

带约束二进制矩阵编码染色体及遗传算子设计^①吴玲^{②*} 邓志东* 贾培发*

(* 智能技术与系统国家重点实验室, 清华信息科学与技术国家实验室(筹)清华大学计算机系 北京 100084)

(** 海军工程大学电子工程学院 武汉 430033)

摘要 提出了一类带约束的二进制矩阵型染色体的编码方法。相对于传统向量型染色体编码方法而言,该方法可以通过在矩阵中设置“禁止位”将复杂优化问题的若干约束条件在编码中体现出来。此类染色体的交叉和变异操作不能采用传统方法,否则子代染色体可能成为问题的非法解。设计了一种针对此类型染色体的巡回变换操作,基于该操作可以实现用于带约束二进制矩阵编码染色体的交叉和变异算子。仿真实例表明,此类染色体及遗传算子的设计对于遗传算法用于复杂优化问题的求解,具有一定意义。

关键词 遗传算法, 染色体编码, 交叉算子, 变异算子, 武器目标分配

0 引言

遗传算法(genetic algorithm, GA)是模拟生物自然进化和遗传过程的一类启发式优化算法,常被用于求解复杂优化问题。在 GA 的编码设计中,优化问题的可行解常用二进制字符串表示,即 GA 中的一个染色体。二进制编码是一种具有明显优越性的编码方法,因为根据模式理论,二进制字符串拥有的模式数目比 k 进制字符串大。但在处理复杂优化问题时,简单的二进制字符串不能表示问题的约束条件,因此可将染色体编码为包含更多信息量的二进制矩阵形式。

以往提出的矩阵型染色体编码方法不考虑问题的约束,且相应的遗传算子会使后代成为问题的不可行解,需要对其再进行处理,比如丢弃它们,或在适应度函数中增加高惩罚值降低其生存概率,或者引入一个“修复机制”修复不可行染色体^[1,2]。有些不产生非法解的遗传操作一般是针对矩阵组型的染色体,通过交换整个矩阵实现交叉和变异的目的^[3]。本文提出了一种带“禁止位”的二进制矩阵染色体的编码方法。染色体矩阵中的每个禁止位表示实际问题的一个约束条件,且禁止位的数量和位置在遗传进化过程中始终不变。新的编码方法使传统变异和交叉操作不再有效,本文设计了一类用于带约束二进制矩阵编码染色体的交叉和变异算子,新的算子

可以确保每个遗传后代都是问题的可行解,且优化效率高。本文提出的带约束二进制矩阵编码染色体及相应的遗传操作的设计和实现,可以使 GA 应用于求解更多的复杂优化问题,尤其是带约束条件的组合优化问题。

1 带约束的二进制矩阵编码染色体

以武器目标分配问题(weapon target allocation, WTA)为例,引入带约束的二进制矩阵编码染色体的设计方法。以往利用 GA 求解 WTA 问题时,一般采用向量形式的十进制序号编码^[4,5],即将每个基因座表示一个武器,基因值为一个目标,如[3 1 2]表示将目标 3 分配给武器 1,目标 1 给武器 2,目标 2 给武器 3。这种编码方法处理的约束条件一般是一个武器与一个目标一一对应的简单情况,不能表示分配中空间约束条件,例如目标 2 不在武器 3 的打击范围内,武器 3 不能被分配给目标 2 的情况。如果将染色体定义成矩阵形式,则可将约束条件编入编码,此时染色体就可表示为如下形式:

$$A = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & -1 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (1)$$

其中行表示目标,列表示武器。矩阵中元素 1 所对应的行 i 、列 j 表示将第 j 个武器用于打击第 i 个目标。假设武器一对一分配给目标,则矩阵每行每列

① 国家自然科学基金(60621062, 60775040)资助项目。

② 女, 1976 年生, 博士生; 研究方向: 智能辅助决策; 联系人, E-mail: wul.nue@gmail.com
(收稿日期: 2008-01-25)

都有且仅有一个元素为 1。如果规定第 j 个武器不能用于打击第 i 个目标,则对应的矩阵元素设为 -1 ,且在遗传进化中必须始终为 -1 ,称这样的位为“禁止位”。

在 WTA 问题中,禁止位的设置不仅可以用来处理简单的空间约束条件,还可以处理某个武器暂不可用的情况。比如在(1)式中,如果将武器 2 分配给目标 2,在武器 2 结束拦截之前,该武器不可被再次分配,此时对武器 2 对应的列和目标 2 对应的行设置全禁止位,即 $A = \begin{bmatrix} 1 & -1 & 0 \\ -1 & -1 & -1 \\ 0 & -1 & 1 \end{bmatrix}$,则不必对

染色体矩阵进行降维处理;一旦完成对目标的拦截且该武器再次可用了,只要恢复该列元素便可重新开始新的分配过程,且优化信息仍然保持在染色体中而不丢失;如果该武器退出使用,则全禁止位的行列不再开放,寻优过程也丝毫不受影响。但应注意在每行每列有且只有一个元素 1 的前提下,全禁止位行和全禁止位列要成对出现,且该行列的交叉位的元素在原矩阵中为 1。全禁止位行列的设置,实际上是一种处理降维问题的方法,它可以确保矩阵型染色体的维数在问题求解过程中始终不变,且在变化的环境中不丢失既有优化信息。这对于降低算法复杂性、处理动态变化事件非常有利。

利用这种编码方法,可以把复杂的约束条件在染色体编码中予以体现,以确保每个染色体都是问题的一个可行解。将这种编码形式的染色体称为带约束二进制矩阵编码染色体。

矩阵型染色体的表示能力虽强,但必须设计有效的遗传操作以实现对解空间的搜索,同时确保产生的后代仍然满足问题的约束条件。基于适配值的选择算子对于带约束的矩阵型染色体仍然可用,但是传统的交叉和变异算子不再适用,因为一般的交换或扰序操作都可能使遗传后代不满足每行每列有且仅有一个元素 1 的约束条件,染色体对应的解也不合法。为保证每个染色体在遗传过程中的合法性,文中设计了一类针对带约束二进制矩阵编码染色体的交叉和变异算子。

2 带约束二进制矩阵编码染色体的遗传算子设计

本文设计的带约束二进制矩阵型染色体的交叉和变异算子,都是基于一种称为巡回变换的操作。

一次巡回变换即随机选取染色体的某一行,找到其中为 1 的元素,并将之换到该行中的另外一个位置,同时对相应元素进行变换,以确保该染色体矩阵始终满足每行每列有且仅有一个元素为 1 的条件,同时矩阵中所有的禁止位 -1 所在的位置始终不变。二进制编码的矩阵中只有 0,1,-1 三类元素(-1 仅表示禁止位标志)。巡回变换操作的流程如图 1 所示,一个巡回变换操作的示例如图 2 所示。

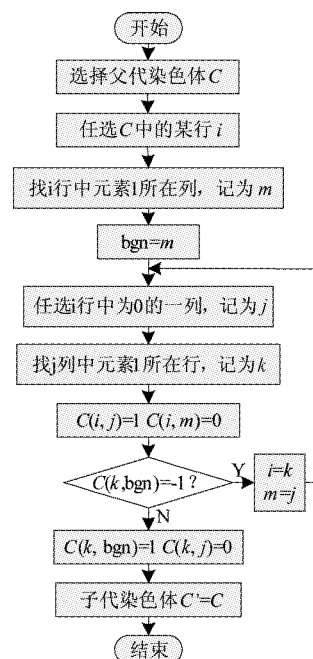


图 1 巡回变换操作流程示意图

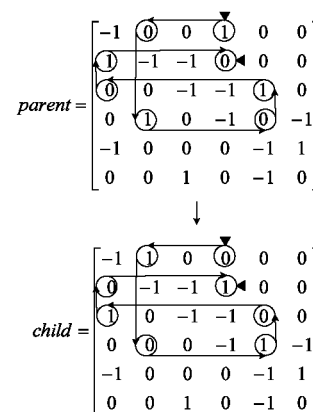


图 2 带约束矩阵染色体一次巡回变换操作示意图

图 2 所示是对矩阵 parent 进行一次巡回变换的示意图。假定初始选中 parent 的第 1 行,巡回变换的目标就是将第 1 行中的某个元素 0 和元素 1 置换,同时保证当前矩阵中所有 -1 元素不动,且每行每列有且仅有一个元素 1。变换操作从第 1 行第 4

列的元素 1 开始,该元素上方有一个三角形状,标志起点。经过途中箭头所示的巡回路线,最终回到第 2 行第 4 列的元素 0,该元素右边有一个三角形状,标志终点。图中巡回路径中所经过的每一个元素都用圆圈标出。由图 1 中所示巡回变换的流程可得变换步骤为:

(1) 从第 1 行第 4 列的元素 1 开始,随机找该行中某个元素 0 所在列,假设为第 2 列;

(2) 第 2 列中元素 1 在第 4 行;将第 1 行中元素 1 和被选中的元素 0 互换;

(3) 第 4 行第 4 列为禁止位 -1,再任选第 4 行中某个元素 0 所在列,假设为第 5 列;

(4) 第 5 列元素 1 所在的行是第 3 行;将第 4 行中元素 1 和被选中的元素 0 互换;

(5) 第 3 行第 4 列元素为 -1;再任选该行中某个元素 0 所在列,假设为第 1 列;

(6) 第 1 列元素 1 所在的行是第 2 行,且第 2 行第 4 列的元素不为 -1;将第 3 行中元素 1 和被选中的元素 0 互换;将第 2 行的元素 1 和被选中的元素 0 互换。

至此完成了一次巡回变换。变换之后,原有约束条件不变,且每行每列都保证了有且仅有一个元素 1。

值得注意的是,有可能在巡回变换时,最后找到某行(列),该行(列)中除了元素 1 或 -1 之外,没有零元素,或者矩阵中的巡回路径始终重复而无法找到变换方案,此时巡回变换无法继续下去。称这样的一次巡回为死巡回。如果出现死巡回,则该次巡回无效,需要重新起始一次巡回操作。在求解具体问题的算法中,对这种情况必须加以处理。

但是在更一般的情况下,染色体矩阵不一定是方阵,且每行每列不一定只有一个元素 1,但每行/列中元素 1 的数量是固定的。对于这类约束条件,巡回变换同样可以处理,不过应注意当被选中的行(列)元素 1 的个数不止一个时,只随机选择其中的一个元素 1。存在全禁止位行列时巡回变换操作也不受影响。

针对带约束二进制矩阵染色体的交叉和变异算子均基于巡回变换操作而实现。称这样的交叉算子为巡回交叉,变异算子为巡回变异。巡回交叉算子是进行多次巡回变换,每次都随机选取一行来起始变换操作;而巡回变异算子则是仅找一行进行巡回变换,也即一次巡回变换本身就实现一次变异。

巡回变换之后,从父代染色体生成的后代中大

多数元素 1 的位置不变,只有少数行列的元素 1 和元素 0 发生了置换,这就类似于后代保留了父代的一些模式,同时产生出了一些新模式,从而实现种群进化的目的。交叉算子中巡回变换的次数体现了继承染色体中原有模式信息和搜索新模式的一种折衷,也是保留既得优化成果和继续搜索解空间的折衷。巡回变换次数少,则原有信息保留得多,否则对解空间的搜索更深。

由巡回交叉算子的定义可知,遗传子代是从一个父代染色体克隆衍生而来,因而基于该遗传操作的遗传算法是基于变异的遗传算法 (mutation-based genetic algorithm)^[6,7],或称单亲遗传算法 (partheno genetic algorithm)^[8,9]。尽管在 GA 中变异操作常作为交叉操作的辅助遗传进化手段,一般采用较大的交叉概率和较小的变异概率,但在进化策略 (evolutionary strategies, ESs) 和进化规划 (evolutionary programming, EP) 中变异算子却是主要的遗传算子。研究和应用表明,设计良好的变异算子同样能使 GA 具有较好的寻优性能,达到与“交叉 + 变异”的组合遗传操作接近的效果,且算法逃离局部极值的表现更好,具有全局收敛性^[6-9]。此外,采用单亲巡回交叉算子可使算法的复杂性降低。

3 仿真示例

以武器目标分配问题为例进行仿真。假设在 M 个武器对 M 个目标进行分配。即求解优化问题:

$$\min_Y J = \sum_{i=1}^M V_i \cdot \prod_{j=1}^M (1 - P_{ij} Y_{ij}) \quad (1)$$

$$\text{s.t.} \quad \sum_{i=1}^M Y_{ij} = 1 \quad j = 1, 2, \dots, M \quad (2)$$

其中 V_i 为第 i 个目标的威胁值; P_{ij} 为第 j 个武器用于拦截第 i 个目标时对目标的杀伤概率;

$$Y_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{第 } j \text{ 个武器被分配给第 } i \text{ 个目标} \\ 0 & \text{否则} \end{cases}$$

表示第 j 个武器对第 i 个目标的分配决策变量。

对不同 M 值进行仿真,其中假定每个目标最多 $\lceil M/8 \rceil$ 个武器不能对其拦截(符号“ $\lceil a \rceil$ ”表示向上取整),相应武器序号在仿真中随机生成。建立基于带约束二进制矩阵编码方式的遗传算法。设种群中染色体的数目为 50,最大进化代数为 5000;适配值评价函数采用(1)式;采用随机一致选择算子,其中每代种群最优个体的保留数量为 4;采用巡回交叉算子,一次巡回交叉执行 $\lceil M/8 \rceil$ 次巡回变换,即巡

回变换次数随种群规模变化,交叉概率设为 $P_c = 0.8$; 采用一次巡回变换作为巡回变异,变异概率为 $P_M = 0.2$ 。算法停止准则是达到最大进化代数,或在 50 次连续进化中最优适配值的相对变化小于 10^{-20} 。目标的威胁值在 1 到 100 之间随机均匀产生,武器对目标的杀伤概率在 0.2 到 0.95 之间随机均匀产生。对 M 从 20 到 100 以步长 20 变化的 5 种规模下的分配问题进行仿真,结果如图 3 和表 1 所示。图 3 是在不同的 M 值下每一进化代中最优适配值变化曲线,表 1 是算法最终达到的最优适配值和执行时间,算法运行平台为奔腾 Celeron 1.4G 处理器,256M 内存。

表 1 仿真中的最终适配值和算法运行时间

M	20	40	60	80	100
第一代最优适配值	239.149	570.513	917.712	1269.625	1790.880
最终适配值	94.8515	258.969	339.687	493.263	569.705
运行时间(s)	3.062	4.438	10.172	20.703	44.921

由图 3 和表 1 数据可见,在不同 M 值下,经过较短的优化时间,最优适配值均快速下降,体现了较高的优化效率。为了进一步验证巡回交叉和变异算子的寻优能力,仿真还设计了一种基于向量编码和双亲交叉的 GA(下称 BGA),与“矩阵编码+巡回交叉和变异”的遗传算法(下称 MGA)相比较。前者不能处理带约束的 WTA 问题,因而仿真中假定目标可被所有武器拦截。

BGA 的编码采用向量型十进制序号编码,即引言中提到的传统编码方法;序号编码染色体不能采用传统单、多点交叉算子,这里采用了一种基于排序的交叉算子^[10]:在一个父串 a 中随机选择若干位,找到这些位中的元素值在另一个父串 b 中出现的位置,并将这些值按父串 a 中出现的顺序排序。例如:父代染色体(1 2 3 4 5 6 7 8)和(2 4 6 8 7 5 3 1),假设从父串 2 中选择第 2、第 5 和第 8 位,相应的基因值分别为 4,7,1。这些基因值在父串 1 中的位置在 4,7,1 位。取父串 1 中除这几位之外的值形成后代(* 2 3 * 5 6 * 8),其中未确定的位按照父串 2 中的顺序形成子串(4 7 1)加入到后代中,最终形成交叉子代(4 2 3 7 6 5 1 8)。变异算子采用交换变异,即随机交换染色体中的两位产生变异后代。停止准则和参数设计与 MGA 相同。

令 MGA 中目标最大不能拦截的武器数量为 0 (即所有武器都能拦截所有目标),同样进行 M 值为

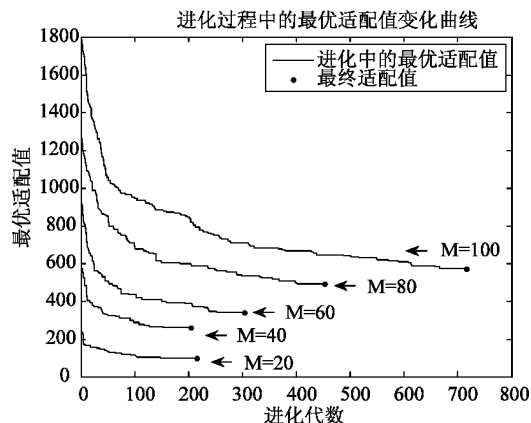


图 3 基于带约束二进制矩阵编码方法遗传算法求解空间约束下的 WTA 问题的最优适配值变化曲线图

20 到 100,步长为 20 的 BGA 和 MGA 的比较仿真,每次仿真中采用相同的随机数产生器的种子,使两种算法的仿真结果具有可比性。结果如图 4 所示。由图 4 可见, M 值较小时 BGA 和 MGA 的算法性能相同,随着 M 值增加,BGA 算法寻优能力比 MGA 稍强,但在优化的初期反而是 MGA 算法表现更好。

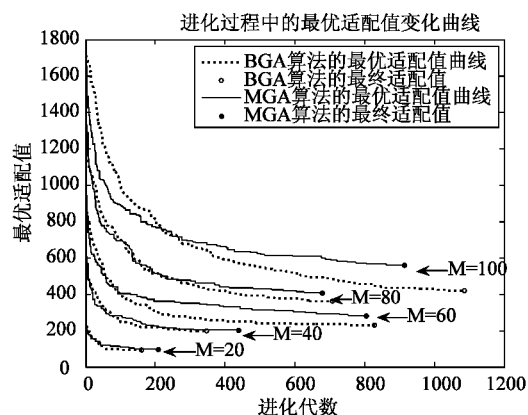


图 4 基于巡回交叉的带约束二进制矩阵编码遗传算法与基于排序交叉的向量编码遗传算法比较示意图

4 结 论

由于矩阵型二进制编码染色体可以将复杂优化问题中的若干约束条件在染色体编码中予以体现,因此它相比传统的向量型染色体有许多优势。但是

由于矩阵型染色体用传统的交叉和变异算子进行遗传操作会产生问题的非法解,因此本文设计了一种可用于带约束二进制矩阵编码染色体的交叉和变异算子,它们基于一种称为“巡回变换”的操作而实现,这种遗传算子可以保证遗传后代在整个遗传过程中都满足约束条件,即该后代是问题的一个可行解。针对 WTA 问题的仿真实例验证了本文提出的编码方法和遗传算子的有效性。

参考文献

- [1] Sun L, Zhang Y, Jiang C. A matrix real-coded genetic algorithm to the unit commitment problem. *Elec Pow Syst Res*, 2006,76:716-728
- [2] Blum C, Roli A. Metaheuristics in combinatorial optimization: overview and conceptual comparison. *ACM Comp Surv*, 2003,35(3):268-308
- [3] Pupong P, Aphirak K, Anothai K. Multi-matrix real-coded genetic algorithm for minimising total costs in logistics chain network. *Proceedings of World Academy of Science, Engineering and Technology*, 2007,26:458-463
- [4] Lee Z J, Su S F, Lee C Y. Efficiently solving general weapon-target assignment problem by genetic algorithms with greedy eugenics. *IEEE Transactions on Systems Man and Cybernetics Part B*, 2003,33(1):113-121
- [5] Khosla D. Hybrid genetic approach for the dynamic weapon-target allocation problem. *Proceedings of SPIE*, 2001,4396:248-263
- [6] De Falco I, Della Cioppa A, Tarantino E. Mutation-based genetic algorithm: performance evaluation. *Applied Soft Computing*, 2002, 1: 285-299
- [7] Jansen T, Schellbach U. Theoretical analysis of a mutation-based evolutionary algorithm for a tracking problem in the lattice. In: *Proceedings of the 2005 Conference on Genetic and evolutionary computation*, Washington D. C., USA, 2005. 841-848
- [8] 李茂军, 童调生. 单亲遗传算法及其全局收敛性分析. *自动化学报*, 1999, 25(1): 68-72
- [9] Zhu N, Duan Y. Partheno genetic algorithm for dynamic multi-services restoration in WDM networks. *Photonic Network Communications*. 2008, 15(2): 183-190
- [10] Larranga P, Kuijpers C M H, Murga R H, et al. Learning Bayesian network structures for the best ordering with genetic algorithms. *IEEE trans on Systems, Man and Cybernetics-Part A: Systems and Humans*, 1996, 26(4): 487-493

Design of constrained matrix-type binary-encoding chromosome in GA and the genetic operators to it

Wu Ling^{* **}, Deng Zhidong^{*}, Jia Peifa^{*}

(^{*} State Key Laboratory of Intelligent Technology and Systems, Tsinghua National Laboratory for Information Science and Technology Department of Computer Science, Tsinghua University, Beijing 100084)

(^{**} Electronics Engineering School, Naval University of Engineering, Wuhan 430033)

Abstract

A constrained matrix-type binary encoding method for chromosomes in genetic algorithm is proposed. Compared to traditional binary string encoding, the proposed method can directly encode a variety of constraints for optimization problems as “forbidden bits” in the matrix. But the traditional genetic operators such as crossover and mutation are not available for the encoded chromosomes, which may result in invalid solutions of the problem. A novel circle-swap operator is presented for genetic operations to the matrix-type chromosomes. The simulations illustrate that it can effectively address the constraints in the chromosomes and ensures the offspring from the parent a feasible solution of the problem.

Key words: genetic algorithm, chromosome encoding, crossover operator, mutation operator, weapon-target allocation.