

# 一种多样性保持的分布估计算法

程玉虎,王雪松,郝名林

(中国矿业大学信息与电气工程学院,江苏徐州 221116)

**摘要:** 针对传统分布估计算法中存在的早熟收敛问题,在讨论种群多样性保持方法和早熟原因的基础上,提出一种多样性保持的分布估计算法(EDA-DP),具体措施包括:根据混沌运动具有的随机性、遍历性、初值敏感性和规律性等特点引入混沌变异算子;根据个体适应度值和种群中各个体之间的距离信息自适应调整变异半径;根据种群中的个体浓度信息生成子代种群.基准测试函数的实验结果表明,EDA-DP能够有效防止早熟收敛,在提高解的精度和加快收敛速度方面均有所改善.

**关键词:** 分布估计算法;多样性;早熟收敛;混沌变异

**中图分类号:** TP18 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2010) 03-0591-07

## An Estimation of Distribution Algorithm with Diversity Preservation

CHENG Yu-hu, WANG Xue-song, HAO Ming-lin

(School of Information and Electrical Engineering, China University of Mining & Technology, Xuzhou, Jiangsu 221116 China)

**Abstract:** In order to solve the premature convergence problem existing in the traditional estimation of distribution algorithm (EDA), based on the analysis of methods for diversity preservation and reasons for premature convergence, an estimation of distribution algorithm with diversity preservation (EDA-DP) is proposed. A chaotic mutation operator is introduced into EDA by taking advantage of the randomness, ergodicity, initial value sensitivity and regularity of chaos. The EDA-DP is able to adjust its mutation radius in an adaptive way according to the fitness value and the distance between each individual. Moreover, the EDA-DP is able to generate its offspring population by making use of the concentration inside the population. The EDA-DP is evaluated on a set of benchmark problems and the experimental results show that the precision of the optimal solutions and the convergence speed are improved, thanks to the EDA-DP effectively overcomes the premature convergence problem.

**Key words:** estimation of distribution algorithm; diversity; premature convergence; chaotic mutation

### 1 引言

分布估计算法(Estimation of Distribution Algorithm, EDA)是一种新颖的、基于群体搜索的进化计算方法,它不通过传统的交叉变异的方法产生下一代种群,而是用统计分析的方法,对较优秀的个体进行统计分析,建立概率模型,然后再通过采样产生下一代解,经过不断的重复统计建模和采样过程得到问题的最优解<sup>[1]</sup>.它是统计学习和进化计算的结合.

可以看出,与传统进化算法不同,EDA是基于对整个群体建立数学模型,直接描述整个群体的进化趋势,是对生物进化“宏观”层面上的数学建模,具有良好的全局搜索能力,但局部优化能力较差<sup>[2]</sup>.因此,EDA能很好地解决低维单模态优化问题,然而对于复杂的高维多模

态优化问题,常常陷入局部最优解,出现早熟收敛现象.不同于EDA,遗传算法(Genetic Algorithm, GA)、粒子群优化(Particle Swarm Optimization, PSO)和差分进化(Differential Evolution, DE)算法是基于对种群中的各个个体进行遗传操作(交叉、变异等)来实现群体的进化的,是对生物进化“微观”层面上的数学建模,具有较好的局部优化能力,但全局搜索能力较差.为此,可以将EDA与GA、PSO和DE等算法进行混杂,力求做到算法探索与利用的有效均衡,以解决EDA的早熟收敛问题<sup>[3,4]</sup>.

造成EDA早熟收敛的另一个原因是,进化种群中个体趋同、种群多样性的迅速下降<sup>[5]</sup>.因此,解决EDA早熟收敛问题的另一种思路是重构种群的多样性.近年来,国内外学者从重构种群多样性的角度出发,提出了各种改进EDA算法,归纳起来,主要有以下3个方面:

(1) 高斯分布模型的方差控制. Koumoutsakos 等提出了一种用于保持 EDA 种群多样性的自适应方差尺度缩放技术<sup>[5]</sup>, 具体方法是: 在每次迭代过程中, 检查最优适应度值是否真正得到改进, 若确实如此, 则可将当前估计得到的高斯分布模型的方差值适当放大以增大 EDA 的搜索范围; 若不是这样, 则需将方差适当缩小.

(2) 小生境技术. 同传统遗传算法中的小生境技术, 分布估计算法中的小生境技术主要是按小生境函数值在种群中的个体之间进行平衡, 并对生成新种群的替换策略进行调整, 使个体在特定生存环境中进化, 这样可形成有效的压力以保证进化过程中种群的多样性<sup>[6,7]</sup>.

(3) 多种群并行进化. Madera 等提出一种分布式孤岛型 EDA (distributed island EDA, dEDA), 具体方法是: 在搜索空间中, 将初始种群划分成多个子种群 (对应多个概率分布模型), 各自独立进化. 每隔一定进化代数, 按完全网状模型交换各种群最优个体, 从而生成新的种群, 在此基础上进行下一代种群进化周期的进化, 直到满足算法终止条件为止<sup>[8]</sup>.

在各种遗传操作算子中, 变异算子用新的基因值替换原有基因值, 从而可以改变个体编码串的结构, 是维持种群多样性, 防止出现早熟收敛的重要手段<sup>[9]</sup>. 但是, 传统分布估计算法仅仅通过选择算子和基因池重组算子来实施进化, 缺少维持种群多样性的变异算子. 因此, 为解决 EDA 的早熟收敛问题, 提出一种多样性保持的分布估计算法 (Estimation of Distribution Algorithm with Diversity Preservation, EDA-DP), 在传统 EDA 中加入混沌变异操作, 利用混沌运动具有的随机性、遍历性、初值敏感性和规律性等特点在解空间内进行优化搜索, 使之跳出局部极值区、快速找到全局最优解. 12 个基准测试函数验证了 EDA-DP 的可行性和有效性.

## 2 混沌模型

混沌状态广泛存在于自然现象和社会现象中, 是非线性系统中一种较为普遍的现象, 其行为复杂且类似随机. 但看似一片混乱的混沌变化过程并不完全混乱, 而是存在着精细的内在规律性. 混沌运动具有的随机性、遍历性和规律性等独特的性质, 使其介于确定性和随机性之间, 具有丰富的时空动态<sup>[10,11]</sup>. 最重要的是, 混沌运动能在一定范围内按其自身的“规律”不重复地遍历所有状态. 混沌变异优化算法就是利用这些混沌变量的随机性、遍历性、规律性特点在解空间内进行优化搜索, 能够较好地使种群保持多样性.

对于一维变量, 混沌变异模型一般采用一维 Logistic 映射模型:

$$a_{t+1} = \lambda a_t (1 - a_t) \quad (1)$$

式中,  $\lambda$  为控制参数, 变化范围为  $[0, 4]$ . 当  $a_0$  取  $[0, 1]$  之间的一个随机数, 在控制参数  $\lambda$  确定的情况下, 可以得到一个混沌时间序列  $a_1, a_2, \dots, a_{NP}$ . 随着  $\lambda$  值的不同, 系统呈现不同特性:

(1)  $0 < \lambda \leq 1$  时, 系统特性比较简单, 除了不动点 0 外, 没有其他周期点.

(2)  $1 < \lambda < 3$  时, 系统也比较简单, 只有两个不动点, 1 和  $1 - 1/\lambda$ .

(3)  $3 \leq \lambda \leq 4$  时, 系统极为复杂, 呈现非周期性, 随着  $\lambda$  值增大, 系统遍历范围也增加.

## 3 多样性保持分布估计算法

多样性保持分布估计算法的基本思想是: 在传统分布估计算法中引入混沌变异, 变异半径根据个体适应度值和种群中各个体之间的距离信息自适应变化. 为进一步增强种群的多样性, 在选择下一代种群时, 利用个体在种群中的浓度调整其适应度值, 并根据调整后的适应度值产生下一代种群. 具体算法步骤如下:

**Step1** 初始化种群. 将待优化问题解在空间中的坐标做为种群中各个独立的个体, 采用十进制编码, 如:

$$X_{j,G} = (x_{j,1,G}, \dots, x_{j,i,G}, \dots, x_{j,n,G}) \quad (2)$$

式中,  $i = 1, 2, \dots, n, j = 1, 2, \dots, NP, G = 1, 2, \dots, G_{\max}, n$  为需要优化的参数个数, 即为待优化问题的维数,  $NP$  为种群规模,  $G_{\max}$  为最大进化代数.

为使初始种群不重复地随机遍历整个解空间, 采用一维 Logistic 模型, 具体步骤如下:

(1) 随机产生一组  $[0, 1]$  之间的初始值,  $\mathbf{a}_0 = \text{rand}(1, n)$ ;

(2) 将  $n$  维向量  $\mathbf{a}_0$  代入式(1), 给定  $\lambda$  值, 经  $NP$  次迭代计算就可得到在  $[0, 1]$  范围内的混沌时间序列  $\mathbf{a}_1, \mathbf{a}_2, \dots, \mathbf{a}_{NP}$ . 令  $\mathbf{A} = [\mathbf{a}_1, \mathbf{a}_2, \dots, \mathbf{a}_{NP}]^T$ , 则  $\mathbf{A}$  为  $NP \times n$  维矩阵;

(3) 将混沌时间序列的取值范围从  $[0, 1]$  扩展到待优化问题的取值范围, 初始种群的第  $j$  个个体的第  $i$  个基因位可表示为:

$$x_{j,i,1} = \text{low} + (\text{high} - \text{low})\mathbf{A}(j, i) \quad (3)$$

式中, low 为解空间的下限值, high 为解空间的上限值.

**Step2** 评价初始种群. 求种群中每个个体对待优化问题的目标值, 设目标函数为  $f(\mathbf{X})$ , 求函数的极小值;

**Step3** 适应度分配, 按线性分配, 压差为 2 的方式分配. 首先对目标函数值进行降序排列, 目标函数值最大, 即最小适应度个体放在列表的第一个位置, 最大适应度值个体放在位置  $NP$  上. 那么, 种群中第  $j$  个个体

的适应度值  $\text{fit}(j)$  可根据它在列表中排序的位置  $\text{position}(j)$  来确定,即:

$$\text{fit}(j) = 2 - \text{sp} + 2(\text{sp} - 1) \frac{\text{position}(j) - 1}{NP - 1} \quad (4)$$

式中,  $\text{position}(j)$  为在区间  $[1, NP]$  内取值的整数,选择压差  $\text{sp}$  可在区间  $[1, 2]$  内取值,此处  $\text{sp} = 2$ .

**Step4** 执行自适应混沌变异,以概率 1 对每个个体进行自适应混沌变异.为了变异后得到较好的解,在变异时考虑个体的适应度值,对于较好的个体在较小的范围内变异,则第  $j$  个个体的第  $i$  个基因的变异半径可表示为:

$$r(j, i) = C(i) \frac{1 - \text{fit}(j)}{\max_{j=1,2,\dots, NP} \text{fit}(j')} \quad (5)$$

式中,  $C(i)$  为变异步长.变异步长对算法的性能影响较大,此处采用自适应步长以加快算法的收敛.在进化的初期,需要一个较大的步长,以便在较大的空间内搜索解,而在进化的后期要求以较小的步长变异进行精细搜索,使其在较好解的周围进一步搜索最优解.根据进化过程中种群本身的信息来确定步长,则步长可表示为:

$$C(i) = \frac{\max_{j=1,2,\dots, NP} (\mathbf{x}'_{j,i,G}) - \min_{j=1,2,\dots, NP} (\mathbf{x}'_{j,i,G})}{\text{DIV}} \quad (6)$$

式中,  $\text{DIV}$  为一常数.由于保证一定的变异步长能使算法保持一定的随机性,增大跳出局部最优解的概率,因此,当  $C(i) < C_{\min}$  ( $C_{\min}$  为事先给定的最小变异步长) 时,令  $C(i) = C_{\min}$ .

个体  $\mathbf{x}_{j,i,G}$  经混沌变异后可表示为:

$$\mathbf{x}'_{j,i,G} = \mathbf{x}_{j,i,G} + \mathbf{r}(j, i) * 2(1 - 2\mathbf{A}(j, i)) \quad (7)$$

式中,  $\mathbf{A}(j, i)$  为本次进化过程中按 Logistic 混沌模型产生的 Logistic 序列构成的矩阵  $\mathbf{A}$  中的元素,具体实现方法同 Step1 中的步骤;  $2(1 - 2\mathbf{A}(j, i))$  是为了将矩阵  $\mathbf{A}$  中值的变化范围从  $[0, 1]$  扩大到  $[-2, +2]$ , 以使混沌变异的变化范围与传统的高斯变异相当<sup>[10]</sup>.

**Step5** 对个体进行倒序操作,以概率  $p_{\text{dao}} < 1$  对种群中的个体执行倒序操作.首先,在  $[1, NP]$  之间随机选取两个整数  $p$  和  $q$ , 设  $p < q$ , 将个体的两个整数之间的决策量倒序<sup>[12]</sup>, 则对个体  $\mathbf{X}'_{j,G} = (\mathbf{x}'_{j,1,G}, \mathbf{x}'_{j,2,G}, \dots, \mathbf{x}'_{j,p,G}, \mathbf{x}'_{j,p+1,G}, \dots, \mathbf{x}'_{j,q-1,G}, \mathbf{x}'_{j,q,G}, \dots, \mathbf{x}'_{j,n,G})$  执行倒序操作后,可得新个体  $\mathbf{X}''_{j,G} = (\mathbf{x}'_{j,1,G}, \mathbf{x}'_{j,2,G}, \dots, \mathbf{x}'_{j,q,G}, \mathbf{x}'_{j,q-1,G}, \dots, \mathbf{x}'_{j,p+1,G}, \mathbf{x}'_{j,p,G}, \dots, \mathbf{x}'_{j,n,G})$ .

**Step6** 评价经混沌变异和倒序操作后的种群  $\mathbf{X}''$ . 对于个体  $\mathbf{X}''_{j,G}$ , 如果  $f(\mathbf{X}''_{j,G}) < f(\mathbf{X}_{j,G})$ , 则用  $\mathbf{X}''_{j,G}$  代替  $\mathbf{X}_{j,G}$ , 得到新的种群  $\mathbf{X}$ .

**Step7** 用分布估计算法产生下一代种群,算法步骤如下:

(1) 从种群  $\mathbf{X}$  中选出  $M$  ( $M < NP$ ) 个较优的个体,对所选样本进行统计分析,建立单变量高斯模型;

(2) 按建立的单变量高斯统计模型产生  $K * NP$  ( $K > 1$ ) 个新的个体;

(3) 评价新产生的所有个体,并从新产生的个体中选出  $NP$  个个体作为下一代种群.

为保持种群的多样性,不仅按个体适应度值的大小选择下一代种群,同时考虑个体的浓度.个体的浓度越大,说明种群中该个体或与该个体相近的个体数越多;个体浓度越小,则该个体或与该个体相近的个体数越少.因而,个体的选择概率取决于个体的适应度值和浓度,高适应度值和低浓度个体的选择概率大,该个体受到促进;反之,低适应度值和高浓度个体选择概率相对较小,该个体受到抑制.

下一代种群产生策略如下:

① 计算种群中各个体与其他个体的距离之和,则第  $s$  个个体与其他个体的距离之和为:

$$d(s) = \sum_{l=1}^{k * NP} \sqrt{(\mathbf{X}_{s,G} - \mathbf{X}_{l,G})^2} \quad (8)$$

② 对求得的  $d(s)$  归一化处理得

$$d'(s) = \frac{d(s)}{\max_{s=1,2,\dots, K * NP} d(s)};$$

③ 求得个体的浓度  $\rho(s) = \frac{1}{d'(s)}$ ;

④ 根据个体的浓度调整个体的适应度值  $\text{fit}'(s) = \frac{\text{fit}(s)}{\rho(s)}$ , 按调整后的个体适应度值从大到小对个体排序,并从中选择  $NP$  个作为下一代种群.

**Step8** 检查是否满足终止进化条件,若满足则停止迭代,否则转 Step3.常用的终止条件是设定最大进化代数或最大允许误差.

## 4 仿真实验

为验证 EDA-DP 的性能,并与传统 EDA 和文[8]中的 dEDA 进行比较,选择了 12 个具有代表性的高维基准测试函数进行测试,如表 1 所示.函数定义如下:函数  $f_{11}$  和  $f_{12}$  函数中的  $u$  和  $y_i$ , 按如下方式计算,当  $x > a$  时,  $u(x, a, b, c) = b(x - a)^c$ ; 当  $x < -a$  时,  $u(x, a, b, c) = b(-x - a)^c$ ; 当  $-a < x < a$  时,  $u(x, a, b, c) = 0$ ,  $y_i = 1 + \frac{1}{4}(x_i + 1)$ .

仿真过程中,各算法的参数设置情况为:传统 EDA 的  $G_{\max} = 1000$ ,  $NP = 200$ ; dEDA 中,  $G_{\max} = 1000$ , 采用 4 个并行的独立种群,各种群  $NP = 200$ , 个体每隔 20 代按完全网状模型迁移一次,迁移概率为 0.2; EDA-DP 中,  $G_{\max} = 1000$ ,  $NP = 200$ ,  $M = 110$ ,  $\lambda = 3.9$ ,  $K = 1.5$ ,  $C_{\min} = 0.2$ ,  $p_{\text{dao}} = 0.5$ , 对函数  $f_4, f_7, f_{10}$  有  $\text{DIV} = 20$ , 其他函数  $\text{DIV} =$

15.

表 1 测试函数

函数	维数 $n$	取值范围	理论极值
$f_1(x) = \sum_{i=0}^{n-1} x_i^2$	100	$-5.12 \leq x_i \leq 5.12$	0
$f_2(x) = \sum_{i=0}^{n-1}  x_i  + \prod_{i=0}^{n-1}  x_i $	100	$-10 \leq x_i \leq 10$	0
$f_3(x) = (\sum_{i=0}^{n-1} (i+1)x_i^4) + \text{rand}[0, 1]$	100	$-1.28 \leq x_i \leq 1.28$	0
$f_4(x) = \sum_{i=0}^{n-1} (x_i^2 - 10\cos(2\pi x_i) + 10)$	100	$-5.12 \leq x_i \leq 5.12$	0
$f_5(x) = \frac{1}{4000} (\sum_{i=0}^{n-1} x_i^2) + \prod_{i=0}^{n-1} \cos(\frac{x_i}{\sqrt{i+1}}) - 1$	100	$-600 \leq x_i \leq 600$	0
$f_6 = \max( x_i ), 0 \leq i < n$	100	$-100 \leq x_i \leq 100$	
$f_7 = \sum_{i=0}^{n-1} -x_i \sin(\sqrt{ x_i })$	100	$-500 \leq x_i \leq 500$	$-4.1898E+4$
$f_8 = -20\exp(-0.2\sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=0}^{n-1} x_i^2}) - \exp(\frac{1}{n} \sum_{i=0}^{n-1} \cos(2\pi x_i)) + 20 + e$	100	$-32 \leq x_i \leq 32$	0
$f_9 = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i^4 - 16x_i^2 + 5x_i)$	100	$-5 \leq x_i \leq 5$	$-78.3323$
$f_{10} = \sum_{i=1}^{n-1} (x_{i+1}^2 - x_i)^2 + (x_i - 1)^2$	100	$-10 \leq x_i \leq 10$	0
$f_{11} = \frac{\pi}{n}  10\sin^2(\pi y_1) + \sum_{i=1}^{n-1} (y_i - 1)^2 [1 + 10\sin^2(\pi y_{i+1})] $ $+ \frac{\pi}{n} (y_n - 1)^2 + \sum_{i=1}^n u(x_i, 10, 100, 4)$	100	$-50 \leq x_i \leq 50$	0
$f_{12} = \frac{1}{10}  \sin^2(3\pi x_1) + \sum_{i=1}^{n-1} (x_i - 1)^2 [1 + \sin^2(3\pi x_{i+1})] $ $+ \frac{1}{10} (x_n - 1)^2 (1 + \sin^2(2\pi x_n)) + \sum_{i=1}^n u(x_i, 5, 100, 4)$	100	$-50 \leq x_i \leq 50$	0

采用如下 3 种性能指标测试算法性能:1)固定进化代数内算法平均最优结果.虽然此时所得结果可能不靠近最优结果,仅仅是局部最优点附近一个适应度较小点,但此性能指标能在一定程度上反映出算法的收敛速度.本文取此固定进化代数为 500.2)到达确定阈值的平均进化代数.此性能指标也是算法进化速度测试指标,但不同于上述指标,此时可能意味着算法已经靠近了全局最优位置.本文中函数  $f_1, f_2, f_4, f_5, f_8, f_{11}$  和  $f_{12}$  的阈值取为  $E-8$ , 函数  $f_3$  的阈值为 0.05, 函数  $f_6$  的阈值为 0.5, 函数  $f_7$  的阈值为  $-41898$ , 函数  $f_9$  的阈值为  $-78.3323$ , 函数  $f_{10}$  的阈值为 0.002. 当运行代数达到 2000 代而仍未满足学习误差精度时,则认为算法已陷

于局部最优解,且其进化代数不计入平均进化代数.3)达标率.通过计算算法到达预设阈值的次数占规定进化总次数的比例,测试算法的可靠性.

考虑性能指标 1,表 2 给出了 500 代内 3 种算法优化上述测试函数 30 次所得平均优化结果.由表 2 可以看出,与 EDA 和 dEDA 相比,对于函数  $f_1, f_2, f_4, f_5, f_6, f_7, f_8, f_9, f_{10}, f_{11}$  和  $f_{12}$ , EDA-DP 能在 500 代之内得到较优结果;对于函数  $f_3$ , EDA-DP 所得结果略劣于 dEDA,但是优于 EDA.因此,考虑全部优化函数,EDA-DP 能在规定进化代数内得到较为理想的优化结果,甚至得到满意解.

表 2 500 代内 3 种算法所得平均优化结果

优化算法	$f_1$	$f_2$	$f_3$	$f_4$	$f_5$	$f_6$
EDA-XDP	3.4513E-32	1.5700E-31	3.7823E-02	0	0	6.7498E-01
EDA	8.6649E-23	5.1107E-10	3.9863E-02	19.7405	0	20.5502
dEDA	8.5916E-24	3.2421E-10	2.7186E-02	1.1608	0	2.4380
优化算法	$f_7$	$f_8$	$f_9$	$f_{10}$	$f_{11}$	$f_{12}$
EDA-DP	$-4.1898E+04$	1.0954E-14	$-78.3323$	1.4456E-03	2.2927E-28	7.0588E-30
EDA	$-2.2204E+04$	2.1496E-10	$-76.8125$	1.3469	10.4820	6.4627E-01
dEDA	$-2.0834E+04$	8.8701E-12	$-78.3323$	2.7535E-02	2.5762E-20	7.0588E-30

表 3 给出了独立运行 30 次 3 种优化算法获得的最优解的平均值与方差.图 1 至图 6 描述了 3 种算法对于

函数  $f_4, f_6, f_7, f_9, f_{11}$  和  $f_{12}$ , 所得最优结果与进化代数的曲线图,其中横坐标为进化代数,纵坐标为优化求解结

果.由表 2 和 3 可知,对于函数  $f_4$ 、 $f_6$ 、 $f_7$ 、 $f_9$ 、 $f_{11}$  和  $f_{12}$ , EDA 在进化 500 代和 2000 代所得优化结果是一致的,这表明 EDA 在进化后期已经陷入了早熟收敛,进化趋于停滞,这一点由图 1 至图 6 也能得到同样的结果.另外,由表 3 出示的数据可以看出,EDA-DP 所得结果要不同程度地优于 dEDA(函数  $f_3$  和  $f_{10}$  除外),并且明显优于 EDA,EDA-DP 甚至能够得到函数  $f_1$ 、 $f_2$ 、 $f_4$ 、 $f_5$ 、 $f_7$ 、 $f_8$ 、 $f_9$ 、

$f_{11}$  和  $f_{12}$  的全局最优解(此处  $E-15$  视为 0).值得一提的是,对于函数  $f_7$ ,EDA 和 dEDA 均无法找到全局最优解,而由表 2 可知,EDA-DP 却能在 500 代内即可进化到全局最优解.这是由于在 EDA 中引入了混沌变异和个体浓度的思想,增强了 EDA 保持种群多样性和避开局部最优解的能力.

表 3 独立运行 30 次得到最优解的平均值与方差

优化算法	最优解	$f_1$	$f_2$	$f_3$	$f_4$	$f_5$	$f_6$
EDA-DP	均值	3.4363E-66	3.9133E-32	3.1816E-02	0	0	4.7699E-01
	方差	1.2016E-66	5.2589E-31	3.8683E-03	0	0	1.8320E-01
EDA	均值	6.9083E-48	5.1702E-22	3.7421E-02	19.7405	0	20.5502
	方差	2.5098E-48	4.2464E-23	5.8846E-03	2.4246	0	4.4678
dEDA	均值	1.5468E-49	2.1540E-22	1.9332E-02	1.1608	0	2.4380
	方差	1.9690E-50	7.6787E-24	4.0933E-03	1.1874	0	1.4331
优化算法	最优解	$f_7$	$f_8$	$f_9$	$f_{10}$	$f_{11}$	$f_{12}$
EDA-DP	均值	-4.1898E+04	7.9936E-15	-78.3323	1.3705E-03	4.7739E-30	1.3498E-32
	方差	0	0	0	2.2851E-04	0	0
EDA	均值	-2.2204E+04	6.0896E-12	-76.8125	1.3112	10.4820	6.4627E-01
	方差	1.2032E+03	7.3384E-22	6.9154E-01	3.6873E-01	19.1068	7.9064E-01d
EDA	均值	-2.8289E+04	7.9936E-15	-78.3323	6.1198E-04	4.7739E-30	1.3498E-32
	方差	1.6183E+03	0	0	1.7634E-04	0	0

表 4 给出了不同算法的达标率及平均进化代数.对于函数  $f_1$ 、 $f_2$ 、 $f_3$ 、 $f_5$ 、 $f_8$ ,3 种算法的达标率均为 100%,但是考虑性能指标 2,EDA 和 dEDA 所需进化代数要明显多于 EDA-DP(函数  $f_3$  除外).另外,考虑函数  $f_4$ 、 $f_6$ 、 $f_7$ 、 $f_9$ 、 $f_{10}$ 、 $f_{12}$ ,EDA-DP 同样能以较高的达标率得到满意结

果,而 EDA 的达标率均为 0.特别地,对于函数  $f_6$  和  $f_7$ ,dEDA 的达标率也为 0,表明 EDA 和 dEDA 在进化后期不同程度地陷入了局部收敛.可见对于所有 12 个测试函数,EDA-DP 所得结果有较高的可靠性.

表 4 不同算法所得优化结果的达标率及平均进化代数

优化算法	优化结果	(E-8)	(E-8)	(0.05)	(E-8)	(E-8)	(0.5)
EDA-DP	达标率	100%	100%	100%	100%	100%	69%
	平均进化代数	157	166	192	242	191	522
EDA	达标率	100%	100%	100%	0	100%	0
	平均进化代数	215	446	139	/	273	/
dEDA	达标率	100%	100%	100%	100%	100%	0
	平均进化代数	209	439	97	509	254	/
优化算法	优化结果	(-41898)	(E-8)	(-78.3323)	(0.002)	(E-8)	(E-8)
EDA-DP	达标率	100%	100%	100%	100%	100%	100%
	平均进化代数	192	289	165	323	208	190
EDA	达标率	0	100%	0	0	27%	0
	平均进化代数	/	394	/	/	284	/
dEDA	达标率	0	100%	100%	100%	100%	100%
	平均进化代数	/	383	179	825	276	256

由表 2~4 和图 1~6 可见,对于所有 12 个测试函数,EDA-DP 可以有效地防止早熟收敛现象的出现,有助于

于提高解的质量和算法的收敛速度,而且能够增加算法收敛到全局最优解的概率,极大地提高了算法的性能。

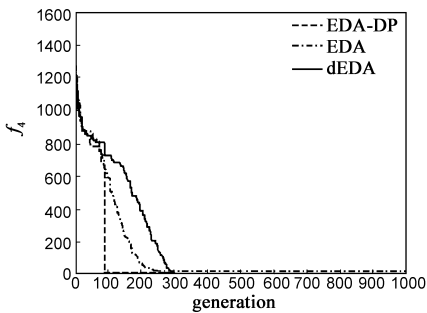


图1 函数 $f_1$ 的优化结果

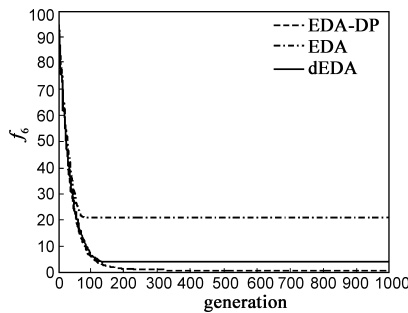


图2 函数 $f_6$ 的优化结果

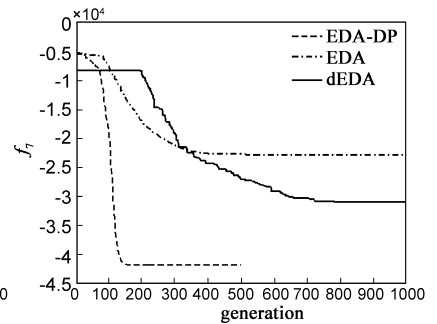


图3 函数 $f_7$ 的优化结果

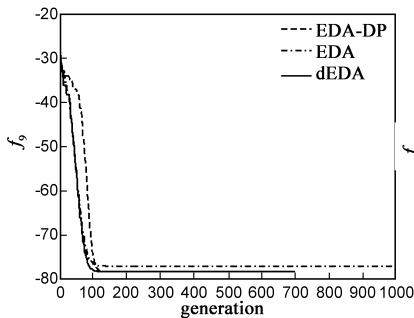


图4 函数 $f_9$ 的优化结果

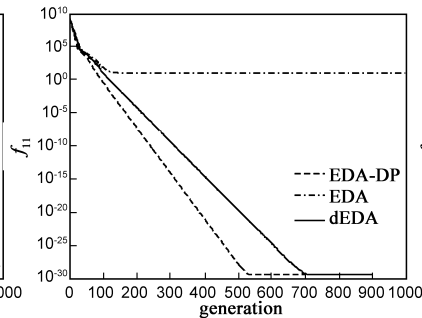


图5 函数 $f_{11}$ 的优化结果

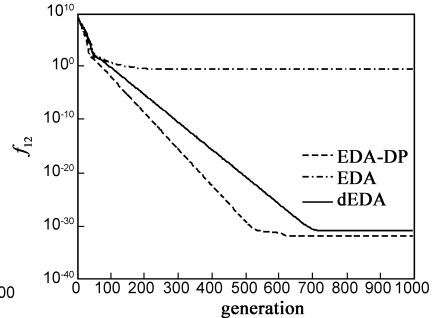


图6 函数 $f_{12}$ 的优化结果

## 5 结论

分布估计算法提出了一种全新的进化模式,它通过对整个群体建立数学模型,直接描述整个群体的进化趋势,是对生物进化“宏观”层面上的数学建模,是一种全局优化搜索算法。但是,由于仅仅使用了选择算子和基因池重组算子,EDA 经常会出现早熟收敛现象,极大地影响了算法的性能。通常早熟收敛处理的替代个体由种群大范围随机变异得到,由于替代个体只占种群个体的一小部分,则其多样性很有可能会被淹没。若根据混沌运动具有的随机性、遍历性、初值敏感性和规律性等特点引入混沌变异,这种情况就会很少出现。因此,提出一种多样性保持的分布估计算法 EDA-DP,通过在 EDA 中增加自适应混沌变异算子,同时根据种群中的个体浓度信息生成子代种群等操作来保持种群的多样性,进而克服传统 EDA 中存在的早熟收敛和后期收敛速度慢的问题。通过 12 组基准函数来测试算法性能,并与传统 EDA 和分布式孤岛型 EDA 进行实验比较,结果表明该方法能够有效防止早熟收敛,在优化解的质量和收敛速度方面具有较好的性能。但是,该方法的缺点是控制参数较多,需要靠经验试凑对参数进行设置。后续研究工作包括参数的自适应调整以进一步提高算法的性能以及对算法实现的收敛性等给出严密的数学分析和证明。

## 参考文献:

- [1] P Larranaga, J A Lozano. Estimation of distribution algorithms: a new tool for evolutionary computation[M]. Boston: Kluwer Academic Publishers, 2002.
- [2] 周雅兰,王甲海,印鉴.一种基于分布估计的离散粒子群优化算法[J].电子学报,2008,36(6):1242-1248.  
Zhou Ya-Lan, Wang Jia-Hai, Yin Jian. A discrete particle swarm optimization algorithm based on estimation of distribution[J]. Acta Electronic Sinica, 2008, 36(6): 1242 - 1248. (in Chinese)
- [3] J M Pena, V Robles, P Larranaga, et al. GA-EDA: hybrid evolutionary algorithm using genetic and estimation of distribution algorithms[A]. The 17th International Conference on Industrial and Engineering Applications of Artificial Intelligence and Expert Systems[C]. Heidelberg: Springer Berlin, 2004, 3029: 361 - 371.
- [4] J Sun, Q Zhang, E Tsang. DE/EDA: a new evolutionary algorithm for global optimisation[J]. Information Sciences, 2005, 169(3-4): 249 - 262.
- [5] P Koumoutsakos, J Ocenasek, N Hansen, et al. A mixed bayesian optimization algorithm with variance adaptation[A]. The 8th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature[C]. Heidelberg: Springer Berlin, 2004, 3242: 352 - 361.
- [6] R E Leonardo, T R P. Aurora. An incremental approach for

- niching and building block detection via clustering [A]. Proceedings of the Seventh International Conference on Intelligent Systems Design and Applications [C] NJ: IEEE Piscataway, 2007:303 - 308.
- [7] W S Dong, X Yao. NichingEDA: utilizing the diversity inside a population of EDAs for continuous optimization [A]. IEEE Congress on Evolutionary Computation [C] NJ: IEEE Piscataway, 2008. 1260 - 1267.
- [8] J Madera, E Alba, A Ochoa. A parallel island model for estimation of distribution algorithms [A]. Towards a New Evolutionary Computation [C]. Heidelberg: Springer Berlin, 2006, (192): 159 - 186.
- [9] R M Selvi, R Rajaram. Performance study of mutation operator in genetic algorithms on anticipatory scheduling [A]. Proceedings of the International Conference on Computational Intelligence and Multimedia Applications [C] NJ: IEEE Piscataway, 2007:511 - 515.
- [10] 袁晓辉, 袁艳斌, 王乘, 等. 一种新型的自适应混沌遗传算法 [J]. 电子学报, 2006, 34(4): 708 - 712.  
Yuan Xiao-Hui, Yuan Yan-Bin, Wang Cheng, et al. A novel self-adaptive chaotic genetic algorithm [J]. Acta Electronica Sinica, 2006, 34(4): 708 - 712. (in Chinese)
- [11] L D S Coelho. A quantum particle swarm optimizer with chaotic mutation operator [J]. Chaos, Solitons and Fractals, 2008, 37(5): 1409 - 1418.
- [12] 董朝阳, 孙树栋. 基于免疫遗传算法的工艺设计与调度集成 [J]. 计算机集成制造系统, 2006, 12(11): 1807 - 1813.

Dong Chao-Yang, Sun Shu-De. Integration of process planning and scheduling based on immune genetic algorithm [J]. Computer Integrated Manufacturing Systems, 2006, 12(11): 1807 - 1813. (in Chinese)

#### 作者简介:



程玉虎 男, 1973 年生于安徽淮南, 2005 年获中国科学院自动化研究所控制理论与控制工程专业博士学位, 现为中国矿业大学信息与电气工程学院副教授. 主要研究方向为机器学习和智能系统等.

E-mail: chengyuhu@163.com



王雪松 女, 1974 年生于安徽泗县, 2002 年获中国矿业大学控制理论与控制工程专业博士学位, 2002 年至 2004 年于北京理工大学控制科学与工程博士后流动站从事博士后工作, 现为中国矿业大学信息与电气工程学院副教授. 主要研究方向为机器学习、复杂系统优化与控制、生物信息学等.

E-mail: wangxuesongcumt@163.com



郝名林 男, 1985 年生于江苏淮安, 2006 年获中国矿业大学学士学位, 2009 年获中国矿业大学硕士学位. 研究方向为智能优化理论与应用.