

精英类克隆选择算法平均收敛速度估计

洪 露¹, 龚成龙¹, 王经卓¹, 纪志成²

(1. 淮海工学院电子工程学院, 江苏连云港 222005; 2. 江南大学物联网工程学院, 江苏无锡 214122)

摘 要: 克隆选择算法收敛速度估计是算法研究的一个难问题, 目前还是处于初始的研究阶段. 本文对一大类精英保持策略克隆选择算法的收敛速度问题进行了研究. 首先利用算法种群中最佳个体的定向转移概率导出最佳个体的转移概率矩阵, 针对实际应用中由于算法种群规模过大而导致该矩阵求取较困难的问题, 将最佳个体的转移概率矩阵构造满足一定条件的矩阵范数, 从而提出一种更为简单有效的算法平均收敛速度估计的新方法. 对不同的精英保持策略克隆选择算法进行了收敛速度估计仿真实验, 其结果表明了该估计方法的有效性.

关键词: 克隆选择算法; 精英策略; 平均收敛速度; 转移概率; 矩阵范数

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2015)05-0916-06

电子学报 URL: <http://www.ejournal.org.cn> **DOI:** 10.3969/j.issn.0372-2112.2015.05.013

Convergence Rate Estimation of Elitist Clonal Selection Algorithm

HONG Lu¹, GONG Cheng-long¹, WANG Jing-zhuo¹, JI Zhi-cheng²

(1. Department of Electronic Engineering, Huaihai Institute of Technology, Lianyungang, Jiangsu 222005, China;

2. Department of Internet of Things Engineering, Jiangnan University, Wuxi, Jiangsu 214122, China)

Abstract: Convergence rate estimation of clonal selection algorithm is a difficult problem and it is still in the initial stage. The convergence rate of elitist clonal selection algorithm is studied in this paper. The best individual transition probability matrix is derived from the best individual directional transition probability in algorithm populations. It is difficult to calculate the matrix due to the large algorithm population size in practical applications. On the basis of certain conditions, the best individual transition probability matrix is constructed to a matrix norm and a simpler and more effective new average convergence rate estimation method of a class of clonal selection algorithm is proposed. The simulation experiments of different elitist clonal selection algorithms show the validity of the estimation method.

Key words: clonal selection algorithm; elitist strategy; average convergence rate; transition probability; matrix norm

1 引言

人工免疫算法是一种受生物免疫机制启发而建立的用于解决各种复杂问题的智能算法. 作为人工免疫算法的重要研究分支, 克隆选择算法已受到越来越多的国内外计算智能专家、学者的密切关注^[1,2]. 克隆选择算法的研究虽然取得了不少成果, 但主要还是集中在算法的实现、改进与工程应用方面, 理论性研究主要集中在算法的全局收敛性方面.

近年来, 不少专家学者以马尔可夫链理论为主要工具, 在克隆选择算法的极限收敛、依概率收敛、几乎处处收敛等方面取得了部分研究成果^[3~5]. 收敛速度分析作为克隆选择算法理论研究中的另一个重要问题, 不仅可从侧面来阐明算法的收敛性, 而且对建立合适的停机准则及恰当的度量标准以全面、客观地评价算法各种执行

策略具有重要意义^[6]. 由于算法的收敛速度不仅受算法参数选择的影响, 还受目标函数特性的影响, 而且缺乏有效的分析手段和方法, 时至今日, 关于克隆选择算法的收敛速度研究还是处于初始阶段, 其研究成果还鲜有见报道, 尚无严格的理论结论, 这种一般数学基础的缺乏正限制着克隆选择算法的进一步推广、发展和应用^[7].

目前关于克隆选择算法收敛速度的研究方法大多是基于马尔可夫链理论, 通过研究算法的状态转移矩阵的特征值来对算法的收敛速度进行估计^[8]. 首先, 该方法是通过状态转移矩阵中小于1的最大特征值的估计来得到算法的近似收敛速度, 然而特征值的合理估计需要进一步讨论. 其次, 该方法的收敛速度估计过于保守, 因为这种方法得到的最终稳态分布中, 抗体种群中完全由满意解组成. 在算法实际应用中, 我们往往只需要最终的稳态分布中只有某个或某些抗体的亲和度

达到最优解,而不需所有抗体都达到最优解。

文献[9]给出了一种免疫遗传算法收敛到最优解的时间期望具体表达式,该方法计算复杂,并且依赖于算法的具体算子,结论中尚有需要进一步讨论的参数。

文献[10]对一种改进的克隆选择算法提出一种基于马尔可夫链模型的依概率收敛速度估计方法,得到的结果是一种概率形式表达式,在算法具体实际的应用中并不适合。重要的是,基于这些方法取得一些定性的研究成果且只适用于某些特定形式的克隆选择算法,难以形成对一般克隆选择算法收敛速度的估计,仍不具有代表性^[11]。

精英保持策略是保证算法收敛的基本条件,现已众多改进的克隆选择算法都是以此为基础进行改进的,本文借鉴遗传算法中收敛速度的分析方法,针对一大类精英保持策略的克隆选择算法(Elitist Clonal Selection Algorithm, ECSA),运用随机过程相关知识,从最佳个体的转移概率矩阵出发,将最佳个体的转移概率矩阵构造满足一定条件的矩阵范数,从而提出一种更简单有效的一类 ECSA 平均收敛速度估计的新方法,并对不同的精英保持策略的克隆选择算法进行仿真实验,实验结果验证了该收敛速度估计方法的有效性。

2 精英保持策略克隆选择算法

克隆选择机理是生物免疫学最著名的机理之一^[12]。基于该机理的克隆选择算法其基本思想是将待求目标函数视为抗原,函数的可行解视为抗体,抗体和抗原的亲和度对应着可行解的函数值。只有那些识别抗原的细胞才分裂扩增,相对那些不能识别抗原的细胞而被选择,被选择的细胞受制于亲和度成熟过程。克隆选择算法本身所具备的特性,决定了算法对于各种优化问题的求解有着巨大的潜力,可以预见克隆选择算法将会在优化领域中得到广泛的应用。

其中 De Castro 于 2002 年提出的 CLONALG 算法是近年来最具代表性的一种克隆选择算法^[13],它的出现标志着从免疫自身机理出发开发智能算法解决优化问题的开始,之后研究人员从不同的角度借鉴克隆选择机理,相继提出了不同的克隆选择算法,大部分算法都是基于精英保持策略改进而来的^[14~17]。为了说明问题方便,本文给出一类 ECSA 的基本步骤和流程框图。

Step1 抗体初始化。设 $i=0$,随机生成一个初始抗体集合 $X(0)=\{X_1, X_2, \dots, X_N\}$,个体采用二进制编码,长度为 L ,抗体个数为 N 。

Step2 亲和度计算。计算抗体集 $X(i)$ 中所有抗体的亲和度 $f(X_i)$ 。

Step3 精英保持操作。在 $X(i)$ 中选择亲和度最高的个体 X^* ,直接进入下一代。

Step4 抗体克隆成熟操作。对 $X(i)$ 剩余的 $N-1$ 个抗体进行克隆、变异操作,产生新的抗体集 $X(i+1)$ 。

Step5 免疫更新操作。随即产生 d 个新抗体,替代 $X(i+1)$ 中 d 个亲和度最低的个体。

Step6 $i=i+1$,重复执行 Step2 ~ Step6,直到满足结束条件为止。

ECSA 算法的基本流程框图如图 1 所示。

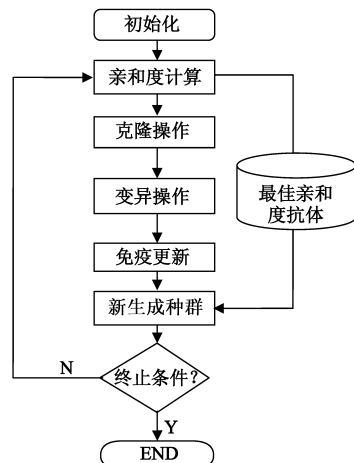


图1 ECSA的基本流程框图

3 收敛速度分析

在迭代次数趋近于无穷大的条件下,已有研究证明了此类克隆选择算法的全局收敛性,其最终的稳态分布必定包含全局最优解^[18]。由上分析可知,抗体种群中最佳抗体的转移更能准确地反映算法的收敛速度,因此,可利用种群中最佳个体的转移概率矩阵对精英类克隆选择算法的收敛速度进行估计。

假设抗体 X_i 由 L 个二进制编码组成,对任意一个抗体种群 $X=\{X_1, X_2, \dots, X_N\} \in S^N$, S^N 为种群状态空间,最佳个体 X^* 定义为 $X^*=\{X_i | \forall j \neq i, f(X_i) \geq f(X_j)\}$, $i, j=1, 2, \dots, N$, 其状态空间的维数为 2^L , 远远小于种群状态空间 S^N 的维数。我们将这 2^L 个状态按照亲和度由大到小进行排顺,记为 $\{X_1^*, X_2^*, \dots, X_{2^L}^*\}$ 。为了计算最佳个体状态转移矩阵 Q ,将种群状态空间 S^N 分成 2^L 个分组,设第 k 个分组的各个种群的最佳个体为 X_k^* ($1 \leq k \leq 2^L$),用 G_k 表示。则

$$G_k = \{X | (X \in S^N) \cap (X^* = X_k^*)\} \quad (1)$$

为简单起见,假设种群只存在 1 个最优解。根据 ECSA 算法的特点,其算法的种群状态转移概率矩阵 P 为一个下三角矩阵,即

$$P = \begin{bmatrix} 1 & 0 & \cdots & 0 \\ p_{21} & p_{22} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & 0 \\ p_{N1} & p_{N2} & \cdots & p_{NN} \end{bmatrix}$$

我们可利用该矩阵 \mathbf{P} 来导出最佳个体的状态转移概率矩阵 \mathbf{Q} . 对任意两个最佳个体 X_m^* 和 X_n^* , 由最佳个体 X_m^* 转移到最佳个体 X_n^* 的概率 q_{mn} 为

$$q_{mn} = \begin{cases} 0, & f(X_m^*) < f(X_n^*) \\ \sum_{X_m^* \in G, X_n^* \in G} p_{ij} > 0, & f(X_m^*) \geq f(X_n^*) \end{cases} \quad (2)$$

式中 p_{ij} 为状态 X_i 到 X_j 的一步状态转移概率. 显然, 最佳个体的状态转移概率矩阵 \mathbf{Q} 具有如下形式:

$$\mathbf{Q} = (q_{mn}) = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ q_{21} & q_{22} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ q_{2^L-1} & q_{2^L-2} & \cdots & q_{2^L-1} \end{bmatrix} \quad (3)$$

由于精英类克隆选择算法的种群状态转移概率矩阵 \mathbf{P} 是一个齐次 Markov 链, 即为随机矩阵. 同样, 矩阵 \mathbf{Q} 亦是常数随机矩阵, 另外由式(3)可知, 除了 $q_{11} = 1$, 其它元素均小于 1. 因此最佳个体的状态转移同样构成一个有限齐次 Markov 链, 且状态 1 为 Markov 链的唯一吸收态.

设由状态转移概率矩阵 \mathbf{Q} 的非常返状态对应的元素组成的子矩阵为 \mathbf{Q}' , 即

$$\mathbf{Q}' = \begin{bmatrix} q_{22} & 0 & 0 & 0 \\ q_{32} & q_{32} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ q_{2^L-2} & q_{2^L-3} & \cdots & q_{2^L-2} \end{bmatrix}$$

我们给出如下引理 1 和定理 1.

引理 1^[19] 记 T 为非常返状态集, 令 μ_m 表示 Markov 链从任意非吸收状态 X_m 转移至吸收态的平均步数, k 为状态空间维数. q_{mn} 为状态 X_m 转移到状态 X_n 的状态转移概率. 则对于全体属于 T 的非吸收状态, μ_m 满足方程组

$$\mu_m = 1 + \sum_{n=2}^k q_{mn} \mu_n \quad (4)$$

定理 1 当 ECSA 算法初始种群中的最佳个体服从均匀分布时, 令 $\mathbf{Z} = (\mathbf{I} - \mathbf{Q}')^{-1}$, 算法的平均收敛代数数为

$$H = \frac{1}{2^L - 1} \sum_{m=1}^{2^L-1} \sum_{n=1}^{2^L-1} z_{mn} \\ = \frac{1}{2^L - 1} \Psi(\mathbf{Z})$$

其中, $\Psi(\mathbf{Z}) = \sum_{m=1}^{2^L-1} \sum_{n=1}^{2^L-1} z_{mn}$ 为矩阵 \mathbf{Z} 的所有元素之和, \mathbf{I} 为单位矩阵.

证明 非常返状态矩阵 \mathbf{Q}' 只有有限个非常返状态, 式(4)可以表示为矩阵形式:

$$\mathbf{M} = \mathbf{I} + \mathbf{Q}'\mathbf{M}$$

式中, $\mathbf{M} = [\mu_1, \mu_2, \cdots, \mu_{2^L-1}]^T$, $\mathbf{I} = [1, 1, \cdots, 1]^T$. 求解上式, 有 $\mathbf{M} = (\mathbf{I} - \mathbf{Q}')^{-1} \mathbf{I} = \mathbf{Z}\mathbf{I}$, 对任一非吸收态 $X_m \in T$ ($1 \leq m \leq 2^L - 1$), 有 $\mu_m = \sum_{n=1}^{2^L-1} z_{mn}$. 由于初始种群中的最佳个体服从均匀分布, 则

$$P(X_0 = X_m^*, m = 1, 2, \cdots, 2^L - 1) \\ = \frac{1}{2^L - 1}$$

由吸收态 1 转移到吸收态 1 的平均转移次数显然为 0. 所以, 算法平均收敛代数数为

$$H = \sum_{m=1}^{2^L-1} P(X_0 = X_m^*) \mu_m \\ = \sum_{m=1}^{2^L-1} \frac{1}{2^L - 1} \mu_m \\ = \frac{1}{2^L - 1} \sum_{m=1}^{2^L-1} \sum_{n=1}^{2^L-1} z_{mn} = \frac{1}{2^L - 1} \Psi(\mathbf{Z}) \quad (5)$$

证毕.

但是实际应用中, 由于抗体本身状态数目较多, 而抗体组成的种群状态则更是巨大, 无论是矩阵 \mathbf{P} 、矩阵 \mathbf{Q} 还是矩阵 $\mathbf{Z} = (\mathbf{I} - \mathbf{Q}')^{-1}$ 的求取都存在较大的困难. 在常用的矩阵范数中, 无穷范数的表达式为 $\|\mathbf{A}\|_{\infty} =$

$\max_{1 \leq i \leq n} \sum_{j=1}^n |a_{ij}|$, 即求矩阵 \mathbf{A} 所有行元素绝对值之和的最大值, 我们利用无穷矩阵范数的相关性质和定理, 可以对精英类克隆选择算法的平均收敛代数估计进行一定简化, 给出如下定义和引理.

定义 1^[20] 给定向量范数 $\|\mathbf{x}\|$ 和矩阵范数 $\|\mathbf{A}\|$, 如果对任意的 n 维向量 \mathbf{x} 和 $n \times n$ 维矩阵 \mathbf{A} , 总满足 $\|\mathbf{Ax}\| \leq \|\mathbf{A}\| \cdot \|\mathbf{x}\|$, 则称向量范数 $\|\mathbf{x}\|$ 和矩阵范数 $\|\mathbf{A}\|$ 是相容的.

引理 2^[20] 设矩阵 $\mathbf{A} \in C^{n \times n}$, 范数 $\|\mathbf{A}\|_{\infty}$ 是与某向量范数 $\|\mathbf{x}\|_{\infty}$ 相容的矩阵范数, 若满足 $\|\mathbf{A}\|_{\infty} < 1$, 则有

(1) 矩阵 $\mathbf{I} - \mathbf{A}$ 可逆.

$$(2) \|\mathbf{I} - \mathbf{A}\|_{\infty}^{-1} \leq \frac{\|\mathbf{I}\|_{\infty}}{1 - \|\mathbf{A}\|_{\infty}}$$

利用引理 2, 只需要对最佳个体的状态转移概率矩阵 \mathbf{Q} 构造某种满足条件的矩阵范数 $\|\mathbf{Q}\|_{\infty}$, 就可以对平均收敛代数进行估计.

考虑到一般可测函数, 设个体的编码长度为 L , 个体间的海明距离为 M , 克隆扩增的倍数为 c , 变异概率为 p_m . 取矩阵 \mathbf{Q}' 的范数 $\|\mathbf{Q}'\|_{\infty} = \max_{1 \leq m \leq k-1} \sum_{n=1}^{k-1} q'_{mn}$, 由于矩阵 \mathbf{Q} 是一个随机矩阵, 各行元素之和等于 1, 有如下公式

$$\|\mathbf{Q}'\|_{\infty} = \max_{1 \leq k-1} \sum_{j=1}^{k-1} q'_{ij} = 1 - \min_{1 \leq i \leq k-1} q_{i1} \quad (6)$$

对于一般可测函数, 当初始种群中最佳个体与全局最优个体的海明距离 $M = l$ 时, $0 < l \leq L$, 则该最佳个

体转移到全局最优个体的概率为

$$p = 1 - [1 - p_m^l(1 - p_m)^{L-l}]^c \approx cp_m^l(1 - p_m)^{L-l}$$

记种群中其它个体向全局最优个体转移的平均概率为 p_Σ , 则具有这样一个最佳个体的种群向全局最优个体转移的概率为

$$q_{i1} = 1 - (1 - cp_m^l(1 - p_m)^{L-l}) \cdot (1 - p_\Sigma) > cp_m^l(1 - p_m)^{L-l}$$

因此有

$$\|Q'\|_\infty = 1 - \min_{1 \leq i \leq k-1} q_{i1} < 1 - cp_m^l(1 - p_m)^{L-l}$$

根据引理 2 有

$$\begin{aligned} \|Z\|_\infty &= \|(I - Q')^{-1}\|_\infty \\ &= \max_{j=1}^{k-1} \sum_{i=1}^{k-1} z_{ji} < \frac{\|I\|_\infty}{1 - \|Q'\|_\infty} \\ &< \frac{1}{1 - (1 - cp_m^l(1 - p_m)^{L-l})} \\ &= \frac{1}{cp_m^l(1 - p_m)^{L-l}} \end{aligned}$$

根据定理 1, ECSA 算法平均收敛代数数为

$$\begin{aligned} H &= \frac{1}{k} \sum_{m=1}^{k-1} \sum_{n=1}^{k-1} z_{mn} < \frac{1}{2^L} \sum_{m=1}^{2^L-1} \max_{n=1}^{2^L-1} z_{mn} \\ &< \frac{2^L - 1}{2^L} \frac{1}{cp_m^l(1 - p_m)^{L-l}} \\ &= \frac{1 - 2^{-L}}{cp_m^l(1 - p_m)^{L-l}} \end{aligned} \quad (7)$$

从上式可知, ECSA 算法平均收敛代数的上限主要取决于抗体克隆倍数 c 、变异概率 p_m 及当初种群中最佳个体与全局最优个体的海明距离 l 。

4 仿真实验

为验证本文提出的 ECSA 算法平均收敛速度估计方法的有效性, 利用文献[16, 21, 22]中提出的 IMCSA、DCSA、CLONAX 三种精英类克隆选择算法, 对如下三个复杂多模态测试函数进行平均收敛速度估计仿真实验。

(1) 测试函数 f_1 :

$$\begin{aligned} f(x_1, x_2) &= \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)x_1 + i] \\ &\quad \cdot \sum_{j=1}^5 j \cos[(j+1)x_2 + j] \end{aligned}$$

式中, $-10 < x_1, x_2 < 10$, 该函数具有 760 个局部极小点和 18 个全局极小点, 最优值 $f^* = -176.542$ 。

(2) 测试函数 f_2 :

$$\begin{aligned} f(x) &= \sin^2(\pi y_1) + \sum_{i=1}^{n-1} (y_i - 1)^2 \\ &\quad \cdot [1 + 10 \sin^2(\pi y_{i+1})] \\ &\quad + (y_n - 1)^2 \end{aligned}$$

式中, $y_i = 1 + \frac{x_i - 1}{4}$, $-10 \leq x_i \leq 10$, $i = 1, 2, \dots, n$ 。当 $n = 4$ 时, 函数在 $x^* = (1, 1, 1, 1)^T$ 处得到极小值 $f^* = 0$, 同时约有 1000 个局部极小值。

(3) 测试函数 f_3 :

$$f(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2$$

式中, $-5.12 \leq x_i \leq 5.12$, 当 $n = 6$ 时, 函数在 $x^* = (0, 0, 0, 0, 0, 0)^T$ 处得到极小值 $f^* = 0$ 。

算法仿真参数具体设置见文献[16]、[21]和[22]。其中主要参数设置如表 1 所示。每个测试函数各运行 10 次, 其平均收敛速度仿真结果如表 2 所示。

表 1 三种算法主要参数设定

算法	f	L	l	c	p_m
IMCSA	f_1	10	5	10	0.1
	f_2	20	9	30	0.3
	f_3	30	10	50	0.4
DCSA	f_1	10	5	10	0.2
	f_2	20	8	30	0.2
	f_3	30	9	50	0.3
CLONAX	f_1	10	4	10	0.1
	f_2	20	7	30	0.2
	f_3	30	8	50	0.3

表 2 三种算法 10 次的实验结果

算法	f	平均收敛速度										H
IMCSA	f_1	2.3+e3	1.6+e3	7.3+e2	5.2+e3	4.3+e2	6.4+e2	3.3+e3	8.4+e2	6.7+e3	1.6+e3	1.0+e4
	f_2	3.3+e4	2.7+e5	7.6+e3	8.6+e5	1.7+e6	5.7+e5	3.7+e5	6.3+e6	9.1+e4	6.3+e5	8.5+e6
	f_3	7.3+e7	6.8+e7	2.8+e6	6.8+e7	2.5+e6	4.2+e6	9.3+e7	5.4+e6	7.5+e5	4.7+e7	2.6+e8
DCSA	f_1	8.8+e1	5.3+e2	8.5+e2	6.1+e2	1.9+e2	9.6+e1	3.3+e2	6.7+e2	1.6+e1	6.3+e2	1.6+e3
	f_2	4.8+e5	6.8+e6	8.6+e6	9.8+e4	2.6+e5	9.1+e5	5.6+e5	1.2+e7	6.4+e5	8.1+e6	1.9+e7
	f_3	3.3+e4	2.7+e5	7.6+e3	8.6+e5	1.7+e6	5.7+e5	3.7+e5	6.3+e6	9.1+e4	6.3+e5	1.8+e8
CLONAX	f_1	8.2+e3	6.4+e2	5.5+e3	7.2+e3	1.9+e3	4.2+e3	8.6+e2	2.3+e3	6.8+e2	7.3+e3	1.0+e4
	f_2	7.2+e5	5.8+e5	1.2+e6	6.7+e4	6.8+e5	7.3+e5	6.6+e4	6.7+e5	2.3+e5	7.5+e5	4.8+e6
	f_3	4.8+e6	9.2+e6	4.8+e5	2.6+e6	7.3+e6	1.9+e5	8.5+e6	7.1+e6	1.1+e5	8.3+e5	8.5+e7

表 2 中平均收敛速度是指算法种群中最佳个体由非吸收态转移到吸收态的平均收敛代数。 H 为式(7)的理论计算值,即算法平均收敛速度的上限理论估计值,从表 2 可以看出,这三种精英类克隆选择算法对三个测试函数的收敛速度估计在 10 次仿真实验中均低于本文方法估计的平均收敛速度理论值,从而验证了该文提出的一大类精英保持策略克隆选择算法平均收敛速度估计方法的有效性。在实验中,我们发现,当初始种群中最佳抗体越接近全局最优抗体时,即 l 越小时,算法的收敛速度能得到较快的提升,在式(7)中也得到了体现。因此,在算法初始种群生成时,应尽量利用所求问题已知最优解的信息,生成质量较好的初始种群,则可较大幅度地提高算法的收敛速度。

5 结论

本文利用最佳个体的转移概率矩阵对一类精英保持策略克隆选择算法的平均收敛速度进行了研究。考虑到实际应用中由于算法种群规模过大而导致最佳个体的转移概率矩阵求取较困难的问题,将最佳个体的转移概率矩阵构造成为满足一定条件的矩阵范数,运用其相关特性,提出一种精英保持策略克隆选择算法平均收敛速度估计的新方法,通过仿真实验验证了该方法的有效性。需要指出的是,式(7)是对二进制编码的一类克隆选择算法的收敛速度进行估计,即在有限状态空间内进行估计,而且文中收敛速度的估计中使用的是 $\|\cdot\|_{\infty}$ 范数,只考虑了抗体向全局最优个体的转移,而没有考虑向更好的相邻抗体的转移,以及如何对实数编码的一类克隆选择算法提出一种合适的收敛速度估计方法是我们下一步研究需要解决的问题。

参考文献

- [1] Dasgupta D, Yu S H, Fernando Nino. Recent advances in artificial immune systems: models and applications[J]. Applied Soft Computing, 2011, 11(2): 1574 – 1587.
- [2] Tadeusz Burczynski. Information sciences special issue on artificial immune systems[J]. Information Sciences, 2009, 179(10): 1377 – 1378.
- [3] Mario Villalobos-Arias, et al. Convergence analysis of a multi-objective artificial immune system algorithm[A]. The 3rd International Conference on AIS Proceedings[C]. Berlin: Springer-Verlag, 2004. 226 – 235.
- [4] Liu X Y, Zhang A L, Gao Y L, et al. A novel hybrid immune algorithm and its convergence based on the steepest descent algorithm[J]. Applied Mathematics and Computation, 2011, 218(4): 1291 – 1296.
- [5] Abo-zahhad M, Ahmed S M, Nabil S. A new method for fastening the convergence of immune algorithms using an adaptive

- mutation approach[J]. Journal of Signal and Information Processing, 2012, 3(1): 86 – 92.
- [6] 喻寿益, 邝琼琼. 保留精英遗传算法收敛性和收敛速度的新方法分析[J]. 控制理论与应用, 2010, 27(7): 843 – 848.
- Yu S Y, Kuang S Q. Convergence and convergence rate analysis of elitist genetic algorithm based on martingale approach[J]. Control Theory & Applications, 2010, 27(7): 843 – 848. (in Chinese)
- [7] Timmis J, Hone A, Stibor T, Clark E. Theoretical advances in artificial immune systems[J]. Theoretical Computer Science, 2008, 403(1): 11 – 32.
- [8] Abo-zahhad M, Ahmed S M, Nabil S. The convergence speed of single and multi-objective immune algorithm based optimization problems[J]. Signal Processing: An International Journal, 2010, 4(5): 247 – 267.
- [9] 罗小平, 韦巍. 生物免疫遗传算法的几乎处处收敛性分析及收敛速度估计[J]. 电子学报, 2005, 33(10): 1830 – 1807.
- Luo X P, Wei W. The analysis on strong convergence (a. s.) and convergence rate estimate of immune genetic algorithm[J]. Acta Electronica Sinica, 2005, 33(10): 1830 – 1807. (in Chinese)
- [10] Hong L. On the convergence rate method of an Improved Clonal Selection Algorithm[A]. The 30th Chinese Control Conference Proceedings[C]. Washington: IEEE Computer Society Press, 2011, 5413 – 5417.
- [11] Cutello V, Romeo M. On the Convergence of Immune Algorithms[A]. The 1st IEEE Symposium on Foundations of Computational Intelligence[C]. Washington: IEEE Computer Society Press, 2007, 409 – 415.
- [12] Burnet F M. The Clonal Selection Theory of Acquired Immunity[M]. London: Cambridge University Press, 1959.
- [13] De Castro L, Fernando J. Von Zuben, . Learning and optimization using clonal selection principle[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Special Issue on Artificial Immune Systems, 2002, 6(3): 239 – 251.
- [14] Abdesslem Layeb. A clonal selection algorithm based tabu search for satisfiability problems[J]. Journal of Advances in Information Technology, 2012, 3(2): 138 – 148.
- [15] Berna Haktanirlar Ulutas, Sadan Kulturel-Konak. An artificial immune system based algorithm to solve unequal area facility layout problem[J]. Expert Systems with Applications, 2012, 39(5): 5384 – 5395.
- [16] Dong W S, Shi G M, Zhang L. Immune memory clonal selection algorithms for designing stack filters[J]. Neurocomputing, 2007, 6(4): 777 – 784.
- [17] Castro P A, Von Zuben F J. Learning ensembles of neural networks by means of a bayesian artificial immune system[J]. IEEE Transactions on Neural Networks, 2011, 22(2): 304 –

316.

[18] Zhang A L, Liu X Y, Zhao W. A novel hybrid immune algorithm and its convergence[A]. The 5th International Conference on Bio-Inspired Computing: Theories and Applications Proceedings[C]. Washington: IEEE Computer Society Press, 2010, 545 – 550.

[19] 张明淳. 工程矩阵理论(第 2 版)[M]. 南京: 东南大学出版社, 2011.

Zhang M C. Engineering Matrix Theory (2nd edition)[M]. Nanjing: Southeast University Press, 2011. (in Chinese)

[20] 张波, 商豪. 应用随机过程[M]. 北京: 中国人民大学出版社, 2009.

Zhang B, Shang H. Applied Stochastic Processes[M]. Beijing: China Renmin University Press, 2009. (in Chinese)

[21] Zhao L H, Pan J. Directed clonal selection algorithm for associative classification[J]. International Journal of Modelling, Identification and Control, 2013, 18(3): 218 – 225.

[22] Anurag Sharma, Dharmendra Sharma. Clonal selection algorithm for classification[A]. The 10th international conference on Artificial immune systems Proceedings [C]. Berlin: Springer Berlin Heidelberg, 2011. 361 – 370.

作者简介



洪 露 男, 1975 年出生, 湖南株洲人, 副教授, 博士, 主要研究方向为人工免疫算法理论及应用.
E-mail: honglu912@163.com

龚成龙 男, 1964 年出生, 江苏连云港人, 教授, 硕士, 主要研究方向为自动化检测与装置.