

5 重组

遗传算法中的重组有时称为”交叉”，重组包含了交叉。重组算法是改进遗传算法最有效的环节，它通过结合交配群体中包含的遗传信息产生新的个体。因为遗传算法中有二进制编码、实值编码、排列编码、树编码等，因此必须也有与编码方式相适应的不同的重组算法。

下面介绍几种经典的重组算法：

1) 重组算法的代表——离散重组算法 (Discrete recombination):

离散重组算法在个体间执行变量值的交换，在生成交配个体时，交配个体中每个变量可以等概率地挑选一个父个体对应变量作为自身的值。其几何特征表现如下，离散重组产生了父代所在的超立方体的角：

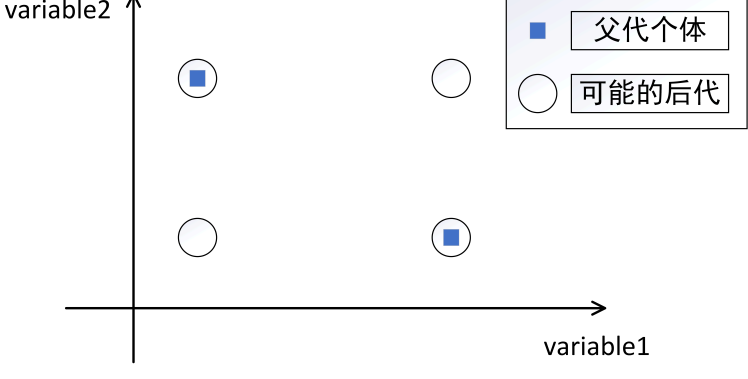


图 1 离散重组产生的可能的后代在解空间上的位置

考虑以下两个个体，每个个体有 3 个变量 (3 维):

父个体 1: 13 24 5

父个体 2: 124 3 24

生成的子个体可以是: 124 24 24。

2) 实数值重组 (Real valued recombination):

实值重组算法可以实现对变量为实数值的个体的重组，它包括中间重组、线性重组、扩展线性重组等。

2.1) 中间重组:

中间重组是一种仅适用于实数变量个体的重组算法。这里后代的变量值是在父辈变量的区间上选择的。生成子代个体的公式如下：

$$Var_i^{Child} = Var_i^{Parent1} \cdot \alpha_i + Var_i^{Parent2} \cdot (1 - \alpha_i), i \in [1, 2, ..., N]$$

其中， α_i 是 $[-d, 1 + d]$ 之间的随机数，它是一个随机均匀选择的比例因子。

参数 d 的值代表可能产生的后代的区域大小。 $d = 0$ 表示后代的变量值的区域大小与父代是一样的，此时称为”(标准的) 中间重组”。但是，由于后代的大多数变量不是在可能区域的边界上生成的，因此变量所覆盖的面积有可能会越来越小。因此，仅用 $d = 0$ 的标准中间重组就会发生这种变量空间收缩现象。因此，通过设置更大的 d 值可以防止这种现象。一般设置 $d = 0.25$ ，此时可以在统计学上保证后代的变量值的范围不会缩小。如图所示：

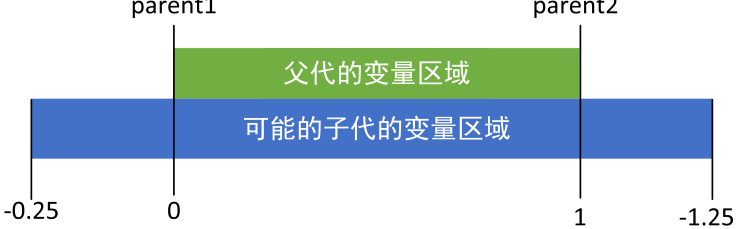


图 2 中间重组下父代与子代的变量值的区域范围比较

例如父个体为:

父个体 1: 0.4 1.2 -0.3

父个体 2: 0.2 0.7 0.6

生成的子个体可以是: 0.3 0.9 0.4。

中间重组能够稍微超出父代所在的超立方体的边界，如图所示：

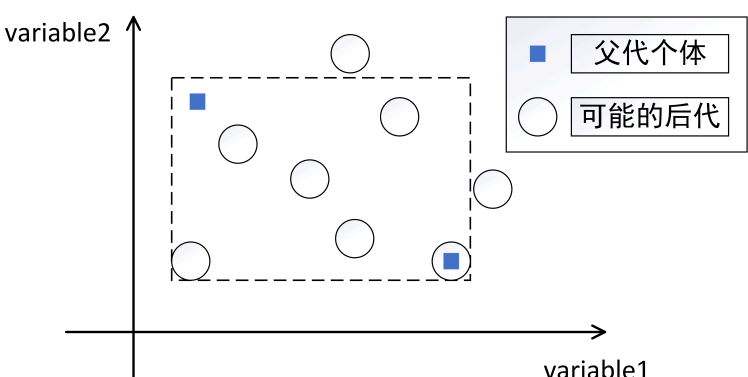


图 3 中间重组后可能的子代变量在解空间的位置

2.2) 线性重组:

线性重组类似与中间重组。产生子代个体的公式如下：

$$Var_i^{Child} = Var_i^{Parent1} \cdot \alpha + Var_i^{Parent2} \cdot (1 - \alpha), i \in [1, 2, ..., N]$$

对比中间重组可见，线性重组只有一个 α ，即所有个体的 α 是一样的。并且 α 同样是 $[-d, 1 + d]$ 之间的随机数，代表随机均匀选择的比例因子。

对于 d 的解析跟中间重组是一样的。

线性重组产生的后代，其变量是在父代所在的直线上，如图所示：

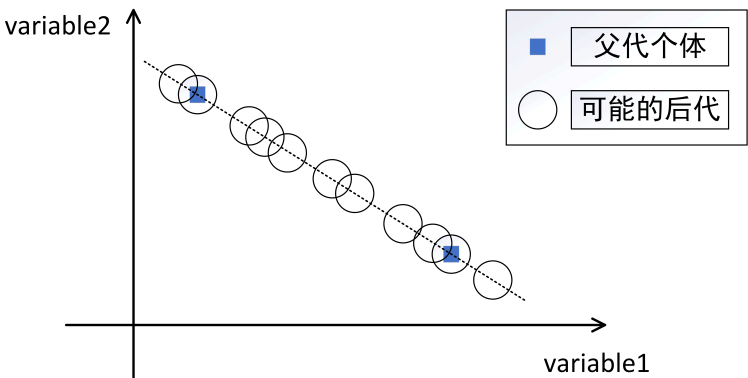


图 4 线性重组后可能的子代变量在解空间的位置

另外还有扩展线性重组，其详细介绍可以参见 [Müh94]。

3) 离散值重组 (Discrete valued recombination):

离散值重组的概念和方法跟实值重组类似，只不过在算法执行的过程中要限制个体基因均为整数值。

4) 值互换重组——交叉 (Values exchanged recombination——crossover):

这种重组方式就是两个父代个体交换染色体片段产生新个体的过程，因此也称为交叉操作。

交叉操作中，个体的染色体编码可以是实值、也可以是二进制，比如：

[0 1 0 1 1 1 0 1] 和 [1.1 2.0 3.4 2.7 1.6] 这些类型的染色体都可以进行交叉操作，一般更多地用在二进制或格雷码编码的个体中。

交叉有分单点、双点和多点交叉。它们是根据交叉点的数量分类的。其中多点交叉的示意图如下：

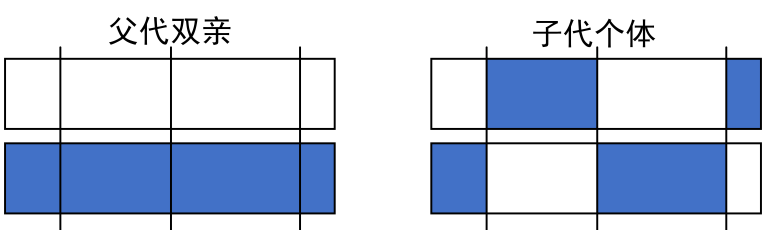


图 5 多点交叉

此外还有均匀交叉、洗牌交叉，这里就不一一赘述了。

这里要介绍一下”减少代理”交叉：

4.1) 减少代理交叉 (Crossover with reduced surrogate):

上面的交叉算法的交叉结果可能会产生和父代性状一样的个体，如果在遗传算法中想让交叉得到的子代中更多的个体拥有与父代个体不一样的性状，这时就可以用减少代理的交叉算法。

减少代理交叉算法尽可能地产生全新性状的个体，这是通过限制交叉点的位置来实现的——控制交叉点只出现在父代两个交叉个体的基因值不同的地方。

4.2) 匹配交叉 (matched crossover):

对于排列编码的个体，染色体中每个变量的值都是独一无二的。这意味着不能使用上面所述的交叉算法。匹配交叉算法通过计算父代两个交叉个体中互相呈现中心对称的基因片段来设置交叉点，再进行基因片段互换。