

面向多目标优化的适应度共享免疫克隆算法

林 浒¹, 彭 勇^{1,2}

(1. 中国科学院 沈阳计算技术研究所, 辽宁 沈阳 110171; 2. 中国科学院研究生院, 北京 100049)

摘要: 多目标优化的目标在于使得解集能够快速的逼近真实Pareto前沿. 针对解的分布性问题, 以免疫克隆算法为框架, 引入适应度共享策略, 提出了一种新的具有良好分布性保持的多目标优化进化算法; 算法建立外部群体以保存非支配解, 以Pareto占优和共享适应度作为外部群体更新与激活抗体选择的双重标准. 为了增强算法对决策空间的开发能力, 引入佳点搜索方法, 在决策空间生成具有均匀散布特征的佳点集. 通过数值实验, 与经典的多种多目标进化算法比较, 新算法得到的解集在收敛性和分布性方面均具有明显的改善.

关键词: 多目标优化; 免疫克隆算法; 适应度共享; 佳点集

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A

Immune clonal algorithm with fitness sharing for multi-objective optimization

LIN Hu¹, PENG Yong^{1,2}

(1. Shenyang Institute of Computing Technology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang Liaoning 110171, China;

2. Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: The purpose of the multi-objective optimization is to quickly find out the Pareto optimal solutions which converge to the ideal Pareto front with a good performance in diversity. Based on the immune clonal theory, this paper introduces the fitness sharing strategy; and then a new multi-objective optimization evolutionary algorithm with good performance in diversity is proposed for maintaining the diversity of solutions. The proposed algorithm employs an external archive to preserve the non-dominated solutions. The principle which includes sharing fitness and Pareto domination is used to update the external archive mentioned above and select the active antibodies for generating offspring. Moreover, for enhancing the search ability in the decision space, this paper introduces the good-point-searching approach which can generate the good-point set with uniform distribution. The proposed algorithm is tested on several multi-objective optimization problems and compared with many classical methods; much better performances in both the convergence and diversity of obtained solutions are observed.

Key words: multi-objective optimization; immune clonal algorithm; fitness sharing; good-point set

1 引言(Introduction)

实际工程应用中很多问题的数学模型可以归结为多目标优化问题(multi-objective optimization problems, MOPs), 所以对其研究具有重要的理论与实际意义. 由于多目标优化问题的各目标之间相互冲突, 所以与单目标优化问题(single objective problems, SOP)只有一个最优解不同, 多目标优化问题的最优解是一个集合(Pareto解集), 这里的Pareto解集对应决策空间(decision space, DS). 作为一种群体搜索方法, 进化算法能够一次求解中得到一个解集, 并且其具有通用性强、不依赖于函数模型等优点, 这使得进化算法非常适合求解多目标优化问题.

1985年, Schaffer提出的基于向量评估的VEGA(vector evaluated genetic algorithm)算法被誉为第一

个真正意义上的进化多目标优化算法^[1]. 虽然VEGA存在着不足, 难以找到位于前沿中间位置的最优解, 但是并不影响其开创进化多目标进化算法的里程碑意义, 随后大量类似算法被提出. 公茂果等^[2]认为多目标进化算法可以归为3代: 第1代进化多目标算法的特点是采用基于Pareto等级的个体选择方法和基于适应度共享机制的种群多样性保持策略, 代表性算法有Fonseca和Fleming提出的MOGA^[3], Srinivas和Deb提出的NSGA^[4], Horn和Nafpliotis提出的NPGA^[5]; 第2代算法以精英保留为特征, 代表性的算法有Zitzler和Thiele提出的SPEA^[6]及其改进版本SPEA2^[7], Knowles和Corne提出的PAES^[8]及其改进版本PESA^[9]和PESA-II^[10], Erickson和Mayer, Horn提出了NPGA2^[11], CoelloCoello和

Pulido提出的Micro-GA^[12], Deb等提出的非常经典的算法NSGA-II^[13]; 第3代算法以多进化范例融合、新型支配机制等为特征, 如粒子群算法^[14]、人工免疫算法^[15]和分布估计算法^[16]等范例被引入到多目标进化算法中与占优等机制^[17], 使得算法的性能更加优越, 更适合处理复杂的多目标优化问题. 目前对进化多目标算法的研究主要集中在新的进化范例与占优机制开发、高维多目标优化与多目标优化测试问题等方面^[12].

进化多目标优化的目标是使群体快速逼近并均匀分布于真实Pareto前沿, 即收敛性、分布性与运行时间3个基本要素^[18]. 目前国内外学者针对性的提出了一些算法^[2, 19], 本文主要针对多目标优化问题中解的收敛性与分布性问题, 以多目标免疫克隆算法为基本框架, 建立一个外部群体保存非支配解, 每代进化过程中得到的非支配解与外部群体中的非支配解合并在一起考察支配关系, 如非支配解的数目大于外部群体容量, 则采用共享适应度决定取舍; 否则全部非支配解进入外部群体. 参与免疫进化的激活抗体根据共享适应度从外部群体中选取. 为了克服决策空间优秀模式发掘不足容易导致的“返祖”现象^[20], 提出一种佳点搜索方法. 最后通过标准测试函数实验给出了提出算法获得的Pareto解集的收敛性与分布性.

2 基本概念(Basic conception)

2.1 多目标优化问题数学定义(Mathematical definition of MOPs)

一般地, 具有 n 个决策变量、 m 个目标变量的多目标优化问题(以最小化问题为例)可以表述为

$$\begin{cases} \min \vec{y} = \vec{F}(\vec{x}) = (f_1(\vec{x}), f_2(\vec{x}), \dots, f_m(\vec{x}))^T, \\ \text{s.t. } g_i(\vec{x}) \leq 0, i = 1, 2, \dots, q, \\ h_j(\vec{x}) = 0, j = 1, 2, \dots, p. \end{cases} \quad (1)$$

其中: $\vec{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)^T \in X \subset \mathbb{R}^n$ 为 n 维决策矢量, X 为 n 维决策空间; $\vec{y} = (y_1, y_2, \dots, y_m) \in Y \subset \mathbb{R}^m$ 为 m 维目标矢量, Y 为 m 维目标空间. $F(x)$ 目标矢量函数定义了 m 个由决策空间到目标空间的映射; $g_i(\vec{x}) \leq 0 (i = 1, 2, \dots, q)$ 定义了 q 个不等式约束, $h_j(\vec{x}) = 0 (j = 1, 2, \dots, p)$ 定义了 p 个等式约束. 关于多目标优化的几个重要定义如下:

定义1 对 $\forall \vec{x} \in X$, 如果 x 满足式(1)中的不等式约束 $g_i(\vec{x}) \leq 0 (i = 1, 2, \dots, q)$ 和等式约束 $h_j(\vec{x}) = 0 (j = 1, 2, \dots, p)$, 则称 x 为可行解.

定义2 由决策空间 X 中的所有可行解 x 组成的集合称为可行解集(记为 X_f), 显然有 $X_f \subseteq X$ 成立.

定义3 若 $\vec{x}_a, \vec{x}_b \in X_f$ (即 $\vec{x}_a$ 与 $\vec{x}_b$ 均为可行解), 那么 $\vec{x}_a$ 支配 $\vec{x}_b$ 当且仅当 $\forall f_i(\vec{x}_a) \leq f_i(\vec{x}_b) (1 \leq i \leq$

$m)$ 且 $\exists f_i(\vec{x}_a) < f_i(\vec{x}_b) (1 \leq i \leq m)$ 成立, 通常记为 $\vec{x}_a \prec \vec{x}_b$.

定义4 对可行解集中的任意 x , 若 x 为Pareto最优, 当且仅当 $\neg \exists \vec{x}^* \in X_f$ 使得 $\vec{x}^* \prec \vec{x}$. 相应地, Pareto最优解集可以定义为

$$P^* \triangleq \{\vec{x} | \neg \exists \vec{x}^* \in X_f : \vec{x}^* \prec \vec{x}\}.$$

定义5 Pareto最优解集 P^* 中所有的解对应的目标矢量组成的曲线(面)称为Pareto前沿, 即

$PF \triangleq \{\vec{F}(\vec{x}) = (f_1(\vec{x}), f_2(\vec{x}), \dots, f_m(\vec{x})) | \vec{x} \in P^*\}$, 显然, Pareto前沿是Pareto最优解集在目标空间中的像.

2.2 免疫克隆选择算法(Artificial immune algorithm)

人工免疫系统是模仿自然免疫系统功能的一种智能方法, 它实现一种受生物免疫系统启发, 通过学习外界物质的自然防御机理的学习技术. 免疫是机体识别和排除抗原性异物, 以维护自身生理平衡和稳定的功能. 这种能够诱导机体免疫响应并能与相应抗体发生特异性反应的物质称为抗原. 在人工免疫系统中, 抗原一般指问题及其约束^[21]. 在多目标优化问题中, 抗原的定义即为式(1).

抗体在免疫应答中起着主要作用, 免疫应答是针对某种特定的“非己”物质即抗原做出的特定反应. 当检测到一个抗原时, 抗体就会识别抗原, 并做出是否将该抗原通过克隆来增值的决定, 这一过程称为克隆选择. 在人工免疫系统中, 抗体一般是指问题的候选解. 规模为 m 的抗体群定义为 $A = \{a_1, a_2, \dots, a_m\}$.

根据Burnet的抗体克隆选择学说, 一个简单的人工免疫系统作用机理如图1所示.

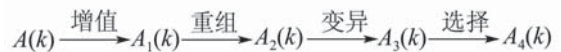


图1 克隆选择算法状态图

Fig. 1 State flow for clonal selection algorithm

下面分别对文章用到的4个克隆操作算子进行说明.

1) 克隆增值算子 T^C .

人工免疫系统中, 对抗体群体 $A = \{a_1, a_2, \dots, a_m\}$ 的克隆增值操作 T^C 可以表示为

$$\begin{aligned} A_1(k) &= T^C(a_1, a_2, \dots, a_{|A|}) = \\ &T^C(a_1) + T^C(a_2) + \dots + T^C(a_{|A|}) = \\ &\{a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{q_1}\} + \{a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{q_2}\} + \\ &\dots + \{a_{|A|}^1, a_{|A|}^2, \dots, a_{|A|}^{q_{|A|}}\}, \end{aligned} \quad (2)$$

其中: q_i 一般取 $\lceil N_c \times \frac{f(a_i)}{\sum f(a_i)} \rceil (i = 1, 2, \dots, m)$,

N_c 是与克隆规模相关的设定值(通常称为克隆比例),指抗体与抗原的亲和度相关的某一度量指标,文章中采用共享适应度(关于共享适应度的介绍见第3节),由此可见对于单一抗体而言,其克隆规模是根据抗体与抗原的亲和度进行自适应调整的.

2) 克隆重组算子 T^R .

设 $C = (c_1, c_2, \dots, c_{|C|})$ 是对 $A = \{a_1, a_2, \dots, a_{|A|}\}$ 经过克隆增值操作以后得到的抗体群,对群体 C 进行重组操作可以表示为

$$\begin{aligned} A_2(k) &= T^R(c_1, c_2, \dots, c_{|C|}) = \\ &T^R(c_1) + T^R(c_2) + \dots + T^R(c_{|C|}) = \\ &\text{recom}(c_1, A) + \text{recom}(c_2, A) + \\ &\dots + \text{recom}(c_{|C|}, A), \end{aligned} \quad (3)$$

这里的 $\text{recom}(c_i, A)$ 表示抗体 c_i 与选自群体 A 中的一随机抗体进行运算,具体算子定义为模拟二进制交叉SBX操作,具体过程可参考文献[22].

3) 克隆变异算子 T^M .

设 $R = (r_1, r_2, \dots, r_{|R|})$ 是对 $C = (c_1, c_2, \dots, c_{|C|})$ 经过重组操作以后得到的抗体群,对群体 R 进行变异操作可以表示为:

$$\begin{aligned} A_3(k) &= T^M(r_1, r_2, \dots, r_{|R|}) = \\ &T^M(r_1) + T^M(r_2) + \dots + T^M(r_{|R|}) = \\ &\text{mutate}(r_1) + \text{mutate}(r_2) + \\ &\dots + \text{mutate}(r_{|R|}), \end{aligned} \quad (4)$$

这里的 $\text{mutate}(r_i)$ 表示对抗体 r_i 进行变异操作,具体过程可参考文献[21].

(4) 克隆选择算子 T^S .

设 $S = (s_1, s_2, \dots, s_{|S|})$ 是对 $R = (r_1, r_2, \dots, r_{|R|})$ 进行变异后得到的抗体群,对群体 S 进行选择操作可以表示为

$$\begin{aligned} A_4(k) &= T^S(s_1, s_2, \dots, s_{|S|}) = \\ &s_1^* + s_2^* + \dots + s_n^*. \end{aligned} \quad (5)$$

文章中, n 为根据多目标优化中定义的Pareto-最优确定的非支配抗体的个数, $s_i^*(i = 1, 2, \dots, n)$ 即为非支配抗体.设用以保存非支配抗体的外部群体规模为 m ,若 $n \leq m$,则保留 $A_4(k)$;如果 $n > m$,则再进行第二次选择,选择的标准是这 n 个抗体在目标空间的拥挤程度,也就是根据共享适应度来删除比较密集的个体,直到最后保留 m 个抗体为止,即

$$\begin{aligned} A_4^*(k) &= T^S(s_1^*, s_2^*, \dots, s_n^*) = \\ &s_1^{**} + s_2^{**} + \dots + s_m^{**}. \end{aligned} \quad (6)$$

3 表现型适应度共享策略(Phenotype fitness sharing strategy)

适应度共享策略最先由Goldberg和Richardson提

出^[23],作为小生境实现方法的一种,目的在于提高解的分布性.从自然启发的观点来看,当众多的生物聚集在有限的资源空间内,由于资源的争夺,其个体的生存期望都将减小.类似的,在群体分布性变差而进化效率降低时,将抗体的适应度按下式进行调整:

$$f_i^* = f_i / \sum_{j=1}^n \text{sharing}(d_{ij}), \quad (7)$$

其中: f_i 为修正前抗体与抗原的亲和度, n 为抗体群的数目, d_{ij} 为抗体 i 与 j 之间的距离度量,共享函数 $\text{sharing}(\cdot)$ 函数定义如下:

$$\text{sharing}(d_{ij}) = \begin{cases} 1 - d_{ij}/\sigma_{\text{share}}, & d_{ij} < \sigma_{\text{share}}, \\ 0, & \text{其他}, \end{cases} \quad (8)$$

其中 σ_{share} 为共享参数,即抗体彼此之间保持距离的期望值.

对于抗体之间的距离度量方法有两种:基因型与表现型,即在决策空间或目标空间度量,其关系如图2所示. Deb和Goldberg指出表现型适应度共享策略要优于基因型适应度共享策略^[24].所以这里并不直接度量抗体 i 和抗体 j 之间距离,而是抗体 i 和抗体 j 对应的亲和度之间欧式距离,也就是将抗体 i 和 j 对应的目标空间距离作为度量.

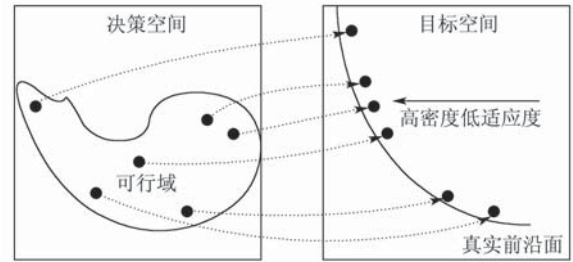


图2 可行解从决策空间到目标空间映射

Fig. 2 Graphical representation of solutions in the variable space mapped over the objective space

4 决策空间佳点搜索方法(Good point search in decision space)

用给定的 n 个点的函数值构成的任何加权和近似计算函数在 S 维欧式空间单位超立方体 G_s 上的积分时,取 n 个佳点所得的误差最小,即 $E_n = \mu - Q_n$,这里

$$\begin{aligned} \mu &= \int_{x \in G_s} f(x) dx, \quad Q_n = \sum \frac{f(p_n(i))}{n}, \\ p_n(i), i &= 1, 2, \dots, n \end{aligned}$$

是一个含 n 个点的佳点集.也就是说,在相同取点个数的情况下,佳点序列比其他任何方法选取的点更均匀,更接近被积曲线.如果将 G_s 上的佳点映射到解空间,便得到一种很好的均匀取点方法.不仅如此,佳点集的构造与空间维数无关,克服了正交表设计法的不足,也为高维近似计算提供了一种非常好的

方法.

有关佳点集的基本定义和性质可参考文献[25]. 下面给出在 S 维欧式空间 H 中取含 N 个点的佳点集:

$$p_N(i) = \{(\{r_1 \times i\}, \{r_2 \times i\}, \dots, \{r_s \times i\}), \\ i = 1, 2, \dots, N\},$$

其中:

$$r_k = \{2 \cos \frac{2\pi k}{p}\} (1 \leq k \leq s),$$

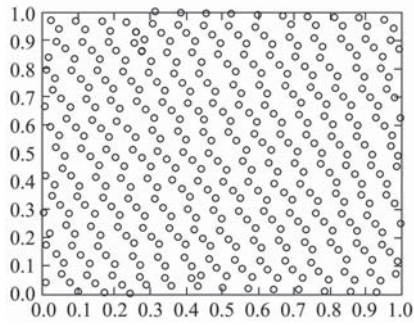


图3 二维空间佳点取点法与随机取点法比较

Fig. 3 Comparison of distribution between 400 good points and 400 random points in 2-dimensional space

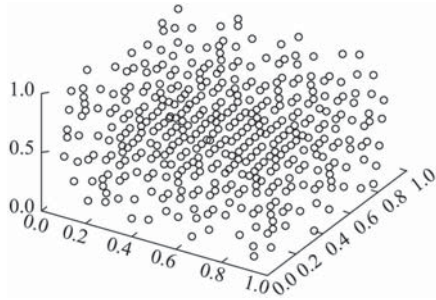


图4 三维空间佳点取点法与随机取点法比较

Fig. 4 Comparison of distribution between 400 good points and 400 random points in 3-dimensional space

类似于文献[19]采用超拉丁方采样的做法, 将佳点搜索所得的抗体并入免疫算法主体迭代循环中, 此方法可理解为对主体算法局部搜索能力的补充.

5 适应度共享免疫克隆算法(Immune clonal algorithm with fitness sharing)

5.1 算法描述(Algorithm description)

适应度共享免疫克隆算法(immune clonal algorithm with fitness sharing, ICA-FS)采用外部群体保存得到的非支配抗体, 在迭代过程中只选择部分共享适应度较高的非支配抗体(称为激活抗体)进行免疫操作. t 代外部群体含有的非支配抗体群记为 E_t , 激活抗体群记为 A_t , 经过免疫克隆后的抗体群记为 C_t .

Step 1 初始化参数. 迭代最大代数 $G_{\max}$, 外部非支配抗体群体规模 N_e , 激活抗体规模(参与克隆增值的抗体规模) N_a , 克隆群体规模 N_c ;

p 是满足 $(p-3)/2 \geq s$ 的最小素数, $\{a\}$ 表示 a 的小数部分. 当 $a_k^i (k=1, 2, \dots, s, i=1, 2, \dots, N)$ 为实数编码时, 取

$$a_k^i = \alpha_k + \{r_k \times i\} \times (\beta_k - \alpha_k), \alpha_k \leq a_k^i \leq \beta_k.$$

图3和图4分别给出二维和三维空间随机取点法与佳点取点法效果对比(规模为400). 可以看出, 佳点法取点非常均匀, 可以获得 C^S 上具有低偏差的点集, 这种均匀性对于优秀模式的发掘是有帮助的[25].

Step 2 初始化. 随机生成规模为 N_e 的初始抗体群 POP_0 , 设定迭代次数 $t=0$, 初始时 $E_t = \emptyset$, $A_t = \emptyset$, $C_t = \emptyset$;

Step 3 更新外部非支配抗体群. 找出抗体群 POP_t 中的非支配抗体集, 记为 TE_{t+1} ; 利用 TE_{t+1} 结合适应度共享策略更新外部非支配抗体群得到 E_{t+1} , 具体更新策略见5.2节;

Step 4 终止条件判断. 如果 $t \geq G_{\max}$, 输出外部群体中的非支配抗体群作为最终的Pareto最优解集, 算法终止; 否则, 更新 $t = t + 1$;

Step 5 激活抗体选择. 如果 $|E_t| \leq N_a$, 则 $A_t = E_t$, 即所有外部群体中的非支配抗体均作为激活抗体参与免疫操作; 如果 $|E_t| > N_a$, 则计算外部群体中每个非支配抗体的共享适应度, 选择共享适应度高的 N_a 个非支配抗体作为激活抗体参与免疫操作;

Step 6 克隆增值. 对 A_t 进行克隆增值操作, 得

到抗体集 C_t ;

Step 7 克隆重组与变异. 对抗体群 C_t 进行2.2节所述的重组与变异操作得到抗体群 C_t^* ;

Step 8 佳点搜索开发决策空间. 利用佳点集构造方法产生规模为 N_e 的抗体群 D_t ;

Step 9 合并抗体群 C_t^* 与 D_t 组成 POP_t . 转Step 3.

从算法中可以看出, 表现型适应度共享策略在以下2种情形下作为抗体取舍的评判指标: 一是当非支配抗体的规模大于 N_e , 即 $TE_{t+1} > N_e$ 时, 选择哪些非支配抗体被淘汰; 二是当外部群体中非支配个体的数目大于激活抗体的规模时, 即 $|E_t| > N_a$ 时, 选择哪些抗体作为激活抗体参与免疫克隆操作. 在这两种情形下, 具有高共享适应度的个体将胜出, 也就是说, 具有低邻域密度的个体将被选中存入外部非支配群体, 并作为激活抗体参与免疫克隆操作. 实际上, 作为一种分布性控制策略, 共享适应度引导着Pareto解集趋于均匀分布.

相对于大多数MOEA算法把研究重点放在目标空间的现状, 佳点搜索方法将关注决策空间优秀模式的发掘, 力求解决群体中已经接近PS的解又远离PS的“退化”现象^[19].

5.2 外部群体更新策略(Updating strategy of external archive)

外部非支配抗体群是用来存储得到的非支配解, 并提供激活抗体选择源从而引导亲和度成熟免疫操作. 外部群体更新的标准是解之间的相互支配关系与共享适应度大小, 对每个待进入外部群体的非支配抗体 Ab , 将会遇到以下3种情况: 1) 外部群体规模为0; 2) 外部群体规模介于0和 N_e 之间(未满足非空); 3) 外部群体规模为 N_e (已满). 更新方法描述如下:

For each antibody Ab in TE_{t+1}

Switch(condition)//判断所属情况

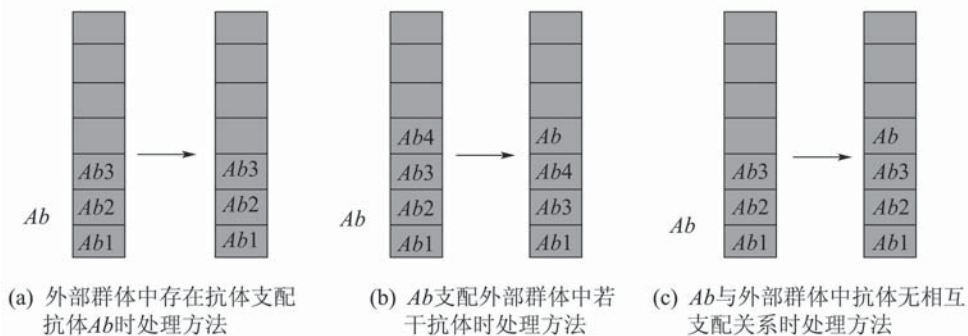


图6 外部群体非空且非满时 Ab 处理方法

Fig. 6 Approach to handle when external archive is non-empty and non-full

Case 1: //情况1

抗体 Ab 直接进入外部群体; //图5

Case 2: //情况2

If 外部群体中存在抗体支配 Ab

舍弃 Ab ; //图6(a)

Else if Ab 支配外部群体中若干抗体
插入 Ab 并舍弃被 Ab 支配的抗体; //图6(b)

Elseif Ab 与外部群体中抗体无支配关系, 插入 Ab ; //如图6(c)

End

Case 3: //情况3

If 抗体 Ab 被外部群体中任一抗体支配
舍弃抗体 Ab ; //图7(a)

Elseif 抗体 Ab 支配外部群体中若干抗体, 插入 Ab 并舍弃被 Ab 支配的抗体; //图7(b)

Elseif Ab 与外部群体中抗体无支配关系, 计算 Ab 与外部群体中抗体对应的共享适应度, 取值大的前 N_e 个抗体进入并舍弃其余的抗体; //图7(c)

End

End

End

End

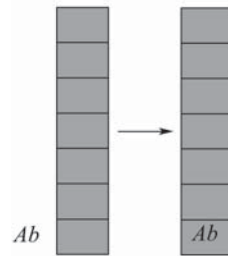


图5 外部群体为空时 Ab 处理方法

Fig. 5 Approach to handle Ab when external archive is empty

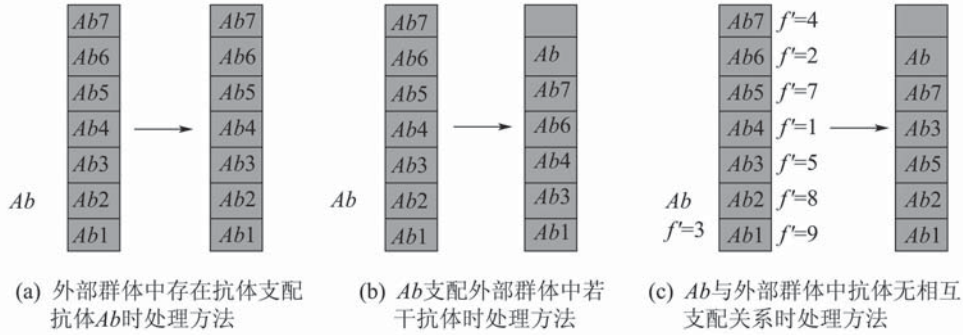


图7 外部群体已满时Ab处理方法

Fig. 7 Approach to handle when external archive is full

5.3 算法复杂性分析(Computational complexity of the proposed algorithm)

根据算法流程, 进行计算复杂度分析如下(M 表示求解问题的目标个数).

Step 3中, 算法从 POP_t (POP_t 由3部分组成, 分别为规模为 N_e 的外部群体、规模为 N_c 的克隆群体和规模为 N_e 的佳点群体)中鉴别出非支配抗体的时间复杂度为 $O(M(N_e + N_c + N_e)^2)$, 考虑最坏的情况, 若 POP_t 中全部为非支配个体, 则更新外部群体 E_t 进行的适应度共享计算复杂度亦为 $O((N_e + N_c + N_e)^2)$; Step 5中进行激活抗体选择, 计算复杂度为 $O(N_e^2)$; Step 6和Step 7中的克隆增值、重组变异的计算复杂度均为 $O(N_c)$; Step 8中的佳点操作计算复杂度为 $O(N_e)$.

所以, 算法总的计算复杂度为 $O(M(N_c + 2N_e)^2)$, 另算法需开辟 N_e 的空间作为外部群体存储非支配抗体.

目前主流的进化多目标优化算法中, NSGA-II算法采用了新的基于分级的快速非支配解排序方法将计算复杂度由 $O(MN^3)$ 降为 $O(MN^2)$ (M 表示求解问题的目标个数, N 表示群体中个体数目, 其中用于拥挤距离计算的时间复杂度为 $O(M(2N)\log(2N))$); SPEA算法时间复杂度为 $O(MN^3)$, SPEA2作为其改进版本, 在适应度分配策略、个体分布性的评估方法以及非支配解集的更新3个方面进行了改进, 但是其计算复杂度仍为种群的立方; PAES算法引入了经典的空间超格机制来维持群体的多样性, 其时间复杂度为 $O(\alpha MN)$ (α 为档案长度), 陆续提出了基于个体选择与拥挤系数更新策略的PESA算法, 基于网格选择的PESA-II算法.

6 实验设计与结果分析(Experiment designs and results)

6.1 测试函数(Test functions)

为验证提出算法的有效性, 使用标准测试函数

KUR, ZDT1, ZDT2, DTLZ1与DTLZ2进行收敛性和分布性实验, 函数的具体定义及其理想Pareto前沿面可参考文献[2]. KUR问题的决策变量为3个, 目标维数为2, 不可扩展; ZDT1和ZDT2有30个决策变量, 目标维数为2; DTLZ1和DTLZ2的决策变量和目标维数可以扩展到任意数目, 在后面的实验中对DTLZ1取 $k=3$, $|\vec{x}_k|=5$, 对DTLZ2取 $k=3$, $|\vec{x}_k|=10$.

6.2 参数设置(Parameter setting)

为了检验所提出的算法ICA-FS在收敛性与分布性方面的有效性, 将其与经典的算法NSGA-II^[13], PESA-II^[10], SPEA2^[7]进行比较. NSGA-II采用了非支配排序与精英保留策略, 速度较快; PESA-II采用了网格技术来控制解的分布性; SPEA2是对SPEA的改进, 在适应度分配策略、个体分布性的评估方法以及非支配解集的更新3个方面进行了改进. 实验中各算法均使用模拟二进制交叉与多项式变异^[22]. 通用参数设置如表1所示.

表1 实验算法参数设置

Table 1 Parameter setting for experimental algorithms

Parameter	ICA-FS	PESA-II	NSGA-II	SPEA2
P_c	1	0.8	0.8	0.8
交叉参数	15	15	15	15
P_m	$1/n$	$1/n$	$1/n$	$1/n$
变异参数	20	20	20	20

与测试函数和算法相关的参数设置如下: 对KUR, ZDT1和ZDT2问题, 算法NSGA-II群体规模为100; PESA-II的内外群体规模均设置为100, 空间网格每维目标被划分的数目为10; SPEA2内部进化群体和外部集合大小均为100; 本文算法ICA-FS进化群体规模为100, 外部群体规模为100, 激活

抗体规模20, 克隆规模为100, 共享参数 σ_{share} 设置为0.1. 对DTLZ1, DTLZ2问题, 算法NSGA-II群体规模为200; PESA-II的内外群体规模均设置为200, 空间网格每维目标被划分的数目为5, NSGA-II群体规模为200, SPEA2内部进化群体和外部集合大小均为200; 本文算法ICA-FS进化群体规模为200, 外部群体规模为200, 激活抗体规模是20, 克隆规模为100, 共享参数 σ_{share} 设置为0.05.

迭代的最大值 G_{max} 统一设置为500, 这样对KUR, DTZ1和DZT2问题, 测试函数评估次数达到50000次; 对DTLZ1, DTLZ2问题, 测试函数评估次数达到100000次.

6.3 评价指标(Evaluation index)

为了同时评估解得收敛性和分布的均匀性, 采用Deb等人提出的convergence metric^[26]和Schott提出的spacing^[27]指标, 定义分别如下:

收敛性指标(convergence metric): 令 $P^* = (p_1, p_2, \dots, p_{|P^*|})$ 为理想Pareto前沿面上的均匀分布的Pareto最优解集合, $A = (a_1, a_2, \dots, a_{|A|})$ 是算法获得的近似Pareto最优解集. 对于集合 A 中的每个解 a_i , 可以通过下式求得该解距离 P^* 的最小归一化欧式距离:

$$d_i = \min_{j=1}^{|P^*|} \sqrt{\sum_{m=1}^k \left(\frac{f_m(a_i) - f_m(p_j)}{f_m^{\max} - f_m^{\min}} \right)^2}, \quad (9)$$

其中: $f_m^{\max}$ 和 $f_m^{\min}$ 是参考集合 P^* 中第 m 个目标函数的最大值和最小值. 收敛性度量可以定义为集合 A 中所有点的归一化距离的平均值, 即

$$C(A) = \sum_{i=1}^{|A|} d_i / |A|. \quad (10)$$

收敛性指标代表算法得到的近似Pareto最优解集合理想Pareto前沿面的距离. 因此该指标值越低表明算法得到的解的收敛性越好, 越接近理想Pareto前沿.

分布性指标(spacing metric): 令 A 是算法得到的近似Pareto最优解集合. 分布性指标 S 定义为

$$S = \sqrt{\frac{1}{|A| - 1} \sum_{i=1}^{|A|} (\bar{d} - d_i)^2}, \quad (11)$$

其中: $d_i = \min_j \{ \sum_{m=1}^k |f_m(a_i) - f_m(a_j)| \}$, $a_i, a_j \in A$, $i, j = 1, 2, \dots, |A| \wedge j \neq i$.

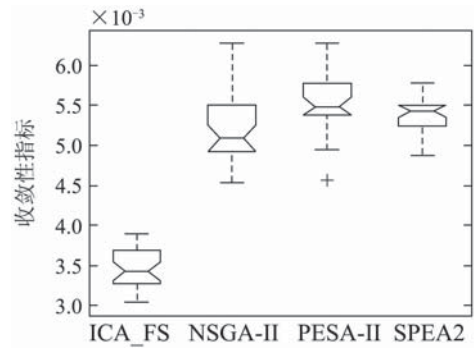
6.4 实验结果与分析(Experimental results)

下面利用KUR, ZDT1, ZDT2, DTLZ1与DTLZ2

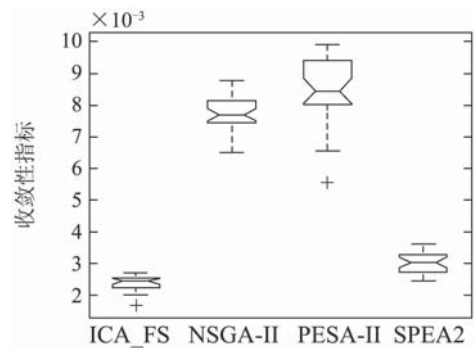
等5个标准测试函数对算法NSGA-II, PESA-II, SPEA2与ICA-FS进行性能测试. 对于进化多目标优化算法, 很难给出明确的算法终止准则, 所以这里设定: 对于KUR, ZDT1, ZDT2函数评价次数达到50000时停止, 对于DTLZ1与DTLZ2函数评价次数达到100000时停止.

由于算法单次运行结果具有一定的随机性, 所以实验中将4个算法独立运行30次. 以得到的Pareto解集收敛性和分布性为算法性能考查指标, 借助统计盒图这一经济学统计分析工具给出了各算法多次运行结果的统计特性.

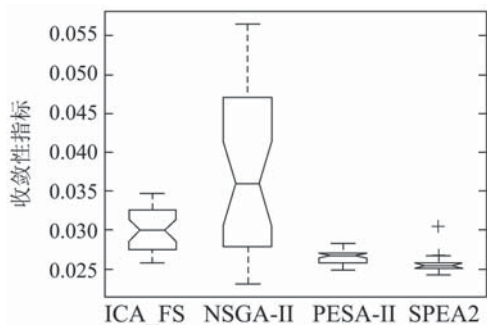
图8和图9分别给出了算法对测试问题得到的Pareto解集收敛性指标和分布性指标对比情况(因为KUR函数的理想Pareto前沿面数学定义不清楚, 所以下面的实验没有计算KUR问题的收敛性).



(a) ZDT1



(b) ZDT2



(c) DTLZ1

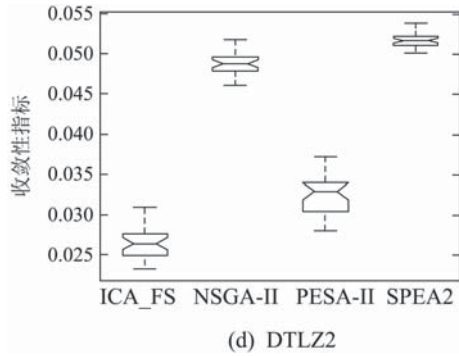


图8 4种算法的收敛性指标对比

Fig. 8 Box plots of the convergence metric obtained by ICA-FS, NSGA-II, PESA-II and SPEA2

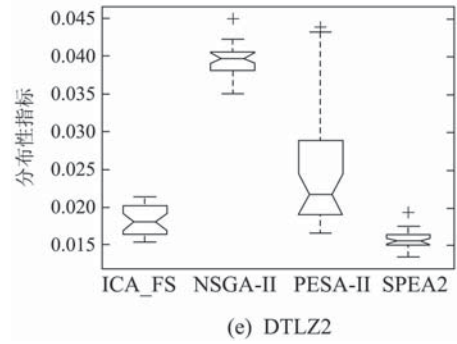
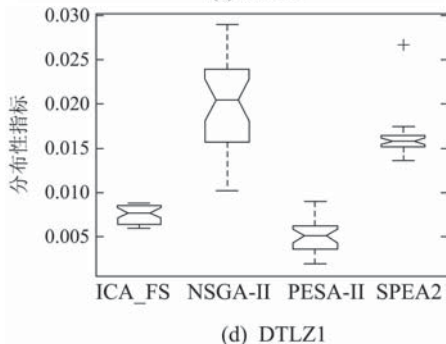
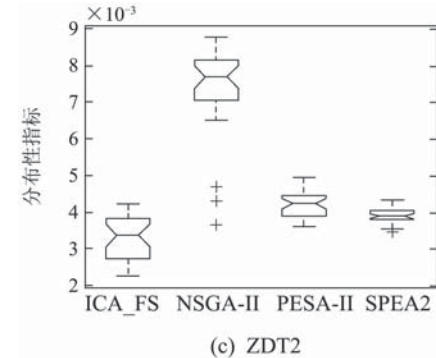
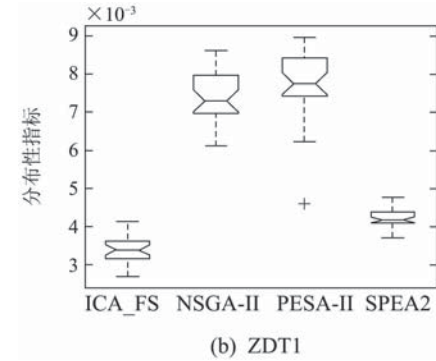
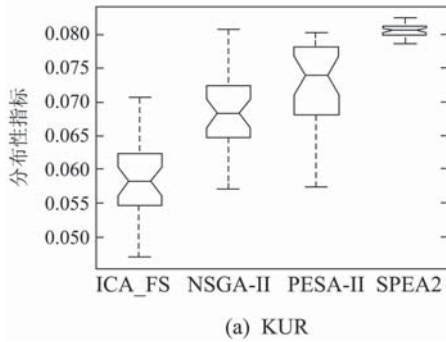


图9 4种算法的分布性指标对比

Fig. 9 Box plots of the spacing metric obtained by ICA-FS, NSGA-II, PESA-II and SPEA2



从数据的统计分布情况可以看出, 对于ZDT1, ZDT2和DTLZ2问题, 所提算法ICA-FS在收敛性方面优于其他3种算法且优势较为明显, 表明算法得到的Pareto解集可以较好的收敛到理想Pareto前沿; 对于含有 $11^{|x_k|} - 1$ 个局部最优面的DTLZ1问题, 搜索难度较大, ICA-FS性能稍差于PESA-II与SPEA2.

对于KUR, ZDT1与ZDT2问题, 所提算法ICA-FS在所得Pareto解集分布性方面优于其他3种算法; 对于DTLZ1, ICA-FS算法的性能稍差于PESA-II算法, PESA-II使用空间超格机制来删减非支配解, 而这种超格大小的选取将直接影响算法的性能; 对DTLZ2问题, ICA-FS算法的性能稍差于SPEA2算法, 但是SPEA2算法的环境选择的计算复杂度为 $O(N^3)$ (其中 N 是非支配解的数目), 而ICA-FS的分布性控制策略时间复杂度为 $O(N^2)$ (其中 N 是非支配解的数目, 最大值为 $N_c + 2N_e$).

对于所有的5个测试问题, 所提算法ICA-FS在稳定性方面都表现的非常好, 从统计盒图上可以看出, 算法得到的Pareto解集方差较小, 能够比较稳定的收敛到较满意的前沿且拥有较好的分布性.

7 结论(Conclusion)

文章针对多目标优化问题, 以人工免疫算法为基本框架, 引入了适应度共享策略控制解集的分布性, 采用佳点法对决策空间进行搜索, 提出了一种性能良好的适应度共享免疫克隆算法. 通过5个典型的测试问题实验, 表明该算法能够在兼顾解集的收敛性指标与分布性指标, 即得到的Pareto解集具有良好的分布性与收敛精度; 统计实验表明算法还具有非常稳定的特点.

针对文中提出的算法, 以下几点需进一步研究:

1) 针对共享参数 σ_{share} 的选取问题, 目前的文献中涉及此类问题, 大多是给出的经验数据, 本文也是在实验基础上得到较为优化的值作为实验参数, 关于解的分布性随 σ_{share} 的变化规律值得进一

步考查;

2) 针对表现性适应度共享问题,有人提出了对不同的目标使用不同的共享参数^[28],即 σ_{share} 的维数随目标维数而定,不同于本文对 σ_{share} 的统一设置,究竟哪一种设置更为优化尚待进一步研究;

3) 虽然佳点散布特征良好,但是佳点的位置随着变量维数和域的确定而确定,所以佳点集的构造不同于统计意义下的抽样,因此如何寻找一种散布性良好又可以自适应变化的搜索方法值得期待.

参考文献(References):

- [1] SCHAFFER J D. Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms[C] // *Proceedings of the 1st International Conference on Genetic Algorithms*. Hillsdale: Lawrence Erlbaum Associates, 1985: 93 – 100.
- [2] 公茂果, 焦李成, 杨咚咚, 等. 进化多目标优化算法研究[J]. 软件学报, 2009, 20(2): 271 – 289.
(GONG Maoguo, JIAO Licheng, YANG Dongdong, et al. Evolutionary multi-objective optimization algorithms[J]. *Journal of Software*, 2009, 20(2): 271 – 289.)
- [3] FONSECA C M, FLEMING P J. Genetic algorithm for multi-objective optimization: formulation, discussion and generation[C] // *Proceedings of the 5th International Conference on Genetic Algorithms*. San Mateo: Morgan Kaufmann Publishers, 1993: 416 – 423.
- [4] SRINIVAS N, DEB K. Multi-objective optimization using non-dominated sorting in genetic algorithms[J]. *Evolutionary Computation*, 1994, 2(3): 221 – 248.
- [5] HORN J, NAFPLIOTIS N, GOLDBERG D E. A niched Pareto genetic algorithm for multi-objective optimization[C] // *Proceedings of the 1st IEEE Congress on Evolutionary Computation*. Piscataway: IEEE, 1994: 82 – 87.
- [6] ZITZLER E, THIELE L. Multi-objective evolutionary algorithms: a comparative case study and strength Pareto approach[J]. *IEEE Transaction on Evolutionary Computation*, 1999, 3(4): 257 – 271.
- [7] ZITZLER E, LAUMANN M, THIELE L. *SPEA2: improving the strength Pareto evolutionary algorithm*[R]. Swiss: Swiss Federal Institute of Technology (ETH) Zurich, 2001.
- [8] KNOWLES J D, CORNE D W. Approximating the non-dominated front using the Pareto archived evolution strategy[J]. *Evolutionary Computation*, 2000, 8(2): 149 – 172.
- [9] CORNE D W, KNOWLES J D, OATES M J. The Pareto-envelope based selection algorithm for multi-objective optimization[C] // *Proceedings of the 6th International Conference on Parallel Problem Solving Nature*. Berlin: Springer, 2000: 869 – 878.
- [10] CORNE D W, JERRAM N R, KNOWLES J D, et al. PESA-II: region-based selection in evolutionary multi-objective optimization[C] // *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*. San Francisco, California: Morgan Kaufmann Publishers, 2001: 283 – 290.
- [11] ERICKSON M, MAYER A, HORN J. The niched Pareto genetic algorithm 2 applied to the design of groundwater remediation system[C] // *Proceedings of the 1st International Conference on Evolutionary Multi-Criterion Optimization*. Berlin: Springer-Verlag, 2001: 681 – 695.
- [12] COELLO C C A, PULIDO G T. A micro-genetic algorithm for multiobjective optimization[C] // *Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*. Berlin: Springer-Verlag, 2001: 274 – 282.
- [13] DEB K, PRATAP A, AGARWAL S, et al. A fast and elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II[J]. *IEEE Transaction on Evolutionary Computation*, 2002, 6(2): 182 – 197.
- [14] COELLO C C A, PULIDO G T, LECHUGA M S. Handling multiple objectives with particle swarm optimization[J]. *IEEE Transaction on Evolutionary Computation*, 2004, 8(3): 256 – 279.
- [15] GONG M G, JIAO L C, DU H F, et al. Multi-objective immune algorithm with non-dominated neighbor-based selection[J]. *Evolutionary Computation*, 2008, 16(2): 225 – 255.
- [16] ZHANG Q F, ZHOU A M, JIN Y C. RM-MEDA: a regularity model based multi-objective estimation of distribution algorithm[J]. *IEEE Transaction on Evolutionary Computation*, 2008, 12(1): 41 – 63.
- [17] HERNANDEZ DIAZ A G, SANTANAQUINTERO L V, COELLO COELLO C A, et al. Pareto-adaptive ϵ -dominance[J]. *Evolutionary Computation*, 2007, 14(4): 493 – 517.
- [18] DEB K, MOHAN M, MISHRA S. Evaluating the-domination based multi-objective evolutionary algorithm for a quick computation of Pareto-optimal solutions[J]. *Evolutionary Computation*, 2005, 13(4): 501 – 525.
- [19] 李密青, 郑金华, 伍军. 一种新的分布性保持方法[J]. 控制理论与应用, 2009, 26(8): 843 – 849.
(LI Miqing, ZHENG Jinhua, WU Jun. A novel method for maintaining the diversity in evolutionary multi-objective optimization[J]. *Control Theory & Applications*, 2009, 26(8): 843 – 849.)
- [20] 郑金华, 罗彪. 一种基于拉丁超立方体抽样的多目标进化算法[J]. 模式识别与人工智能, 2009, 22(2): 223 – 233.
(ZHENG Jinhua, LUO Biao. A Latin hypercube sampling based multi-objective evolutionary algorithm[J]. *Pattern Recognition and Artificial Intelligence*. 2009, 22(2): 223 – 233.)
- [21] DE CASTRO L N, VON ZUBEN F J. Learning and optimization using the clonal selection principle[J]. *IEEE Transaction on Evolutionary Computation*, 2002, 6(3): 239 – 251.
- [22] DEB K, BEYER H G. Self-adaptive genetic algorithms with simulated binary crossover[J]. *Evolutionary Computation*, 2001, 9(2): 197 – 221.
- [23] GOLDBERG D E, RICHARDSON J. Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization[C] // *Proceedings of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms*. Hillsdale: L. Lawrence Erlbaum Associates, 1987: 41 – 49.
- [24] DEB K, GOLDBERG D E. An investigation of niche and species formation in genetic function optimization[C] // *Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms*. San Francisco, California: Morgan Kaufmann Publishers, 1989: 42 – 50.
- [25] LIN H, PENG Y. Evaluation of cylindricity error based on an improved GA with uniform initial population[C] // *Proceedings of 2009 IITA International Conference on Automation, Systems and Engineering*. Los Alamitos: IEEE Computer Society, 2009: 311 – 314.
- [26] DEB K, JAIN S. Running performance metrics for evolutionary multi-objective optimization[R]. Kanpur: India Institute of Technology Kanpur, 2002.
- [27] SCHOTT J R. *Fault tolerant design using single and multi-criteria genetic algorithm optimization*[D]. Doctoral Dissertation, Cambridge: Massachusetts Institute of Technology, 1995.
- [28] 黄敏, 陈国龙, 郭文忠. 基于表现型共享的多目标粒子群算法研究[J]. 福州大学学报(自然科学版), 2007, 35(3): 365 – 369.
(HUANG Min, CHEN Guolong, GUO Wenzhong. Multi-objective particle swarm optimization research based on phenotype sharing[J]. *Journal of Fuzhou University (Natural Science Edition)*, 2007, 35(3): 365 – 369.)

作者简介:

林 浒 (1955—), 男, 研究员, 博士生导师, 研究方向为智能控制与数控技术等, E-mail: linhu@sict.ac.cn;

彭 勇 (1985—), 男, 硕士研究生, 研究方向为计算智能与智能信息处理, E-mail: pengyong@mail.ustc.edu.cn, 通讯作者.