

基于合作模型的协同免疫多目标优化算法

戚玉涛^{1,2}, 刘芳^{1,2}, 任元¹, 刘静乐¹, 焦李成²

(1. 西安电子科技大学计算机学院, 陕西西安 710071; 2. 西安电子科技大学智能感知与图像理解教育部重点实验室, 陕西西安 710071)

摘要: 本文针对多目标优化问题 Pareto 最优解集合(PS)的分布特点, 构造了一种基于新的子任务划分方法的合作型协同进化模型, 并将该模型引入人工免疫系统中, 提出了一种基于合作模型的协同免疫多目标优化算法(A Cooperative Immune Coevolutionary Algorithm for Multiobjective Optimization, CICAMO). CICAMO 算法运用 Tchebycheff 分解方法进行子种群划分, 然后对各个子种群建立线性概率统计模型分段逼近整个 PS, 在抗体繁殖上结合了克隆选择和模型采样两种方式. 实验结果表明, CICAMO 算法在求解质量和收敛速度上均表现良好, 尤其对于决策变量非线性相关的多目标优化问题, 性能尤为突出.

关键词: 多目标优化; 人工免疫算法; 协同进化

中图分类号: TP301

文献标识码: A

文章编号: 0372-2112 (2014)05-0858-10

电子学报 URL: <http://www.ejournal.org.cn>

DOI: 10.3969/j.issn.0372-2112.2014.05.005

A Cooperative Immune Coevolutionary Algorithm for Multi-Objective Optimization

QI Yu-tao^{1,2}, LIU Fang^{1,2}, REN Yuan¹, LIU Jing-le¹, JIAO Li-cheng²

(1. School of Computer Science and Technology, Xidian University, Xi'an, Shaanxi 710071, China; 2. Institute of Intelligent Information Processing and Key Laboratory of Intelligent Perception and Image Understanding of Ministry of Education, Xidian University, Xi'an, Shaanxi 710071, China)

Abstract: According to the distribution characteristics of the Pareto set (PS) of multi-objective optimization problems (MOPs), a cooperative coevolutionary model with new problem decomposition method was designed. By introducing the proposed coevolutionary model into artificial immune system, a cooperative immune coevolutionary algorithm for multi-objective optimization (CICAMO) was proposed. In CICAMO, the Tchebycheff decomposition method is employed to divide sub-populations at first, and then linear probabilistic models are built for each sub-population to piecewise approximate the distribution of the whole PS. In antibody reproducing step, two types of approaches based on clonal selection and model sampling are employed. Experimental results indicate that CICAMO can achieve a good performance in terms of both solution quality and convergence rate, especially when solving MOPs with non-linear relationship between decision variables.

Key words: multi-objective optimization; artificial immune algorithm; co-evolutionary algorithm

1 引言

在实际工程应用中,普遍存在着需要同时优化两个或两个以上目标的多目标优化问题(Multi-objective Optimization Problem, MOP). MOP的优化目标之间往往是相互冲突的,因此不存在一个解能使所有目标同时达到最优.多目标优化算法的目的是获得一组具有代表性的 Pareto 最优解的集合(Pareto Set, PS),使得这些 Pareto 最

优解在目标空间 Pareto 前端(Pareto Front, PF)上的分布具有尽可能好的逼近性、宽广性和均匀性^[1].

由于能够在一次运行后获得一组 Pareto 最优解,进化多目标优化(Evolutionary Multi-objective Optimization, EMO)算法受到越来越多研究者的关注,并在工程应用中发挥着越来越重要的作用^[2].基于达尔文主义的进化算法模拟了单个物种内部的生存竞争机制.在进化算法中,适者生存的自然淘汰是种群进化的动力.然而在

收稿日期:2012-12-13;修回日期:2013-04-22;责任编辑:孙瑶

基金项目: 国家教育部博士点基金(No. 20090203120016, No. 20100203120008); 中国博士后科学基金(No. 20090461283, No. 20090451369, No. 201104658); 陕西省自然科学基金研究计划(No. 2011JQ8010); 中央高校基本科研业务费专项资金(No. K5051203007, No. K5051203002, No. K5051302023); 国家自然科学基金(No. 61272279); 新世纪支持计划(No. NCET-12-0920); 国家重点基础研究发展计划(No. 2013CB329402); 高等学校学科创新引智计划(No. B07048); 教育部长江学者和创新团队发展计划(No. IRT1170)

自然界中,不同物种之间的捕食、共生、寄生等协同进化机制同样影响着物种的进化.目前,协同进化机制已经被成功引入进化算法之中,基于竞争模型和合作模型的协同进化算法在单目标优化问题的求解中取得了巨大的成功^[3,4].近年来,协同进化机制也逐渐被引入 EMO 算法的研究领域^[5,6].

竞争模型与合作模型是协同进化多目标优化算法 (Co-evolutionary Multi-objective Optimization Algorithm, CMOA) 中的两种重要模型.基于竞争模型的 CMOA 将种群划分为两个或多个相互竞争的子种群,一个子种群中个体的优劣程度由该个体与另一种群中个体的竞争结果决定.力求在竞争中获胜是该模型中种群进化的动力.与竞争模型不同,现有基于合作模型的 CMOA 主要采用了分而治之的思想.单个种群只负责优化决策变量的一部分,所有种群共同合作完成优化任务. Iorio^[7] 和 Maneeratana^[8] 分别把非支配排序和精英保留机制引入合作型协同进化多目标优化算法,获得了良好的性能. Tan 等^[9] 提出了一种分布式的合作型协同进化算法 (DCCEA), 该算法采用了外部种群和动态共享函数的多样性保持机制,在子种群代表个体的选择方面做出了新的尝试,并获得了良好的结果.以上这些算法将决策变量的每一维孤立出来进行优化,没有考虑决策变量之间的相关性.为了求解具有复杂 PS 的 MOP, Tan^[10] 提出了一种合作-竞争型 CMOA. 与合作模型一样,该算法采用多个子种群分别优化决策变量的一部分,不同之处在于各个子种群和决策变量之间的映射关系不是固定的而是由子种群间的竞争结果决定.竞争获胜的子种群有机会同时优化一组相关性较大的决策变量,从而自适应地学习决策变量之间的相关性. Coello^[11] 等人将 MOP 的决策空间划分为若干互不相交的子空间,采用多个子种群分别完成对各个子空间的搜索任务.各子种群在合作完成搜索任务的同时,通过相互之间的竞争实现对解空间的自适应剪枝,从而提高算法搜索效率.现有的合作型 CMOA 多是直接沿用了单目标合作型协同进化算法的任务划分策略,即用决策变量划分的方法实现任务的划分,每个子种群负责优化决策向量的一维或几维,而没有考虑多目标优化问题自身的特点.

分布估计算法 (Estimation of Distribution Algorithm, EDA) 是统计学习方法与进化计算相结合的产物. EDA 中没有传统的交叉、变异等遗传操作,而是采用了不同于进化算法的全新进化模式^[12]. 对于一个 m 目标的连续 MOP, 由 Karush-Kuhn-Tucker (KKT) 条件可以推导出,其 PS 在决策空间上呈分段连续的 $m-1$ 维流形分布^[12,13]. Q Zhang 等人首先将 MOP 的这一特点用于求解多目标优化问题的分布估计算法之中,提出了 RM-

MEDA^[14] 及其推广算法 MMEA^[15]. RM-MEDA 算法采用多个线性 ($m-1$)-维流形分布的概率模型来分段逼近整个非线性的 PS 流形,再对各个线性模型进行随机采样产生后代种群.由于 RM-MEDA 充分考虑了 Pareto 最优解之间的相关性,该算法对于求解决策变量之间非线性相关的复杂 MOP 十分有效.

本文根据 MOP 自身的特点提出了一种新的合作型协同进化模型,并将该模型与求解性能较好的人工免疫多目标优化算法相结合,提出了一种基于合作模型的协同免疫多目标优化算法 (A Cooperative Immune Co-evolutionary Algorithm for Multi-objective Optimization, CICAMO). 本算法的贡献主要为以下三个方面:其一,在协同进化模型上, CICAMO 采用了一种新的任务划分策略;其二, CICAMO 算法中的子种群划分方法与 RM-MEDA 不同,采用了基于分解的种群划分方法,提高了算法效率;其三, CICAMO 将免疫多目标优化算法和 EDA 算法两种不同类型的后代产生机制相结合,平衡算法的全局搜索和局部搜索能力.

2 免疫多目标优化算法

人工免疫系统 (Artificial Immune System, AIS) 是一种模仿和借鉴生物免疫系统的功能、原理和模型的仿生系统,是近几年随着生物免疫系统研究的进步而逐步发展起来的一种用于信息处理和问题求解的人工智能方法^[16]. 越来越多的研究表明^[17],用于求解优化问题的免疫优化算法与进化算法相比具有更好的种群多样性保持能力,因而算法不容易陷入局部最优.在求解组合优化问题的研究中,协同进化机制已经被引入免疫优化算法之中,并取得了良好的求解效果^[18,19]. 近年来,免疫优化算法逐渐被用于求解多目标优化问题. Yoo 和 Hajala 等人首先将免疫机理引入进化多目标优化算法之中^[20]. Cutello 等人将基于免疫克隆选择的局部搜索机制引入进化多目标优化算法 PAES 之中,提出了一种混合算法 I-PAEAS^[21]. Coello 等人将精英策略引入基于克隆选择的免疫多目标优化算法,提出了 MIS-A^[22]. 基于人工免疫网络模型, Freschi 等提出了一种求解多目标优化问题的矢量人工免疫系统 VAIS^[23]. Gong 等人在克隆选择模型的基础上提出了一种基于非支配邻域选择的多目标优化算法 NNIA^[24] 及其改进算法 NNIA2^[25]. Chen 等人在 NNIA 的框架下引入了高斯变异和多项式变异,提出了一种混合算法 HIMO^[26]. Hu 提出了一种基于多亲和度的免疫系统模型用于求解多目标优化问题^[27]. Gao 等人将量子计算机理引入免疫多目标优化算法,提出了 HQIA^[28].

如果把优化问题及其约束视作抗原,把目标问题的候选解视作抗体,那么生物免疫系统的免疫识别和

免疫响应过程就可以和免疫优化算法对优化问题解空间的搜索过程联系起来.图 1 描述了免疫克隆选择优化算法对优化问题解空间的搜索过程,从图中可以看出,免疫克隆选择优化算法的迭代过程包括三个主要步骤:克隆操作(clone operation)、免疫基因操作(immune genetic operation)和选择操作(selection operation).克隆操作对被操作的父代抗体进行复制,父代抗体的质量越高,即抗体的亲合度越大,克隆的规模越大(图 1 中抗体

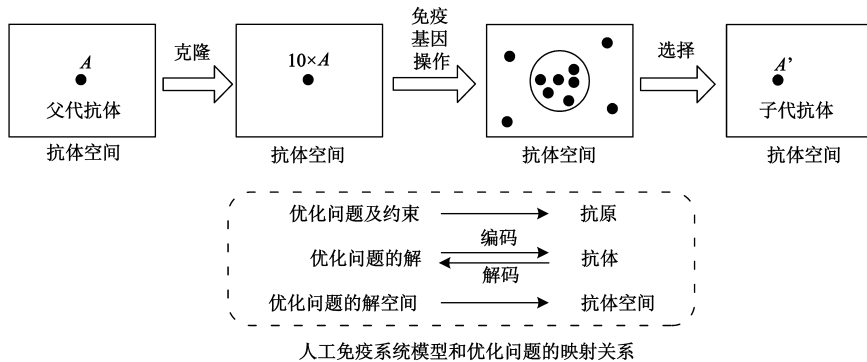


图1 免疫克隆选择优化算法对优化问题解空间的搜索过程

NNIA 是 2008 年 Gong 等人提出的一种基于克隆选择的多目标免疫优化算法^[10],该算法利用免疫优化算法良好的种群多样性保持能力,不容易陷入局部最优,求解性能与 NSGAII^[29]等经典算法相比在逼近性和均匀性上具有明显的优势.本文提出的 CICAMO 算法继承了 NNIA 中的抗体编码方式,采用实数编码方案.抗体 $Ab = \{g_1, \dots, g_n\}$ 表示多目标优化问题决策变量 $x = \{x_1, \dots, x_n\}$ 的编码.抗体 Ab 的每一个基因位 $g_i \in [0, 1]$, $x_i = \min_i + g_i(\max_i - \min_i)$, 其中 \max_i 和 \min_i 分别表示决策变量 x_i 取值的上界和下界.

3 一种新的合作型协同进化模型

合作型协同进化模型的基本思想是将原问题划分为若干个子任务分配给多个进化子种群共同完成.因此,在 CMOA 中,优化任务的划分和各个子种群之间的合作机制是算法设计的重点.现有的 CMOA 多采用划分决策变量的方法进行任务划分,各个子种群负责优化决策变量的一维或几维,共同完成整个优化任务.与现有的 CMOA 不同,本文提出了一种新的合作型协同进化模型,该模型采用了对 PS 流形进行分段线性划分的优化任务划分方法,各个子种群负责搜索整个 PS 流形中的一段,共同逼近完整的 PS.

图 2 以两目标优化算法为例,描述了本文合作型协同进化模型的任务划分方法.假设将原优化问题划分成 K 个子任务(图 2 中子任务个数为 3 个),本文提出的协同进化模型采用基于聚集函数(Aggregate Function)

的克隆规模为 10).免疫基因操作对克隆后的抗体基因进行编辑,相当于在抗体空间中父代抗体的一个邻域内进行局部搜索,搜索的范围和方式由具体的免疫基因操作算子决定.选择操作从父代抗体及其子代抗体中选择最优的一个保留下来.这样父代抗体经过一次克隆选择的迭代过程就完成了亲合度的提高,随着迭代的进行抗体种群不断进化,实现自身的亲合度成熟.

的分解策略^[29]实现子种群的划分.首先在目标空间上构造三个线性聚集函数,记三个聚集函数的权向量为 λ_1, λ_2 和 λ_3 ,三个权向量在目标空间的第一象限内均匀分布.基于三个权向量,采用 Tchebycheff 分解方法^[30]构造三个单目标优化函数.依次以每一个单目标优化函数为依据,在当前 Pareto 最优种群中不放回地选择使目标函数达到最大的前三分之一数量的个体,构成子种群,这样就将当前 Pareto 最优中的个体划分为三个子种群(如图 2(a)所示).当多目标优化问题的目标函数连

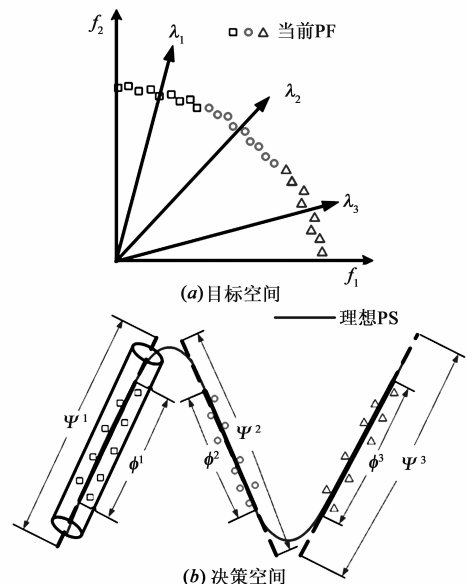


图2 本文合作型协同进化模型的任务划分方法示意图

续时,在目标空间上距离较近的解,其对应的决策变量在决策空间上也具有聚集性.利用这一特点,可以认为,利用上述基于聚集函数的子种群划分方法得到的三个子种群内部的解在决策空间上具有聚集性.进一步地,利用各个子种群分别建立线性概率统计模型,分段线性逼近整个理想的 PS(如图 2(b)所示).

Q Zhang 等人在算法 RM-MEDA^[14]中提出了一种对子种群中的个体建立线性概率统计模型的方法.本文采用了 RM-MEDA 算法中的建模方法,具体描述如下.对于 m 个优化目标的 n 维多目标优化问题,当前种群的 PS 可以看作是如下概率模型的独立观测:

$$\xi = \mu + \varepsilon \quad (1)$$

其中,概率模型 ξ 的中心 μ 是 n 维决策空间上的 $(m-1)$ -维分段连续流形, ε 是 n 维零均值随机噪声向量. RM-MEDA 用 K 个分段线性的概率模型来近似逼近 ξ 的中心流形 μ ,即:

$$\mu = \Psi^1 + \Psi^2 + \cdots + \Psi^K \quad (2)$$

每个分段线性的概率模型 $\Psi^j (j=1, \dots, K)$ 是 n 维空间上的一个 $(m-1)$ -维分段连续流形.如图 2(b)所示,对于两目标优化问题, Ψ^j 是 n 维决策空间上的线段.在建模过程中,首先采用 Local PCA 聚类算法^[31]将当前种群划分为 K 个聚类 S^1, S^2, \dots, S^K , 然后对每个聚类 S^j 建立线性模型 Ψ^j 来刻画 S^j 的中心.

记 \bar{x}^j 为 S^j 的均值向量, U_i^j 为 S^j 的第 i 个主分量(即 S^j 中所有个体协方差矩阵的第 i 个最大特征值对应的特征向量),将 S^j 中的所有个体向 S^j 的 $(m-1)$ -维主子空间投影,涵盖了所有投影点的最小线段或超平面记为 Φ^j ,那么:

$$\Phi^j = \left\{ x \in R^n \mid x = \bar{x}^j + \sum_{i=1}^{m-1} \alpha_i U_i^j, \right. \\ \left. \alpha_i^j \leq \alpha_i \leq b_i^j, i=1, \dots, m-1 \right\} \quad (3)$$

其中:

$$a_i^j = \min_{x \in S^j} (x - \bar{x}^j)^T U_i^j \quad (4)$$

$$b_i^j = \max_{x \in S^j} (x - \bar{x}^j)^T U_i^j \quad (5)$$

进一步地,将模型 Φ^j 沿着 $m-1$ 个主分量的 $U_1^j, U_2^j, \dots, U_{m-1}^j$ 方向两端各扩展 25%, 得到 Ψ^j :

$$\Psi^j = \left\{ x \in R^n \mid x = \bar{x}^j + \sum_{i=1}^{m-1} \alpha_i U_i^j, \right. \\ \left. \alpha_i^j - 0.25(b_i^j - a_i^j) \leq \alpha_i \right. \\ \left. \leq b_i^j + 0.25(b_i^j - a_i^j), \right. \\ \left. i=1, \dots, m-1 \right\} \quad (6)$$

图 2(b)以两目标优化问题为例描述了根据当前种群建立分段线性概率模型的过程.在图 2 的例子中,当前种群被聚为三类, Φ^1, Φ^2 和 Φ^3 分别是根据三类子

群体建立的分段逼近一维 PS 流形的最短线段. Ψ^1, Ψ^2 和 Ψ^3 分别是 Φ^1, Φ^2 和 Φ^3 沿着主分量方向两端各扩展 25% 后的模型,可以看出,与 Φ^1, Φ^2 和 Φ^3 相比, Ψ^1, Ψ^2 和 Ψ^3 可以更好的逼近图中的一维 PS 流形.

与现有求解 MOP 的合作型协同进化模型不同,本文提出的新模型采用了不同的子任务划分方式.该模型利用了连续 MOP 的特性,将决策空间中 PS 流形的逼近任务划分成若干个分段线性流形逼近的子任务.在现有的合作型协同进化模型中,面临着子空间划分的难题,即需要将具有相关性的决策变量分成一组并分配给一个子种群进行优化.本文提出的合作型协同进化模型中各个子任务在原决策空间的不同区域进行搜索,这样就回避了子空间划分的问题,能够自适应的学习决策变量之间的相关性.

4 CICAMO 算法描述

基于上述合作型协同进化模型,本文提出了一种新的协同免疫多目标优化算法 CICAMO.该算法在每一次迭代中,首先利用分解策略进行子种群划分,然后对各个子种群采用克隆选择和建模采样两种不同的子代繁殖策略产生后代个体,最后将各个子种群产生的后代合并在一起进行选择操作. CICAMO 算法的具体流程描述见算法 1.

算法 1 CICAMO 算法流程

Step 1 算法设置: 设置种群规模 N , 子种群个数 K , 设置算法停止时的最大函数评价次数 MaxFuncEval;

Step 2 初始化: 在第一象限均匀产生 K 个单位向量 $\{\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_K\}$ 作为聚集函数的权向量, 令迭代次数 $t=1$, 随机初始化抗体种群 $P(t)$, 计算初始抗体种群中个体的目标函数值;

Step 3 判断停止条件: 若算法的函数评价次数达到上界 MaxFuncEval, 则输出种群 $P(t)$, 否则转 Step 4;

Step 4 划分子种群: 采用基于分解的子种群划分方法将抗体种群 $P(t)$ 划分为 K 个子种群, 记为 $S_i(t) (i=1, 2, \dots, K)$, 其中子种群 $S_1(t), S_2(t), \dots, S_{K-1}(t)$ 中抗体的个数为 $\left\lfloor \frac{K}{N} \right\rfloor$, $S_K(t)$ 中抗体的个数为 $N - (K-1) \left\lfloor \frac{K}{N} \right\rfloor$. 具体的划分方法如下:

Step 4.1 更新参考点: 根据当前抗体种群 $P(t)$ 中解的目标函数值更新参考点, 记参考点 $z^* = (z_1^*, \dots, z_m^*)^T$, $X_r (r=1, \dots, N)$ 为抗体 Ab 解码后的决策向量, 则更新后参考点的每一维可以从式(7)计算得到:

$$z_s^* = \min \{f_s(X_r), Ab_r \in P(t)\} \\ r=1, \dots, N \\ s=1, \dots, m \quad (7)$$

Step 4.2 定义划分标准: 对每个权向量 $\lambda_i = (\lambda_i^1, \dots, \lambda_i^m)^T$, 用 Tchebycheff 分解方法把多目标优化问题转化为单目标优化问题. 分解后的单目标问题为:

$$\text{minimize } g_i(x \mid \lambda_i, z^*) = \max_{1 \leq s \leq m} \{\lambda_i^s f_s(x) - z_s^*\} \quad (8)$$

Step 4.3 分配子种群抗体: 用式(8)计算当前抗体 $P(t)$ 中每个抗体解码后的解在以 λ_i 为权向量的 Tchebycheff 聚集函数的值, 若此

时抗体 $P(t)$ 中抗体的个数大于 $\lceil N/K \rceil$, 则将聚集函数值最大的前 $\lceil N/K \rceil$ 个抗体从 $P(t)$ 中移出加入子种群 $S_i(t)$ 中, 直至 $P(t)$ 为空时转 Step5.

Step 5 种群繁殖操作:

Step 5.1 建立概率模型: 对于每个子种群 $S_1(t), S_2(t), \dots, S_K(t)$, 采用第三节中所述的建模方法对各个子种群建立概率模型 $\Psi^1, \Psi^2, \dots, \Psi^K$.

Step 5.2 分配繁殖数量: 假设第 i 个子种群产生后的个数为 N_i , 其中 $i=1, 2, \dots, K$ 并且 $N = \sum_{i=1}^K N_i$, 则 N_i 可以从式(9)获得:

$$N_i = \left\lfloor \frac{N * \text{vol}(\Psi^i)}{\sum_{j=1}^K \text{vol}(\Psi^j)} \right\rfloor \quad (9)$$

其中 $\text{vol}(\Psi^i)$ 表示种群 S_i 中所有个体在前 $m-1$ 个主分量方向上投影的线段长度(两目标问题)、面积(三目标问题)、体积(四目标问题)或超体积(众目标问题), $\lfloor x \rfloor$ 表示对实数 x 取下整.

Step 5.3 采用克隆选择算子产生后代: 对于每个子种群 $S_i(t)$ ($i=1, 2, \dots, K$), 采用算法 2 所述的克隆选择算子产生后代种群 S_i' , 记 S_i' 中抗体个数为 N_i' .

Step 5.4 采用建模采样算子产生后代: 对于每个子种群 $S_i(t)$ ($i=1, 2, \dots, K$) 建立的概率模型 Ψ^i 进行随机采样产生后代种群 S_i'' , 采样抗体个数为 $N_i'' = N_i - N_i'$.

Step 6 选择: 令 $S' = \bigcup_{i=1}^K S_i'$, $S'' = \bigcup_{i=1}^K S_i''$, $Q = P(t) \cup S' \cup S''$, 采用非支配排序选择方法^[29] 从 Q 中选出 N 个个体构成新的种群 $P(t+1)$, 令 $t = t+1$, 转 Step2.

在 CICAMO 算法的步骤 5.3 中, 采样了基于免疫克隆选择的子代产生策略. 克隆选择算子中的免疫基因操作包括重组和变异两个部分, 具体流程见算法 2.

算法 2 克隆选择算子

输入第 i 个抗体子种群 $S_i(t)$ ($i=1, 2, \dots, K$), 输出第 i 个后代子种群 S_i' .

对于每个抗体子种群 $S_i(t)$ ($i=1, 2, \dots, K$), 分别执行如下克隆选择算子:

Step 1 Pareto 选择: 对抗体子种群 $S_i(t)$ 进行 Pareto 选择, 记 $S_i(t)$ 中 Pareto 最优解构成的集合为 P_i , 集合规模为 M_i . 若 $M_i > \lfloor N_i/2 \rfloor$ 转 Step2, 否则转 Step3.

Step 2 子种群规模控制: 计算子种群 $S_i(t)$ 中每个抗体的拥挤距离^[29], 从中删除拥挤距离最小的抗体, 令 $M_i \leftarrow M_i - 1$, 若 $M_i > \lfloor N_i/2 \rfloor$ 转 Step2, 否则转 Step3.

Step 3 重组操作: 依次对子种群 $S_i(t)$ 中的每个抗体 Ab_p ($p=1, 2, \dots, M_i$) 执行如下重组操作. 从 $S_i(t)$ 中任意选择一个不同于 Ab_p 的抗体 Ab_q ($q=1, 2, \dots, M_i$ 且 $q \neq p$), 以 Ab_p 和 Ab_q 为父代执行模拟二进制交叉(Simulated Binary Crossover, SBX)^[29], 从两个交叉子代中随机选择一个保留, 记为 Ab_p' .

Step 4 变异操作: 依次对子种群 $S_i(t)$ 的每个重组操作子代 Ab_p' 进行多项式变异操作(Polynomial Mutation, PM)^[29], 产生后代 Ab_p'' .

Step 5 返回结果: $S_i' \leftarrow \{Ab_1'', \dots, Ab_{M_i}''\}$, 返回后代子种群 S_i' .

在算法 2 中, 模拟二进制交叉算子和多项式变异算子是求解连续优化问题的进化算法中有效且常用的交

叉和变异算子. 这两个算子在算法 NSGAI^[29], NNIA^[24] 和 NNIA2^[25] 中均被采用, 取得了良好的效果.

记 CICAMO 算法中的种群规模为 N , 决策空间的维数为 n , 子种群个数 K , 算法的迭代次数为 G , 则 CICAMO 算法的时间复杂度分析如下. 在每一次迭代中, 初始化操作的复杂度为 $O(Nn)$, 划分子种群操作的复杂度为 $O(Nn)$, 种群繁殖操作的复杂度为 $O(K(N^2 + n^3) + Nn)$; 选择操作的复杂度为 $O(N^2)$. 因此, CICAMO 算法总的时间复杂度为 $O(G(K(N^2 + n^3) + N^2 + 3Nn))$. 可将参数 G 和 K 看作与问题规模无关的常数, 此时 CICAMO 算法的时间复杂度可以记为: $O(N^2 + n^3)$.

5 实验结果分析

本文的实验部分选用了 8 个不同类型的经典测试问题来验证 CICAMO 算法的有效性. 其中包括 ZDT 系列函数^[18] 以及 Zhang 等在 RM-MEDA^[14] 提出的 F7、F9、F10 (在本文中分别记为 F1、F2、F3). 测试函数表达式如表 1 所示. ZDT 系列函数的决策变量之间不存在关联, 除了 ZDT3 的 PS 是分段连续外, 其它函数的 PS 为 $0 \leq x_1 \leq 1$, $x_2 = x_3 = \dots = x_n$. F1、F2、F3 的决策变量之间存在非线性关联, F1 的 PS 是一个有边界的连续曲线, 定义如下: $x_1 = x_i^2, i=2, \dots, n, 0 \leq x_1 \leq 1$, 它的 Pareto 最优解分布不均匀, F2、F3 有许多局部最优解.

在实验中, 我们使用 Inverted Generational Distance (IGD)^[22] 来评估算法的性能. 假定 P^* 为沿着 PF 上均匀分布的一组解, P 为 PF 的逼近解, 则从 P^* 到 P 的 IGD 定义如下:

$$IGD(P^*, P) = \frac{\sum_{v \in P^*} d(v, P)}{|P^*|} \quad (10)$$

其中 $d(v, P)$ 为点 v 到集合 P 中与之距离最近的点之间的欧氏距离. IGD 指标是衡量求得 Pareto 最优解集合的收敛性和多样性的综合指标. IGD 值越小, 表明 Pareto 最优解集合越接近 MOP 的 PF. 本文在 MOP 的 PF 上均匀选择 500 个点构成 P^* . 文中使用盒图来反映 20 次独立实验结果的 IGD 指标分布情况. 盒图可以很好地反映数据的统计分布情况, 盒子的上下两条线分别是样本的上下四分位数, 中间的水平线为样本的中位数. 盒子上下的虚线表示样本的其余部分(野值除外), 样本的最值分别为虚线两端, “+”表示野值, 盒子的切口为样本的置信区间.

实验部分对比了本文的 CICAMO 算法与 NNIA^[24], MOEA/D^[30], RM-MEDA^[14] 和 NSGAI^[29] 的性能. 对比算法是四种不同类型的优秀算法: NNIA 是一种基于克隆选择的免疫多目标优化算法; MOEA/D 是基于目标分解的进化多目标优化算法; RM-MEDA 是一种求解 MOP 的 EDA 算法; NSGAI 是一种公认有效的经典进化多目标优化算法. 各

个算法的停止条件均设定为:目标函数评价次数达到最大值 MFE 时,算法停止.对于 ZDT1、ZDT2、ZDT3 函数 MFE 设定为 10000,对于 ZDT4 函数 MFE 设定为 30000,对于 ZDT6、F1、F2、F3 函数 MFE 设定为 100000.

表 1 测试问题

函数	变量	维数	目标函数值(最小)
ZDT1	$[0,1]^n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{\frac{x_1}{g(x)}} \right]$ $g(x) = 1 + 9 \frac{\sum_{i=2}^n 2x_i}{n-1}$
ZDT2	$[0,1]^n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{\frac{x_1}{g(x)}} \right]$ $g(x) = 1 + 9 \frac{\sum_{i=2}^n 2x_i}{n-1}$
ZDT3	$[0,1]^n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{\frac{x_1}{g(x)}} - \sin(10\pi x_1) \right]$ $g(x) = 1 + 9 \frac{\sum_{i=2}^n 2x_i}{n-1}$
ZDT4	$[0,1]^n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{\frac{x_1}{g(x)}} \right]$ $g(x) = 1 + 10(n-1) + \sum_{i=2}^n [x_i^2 - 10\cos(4\pi x_i)]$
ZDT6	$[0,1]^n$	10	$f_1(x) = 1 - e^{(-4x_1) \times [\sin(6\pi x_1)]^6}$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \left(\frac{f_1(x)}{g(x)} \right)^2 \right]$ $g(x) = 1 + 9 \left[\frac{\sum_{i=2}^n 2x_i}{n-1} \right]^{0.25}$
F1	$[0,1]^n$	10	$f_1(x) = 1 - e^{(-4x_1) \times [\sin(6\pi x_1)]^6}$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \left(\frac{f_1(x)}{g(x)} \right)^2 \right]$ $g(x) = 1 + 9 \left[\frac{\sum_{i=2}^n (x_i^2 - x_1)^2}{n-1} \right]^{0.25}$
F2	$[0,1] \times [0,10]^{n-1}$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{\frac{x_1}{g(x)}} \right]$ $g(x) = 1 + \frac{1}{4000 \sum_{i=2}^n (x_i^2 - x_1)^2} - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i^2 - x_1}{\sqrt{i-1}}\right) + 2$
F3	$[0,1] \times [0,10]^{n-1}$	10	$IGD(P^*, P) = \frac{\sum_{v \in P^*} d(v, P)}{ P^* }$

在 CICAMO 算法和对比较算法 NNIA、MOEA/D 和 NSGAI 中均采用了 SBX 交叉算子和多项式变异算子,为了对比结果的客观性,两个算子的参数在各个算法

中采用了相同的设置. SBX 交叉概率设定为 1,分布指数设定为 15,多项式变异的变异概率设定为 0.1,分布指数设定为 20. 各个算法的其他参数设置如下:在 CICAMO 中协同子种群个数为 5,种群规模设为 100. 在 NNIA 中,非支配种群大小 100,激活种群大小为 20,克隆种群大小为 100. 在 RM-MEDA 中,聚类个数为 5,种群规模设为 100. 在 MOEA/D 算法中,子问题的个数为 100,其中使用的是 SBX 交叉算子和多项式变异算子,分解方法使用的是 Tchebycheff 方法邻域大小为 20. NS-GAII 的种群规模为 100.

图 3 给出了 CICAMO、NSGAI 和 RM-MEDA 三种算法对于 8 个测试函数求得的最优 PF 对比,图中的数据为 20 次独立实验得到的最优结果. 从图 3 的实验结果可以看出,对于决策变量之间线性相关的 ZDT 系列测试函数, CICAMO 和 NSGAI 获得 PF 的逼近性均优于 RM-MEDA;然而,对于决策变量之间存在非线性相关的测试函数 F1、F2 和 F3, CICAMO 和 RM-MEDA 的求解性能明显优于 NSGAI. 这是由于 CICAMO 采用了两种子代繁殖策略产生后代个体,对于决策变量线性相关和非线性相关的 MOP 均能表现出良好的优化性能.

测试函数 ZDT4 是存在大量的局部最优解的函数,而且越靠近理想的 PF,局部最优解的分布就越密集. 测试函数 ZDT6 的 Pareto 最优解在全局 PF 上分布不均匀,而且距离 Pareto 最优前沿越近,解的密度越低. 对于 ZDT4 和 ZDT6 函数, RM-MEDA 容易收敛到局部最优解而难以摆脱. 对于这两个函数, CICAMO 同样取得了良好的优化结果. 这说明采用基于克隆选择算子的子代繁殖策略有助于算法跳出局部最优,逼近 MOP 的全局最优解.

对于决策变量之间存在非线性相关的测试函数 F1、F2 和 F3, RM-MEDA 可以通过对当前种群建立概率分布模型来逼近当前 PS 的流形,从而获得比 NSGAI 算法宽广性更好的 PF. 对于这三个函数, CICAMO 仍然取得了与其他两种算法相似或更优的结果. 这说明 CICAMO 算法采用的两种子代繁殖策略的搜索行为具有互补性:基于克隆选择算子的子代繁殖策略能够提高算法的种群多样性,使得算法不容易陷入局部最优;基于建模采样的子代繁殖策略能够学习决策变量之间的相关性,提高算法求解复杂问题的能力.

图 4 给出了 CICAMO 算法和其他四种对比算法的 IGD 指标随着函数评价次数的递增而下降的曲线(奇数行)以及五种算法 IGD 指标的盒图(偶数行). 图 4 中的 IGD 曲线为 20 次独立运行的平均结果,盒图为 20 次独立运行的统计结果. 图 4 盒图中各个对比算法的编号如表 2 所示.

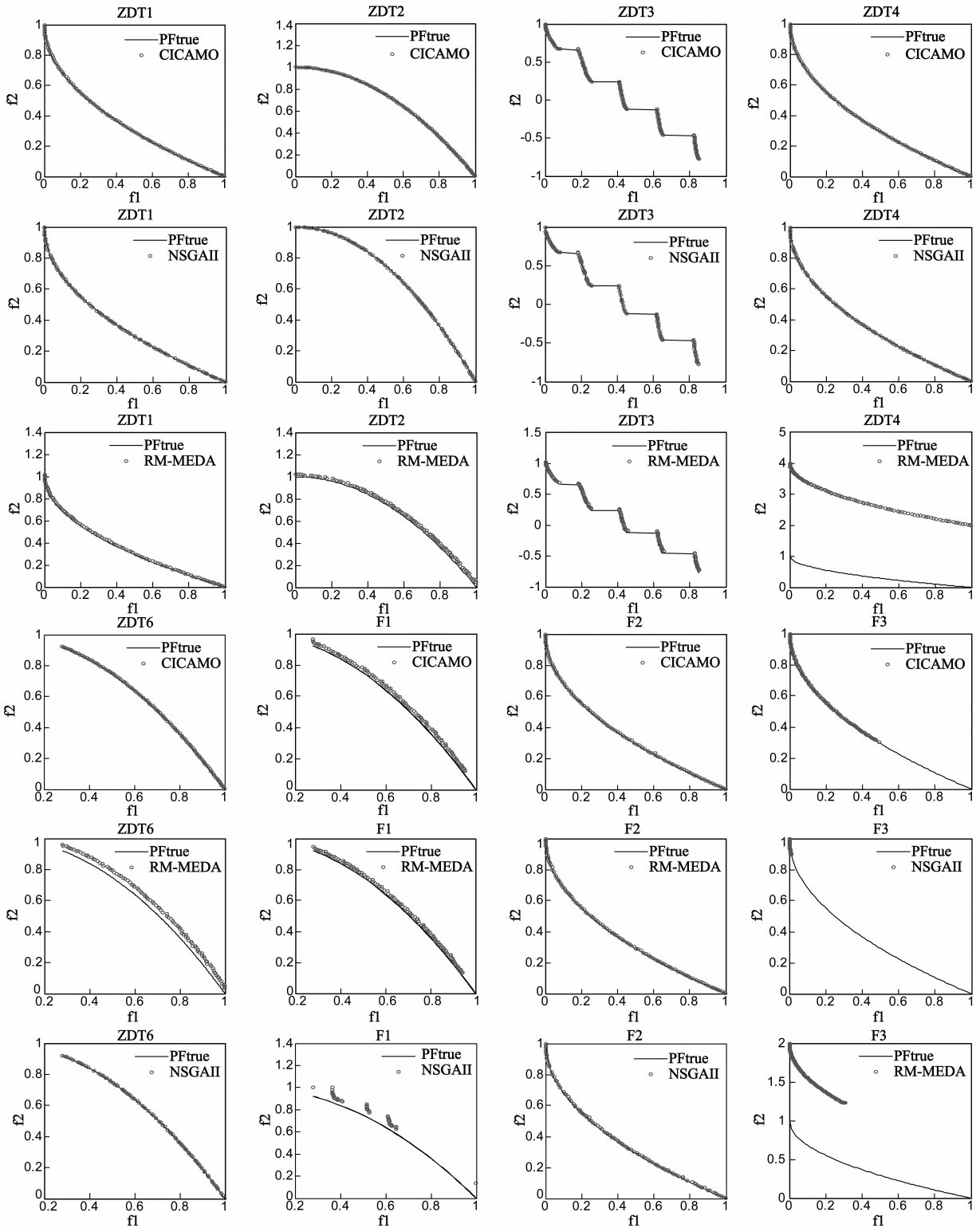


图3 CICAMO、NSGAI和RM-MEDA求得的最优PF对比

从图4中各个算法的IGD下降曲线中可以看出,对于ZDT系列测试函数,CICAMO的收敛速度优于RM-MEDA与MOEA/D相当,比NNIA和NSGAI收敛速

度慢.但是对于较为复杂的测试函数F1、F2和F3,CICAMO和RM-MEDA的收敛速度明显优于NSGAI、NNIA和MOEA/D.由于CICAMO采用了两种子代繁殖

策略,其收敛速度介于 RM-MEDA 和其他三种基于交叉变异的 EMO 算法之间.

从图 4 中的 IGD 盒图可以看出,对于 8 个测试函数 CICAMO 的求解性能优势明显.在 ZDT 系列函数上, RM-MEDA 的求解性能较差, CICAMO 与 MOEA/D 的性能相当, CICAMO 与 NSGAI 和 NNIA 相比稍具优势.对 F1

函数, CICAMO 和 RM-MEDA 性能较优.在 F2 函数上, CICAMO 和 NNIA 优于其他算法.对于 F3 函数, CICAMO 优于其他四种对比算法.

表 2 各个对比算法的编号

编号	1	2	3	4	5
算法	CICAMO	NNIA	NSGAI	MOEA/D	RM-MEDA

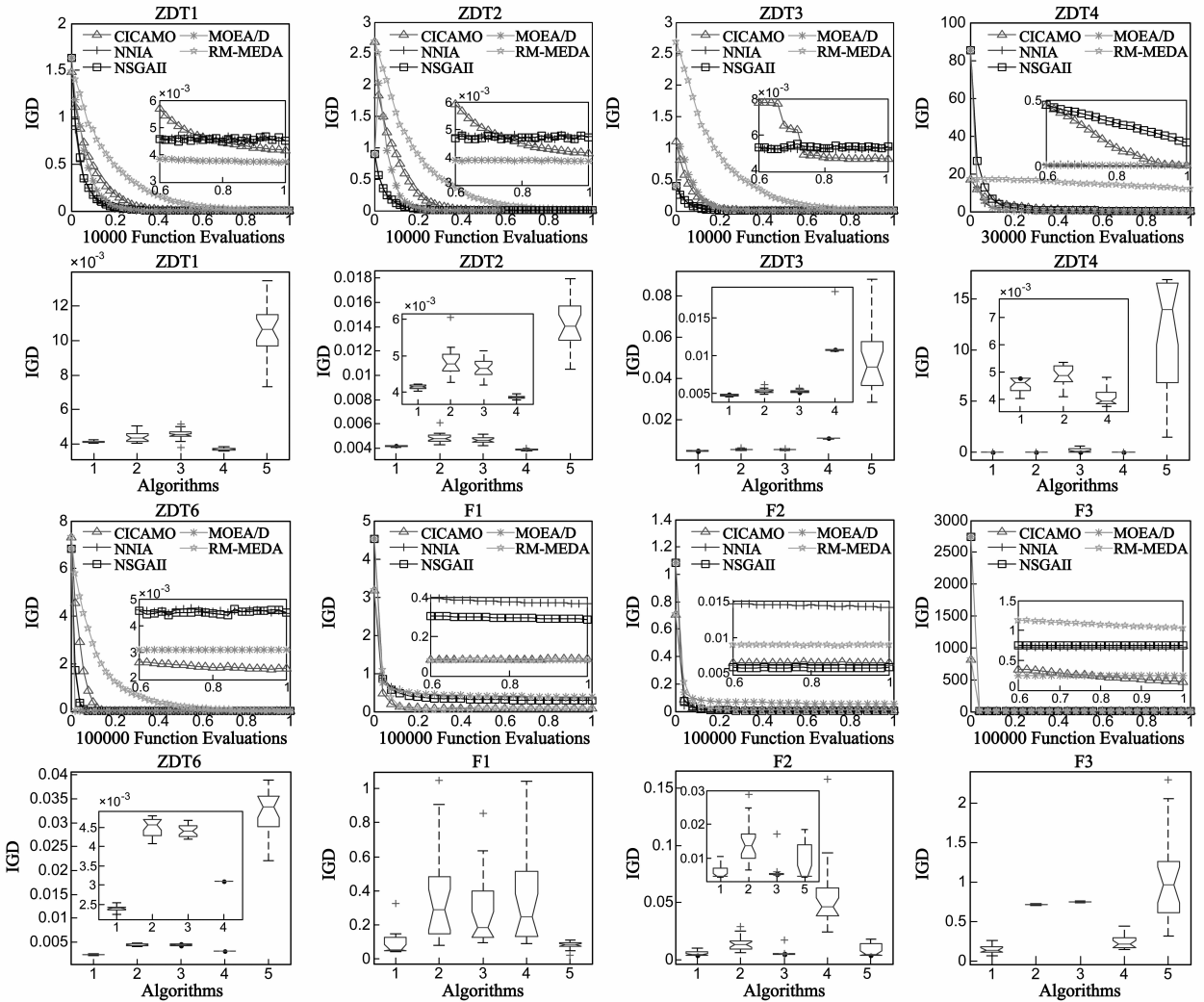


图 4 五种算法 IGD 指标收敛曲线和 IGD 盒图的对比实验结果

从图 4 的实验结果可以看出,本文提出的 CICAMO 算法对于不同类型 MOP 的综合优化性能优于其他四种对比算法. CICAMO 结合了两类算法的优势是一种求解质量良好且鲁棒性强的多目标优化算法.

6 总结与展望

本文针对多目标优化问题的 Pareto 最优解集合 (PS) 分布特性,建立了用多个线性概率统计模型分段逼近整个 PS 流形的合作型协同进化模型,运用 Tchebycheff 分解方法设计了一种新的子任务划分方法,并在

此协同进化模型的基础上,结合免疫多目标优化算法的流程提出了一种基于合作模型的协同免疫多目标优化算法 (A Cooperative Immune Coevolutionary Algorithm for Multi-objective Optimization, CICAMO).

仿真实验结果表明, CICAMO 不但继承了免疫多目标优化算法不容易陷入局部最优的优点,而且具备 EDA 算法适合处理决策变量之间存在非线性相关的复杂多目标优化问题的优势.与其他四种不同类型多目标优化算法的对比实验表明,对于决策变量之间存在简单线性相关和复杂非线性相关的测试函数, CICAMO

算法在求解质量和收敛速度上均表现良好,尤其对于复杂多目标优化问题,性能尤为突出.因此可以说,本文提出的 CICAMO 算法是一种求解质量良好且鲁棒性强的多目标优化算法.

在 CICAMO 中,子种群的个数是需要事先指定的,如何根据多目标优化问题的特点自适应地确定子种群个数是进一步研究的重点.

参考文献

- [1] Deb K. Multi-Objective Optimization Using Evolutionary Algorithms[M]. Wiley, New York, 2001.
- [2] C A Coello Coello. Evolutionary multi-objective optimization: a historical view of the field[J]. IEEE Computational Intelligence Magazine, 2006, 1(1): 28 – 36.
- [3] M A Potter, K A De Jong. A cooperative co-evolutionary approach to function optimization[A]. Proceedings of the Parallel Problem Solving from Nature[C]. Berlin: Springer, 1994. 249 – 257.
- [4] Yang Zhenyu, Tang Ke, Yao Xin. Large scale evolutionary optimization using cooperative co-evolution[J]. Information Sciences, 2008, 178(15): 2985 – 2999.
- [5] C K Goh, K C Tan, D S Liu, S C Chiam. A competitive and cooperative co-evolutionary approach to multi-objective particle swarm optimization algorithm design[J]. European Journal of Operational Research, 2010, 202(1): 42 – 54.
- [6] S G Ficici. Multi-objective optimization and co-evolution[A]. Multi-Objective Problem Solving from Nature[M]. Berlin: Springer, 2008. 31 – 52.
- [7] A W Iorio, X Li. A cooperative coevolutionary multi-objective algorithm using non-dominated sorting[A]. Proceedings of Genetic and Evolutionary Computation[C]. Berlin: Springer, 2004. 537 – 548.
- [8] K Maneeratana, K Boonlong, N Chaiyaratana. Multi-objective optimisation by co-operative co-evolution[A]. Proceedings of the Parallel Problem Solving from Nature[C]. Berlin: Springer, 2004. 772 – 781.
- [9] K C Tan, Y J Yang, C K Goh. A distributed cooperative co-evolutionary algorithm for multi-objective optimization[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2006, 10(5): 527 – 549.
- [10] C K Goh, K C Tan. A competitive-cooperative co-evolutionary paradigm for dynamic multi-objective optimization[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2009, 13(1): 103 – 127.
- [11] C A C Coello, M R Sierra. A co-evolutionary multi-objective evolutionary algorithm[A]. Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation[C]. USA: IEEE, 2003. 1482 – 489.
- [12] Y Jin, B Sendhoff. Connectedness, regularity and the success of local search in evolutionary multi-objective optimization[A]. Proceedings of IEEE Congress on Evolutionary Computation[C]. USA: IEEE, 2003. 1910 – 1917.
- [13] T Okabe, Y Jin, M Olhofer, B Sendhoff. On test functions for evolutionary multi-objective optimization[A]. Proceedings of the Parallel Problem Solving from Nature[C]. Berlin: Springer, Birmingham: Springer, 2004. 792 – 802.
- [14] Q Zhang, A Zhou, Y Jin. RM-MEDA: A regularity model-based multi-objective estimation of distribution algorithm[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2008, 12(1): 41 – 63.
- [15] A M Zhou, Q F Zhang, Y C Jin. Approximating the set of Pareto-optimal solutions in both the decision and objective spaces by an estimation of distribution algorithm[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2009, 13(5): 1167 – 1189.
- [16] 焦李成, 杜海峰. 人工免疫系统进展与展望[J]. 电子学报, 2003, 31(10): 1540 – 1548.
Jiao Li-cheng, Du Hai-feng. Development and prospect of the artificial immune system[J]. Acta Electronica Sinica, 2003, 31(10): 1540 – 1548. (in Chinese)
- [17] 焦李成, 杜海峰, 刘芳, 公茂果. 免疫优化计算、学习与识别[M]. 北京: 科学出版社, 2006. 6.
Jiao Licheng, Du Haifeng, Liu fang, Gong Maoguo. Immune Optimization Computing, Learning and Identification[M]. Beijing: Science Press, 2006. 6. (in Chinese)
- [18] 王磊, 刘小勇. 协同人工免疫计算模型的研究[J]. 电子学报, 2009, 37(8): 1739 – 1548.
Wang lei, Liu xiaoyong. A study on a coordinative immune-computing model[J]. Acta Electronica Sinica, 2009, 37(8): 1739 – 1548. (in Chinese)
- [19] 吴建辉, 章兢, 张小刚, 刘朝华. 分层协同进化免疫算法及其在 TSP 问题中的应用[J]. 电子学报, 2011, 39(2): 336 – 344.
Wu jianhui, Zhang Jing, Zhang Xiaogang, Liu Zhaohua. Hierarchical co-evolution immune algorithm and its application on TSP[J]. Acta Electronica Sinica, 2011, 39(2): 336 – 344. (in Chinese)
- [20] J Yoo, P Hajela. Immune network simulations in multi-criterion design[J]. Structural Optimization, 1999, 18(2 – 3): 85 – 94.
- [21] V Cutello, G Narzisi, G Nicosia. A class of Pareto archived evolution strategy algorithms using immune inspired operators for ab-initio protein structure prediction[A]. Applications of Evolutionary Computing. Lecture Notes in Computer Science[C]. Berlin: Springer, 2005. 3449: 54 – 63.
- [22] C C A Coello Coello, N Cruz-Cortees. An approach to solve multi-objective optimization problems based on an artificial

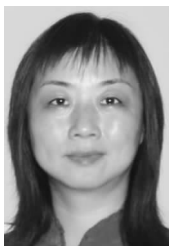
- immune system[A]. Proceedings of the International Conference on Artificial Immune System[C]. Santos, Brazil: [s. n.], 2002. 212 – 221.
- [23] F Freschi. Multi-objective artificial immune system for optimization in electrical engineering[D]. Torino: University of Politecnico di Torino of Italy, 2006.
- [24] M G Gong, L C Jiao, H F Du, L F Bo. Multi-objective immune algorithm with non-dominated neighbor-based selection: NNIA[J]. Evolutionary Computation, 2008, 16(2): 225 – 255.
- [25] D D Yang, L C Jiao, M G Gong, J Feng. Adaptive ranks clone and k-nearest neighbor list based multi-objective immune algorithm [J]. Computational Intelligence, 2010, 26(4): 359 – 385.
- [26] J Chen, Q Lin, Z Ji. A hybrid immune multi-objective optimization algorithm[J]. European Journal of Operational Research, 2010, 204(2): 294 – 302.
- [27] Z H Hu. A multi-objective immune algorithm based on a multiple-affinity model[J]. European Journal of Operational Research, 2010, 202(1): 60 – 72.
- [28] J Q Gao, J Wang. A hybrid quantum-inspired immune algorithm for multi-objective optimization[J]. Applied Mathematics and Computation, 2011, 217(9): 4754 – 4770.
- [29] K Deb, A Pratap, S Agarwal, T Meyarivan. A fast and elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2002, 6(2): 182 – 197.
- [30] Q F Zhang, H Li. MOEA/D: A multi-objective evolutionary algorithm based on decomposition[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2007, 11(6): 712 – 731.
- [31] N Kambhatla, T K Leen. Dimension reduction by local principal component analysis[J]. Neural Computation, 1997, 9(7): 1493 – 1516.

作者简介



戚玉涛 男, 1981 年 10 月出生于河南潢川. 现为西安电子科技大学计算机学院副教授. 主要研究方向包括: 进化算法、人工免疫系统、并行计算等.

E-mail: qi_yutao@163.com



刘芳 女, 1963 年 2 月生于湖南华容. 现为西安电子科技大学计算机学院教授, 博士生导师. 研究方向包括: 人工智能、图像处理、模式识别和进化计算等.