

免疫算法在模式识别中的应用研究

专业名称: 计算机软件与理论

申请人: 王玉峰

导师: 葛红

摘 要

模式识别是一门与统计学、心理学、语言学、计算机科学、生物学、控制论、人工智能、图像处理等相互交叉的学科, 广泛应用于故障诊断、文字识别、语音识别、遥感、医学诊断、数字水印等领域。传统的模式识别方法主要有决策理论方法、句法方法, 统计理论, 人工神经网络, 遗传算法等。目前, 模式识别领域还未提出一种通用的模式识别方法。我们必须针对具体识别任务, 结合模式识别模型, 设计出具体的算法。

由于人工免疫系统先天具有噪声忍耐、无教师学习、自组织、分布式无中心处理以及记忆、进化学习等优势。本文在阅读大量相关资料的基础上, 结合人工免疫系统, 系统深入地研究了这种新的模式识别方法, 即人工免疫识别法, 包括基于群体的人工免疫识别法、基于网络的人工免疫识别法, 同时通过实验验证这种新的模式识别方法的有效性。针对模式识别具有实时性的要求, 提出了优化算法的有效途径。

总的来说, 本文主要研究的内容包括:

1. 首先深入分析比较了现有模式识别方法。总结了现有模式识别方法的识别框架, 指出一些现有模式识别方法存在的一些缺陷。
2. 接着分析了免疫算法的仿生机理, 总结了基于群体免疫算法、基于网络免疫算法, 针对目标识别中处理数据量大的现状, 根据生物免疫系统具有分布式、克隆及高频变异特性, 对算法进行了优化改进。
3. 最后针对现有模式识别中遇到的问题以及现有技术的不足, 提出了利用免

疫算法解决模式识别中存在的这些不足。本文先后采用基于群体的克隆选择算法进行数字识别,取得良好的效果;接着利用人工免疫网络理论来建立无监督模式识别模型,在无对象模型和先验知识的情况下,根据现有数据本身来构建识别对象的规则模型,建立了模式识别的基本网络模型,并对模型的识别能力进行评估。

关键词: 免疫算法, 模式识别

THE APPLICATION OF ARTIFICIAL IMMUNE ALGORITHM IN PATTERN RECOGNITION

Major: Computer software and theory

Name: Wang yufeng

Supervisor: Ge hong

ABSTRACT

Pattern Recognition technology, a subject crossed with the Statistics, Psychology, Linguistics, Computer Science, Biology, Cybernetics, Artificial Intelligence, Image Processing and so on, is widely used in such fields as bug diagnosis, character recognition, voice recognition, remote sensing, medical diagnosis and digital water-marking. Traditional methods of pattern recognition mainly include decision-making theory method, syntax method, statistical theory, artificial neural networks and genetic algorithm etc. At present, the field of pattern recognition has not been brought up a common pattern recognition method. We must combine with the pattern recognition model and design specific algorithm for the specific recognition task.

Artificial Immune System has congenital advantage of noise tolerance; learning without teachers, self-organization, distributed center-less processing and memory and evolutionary learning. Based on reading a great deal of relevant information and combine Artificial Immune System, this new pattern recognition method , namely artificial immune recognition, is studied for systematic and deeply. It includes artificial immune recognition method based on groups, network-based artificial immune recognition method. At the meantime, verifying the effectiveness of this new pattern recognition method through experiment .For the real-time requirements of

pattern recognition, an effective way to optimize the algorithm is given.

In general, the matter this article researched includes:

1. First of all, analyzed deeply and compared with the available pattern recognition methods, summed up recognition framework of the available pattern recognition methods and concluded some shortcomings that existed in some available pattern recognition methods.

2. And then, analyzed the bionic mechanism of immune algorithm, summed up the groups-based immune algorithm and network-based immune algorithm. Based on the properties of distributed, cloning and high-frequency variation of biological immune system, the algorithm is optimized and improved for the status about large amount of data in target recognition,

3. Eventually, for the existing problems in pattern recognition as well as the inadequacy of existing technologies, using these deficiencies exist in immune algorithm solve pattern recognition is addressed. This article has used groups-based clone selection algorithm for digital identification and obtain good results. Then use the artificial immune network theory to create a model of unsupervised pattern recognition. Without object model and priori knowledge, based on available data to build rules model for recognition object, the basic network model for pattern recognition is set up and its capability of recognition is also assessed.

KEY WORDS: artificial immune algorithm, pattern recognition.

华南师范大学学位论文原创性声明

本人郑重声明：所呈交的学位论文，是本人在导师的指导下，独立进行研究工作所取得的成果。除文中已经注明引用的内容外，本论文不包含任何其他个人或集体已经发表或撰写过的研究成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中以明确的方式标明。本人完全意识到此声明的法律结果由本人承担。

论文作者签名：

日期：2009年5月30日

学位论文使用授权声明

本人完全了解华南师范大学有关收集、保留和使用学位论文的规定，即：研究生在校攻读学位期间论文工作的知识产权单位属华南师范大学。学校有权保留并向国家主管部门或其指定机构送交论文的电子版和纸质版，允许学位论文被检索、查阅和借阅。学校可以公布学位论文的全部或部分内容，可以允许采用影印、缩印、数字化或其他复制手段保存、汇编学位论文。（保密的论文在解密后遵守此规定）

保密论文注释：本学位论文属于保密范围，在____年后解密适用本授权书。非保密论文注释：本学位论文不属于保密范围，适用本授权书。

论文作者签名：

导师签名：

日期：2009年5月30日

日期：2009年6月3日

第 1 章 绪论

本章首先将对模式识别及人工免疫系统研究的背景与当前研究工作的进展情况做简单的概述，然后提出本文的研究目标与意义，并指出本文的主要工作及内容安排。

1.1 人工免疫系统研究现状

免疫算法和免疫系统的理论与应用的研究历史较短。最早与免疫算法相关的理论可追溯到 1958 年澳大利亚学者 Burnet 提出的基于生物抗体的克隆选择学说。这一学说的基本观点是生物机体内存在识别多种抗原的免疫细胞系，免疫细胞系中的每个免疫细胞通过其表面的受体识别抗原。当抗原侵入生物体后，具有相应受体的免疫细胞就会活化、繁殖、分化，最后形成抗体和免疫记忆细胞。最早的免疫系统模型^[1]是由 Jerne 于 1973 年提出的，他基于 Burnet 的克隆选择学说，开创了独特型网络理论，给出了免疫系统的数学框架，并采用微分方程建模来仿真淋巴细胞的动态变化。独特型网络学说认为：生物体内的淋巴细胞不是孤立存在的，不同种类的淋巴细胞之间是相互通讯的，抗体和抗体之间，抗体和抗原之间是相互反应的，通过这种相互作用就构成了一个动态平衡的网络。此后，Perelson 又进一步的给出了独特型网络的概率描述方法^[2]，该算法已被广泛的应用于自适应控制和故障诊断等方面。

1986 年，Farmal 等人在《The Immune System Adaptation and Machine Learning》^[3]一文中涉及了“免疫算法”的概念。他们先利用一组随机产生的微分方程建立起人工免疫系统，再通过采用适应度阈值过滤的方法去掉方程组中那些不合适的微分方程，对保留下来的微分方程则采用交叉、变异、逆转等遗传操作产生新的微分方程，经过不断的迭代计算，直到找到最佳的一组微分方程为止。此算法被应用到求解机器人运动路径规划中，获得了成功。从此以后，对免疫算法的研究在国际上引起了越来越多的学者的兴趣。十几年来，与之相关的研究成果已经涉及到非线性最优化^[4-6]、组合优化^[7-12]、控制工程^[13-17]、机器人^[18-22]、故障诊断^[23-24]、计算机病毒检测^[25-29]、图像处理^[30-31]等诸多领域。为此，IEEE Systems

Man and Cybernetics 国际学术会议和 Congress on Evolutionary Computation 国际学术会议还分别自 1997 年和 2001 年起每年举办一届人工免疫系统和免疫算法的专题讨论会议,从而掀起了计算智能领域继神经网络、进化计算等研究之后的又一个研究热点。与国际研究成果相比,我国对免疫算法的研究起步较晚,主要集中在免疫算法的应用方面。目前,获得国家自然科学基金资助的项目仅有:中国科技大学的人工免疫模型及其应用研究和免疫算法研究,浙江大学的基于人工免疫网络的复杂不确定系统控制策略研究和波谱纳米金粒探针免疫传感器及芯片检测技术研究,东华大学的基于免疫突现计算的事物网络结构研究。

1.2 模式识别的国内外研究现状

模式识别是人类的一项基本智能,日常生活中,人们经常在进行“模式识别”。随着 20 世纪 40 年代计算机的出现以及 50 年代人工智能的兴起,人们当然也希望能用计算机来代替或扩展人类的部分脑力劳动。模式识别在 20 世纪 60 年代初迅速发展并成为一门新学科。识别也是人类的一项基本技能。随着计算机出现以及人工智能兴起,将人类识别技能赋予计算机成为一项新兴课题。

1.2.1 现有模式识别技术综述

一般认为,模式是通过对具体的事物进行观测所得到的具有时间与空间分布的信息,模式所属类别或同一类中的模式的总体称为模式类,其中个别具体的模式往往称为样本。模式识别就是研究通过计算机自动(或人为进行少量干预)将待识别的模式分配到各个模式类中的技术。图 1-1 为模式识别的一般框架。

模式识别的研究主要集中在两方面,一是研究生物体(包括人)是如何感知对象的,二是在给定的任务下,如何用计算机实现模式识别的理论和方法。后者通过数学家、信息学专家和计算机科学工作者近几十年的努力,已经取得了系统的研究成果。

模式识别方法大致可以分为 4 类:统计决策法、结构模式识别方法、模糊模式识别方法与基于人工智能方法等。前两种方法发展得比较早,理论相对也比较成熟,在早期的模式识别中应用较多。后两种方法目前的应用较多,由于模糊方法更合乎逻辑、神经网络方法具有较强的解决复杂模式识别能力,因此日益得到

人们重视。另有模板匹配、支持向量机应用于模式识别。

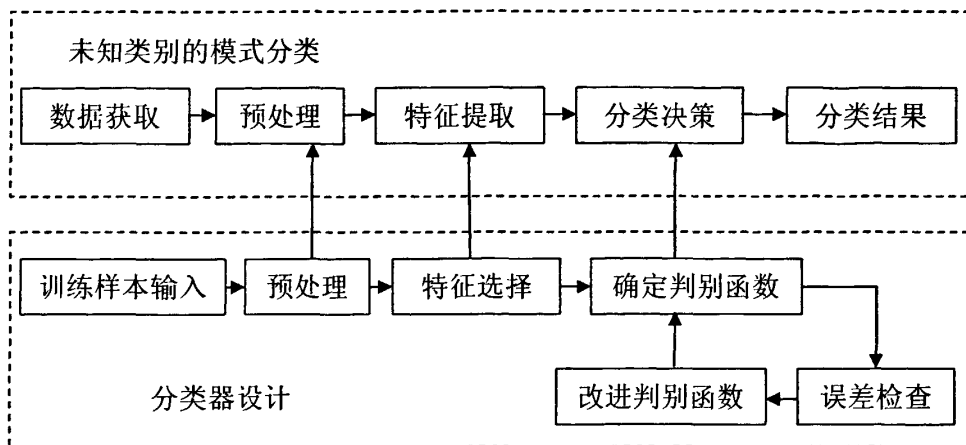


图 1-1 模式识别的过程

1. 统计决策法^[33-40]

统计决策法以概率论和数理统计为基础，它包括参数方法和非参数方法，其主要的研究问题为特征的选择与优化、分类类别、聚类类别。

参数方法主要以 Bayes 决策准则为指导。其中最小错误率和最小风险贝叶斯决策是最常用的两种决策方法。假定特征对于给定类的影响独立于其他特征，在决策分类的类别 N 已知与各类别的先验概率及类条件概率密度已知的情况下，对于一特征矢量 X 根据公式计算待检模式在各类中发生的后验概率，后验概率最大的类别即为该模式所属类别。在这样的条件下，模式识别问题转化为一个后验概率的计算问题。

在贝叶斯决策基础上，根据各种错误决策造成损失不同，人们提出基于贝叶斯风险的决策，即计算给定特征矢量 X 在各种决策中的条件风险大小，找出其中风险最小的决策。参数估计方法的理论基础是样本数目趋近于无穷大时的渐进理论。在样本数目很大时，参数估计结果才趋近于真实的模型。然而实际样本数目总是有限的，很难满足这一要求。另外参数估计的另一个前提条件是特征独立性，这一点有时和实际差别较大。

2. 结构模式识别^[41-49]

结构模式识别是利用模式的结构描述与句法描述之间的相似性对模式进行分类。每个模式由它的各个子部分（称为子模式或模式基元）的组合来表示。对模

式的识别常以句法分析的方式进行,即依据给定的一组句法规则来剖析模式的结构。当模式中每一个基元被辨认后,识别过程就可通过执行语法分析来实现。选择合适的基元是结构模式识别的关键。结构模式识别主要用于文字识别、遥感图形的识别与分析、纹理图像的分析中。该方法的特点是识别方便,能够反映模式的结构特征,能描述模式的性质,对图像畸变的抗干扰能力较强。

3. 模糊模式识别^[50-58]

模糊模式识别方法是利用模糊数学中的概念、原理与方法解决分类识别问题。这里有很多与普通聚类算法“平行”的方法,它们之间存在某种程度的借鉴和相似,但又有很大的不同,两者之间根本性的不同是概念的不同:模糊模式识别是将待识别类、对象作为模糊集或其元素,然后对这些模糊集或元素进行分类;普通聚类算法是根据事物间的不同特征、亲疏程度和相似性等关系,直接对它们进行分类。因此,设计人员应根据实际问题进行特征提取或特征变换(将原来普通意义上的特征值变为模糊特征),建立模糊集的隶属度函数,或建立元素之间的模糊相似关系,并确定这个关系的隶属度函数(相关程度),然后运用相关的模糊数学的原理方法进行分类识别。同一般的模式识别方法相比较,模糊模式识别具有客体信息表达更加合理,信息利用充分,各种算法简单灵巧,识别稳定性好,推理能力强的特点。

4. 人工神经网络模式识别^[59-63]

早在 20 世纪 50 年代,研究人员就开始模拟动物神经系统的某些功能,他们采用软件或硬件的办法,建立了许多以大量处理单元为节点,处理单元间实现互联的拓扑网络,进行模拟,称之为人工神经网络。这种方法可以看作是对原始特征空间进行非线性变换,产生一个新的样本空间,使得变换后的特征线性可分。同传统统计方法相比,其分类器是与概率分布无关的。

人工神经网络的主要特点在于其具有信息处理的并行性、自组织和自适应性、具有很强的学习能力和联想功能以及容错性能等,在解决一些复杂的模式识别问题中显示出其独特的优势。人工神经网络是一种复杂的非线性映射方法,其物理意义比较难解释,在理论上还存在一系列亟待解决的问题。在算法复杂度方面,神经网络计算复杂度大,在特征维数比较高时,样本训练时间比较长;在算法稳定性方面,学习过程中容易陷入局部极小,并且存在欠学习与过学习的现象

泛化能力不容易控制。这些也是制约人工神经网络进一步发展的关键问题。

5. 模板匹配识别^[64-69]

模板匹配的原理是选择已知的对象作为模板,与图像中选择的区域进行比较,从而识别目标。模板匹配依据模板选择的不同,可以分为两类:一类是以某一已知目标为模板,在一幅图像中进行模板匹配,找出与模板相近的区域,从而识别图像中的物体,如点、线、几何图形、文字以及其他物体;另一类是以一幅图像为模板,与待处理的图像进行比较,识别物体的存在和运动情况。模板匹配的计算量很大,相应的数据的存储量也很大,而且随着图像模板的增大,运算量和存储量以几何数增长。如果图像和模板大到一定程度,就会导致计算机无法处理,随之也就失去了图像识别的意义。模板匹配的另一个缺点是由于匹配的点很多,理论上最终可以达到最优解,但在实际中却很难做到。

6. 支持向量机的模式识别^[70-76]

V.Vapnik 提出的支持向量机(Support Vector Machine, 即 SVM)的基本思想是:先在样本空间或特征空间,构造出最优超平面,使得超平面与不同类样本集之间的距离最大,从而达到最大的泛化能力。支持向量机结构简单,并且具有全局最优性和较好的泛化能力,自 20 世纪 90 年代中期提出以来得到了广泛的研究。支持向量机方法是求解模式识别和函数估计问题的有效工具。SVM 在数字图像处理方面的应用是:寻找图像像素之间的特征的差别,即从像素点本身的特征和周围的环境(临近的像素点)出发,寻找差异,然后将各类像素点区分出来。

1.2.2 现有模式识别方法存在的一些问题

模式识别在给人们带来希望的同时,我们也应看到,由于问题本身的多样性和复杂性,现有的理论和方法离实际要求还有相当距离,一些根本性的问题还有待进一步深入研究:

(1). 特征抽取问题。传统模式识别理论的出发点是认为识别对象可由一组特征来描述。因此,特征选取的好坏对识别结果起决定性作用。特征抽取研究存在的问题是:

- 在理论上缺乏一种统一的能适合各种问题的特征抽取手段,许多情况下要依赖专家,图像的特征抽取方法更是如此。解决这一问题,必须探索一种新的

研究途径。

- 现在的特征抽取准则很多，但缺乏一种统一度量标准来评判各种准则下特征抽取方法的优劣，因而分类器的设计存在一定的盲目性。
- 特征空间维数、样本容量、分类器识别率之间关系的研究大多只局限于实验数据，还没有完全从理论上加以解决。

(2). 结构识别问题。在结构模式识别方法中，认为模式是由一些基本结构特征(称为基元)按某种相互关系组成的，其组成方式可用一个字符串、一个树或一个图来表示，其中句法分析方法研究得较深入，并在波形分析、染色体识别等方面有很好的应用。有一些学者曾提出过把统计法和结构法结合起来的的思想，但多数停留在分工组合上，尚没有一种把两者有机的融合在一起的方法，没有有效的基元协作的机制。所以如何发挥结构识别的作用，研究的成果不多。

(3). 基于连续逻辑的模糊模式识别是用隶属度作为模式之间相似度的度量，虽然能反映模式整体与主要特性，有相当程度的抗干扰和畸变能力，但准确合理的隶属度函数往往难以建立，所以，限制了它的应用。

(4). 基于神经网络的模式识别在许多场合得到了应用，但是需要较多的训练样本及训练时间，并且没有充分的利用模式的先验知识。

方法(1)(4)属于自下而上的过程，方法(2)(3)属于自上而下的过程。传统的做法是独立研究这两个过程。对人的模式识别能力的研究表明，模式识别活动在很大程度上是自下而上和自上而下两种过程的统一。

1.3 论文研究的内容

本文就模式识别存在的问题中，引入了人工免疫系统，着重讨论了人工免疫系统设计的一般步骤、人工免疫算法的优化改进、人工免疫算法在模式识别中的应用，人工免疫算法与其他一些主要模式识别方法的比较研究。

研究的主要内容及解决关键技术问题是：

1. 首先深入分析比较了传统模式识别方法。总结了传统模式识别方法的识别框架，最后指出一些传统模式识别方法存在的一些缺陷。
2. 接着分析了免疫算法的仿生机理，总结了基于群体免疫算法、基于网络免疫算法，针对目标识别中处理数据量大的现状，根据生物免疫系统具有分布式、

克隆及高频变异特性，对算法进行了优化改进。

3. 针对现有模式识别中遇到的问题以及现有技术的不足，提出了利用免疫算法解决模式识别中存在的这些不足。本文先后采用基于群体的克隆选择算法进行数字识别，取得良好的效果。接着利用人工免疫网络理论来建立无监督模式识别模型，在无对象模型和先验知识的情况下，根据现有数据本身来构建识别对象的规则模型，建立了模式识别的基本网络模型，并对模型的识别能力进行评估。

1.4 论文的研究意义

本文首先介绍了模式识别相关知识及现有模式识别方法，随后在综合分析生物免疫机制的基础上，引出了人工免疫系统的概念，并对其面临的挑战进行了详细探讨。在分析模式识别方法及其应用领域和研究现状的基础上，论文尝试提出将人工免疫算法应用于模式识别中，使识别准确率及效率得到提高。最后，用实验验证了人工免疫算法在模式识别中的有效性证明其在模式识别方面有一定的使用价值。

1.5 论文的组织结构

全文的组织结构安排如下：

第1章 绪论。论述选题的研究现状、意义和内容。

第2章 免疫理论的生物学基础及人工免疫系统概述。介绍了人工免疫系统的思想源泉—生物免疫系统，结合本文需要探讨的算法，深入介绍了生物免疫系统的组成、功能、特点及免疫原理，最后研究了人工免疫系统的框架。

第3章 人工免疫算法的原理及算法改进。对现有人工免疫算法进行了比较分析研究，提出了设计免疫算法的基本步骤和免疫框架。分别针对基于群体的免疫算法与基于网络的免疫算法进行深入讨论，对基于网络的 RLAIS 进行了优化设计及实现。

第4章 基于群体的免疫算法在模式识别中的应用。讨论了基于群体的免疫算法在模式识别中的应用，并以数字识别为例进行实验，并讨论了实验结果及参数选择。

第 5 章 基于网络的免疫算法在模式识别中的应用。讨论了基于网络的免疫算法在模式识别中的应用。

第 6 章 总结与展望。总结已做的研究工作，展望未来，提出了今后的工作方向。

第2章 免疫理论的生物学基础及人工免疫系统概述

2.1 生物免疫系统介绍

2.1.1 免疫系统的分类

免疫系统是由免疫活性分子、免疫细胞、免疫组织和器官组成的复杂系统。人体有两层具有内在联系的防御异物入侵系统：一种是固有免疫系统；另一种是适应性免疫系统。

(1). 固有免疫系统

固有免疫系统由补体、内吞作用系统和噬菌细胞组成。该系统有辨别一定微生物或细菌并很快消灭它们的能力。固有免疫识别最重要的方面是它诱导抗原提呈细胞中的协同刺激信号的表达，这种信号会激活 T 细胞，促使适应性免疫应答产生。这样，没有固有免疫识别的适应性免疫识别会导致淋巴细胞的阴性选择，这些阴性选择表示与适应性免疫识别有关的受体。

(2). 自适应免疫系统

自适应免疫系统也称适应性免疫系统，使用两种类型的淋巴细胞：T 细胞和 B 细胞。这两种细胞是无性系划分的体细胞分裂产生的抗原受体。这些抗原受体通过随机过程产生，而自适应免疫系统一般性能的设计和形成是在淋巴细胞的克隆选择基础上进行的，这些淋巴细胞以精确的特异性表示抗体。抗体在自适应免疫系统中扮演主要角色。自适应免疫是指抗体能够识别任何微生物并对其反应，即使对以前从未遇到过的“入侵者”也一样。自适应免疫能够完成固有免疫系统不能完成的免疫功能，清除固有免疫系统不能清除的病原体。自适应免疫系统直接作用于一些特定的病原体。一旦抗原体进入身体，固有免疫系统和自适应免疫系统就开始处理，此时两个系统的细胞都由多种细胞和分子以复杂的方式交互作用来检测和消除病原体。检测和消除都依赖化学结合：免疫细胞表面都覆盖不同受体，其中的一些结合病原体，而另一些结合其他免疫系统细胞或者分子，使系统发信号触发免疫应答。

2.1.2 免疫系统的基本概念

现代免疫学认为，人体内存在一个负责免疫功能的完整解剖系统，即免疫系统。与神经系统和内分泌系统等一样，这个系统有着自身的运行机制，并可与其他系统相互配合、相互制约，共同维持机体在生命过程中的生理平衡。

人体免疫系统是由免疫分子、免疫细胞、免疫组织和免疫器官组成的复杂系统。这个系统主要表现为以下几种生理功能：

1.免疫防御（Immunological defense）指机体排斥外源性抗原异物的能力。这个系统以自净、不受外来物质干扰和保持物种纯洁的生理机制。这种功能一是抗感染，即传统的免疫概念；二是排斥异种或同种异体的细胞和器官，这是器官移植需要克服的主要障碍。这种能力低下时，机体易出现免疫缺陷病，而过高时易出现超敏反应性损伤。

2.免疫自稳（Immunological homeostasis）指机体识别和清除自身衰老残损的组织、细胞的能力，这是机体籍以维持正常内环境稳定的重要机制。这种自身稳定功能失调时，易导致某些生理平衡的紊乱或者自身免疫疾病。

3.免疫监视（Immunological surveillance）指机体杀伤和清除异常突变细胞的能力，机体籍以监视和抑制恶性肿瘤中体内生长。一旦功能低下，宿主易患恶性肿瘤。

2.1.3 免疫系统的基本机制

（一）、免疫应答机制

免疫系统有两种免疫应答类型：一种是遇病原体后，首先并迅速起防卫作用的称为固有性免疫应答；另一种是适应性免疫应答。固有免疫应答中，执行固有免疫功能的有皮肤和粘膜的物理阻挡作用及局部细胞分泌的抑菌、杀菌物质的化学作用等。固有免疫在感染早期执行防卫功能。适应性免疫应答是 T 及 B 细胞对特性抗原的应答过程，故又称为抗原特异性免疫应答。鉴于 T 及 B 细胞在遇到抗原前并不表达功能，只有在被抗原活化后，经扩增、分化、发育及效应细胞才具有免疫功能后，因而又称为特异获得性免疫。具体又分为两种类型：初次及二次免疫应答。

①初次免疫应答，初次免疫应答发生在免疫系统遭遇某种病原体第一次入侵时。此时免疫系统对感染产生大量抗体，帮助清除体内抗原。自适应免疫系统能够学习和记忆特异种类的病原体。初次应答是对以勤为见过的病原体的应答过程。初次应答学习过程很慢，需要较长的时间来清除感染。

②二次免疫应答，在初次免疫应答后，免疫系统首次遭遇异物物质并将其清除体外，但免疫系统中仍保留一定数量的 B 细胞作为免疫记忆细胞，这使得免疫系统能够在再次遭遇异物后仍能快速反应并反击抗原，这个过程称为二次免疫应答。二次应答更迅速，无须重新学习。

（二）、免疫识别

在免疫系统中，从模式识别角度来看，抗原决定基和抗体决定基本上是使免疫系统完成模式识别的任务。B 和 T 细胞最重要的特征是在它们的细胞膜表面都有能够辨识抗原的受体分子。抗原本身并不是侵入的微观组织，它们是包含在微观组织内的多肽、寡糖及脂质酸等小分子或者酶一类的有机物，因而有不同的抗原性，其化学成分不同于宿主细胞自身的化学组成，能被 T 及 B 细胞识别。一个 T 及 B 细胞只表达一种 TCR 或 BCR，只能特异性地识别并结合一种抗原分子；以 T 及 B 细胞对抗原具有严格的特异性，而在 T 及 B 细胞的整个群体中，则能识别各种各样的抗原分子。

B 细胞抗体或 T 细胞受体能识别一个抗原的不同特征。B 细胞受体与出现在完整的抗原分子上的抗原决定基相互作用。抗原分子可以是溶解的或者束缚在一个表面上。T 细胞受体只与细胞表面的分子相互作用。T 细胞分泌能够杀死或者促进其他细胞生长的化学物质，在调节免疫应答中起重要作用，通过识别一个细胞表面分子，T 细胞必须确认它是否与另一个细胞相互作用，而不是一个可溶解的分子。

（三）、克隆选择和扩增

(1). 克隆选择原理，Burnet 于 1959 年提出克隆选择学说，该学说认为，免疫细胞是随机形成的多样性的细胞克隆，每一个克隆的细胞表达同一特异性的受体，当受 Ag 刺激，细胞表面受体特异识别并结合 Ag，导致细胞进行克隆扩增，产生大量后代细胞，合成大量相同特异性抗体。

克隆选择原理的基本思想是只有那些能够识别抗原的细胞才进行扩增，只有

这些细胞才能被免疫系统选择并保留下来,而那些不能识别抗原的细胞则不被选择,也不进行扩增。T 细胞和 B 细胞都能够进行克隆选择。

克隆选择理论的主要特征是:

新细胞是父代的“拷贝”,受制于高速率(体细胞高频变异)的成熟机制;清除新分化的载有自体反应受体的淋巴细胞;增殖和分化与成熟细胞和抗原有联系;禁止克隆的持续,对早期自体抗原的清除是自身免疫疾病的基础。

(2). 阴性选择,淋巴细胞的阴性选择描述这样一个过程:淋巴细胞抗原相互作用导致该淋巴细胞的死亡,来自指令系统的一小部分细胞会被抗原识别,抗原被克隆选择激活,自体特异抗原可以通过细胞凋亡或者无反应力使有问题的淋巴细胞受到抑制。如果 Ag 浓度或者它的淋巴细胞亲和力很低,细胞可以保持不受影响。

未成熟 T 细胞在胸腺中发展,如果在发展期间被激活,它们因程序细胞死亡而死亡。更多的自体蛋白质在胸腺中表达,所以存活的 T 细胞继续发育成熟并离开胸腺,对所有那些自体蛋白质耐受,该过程称为 T 细胞阴性选择,因为未激活的 T 细胞才存活。

(3). 克隆扩增,抗体的数量通过免疫系统产生大量 B 细胞而增加。这个产生大量 B 细胞的过程称为克隆扩增。B 细胞表达的 BCR 可直接识别并特异结合抗原分子而活化,在 B 细胞生长因子的作用下细胞进行扩增,导致克隆扩增,即由表达一种 BCR 的一个 B 细胞分裂产生很多后代 B 细胞,它们均表达同一种 BCR。当 B 细胞克隆扩增时,它经历一个自我复制超变异随机过程,免疫系统此时产生广泛抗体指令从体内清除感染的抗原,并为抵制下次某个时候类似但不同的感染做好准备。抗原促进一个 B 细胞的成长和分化。一些细胞产生自由抗体,在某些情况下,克隆是通过细部变异形式完成的。这一机制使免疫系统具有自适应性,也就是通过调整特殊的变异机制产生抗体分子基因密码变异。通过产生不同的 B 细胞集合和由此产生的抗体,以及 B 细胞在免疫系统中的存留的记忆细胞,免疫系统可以在以后对抗同样的或者类似的病原体入侵感染。

(四)、免疫记忆

淋巴细胞除了扩增或者分化成浆细胞以外,也能够分化成生命期较长的 B 记忆细胞。记忆细胞通过血液、淋巴和组织液来循环,可能不产生抗体,不直接

执行效应功能；但是在再次遇到相同抗原后，为清除已经刺激初次应答的相同特异抗原，将预先被免疫系统选择出来，迅速活化、增殖、分化为效应细胞，产生高亲和力抗体，执行高效而持久的免疫功能。通过克隆选择，识别抗原的克隆细胞成长，而不识别抗原的细胞死亡。这样，在指令系统中出现偏差，表明对抗原环境的学习。免疫系统需要多样性，它们需要表达指令系统中的偏差来表示抗原。当偏差在一个特殊个体的生命周期中发展，免疫学家称之为学习。如果特殊的偏差长时间保持，则成为记忆。免疫系统具有适应性应答，成功的免疫应答导致记忆 B 细胞分裂增生，记忆 B 细胞对以前遇到过的抗原具有高于平均亲和力的亲和力。这些记忆细胞中的信息编码组成免疫系统记忆，使它能学习蛋白质结构，并记忆那些结构，这样未来对这些同样病原体的应答会更迅速和有效率，称为基于记忆检测。因为免疫系统记住已知病原体的结构，使未来应答更容易。基于记忆检测系统在非自体子集上训练检测那个子集的特殊元素。当免疫系统遇到以前未遇到的病原体类型时，它产生初次免疫应答，会用较长的时间来消除感染；在初次应答期间，免疫系统学习识别以前未见到的外部模式。当免疫系统频繁地遇到同类型病原体时，它产生二次应答，通常效率非常高，以至没有再次感染的临床迹象。

2.1.4 生物免疫系统的基本特征

生物免疫系统的最大特点是免疫记忆、抗体的自我识别能力和免疫多样性。免疫系统分析和学习进入体内的外在物质，并且同时产生抗体来消灭入侵的抗原。从信息处理角度来看，免疫系统具有以下特征：耐受性、学习与认知、分布性、鲁棒性和适应性、免疫反馈和自组织等。

免疫耐受是指免疫活性细胞接触抗原物质时所表现出来的一种特异性的无应答状态(a state of specific unresponsiveness)。它是免疫应答的一种重要类型。外来的或自身的抗原均可诱导免疫耐受。

免疫学习是指系统能够通过某种过程而改进它的过程。而认知能力包括对自体的识别和对外来物质的识别。免疫系统具有学习和认知的能力。系统能够学习抗原的结构，将来同一抗原再次出现时，反应会更快更强烈。免疫系统对新事物具有出色的学习能力，能够利用复杂模式匹配和自组织网络结构支持所遇到的事

物的记忆。

免疫系统由局部相互作用的基本单元组成来提供全局的保护，没有集中控制。由于工作载荷分布在不同的多个工作单元上，系统的工作效率得到有效提高，同时，其分布式特性还可以减少由局部工作单元失效所引起的对系统整体的影响。

免疫系统强大的学习能力使之成为随环境改变而不断完善的一个自适应鲁棒进化系统。鲁棒性是免疫系统具有多样性、分布性、动态性和容错性的结果。免疫系统具有多样性，拥有完善自成体系的免疫器官、免疫细胞、免疫分子，淋巴结遍布全身，系统拥有从免疫应答到免疫反馈的免疫机制，具有免疫记忆功能。

免疫系统中，抗体的数目远低于外部抗原的数目。但由于免疫细胞经历快速的新陈代谢并伴随高频的变异机制，在一段时间内，免疫系统仍然具有庞大的抗体种类，并随即均匀分布在抗原空间中，进而覆盖整个抗原空间，完成对所有抗原的识别。

2.1.5 生物免疫系统的工作原理

免疫系统是抗击病原入侵的首要防御系统，包括许多补体种类的免疫细胞及制造这些免疫细胞的免疫器官，为数最多的免疫细胞是淋巴细胞。它主要包括 B 细胞和 T 细胞，除了淋巴细胞外，还有其他种类的免疫细胞在免疫系统中发挥着不可忽视的作用。能被 T 细胞及 B 细胞识别并刺激 T 及 B 细胞进行特异性应答的病原体，称为抗原。在骨髓中的 B 细胞和在胸腺中的 T 细胞从不活跃、未成熟经自体耐受发展成为成熟的免疫细胞，一旦人体受到有关攻击时，迅速产生免疫应答。巨噬细胞等特异提呈细胞立即摄取消化病原体，把它们分解在细胞表面展示出来，形成 MHC 分子。MHC 分子激活成熟 T 细胞，将病原体抗原提呈给 T 细胞识别。T 细胞识别特异抗原后，一方面 T 细胞复制并激活杀伤 T 细胞，杀伤 T 细胞杀死任何被特异抗原感染的细胞；另一方面通过辅助 T 细胞(T Helper cell, TH) 激活 B 细胞。激活后的 B 细胞识别特异抗原，并克隆扩增分化为浆细胞形成抗体。抗体与抗原结合，通过两种方式杀死抗原：与补体系统形成复合物或直接带至吞噬细胞被吞噬。其中巨噬细胞，是可以吞噬外来物的大细胞。通常在消灭抗原的过程中，巨噬细胞最先对病原体发动攻势，又最后离开。B 细胞、

T 细胞中从未成熟到成熟期间, 将经历字体耐受, 在识别杀死抗原后将形成免疫记忆, 产生免疫反馈。免疫过程主要经历三个阶段: 自体耐受、免疫应答、免疫反馈。

2.2. 人工免疫系统概述

生物免疫系统具有良好的多样性、耐受性、免疫记忆、分布式并行处理、自组织、自学习、自适应和鲁棒性等特点。这些诱人的特性, 近年来引起了众多专家学者的普遍关注。人工免疫系统 (Artificial immune system, AIS) 是吸取了生物免疫特性、人工免疫方法以及计算机算法理论等思想而构建的系统。它是利用计算机科学技术, 研究有关人工免疫的理论、规则、算法、模型等, 并将这些研究成果应用于具体的应用系统中, 解决实际的应用课题。

2.3 本章小结

本章主要目的是对生物免疫系统的基本概念和重要特性进行简单地描述和解释, 以便于明确后面所提到的相关概念和术语的含义。同时, 对现有的人工免疫系统模型及相关的应用进行了综述, 本章的内容既是本课题的前期工作和基础, 同时又是本文所做的研究工作的方向和意义的一个注解。

第3章 人工免疫算法的原理及算法改进

免疫算法大致可以分为基于群体的免疫算法(Population-based)和基于网络的免疫算法(Network-based)。前者构成的系统中元素之间没有直接的联系,系统组成元素直接和系统环境相互作用,它们之间若要联系只能通过间接的方式。而在由后者构成的系统中,恰恰相反,部分甚至是全体的系统元素都能够相互作用。本章首先介绍了基于群体的免疫算法基本流程,并以标准克隆选择算法为代表,重点介绍了其设计思路。接着介绍了基于网络的免疫算法,并以资源受限人工免疫算法为代表,重点分析了其主要操作,并对变异机制,亲和力的计算问题进行改进。最后,为方便在模式识别中的应用,对资源受限人工免疫算法网络结构进行调整,并探讨了其节点调整机制及参数优化方法。

3.1 基于群体的免疫算法

免疫算法大多将T细胞、B细胞、抗体等功能合而为一,统一抽象出检测器概念,主要模拟生物免疫系统中有关抗原处理的核心思想,包括抗体的产生、自体耐受、克隆扩增、免疫记忆等。

在用免疫算法解决具体问题时,首先需要将问题的有关描述与免疫系统的有关概念及免疫原理对应起来,定义免疫元素的数学表达,然后再设计相应的免疫算法。

基于群体的免疫算法基本流程如图3-1所示,一般地,免疫算法大致由以下几个步骤组成:

1. 定义抗原:将需要解决的问题抽象成符合免疫系统处理的抗原形式,抗原识别则对应为问题的求解。
2. 产生初始抗体群体:将抗体的群体定义为问题的解,抗体与抗原之间的亲和力对应问题解答评估:亲和力越高,说明解越好。类似遗传算法,首先产生初始抗体群体,对应问题的一个随机解。
3. 计算亲和力:计算抗原与抗体之间的亲和力。

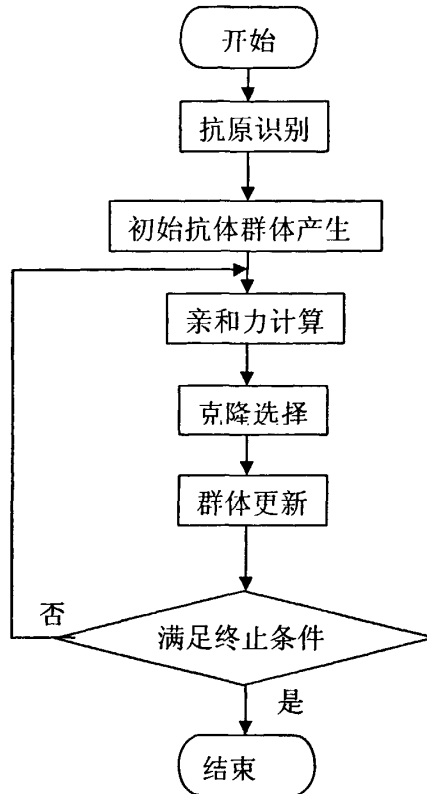


图 3-1 免疫算法的基本架构

4. 克隆选择：与抗原有较大亲和力的抗体优先得到繁殖，抑制浓度过高的抗体（避免局部最佳解），淘汰低亲和力的抗体。为获得多样性（追求最佳解），抗体在克隆时经历变异（如高频变异等）。在克隆选择中，抗体促进和克隆删除对应优化解的促进与非优化解的删除。
5. 评估新的抗体群体：若不能满足终止条件，则转向第 3 步，重新开始；若满足终止条件，则当前的抗体群体则为问题的最佳解。

在基于群体的免疫算法中，新免疫细胞不断产生，旧免疫细胞不断被替换。新生成的免疫细胞并不能直接加入群体，而需要经历一个自体耐受的过程方能成熟。若这个过程中与任意自体匹配，就将死亡。经历耐受后方能进入免疫循环。针对耐受成熟的必要性，Forrest, Perelson 和 Seiden, Celada 等分别提出了否定选择算法与肯定选择算法。

3.1.1 否定选择算法

否定选择算法是基于免疫系统中的自己和非己识别的原理来进行变化监测。这种识别能力部分源于 T 细胞(免疫细胞的一种), 该种细胞表面的受体可检测到外来抗原。在 T 细胞的产生过程中, 受体通过伪随机遗传重组过程来形成。然后这些细胞通过一个监测过程即否定选择过程, 在胸腺的 T 细胞(未成熟的 T 细胞), 对自身蛋白有反应的被破坏, 只有那些不与自身蛋白结合的 T 细胞可以离开胸腺(成熟的 T 细胞)。此后这些成熟的细胞就在体内循环, 完成免疫功能保护身体不受外来抗原损害。否定选择算法采用相同的原理, 先随机产生监测器, 然后删除与自身对抗的, 并保留能检测非己的细胞。算法过程如下所述:

1. 定义自己(Self)为一个字符串集 S , 每个字符串由字母表中 n 个字母组成, 这个集合还要进行监测。例如, 可以是一个程序, 数据文件(任何软件), 或一般的行为模式, 都可规范化为相同长度的字符串。
2. 产生一个监测器集 R , 其中每一个串都不能与集 S 中的串相匹配。该算法中的匹配不是完全的匹配, 而是部分匹配, 只要有连续 r 位相同就称为匹配, 此 r 为一个可选择参数。
3. 通过与集的匹配不断监测 S 的变化, 一旦发生任何匹配, 说明 S 集发生了变化, 即有外来元侵入。

在最初的算法描述中, 候选的监测器是随机产生的, 然后测试以删除与自身字符串相匹配的监测器, 该过程重复进行, 直到所需数量的监测器被产生出来。用概率分析方法来估算为满足一定的可靠性所应有的监测器的数目。采用随机产生的方法最主要的限制就是产生有效监测器的计算难度, 该难度随自身集的规模的增加而呈指数增加。于是, 更为有效的监测器产生方法被提出, 这种方法与自身集的规模成正比。

还有另外一些产生方法, 它们的计算复杂性都有所不同。该算法所依赖的三个重要原则是: 每种监测算法是唯一的; 监测是概率性的; 一个鲁棒性的系统应能随机性地监测外来的活动而非搜索已知的模式。对算法的进一步研究。这种算法在异常监测领域有许多应用。

实际上, 否定选择算法被应用于计算机网络安全保障, 解决了许多过去在同类型问题中难以解决的难题, 成效显著。这方面的应用包括: 计算机安全、病毒监

测、UMX 过程监视、时间连续数据的异常监测等。他们将算法用于采矿操作中的工具损坏监测。工具损坏监测问题被规范化为监测变化问题。也就是说，监测新的数据模式以检查现在的模式与已建立的正常模式有何不同，若有所不同表明确有损坏。

下面是否定选择算法的伪代码：

Procedure 标准否定选择算法

Begin

 随机生成大量的候选检测器（即免疫细胞）；

While 一个给定大小的检测器集合还没有被产生 **Do**

Begin

 计算出每一个自体元素和一个候选检测器之间的亲和力；

If 这个候选的检测器识别出了自体集中的任何一个元素

Then 删除这个检测器；

Else 把这个检测器放入检测器集合中；

End

 利用经过耐受的检测器集合检测系统以找出变种；

End

否定选择算法是对免疫细胞的成熟过程的模拟，经历耐受的检测器模拟成熟的免疫细胞。算法主要包括了两个阶段：耐受和检测。耐受阶段主要负责成熟检测器的产生。在检测阶段，检测器检测受保护的系统以发现变化。

3.1.2 肯定选择算法

肯定选择算法与否定选择算法非常类似，其作用刚好相反。对否定算法来说，与自体匹配的免疫细胞必须清除，而在肯定选择算法中则刚好被保留。

肯定选择算法如图 3-2 所示，具体步骤如下：

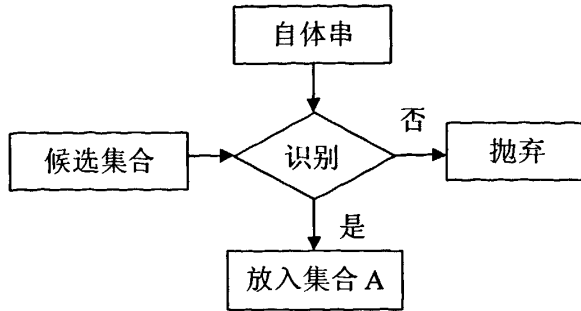


图 3-2 肯定选择算法

- 1.初始化：产生一个 T 细胞候选集合 P ，假设所有的分子都用长度为 l 的二进制串表示，则可能产生 2^l 个不同细胞。
- 2.亲和力计算：通过集合 S ，计算 P 中所有元素与自体 S 的亲和力。
- 3.可用集合的产生：如果 P 中某个元素与 S 中某个元素的亲和力大于或等于一个给定的阈值 ϵ ，则它肯定被系统选用，放入集合 A ，否则删除它。

3.1.3 标准克隆选择算法

克隆选择是一种常用的 AIS 算法。克隆选择原理最先由 Jerne 提出，后由 Burnet 给予完整阐述。其大致内容为：当淋巴细胞实现对抗原的识别（即抗体和抗原的亲合度超过一定阈值）后，B 细胞被激活并增殖复制产生 B 细胞克隆，随后克隆细胞经历变异过程，产生对抗原具有特异性的抗体。克隆选择理论描述了获得性免疫的基本特性，并且声明只有成功识别抗原的免疫细胞才得以增殖。经历变异后的免疫细胞分化为效应细胞（抗体）和记忆细胞两种。

克隆选择的主要特征是免疫细胞在抗原刺激下产生克隆增殖，随后通过遗传变异分化为多样性效应细胞（抗体细胞）和记忆细胞。克隆选择对应着一个亲合度成熟（affinity maturation）的过程，即对抗原亲合度较低的个体在克隆选择机制的作用下，经历增殖复制和变异操作后，其亲合度逐步提高而“成熟”的过程。因此亲合度成熟本质上是一个达尔文式的选择和变异的过程，克隆选择原理是通过采用交叉、变异等遗传算子和相应的群体控制机制实现的。

根据克隆选择原理，DeCastro 提出了克隆选择算法（CLONALG 算法）模型

[32], 并在模式识别、组合优化和多峰值函数优化中得到了验证。其算法的核心在于增殖复制算子和变异算子, 前者与个体亲合度成正比, 保证群体亲合度逐步增大, 后者与个体的亲合度成反比例关系, 保留最佳个体并改进较差个体。

如图 3-3 所示, 标准克隆选择算法包含如下几个方面:

1. 维持免疫细胞在功能上与指令集的不连贯性;
2. 受最大刺激的细胞的选择和克隆;
3. 没有受到刺激的细胞死亡。

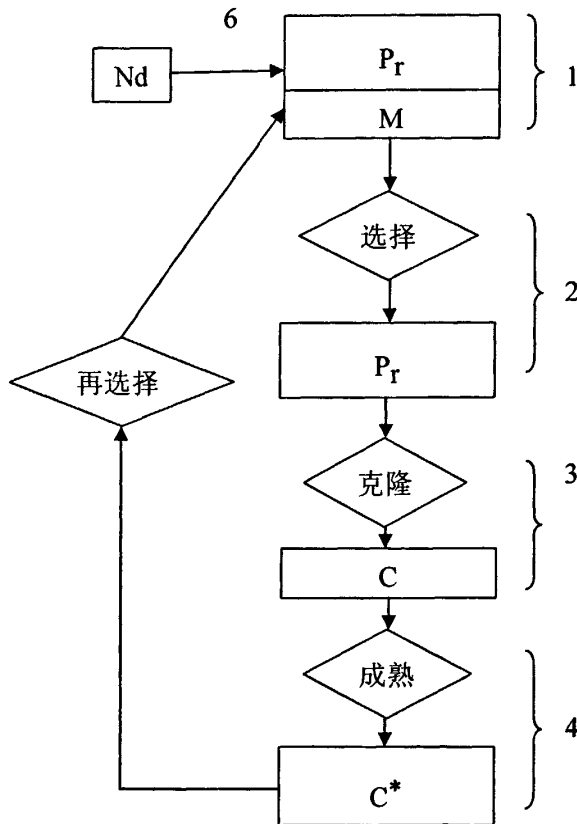


图 3-3 标准克隆选择算

4. 亲和力成熟和更高亲和力克隆的再选择;
5. 多样性的生产和维护;
6. 与细胞亲和力成比例的高频变异。

算法分 6 个步骤完成, 每执行完 6 步, 生成新一代的免疫细胞。

1. 生成候选方案的一个集合 (P), 它由记忆细胞 (M) 的子集和加上生育群体 (P_r) (P_r+M)。

2. 选择 n 个具有较高亲和力的个体。
3. 克隆这 n 个最好的个体，组成一个临时的克隆群体（C）。与抗原亲和力越高，个体在克隆时代规模也就越大。
4. 把克隆群体提交到高频变异，根据亲和力的大小决定变异。产生一个成熟的抗体群体（ C^* ）。
5. 对 C^* 进行再选择，组成记忆细胞 M。P 中的一些成员可以被 C^* 中的其他一些改进的成员替换掉。
6. 生成 d 个新的抗体取代 P 中 d 个低亲和力的抗体，保持多样性。

3.2 基于网络的免疫算法

人工免疫网络是一种智能计算的方法，具有类似生物免疫系统的分布式、鲁棒性、自组织、记忆与学习等特点。离散免疫网络模型主要用于解决实际问题，应用于数据聚类和数据浓缩。

根据 Jerne 的免疫网络理论，Farmer^[3]等提出了一种二进制位串模型，试图把数学形式的理论免疫学与计算智能联系起来。Varela 等提出的网络模型突出了免疫网络的 3 个主要特征：网络结构、动力学和亚动力学。网络结构描述了网络节点之间的连接模式；动力学考虑组成网络的细胞与分子的浓度及亲和力随时间的变化情况；亚动力学则强调了免疫系统中节点元数量的动态变化、新分子元的加入、有自体反应的分子元和无刺激分子元的死亡。

3.2.1 基于网络的免疫算法基本架构

基于网络的免疫算法基于生物免疫系统中免疫细胞和分子除了能识别外来的抗原以外，还能够相互识别。依据这个内部识别过程，免疫系统即使在没有外部刺激的情况下也将呈现出动态行为。

根据这个原理，免疫细胞的一部分抗体分子能像入侵的抗原一样被其他的免疫细胞所识别。这就使系统中的免疫细胞相互联系起来。当一个免疫细胞识别出一个抗原或者一个免疫细胞时，那么它就被激活。另一方面，当免疫细胞被其他的免疫细胞所识别时，它将被抑制。来自于网络中细胞的刺激和抑制的总和，再

加上对抗原的识别，就可以计算出一个免疫细胞的受激程度 S 。如公式(3-1)所示

$$S = N_{st} - N_{sup} + A_s \quad \text{公式(3-1)}$$

式中， N_{st} 代表网络刺激， N_{sup} 代表网络抑制，而 A_s 代表抗原刺激，一个细胞的受激程度决定了它再生和遗传变异的几率。

下面是通用的基于网络的免疫算法的基本架构

Procedure 通用免疫网络算法

Begin

 初始化一个免疫细胞的网络；

While 收敛准则不满足 **do**

Begin

While not 所有抗原搜索完毕 **do**

Begin

 把网络中的免疫细胞分别与抗原做比较；

 网络中的免疫细胞之间做比较；

 在网络中引入新的细胞，并没有用把的细胞删除；

 用公式（3.1）分别计算网络中细胞的受激程度；

 根据个体细胞的受激程度，更新网络的结构和参数；

End;

End;

End.

3.2.2 资源受限人工免疫网络

RLAIS (Resource Limited Artificial Immune System, 简写 RLAIIS) [77] 是 ALNE 网络模型的一种，它是基于 Jerne 提出的独特型网络理论。这个理论指出，免疫系统是互相影响和制约的网络。抗原上的抗原决定基能被抗体识别，同样，抗体上也有被其它抗体识别的决定基，即 idiotopes，一类 idiotopes 称为独特型

(idiotype, Id)。抗原被某抗体 Ab1 识别，而 Ab1 又被其他抗体识别，以此类推，形成相互作用的网络，即独特型网络。

RLAIS 由一些人工识别球 (ARB) 与他们之间的联系组成。每个 ARB 由一个 n 维向量、一个刺激水平、一个所拥有的 B 细胞的数量值和一个表示联系的矩阵或表组成。每个 ARB 可以获得不定数目的 B 细胞 (有一个上限值)，系统中只有有限数量的 B 细胞，ARB 通过刺激水平竞争活的 B 细胞，不能获得 B 细胞的 ARB 将会被消除。

系统不断接受训练数据 (抗原) 的刺激，经过多次免疫反应，将最终保持一个平衡状态，此时，网络中的 B 细胞大致均匀分配。网络中留下的 ARB 及他们之间的联系便构成了记忆网络。系统可以不断持续的学习，且旧有模式不会被遗忘。

3.2.2.1 RLAIIS 算法基本操作

该算法有三个重要的过程，一个是 ARB 刺激度的计算，一个是免疫反应，一个是 B 细胞的分配。

1. 网络中第 i 个 ARB 的刺激度采用公式(3-2)计算：

$$S_i = \sum_{j=1}^m (1 - D_{ij}) + \sum_{k=1}^n (1 - D_{ik}) - \sum_{k=1}^n D_{ik} \quad \text{公式(3.2)}$$

式中， m 是 ARB 所接触的抗原数量， n 是与互相连接的 ARB 细胞数目。在本文中 表示抗原和抗体之间的 Euclidean 距离 (或者其它距离，如欧拉距离等)，表示相互连接的 ARB 之间的距离并进行正规化处理。

Euclidean 距离公式如式 (3-3)：

$$D_{ij} = \sqrt{\sum_{k=1}^l (ARB(i)_k - ARB(j)_k)^2} \quad \text{公式(3-3)}$$

式中 l 为数据的维度。本文中对该距离采用公式 (3-4) 进行正规化。

$$D = \frac{D - \min D}{\max D - \min D} \quad \text{公式 (3-4)}$$

$\min D$ 为最小距离， $\max D$ 为最大距离。

2. 网络经过刺激度的计算后，需要重新进行 B 细胞的分配。刺激水平越高，表示其离聚类中心越近，其拥有的 B 细胞越多，即其识别的抗原越多，而刺激水平越低，其分配的 B 细胞越少。同时，B 细胞总数有限 (MaxBCell)，当网络

中各个 ARB 所拥有的 B 细胞总数超过 $MaxBCell$ 时, 需要进行 B 细胞限制, 此时从刺激水平最低的 ARB 中消去 $SumBCell-Max$ 数目的 B 细胞, 若 ARB 中所有 B 细胞都被移去, 则从网络中删除该 ARB。

B 细胞分配公式如公式(3-5):

$$R_i = k \cdot s_i^2 \quad \text{公式(3-5)}$$

k 为一常数, 用来限制每个 ARB 所能拥有的最大 B 细胞数。

3. 在免疫反应过程中, 需要对 ARB 进行克隆复制并对克隆 ARB 根据其刺激度进行高频异。

最后在变异后的 ARB 中选择亲和力小于某个阈值的 ARB 进入网络。ARB 的克隆率根据公式(3-6)计算。

$$e_x = k \cdot s_i \quad \text{公式(3-6)}$$

k 为一常数, 表示克隆率, s_i 为刺激度。该式表明, 刺激度越高, 克隆的数目越多。克隆后的 ARB 按公式(3-7)进行变异:

$$ARB(i) = ARB(i) \pm K \cdot L \cdot \Delta \quad \text{公式(3-7)}$$

式中, $\Delta = \sum_{i=1}^m \frac{a(i)}{2^i}$, $a(i)$ 以概率 $1/m$ 取值 1, 以 $1-1/m$ 取值 0, 一般取 $m=S_i$,

这表明, 当刺激水平越高, 其变异的激烈程度越低, 而刺激度低的 ARB 将以更大的概率面临激烈变异。 L 为取值区间长度, K 为一正常数, 控制变异激烈程度。

经过免疫反应后, 需要从网络中删除太相近的 ARB, 并随机加入少量新的 ARB。

3.2.2.2 RLAIIS 算法过程

RLAIIS 的一般算法过程如下:

- 从抗原几个中随机选取 m 个抗原作为最初的 ARB 集合。
- 载入抗原样本 AG。
- 对网络中的每个 ARB 计算其刺激水平。
- 使用资源分配机制分配 B 细胞。
- 使用有限资源限制机制恢复 B 细胞总体水平。并消除未获得 B 细胞的 ARB。

- f. 消去 ARB 之间亲和力大于一定阈值的 ARB。
- g. 对每个 ARB, 根据其克隆公式克隆并变异。
- h. 从克隆变异后的 ARB 中选取与网络中 ARB 亲和力小的 ARB 进入网络。
- i. 转到 c, 重复执行。

终止条件为迭代 N 代后或者 B 细胞的数量达到某一限定值。

3.2.3 RLAIS 的改进

在使用 RLAIS 算法进行模式识别实现时发现, 该算法的网络结构没有明显的入口及出口。在得到网络的特征值后, 为进行识别, 仍然需要重新计算网络与待识别对象(抗原)的亲和力, 造成了多余的重复计算。本小节针对其具体应用问题, 对该算法的结构进行调整。

3.2.3.1 改进的 RLAIS 识别结构

为方便描述问题, 并方便人工免疫网络的应用, 将模式识别问题描述为找出特征向量与识别结果的关系。用数学方程描述为:

$$Y = F(x_1, x_2, \dots, x_n) \quad \text{公式(3-8)}$$

其中, 输入 $Y=F(x_1, x_2, \dots, x_n)$ 为 n 维变量, 输出 $Y=(y_1, y_2, \dots, y_p)$ 为 p 维变量。

根据系统的输入与输出之间的数据模式, 本文模拟构建 X 与 Y 之间的关系模型, 如图 3-4 所示。

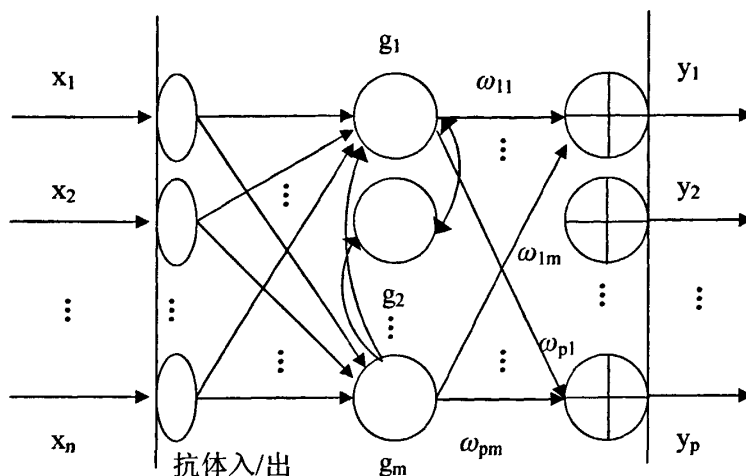


图 3-4 模式识别的免疫网络模型

图 3-4 中，免疫网络的输入模式（抗原）为 $\{x_i | i=1, 2, \dots, n\}$ ，在实验中， x_i 的值由公式(3-9)随机产生：

$$x_i = \alpha x_i (1 - x_i), x_i \in (0, 1) \quad \text{公式 (3-9)}$$

其中： $\alpha \in [3.7, 4]$ 。

中间层为一层，网络节点为 $\{g_j | j=1, 2, \dots, m\}$ ，每个节点对应一个输入变量 X 的函数；输出（模式识别） $\{y_k | k=1, 2, \dots, p\}$ 为网络节点函数 $g_j(\cdot)$ 的线性迭加，如公式(3-10)。

$$y_k = \sum_{j=1}^m (\omega_{kj} g_j(x_1, \dots, x_n)) \quad \text{公式(3-10)}$$

其中， $k=1, 2, \dots, p$ 。网络节点（抗体）之间的连接强度为其相互间的亲和力，表现出相互间的激励与抑制效应。免疫网络中间层通过抗体入/出通道进行网络的动态调节，定期移出未受激或死亡抗体（节点），增加新生的抗体（节点）。网络节点函数 $g_j(\cdot)$ 取径高斯函数，见公式(3-11)。

$$g_j(x) = \exp\left(-\frac{|x - \mu_j|^2}{2\sigma_j^2}\right), j=1, 2, \dots, m \quad \text{公式(3-11)}$$

式中 μ_j 是第 j 个节点基函数的中心向量； σ_j 为基函数的平滑因子。

3.2.3.2 改进的 RLAIS 算法

已知第 a 组输入与目标输出为 $\{[X^a, Z^a] | a = 1, 2, \dots, N'\}$ ，采用人工免疫网络学习算法，对输入模式进行有监督学习，具体步骤如下：

(1) 组建网络结构，对数据聚类以确定基函数的个数，初始化基函数中心，调整节点与平滑因子 σ_j ；

(2) 训练网络，获取基函数系数 ω ，使免疫网络有效输出 y 逼近目标输出 z ，其平均误差采用公式 (3-12) 计算。

$$e_{av} = \sum_{a=1}^{N'} |y^{(a)} - z^{(a)}| / N' \quad \text{公式 (3-12)}$$

输入模式(抗原)与识别模式(加权 ω_{kj} 输出 y_k 和基函数参数 μ_j 与 σ_j)均采用实数编码，依据各学习阶段的任务，给出两个评价指标：抗体(节点函数参数)的激励 s_j 与有效输出的平均误差 e_{av} (或适应度 $Fit = \exp(e_{av})$)，并分别依据 s_j 与 e_{av} 计算节点参数和加权系数的克隆与变异规模， σ_j 的修正量 σ_j' 与 Fit 和 ω_{kj} (选抗

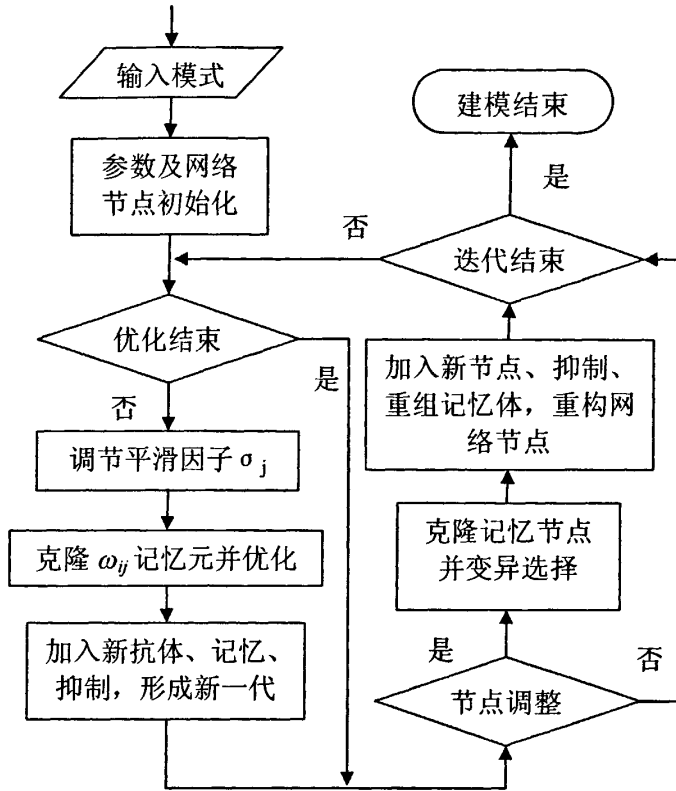


图 3-5 模式识别算法流程

体值)有关, 见公式 (3-13)。

$$\sigma_j' = \sigma_j + (w_{kj} - v_0) / (1 + Fit), j = 1, 2, \dots, m \quad \text{公式 (3-13)}$$

其中: v_0 约为函数幅值一半。

模式识别算法流程如图 3-5 所示, 主循环体中包含有两个子循环体: (1)在确定网络结构与节点函数的情况下, 公式(3-10)中 y_k 为 ω_{kj} 的函数, 循环学习 (G_l 代)改进 ω_{kj} ($g_j(\cdot)$ 的加权系数), 同时间隔若干 (t_n) 次循环学习对基函数平滑因子, 进行调节, 直至阶段优化终止条件满足; (2)改进免疫网络的结构, 逐步精确节点参数, 合理定义节点个数。主体循环直至完成迭代 G_0 次或循环终止条件满足, 这时, 对网络节点参数初始化的要求不高, 数据聚类的大部分操作可插入主体循环的第二阶段中, 减少了算法的运行时间。

在采样数据 $\{[X^a, Z^a] | a = 1, 2, \dots, N'\}$ 确定后 (或随机生成, 公式(3-9)), 初始化时用数据聚类算法估计节点数和确定节点函数 (见公式 (3-11)) 的中心参数 μ_j ,

可取数据组数 N 的一定比例(如 10%)作为节点(种类)数,所有节点函数的平滑因子均取为 $\sigma_j = d_{max}/2(Ms)^{1/2}$ 。设定总迭代数 G_0 、优化循环次数 G_1 、节点调整次数 G_2 :(默认值为 1)、抗体的激励阈值 σ_d 与抑制阈值 σ_s 以及相关参数的初值。

设 i 为输入变量的序号指针, j 为节点函数的序号指针, k 为输出变量的序号指针, t 为当前迭代次数。主程序运行终止条件是循环次数达 G_0 或 e_{av} 的值连续两次低于 10^{-5} , 进入主循环程序之前, 目标函数值应归一化至区间[0, 1]。

3.2.3.3 改进的 RLAIIS 算法参数优化 (ACO)

参数优化包括间隔 t 次对节点函数的平滑因子 σ_j 的修正式(公式(3-13))。记忆抗体库初始为空(总数为 M_{mem}), 记忆抗体的克隆个数为 N_{epl} , 系数 W (抗体)的规模为 S_{opt} , 初始化 $W_i(i=1, 2, \dots, S_{opt})$, 并按适应度大小排列。ACO 算法的流程图如图 3-6 所示。

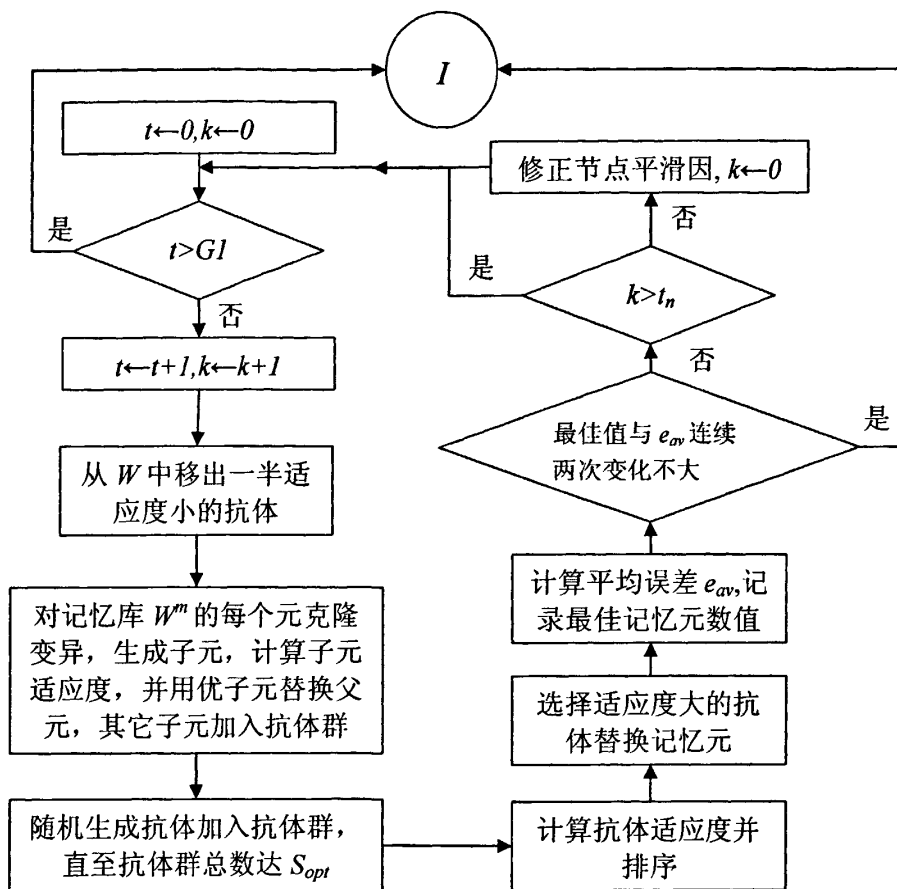


图 3-6 ACO 算法流程图

3.2.3.3 改进的 RLAIIS 算法节点调整算法 (ANT)

根据网络初始节点数，设记忆节点容量为 $S_{mum} = \lfloor M_s / 2 \rfloor$ ，结构抗体群总数为 $M_{ab} = 2M_s$ ，初始记忆节点库为空；初始化节点参数 $\mu_j (j=1, 2, \dots, M_s)$ 和 σ_j ，函数中心 μ_j 需要做归一化处理，每次模块运行结束，节点应做去归一化(还原)处理. 根据公式(3-2)计算抗体(节点)的激励值，并根据激励值的大小排列. ANT 算法流程如图 3-7 所示.

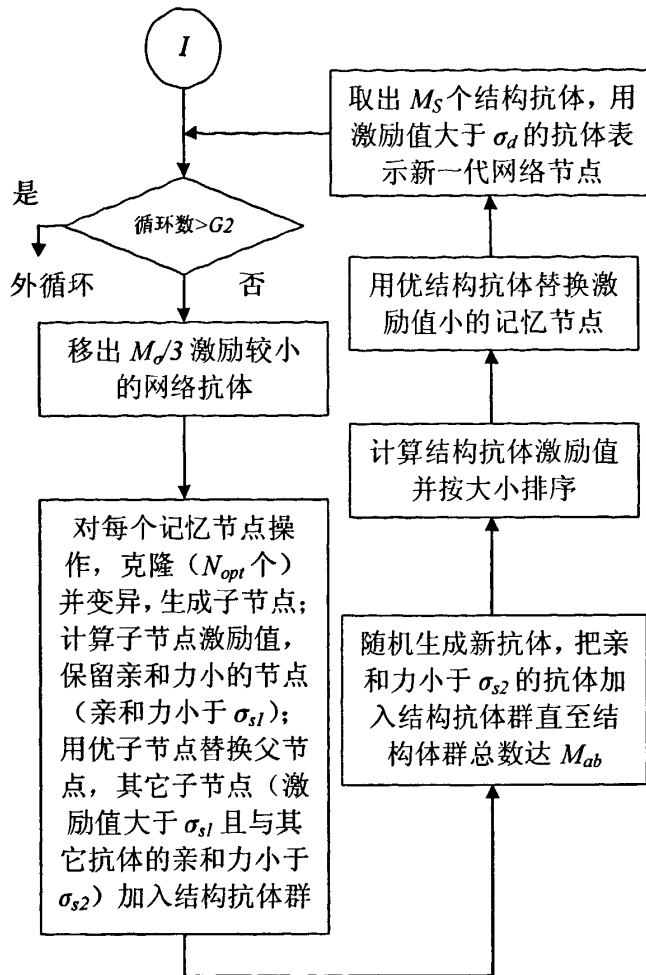


图 3-7. ANT 算法的流程图

3.3 小结

本章讨论了免疫算法的系统结构及其一般原理, 并总结出了克隆选择算法、RLAIS 算法的一般设计步骤。研究发现, 免疫算法具有优良特性的同时, 也伴随着可能出现局部最优解的弱点。在 RLAIIS 中, 细胞分配机制虽然能够控制网络节点的动态变化, 但是, 由于其分配机制本身的静态特性, 不能随着网络的变化而变化其分配机制, 因此而导致在某些情况收敛速度过慢。本章深入讨论了该机制, 并提出了动态调节机制以解决该问题。

第4章 基于群体的免疫算法在模式识别中的应用

4.1 模式识别应用系统中存在的一些问题

如前面所述，目前模式识别中存在以下一些问题：

- (1)、很多现存的模式识别方法需要了解对象的一些先验知识，比如识别对象的先验概率，识别对象的模型、对象的统计信息等等，但在现实情况中，我们对对象的先验知识并不了解太多。这就给我们的研究造成了一定的困难。
- (2)、模式识别的应用范围扩大了。模式识别的应用领域越来越广泛，识别的对象不仅仅是图像，几乎所有数据处理都设计到模式识别问题，这就给模式识别带来更复杂的应用。
- (3)、待识别的对象往往是不准确或者不完整的。例如由于噪声干扰。数据采集错误，数据采集的片面性等客观原因，收集到的信息可能包括不相容甚至矛盾的数据。
- (5)、待处理数据量大，实时性要求较高，如图象处理模式识别系统中，要处理的数据量大，且实时性要求很高。

前面论述的贝叶斯估计法的难点在于先验概率的确定，同时，它无法区分“不相信”与“缺乏可信度”等这样一些不确定性知识。D-S 证据理论不仅能表示信息的已知性和确定性，还能够区分信息的未知性和不确定性，但当处理的信息种类较多时，存在着数据的组合爆炸问题；其基本概率赋值得确定也是一个难点。模糊理论应用是否成功的关键在于如何找到合适的隶属度函数。

4.2 利用基于群体的免疫算法建立模式识别模型

生物免疫系统是一个高度进化的生物系统，它旨在区分外部有害抗原和自身组织，从而清除抗原并保持有机体的稳定。从计算的角度来看，生物免疫系统是一个高度并行、分布、自适应和自组织的系统，具有很强的学习、识别、记忆和特征提取的能力。人们希望从生物免疫系统的运行机制中获取灵感，开发出面向应用的免疫系统模型——人工免疫系统(Artificial Immune System, AIS)，用于

解决实际问题。

4.3 克隆选择算法识别模型

CLONALG 算法是根据克隆选择原理设计的免疫算法。解决问题时，一般把问题定义为抗原，而问题的解就是抗体集合。在特定的形态空间中，随机产生的抗体试图与抗原发生匹配，即尝试解决问题。匹配度高的抗体有可能产生更好的解，被赋予更大的克隆概率参与下一次匹配。

抗体和抗原之间的距离 D 采用汉明距离，如公式 (4-1) 所示。

$$D = \sum_{i=1}^l \delta, \text{ 其中 } \delta = \begin{cases} 1, & \text{if } ab_i \neq ag_i \\ 0, & \text{其它} \end{cases} \quad \text{公式 4-1}$$

抗体和抗原之间的亲和力 Aff 与它们的距离成反比，即 $Aff = 1/D$ 。

免疫算法的实现步骤如下：

- a. 初始化抗体集合，随机产生 N 个抗体。
- b. 计算抗体集合 Ab 中所有抗体与抗原 Ag 的亲和力。
- c. 择 n 个亲和力最高的抗体，组成一个新的抗体集合。并将这 n 个抗体按照亲和力升序排列。
- d. 将选中的 n 个抗体按照对应的亲和力进行克隆，产生新的集合 C ，亲和力越高的抗体，克隆的数量就越多，总的数量计算公式 (如式 4.2)。

$$Nc = \sum_{i=1}^n \frac{\beta \times N}{i} \quad \text{公式 (4-2)}$$

Nc 是总的克隆数，公式 (4-2) 右边是一个和式，其中第 i 项代表抗体 Ab_i 产生的克隆数， β 是预设的参数因子， N 是抗体集合包含的元素个数。

- e. 新的集合 C 按照基因重组概率进行基因重组，产生成熟的克隆集合 C^* 。

- f. 计算成熟克隆集合的亲和力。

- g. 从成熟克隆集合中选择 n 个亲和力最高的抗体作为记忆抗体的候选，亲和力超过现有记忆抗体的候选抗体称为新的记忆抗体。

- h. 替换掉亲和力最低的 d 个抗体，并用新的随机抗体补充。

- i. 如果抗体集合没有达到匹配精度要求且进化代数小于最大进化代数, 则转到 b, 否则算法结束。

4.4 采用克隆选择算法识别数字

一般的模式识别问题系统都包括问题的描述、系统的训练(专家库系统的训练)和模式识别 3 个部分。下面的数字识别实验具有基于免疫的模式识别系统的一般结构, 意在展示免疫系统原理是如何在模式识别中应用。

4.4.1 数字识别任务描述

本小结采用克隆选择算法是识别 0 到 9 这十个数字。每个字符都用一个长度 $L=120$ 的二进制串表示(每一个像素用一个二进制数表示), 其中-1 代表底色, 1 代表前景色。原始字符(待识别的字符)(抗原)如图 4-1 所示。0 到 9 构成的模式集合可用矩阵 S 表示如公式(4-3):

$$S = \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \\ 2 \\ \vdots \\ 9 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -1, -1, -1, \dots \\ -1, -1, -1, \dots \\ -1, -1, -1, \dots \\ \dots \\ \dots \\ \dots \end{bmatrix} \quad \text{公式(4-3)}$$

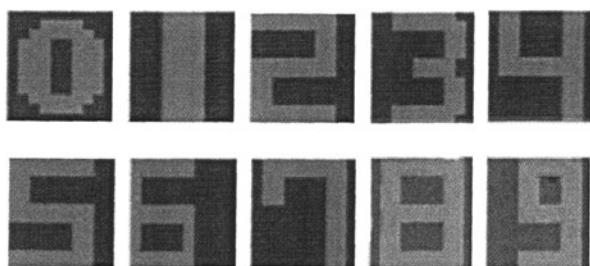


图 4-1 待识别的 10 个数字

4.4.2 系统训练(模式库的提取)

抗体指令集由 10 个抗体组成, 即取 $N=10$ 。每次选中 5 个亲和力最高的抗体进行克隆, 即参数 $n=5$ 。变异率初始值 $p_m=0.05$, 并根据进化情况进行变化。抗

体抗原之间的亲和力用汉明距离公式(4-1)。抗体识别抗原就表示为抗体和抗原之间的亲和力值大于一定的阈值。该实验通过克隆选择算法,训练一个识别这是个模式的抗体库。然后通过抗体库来进行模式识别。最大进化代数 $gen=100$, 匹配精度取 0, 即要求完全匹配。

10 个抗原(待识别数字)都达到了完全匹配, 具体匹配情况如表 4-1 所示。

表 4-1 0-9 10 个数字完全匹配进化代数

抗原(待识别字符)	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
完全匹配代数	40	38	29	35	39	40	39	37	40	36

从表 4-1 可以看出, 该算法的收敛速度是很快的。

下面仅以数字“0”为例, 观察一下算法的实现过程。

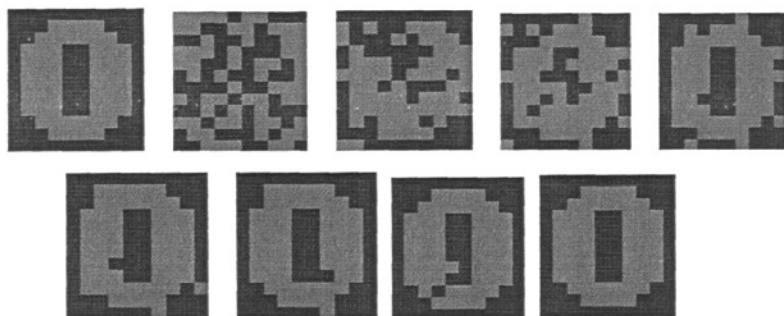


图 4-2 数字 0 的识别过程模拟

图 4-2 中, 第一排按照从左向右的次序: 第 1 幅图是原始字符, 第 2 幅图是随机产生的抗体集, 第 3 幅图、第 4 幅图和第 5 幅图分别是进化到第 6 代、第 11 代和第 16 代的抗体集。第二排按照从左向右的次序: 第 1 幅图、第 2 幅图和第 3 幅图分别是进化到第 21 代、第 26 代和第 33 代的抗体集。最后一幅图是进化到第 40 代的抗体集。进化过程中抗体与抗原的距离变化情况如表 4-2 所示。

表 4-2 数字 0 识别过程中的亲和力变化情况

进化代数	5	7	9	11	13	16	19	23	33	39
抗体与抗原的距离 D	33	29	24	21	16	9	5	3	1	0

从表 4-2 可以看出, 实际上进化到 33 代(见图 4-2 第二排第三副)时, 抗体与抗原的距离 $D=1$, 在大多数应用中, 已经可以很好地满足要求了。

4.4.3 模式识别过程

模式识别过程即任意提呈待识别的数字模式，然后计算这个数字模式和抗体模式集合中所有抗体的亲和力。若亲和力大于一定阈值，则取亲和力最大的抗体，表明该抗体识别了抗原。

$$F(AG) = \text{Max}(D) \quad \text{公式(4-4)}$$

其中 $D = \sum_{i=1}^l \delta$ ，且 $D > \rho$ ， ρ 为相似度阈值。

4.5 本章小结

本章研究了基于群体的人工免疫算法在模式识别中建模过程、并建立了识别模型。并重点以免疫克隆选择算法为例，采用本章所述识别模型，通过实验对数字模式进行提取，充分证明了人工免疫算法在模式识别应用中的有效性。

第 5 章 基于网络的免疫算法在模式识别中的应用

人工免疫网络是一种智能计算的方法，具有类似生物免疫系统的分布式、鲁棒性、自组织、记忆与学习等特点。离散免疫网络模型主要用于解决实际问题，已有相关算法用于模式识别、数据聚类和数据浓缩，并得到较广泛的应用。

根据 Jerne 的免疫网络理论，Farmer 等提出了一种二进制位串模型，试图把数学形式的理论免疫学与计算智能联系起来。Varela 等提出的网络模型突出了免疫网络的 3 个主要特征：网络结构、动力学和亚动力学。网络结构描述了网络节点之间的连接模式；动力学考虑组成网络的细胞与分子的浓度及亲和力随时间的变化情况；亚动力学则强调了免疫系统中节点元数量的动态变化、新分子元的加入、有自体反应的分子元和无刺激分子元的死亡。

5.1 人工免疫网络算法在模式识别中的应用

第 3.2.2 节中详细讨论了 RLAIIS 算法的特性及一般设计过程。为便于说明该算法在模式识别应用中的优良特性，本小节采用 RLAIIS 进行模式特征的提取。

5.1.1 实验任务的描述

实验以构造 5 组中心点不同的随机正态分布数据，每组各 10 个数据，用来模拟 5 个不同的类别，如图 5-1 所示。实验通过 RLAIIS 算法对这 5 个类别进行特征提取。

5.1.2 实验过程

实验过程中，抑制阈值取 0.1，剪枝阈值取 0.01，每次克隆变异后选择最佳亲和力细胞数为 20%，种群大小为 50，经过 10 代繁殖，得到结果如图 5-2 所示。图中星号表示中心点。表 5-1 为迭代过程中平均距离及网络节点数的变化情况。

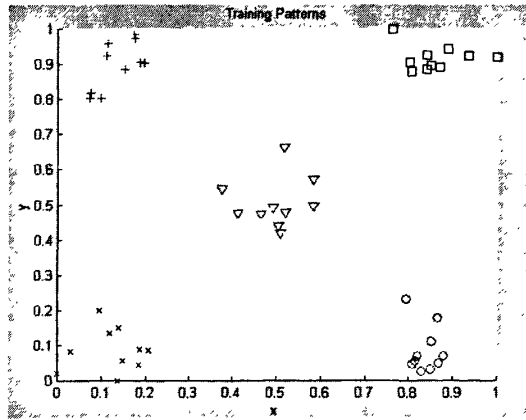


图 5-1 待识别数据分布图

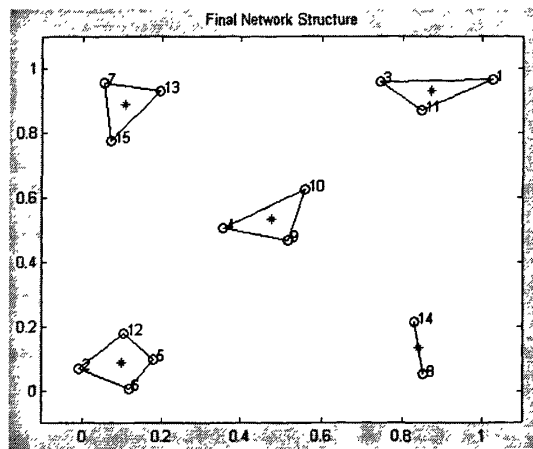


图 5-2 抑制阈值取 0.1 时的识别结果

表 5-1 平均距离与网络节点数的变化情况

迭代数	平均距离	网络节点数
1	0.028602	22
2	0.046905	19
3	0.038872	15
4	0.037655	13
5	0.032379	15
6	0.033177	18
7	0.035238	18
8	0.033413	15
9	0.035614	14
10	0.034893	13

5.1.3 实验结果分析

算法能在 10 代得到如上结果，说明收敛速度非常快。同时，分类边界具有

模糊特性，因此能进行模糊识别（识别过程类似训练过程，计算其亲和力，亲和力最高的即该模式的识别结果）。实验中发现，抑制阈值对特征值的提取有比较大的影响，图 5-3，图 5-4 分别为抑制值取 0.05 与 0.2 时的结果。抑制阈值取 0.2 时，也能对提取出 5 个特征，但特征已经失去模糊特性，收敛为中心点。

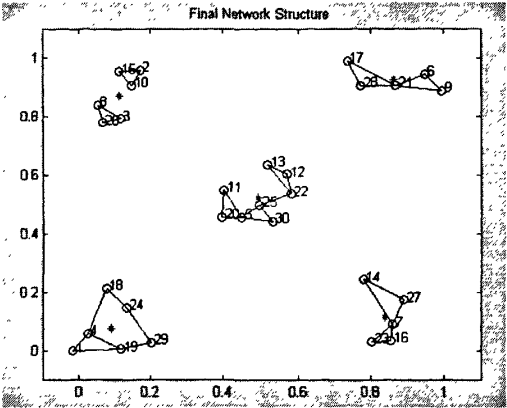


图 5-3 抑制阈值取 0.05 时的识别结果

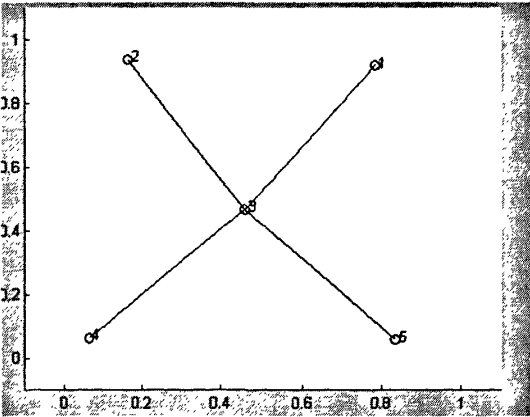


图 5-4 抑制阈值取 0.2 时的识别结果

5.2 改进的 RLAIS 算法模式识别仿真实验

为了文中 3.2.3 节提出的模式识别算法的有效性，采用两个函数(见公式 (5-1)、(5-2))作为模式识别对象 f_1 与 f_2 ，随机采样输入模式数 $Num=200$ 。参数优化模块的迭代次数 $G_1=50, t_n=2, S_{opt}=20, M_{mem}=5, N_{ept}=3$ 。网络节点调整模块循环次数 $G_2=1, M_s=12, \sigma_{s_1}=0.5, \sigma_{s_2}=0.4, \sigma_d=0.1$ 。

$$Z_1 = f_1(x) = X_1^2 + X_2^2 \quad (X_1, X_2 \in [-100, 100]) \quad \text{公式(5-1)}$$

$$Z_2 = f_2(x) = 100(X_2 - X_1^2) + (X_1 - 1)^2 \quad (X_1, X_2 \in [-5.12, 5.12]) \quad \text{公式(5-2)}$$

图 5-5 绘出了 f_1 与 f_2 的误差收敛情况；节点函数参数的调整依据公式(3-13)计算，两个对象函数 f_1 与 f_2 的 v_0 分别为 0.4 和 0.64，表 5-2 中列出了网络结构变化时节点函数参数 σ_j 的变化情况。

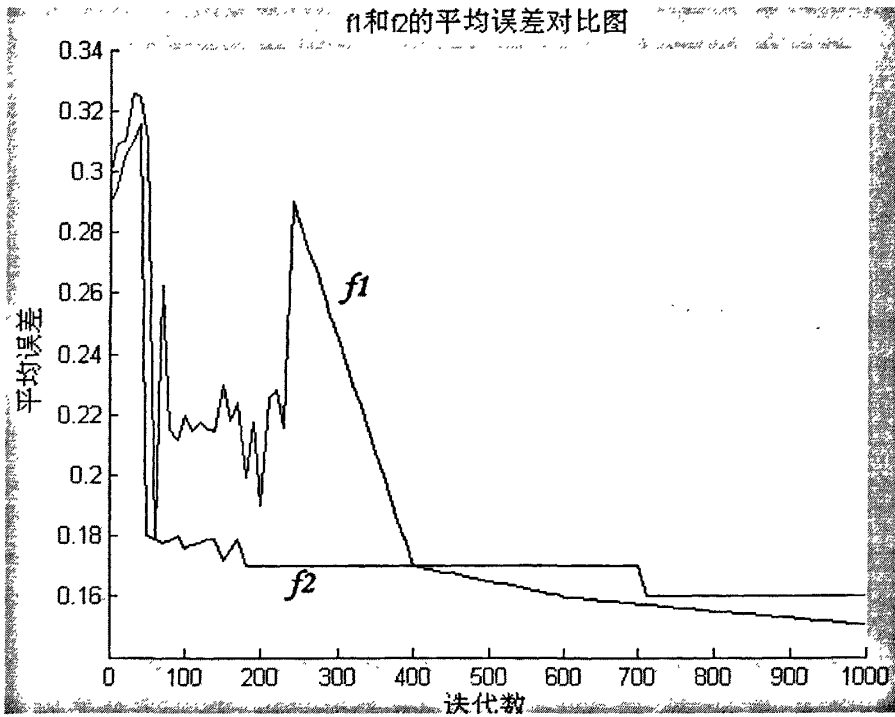


图 5-5 f_1 和 f_2 的平均误差图

表5-2 迭代过程中 σ_j 的值

节点号	f_1 的 σ_j			f_2 的 σ_j		
	200	500	800	200	500	800
1	-157.3719	-596.9649	-1050.4360	-354.2121	-926.1109	-1457.6910
2	0.0671	-32.4894	-1420.8370	-135.2462	-400.3518	-636.5838
3	-231.1534	-613.2324	-997.5814	-551.9926	-1420.6670	-2289.6410
4	2.5171	45.2984	73.2515	-354.5165	-812.3559	-1470.1570
5	-186.6127	-751.6207	-1319.7750	-135.2927	-377.4826	-609.6646
6	-173.2953	-398.4941	-624.1974	-547.9420	-1310.8850	-2273.8050
7	1.0352	5.5761	4.4167	-339.2791	-868.5643	-1425.8800
8	-148.1327	-603.7336	-1060.7940	-139.2593	-383.8151	-628.3708
9	0.9785	1.4538	1.4642	-1.1760	-1.1558	-1.1758
10	1.1126	0.3362	0.3407	0.0014	0.0012	0.0012
11	0.9110	1.6902	1.7015	1.6346	0.6344	0.6344
12	-0.3974	-0.4165	-0.4065	-0.6488	-0.6487	-0.6487

输入数据用 logistic 方程(见公式(3-9))随机产生, 节点函数的中心从输入数据中任意取值, z_1 的 $\alpha \in (3.8, 3.9)$, z_2 的 $\alpha \in (3.81, 3.91)$. 程序循环 200 次后, 前 8 个节点的函数中心向量(μ_1, μ_8)没有变化, 其中的两个分量相同(见表 5-3);

表5-3 前8个节点的函数中心向量值

中心向量	中心向量值	
	f_1	f_2
μ_1	(0.76150, 0.76150)	(0.55285, 0.55285)
μ_2	(1.52054, 1.52054)	(1.22872, 1.22872)
μ_3	(-1.47976, -1.47976)	(-1.57858, -1.57858)
μ_4	(3.63126, 3.63126)	(-1.04335, -1.04335)
μ_5	(3.63660, 3.63660)	(-1.70339, -1.70339)
μ_6	(-2.29435, -2.29435)	(3.67071, 3.67071)
μ_7	(4.31942, 4.31942)	(-3.025209, 3.02509)
μ_8	(-3.21533, -3.21533)	(4.61283, 4.61283)

而后 4 个节点的函数中心向量(μ_9, μ_{12})稍有变化, 其中的两个分量也相同(见表 5-4).

表5-4 后4个节点函数的中心向量

对象	迭代数	μ_9	μ_{10}	μ_{11}	μ_{12}
f_1	200	(-5.07946, -5.07946)	(-5.11911, -5.11911)	(-5.11810, -5.11810)	(-5.12087, -5.12087)
	500	(-5.10407, -5.10407)	(-5.10790, -5.10790)	(-5.12459, -5.12459)	(-5.12460, -5.12460)
	800	(-5.11111, -5.11111)	(-5.11526, -5.11526)	(-5.11415, -5.11415)	(-5.12973, -5.12973)
f_2	200	(-5.08305, -5.08305)	(-5.12226, -5.12226)	(-5.11264, -5.11264)	(-5.10485, -5.10485)
	500	(-5.10435, -5.10435)	(-5.13141, -5.13141)	(-5.10660, -5.10660)	(-5.12372, -5.12372)
	800	(-5.11116, -5.11116)	(-5.12318, -5.12318)	(-5.11197, -5.11197)	(-5.11781, -5.11781)

实验中还发现, 仿真结果对公式(3-9)中系数的选用较敏感, 因此宜采用经典数据, 依据精度要求设定各个激励阈值与抑制阈值, 大致确定(从大至小选择)满足要求的模块迭代循环总次数; 两个不同对象运行的收敛速度和误差精度差别不大。这表明算法在一定范围内具有通用性, 收敛速度较快, 模式识别误差较低。

5.3本章小结

本章研究了基于网络的人工免疫算法在模式识别中建模过程, 并建立识别模型。并重点以 RLAIIS 算法及改进的人工免疫网络算法为例, 采用本章所述识别模型, 分别通过实验对人工免疫网络算法进行仿真实验, 模拟识别过程, 取得较好的识别效果。最后通过对实验结果的分析, 指出了影响识别效果的因素。

第6章 总结与展望

6.1 总结

生物免疫系统独特的自适应、自组织、多样性、免疫记忆等进化学习机理具有提供新颖的解决问题方法的潜力。抽取这些特征构造新的模式识别方法是模式识别领域继统计理论、人工神经网络之后的又一个研究热点。本文研究了基于生物免疫系统的免疫算法及其在模式识别中的应用。主要研究工作和成果如下：

1. 系统综述了免疫算法的最新研究成果。介绍了免疫算法借鉴的生物学机理以及算法的特点和主要应用领域。

2. 提出了基于人工免疫系统的模式识别框架。基于人工免疫系统的模式识别框架是继传统统计识别、结构模式识别、模糊模式识别、神经网络模式识别等之后的新的模式识别方法。并通过实验，验证了人工免疫算法在模式识别中的有效性。

3. 研究了人工免疫系统在模式识别中的一般建模过程，包括基于群体的免疫算法、基于网络的免疫算法的一般建模过程。并以数字识别、类别识别为实验进行验证。

4. 在基于网络的人工免疫算法中，提出了免疫网络算法参数优化方法与网络节点调整算法。

6.2 展望

免疫算法是一门新兴的学科，有关免疫算法的研究成果目前还不是很多。为了使免疫算法和人工免疫系统更好的应用于模式识别等其它科学和工程领域，还需要对如下方面进行进一步的研究。

1. 免疫算法时间复杂性的分析。本文虽然在实验中成功的进行了识别，并且免疫进化的代数也在可接受的范围内，但是没有对其收敛性进行证明。有必要对其时间复杂度及空间复杂度（子代大规模复制）进行深入研究。

2. 传统模式识别方法与人工免疫算法模式识别方法的性能对比。本文着重研

究了人工免疫算法在模式识别中的应用及其一般的建模过程,并以实验验证方法的有效性。以此探讨一个模式识别的新方法。

参 考 文 献

- [1]. Jerne N K. The immune system [J]. Scientific American, 1973, 229 (1):52260.
- [2]. Perelson.A.S.Immune Network Theory. Immunological Review,1989,10:5-36.
- [3]. Farmer J, Packard N, Perelson A. The immune system, adaptation and machine learning [J]. Physical, 1986, D22: 187-204.
- [4]. Mori.K. Tsukiyama.M, Fukuda.T.Application of an Immune Algorithm to Multi-optimization Problems. Electrical Engineering in Japan, 1998, 122(2):30-37.
- [5]. Ishida.R. Sato.T., Sugiyama.Y.Optimum design of truss structure by genetic immune recruitment mechanism. Transactions of the Japan Society of Mechanical Engineers, 1995, 581(61):205-210.
- [6]. Chun.J.S,Lim.J.P.et al.Optimal design of synchronous motor with parameter correction using immune algorithm.IEEE Transactions on Energy Conversion,1999,14(3):610-615.
- [7]. 王磊, 潘进, 焦李成.免疫算法.电子学报,2000,28(7):74-78.
- [8]. Toma.N., Endo.S. Yamada.K.Immune Algorithm with Immune Network and MHC for Adaptive Problem Solving. In: Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics, 1999, 271-276.
- [9]. Toma.N., Endo.S. Yamada.K.et al.Immune Distributed Competitive Problem Solver with major histocompatibility complex and Immune Network. In: Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics, 2000, 1865-1870.
- [10]. Tazawa.I., Koakutsu.S, Hirata.H.Evolutionary optimization based on the immune system and its application to the VLSI floor-plan design problem. Electrical Engineering, 1998, 124(4):27-36.
- [11]. Hart.E., Ross.P, Nelson.J.Producing robust schedules via an artificial immune system.In: Proceedings of the IEEE Conference on Evolutionary Computation, 1998, 464-469.
- [12]. 汪定伟,于海斌.免疫遗传算法及在新产品投入计划中的应用.控制理论与应用, 2002,19(5).
- [13]. Yamada.K., Nishioka.K.Understanding driving situations using a network model. Intelligent Vehicles Symposium, 1995, 48-53.
- [14]. Takahashi.K, Yamada.T.Application of an immune feedback mechanism to control systems.JSME International Journal, 1998, 184-191.
- [15]. 张军, 刘克胜, 王煦法.一种基于免疫调节和共生进化的神经网络优化设计方法.计算机研究与发展,2000,37(8):924-930.
- [16]. Ootsuki.J.T., Sekiguchi.T.Application of the immune system network concept to sequential control.In: Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics, 1999, 869-874.
- [17]. Kim.D.H.Tuning of a PID controller using immune network model and fuzzy set.In: IEEE International Symposium on Industrial Electronics, 2001, 1656-1661.
- [18]. Lee.D.W., Sim.K.B.Artificial immune network-based cooperative control in collective autonomous mobile robots.In: Robot and Human Communication Proceedings

- of the IEEE International Workshop, 1997, 58-63.
- [19]. Jun.J.H. Lee.D.W., Sim.K.B..Realization of cooperative strategies and swarm behavior in distributed autonomous robotic systems using artificial immune system.In: Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics, 1999, 614-619.
- [20]. Ishiguro.A. Kuboshiki.S., et alge coordination of hexapod walking robots using mutual-coupled immune networks.In: Proceedings of the IEEE Conference on Evolutionary Computation, 1995, 672-677.
- [21]. Ishiguro.A., Ichikawa.S. et al.Moderationism in the immune system: Gait acquisition of a legged robot using the met dynamics function.In:Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics,1998,3827 - 3832.
- [22]. Kondo.T., Ishiguro.A. ET al.Evolutionary construction of an immune network based behavior arbitration mechanism for autonomous mobile robots. Electrical Engineering In Japan, 1998, 123(3):1-10.
- [23]. Kayama.M., Sugita.Y. Morooka.Y.Sensor diagnosis system combining immune network and learning vector quantization. Electrical Engineering in Japan, 1996, 117(5):44-56.
- [24]. Bradley.D.W, Tyrrell.A.M.Hardware fault tolerance: An immunological solution.In: Proceedings of the IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics, 2000, 107-112.
- [25]. Okamoto.T., Ishida.Y.Distributed approach against computer viruses inspired by the immune system. In: IEICE Transactions on Communications, 2000, 908-915.
- [26]. Kim.J, Bentley.P.J.Towards an artificial immune system for network intrusion detection: An investigation of clonal selection with a negative selection operator.In: Proceedings of the IEEE Conference on Evolutionary Computation 2001, 1244-1252.
- [27]. Forrest.S., et al.Computer immunology. Communications of the ACM, 1997, 40(10):88-96.
- [28]. Gu.J., Lee.D, et al.Immunity-based security layer against internet antigens.IEICE Transactions on Communications, 2000, 2570-2575.
- [29]. Gilfix.M.Integrated software immune system:a framework for automated networkmanagement,system health, and security.In:24th Conference on Local Computer Networks,1999,254-255.
- [30]. Tubbs.J.D.A note on parametric image enhancement. Pattern Recognition, 1997, 30(6):617-621.
- [31]. Gilbert.C.J., Routen.T.W.Associative Memory in an Immune based System.In:Proc.the 12th National Conf.on Articial Intelligence, Seattle, 1994, 852-857.
- [32]. de Castro L N, von Zuben F J. An evolutionary immune network for data clustering [C] // Proc of the IEEE SBRN. Rio de Janeiro, 2000: 84289.
- [33]. 张学工.关于统计学习理论与支持向量机[J].自动化学报. 2000,126(11):2000.
- [34]. 祁亨年.支持向量机及其应用研究综述[J].计算机工程.2004,30(10):2004.
- [35]. Vladimir Cherkassky and Filip Mulier. Learning from data:Concepts,Theory,and Methods.Wiley,New York.1998.
- [36]. Sohn H. Czarnecki J J, Farrar C R. Structural Health Monitoring Using Statistical Process Control. Journal of Structural Engineering, ASCE, 2000, 126(11): 1356~1363

- [37]. Peil U. Assessment of Bridges Via Monitoring. *Structure &Infrastructure Engineering*, 2005, 1(2): 101~117.
- [38]. Sohn H, Allen D W, Worden K, Farrar C R. Statistical Damage Classification Using Sequential Probability Ratio Tests. *Structural Health Monitoring*, 2003, 2: 57~74
- [39]. Ross T J. *Fuzzy Logic with Engineering Applications*. John Wiley & Sons, Chichester, UK, 2004.
- [40]. Ross T, Booker J, Hemez F, Anderson M, Reardon B, Joslyn C. Quantifying Total Uncertainty Using Different Mathematical Theories in a Validation Assessment. *Proceedings of the ASCE Joint Specialty Conference on Probabilistic Mechanics and Structural Reliability*, Albuquerque, NM, 2004.
- [41]. Richard O.Duda Peter E.Hart David G.Stork. 模式分类(第二版)[M].李宏东,姚天翔译.北京:机械出版社,2003.
- [42]. 边肇祺,张学工.模式识别[M].北京:清华大学出版社,2000.
- [43]. Jain A K, Duin R P W, Jianchang Mao • Statistical pattern recognition: a review, *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*,2000, 22(1) : 4~37.
- [44]. Sergios Theodoridis, Konstantinos Koutroumbas.模式识别(第二版)[M].李晶皎译.北京:电子工业出版社,2004.
- [45]. Abraham wald.Contributions to the theory of statistical estimation and testing of hypotheses.*Annals of mathematical Statistics*,10:299-326,1939.
- [46]. Patrice Simard,Yann Le Cun,and John Denker.Efficient pattern recognition using a new transformation distance.In Stephen J.Hanson,Jack D.Cowan, and C.Lee Giles,editors,*Advances in Neural Information Processing Systems*, volume 5, pages 50 -58,Morgan Kaufmann,San Mateo,CA 1993.
- [47]. Wilbur.H.Highleyman.Linear decision function,with application to pattern recognition. *Proceeding of the IRE*,50:1501-1504,1962.
- [48]. Elkordy M F, Chang K C, Lee G C. Neural Network Trained by Analytically Simulated Damage States. *ASCE Journal of Computing in Civil Engineering*, 1993, 7(2): 130~145
- [49]. Huang C S, Hung S L, Wen C M, Tu T T. A Neural Network Approach for Structural Identification and Diagnosis of a Building from Seismic Response Data. *Earthquake Engineering &Structural Dynamics*, 2002, 32(2): 187~206
- [50]. Reda Taha M M, Lucero J. Damage Identification for Structural Health Monitoring Using Fuzzy Pattern Recognition.*Engineering Structures*, 2005, 27(12): 1774~1783
- [51]. Erdogan Altunok, Mahmoud M, Reda Taha. Damage Pattern Recognition for Structural Health Monitoring Using Fuzzy Similarity Prescription. *Computer-Aided Civil and Infrastructure Engineering*, 2006, 549~560.
- [52]. Lippman R P . An Introduction to Computing with Neural Nets.*IEEE ASSPMagazine*,1997, April:4~23
- [53]. Hopfield J J.Neural Networks and physical Systems with Emergent Collective Computational Abilities.*Proc.Acad.Sci.USA*, Vol.79(1982),pp:2554-2558
- [54]. Rumelhart D et al.Parallel Distributed Processing.Vol. I & II , MIT Press, london, 1986.
- [55]. Thakoor A P et al Electronic Hardware Implementations of Neural Networks.*Applied optics*,1987;26(23):5085- -5092

- [56]. 李国杰.神经网络计算机的体系结构.模式识别与人工智能, 1990;3(1):35-40.
- [57]. Munkres James R. Topology [M]. 2nd ed. Beijing:Machine Industry Press, 2004: 75-187.
- [58]. WangGwo-en,Wang Jhing-fa.Amulti-layer classifier for recognition of unconstrained handwritten numerals [C]// Proceedings of the Third International Conference on Document Analysis and Recognition. Montrea:l IEEE,1995: 849-852.
- [59]. 周昊天,傅小兰.认知科学:新千年的前沿领域[J].心理科学进展, 2005, 13(4): 388-397.
- [60]. ZhouHao-tian, Fu Xiao-lan. Cognitive science: the scientific frontier of new millennium [J]. JournalofPsychology Science Propespect, 2005, 13(4): 388-397.
- [61]. 王树根.基于认知心理学的模式识别模型框架[J].武汉大学学报:信息科学版, 2002, 27(5): 543-546.
- [62]. 许勇,刘伟.认知心理学中有关模式识别的研究[J].天津外国语学院学报, 1997(3): 43-45.
- [63]. Osuna E, Freund R, G irosi F. An improved training algorithm for support vector machines .New York: ICNNSP97. 1997, :276-285 .
- [64]. Joachims T. Making large-scale Support Vector Machine learning practical[C] .Advances in Kernel Methods-Support Vector Learning. Cambridge,MA: MIT Press, 1998, :169-184 .
- [65]. Bennett K P. Combining Support Vector and Mathematical Programming Methods for Classification .Advances in Kernel Methods: Support Vector Learning. Cambridge, USA: MIT Press, 1999, :307--326 .
- [66]. U.KreBel. Pairwise Classification and Support Vector Machines[C] .Advances in Kernel Methods-Support Vector Learning. Cambridge ,MA: MIT Press, 1999, :255-268 .
- [67]. Platt,J.,Cristianini,N.,Shawe-Taylor,J.,Solla,S. A.,Leen,T. K.,Müller,K. R. Large Margin DAGs for Multiclass Classification .Advances in Neural Information Processing Systems 12. Cambridge, MA: MIT Press, 2000, :547~553 .
- [68]. Fan Rong-En,Chen Pai-Hsuen,Lin Chih-Jen. Working Set Selection Using Second Order Information for Training Support Vector Machines[J] .Journal of Machine Learning.
- [69]. Emma Hart, Jonathan Timmis. Application Areas of AIS: The Past, The Present and The Future. Applied Soft Computing Volume 8, Issue 1, January 2008.
- [70]. 王健,靳奉祥,史玉峰.模式识别中特征选择与聚类分析. 2002年 第02期.
- [71]. 廖广兰, 史铁林, 姜南, 刘世元. 基于SOM网络的特征选择技术研究. 2005年第02期.
- [72]. 王飒, 郑链. 基于Fisher准则和特征聚类的特征选择. 计算机应用. 2007年第11期.
- [73]. 边肇祺, 张学工等编著. 模式识别(第二版). 北京: 清华大学出版社, 2000.
- [74]. 王碧泉, 陈祖荫. 模式识别理论、方法和应用. 北京: 地震出版社, 1989.
- [75]. Jensen F V.An Introduction to Bayesian Networks[M].New York:Springer,1996.
- [76]. Chickering D M.Learning Bayesian networks is NP/2 complete[A].Learning from Data:AI and Statistics V[M].New York:Springer,1996:121-130.
- [77]. Jon Timmis, Mark Neal.A Resource Limited Artificial Immune System for Data Analysis. Knowledge Based Systems, Vol.14 (3~4), 2001.6.

攻读硕士学位期间公开发表的学术论文

1. 王玉锋, 葛红 “RLAIS 在聚类分析中的应用”. 现代计算机 2009. 3.

致 谢

首先我要诚挚感谢我的导师葛红老师!感谢她三年来对我的谆谆教诲和关怀。本论文在选题、资料查阅、开题、研究和撰写的每一个环节都有葛老师的悉心指导和帮助。同时,感谢她提供给我良好的科研环境和许多难得的锻炼机会。葛老师严谨的治学态度、循循善诱的教学方法和认真的工作作风,深深地影响着我,使我终生受益。

其次,感谢单志龙老师、冯刚老师百忙中抽时间对本文进行仔细审阅并提出了宝贵的意见,使本文更加完善。

再次,感谢我的家人特别是我的父亲,感谢他们给我的生活上和精神上的关怀和鼓励,是他们的支持和关爱让我全身心的投入研究课题当中。

感谢我的女友王跻础,在我完成论文期间在生活上对我的帮助,以及帮助我整理文稿等后续工作。在我焦躁的时候,陪伴着我,以包容的胸怀疏解我的焦虑,使我全身心投入论文的写作当中。

另外,本文的工作借鉴和引用了许多其他作者的研究成果,特向他们表示感谢。本文写作过程中从互联网上获得大量参考资料,在此向资料的提供者表示感谢。

最后,对在百忙之中评审此论文的各位专家教授表示诚挚的谢意!