

带受体编辑的克隆选择组播路由算法

王炼红, 章 兢, 黄小凤

(湖南大学电气与信息工程学院, 湖南长沙 410082)

摘 要: DE Castro 提出的克隆选择算法(CSA)中, 抗体的多样性主要通过高频变异来实现, 而实际生物免疫系统中还有一个重要的操作是受体编辑. 受此启发, 提出了带受体编辑的改进克隆选择算法. 该算法利用未成熟优良子群体提供的优良基因片断, 根据路径代价最小化和延时要求对抗体进行两次受体编辑. 这样, 在无需求解备选路径集的情况下, 直接运用该改进算法可快速寻到最优解. 在时延受限组播路由的仿真实验中表明: 该算法比一般 CSA 算法和遗传(GA)算法的搜索效率更高, 算法复杂度更低.

关键词: 受体编辑; 改进克隆选择算法; 组播路由; 时延受限

中图分类号: TP393 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2010) 01-0037-05

A Multicast Routing Algorithm Using Clonal Selection with Receptor Editing

WANG Lian-hong, ZHANG Jing, HUANG Xiao-feng

(College of electrical and information engineering, Hunan University, Changsha, Hunan 410082, China)

Abstract: Antibodies are diversified basically by hypermutation in the clonal selection algorithm (CSA) proposed by de Castro. However, there is another important mechanism, namely, receptor editing in immune system. Inspired by the mechanism, an improved clonal selection algorithm with receptor editing is proposed, which adopted the good gene segment in the immaturity subpopulation to realize two receptor editing based on the principle of minimum cost and delay constrain. Thus, search for optimum solution can be achieved promptly by direct application of the improved algorithm without prepared routing set. The results of simulation tests of multicast routing with delay constrain indicated higher searching efficiency and lower computational complexity compared with the usual CSA and GA.

Key words: receptor editing; the improved clonal selection algorithm; multicast routing; delay constrain

1 引言

随着高速通信网络的迅速发展, 视频点播、多媒体会议、分布式交互仿真等多媒体通信业务都要求能够提供保证服务质量(QoS)的组播传输, 因而使得 QoS 组播路由技术成为网络多媒体信息传输的关键技术之一. 通常, 最小组播树问题在数学上归结为 Steiner 斯坦利树问题, 这是一个 NP-Complete 问题. 求解无约束最短路径算法很多, 最著名的两个是 Bellman-Ford 算法和 Dijkstra 算法. 针对在斯坦利问题中增加 QoS 限制条件, 许多研究者提出了采用受限斯坦利最小树解决组播路由问题的算法. 对于有约束条件的情况, 通常都是采用 Dijkstra 算法^[1]求出满足约束条件(如时延、带宽等约束)的备选路径, 然后再搜索代价最小组播树. 有许多文献给出了引入时延限制的斯坦利树的启发式算法, 即在满足一定时延要求的情况下寻找代价最小的斯坦利树. 这对

实时性有特殊要求的多媒体业务来说是非常必要的. 除了启发式算法外, 现在有许多研究者采用仿生算法解决该类问题. 文献[2,3]主要是采用粒子群和蚁群算法. 文献[4~6]提出了一种遗传算法的解决方案, 但其收敛速度都不尽人意. 由于人工免疫算法比遗传算法具有更好的全局寻优能力, 这点在函数优化问题中得到了很好体现^[7,8]. 因此, 目前有一些研究者将其用于组播路由问题中. 文献[9,10]提出了采用克隆策略解决多播路由问题, 获得了满意的收敛速度. 但是, 以上算法的共同之处是都需先求出满足延时要求的备选路径集, 然后再采用启发式算法、仿生算法或是他们的混合算法来求出最小组播树, 这不可避免的增加了计算复杂性.

在 de Castro 提出的克隆选择算法(CSA)中^[11], 抗体的多样性主要通过高频变异来实现, 而实际生物免疫系统中还有一个重要的操作是受体编辑. 因此, 本文对克隆选择算法进行改进, 在算法中引入受体编辑操作,

使得算法在无需求解备选路径的情况下,能快速找到满足时延约束的最小组播树,而且适当提高了算法收敛速度并降低了其计算复杂度.

2 时延受限组播路由问题的数学描述

组播网络可抽象为一个无向赋权图 $G(V, E)$. 其中, V 表示网络中所有节点的集合, E 表示任意两节点 x, y 间通讯链路 (x, y) 的集合; 对于 $\forall (x, y) \in E$, 均有两个正实数加权值 $(d(x, y), c(x, y))$, 分别表示链路 (x, y) 的时延和代价. 当 $\forall a, b \in E$, 则 a, b 之间的路径 $P(a, b)$ 的时延函数为:

$$\text{Delay}(a, b) = \sum_{(x, y) \in P(a, b)} d(x, y) \quad (1)$$

$P(a, b)$ 的代价函数为:

$$\text{Cost}(a, b) = \sum_{(x, y) \in P(a, b)} c(x, y) \quad (2)$$

设组播路由源节点为 s , 目的节点 $v_i, i = 1, 2, \dots, m$, 则目的节点集合 $D = \{v_i\}, i = 1, 2, \dots, m$, 且 $D \subseteq V - \{s\}$. $T = (V_T, E_T), T \subseteq G$ 为源节点 s 到所有目的节点 v_i 的组播树. 此时时延受限的多播路由问题可描述为:

$$\sum_{(x, y) \in P_T(s, v_i)} d(x, y) \leq \Delta, \forall v_i \in D, i = 1, 2, \dots, m \quad (3)$$

$$\text{Cost}(T) = \min(\sum_{(x, y) \in E_T} c(x, y)) \quad (4)$$

上式中, Δ 表示最大时延; $P_T(s, v_i)$ 指源节点 s 到某一目的节点 v_i 的路径; E_T 指 s 到所有目的节点 v_i 的链路集合. 为了实现链路共享, 在用式(4)计算代价 T 时, 相同链路只计算一次.

3 带有受体编辑的克隆选择路由算法

克隆选择算法中, 问题被看成抗原, 问题的解被看成抗体, 通过克隆选择、克隆和高频变异等主要操作改善抗体群, 该算法经过几代迭代后能以概率 1 找到最优解, 其收敛性证明可参见文献[10]. 该算法具有很强的全局搜索能力, 在函数优化和组合优化问题中得到了广泛应用. 实际上, 免疫系统中的抗体对抗原的识别是基于抗体决定基和抗原决定基之间的形状互补. 当抗体与抗原在结构上不一完全一致时, 抗体可以通过体细胞高频变异和受体编辑等途径实现亲和力的成熟, 达到与抗原的高度匹配. 一般免疫算法中几乎不考虑受体编辑操作. 本文依据受体编辑机理, 将其引入算法以提高算法性能.

3.1 受体编辑

由生物免疫系统机理可知, 抗体可变区通过体细胞高频变异和受体编辑两种方式重组或重排可变区的 DNA 片段, 以实现与高度特异性的抗原决定基进行识别. B 淋巴细胞被抗体激活进入了克隆扩增时, B 细胞抗原受体将会发生基因重组, 这个过程被称为受体编

辑(见图 1). 受体编辑发生时, 现有 B 细胞上抗体基因片段将会与遗传基因库中的 DNA 基因片段进行重组, 形成新的特异识别抗体, 这样产生的子代 B 细胞就有可能比父代 B 细胞具有与特异抗原更高的亲和力. 受体编辑是免疫系统保持高度多样性的又一重要的机制.

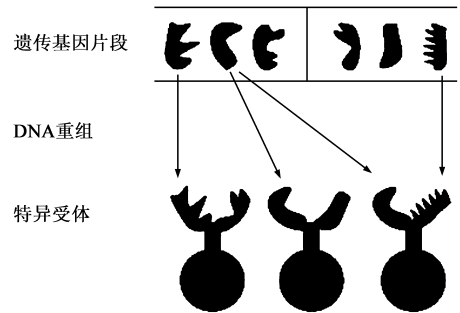


图1 受体编辑的示意图

受体编辑具有在亲和力域内避免局部优化的能力, 而体细胞高频变异对搜索局部区域有良好的作用. 如果在初次应答中选择了—个特异抗体, 则体细胞变异允许免疫系统在抗体周围的局部范围内进行搜索, 由低到高逐步寻找更高亲和力的抗体, 导致局部最优解. 由于克隆删除作用, 抗体不能朝低亲和力的方向发展. 而受体编辑允许在整个区域大幅度跳跃寻找抗体. 结果虽然有可能变为亲和力降低的抗体 B , 但是也有可能偶然找到亲和力更高的抗体 C , 再通过高频变异寻找到最佳抗体 C' , 实现全局范围内的最优解.

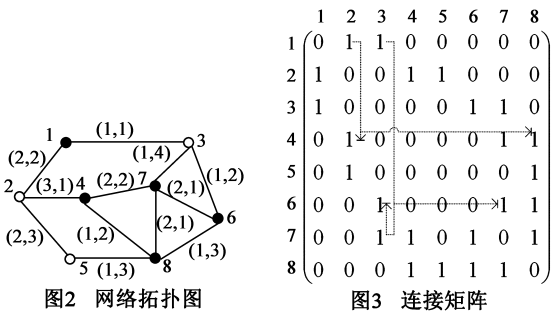
3.2 算法实现步骤

每个抗体采用实数编码方式, 然后利用抗体中的优良基因片断实现受体编辑, 接着通过克隆、高频变异和克隆选择等操作实现种群进化. 算法实现过程说明如下:

Step1 编码与初始抗体种群的产生

每个抗体对应—颗组播树. 对于如图 2 所示拓扑图中, 设源节点为 1, 目的节点是 4、6、7 和 8, 共 4 个. 各边上的数值分别代表代价和时延. 源节点到每个目的节点的路径为—个基因, 有四个目的节点的抗体就有四条基因. 初始种群是根据网络拓扑图随机产生. 根据图 2 中网络拓扑图可生成各节点间的连接矩阵, 如图 3 所示. 矩阵中元素 1 表示两节点相连. 行列号表示节点编号. 从源节点 1 开始到目的节点 4、6、7、8 的随机生成的一颗组播树的抗体编码(图 3 中虚线所表示) $A_b = \{124, 1376, 1367, 1248\}$. n 个这样的抗体构成初始抗体种群 P_{Ab}^0 . 算法中还设有一个记忆单元, 记录从开始至当前代的最优解以防止种群退化, 初始记忆单元 $M = 0$. 以后每代的候选种群集为 P_{Ab} , P_{Ab} 由记忆单元 M 和保留抗体种群 (P') 组成, 即: $P_{Ab} = M + P'_{Ab}$. 抗体 $A_b = \{124,$

1376, 1367, 1248}对应的组播树如图 4 所示.从图中可以看出,不仅有回路,而且也不一定满足延时要求,为此对此抗体进行受体编辑.



137, 1248]; [124, 136, 137, 1248]; [13674, 136, 137, 1368]; [124, 136, 137, 1248]}. 这样,我们得到一个非常好的抗体种群,从而提高了收敛速度.后面的几步操作与一般 CSA 算法基本一致.

Step2 受体编辑

根据抗体种群中个体的基因信息,根据公式(1)和(2),计算源节点 s 到每个目的节点 v_i 的延时和代价,根据代价最小化原则和延时要求(即 Δ 的值)对个体的基因片段进行两次受体编辑.首先依据代价最小化原则,将源节点 S 到目的节点 v_j 即 $s \rightarrow v_j, j \neq i$ 所隐含的到其它目的节点,即 $s \rightarrow v_i$ 的路径信息考虑进来,以便充分利用编码冗余信息中的优良基因片段来改善种群质量.例如,对抗体 $Ab = \{124, 1376, 1367, 1248\}$ (组播树见图 4)中到目的节点 6 的路径除了基因 {1376} 外,到目的节点 7 的基因 {1367} 中隐含了到目的节点 6 的路径信息,即此路径中的基因片段 {136} 应考虑进来.故对目的节点 6,路径实际上有 {1376, 136}.依据代价最小化原则对该抗体进行受体编辑,即比较 {1376} 与 {136} 的代价大小,将代价小的 {136} 路径代替 {1376} 保留下来.此时抗体变为 {124, 136, 1367, 1248}.对于节点 4 的基因片段只有 {124},保留不变.节点 7 和 8 的操作跟前面一样,最后经过受体编辑后得到的新抗体为 {124, 136, 137, 1248} (组播树见图 5).所有的抗体依据代价最小原则完成受体编辑后,然后根据延迟要求对抗体种群进行第二次受体编辑,该操作与前面的不相同的地方是整个抗体种群同时参与此过程.我们假设抗体种群规模为 5 (实际中远远大于该值,一般为 50 或 100), $\Delta \leq 6$, 经过第一次受体编辑操作后的抗体种群为 { [124, 136, 137, 1368]; [1374, 12476, 137, 12478]; [124, 136, 137, 1248]; [13674, 136, 137, 1368]; [1374, 136, 137, 1248] }. 现以目的节点 4 为例说明如下:先求出抗体种群中每个抗体到目的节点 4 的基因所对应的路径延迟值,该例为 {3, 7, 3, 6, 7}, 然后用满足延迟要求且延迟最小的基因替代每条抗体中不满足延迟要求的基因,这时种群修改为 { [124, 136, 137, 1368]; [124, 12476, 137, 12478]; [124, 136, 137, 1248]; [124, 136, 137, 1368]; [124, 136, 137, 1248] }. 依次对余下所有目的节点 {6, 7, 8} 进行该操作,最后种群为 { [124, 136, 137, 1368]; [124, 12476,

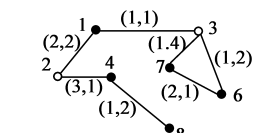


图4 抗体 A_b 所对应的组播树

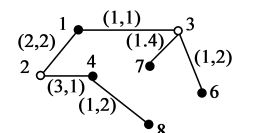


图5 抗体 A_b 经过受体编辑后的组播树

Step3 克隆操作

根据公式(4)计算亲合度,选择 n 个最佳个体 (P_{bestn});然后克隆种群中选出的 n 个最佳个体,生产一个克隆临时种群 C ,其每个优选个体的克隆规模与抗体-抗原之间的亲合度成正比;

Step4 交叉与高频变异

对克隆临时种群 C 首先进行部分交叉操作,目的是为了提种群多样性.然后对其进行高频变异,获得一个变异后的抗体群 C^* .

Step5 构造下一代种群

从 C^* 中重新选择改进的个体组成记忆单元 M ,并将其添加到候选解集中,产生下一代候选解 P_{Ab} .为了引入抗体多样性,利用随机新产生的抗体代替 d 个亲合度低的旧抗体.

Step6 结束条件

判断是否满足终止条件.终止条件可设为亲合度所能达到的最大阈值或最大允许的迭代次数.如果满足结束条件,则输出当前最小代价的抗体(即一棵组播树),退出程序.否则,转 Step2.

3.3 算法复杂度

文献[10]中基于免疫克隆选择算法的时延受限组播路由算法的复杂度由备选路径的时间复杂度 $O(mn^2)$ 和免疫克隆选择算法的时间复杂度 $O(N \times n_c)$ 组成,即算法的复杂度为 $O(mn^2) + O(N \times n_c)$.其中 n 为网络节点数, m 为目的节点数, N 为克隆规模, n_c 表示循环次数.而本文无需做备选路径寻找,因此算法复杂度为 $O(N \times n_c)$.

4 仿真结果与分析

首先,我们采用图 2 的拓扑结构进行仿真分析.这里,延迟要求 $\Delta \leq 7$.算法采取的交叉概率为 0.6,变异概率为 0.2,抗体种群规模为 50.仿真分析中,我们发现:如果不求出满足时延要求的备选路径,直接采用一般的 CSA 算法很难找到满足要求的最小组播树.因此,我们只将无需备选路径而采用了受体编辑操作的改进克

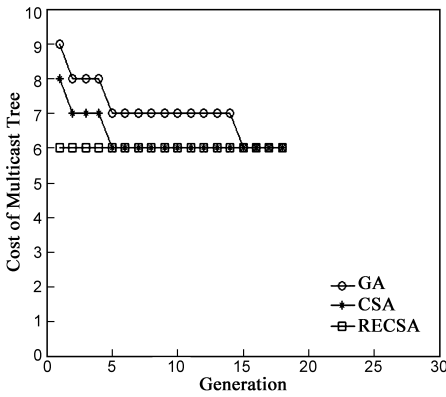


图6 最小代价—进化代数变化曲线

隆选择算法(RECSA)与需要备选路径的一般克隆选择算法(CSA)与遗传算法(GA)进行了对比,其组播树最小代价—进化代数关系曲线见图6.所求最小组播树抗体表达式为 $A_b = \{1374, 136, 137, 1368\}$.由图可以看出,带受体编辑的克隆选择算法(RECSA)在无需备选路径的情况下,能快速找到代价最小组播树.与文献[10]的结果进行比较可知,该算法优于遗传算法和免疫克隆算法.

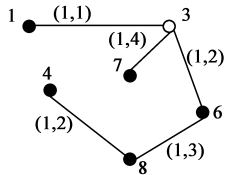


图7 无延时要求的最小代价组播树

本文还在无延时约束的情况下,使用该算法获得了代价最小的组播树,见图7.此时最小代价为5,最大延迟是8.

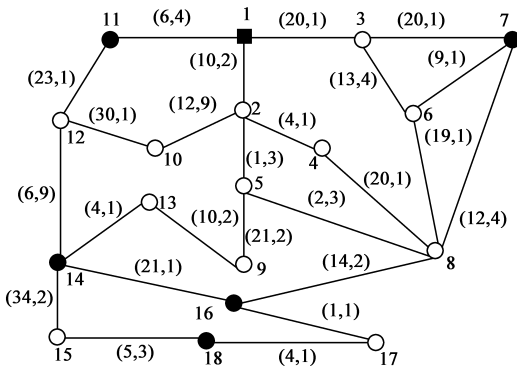


图8 18节点网络拓扑图

为了充分验证该算法的有效性,我们还采用了一个18节点的拓扑图进行仿真分析(拓扑图见图8).图中各链路上的值分别代表代价与延时,源节点 $s = \{1\}$,目的节点集 $D = \{7, 11, 14, 16, 18\}$.在实验中,最大延时限制取 $\Delta = 25$.实验以最大迭代次数50作为终止条件.两算法的交叉概率为0.5,变异概率取0.2,种群规模为100. $\Delta = 25$ 时,两算法求出的最小组播树代价为71,最大延时为12.该组播树的抗体表达式为 $A_b = \{1 2 5 8 7; 1 11; 1 2 5 8 16 14; 1 2 5 8 16; 1 2 5 8 16 17 18\}$.当 $\Delta = 9$ 时,种群规模、交叉概率和变异概率不变,最大迭代次

数为15.采用一般CSA与RECSA算法所求出的的最小组播树代价为92,最大延时是8,最小组播树的抗体表达式为 $A_b = \{1 2 4 8 7; 1 11; 1 2 4 8 16 14; 1 2 4 8 16; 1 2 4 8 16 17 18\}$.由图9和图10的组播树最小代价与进化代数变化曲线可以看出:改进的克隆选择算法在无需备选路径集的情况下,仍比一般CSA更快的找到最优组播树,这说明受体编辑操作的引入对算法是有效的.因无需求解备选路径,因此该算法更加简单、灵活,只要对有关参数进行修改,就能求出不同约束条件下的最小组播树.

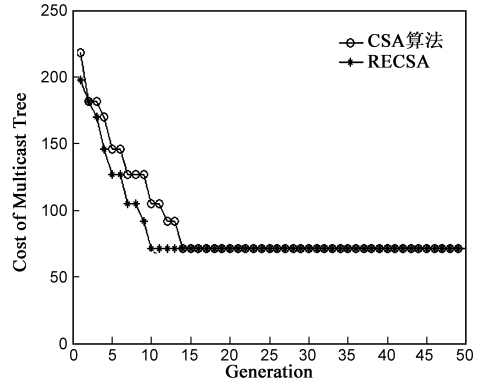


图9 $\Delta=25$ 最小代价—进化代数变化曲线

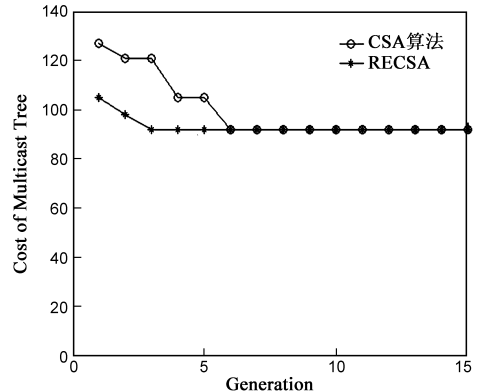


图10 $\Delta=9$ 最小代价—进化代数曲线

5 结束语

本文在研究了一般CSA算法的基础上,根据生物免疫学的机理:抗体可变区主要通过高频变异和受体编辑实现对有高度特异性的抗原进行识别.因此在一般克隆选择算法中引入受体编辑操作,利用未成熟种群中的优良基因片段来改善种群的质量和多样性.该算法在无需提供备选路径集的情况下,能快速找到时延约束条件下的最优组播树.由于该算法无需备选路径,使得算法更加简单、灵活.对于不同QoS要求下的组播路由同样适应,这只需对程序中的有关参数进行简单修改即可.理论分析和仿真实验可以看出,该算法在计算复杂度和收敛速度方面得到了有效改善,而且

该算法鲁棒性比较好,可推广应用到诸如投资决策、材料切割、货物装载、网络资源分配等各种组合优化问题当中。

参考文献:

- [1] F Hwang, D Richards. Steiner Tree Problems [J]. Networks, 1992, 22(1): 55 - 89
- [2] 孙力娟, 王汝传. 基于蚁群算法和遗传算法融合的 QoS 组播路由问题求解 [J]. 电子学报, 2006, 34(8): 1391 - 1395.
Sun Lijuan, Wang Ruchuan. Solving QoS Multicast Routing Problem Based on the Combination of ant Colony Algorithm and Genetic Algorithm [J]. Acta Electronica Sinica, 2006, 34(8): 1391 - 1395. (in Chinese)
- [3] 潘达儒, 杜明辉. 基于粒子群优化的 QoS 组播路由算法 [J]. 计算机工程与应用, 2006, 1: 138 - 140.
Pan Daru, Du Minghui. QoS Multicast Routing Algorithm Based on Particle Swarm Optimization [J]. Computer Engineering and Applications, 2006, 1: 138 - 140. (in Chinese)
- [4] M Hamdan, M E El-Hawary. Multicast Routing with Delay and Delay Variation Constraints Using Genetic Algorithm [C]. Electrical and Computer Engineering, 2004. Canadian Conference, May 2004, 4: 2363 - 2366.
- [5] 王新红, 王光兴. 基于遗传算法的时延受限最小组播路由选择方法 [J]. 通信学报, 2002, 23(3): 112 - 117.
Wang Xinhong, Wang Guangxing. A multicast routing approach with delay-constrained minimum-cost based on genetic algorithm [J]. Journal of Communications, 2002, 23(3): 112 - 117. (in Chinese)
- [6] 石坚, 邹玲等. 遗传算法在组播路由选择中的应用 [J]. 电子学报, 2000, 28(5): 88 - 89.
Shi Jian, Zou Ling, etc. The Application of Genetic Algorithm in Multicast Routing [J]. Acta Electronica Sinica, 2000, 28(5): 88 - 89. (in Chinese)
- [7] 杜海峰, 公茂果, 焦李成等. 用于高维函数优化的免疫记忆克隆规划算法 [J]. 自然科学进展, 2004, 14(8): 925 - 933.
Du Haifeng, Gong Maoguo, Jiao Licheng, etc. An immune memory clonal programming algorithm in higher-dimension function optimization [J]. Progress in Natural Science, 2004, 14(8): 925 - 933. (in Chinese)
- [8] L N de Castro, J Timmins. An artificial immune network for multimodal function optimization [A]. The 2002 IEEE World

Congr. Congress on Compute Computational Tional Intelligence [C]. IEEE Press, 2002. 699 - 704.

- [9] 刘芳, 杨海潮. 参数可调的克隆多播路由算法 [J]. 软件学报, 2005. 16(1): 145 - 150.
Liu Fang, Yang Haichao. A Clone Based Multicast Algorithm with Adjustable Parameter [J]. Journal of Software, 2005. 16(1): 145 - 150. (in Chinese)
- [10] 焦李成, 杜海峰等. 免疫优化计算、学习与识别 [M]. 北京: 科学出版社, 2006. 325 - 328.
Jiao Licheng, Du Haifeng, etc. Immunity Optimization Computation, Learning and Identification [M]. Beijing: Science Press, 2006. 325 - 328. (in Chinese)
- [11] L N de Castro, F von Zuben. Artificial immune system : Part I - Basic theory and application [R]. Technical Report TR-DCA 01/99 December, 1999.

作者简介:



王炼红 女, 1971 年出生于湖南宁乡, 湖南大学电气与信息工程学院副教授, 在职博士生. 主要研究方向为现代网络通信技术和数据挖掘技术.
E-mail: wanglh@hnu.cn



章 兢 男, 1957 年出生于湖南湘潭, 湖南大学电气与信息工程学院教授, 博士生导师. 主要研究方向为复杂系统计算机控制和数据挖掘技术.
E-mail: zhangj@hnu.cn



黄小凤 女, 1983 年出生于湖南衡阳, 湖南大学电气与信息工程学院硕士研究生. 主要研究方向: 现代网络通信技术和嵌入式软件开发.
E-mail: huangxiaofeng568@sina.com