

基于序贯重点采样粒子滤波的分布估计算法

张建华^{1,2,3}, 曾建潮²

(1. 兰州理工大学电气工程与信息工程学院, 甘肃兰州 730050; 2. 太原科技大学复杂系统与智能计算实验室, 山西太原 030024;
3. 中北大学电子与计算机科学技术学院, 山西太原 030051)

摘要: 连续域分布估计算法一般假设数据服从高斯分布, 而且大多采用了单峰的概率模型, 但是对于一些复杂的优化问题, 单峰的高斯分布模型不能有效地描述解在空间的分布. 本文提出一种基于序贯重点采样粒子滤波的分布估计算法, 采用带权粒子描述优选集样本服从的概率分布并从中采样得到下一代种群, 不需要假设样本服从高斯分布, 并且算法采用的概率模型是多峰的. 仿真实验结果验证了本文方法的正确性和有效性.

关键词: 分布估计算法; 序贯重点采样; 粒子滤波

中图分类号: TP301.6 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2010) 12-2929-04

Estimation of Distribution Algorithm Based on Sequential Importance Sampling Particle Filters

ZHANG Jian-hua^{1,2,3}, ZENG Jian-chao²

(1. College of Electrical and Information Engineering, Lanzhou University of Technology, Lanzhou, Gansu 730050, China;
2. Complex System and Computational Intelligence Laboratory, Taiyuan University of Science and Technology, Taiyuan, Shaanxi 030024, China;
3. College of Electronics and Computer Science and Technology, North University of China, Taiyuan, Shaanxi 030051, China)

Abstract: Estimation of distribution algorithm in continuous domains is generally based on assumption that variables subject to Gaussian distribution and that the probability model is single-peaked one, which is not capable of describing the solutions distribution effectively for complex optimization problems. Aiming to improve such drawback, an estimation of distribution algorithm depending upon sequential importance sampling particle filters is presented. In this algorithm, the variables are not required to subject to Gaussian distribution. Instead, the distribution of samples is represented by weighted particles and the used probability model is multi-peaked. The next generation of population is produced from the above distribution. The simulation results indicate the validity of the algorithm.

Key words: estimation of distribution algorithm; sequential importance sampling; particle filters

1 引言

分布估计算法 (Estimation of Distribution Algorithm, EDA) 是一种新兴的智能随机优化算法, 基本思路是从种群中选出一部分较好的样本, 估计这些优选样本服从的概率分布, 然后利用这个概率分布产生下一代样本, 重复此过程直到满足算法结束条件^[1]. EDA 相对于传统进化算法有更强的理论基础, 已成为当前进化计算的研究热点, 并在众多领域得到了成功应用^[2,3].

绝大部分实际问题中变量之间存在强耦合关系, 这类问题的优化需要使用高阶分布估计算法. 在连续域, 目前解决这类问题较常采用的算法, 例如 EGNA_{ce}, EG-NA_{BCE}^[4], 需要构造高斯网络, 而构造高斯网络本身是

NP-hard 问题; 使用 EDA 解决连续域优化问题, 目前普遍做法是假设样本服从正态分布, 现有连续域 EDA 算法一般都采用单峰的高斯概率模型. 对于一些复杂优化问题, 单峰的高斯分布模型不能有效地描述解在空间的分布^[2]. 在解决多峰问题上, 文献[5]提出一种基于混合高斯分布和高斯核函数的分布估计算法 IDEA^[5], 但这种算法没有充分考虑变量之间的关系.

针对以上问题, 本文提出一种基于序贯重点采样 (Sequential Importance Sampling, SIS) 粒子滤波 (Particle Filters, PF) 的分布估计算法 (Estimation of Distribution Algorithms based on Particle Filters, PFEDA). PFEDA 不需要假设样本服从高斯分布, 并且算法采用的概率模型是多峰的.

观察粒子滤波与分布估计算法之间的相似性,如果将粒子滤波从后验分布采样过程看作是从概率分布产生下一代样本,将后验分布样本权重更新过程看作分布估计,就可以给出基于粒子滤波的分布估计算法.

2 基于序贯重点采样粒子滤波的分布估计算法

2.1 概率模型

2.1.1 概率模型描述

利用序贯重点采样粒子滤波^[6],能够得到优选集样本所服从的带权重样本表示的概率分布.

首先给出符号定义,EDA 某一代中优选样本集为 $C = (\mathbf{x}^1, \mathbf{x}^2, \dots, \mathbf{x}^m)$, $m = nr$, 群体规模为 n , r 为选择比例, $f = (f^1, f^2, \dots, f^n)$ 为各样本适应值, f^g 为历史最优适应值. 优选集中每个样本对应粒子滤波中一个粒子, 初始化各样本权重 $w_i^t = 1/m$, $i = 1, 2, \dots, m$; $t = 1, 2, \dots, T$ 表示第 t 次粒子滤波迭代, T 是常量, 表示粒子滤波的最大迭代次数.

概率模型的基本思路是将当前代优选样本集作为粒子滤波 $t = 0$ 时刻先验概率产生的粒子, 并赋予相同权重. $t = 1$ 时刻, 得到观测值 f^g , 根据 f^g 和粒子的适应值更新各粒子权重, 这样带权重粒子集就可以作为后验分布的近似. 然后构造此后验分布的重点密度并采样 n 个粒子, 计算 f 并更新 f^g , 令 $t = t + 1$ 进入下一次迭代过程. 重复这个过程直到 $t > T$, 得到了带权重粒子表示的近似后验分布. 本文主要研究了 $T = 1$ 情况下, 粒子滤波多次迭代过程对进化过程的影响是我们的进一步研究内容.

粒子滤波中重点密度 $q(\mathbf{x}_{0:t} | \mathbf{y}_{1:t})$ 选择关键是合理选择 $q(\mathbf{x}_t | \mathbf{x}_{t-1}, \mathbf{y}_t)$, 文献^[7]提出 $q(\mathbf{x}_t | \mathbf{x}_{t-1}, \mathbf{y}_t)$ 的最优选择方法^[7], 但该方法中权值更新公式中的积分式一般无法求解, 所以一般选择重点密度为先验密度, 即 $p(\mathbf{x}_t^i | \mathbf{x}_{t-1}^i) = q(\mathbf{x}_t^i | \mathbf{x}_{t-1}^i, \mathbf{y}_t)$. 权值更新公式变为

$$w_i^t \propto w_i^{t-1} p(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i) \quad (1)$$

$p(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i)$ 为动态模型的似然概率, 在这里它的含义是: 如果确定真实状态为 \mathbf{x}_t^i , 能够观测到 \mathbf{y}_t 及其位置的概率. 从其含义可以看出, $p(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i)$ 应该随着对应粒子适应值与历史最优之间距离增大而减小. 另外, 考虑到在算法进化的不同阶段, 群体中样本的差异程度不同(初期差异大, 末期差异小), 相同的距离在进化的不同阶段对应的概率应该是不同的, 从而达到进化初期增加种群多样性, 进化末期增加算法局部寻优性的目的. 所以我们采用式(2)计算 $p(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i)$.

$$p(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i) = e^{(-\frac{1}{2\lambda^3} D_i)} \quad (2)$$

$D_{\max} = \max(|f_i - f_j|)$, $i, j = 1, 2, \dots, n$, 表示粒子

适应值 f^i 与历史最优 f^g 的距离; λ 是一个随进化代数变化的值, 用来控制进化过程中的种群多样性, 进化初期 λ 取较大的值, 可以使各粒子权重差异变小从而增加多样性, 进化后期减小 λ , 增加局部寻优性.

2.1.2 λ 初始值

从式(2)可以看出, 给定 λ , D_i 如果大于某个值, $p(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i)$ 就会是一个非常接近零的值, 使距离历史最优较远的粒子权重更新后几乎为 0, 以至于变量取值范围内某些区域会由于权值太小而失去被搜索机会.

记适应值函数在确定定义域情况下的值域最大跨度 D_{\max} , 设定一个不被忽略的最小概率 $p_{\min}(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i)$, 根据式(2)就可以求得 λ 的初始值

$$\lambda_{\text{init}} = \sqrt{-\frac{D_{\max}}{2 \lg(p_{\min}(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i))}} \quad (3)$$

这个初始值能够保证取值范围内的所有点, 利用式(2)计算得到的权重都大于 $p_{\min}(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i)$. $p_{\min}(\mathbf{y}_t | \mathbf{x}_t^i)$ 可以根据具体优化问题的群体规模参数设定为一个较小的值, 例如 0.0001, D_{\max} 使用初始种群中各样本适应值之间的最大距离来近似, 也就是 $D_{\max} = \max(|f_i - f_j|)$, $i, j = 1, 2, \dots, n$.

2.1.3 λ 变化曲线

λ 对使用式(2)计算权重有以下影响, 较大的 λ 对权重有一个“压缩”的作用, 能够减小优选集各样本权重之间的差距; 较小的 λ 对权重有一个“拉伸”作用, 能够扩大优选集各样本权重之间的差距.

式(4)是 λ 的计算公式.

$$\lambda = \lambda_{\text{init}} \times (1 - \frac{g}{g_{\max}}) \quad (4)$$

其中, λ_{init} 是 λ 初始值, g_{\max} 是算法的最大代数, g 是当前代数. λ 采用这种变化曲线, 可以提高进化前期的种群多样性, 并增强进化后期的局部寻优性能.

2.1.4 估计样本优选集分布的算法描述

算法 1 估计样本优选集分布:

(1) 优选集中各样本作为粒子滤波 $t = 0$ 时刻, 即初始先验分布采样得到粒子, 并将各粒子权值设置为 $1/m$, $w_0^i = 1/m$, $i = 1, 2, \dots, m$, m 为优选集大小;

(2) $t = 1$, 用式(1)更新 w_i^t , $i = 1, 2, \dots, m$, 归一化权重; $\sum_{i=1}^m w_i^t \delta(\mathbf{x}_{0:t} - \mathbf{x}_{0:t}^i)$ 为服从的概率分布.

2.2 采样

2.2.1 采样方法描述

从带权重粒子表示的概率分布上采样, 我们采用根据粒子权重轮盘赌选择粒子, 然后在粒子附近采样的方法. PFEDA 中以该粒子为均值构造多元正态分布, 这样既满足了以上要求还可以增加种群的多样性.

2.2.2 粒子附近采样的方法

轮盘赌选择一个粒子,以该粒子为均值构造变量不相关的多元正态分布,从该分布上采样得到一个样本.因为变量不相关,所以采样可以通过从 $N(\mu_i, \sigma^2)$, $i = 1, 2, \dots, d$ 单独采样各分量获得. μ_i 表示粒子第 i 个分量的值, d 是样本维数, σ 控制粒子附近采样得到样本的分布范围,式(5)是 σ 的计算公式.

$$\sigma = (\mathbf{x}_{\max}^i - \mathbf{x}_{\min}^i) \frac{g_{\max} - g}{g_{\max}} \quad (5)$$

$\mathbf{x}_{\max}^i, \mathbf{x}_{\min}^i$ 表示分量的取值范围上下限, g_{\max} 为最大代数, g 是当前代数.

2.2.3 采样算法描述

算法 2 带权粒子表示的概率分布采样

- (1)有放回地轮盘赌方法根据粒子权重选择粒子;
- (2)从 $N(\mu_i, \sigma^2)$, $i = 1, 2, \dots, d$ 单独采样各分量,组合各分量得到样本.

2.3 基于粒子滤波的分布估计算法

在以上描述的基础上,给出 PFEDA 算法描述.

算法 3 PFEDA 完整算法

- (1)初始化第一代群体;
- (2)对 $i = 1, 2, \dots, n$, 采样 $\mathbf{x}_0^i \sim p(\mathbf{x}_0)$, 其中 $p(\mathbf{x}_0)$ 为均匀分布, n 为群体大小,并计算各样本适应值;
- (3)在群体中得到适应值好的样本优选集;
- (4)使用算法 1 估计优选集的概率分布;
- (5)执行算法 1 2n 次得到下一代种群并计算适应值;
- (6)算法若达到结束条件,结束算法;否则转到(3).

2.4 算法时间复杂度

经过分析,算法一次迭代的时间复杂度为 $O(n^2)$, n 是问题的维数.现有的两类连续域 EDA 算法中,对于构造高斯网络的算法,构造高斯网络本身是一个 NP-hard 问题,并且在高斯网络上采样的时间复杂性至少是 $O(n^2)$;直接使用参数估计方法估计高阶正态分布的算法,估计样本分布的时间复杂度不高,但是采样算法时间复杂度至少也是 $O(n^2)$.所以 PFEDA 一次迭代时间复杂度与现有算法在相同水平或更好.对于算法停时问题,我们将在现有研究成果^[8,9]基础上做进一步研究,并在后续的论文中公布研究结果.

3 实验结果及分析

3.1 测试函数

本文使用 4 个测试函数进行 100 次独立实验.

$$f_1(\mathbf{X}) = \sum_{i=1}^5 [i \cos((i-1)x_1 + i)] \sum_{j=1}^5 [j \cos((j+1)x_2 + j)] + (x_1 + 1.42513)^2 + (x_2 + 0.80032)^2, \\ x_1, x_2 \in [-10, 10]$$

$$f_2(\mathbf{X}) = \sum_{i=1}^n (x_i^2 - \cos(2\pi x_i) + 1),$$

$$-5.12 \leq x_i \leq 5.12$$

$$f_3(\mathbf{X}) = \sum_{i=1}^n ((x_1 - x_i)^2 + (x_i - 1)^2),$$

$$-10 \leq x_i \leq 10$$

$$f_4(\mathbf{X}) = \frac{1}{4000n} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1,$$

$$-600 \leq x_i \leq 600$$

各测试函数的最优解如下:

$$f_1^*(1.3068, 1.4248) = 176.1375; f_2^*(0, 0, \dots, 0) = 0,$$

$$f_3^*(1, 1, \dots, 1) = 0; f_4^*(0, 0, \dots, 0) = 0.$$

3.2 实验测试数据

种群规模: $f_1, 100$; 其他, 500 ; 选择比例 0.2 .

表 1 和表 2 是 100 次独立实验的统计数据.表 2 中均值 1 和标准差 1 为 100 次实验的最优适应值均值和标准差,均值 2 和标准差 2 是 100 次实验中收敛到最优的最优适应值均值及标准差.所有实验中,算法均收敛到全局最优或局部最优.在 CPU 为 Core2 T9400 的笔记本电脑上求解上述 4 个测试函数的平均计算时间为: $f_1, 0.2804\text{s}$; $f_2, 11.7826\text{s}$; $f_3, 3.9969\text{s}$; $f_4, 36.1367\text{s}$.

表 1 实验结果

	维数	找到全局最优次数	平均代数
f_1	2	98	101.46
f_2	10	74	338.23
f_3	10	100	107.31
f_4	10	26	826.61

表 2 优化结果统计数据

	均值 1	标准差 1	均值 2	标准差 2
f_1	-176.1368	0.0053	-176.137557	6.45×10^{-5}
f_2	0.3966	0.6751	2.44×10^{-4}	7.02×10^{-5}
f_3	2.46×10^{-4}	9.43×10^{-5}	2.46×10^{-4}	9.43×10^{-5}
f_4	0.00108	0.0088	1.10×10^{-4}	2.29×10^{-5}

3.3 与其他连续域分布估计算法的性能比较

文献[4]给出 EGNA_{ec} 及 EGNA_{BDe} 测试数据,选用相同种群规模及停止条件测试 PFEDA.表 3 是实验数据对比.对于 f_3 , PFEDA100 次实验全部全局收敛,最优值均值精度很高,适应值函数评价次数均值较少. f_4 收敛到全局最优,适应值函数评价次数均值不如其他两种算法,但最优值均值更接近全局最优.对大部分测试函数算法很快收敛,减少适应值函数评价次数.

表 3 与其他连续域分布估计算法的性能比较

	PFEDA	EGNA _{ec}	EGNA _{BDe}
全局最优次数	100	0	0
f_3 测试函数评价次数均值	72360	128256	126357
最优值均值	1.92×10^{-5}	0.09914	0.0250
全局最优次数	21	66	57
f_4 测试函数评价次数均值	275540	223820	238728
最优值均值	0.00213	0.008157	0.012605

3.4 算法性能分析

图 1 和图 2 是 f_2 和 f_4 一次典型实验进化过程曲线,横轴为进化代数,纵轴为适应值,实线、虚线分别表示群体适应值均值和历史最优适应值随代数的进化轨迹。 f_4 变量取值范围较大,所以值域范围大,从图 2 中不容易看出适应值的变化。图 3 为测试函数 f_4 变量取值

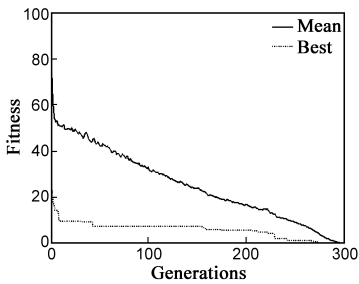


图1 测试函数 f_2 (10维)进化轨迹

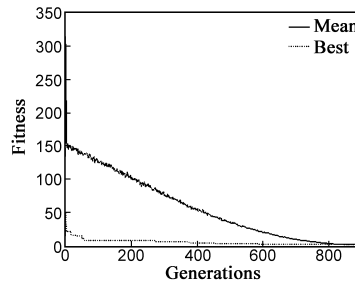


图2 测试函数 f_4 (10维)进化轨迹

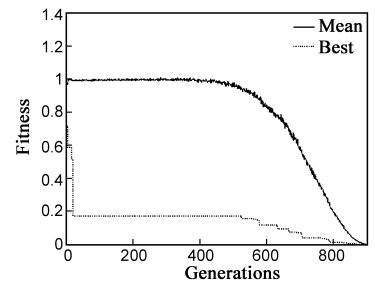


图3 测试函数 f_4 (10维)变量取值范围[-10,10]的进化轨迹

4 结论

目前连续域分布估计算法大都假设数据服从高斯分布,而且大多采用了单峰的概率模型,对于复杂优化问题,单峰的高斯分布模型不能有效地描述解在空间的分布.针对这些问题,本文提出一种基于序贯重点采样粒子滤波的分布估计算法,采用带权粒子描述样本服从的概率分布并从中采样得到下一代种群,不需要假设样本服从高斯分布,并且算法所使用的概率模型是多峰的.仿真结果表明本文算法思路可行.

下一步研究工作是进一步增强算法的全局寻优性能,并增强显式变量相关性因素的考虑.粒子滤波多次迭代过程对进化过程的影响以及针对测试函数 f_4 这类特殊优化问题的算法改进也是我们后续研究内容.

参考文献:

- [1] Pelikan M, Goldberg D E, Lobo F. A Survey of Optimization by Building and Using Probabilistic Models[R]. Urbana, Illinois: University of Illinois at Urbana-Champaign, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, 1999.
- [2] 周树德, 孙增圻. 分布估计算法综述[J]. 自动化学报, 2007, 33(2): 113 - 124.
Zhou S D, Sun Z Q. A survey on estimation of distribution algorithms[J]. Acta Automatica Sinica, 2007, 33(2): 113 - 124. (in Chinese)
- [3] 赵中煜, 彭宇, 彭喜元. 基于分布估计算法的组合电路测试生成[J]. 电子学报, 2006, 34(B12): 2384 - 2386.
Zhao Z Y, Peng Y, Peng X Y. Automatic test pattern generation with estimation of distribution algorithms for combinational circuits[J]. Acta Electronica Sinica, 2006, 34(B12): 2384 - 2386. (in Chinese)
- [4] Larranga P, Etxeberria R, Lozano A, J Pefia M. Optimization

范围 $[-10, 10]$ 的曲线,能够更好地观察进化过程细节.

从图 3 中可以明显看出,接近收敛时种群适应值均值加速收敛到最优.图 1 和图 2 也有类似特性,但是由于纵轴比例较大,并不是很明显.式(2)可以说明这种现象, λ 随进化过程逐渐变小,进化初期较大的 λ 保证种群多样性,进化末期较小的 λ 保证局部寻优性.

by learning and simulation of Bayesian and Gaussian networks [A]. Proceedings of the 2000 Genetic and Evolutionary Computation Conference Workshop Program[C]. Las Vegas: Morgan Kaufmann, 2000. 201 - 204.

- [5] Bosman P A N, Thierens D. Expanding from discrete to continuous estimation of distribution algorithms: The IDEA[A]. Proceedings of the 6th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature - PPSN VI[C]. London, UK: Springer-Verlag, 2000. 767 - 776.
- [6] Gordon N, Salmond D. Novel approach to nonlinear/non-Gaussian Bayesian state estimation[J]. Proc of Institute Electric Engineering, 1993, 140(2): 107 - 113.
- [7] Doucet A, Godsill S, Andrieu. On sequential Monte Carlo sampling methods for Bayesian filtering [J]. Statist Computer, 2000, 10(3): 197 - 208.
- [8] Zhang Q. On the convergence of a factorized distribution algorithm with truncation selection [EB/OL]. <http://cswwww.essex.ac.uk/sta@/zhang/EDAWEB/>, 2006-05-10.
- [9] 刘峰, 刘贵忠, 张苗生. 进化规划的 Markov 过程分析及其收敛性[J]. 电子学报, 1998, 26(8): 76 - 79.
Liu F, Liu G Z, Zhang Z S. Markovian process analyses and convergences of evolutionary programming[J]. Acta Electronica Sinica, 1998, 26(8): 76 - 79. (in Chinese)

作者简介:

张建华 男, 1976 年生于山西晋城, 兰州理工大学电气工程与信息工程学院博士生, 中北大学电子与计算机科学技术学院讲师. 研究方向为智能计算. E-mail: jeffzhangfly@gmail.com

曾建潮 男, 1963 年生于陕西大荔, 太原科技大学教授、博士生导师. 研究方向为系统工程、智能计算等.

E-mail: zengjianchao@263.com