异作为随机化算子, 则对于一个全局优化问题, 随着演化代数趋向于无穷, GA 将以概率 1 收敛到全局最优解^[12].

定理 3 免疫算法是以概率 1 收敛的^[8].

定理 4 协同免疫算法是以概率 1 收敛的.

证明 随机过程 $\{A_k | k=1, 2, \dots\}$ 显然是一个马尔可夫过程. 设 X 为搜索空间, S 是状态空间, 用 $|S|$ 表示 S 中的状态的数量. 用 $s_i \in S, i=1, 2, \dots, |S|$, 表示 s_i 是 S 中的某一状态. 用 A_k^i 表示随机变量 A 在第 k 代时处于状态 s_i . 设 f 是适应度函数, 令

$$S^* = \{s \in S | f(s) = \max_{s_i \in S} f(s_i)\} \quad (4)$$

则可如下定义算法的收敛性.

从疫苗的定义来看, 可以表述为: $V_i = \min \{ |g_i - g_j| | i, j \in n \}$, n 为基因个数, 假设, 在进化过程的某一代中有一个优秀个体为:

$I_i = (g_1, g_2, g_3, \dots, g_n)$, 且 $d(g_i, g_j, g_l) < d_{V_i}(g_i, g_m, g_l)$ 那么就提取 (或者更新) 疫苗为: $V_i(g_i, g_j, g_l)$, 不难看出, 在局部疫苗是在不断地变好, 即疫苗的有效连接在增加.

算法的状态转移情况可用如下的随机过程来表述:

$$A_k \xrightarrow{\text{交叉、变异}} B_k \xrightarrow{\text{接种疫苗}} C_k \xrightarrow{\text{免疫选择}} A_{k+1}$$

设 $s_i = (x_1, \dots, x_n) \in S$, 记 $f(s_i) = f(x_1, \dots, x_n)$, 如果 $f(s_i) - f(s_j) \geq 0$, 则记为 $s_i \geq s_j$, 说明 s_i 的解决方案优于 s_j 的解决方案. 此外记 $I = \{i | s_i \geq s_j, \forall s_j \in S\}$, 并且记 $f^* = \max_{s_i \in S} f(s_i)$.

设 $p_{ij}(k)$ 为马尔可夫过程 $\{A_k | k=1, 2, \dots\}$ 的一步转移概率, 则:

$$p_{ij}(k) = P\{A_{k+1}^i / A_k^j\} \quad (5)$$

(1) 当 $i \in I, j \notin I$ 时: $f(s_i) - f(s_j) \geq 0$

$$\begin{aligned} P\{A_{k+1}^i / A_k^j\} &= \sum_{s_j \in S} \left[\exp(f(s_j)/T_k) / \sum_{s_i \in S} \exp(f(s_i)/T_k) \right] \\ &\leq \frac{\exp(f(s_j)/T_k)}{\alpha \exp(f(s_i)/T_k)} \\ &= \frac{1}{\alpha} \exp(-(f(s_i) - f(s_j))/T_k) \\ &= \delta \end{aligned}$$

显然 $\delta \rightarrow 0$ (随着种群的不断进化). 所以可得: $p_{ij} \leq \sum_{s_j \in S} P\{A_{k+1}^i / A_k^j\} = \delta$.

(2) 当 $i \notin I, j \in I$ 时: $f(s_j) - f(s_i) \geq 0$

可知:

$$p_{ij}(k) \geq \sum_{s_j \in S} P\{C_k^i / A_k^j\} P\{A_{k+1}^i / A_k^j C_k^i\} \quad (6)$$

由 C-K 方程可知:

$$\begin{aligned} P\{C_k^i / A_k^j\} &= \sum_{b=1}^{|S|} \sum_{c=1}^{|S|} P\{B_k^b / A_k^j\} P\{C_k^i / B_k^b\} \\ &\geq \sum_{c=1}^{|S|} P\{B_k^c / A_k^j\} P\{C_k^i / B_k^c\} \\ P\{A_{k+1}^i / A_k^j\} &= \prod_{s_j \in S} \left[\exp(f(s_j)/T_k) / \sum_{s_i \in S} \exp(f(s_i)/T_k) \right] \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} &\geq \prod_{s_j \in S} \left[\exp(f^*/T_k) / \sum_{s_i \in S} \exp(f^*/T_k) \right] \\ &\geq \exp((f(s_j) - f(s_i))/T_k) \end{aligned}$$

(3) 设 $P\{A_k^i\}$ 为 $P_k(i)$, 并记 $P_k = \sum_{i \in I} P_k(i)$, 由马尔可夫链的性质可知:

$$P_{k+1} = \sum_{i \in I} \sum_{j \notin I} P_k(i) p_{ij}(k) + \sum_{i \notin I} \sum_{j \in I} P_k(i) p_{ij}(k) \quad (7)$$

由于:

$$\sum_{i \notin I} \sum_{j \notin I} P_k(i) p_{ij}(k) + \sum_{i \notin I} \sum_{j \in I} P_k(i) p_{ij}(k) = \sum_{i \notin I} P_k(i) = P_k$$

因此:

$$\sum_{i \notin I} \sum_{j \notin I} P_k(i) p_{ij}(k) = P_k - \sum_{i \notin I} \sum_{j \in I} P_k(i) p_{ij}(k)$$

将上式代入式(7)得:

$$\begin{aligned} P_{k+1} &= P_k + \sum_{i \in I} \sum_{j \notin I} P_k(i) p_{ij}(k) - \sum_{i \notin I} \sum_{j \in I} P_k(i) p_{ij}(k) \\ &= P_k + \delta - \beta P_k = (1 - \beta) P_k + \delta \end{aligned} \quad (8)$$

由于 $\delta \rightarrow 0$, 显然可见: $\lim_{k \rightarrow \infty} P_k = 0$, 所以有:

$$\lim_{k \rightarrow \infty} \sum_{i \in I} P_k(i) = 1 - \lim_{k \rightarrow \infty} P_k = 1 \quad (9)$$

故 $\lim_{k \rightarrow \infty} \sum_{s_i \in S^*} p\{A_k^i\} = 1$. 定理证毕.

所以, 协同免疫算法也是以概率 1 收敛的.

3 求解 TSP 问题的 CAIM 算法分析

旅行商问题(TSP)因其是典型的 NP-hard 问题而长期以来一直受到研究者的关注. 近年来关于解决 TSP 方法与文章也是层出不穷, TSP 问题显然已经成为各种新算法, 新模型检验自身是否成熟的一块试金石^[13].

TSP 问题可以简单的形式化地描述为: 若对于 N 个城市 $V = \{v_1, v_2, v_3, \dots, v_n\}$ 的一次访问顺序为 $T = (t_1, t_2, t_3, \dots, t_i, \dots, t_n)$, 其中 $t_i \in V (i=1, 2, 3, \dots, n)$, 且记 $t_{(n+1)} = t_1$, 则旅行商问题的数学模型为: $\min L = \sum d(t_i, t_{(i+1)}) (i=1, 2, 3, \dots, n)$.

3.1 编码与适应度函数

为了方便且直观起见, CAIM 模型采用城市的遍历次序作为抗体的编码, 抗体细胞 $Ab_i = (c_1, c_2, c_3, \dots, c_n)$ (n 为 TSP 问题的城市数, c_i 为城市编号) 的适应度函数 $F(Ab_i)$ 采用如下式计算:

$$F(Ab_i) = (76.5 \times L \times \sqrt{N}) / \text{Dis}(Ab_i) \quad (10)$$

其中, L 为包含所有城市的最小正方形边长, N 为城市数目, $\text{Dis}(Ab_i)$ 为抗体细胞对应路径长度.

3.2 疫苗的生成与检测操作

疫苗的正确生成与合理性, 是 CAIM 模型的关键. 疫苗的正确率越高, 那么种群就进化得越快; 疫苗的正确率越高, 那么得到的最优解或满意解就会越好.

根据 TSP 问题的具体分析: 城市 c_i 即为基因; $\langle c_i, c_j \rangle$ 则表示了城市 c_i 到 c_j 的一条路径, 即为疫苗; link

(c_i)表示这个城市与其他城市连接的个数以及编号.这里,我们采用式(11)对基因作如下操作:

$$d_{ij} = \sqrt{(c_i - c_j)^2} (i, j \in [1, N], \text{且 } i \neq j) \quad (11)$$

规则 1 疫苗的初始生成.

IF c_i, c_j 满足 $\min\{|c_i, c_j|\}$, 其中 $i, j \in [1, N]$ 且 $i \neq j$
Then $V(c_i, c_j)$;
If c_i 满足 $\text{link}(c_i) > 2$
Then $\text{cut}(\max\{|c_i - \text{link}(c_i)|\})$

规则 2 疫苗的吞并和分裂.

IF $V_i(c_1 \cdots c_k) \neq V_j(c_1 \cdots c_k) \cap d_{V_i(c_1 \cdots c_k)} < d_{V_j(c_1 \cdots c_k)}$
Then $V_j(c_1 \cdots c_k) \xrightarrow{\text{吞并}} V_i(c_1 \cdots c_k)$
If $d_{V_i(c_1 \cdots c_k)} < d_{V_j(c_1 \cdots c_k)}$
Then $V_j(c_1 \cdots c_k) \xrightarrow{\text{分裂}} V_{j1}(c_1 \cdots c_m) + V_{j2}(c_{m+1} \cdots c_k)$

规则 3 疫苗的检验.

IF c_i 满足 $\text{link}(c_i) > 2 \cup \text{update}(c_i, c_j)$
Then $\text{cut}(\max\{|c_i - \text{link}(c_i)|\})$

3.3 种群的进化与检测操作

得到了高质量疫苗的支持,种群的进化就显得得心应手了.

规则 4 种群的初始化.

While($c_i, i \in N, \text{link}(c_i) \neq 2$)
If $V_i(c_m \cdots c_n)$ 且 $\text{link}(c_n) = 1$
If $V_j(c_p \cdots c_q)$ 且 $\text{link}(c_p) = 1$
Then $\text{LINK}(V_i, V_j)$
End While

规则 5 种群个体适应度计算.

IF $F(Ab_i) < \alpha / *$ 个体的适应度值太低 * /
Then 规则 6

IF $F(Ab_i) - F(Ab_{i-1}) < \epsilon / *$ 前后两代中最优个体的适应度值小于某一阈值 * /

Then 输出结果

规则 6 种群的变异.

IF $Ab_i = (c_1, c_2, c_3, \cdots, c_n)$
THEN 随机抽取两基因位上的值进行交叉操作.

规则 7 疫苗的提取.

IF $V_i(c_1 \cdots c_k) \neq Ab_j(c_1 \cdots c_k) \cap d_{Ab(c_1 \cdots c_k)} < d_{V_i(c_1 \cdots c_k)}$
Then $Ab(c_1 \cdots c_k) \xrightarrow{\text{提取疫苗}} V_i(c_1 \cdots c_k)$

4 仿真实验

实验选用了 TSPLIB 中几个典型的实例,所有算法均在 MATLAB 7.0 程序中仿真实现,各算法均运行在 Inter(R)Pentium(R)4 CPU 3.00GHz,内存 504M, Windows XP 操作系统的 PC 机上实验的.

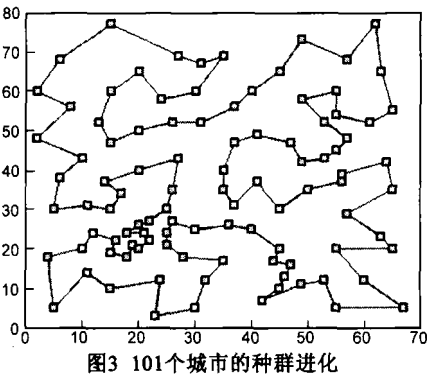
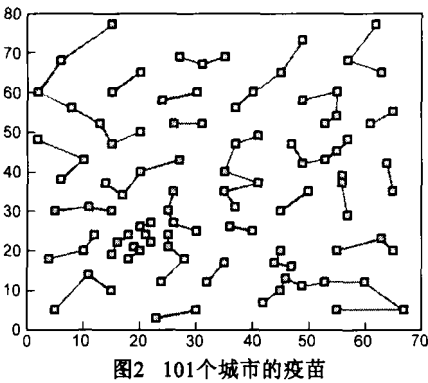
采用 CAIM 算法得到的仿真数据与遗传算法、郭涛算法(GT)^[14]的搜索性能进行了比较.表 1 为 CAIM 和其他算法在不同规模实例上的搜索能力的比较.表中 n 为城市的数量, σ 偏差的计算公式为:

$$\sigma \% = \left(\sum_{i=1}^T (S_i - S_0) \right) / (T \times S_0) \times 100\% \quad (12)$$

其中, T 为独立实验次数, S_i 为每次实验得到的最优解路径长度, S_0 为已知最优解路径长度.

表 1 CAIM 与遗传算法、GT 算法在各种实例上的搜索能力比较

Instance	城市数目	S_0	$\sigma \% (\text{mean})$			Average running time(s)		
			CAIM	GT	GA	CAIM	GT	GA
eil101	101	629	0.5497	0.7217	0.7782	31.203	52.938	33.625
pcb442	442	5078	0.7808	0.9275	0.9297	92.406	198.438	93.344
gr532	532	27686	0.9392	0.9809	0.9817	137	254.917	115.375
gr1002	1002	259045	0.4120	0.9580	0.9620	598.812	637.984	231.718
pcb1173	1173	56892	0.5634	0.9579	0.9581	889.281	1066.4	254.735
Average			0.6490	0.9092	0.9219	349.7404	442.0958	145.759



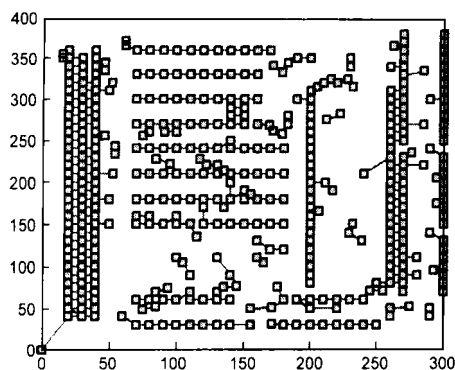


图4 422个城市的疫苗

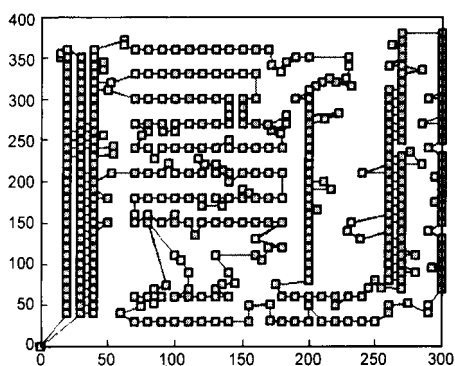


图5 422个城市的种群进化结果

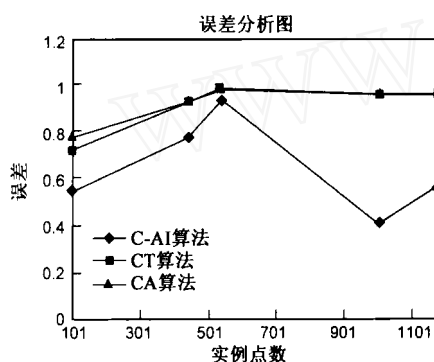


图6 各个城市的误差比较

该例中,表1中数据为10次独立实验的统计结果.可以看出,CAIM算法在求得解的质量上优于其他两种算法.在运行时间上,CAIM算法优于GT,却稍逊于GA.虽然CAIM算法耗时比GA要长,平均耗时约为GA的2.39倍.然而,这种时间的代价却换了解质量的进一步提高.

5 总结与展望

TSP问题是一个典型的组合优化问题,而如何利用先验知识或者算法自适应地学习到关于问题的知识来改进TSP问题的求解,是解决大规模TSP问题的一条思路.因此,疫苗与种群如何合理地协同工作,相互作用,相互促进,以提高算法在全局范围内搜索到最优解或者满意解的概率,是本文工作的出发点.

受人工免疫系统的启发,我们改进了疫苗库运用

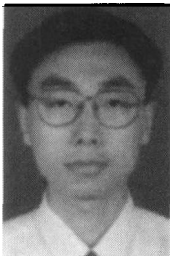
规则的设计,通过疫苗库与种群间的协同进化原理,来实现提高算法在全局搜索最优解或者满意解的概率这一最终目标.实验结果表明,CAIM算法在解的质量上有较大的提高,与GA相比,CAIM用合理的时间代价换取了算法搜索性能的提高,该算法适合求解大规模TSP问题.

参考文献:

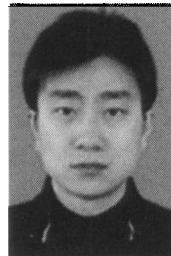
- [1] ERICA Klarreich. Inspired by immunity[J]. Nature, 2002, 415: 468 - 470.
- [2] Farmer J D, Packard N H, Perelson A S. The immune system, adaptation, and machine learning[J]. Physica D, 1986, 22(D): 187 - 204.
- [3] Dasgupta D, Gonzalez F. An immunity-based technique to characterize intrusions in computer networks[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2002, 6(3): 156 - 162.
- [4] De Castro L. N, Von Zuben F J. Learning and optimization using the clonal selection principle[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2002, 6(3): 239 - 251.
- [5] Esponda F, Forrest S, Helman P. A formal framework for positive and negative detection[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics-Part B: Cybernetics, 2004, 34(1): 357 - 373.
- [6] 丁永生, 任立红. 人工免疫系统: 理论与应用[J]. 模式识别与人工智能, 2000, 13(1): 52 - 59.
Ding Yong-sheng, Ren Li-hong. Artificial immune system: theory and application[J]. Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 2000, 13(1): 52 - 59. (in Chinese)
- [7] 焦李成, 杜海峰. 人工免疫系统进展与展望[J]. 电子学报, 2003, 31(10): 1540 - 1541.
Jiao Li-cheng, Du Hai-feng. Development and prospect of the artificial immune system[J]. Acta Electronica Sinica, 2003, 31(10): 1540 - 1541. (in Chinese)
- [8] 王磊, 潘进, 焦李成. 免疫算法[J]. 电子学报, 2000, 28(7): 74 - 78.
Wang Lei, Pan Jin, Jiao Li-cheng. The immune algorithm[J]. Acta Electronica Sinica, 2000, 28(7): 74 - 78. (in Chinese)
- [9] Ehrlich P R, Raven P H. Butterflies and plants: a study in co-evolution[J]. Evolution, 1964, 18(4): 586 - 608.
- [10] Jazen D H. When is it coevolution? [J]. Evolution, 1980, 34(3): 611 - 612.
- [11] 范晓光, 赵国材. 基于混合免疫协同进化算法的模糊-PI优化控制[J]. 沈阳工业大学学报, 2007, 29(2): 161 - 162.
Fan Xiao-guang, Zhao Guo-cai. Fuzzy-PI optimization control based on hybrid immune co-evolutionary algorithm[J]. Journal of Shenyang University of Technology, 2007, 29(2): 161 - 162. (in Chinese)
- [12] Rudolph G. Convergence analysis of canonical genetic algo-

- rithms[J]. IEEE Transactions on neural networks, 1994, 5 (1):96 - 101.
- [13] 戚玉涛,焦李成,刘芳.基于并行人工免疫算法的大规模 TSP 问题求解[J].电子学报,2008,36(8):1552 - 1557.
- Qi Yu-tao, Jiao Li-cheng, Liu Fang. Parallel artificial immune algorithm for large-scale TSP[J]. Acta Electronica Sinica, 2008, 36(8):1552 - 1557. (in Chinese)
- [14] Guo T, Michalewicz Z. Inver-over operator for the TSP[A]. Eiben AE, et al, eds. Proc of the 5th Parallel Problem Solving from Nature Conf[C]. Berlin: Springer-Verlag, 1998. 803 - 812.

作者简介:



王 磊 男,1972 年生,博士,教授,博士生导师,中国电子学会、中国计算机学会高级会员。主要研究方向涉及人工免疫理论、智能计算、普适计算等。目前主持国家自然科学基金一项,省部级基金多项,“信息系统分析与设计”国家双语示范课程负责人。



刘小勇 男,1980 生,硕士研究生,研究方向:人工免疫理论,智能计算。

E-mail: lxy800619@sina.com

(上接第 1738 页)

- [15] 谢水清,杨阳,杨仲乐.脑-机接口中高性能虚拟键盘的实现[J].中南民族大学学报(自然科学版),2004,23(2): 38 - 40.
- [16] Croft R J, Barry R J. Removal of ocular artifact from the EEG: a review[J]. Neurophysiologie Clinique/Clinical Neurophysiology, 2000, 30(1):5 - 19.
- [17] Spencer K M, Polich J. Post-stimulus EEG spectral analysis and P300: Attention, task, and probability[J]. Psychophysiology, 1999, 36:220 - 232
- [18] Sutton S, Braren M, Zubin J, John E R. Information delivery and the sensory evoked potential[J]. Science, 1965, 155:1436 - 1439.
- [19] Shannon C E, Weaver W. The mathematical theory of communication[D]. Urbana, Illinois: Univ. Illinois Press, 1963.
- [20] Wickens C, Kramer A, Vanasse L, Donchin E. Performance of concurrent tasks: a psychophysiological analysis of the reciprocity of information-processing resources [J]. Science, 1983, 221:1080 - 1082.