

自适应免疫克隆选择算法的参数识别^①

柴林峰, 唐和生

(同济大学 结构工程师与防灾研究所, 上海 200092)

摘要: 提出了一种被称为是自适应免疫克隆选择算法的新型人工免疫算法, 此方法可进行系统的参数识别, 以解决结构的多目标优化问题. 此种算法将二阶响应、适应性变异准则和疫苗因子这三种算子都引入到遗传克隆选择算法中, 提高了运算的收敛速度及全局优化搜索能力. 对动力系统参数识别的模拟识别结果证明了本文所提出算法的有效性与可行性.

关键词: 免疫克隆选择算法; 参数识别; 多目标优化

中图分类号: TU323.4 TU311 **文献标识码:** A

系统识别在健康监测、非破坏性评估和土木基础建筑的动态监控方面都扮演着重要的角色. 因其应用广泛、效果明显, 故而也被应用于系统模拟和参数识别算法方面.

受到生物学的启发, 近年来出现了更为先进的计算智能技术, 即人工免疫算法 (IA)^[1]. 虽然算法仍然有些稚嫩, 但是 IA 算法正成为又一个吸引人的研究领域. 在过去的几年里, 将 IA 算法应用于解决复杂的优化问题的应用越来越多, 比如, IR 滤波设计、桁架结构优化设计^[2-3]. 相关的文献表明, 基于 IA 的算法比传统的先验性优化算法表现更为出色^[2].

在解决复杂的多模态问题时, 简单的 IA 算法难以解决局部优化和收敛速度低下的问题, 而且只是模拟了免疫系统机制的一部分. 为了提高 IA 算法解决复杂问题的有效性, 本文将二阶响应、适应性变异和疫苗因子三个准则引入到遗传克隆选择算法 (CSA) 之中^[4]. 本文提出改进后的人工免疫算法, 即适应性免疫克隆选择算法 (AICSA). 为了证实算法的有效性, 本文还引入模型进行计算.

1 问题构思

系统识别的基本概念是通过采用一个常数或者响应准则对系统时程响应和给定参数模型进行比较, 从而得出模态响应与系统响应的匹配程度. 所以系统识别的目标就是寻找到一系列的参数, 使得系统输出 $Y(t)$ 也就是所测数据和备选分析模型的输出 $\hat{Y}(t)$ 在每个时长 t 内, 二者之间的预计

误差为最小.

因此, 识别的重点关注于输出预定义误差的最小化, 均方误差函数如下所示

$$f(\theta) = \frac{1}{T} \sum_{t=1}^T \| Y(t) - \hat{Y}(t) \|^2 \quad (1)$$

此处的 $\| \cdot \|$ 是欧几里德范数. 一般而言, 优化问题要找到向量 $\theta^* \in R^n$ 就需要满足一定的质量判据, 即要求达到误差范数 $f(\cdot)$ 的最小化, 一般称 $f(\theta)$ 为目标函数或者评价函数. 在 IA 算法中, 采用的目标函数普遍反映了算法的优点, 识别问题被当做是线性受迫多维优化问题进行处理. 即最小化 $f(\theta)$, 其中:

$$f(\theta), \theta = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_n) \quad (2)$$

st $\theta \in S, S = \{\theta | \theta_{min} \leq \theta \leq \theta_{max}, \forall i = 1, 2, \dots, n\}$

此处 $f(\theta)$ 为目标函数, 将选择变量 θ 引入到目标空间 $f: R^n \rightarrow R, S$ 是 N 维可行搜索空间, θ_{min} 和 θ_{max} 分别表示 n 个参数取值的下限和上限.

2 算 法

2.1 改进后的克隆选择因子

正如进化算法 (EAs)^[5], 人工免疫算法作用于参数集编码而不是参数集本身 (除非采用了实值). 在处理优化问题时, 考虑的就是目标函数 $f(\theta), \theta = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_n)$ 的最小化. 抗体的二进制编码 $A \in H^1, H^1 = \{0, 1\}^1$ 表示的是所有具有相同

① 收稿日期: 2011-03-11

作者简介: 柴林峰 (1984-) 男, 甘肃兰州人, 硕士研究生, 研究方向: 结构优化.

编码长度 的二进制群, $A = \{A_1, A_2, \dots, A_m\}$ 是抗体群, 而二进制群 $A_i = \{a_{i1}, a_{i2}, \dots, a_{in}\}$ 被分割为编码长度为 n 的一个功能片段. $\theta = \sum_{i=1}^n \theta_i$ 此处的功能片段被分别表示为 $\theta_i \in [\theta_{max}, \theta_{min}]$, $i = 1, 2, \dots, n$ 将估计参数作为抗原, 抗体抗原的亲合函数表示为 $f(\theta)^{-1}$, 被定义为如下函数表示

$$D_{ij} = \|X_i - X_j\|, \quad i, j = 1, 2, \dots, m \quad (3)$$

此处 $\|\cdot\|$ 是任意范数. 实值采用欧几里德距离, 二进制采用哈密距离. $D = (D_{ij})_{max}$, $i, j = 1, 2, \dots, m$ 是抗体抗原亲合度矩阵. D 是一个对称矩阵, 这表明抗体种群的多样性.

在本文中, 免疫因子被引入到遗传克隆因子之中, 它模拟了抗体种群中疫苗注射和适应性的抗原先验信息^[5]. 可以阻止抗体种群的衰减, 同时还能强化抗体种群中优良基因的繁殖.

改进后的克隆因子的描述如下:

克隆 Θ : 克隆因子 Θ 定义如下所示:

$$\Theta(A) = [\Theta(A_1), \Theta(A_2), \dots, \Theta(A_m)]^T \quad (4)$$

此处的 $\Theta(A_i) = I \times A_i$, $i = 1, 2, \dots, m$, I 是 q 维列矢量.

$$q_i = \ln \left[M \frac{\text{aff}(A_i)}{\sum_{j=1}^m \text{aff}(A_j)} \cdot \Omega \right], \quad i = 1, 2, \dots, m \quad (5)$$

此处, $M > m$ 是预估克隆范围, 而 $\ln(\cdot)$ 是积分函数. 同时, Ω_i 如下给出:

$$\Omega_i = \min \{ \exp(D_{ij}) \mid j \neq i, i = 1, 2, \dots, m \} \quad (6)$$

克隆后抗体群为:

$$B = \{B_1, B_2, \dots, B_m\} \quad (7)$$

此处

$$B_i = \{A_1, A_2, \dots, A_m\} \quad A_j = A_i \quad j = 1, 2, \dots, q \quad (8)$$

克隆变异 T_m^c :

$$P(A_j \rightarrow A_j') = P_m^{d(A_j, A_j')} (1 - P_m)^{1-d(A_j, A_j')} \quad (9)$$

此处 $d(\cdot)$ 是哈密距离, P_m 是可能的变异率.

疫苗因子 T_v : 任意选择一个最优抗体基因片段作为疫苗. 然后任意选择抗体 m , 将疫苗嵌入基因之中, 这样在此基因片段处与最佳抗体具有相同的基因. 应用此因子, 抗体抗原亲合度每隔 Δt 时间就会得以优化.

克隆选择 T_s :

任取 $i = 1, 2, \dots, m$, 若 $b = \max \{ \text{aff}(A_j') \mid j = 1, 2, \dots, q \}$, 且有 $\text{aff}(A_i) < b$ 则 A_i 就取代非原始

群中的 A

2.2 适应性免疫克隆选择算法

虽然与进化算法相比较而言, 克隆选择算法表现出若干优势, 但是仍难以解决复杂的问题. 为了满足解决复杂问题的需要, 在 AICSA 中, 设置了三种策略: 二阶响应、适应性变异准则和疫苗因子, 以改进提高遗传克隆选择算法的收敛速度和全局优化的搜索能力.

AICSA 的步骤和思路总结如下:

第一步: 初始化抗体种群 $A(0)$, 确定算法参数.

第二步: 计算抗体抗原亲合度 $\text{aff}(A(k))$.

第三步: 记录每代最优搜索结果 k 将记录结果 k 的误差算入第 k 个结果中, 公式如下:

$$\text{std}_k = \sqrt{\frac{1}{k} \sum_{j=1}^k (\hat{\theta}_{ij} - \hat{\theta}_{ik})^2}, \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (10)$$

$\hat{\theta}_{ik}$ 是第 k 代第 i 阶中第 k 个参数最优化搜索结果. 算法只“记住”最近 k 代的信息, 同时“忘记”之前世代的信息, 而从理论上讲, 之后一代的信息已经包括了之前代的信息. 总体来说, k 的选择应对搜索的方向有足够的估计, 以免过大而包含陈旧结果而导致收敛速度减缓. 本文中选择的 k 可以使得 k 次的重复实现全局化抗体抗原亲合度的提高.

第四步: 调节变异的可能性: 根据以下的公式, 每个抗体相对应的变异率都能够计算出来.

$$t = \exp \left\{ \max \{ 1 \} \times \frac{\text{aff}(A(k))}{\sum_{j=1}^m \text{aff}(A_j(k))} \right\} \quad (11)$$

$$P_m(k) = \frac{1}{1 + [c + k + t]^{-1}} \quad (12)$$

式中 k' 是重复的次数, 在这一过程中全局抗体抗原亲合度得以优化或者优化到某一比例值.

≥ 0 是控制初试变异率的常量, 一般取 $c = 1$. 具有更高抗原抗体亲合度的抗体, 其变异率能够借助公式 $\frac{\text{aff}(A(k))}{\sum_{j=1}^m \text{aff}(A_j(k))}$ 保持更小. k' 也可以使变

异率在搜索过程中越来越小, 而当搜索过程困于局部优化时可保证变异率不变, 这样就能够帮助算法跳出局部最优区域. $\frac{1}{1 + [c + k + t]^{-1}}$ 是为了用来确保在之后的搜索过程中至少能够有一个基因发生变异.

第五步: 适应抗体种群

假若 $D_{ij}(k) \leq \zeta$, $i, j = 1, 2, \dots, n$, $i \neq j$, 此处 ζ

是抗体抗原亲和度的阈值,一般取 $0 \leq \varphi \leq \frac{1}{I}$ 然后任选择两个不同的抗体进行一点交叉变异,交叉率按之前设定为 P ,用变异后产生的新抗体分别取代原有的 A 或 A_i 但不改变抗原抗体的亲和度。

第六步:根据亲和度和克隆规模,引用改进后的克隆因子并由此获取新的抗体种群 $C(k)$ 。

第七步:二阶免疫响应

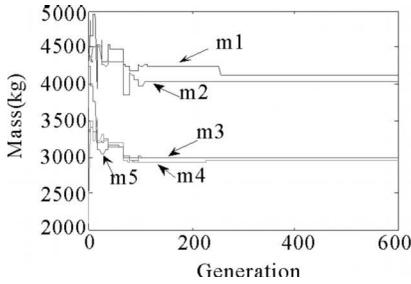


图 1 采用 CSA 质量典型识别结果

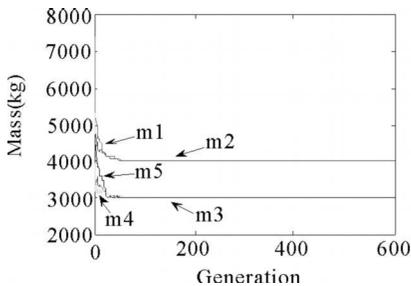


图 2 采用 AICSA 质量典型识别结果

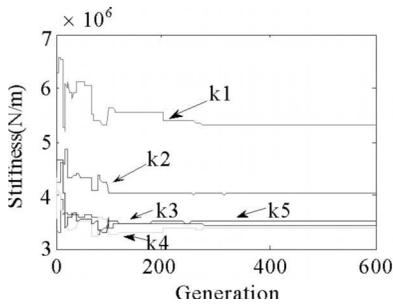


图 3 采用 CSA 刚度典型识别结果

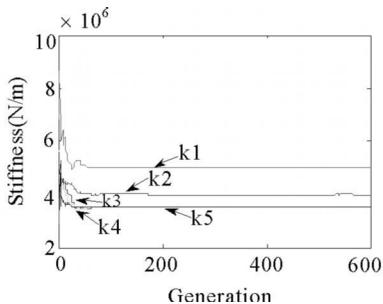


图 4 采用 AICSA 刚度典型识别结果

除去倒数的 R 个不良抗体,它们的抗原抗体亲和度值要小于其他抗体,同时根据先前搜索过程中

给定的条件在缩小的搜索空间中重新随机生成 R 个新抗体.如果 $k \geq K$ 则进入到下一代 $A(k+1)$.被缩减的搜索空间定义如下:

$$\begin{cases} \theta_{\max i} = \hat{\theta}_k + \text{std}_i \\ \theta_{\min i} = \hat{\theta}_k - \text{std}_i \end{cases} \quad (13)$$

$$\begin{cases} \theta'_{\max i} = \theta_{\max i} & \text{if } \theta'_{\max i} > \theta_{\max i} \\ \theta'_{\min i} = \theta_{\min i} & \text{if } \theta'_{\min i} > \theta_{\min i} \end{cases}, i = 1, 2, \dots, n \quad (14)$$

其中 $\theta_{\max i}$ 和 $\theta_{\min i}$ 为搜索空间的上下限; $\theta'_{\max i}$ 和 $\theta'_{\min i}$ 是新的缩小之后搜索空间的上下限.但是要注意的是整代搜索空间是不变的。

第八步: $k = k + 1$; 如果满足停止条件则结束,否则回到第二步继续重复以上搜索过程。

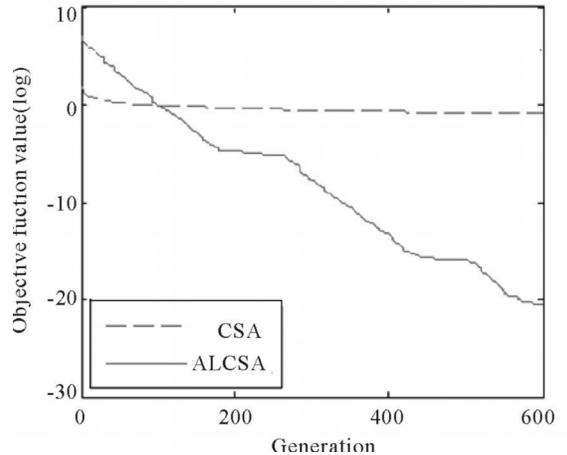


图 5 一次典型收敛情形

通过采用克隆选择,算法兼顾了全局搜索和局部搜索.而通过引入疫苗接种使得算法中优良基因的繁殖速度得以提高.适应性免疫克隆选择算法(AICSA)的变异率大小与原来的抗体抗原亲和度相对应,在搜索过程中,要确保优良抗体的变异率低,而不良抗体的变异率够高,在大规模搜索时变异率要更大,而在之后范围较小的精细搜索中变异率要相应变小.通过模拟免疫系统的记忆和遗忘机制,AICSA算法采用二阶响应理论,从最新搜索过程的抗原中提取信息.将这些提取的信息直接作用于新一代的抗体群,从而加快收敛速度.因此 AICSA 算法是一个自适应学习体系,不但可以从搜索过程中积累相关信息,而且能够相应的调整种群大小,更重要的是这一算法可以轻易的保持稳定。

3 模拟结果

为了证实参数识别算法的有效性,下文对一具有五个自由度系统进行了相应的数学模型模拟.表

1中给出了该动力系统的特征值. 考虑结构在 SanFenandg地震波作用下的响应, 采样间隔为 0.02 s,时长为 10.2 s,采集系统响应输出数据方式为全部楼层加速度可测.

表 1 系统特性参数值

楼层	质量 ($\times 10^3$ kg)	刚度 ($\times 10^6$ N/m)
1	4	5
2	4	4
3	3	3.5
4	3	3.5
5	3	3.5

动力系统的动力学方程如下所示:

$$M\ddot{x}(t) + C\dot{x}(t) + Kx(t) = u(t) \quad (15)$$

此处的 M 、 C 、 K 分别为质量 (m_1, \dots, m_5), 阻尼 (ζ_1, \dots, ζ_5) 和刚度矩阵 (k_1, \dots, k_5). x 为位移矢量, u 为输入荷载矢量, 阻尼矩阵 C 如下所示:

$$C = \alpha M + \beta K \zeta_r = \frac{\alpha}{2\omega_r} + \frac{\beta\omega_r}{2} \quad (16)$$

在模型中, 假设结构阻尼特性为:

$$\alpha = 0.75100 \quad \beta = 0.00264$$

系统参数由一系列的参数向量描述:

$$\theta = (m_1, \dots, m_5, k_1, \dots, k_5) \quad (17)$$

在模拟测试中, 参数按照如下设置:

表 2 AICSA和 CSA的识别结果比较

参数	真实值 $\times 10^6$	识别结果				识别误差 $\times 10^{-13}$ (%)	
		均值		方差		均值误差	
		AICSA	CSA	AICSA	CSA	AICSA	CSA
k_1 (N/m)	5×10^6	5.0000×10^6	4.9745×10^6	2.6222×10^{-8}	8.5343×10^5	2.5011	0.1170
k_2 (N/m)	4×10^6	4.0000×10^6	4.0079×10^6	1.8750×10^{-8}	3.509×10^5	1.8190	0.1522
k_3 (N/m)	3.5×10^6	3.5000×10^6	3.5485×10^6	2.1189×10^{-8}	3.8719×10^5	1.3642	0.4459
k_4 (N/m)	3.5×10^6	3.5000×10^6	3.5430×10^6	1.4237×10^{-8}	3.8369×10^5	1.9706	0.5547
k_5 (N/m)	3.5×10^6	3.5000×10^6	3.5072×10^6	2.8841×10^{-8}	4.1773×10^5	0.9095	1.0142
m_1 (kg)	4×10^3	4.0000×10^3	3.9953×10^3	1.4656×10^{-11}	152.2859	8.0094	0.5098
m_2 (kg)	4×10^3	4.0000×10^3	4.0061×10^3	1.3050×10^{-11}	3.6725	2.2119	0.1986
m_3 (kg)	3×10^3	3.0000×10^3	3.0134×10^3	1.9862×10^{-11}	0.7945	0.7983	1.3850
m_4 (kg)	3×10^3	3.0000×10^3	3.0166×10^3	2.1464×10^{-11}	0.9499	1.7296	1.2291
m_5 (kg)	3×10^3	3.0000×10^3	3.0304×10^3	1.5807×10^{-11}	1.3498	2.1287	0.2070

注: %表示百分相对误差

4 结论

本文提出了一种动力系统参数识别的策略, 即所谓的适应性克隆选择算法 (AICSA). 这一策略确保了此算法在初步搜索时能够在更大的范围空间

对于 AICSA和 CSA而言, 搜索域为参数实值的 0.5倍到两倍之间, 每个参数的编码长度为 25, 种群规模为 $n = 60$, 最大迭代步长为 600, 期望克隆规模为 $n_c = 5n$. 其他参数为:

$$\rho = 0.95, \quad \rho_m = 0.07$$

采用 AICSA和 CSA以此模型分别独立运行 20 次获得的数值模拟识别结果如表 2 所示. 此外, 将此例的典型模拟识别结果 (包括目标值和所有参数的收敛过程) 由图 1 至图 5 分别表示如下.

由表 2 可得, AICSA得到的识别结果与结构参数的真实值十分接近, 而且均值与方差都要优于 CSA的所得. AICSA在避免局部优化和全局优化搜索两方面的表现都更为出色. 由图 1 ~图 4 可以观察到 CSA与 AICSA相比, 难以迅速确定结果的准确值.

又由图 5 可知, 目标函数在中可以取得非常低的值, 而所取得的值则明显要更大 (与全局优化相差甚远). 这表明的识别更为有效. 在后续的搜索过程中, CSA不仅难以改善识别结果, 还需要花费更多的时间才能跳出局部优化, AICSA不但能轻易摆脱局部优化的限制, 而且在几乎整个搜索过程中都可以使识别结果更优. AICSA在本文中的动力系统参数识别方面的表现要远远优于传统的 CSA.

进行, 同时在更进一步的搜索时, 通过对变异率的适应性调整, 可以进行更为细致的搜寻. 从而提高了算法确定全局最优的能力. 同时通过引入模拟疫苗注射的疫苗因子和模拟免疫系统记忆与遗忘机制的二阶响应策略, 大大提高了这一算法的搜索能

力.因此, AICSA可以通过采用之前提取的先验信息指导搜索过程,避免出现诸如 CSA中无目的和无效的搜索.通过比较研究可以确定 AICSA对动力系统参数识别的适用性很强.而由对模拟结果的分析可见,相较于 CSA, AICSA明显可以提高模拟识别结果的准确性.

参考文献:

[1] J D Farmer, N H Packard and A S Perelson. The Immune System: Adaptation and Machine Learning [M]. Physics D 22, 187 - 204.
 [2] A Kalinli and N Karaboga. Artificial Immune Algorithm for

IR Filter Design [J], Engineering Applications of Artificial Intelligence 2005, 18, 919 - 929.
 [3] G Lun and C Chueh. Multi-objective Optimal Design of Truss Structure with Immune Algorithm [J], Computers and Structures 2004, 82, 829 - 844.
 [4] H F DU, L C JIAO and S A Wang. Clonal Operator and Antibody Cloning Algorithm [J], Proceedings of the First International Conference on Machine Learning and Cybernetics, Beijing 2002, 506 - 510.
 [5] Z Michalewicz. Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs [M]. The 3rd edn. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg New York, 1996.

Parameter Estimation Using an Adaptive Immune Clone Selection Algorithm

CHAILin-feng TANGHe-sheng

(Research Institute of Structural Engineering and Disaster Reduction, Tongji University, Shanghai 200092, China)

Abstract: A novel Artificial Immune Algorithm, namely Adaptive Immune Clone Selection Algorithm, is proposed in this paper for parameter estimation which can be formulated as a multi-modal optimization problem with high dimension. In this method, the secondary response, adaptive mutation regulation and vaccination operator are introduced in the generic Clone Selection Algorithm to improve the convergence speed and global optimum searching ability. Simulation results for identifying the parameters of a dynamic system are presented to demonstrate the effectiveness of the proposed method.

Key words: immune clone selection algorithm; parameter estimation; multi-modal optimization

(上接 167页)

A Coupled TLE - FEM Model for Ground Vibrations Caused by Underground Railways

SHI Jia-wu, TANG He-sheng, LIU Jia-hua, LIU Yang

(1. Institute of Construction Engineering and Disaster Prevention, Tongji University, Shanghai 200092, China; 2. Shentong Rail Transit Research and Consulting Co., Ltd, Shanghai 201103, China)

Abstract: In this paper, ground vibrations due to underground railways were studied by the coupling the thin layer element (TLE) method and the finite element (FE) method. The ground accelerations with different distances from tunnel were calculated. The results are correspond with the measured. It is shown that the model can provide a reference for predicting environmental vibration.

Key words: underground railways; vibration; acceleration; TLEM; FEM