

求解偏好多目标优化的克隆选择算法*

杨咚咚^{1,2+}, 焦李成^{1,2}, 公茂果^{1,2}, 余航^{1,2}

¹(西安电子科技大学 智能信息处理研究所, 陕西 西安 710071)

²(智能感知与图像理解教育部重点实验室(西安电子科技大学), 陕西 西安 710071)

Clone Selection Algorithm to Solve Preference Multi-Objective Optimization

YANG Dong-Dong^{1,2+}, JIAO Li-Cheng^{1,2}, GONG Mao-Guo^{1,2}, YU Hang^{1,2}

¹(Institute of Intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an 710071, China)

²(Key Laboratory of Intelligent Perception and Image Understanding of Ministry of Education of China (Xidian University), Xi'an 710071, China)

+ Corresponding author: E-mail: ddyang@mail.xidian.edu.cn

Yang DD, Jiao LC, Gong MG, Yu H. Clone selection algorithm to solve preference multi-objective optimization. Journal of Software, 2010,21(1):14-33. <http://www.jos.org.cn/1000-9825/3551.htm>

Abstract: The difficulty of current multi-objective optimization community lies in the large number of objectives. Lacking enough selection pressure toward the Pareto front, classical algorithms are greatly restrained. In this paper, preference rank immune memory clone selection algorithm (PISA) is proposed to solve the problem of multi-objective optimization with a large number of objectives. The nondominated antibodies are proportionally cloned by their preference ranks, which are defined by their preference information. It is beneficial to increase selection pressure and speed up convergence to the true Pareto-optimal front. Solutions used to approximate the Pareto front can be reduced by preference information. Because only nondominated antibodies are selected to operate, the time complexity of the algorithm can be reduced. Besides, an immune memory population is kept to preserve the nondominated antibodies and ε dominance is employed to maintain the diversity of the immune memory population. Tested in several multi-objective problems with 2 objectives and DTLZ2 and DTLZ3 as high as 8 objectives, PISA is experimentally effective.

Key words: artificial immune system; preference multi-objective optimization; preference rank; ε dominance

摘要: 目标维数较高的多目标优化问题的难题在于非支配解急剧增加,经典算法由于缺乏足够的选择压力导致性能急剧下降.提出了基于偏好等级的免疫记忆克隆选择优化算法,用于解决目标维数较高的多目标优化问题.利用决策者提供的偏好信息来为抗体分配偏好等级,根据该值比例克隆抗体,增大抗体的选择压力,加快收敛速率.根据偏好信息来缩减 Pareto 前沿,并用有限的偏好解估计该前沿.同时,建立了免疫记忆种群来保留较好的非支配抗体,

* Supported by the National Natural Science Foundation of China under Grant Nos.60703107, 60703108 (国家自然科学基金); the National High-Tech Research and Development Plan of China under Grant No.2009AA12Z210 (国家高技术研究发展计划(863)); the National Basic Research Program of China under Grant No.2006CB705707 (国家重点基础研究发展计划(973)); the Program for Cheung Kong Scholars and Innovative Research Team in University of China under Grant No.IRT0645 (长江学者和创新团队支持计划)

Received 2008-08-25; Accepted 2008-12-29

采用 ε 支配机制来保持记忆抗体种群的多样性.实验结果表明,对于 2 目标的偏好多目标问题以及高达 8 目标的 DTLZ2 和 DTLZ3 问题,该算法取得了一定的实验效果.

关键词: 人工免疫系统;偏好多目标优化;偏好等级; ε 支配

中图法分类号: TP301 文献标识码: A

最优化问题是工程实践和科学研究中主要的问题形式之一,其中,目标函数超过一个并且需要同时处理的最优化问题被称为多目标优化问题(multi-objective optimization problems,简称MOPs).迄今为止,进化算法已经成功地应用到多目标优化领域.根据文献[1,2],进化多目标优化算法的发展已经经历了两代,一些有代表性的算法已被成功地应用到工程实践中^[3].近几年,高维目标优化(目标个数大于 3)的研究是当今多目标优化领域中研究的热点和难点.该问题的难点在于,随着目标维数的增加,基于Pareto支配的非支配解急剧增加,经典算法的选择压力迅速减少,致使算法不能收敛;估计Pareto最优前沿所需的解也呈指数增加.根据文献[1],把决策者的偏好信息并入问题研究是一个较好的解决高维多目标优化问题的研究方向,为了区别传统的多目标优化问题,称其为偏好多目标优化.

人工免疫系统(artificial immune system,简称AIS)是受免疫学启发,模拟免疫学功能、原理和模型来解决复杂问题的自适应系统^[4].人工免疫系统由于其优良的特性已被成功地应用于数据挖掘^[5]、图像处理^[6]、故障诊断^[7]、入侵检测^[8]等领域.近年来,基于人工免疫系统的多目标优化算法也相继被提了出来.Yoo和Hajela借用抗体亲和度的概念选择抗体,但是没有涉及克隆选择操作^[9].Coello Coello等学者最早提出了基于克隆选择的多目标优化算法(MISA)^[10].Cutello等学者提出了免疫Pareto存档进化策略算法(I-PAES)^[11].Jiao等学者借鉴克隆选择学说中免疫优势的概念机理,提出了免疫优势多目标优化算法(IDCMA)^[12].Gong等学者提出了非支配邻域抗体选择免疫多目标优化算法(NNIA)^[13].这些算法的成功应用表明利用人工免疫系统来解决多目标优化问题是可行的.但是,这些算法主要针对目标维数是 2~3 维的多目标优化问题,较少涉及到高维目标优化问题.

结合克隆选择原理和免疫记忆学说,本文为解决多目标优化问题,特别是目标维数较高的多目标优化问题提供了一种新方法——偏好等级免疫记忆克隆选择算法(preference rank immune memory clone selection algorithm,简称PISA).根据决策者的偏好信息,为非支配抗体分配偏好等级,进行基于偏好等级值的比例克隆,将解趋向偏好区域,偏好等级高的抗体自适应地获得较多的计算资源,增大抗体的选择压力,偏好信息还用来缩减估计Pareto前沿所需的抗体,用较少的抗体来加以表示.此外,为了保证抗体的多样性,建立了基于 ε 支配更新机制的外部抗体种群.实验结果表明,基于偏好等级的免疫记忆克隆选择机制能够加速算法的收敛速度,时间计算复杂度较低.与现有算法相比^[14,15],对于 2~8 目标的多目标优化问题,PISA表现出一定的优势.

1 问题与定义

1.1 多目标优化问题定义

偏好多目标优化问题是在传统多目标优化中引入了偏好关系模型.一个具有 n 个决策变量, m 个目标变量的传统多目标优化问题^[3]可表述为

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

其中, $\mathbf{x}=(x_1, \dots, x_n) \in X \subset \mathbb{R}^n$ 称为 n 维的决策向量, X 为 n 维的决策空间, $\mathbf{y}=(y_1, \dots, y_m) \in Y \subset \mathbb{R}^m$ 称为目标向量, Y 为 m 维的目标空间.目标函数 $F(\mathbf{x})$ 定义了由决策空间向目标空间的映射函数, $g(\mathbf{x})$ 定义了 q 个不等式约束, $h(\mathbf{x})$ 定义了 p 个等式约束.在人工免疫系统中,抗原一般是指问题及其约束,抗体被定义为问题的候选解.本文中,抗原被定义为满足等式(1)的函数,抗体是决策空间 X 中的决策向量,是问题(1)的候选解.

定义 1(可行域抗体). 对于某个抗体 $x \in X$,如果 x 满足(1)的约束条件 $g_i(\mathbf{x}) \leq 0 (i=1, 2, \dots, q)$ 和

$h_j(x) = 0 (j = 1, 2, \dots, p)$, 则称 x 为可行域抗体. 由 X 中的所有的可行域抗体组成的集合称为可行域抗体集合, 记为 X_f , 且 $X_f \subseteq X$.

定义 2(Pareto支配). 假设 $x_A, x_B \in X_f$ 是式(1)的两个可行域抗体, 则称 x_A Pareto支配 x_B , 当且仅当

$$\forall i = 1, 2, \dots, m \quad f_i(x_A) \leq f_i(x_B) \wedge \exists j = 1, 2, \dots, m, f_j(x_A) < f_j(x_B) \quad (2)$$

记作 $x_A \succ x_B$, 也称为 x_A 支配 x_B .

定义 3(Pareto最优抗体种群). 一个抗体 $x^* \in X_f$ 被称为 Pareto 最优抗体 (或非支配抗体), 当且仅当满足条件: $\neg \exists x \in X_f : x \succ x^*$. Pareto 最优抗体种群是所有 Pareto 最优抗体的集合, 定义为 $P^* \cong \{x^* \mid \neg \exists x \in X_f : x \succ x^*\}$.

定义 4(ε 支配). 假设 $x_A, x_B \in X_f$ 是式(1)的两个可行域抗体, 给定向量 $\varepsilon > 0$, 称 x_A ε 支配 x_B , 当且仅当:

$$\forall i = 1, 2, \dots, m, f_i(x_A) - \varepsilon_i \leq f_i(x_B) \quad (3)$$

记作 $x_A \succ_\varepsilon x_B$.

定理 1. 假设 $x_A, x_B \in X_f$, 且 $x_A \succ x_B$, 则 $x_A \succ_\varepsilon x_B$.

证明: 由定义 2 可知, 如果 $x_A \succ x_B$, 则有 $\forall i = 1, 2, \dots, m, f_i(x_A) \leq f_i(x_B) \wedge \exists j = 1, 2, \dots, m, f_j(x_A) < f_j(x_B)$, 所以, 对于任意向量 $\varepsilon > 0$, 有 $f_i(x_A) - \varepsilon_i \leq f_i(x_B)$, 即等式(3)成立. 定理 1 得证. \square

定理 2. 假设 $x_A, x_B \in X_f$, 且 $x_A \succ_\varepsilon x_B$, 则 $x_A \succ x_B$ 未必成立.

证明: 为了证明该定理, 不妨取例来证明. 令 $f_i(x_A) = f_i(x_B) + 0.5\varepsilon_i, i = 1, 2, \dots, m$, 将该式代入等式(3), 化简得到 $0.5\varepsilon_i < \varepsilon_i, i = 1, 2, \dots, m$, 即对于任何 $\varepsilon > 0$, 等式(3)恒成立, 即有 $x_A \succ_\varepsilon x_B$. 但是, 把 $f_i(x_A)$ 代入等式(2), 化简得到 $\forall i = 1, 2, \dots, m, \varepsilon_i \leq 0 \wedge \exists j = 1, 2, \dots, m, \varepsilon_j < 0$, 与已知条件 $\varepsilon > 0$ 矛盾, 所以等式(2)不成立. 即由 $x_A \succ_\varepsilon x_B$ 无法推出 $x_A \succ x_B$. \square

由定理 1 和定理 2 可得, ε 支配是 Pareto 支配的松弛形式, 松弛的裕量是 $\varepsilon_i, i = 1, 2, \dots, m$. 结合这两种支配机制, 在 Pareto 支配的前提下再进行 ε 支配, 就给抗体的目标向量一个松弛裕量, 松弛裕量构成了抗体的目标生存空间, 抗体所有目标的松弛裕量构成一个空间超格, 每个超格内只允许一个抗体存在, 多余的抗体被删除. ε 支配机制已被认为是一种有效的多样性保持策略, 广泛应用于多目标优化领域^[6].

1.2 偏好关系模型

Jaszkiewicz 等学者提出了复杂的局部偏好关系模型^[17], 在该模型中, 需要决策者给出起始点 (aspiration point)、终止点 (reservation point)、无差别阈值向量 (indifference threshold)、偏好阈值向量 (preference threshold)、否决阈值向量 (veto threshold). 本文采用简化的局部偏好关系模型^[15], 如图 1 所示 (描述了超等级关系. ‘o’ 代表当前代的非支配抗体、中间抗体位于偏好方向和当前代 Pareto 最优前沿的交点. V1 和 V2 是对应目标函数的否决阈值), 需要决策者给出起始点、终止点和否决阈值向量. 起始点一般选取目标函数的最小值点, 终止点可以选取大于起始点的任何点, 这里采用抗体目标函数的最大值作为终止点^[18]. 起始点和终止点决定偏好方向, 离偏好方向最近的当前非支配解被称为最偏好解, 也称为中间抗体, 中间抗体可以用于衡量其他抗体是否满足偏好模型. 通过如下的加权切比切夫公式可以获取中间抗体:

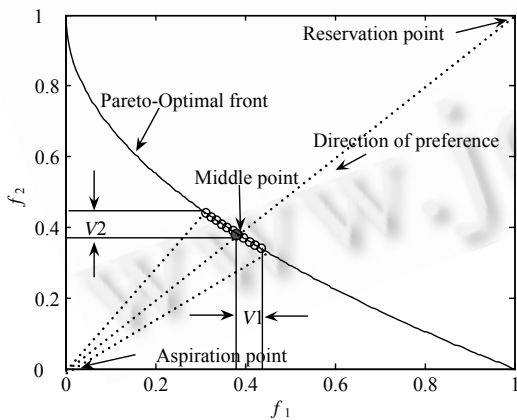


Fig. 1
图 1

定义 5(加权切比切夫公式). 假设 $x_A \in X_f$ 是式(1)所示多目标优化问题的任意可行抗体, $F(x_r) = [f_1(x_r), \dots, f_m(x_r)]$ 是给定的起始点 (图 1 中的 aspiration point), $F(x_r) = [f_1(x_r), \dots, f_m(x_r)]$ 是给定的终止点 (图 1 中的 reservation point), 满足 $f_j(x_r) > f_j(x_v), j = 1, 2, \dots, m$, 则有如下定义:

定义 5(加权切比切夫公式). 假设 $x_A \in X_f$ 是式(1)所示多目标优化问题的任意可行抗体, $F(x_r) = [f_1(x_r), \dots, f_m(x_r)]$ 是给定的起始点 (图 1 中的 aspiration point), $F(x_r) = [f_1(x_r), \dots, f_m(x_r)]$ 是给定的终止点 (图 1 中的 reservation point), 满足 $f_j(x_r) > f_j(x_v), j = 1, 2, \dots, m$, 则有如下定义:

$$d = \max \left\{ \lambda_j (f_j(x_A) - f_j(x_v)) \right\} + \rho \sum_{j=1}^m (f_j(x_A) - f_j(x_v)), \lambda_j = \frac{1}{f_j(x_r) - f_j(x_v)} \quad (4)$$

其中, ρ 是一个足够小的正实数, 取 10^{-6} . 对于当前代的每个非支配抗体, 通过等式(4)的加权切比切夫等式, 可以得到距离偏好方向(图 1 中的 direction of preference)的度量值 d , d 值最小的抗体就是中间抗体(图 1 中的 middle point). 利用中间抗体可以定义超等级偏好关系模型.

定义 6(Outrank关系模型). 假设 $x_A, x_C \in X_f$ 是式(1)所示问题的两个可行抗体, x_C 是中间抗体, 并且 x_A 和 x_C 互不支配对方, 则称为 x_A 超等级 x_C , 当且仅当 $m_v(x_A, x_C) = 0$, $m_v(x_A, x_C)$ 的定义如下:

$$m_v(x_A, x_C) = \text{card} \left\{ j : |f_j(x_A) - f_j(x_C)| \geq v_j, j = 1, \dots, m \right\} \quad (5)$$

上式中 card 表示集合的势, m_v 是指抗体 x_A 和 x_C 的目标函数差值的绝对值大于 v 的个数, 等式(5)定义的超等级关系可以用来衡量抗体 x_A 是否位于距离抗体 x_C 的偏好区域内. 如果 x_A 与 x_C 属于同一非支配等级, 并且 x_A 与 x_C 的所有目标函数差值不大于相应目标的否决阈值, 即满足等式(5)的集合的势为 0, 则 x_A 就超等级 x_C . 图 1 描述了满足超等级关系模型的抗体分布, middle point 是中间抗体, 其他以圆圈为标志的抗体为超等级中间抗体. 可以看出, 满足超等级关系的抗体位于偏好区域内, 并且这些抗体可以缩减估计 Pareto 前沿抗体的数目, 当目标维数增大时, 缩减的量是显著的, 这对于解决目标维数较高的多目标问题是有益的.

2 偏好等级免疫记忆克隆选择算法

2.1 偏好多目标优化

在数值优化过程中, 偏好信息分为先验、交互式和后验偏好. 后验偏好是指, 先搜索得到一组解, 然后提供给决策者选择, 多数进化多目标优化算法采用后验偏好^[19], 如: NSGA-II^[14], SPEA2^[20], PESA-II^[21]. 交互式偏好是指, 根据决策者提供的偏好信息, 在不同的搜索阶段, 选择个体以指导搜索过程. 迄今为止, 研究交互式偏好的文献较少^[19]. 先验偏好是指, 决策者预先给出偏好信息, 把决策者提供的偏好信息并入搜索过程, 设计算法找到一个或者数个满足偏好信息的解. 本文研究的基于偏好等级的免疫记忆克隆选择算法就是基于先验偏好信息的算法, 为了行文方便, 把先验偏好多目标优化简称为偏好多目标优化. 偏好多目标优化更适用于实际工程应用, 在实际工程中, 往往可以得到用户(决策者)的一些偏好信息, 根据这些偏好信息, 可以加速搜索过程, 节约计算资源. Shaw 和 Fleming 把目标信息并入适应度分配, 设计出基于目标增益的偏好多目标优化, 应用于生产调度问题^[22]. Pierro 等学者用偏好信息来区分不同的个体, 提出了偏好次序机制, 建立了基于偏好次序的非支配排序多目标优化^[23]. Cvetković 和 Parmee 研究了如何把不同的定性偏好关系用定量的方法表示, 采用不同的目标权值表示定性关系^[24]. Jaszkievicz 和 Slowinski 提出了基于光束搜索的偏好多目标组合优化算法, 定义了复杂的偏好关系模型, 应用于解决生产对 2 甲苯的动力学模型参数设置^[17]. Deb 和 Kumar 提出了基于偏好信息的非支配排序多目标优化算法, 应用于求解连续多目标优化问题^[15]. 现有的偏好多目标算法多采用加权的聚集函数值作为个体的适应度, 这些算法每次只能得到一个满足偏好信息的解, 不利于决策者的选择.

关于偏好信息的选择, 在实际应用中, 多根据决策者提供的实际要求和有关问题的一定先验. 在解决构造的测试函数时, 由于不能得到决策者的实际偏好信息, 往往采用假象的模式, 根据预先设定的偏好信息来研究算法的性能, 如文献[15]采用起始点、终止点和否决向量作为偏好信息.

2.2 偏好等级的定义

当多目标优化问题的目标维数增大时, 基于 Pareto 支配的非支配解急剧增加, 种群中几乎所有的解都互不支配. 在选择解时, 几乎所有的解都是平等的, 无法选择出较好的解, 导致算法不能够收敛^[1]. 为了解决上述问题, 本文引入了偏好等级. 假设 $x_C \in P^*$ 是根据式(4)求得的非支配抗体的中间抗体, 对于当前非支配抗体集 P^* 中的任意抗体 x_A 而言, 其偏好等级值定义为

$$Pr(x_A) = \max \left(|f_j(x_A) - f_j(x_C)| \right), j = 1, \dots, m \quad (6)$$

等式(6)定义的偏好等级可以反映出抗体离中间抗体的远近程度,图 1 中,一个抗体 x_A 离中间抗体(middle point)越近,那么它的偏好等级值越小,相反地,离中间抗体越远,其偏好等级值越大.该机制可以为抗体分配严格的偏序关系,也就是说,根据偏好等级,可以把非支配抗体严格地区分开来,有利于抗体的选择;另一方面,偏好区域内的抗体具有较高的优先选择权,有利于算法集中搜索有限的区域,减少Pareto前沿的搜索区域.并且,下文描述的基于偏好等级的克隆策略可以为等级值高的抗体比例分配更多的计算资源,增强选择压力,加速算法的收敛速率.需要注意的是,对于给定多偏好方向的问题,一个抗体的偏好等级值为所有偏好方向下的最小的等级值.

2.3 偏好等级免疫记忆克隆选择算法(PISA)

2.3.1 记忆抗体种群的建立和更新

生物免疫系统蕴含着丰富的信息处理机制.免疫记忆(immune memory)是免疫系统一个重要的特点,当机体接触过某种抗原后再次接触相同的抗原时,则抗体出现的潜伏期较初次应答明显缩短,抗体含量大幅度上升,而且维持时间长,这种当同一种抗原再次入侵机体时所引起的比初次免疫更强的、亲和度更高的抗体的现象称为免疫记忆.在第二代多目标优化算法中,基于外部种群策略被广泛采用,该策略类似免疫记忆操作,可以保证种群的多样性,保证进化过程不退化.在此,我们设计了基于免疫记忆种群(memory set,简称MS)来存储当前得到的非支配抗体.记忆种群的更新采用 ε 支配机制.

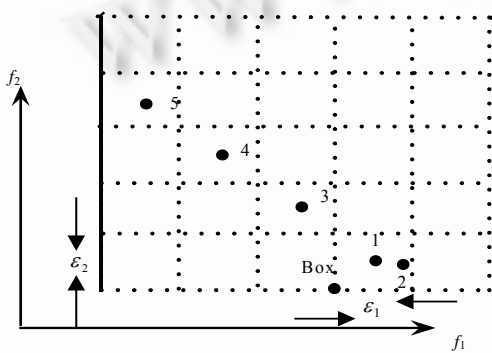


Fig.2 Diversity maintenance by ε dominance is illustrated for minimizing f_1 and f_2

图 2 ε 支配用于最小化问题中的多样性保持

ε 支配是一种松弛形式的支配机制,易于执行,已被广泛应用于多样性保持.对于 m 个目标函数的多目标优化问题,如果 $1 \leq f_i \leq K, i=1,2,\dots,m$, ε 支配把目标空间划分为 $((K-1)/\varepsilon)^m$ 个超格,每个超格内只存在一个抗体,多余的抗体被删除.图 2 是 ε 支配机制用于多样性保持的示例,具体操作见算法 1. ε 支配机制对于问题较为敏感,它会随着问题的不同而保留不同数目的抗体.但是,从实际应用角度来看,决策者无法预先知道问题的 Pareto 前沿几何分布形式,如果两个抗体的某个目标值小于一个值,在该目标下,这两个抗体可能对决策者来说是没有区别的,此时,采用 ε 支配机制是比较合适的.为了能够给决策者提供满足这种情况的决策权利,我们采用 ε 支配机制来保留种群的多样性.在实际应用中,决策者可以动态地控制 ε 向量的取值.

为抗体分配辨识向量是较为简单的划分抗体生存空间的方法^[25],一个抗体 $x_A \in X_f$ 的辨识向量定义为 $B(x_A) = (B_1(x_A), B_2(x_A), \dots, B_m(x_A))$, 其中, $B_i(x_A) = \lfloor f_i(x_A) / \varepsilon_i \rfloor, i=1,2,\dots,m$. 算法 1 是 PISA 的记忆种群更新操作,当前记忆抗体种群表示为 $MS(t) = (m_1, m_2, \dots, m_{nm})$, nm 是其大小.

算法 1. 记忆抗体种群更新操作.

第 1 步.如果当前是第一代,则从初始种群中选取非支配抗体,赋给 $MS(t)$;否则,从当前种群的非支配抗体和 $MS(t-1)$ 中选择非支配抗体,赋给 $MS(t)$.然后,给 $MS(t)$ 中的抗体分配辨识向量 B .

第 2 步.依据记忆抗体种群 $MS(t)$ 中抗体的辨识向量,找到辨识向量相同的抗体.辨识向量相同的抗体表明它们位于同一超格内,如图 2 中的抗体 1 和抗体 2.对于每一组辨识向量相同的抗体,计算它们的目标函数向量距离共同的辨识向量的欧式距离,距离值小的抗体被保留下来,其他的抗体被删除.图 2 中,抗体 1 距离 box 较近,抗体 2 被删除.

第 3 步.根据等式(4),计算当前记忆种群的中间抗体,再根据等式(5),找到当前记忆种群中超等级中间抗体的所有抗体,这些抗体被保留下来,不满足超等级关系的抗体从记忆种群中删除.

2.3.2 抗体克隆操作

细胞的无性繁殖称为克隆.当抗原侵入机体内,免疫系统中选择出能够识别和消灭相应抗原的免疫细胞,并使这些细胞进行激活、分化和增值,进行免疫应答以最终清除抗原,这就是克隆选择.基本克隆选择过程如下面的公式所示:

$$A(t) \xrightarrow{\text{克隆操作C}} A'(t) \xrightarrow{\text{抗体亲和度成熟操作M}} A''(t) \xrightarrow{\text{抗体选择操作S}} A(t+1) \quad (7)$$

受免疫响应中多样性抗体共生、少数抗体激活的启发,本文从非支配抗体种群中选取一部分活性抗体进行克隆,表示为 $A(t) = (a_1, \dots, a_{na})$.非支配活性抗体的选择标准是等式(6)定义的偏好等级,该值小的抗体具有优先的选择权,具体操作在第 2.3.4 节中给出.克隆增值操作 C 表示为

$$C(a_1, a_2, \dots, a_{na}) = C(a_1), C(a_2), \dots, C(a_{na}) = (a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{p_1}), (a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{p_2}), \dots, (a_{na}^1, a_{na}^2, \dots, a_{na}^{p_{na}}) \quad (8)$$

记 $A'(t) = (a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{p_1}), (a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{p_2}), \dots, (a_{na}^1, a_{na}^2, \dots, a_{na}^{p_{na}})$, $C(a_i) = (a_i^1, a_i^2, \dots, a_i^{p_i})$, $a_i^j = a_i$, $j = 1, 2, \dots, p_i$, $i = 1, 2, \dots, na$, p_i 是每个抗体获得比例克隆的大小,它是根据下面等式计算得到的:

$$p_i = \left\lceil \frac{1/Pr(a_i)}{\sum_{j=1}^{na} (1/Pr(a_j))} \times N \right\rceil \quad (9)$$

$Pr(a_i)$ 是抗体 a_i 根据等式(6)计算得到的值, N 是抗体克隆的规模, $\lceil \cdot \rceil$ 表示向上取整.克隆大小为 1 时,即 $p_i=1$,表明不对该抗体克隆.由等式(9)可知,抗体离中间抗体越近,其偏好等级值越小,该抗体克隆的规模就越大,这样,在否决阈值内的抗体获得更多的增值机会,算法收敛的区域就能集中于偏好区域,加快收敛速度.注意,中间抗体称为最偏好抗体,通过等式(6)计算得到的偏好等级值是 0,在基于偏好等级值的比例克隆时,其克隆的规模为无穷大,为消除这种影响,设定它的偏好等级值为其他抗体偏好等级值的最小值的 1/2,表示中间抗体被分配最高的偏好等级,也获得最大的克隆规模.

2.3.3 抗体亲和度成熟操作

克隆操作中,父代和子代只有信息的简单复制,而没有不同信息的交流,所以,为了促进抗体种群的进化,还需要对克隆后的抗体进行亲和度成熟操作:

$$M(a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{p_1}), M(a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{p_2}), \dots, M(a_{na}^1, a_{na}^2, \dots, a_{na}^{p_{na}}) = (a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{p_1}), (a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{p_2}), \dots, (a_{na}^1, a_{na}^2, \dots, a_{na}^{p_{na}}) \quad (10)$$

记 $A''(t) = (a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{p_1}), (a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{p_2}), \dots, (a_{na}^1, a_{na}^2, \dots, a_{na}^{p_{na}})$, $M(a_i)$ 表示对抗体 a_i 亲和度成熟操作,操作之后的抗体记为 a_i' , $i = 1, 2, \dots, na$.在免疫学中,抗体的亲和度成熟操作往往采用超变异,所谓超变异,就是对每一个抗体的某些基因位点进行变异,其变异的策略可以选择均匀变异、高斯变异、柯西变异以及非一致性变异^[26].本文打破传统人工免疫系统中抗体亲和度成熟的观念,把遗传算法中的重组算子也引进来,采用多目标优化领域中公认的模拟二进交叉(SBX)和多项式变异(PM)^[14].实验部分给出了有SBX的PISA和没有SBX的PISA的实验对比.SBX交叉的定义如下:

$$a'_{ik} = \begin{cases} 0.5[(1 + \beta_k)a_{ik} + (1 - \beta_k)a_{jk}], & \text{if } r(0,1) \geq 0.5 \\ 0.5[(1 - \beta_k)a_{ik} + (1 + \beta_k)a_{jk}], & \text{if } r(0,1) < 0.5 \end{cases} \quad (11)$$

其中,

$$\beta_k = \begin{cases} (2u)^{\frac{1}{\eta_c + 1}}, & \text{if } u(0,1) \leq 0.5 \\ [2(1-u)]^{-\frac{1}{\eta_c + 1}}, & \text{if } u(0,1) > 0.5 \end{cases} \quad (12)$$

$a_{ik}, a_{jk}, i \neq j, k = 1, 2, \dots, n$ 均是克隆之后得到的抗体的第 k 个决策变量, a_{ik} 交叉之后的取值表示为 a'_{ik} . r 和 u 均是 $(0,1)$ 之间高斯分布的随机数, η_c 是交叉指标参数.多项式变异的定义如下所示:

$$a'_{ik} = a_{ik} + (a_k^u - a_k^l) \delta_k, \text{ 其中, } \delta_k = \begin{cases} (2r_k)^{\frac{1}{\eta_m+1}}, & \text{if } r_k(0,1) < 0.5 \\ 1 - [2(1-r_k)]^{\frac{1}{\eta_m+1}}, & \text{if } r_k(0,1) \geq 0.5 \end{cases} \quad (13)$$

上式中, a_k^u 和 a_k^l 分别表示所有抗体的第 k 个决策变量的最大和最小值, r_k 是 $(0,1)$ 之间高斯分布的随机数, η_m 是变异指标参数. 交叉操作是完成信息之间的交换, 变异操作是对抗体的自适应微调. 当把等式(11)代入 $a'_{ik} - a_{ik}$, 化简得到下式:

$$a'_{ik} - a_{ik} = \begin{cases} 0.5(1-\beta_k)(a_{jk} - a_{ik}), & \text{if } r(0,1) \leq 0.5 \\ 0.5(1+\beta_k)(a_{jk} - a_{ik}), & \text{if } r(0,1) > 0.5 \end{cases} \quad (14)$$

随着抗体种群的进化, $0.5(1-\beta_k)$ 和 $0.5(1+\beta_k)$ 均为常数, 则 $a'_{ik} - a_{ik}$ 与 $a_{jk} - a_{ik}$ 成比例, 即新抗体变化的量与种群中抗体的差别成比例, 这种机制表现出交叉算子的随着抗体种群进化的自适应性收敛性. 本文中把交叉和变异统称为抗体的重组操作, 也称为抗体的亲和度成熟操作.

2.3.4 抗体选择操作

抗体选择操作是从克隆操作和亲和度成熟操作之后的抗体种群中选择出来亲和度最好的抗体. 本文中, 从当前代抗体种群和外部记忆抗体种群中选择出非支配抗体, 如果非支配抗体数目小于抗体种群的大小 N , 则所有非支配个体都被选中; 否则, 利用等式(6), 从非支配个体中选择出 N 个偏好等级值小的抗体, 该操作记为 S .

$$S\left\{\left(a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{p_1}\right), \left(a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{p_2}\right), \dots, \left(a_{na}^1, a_{na}^2, \dots, a_{na}^{p_{na}}\right)\right\} + S(MS(t-1)) = (a''_1, a''_2, \dots, a''_{nm}) \quad (15)$$

集合 $(a''_1, a''_2, \dots, a''_{nm})$ 表示经过抗体选择操作 S 得到的非支配抗体, nm 是当前非支配抗体的大小. 非支配活性抗体的构建是为了下一代克隆的需要, 这里选取 na 个偏好等级值小的抗体作为非支配活性抗体. 非支配活性抗体的选择操作记为 SA .

$$A(t+1) = SA(a''_1, a''_2, \dots, a''_{nm}) \quad (16)$$

2.3.5 偏好等级免疫记忆克隆选择算法

受免疫响应中多样性抗体共生、少数抗体激活的启发, 结合有偏好多目标优化的特点, 利用前面设计的抗体记忆种群更新操作、抗体克隆操作、抗体亲和度成熟操作和抗体选择操作, 提出了偏好等级免疫记忆克隆选择算法(PISA), 其流程如下:

算法 2. 偏好等级免疫记忆克隆选择算法.

第 1 步. 设定最大的进化代数 $\max g$, ε 的取值, 非支配活性抗体种群 $A=(a_1, \dots, a_{na})$, na 是非支配活性抗体种群的大小, N 是克隆规模; 初始化变量 $t=1$, 初始化抗体种群, 记忆种群初始化为空, 计算初始抗体种群中的非支配抗体, 利用等式(16)构建非支配活性抗体种群 $A(t)=(a_1, \dots, a_{na})$.

第 2 步. 对非支配活性抗体种群 $A(t)=(a_1, \dots, a_{na})$ 进行克隆操作 $A'(t)=C(A(t))$.

第 3 步. 对克隆之后的抗体种群 $A'(t)$ 运用模拟二进制交叉和多项式变异进行亲和度成熟操作 $A''(t)=M(A'(t))$.

第 4 步. 对亲和度成熟操作后的抗体种群 $A''(t)$ 进行抗体选择操作 $S(A''(t))$ 和非支配活性抗体选择操作 $A(t+1)=SA(A''(t))$.

第 5 步. 调用算法 1, 更新当前记忆抗体种群. 判断 t 是否满足达到最大进化代数 $\max g$, 如果满足, 则输出记忆抗体种群; 否则, 令 $t=t+1$ 转向第 2 步.

2.3.6 PISA 的算法性能分析

记忆抗体种群的建立保证了进化过程的不退化. 从前一代的最优抗体和外部记忆抗体中选择出非支配活性抗体, 作为下一代的初始抗体种群, 有助于加快收敛速度; 记忆抗体种群的更新采用 ε 支配机制, 在一定程度上可以保证抗体的多样性. 此外, ε 支配计算复杂度低, 易于理解, 并且, 决策者可以根据实际需要来设定空间超格的大小.

受免疫响应中多样性抗体共生、少数抗体激活的启发, 选取非支配抗体中离中间抗体近的抗体作为非支配

活性抗体,然后采用基于偏好等级的非支配活性抗体克隆选择操作,这样偏好区域内的抗体获得更多的增值机会,增大了选择压力,加快了进化过程.此外,本算法只需区分非支配抗体,无须进行复杂的非支配抗体排序^[14],算法的复杂度较低,更加适合于实时操作.

经典的人工免疫算法多采用超变异用于抗体的亲和度成熟操作,有些学者已经提出,重组操作不应该被人工免疫算法拒之门外^[4].本文采用模拟二进交叉和多项式变异用于抗体的亲和度成熟操作,实验部分会证实这种策略是有益的.

2.3.7 PISA 的算法复杂度分析

重新交代一下要用到的参数: m 是目标函数的个数,当前非支配抗体的数目为 nm ,非支配活性抗体的大小为 na ,初始抗体种群大小和克隆规模为 N ,记忆抗体种群大小为 nm .

在每一代,算法 1 中第 1 步从初始抗体种群计算非支配抗体的时间复杂度为 $O(N^2)$,为抗体分配辨识向量的最坏时间复杂度是 $O(m(N+nm))$;算法 1 中第 2 步寻找辨识向量相同抗体的最坏时间复杂度是 $O((nm)\log(nm))$;算法 1 中第 3 步删除多余抗体的时间复杂度是 $O(nm)+O(m\times nm)\log(m\times nm)$.算法 2 中第 1 步中抗体初始化操作的时间复杂度是 $O(N)$,计算非支配活性抗体的最坏时间复杂度是 $O(N^2)+O(N\log(N))$;算法 2 中给抗体分配偏好等级值的最坏时间复杂度为 $O(N+nm)$;算法 2 中对非支配活性抗体进行克隆增值操作的时间复杂度是 $O(N)$;算法 2 中对克隆后抗体的亲和度成熟操作的时间复杂度是 $O(N)$;算法 2 中计算当前代抗体种群和记忆抗体种群中的非支配抗体的时间复杂度为 $O((N+nm)^2)$;算法 2 寻找非支配活性抗体操作的时间复杂度是 $O(nm)+O(m\times nm)\log(m\times nm)$.因此,在每一代的最坏时间复杂度是

$$O((N+nm)^2)+O(N^2)+O(N\log(N))+O(m(N+nm))+O(nm)+O(m\times nm)\log(m\times nm)+O(N),$$

根据符号‘ O ’的意义,上式简化为 $O((N+nm)^2)$.这表明,在每一代,计算非支配抗体的时间复杂度支配着整个算法的时间复杂度.在后面的实验中,我们会给出具体而直观的运行时间.

3 实验仿真

3.1 度量标准

为了衡量一种多目标算法的性能,必须度量该算法得到抗体的收敛性和多样性.本文采用世代距离(generation distance,简称GD)^[27]、间距(spacing,简称S)^[28]和超体积(hypervolume,简称HV)^[29]来反映抗体的这两种属性.

世代距离用来评价所得的Pareto-前端(PF_{known})与最优Pareto-前端(PF_{true})之间的间隔距离,计算公式如下:

$$GD = \left(\frac{1}{n_{PF}} \sum_{i=1}^{n_{PF}} d_i^2 \right)^{0.5} \quad (17)$$

其中, n_{PF} 是 PF_{known} 中抗体的个数, d_i 是 PF_{known} 中第 i 个抗体与 PF_{true} 中最近抗体的目标函数向量的欧式距离.一般而言,世代距离越小,表明一个算法得到的抗体集就越接近于最优Pareto前端.

间距度量指标用于衡量 PF_{known} 上抗体分布的均匀性,其定义如下:

$$S \cong \sqrt{\frac{1}{n_{PF}-1} \sum_{i=1}^{n_{PF}} (\bar{d} - d_i')^2} \quad (18)$$

其中, $\bar{d} = \frac{1}{n_{PF}} \sum_{i=1}^{n_{PF}} d_i'$, n_{PF} 为 PF_{known} 上抗体的数目. d_i' 为 PF_{known} 上的第 i 个抗体与 PF_{known} 中最近的抗体之间的欧式距离.如果 $S=0$,则表示 PF_{known} 中的所有抗体呈均匀分布;相反, S 越大表明解分布越不均匀.

超体积用来计算由所得的支配抗体在目标域所覆盖的体积,其定义如下:

$$HV \cong \text{volume} \left(\bigcup_{i=1}^{n_{PF}} v_i \right) \quad (19)$$

其中, n_{PF} 为 PF_{known} 上抗体的数目, v_i 是由抗体 i 和参考点所形成的超体积.这里选取文献[29]中定义的超体积度量,参考点选取目标函数的最小值.当两个解集的世代距离相等时,超体积度量值大的解集的多样性保持较好.

3.2 测试函数

本文选取了 6 个两目标的测试函数和 2 个可扩展为高维目标的 DTLZ 问题. 这些测试问题已被一些文献多次引用^[14,20,21], 表明这些函数可以有效地衡量一个多目标算法的性能. SCH 是比较简单的两目标优化问题^[30]. 接下来的 5 个 ZDT 问题是 Zitzler 等学者提出的较为复杂的两目标优化问题^[31]. SCH 和 ZDT3 的最优 Pareto 前沿是非连续的, 选取这两个问题是为了测试算法在间断区域的鲁棒性和稳定性; ZDT1 和 ZDT2 的 Pareto 前沿分别是凸的和非凸的, 它们的决策变量维数均为 30; ZDT4 具有很多局部 Pareto 最优前沿, 多用于测试算法的收敛性; ZDT6 具有非均匀分布的 Pareto 最优前沿, 多用于测试算法的均匀性. 最后的两个 DTLZ2 和 DTLZ3 问题由 Deb 等学者提出, 可以扩展为不同目标的多目标优化问题^[32]. 为了衡量算法的扩展性能, 我们测试了高达 8 目标 DTLZ2 和 DTLZ3 问题. 关于这些测试函数的 Pareto 最优前沿可以参看 Coello 等学者建立的多目标优化的网站 (<http://www.lania.mx/~ccoello/EMOO/>). 这些测试函数的数学定义见表 1.

Table 1 Test instances

表 1 测试函数

Test problems	Number of variables	Variable boundary	Objective functions (minimize)
SCH	1	[-5,10]	$f_1(x) = \begin{cases} -x, & \text{if } x \leq 1 \\ -2 + x, & \text{if } 1 < x < 3 \\ 4 - x, & \text{if } 3 < x \leq 4 \\ -4 + x, & \text{if } x > 4 \end{cases}, f_2(x) = (x-5)^2$
ZDT1	30	[0,1]	$f_1(x) = x_1, f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{x_1/g(x)} \right],$ $g(x) = 1 + 9 \left(\sum_{i=2}^n x_i \right) / (n-1)$
ZDT2	30	[0,1]	$f_1(x) = x_1, f_2(x) = g(x) \left[1 - (x_1/g(x))^2 \right],$ $g(x) = 1 + 9 \left(\sum_{i=2}^n x_i \right) / (n-1)$
ZDT3	30	[0,1]	$f_1(x) = x_1, f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{x_1/g(x)} - \frac{x_1}{g(x)} \sin(10\pi x_1) \right],$ $g(x) = 1 + 9 \left(\sum_{i=2}^n x_i \right) / (n-1)$
ZDT4	10	$x_1 \in [0,1]$ $x_i \in [-5,5]$ $i = 2, \dots, n$	$f_1(x) = x_1, f_2(x) = g(x) \left[1 - \sqrt{x_1/g(x)} \right],$ $g(x) = 1 + 10(n-1) + \sum_{i=2}^n [x_i^2 - 10 \cos(4\pi x_i)]$
ZDT6	10	[0,1]	$f_1(x) = 1 - \exp(-4x_1) \sin^2(6\pi x_1), f_2(x) = g(x) \left[1 - (x_1/g(x))^2 \right],$ $g(x) = 1 + 9 \left(\left(\sum_{i=2}^n x_i \right) / (n-1) \right)^{0.25}$
DTLZ2	$k + \mathbf{x} - 1$	[0,1]	$f_1(x) = (1 + g(x_k)) \cos(x_1\pi/2) \cos(x_2\pi/2) \dots \cos(x_{k-2}\pi/2) \cos(x_{k-1}\pi/2)$ $f_2(x) = (1 + g(x_k)) \cos(x_1\pi/2) \cos(x_2\pi/2) \dots \cos(x_{k-2}\pi/2) \sin(x_{k-1}\pi/2)$ \vdots $f_{k-1}(x) = (1 + g(x_k)) \cos(x_1\pi/2) \sin(x_2\pi/2)$ $f_k(x) = (1 + g(x_k)) \sin(x_1\pi/2)$ <p>where $g(x_k) = \sum_{x_i \in X_k} (x_i - 0.5)^2$</p>
DTLZ3	$k + \mathbf{x} - 1$	[0,1]	$f_1(x) = (1 + g(x_k)) \cos(x_1\pi/2) \cos(x_2\pi/2) \dots \cos(x_{k-2}\pi/2) \cos(x_{k-1}\pi/2)$ $f_2(x) = (1 + g(x_k)) \cos(x_1\pi/2) \cos(x_2\pi/2) \dots \cos(x_{k-2}\pi/2) \sin(x_{k-1}\pi/2)$ \vdots $f_{M-1}(x) = (1 + g(x_k)) \cos(x_1\pi/2) \sin(x_2\pi/2)$ $f_M(x) = (1 + g(x_k)) \sin(x_1\pi/2)$ <p>where $g(x_k) = 100 \left[x_k + \sum_{x_i \in X_k} ((x_i - 0.5)^2 - \cos(20\pi(x_i - 0.5))) \right]$</p>

3.3 实验设置

本文选取文献[15]中的算法作为比较算法.在实验中,首先测试了两目标问题,然后研究了目标维数较高的 DTLZ2 和 DTLZ3 问题.对于两目标问题,抗体种群大小是 100,非支配活性抗体种群的大小是 20,进化代数是 200;模拟二进交叉中,交叉概率 $pc=1$, $\eta_c=15$.多项式变异中,变异概率 $pm=1/n$, $\eta_m=20$.起始点向量、终点向量、否决向量和 ϵ 向量的取值见表 2.这些取值是决策者给出的偏好信息,当然,这些参数的取值可以随着问题和决策者的偏好来设定,本文给定的值是为了说明基于偏好信息的克隆选择机制的有效性,可以参考文献[15,16,18].此外,为了比较的公平性,文献[15]中的算法也采用相同大小的外部种群(表 2 中最后一行).

Table 2 Tuned parameter values

表 2 参数值设定

Test problems	SCH	ZDT1	ZDT2	ZDT3	ZDT4	ZDT6
Aspiration points	[-1,0]	[0,0;0,0]	[0,0]	[0,0]	[0,0]	[0,0;0,0;0,0]
Reservation points	[1,4]	[1,1;1,2]	[1,1]	[0.5,1]	[1,1]	[0.3,1;1,1;1,0.23]
Veto threshold	[0.051,0.05]	[0.05,0.05]	[0.05,0.05]	[0.05,0.05]	[0.05,0.05]	[0.05,0.05]
ϵ points	[0.001,0.001]	[0.003,0.003]	[0.002,0.002]	[0.001,0.001]	[0.002,0.002]	[0.002,0.002]
Number of solutions	50	50	50	20	50	50

3.4 实验测试结果与分析

图 3 中是两目标的 ZDT1 的结果(左图是有两个偏好方向的 ZDT1 问题的结果.右图是给定不同的否决阈值的 ZDT1 问题的结果.两图中的 Pareto 最优前端上的黑色空心圆圈是 PISA 得到的抗体群).30 变量的 ZDT1 问题的 Pareto 最优前沿是凸的.图 3 的左图是有两个偏好方向的 ZDT1 的结果,右图是在给定不同的否决阈值向量下 ZDT1 问题的结果.左图中,两个或者更多的偏好方向表明决策者暂时还不能给出具体而明确的先验偏好方向信息,或者决策者需要调查在多个偏好方向下的抗体分布的情况.右图中,调查了不同的否决阈值向量对 PISA 的影响,可以看出,否决阈值向量越大,PISA 得到的偏好区域越宽广,表明否决门槛越宽松,这对应着决策者在这个偏好方向下还不能给出严格的偏好信息.相反地,否决阈值向量越小,PISA 得到的偏好区域越窄,表明否决门槛比较严格,这对应着决策者在此偏好方向下可以给出更加具体的偏好信息.

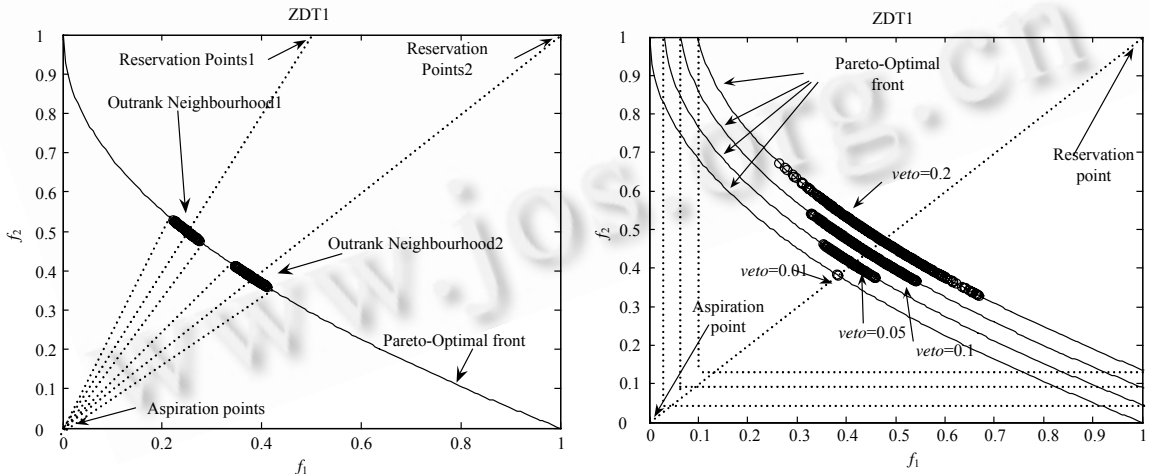


Fig.3
图 3

图 4 中的左图是有 3 个偏好方向的 ZDT6 的结果,右图是不同取值的 ϵ 向量条件下 ZDT6 问题的结果(左图是有 3 个偏好方向的 ZDT6 的结果.右图是在不同的 ϵ (图中的epsilon)取值的条件下 ZDT6 的结果.两图中的 Pareto 最优前沿端上的黑色空心圆圈是 PISA 得到的抗体群).从左图可以看出,PISA 对于多个偏好方向的问题能够较好地收敛到 Pareto 最优前沿,并且在每个偏好方向下,PISA 得到的是一组抗体,而不是一个抗体,这给决策者提供

了更多的选择机会,因为决策者在进化的初始阶段可能不知道要得到具体的那个抗体,而是满足一个模糊先验条件下的一些抗体,等到最终结果求出来,决策者才能做出明确的选择.图 4 中的右图调查了不同的 ϵ 取值对 PISA 的影响,可以看出,在否决向量取值为 $[0.2, 0.2]$, 初始点为 $[0, 0]$, 终止点为 $[1, 1]$ 的条件下, ϵ 向量中元素分别取 0.00 1, 0.02, 0.05 时 PISA 得到的 Pareto 抗体群的结果.可以看出, ϵ 向量中元素的取值越大,得到的抗体越稀疏. ϵ 向量的取值给定了抗体的生存区间,在该区间内只能有一个抗体存活.在 Jaszkiewicz 等学者提出的局部偏好关系模型中^[17],他们给定了无差别阈值向量(indifference threshold),该向量定义为两个抗体的每个目标函数差值都小于该向量对应的目标函数值,这两个抗体对决策者来说是没有区别的.当然,决策者可以根据问题的精度需要来设定不同取值的无差别阈值向量.通过比较可以看出, PISA 中采用的 ϵ 支配机制类似于文献[17]中的无差别阈值向量,而 PISA 的局部偏好模型比文献[17]中的模型更加简单.此外,从图 4 中的右图还可以看出, ϵ 支配机制可以在一定程度上较好地保持抗体分布的均匀性.

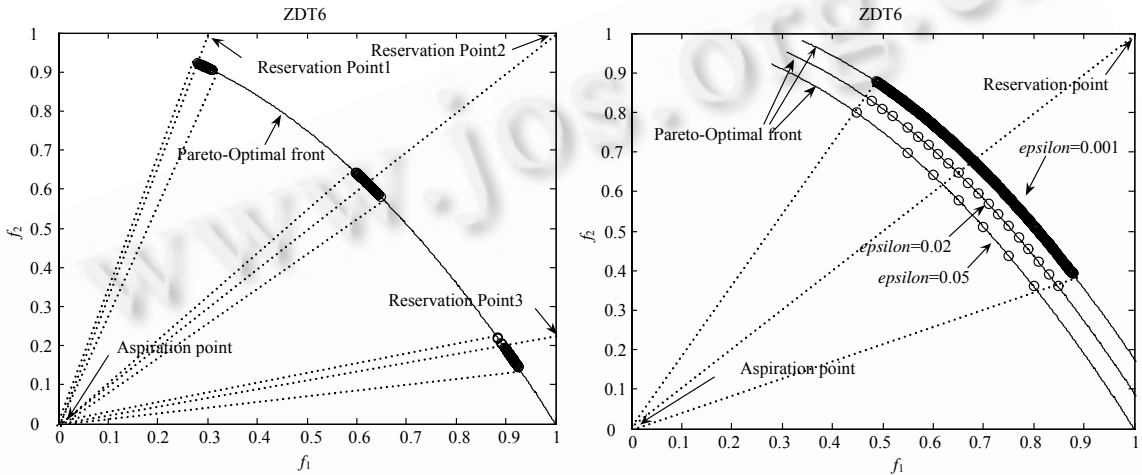


Fig.4
图 4

图 5 中的左图是 SCH 结果,在给定的偏好方向上不存在 Pareto 最优抗体(左图和右图分别是 SCH 和 ZDT3 的结果,它们在给定的偏好方向上不存在 Pareto 最优抗体.两图中的 Pareto 最优前沿端上的黑色空心圆圈是 PISA 得到的抗体群).从图中可以看出,在 SCH 问题的 Pareto 最优前沿端上有一个不连续的区域,而给定的偏好方向直线位于该不连续区域之内,这给问题的求解带来困难.而 PISA 能够自动寻找离偏好方向直线较近的抗体,并在该抗体周围进行搜索.同理,图 5 中的右图是 ZDT3 的结果,在给定的偏好方向上不存在 Pareto 最优抗体,离该偏好方向直线最近的 Pareto 抗体被选作中间抗体(middle point),超等级(outrank)中间抗体的抗体作为满足偏好的抗体群.从图中可以看出, PISA 对于不连续的偏好多目标问题也能够较好地找到一组满足偏好的抗体群,表明了 PISA 算法的鲁棒性和稳定性.

为了测试 PISA 的相对性能,我们选取了其他基于偏好的多目标优化算法与 PISA 对比.文献[15]中, Deb 等学者提出了基于光束搜索的非支配排序多目标优化算法(ibsNSGA-II),用于解决有连续多目标优化问题.在此,我们选取 ibsNSGA-II 作为比较算法,实验参数设置与表 2 的相同的实验结果(如图 6 所示)是 30 次独立实验的统计盒须图分布.盒须图是经济学领域的统计分析的有效工具.盒须图中的凹口可以有效地估计样本分布的中位数,这些中位数可以描述样本的统计平均分布,而“+”和盒须图分布的长短可以有效地描述样本分布的稳定性.注意,在图 6 中,横坐标上的“1”表示算法 PISA,“2”表示 ibsNSGA-II.

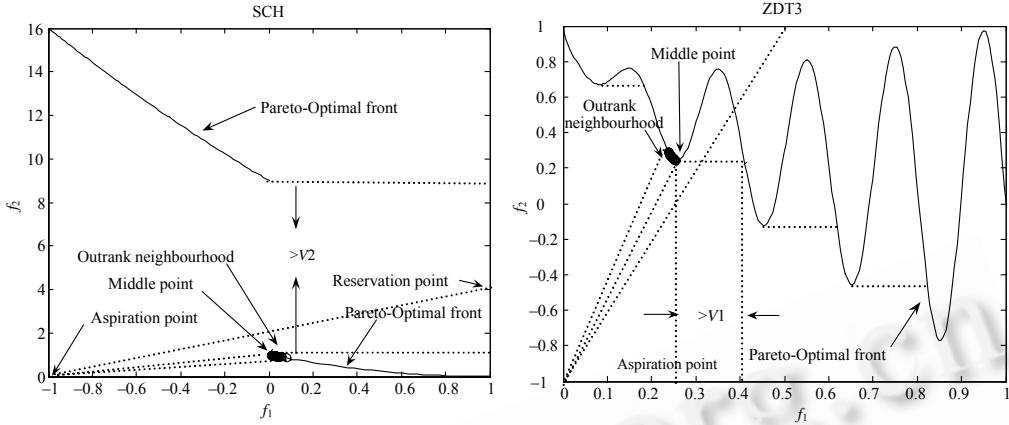


Fig.5

图 5

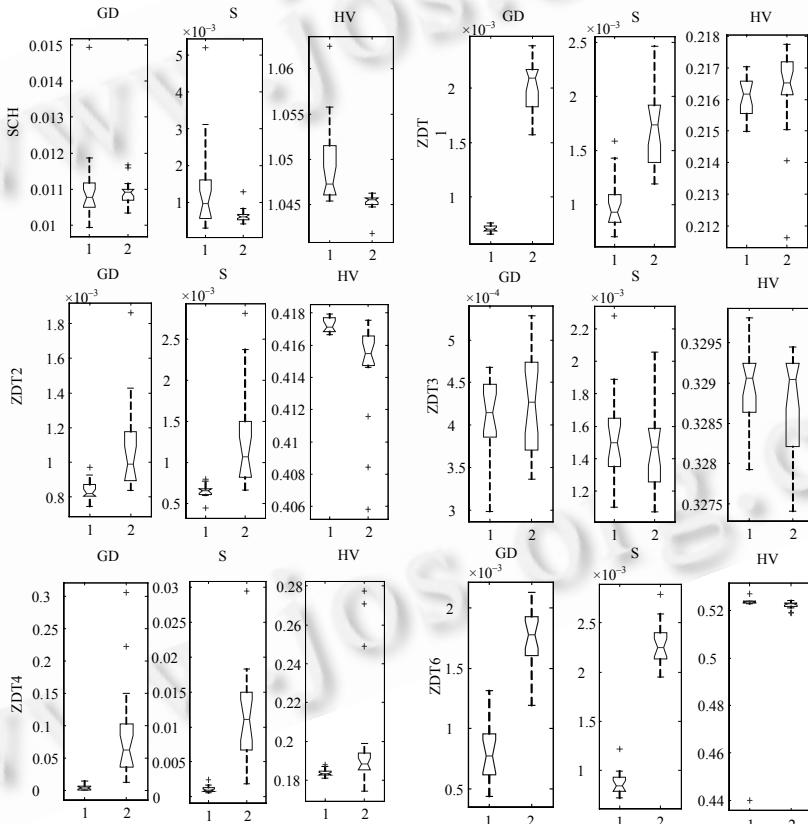


Fig.6 Statistical values of generation distance (GD), spacing (S) and hypervolume (HV) obtained by PISA (“1”) and lbsNSGA-II (“2”) in solving SCH, ZDT1, ZDT2, ZDT3, ZDT4 and ZDT6. Box plots are used to illustrate the distribution of these experimental results

图 6 PISA(“1”)和 lbsNSGA-II(“2”)解决 SCH,ZDT1,ZDT2,ZDT3,ZDT4 和 ZDT6 的实验结果的世代距离、间距和超体积的统计盒图分布

由图 6 可知,PISA 和 lbsNSGA-II 对 ZDT3 的实验结果接近,对于其他问题,二者差距相对明显.如果考虑世代距离度量和间距度量,PISA 对于 ZDT1,ZDT2,ZDT4 和 ZDT6 的实验结果分别优于 lbsNSGA-II,而 lbsNSGA-II

对于 SCH 的间距度量优于 PISA;如果考虑超体积度量,PISA 对于 SCH,ZDT2 和 ZDT6 的实验结果较好,而 lbsNSGA-II 对于 ZDT1 和 ZDT4 的实验结果较好.为了比较算法的进化过程(running performance),我们每隔 20 代对进化过程采样 1 次(当总进化代数是 200 代,有 10 个采样点时),实验结果采用 30 独立实验的统计均值和方差,实验结果以误差条(errorbar)的形式给出,中心是均值,上下波动的范围是方差.实验结果如图 7 和图 8 所示.注意,图 7 和图 8 中的横坐标下方:Number of function evaluations($\times 10000$)表示横坐标的数量级在 10 000.

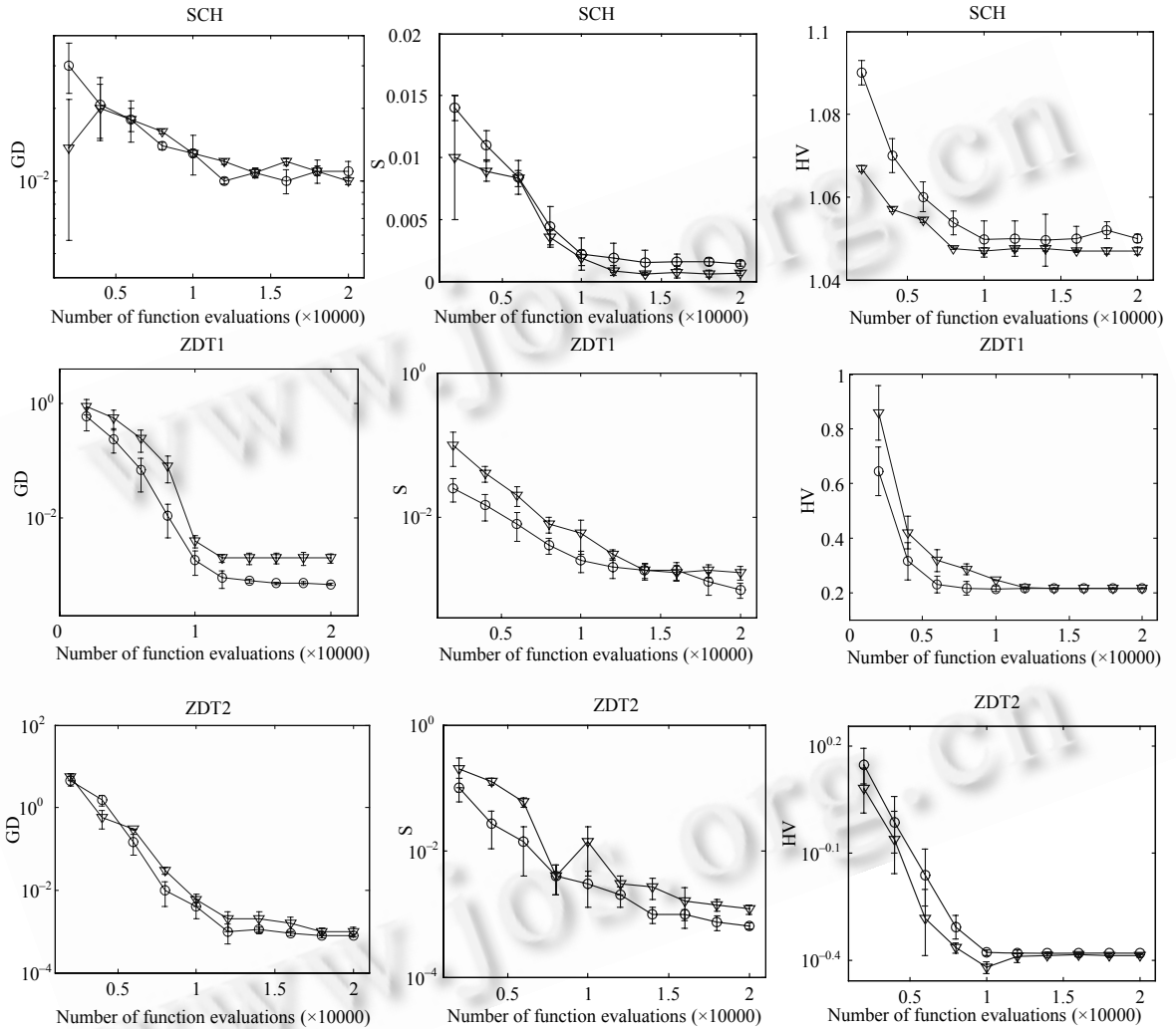


Fig.7 Obtained errorbars of GD, S and HV at every 20 generation on SCH, ZDT1 and ZDT2 respectively are shown here. The line with circle are the errorbars of PISA; the line with down triangle (∇) are the errorbars of lbsNSGA-II

图 7 SCH,ZDT1 和 ZDT2 每隔 20 代得到的世代距离、间距和超体积的误差条进化曲线.有圆圈标识的曲线是 PISA 得到的进化曲线;有下三角(∇)标识的是 lbsNSGA-II 得到的进化曲线

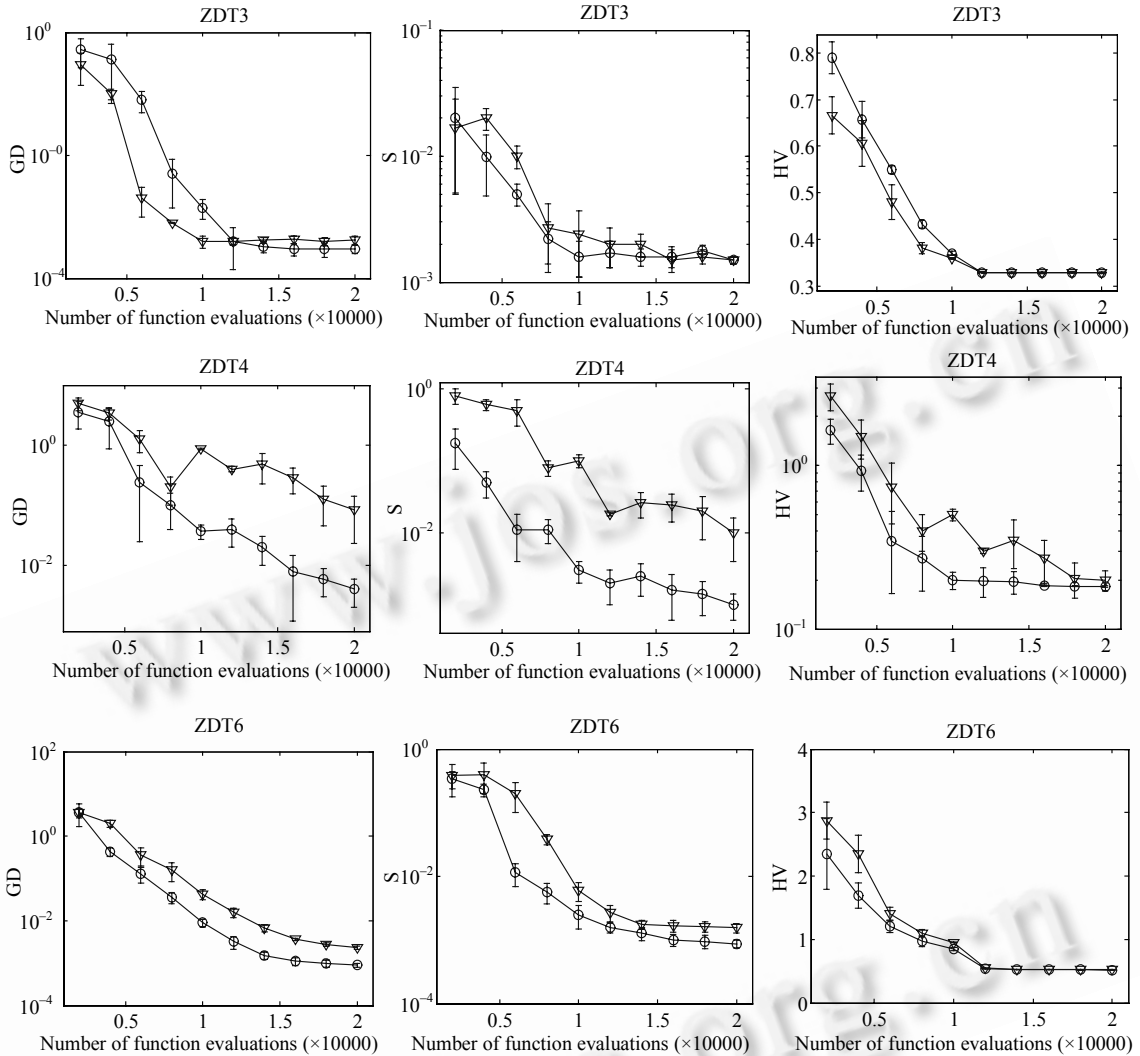


Fig. 8 Obtained errorbars of GD, S and HV at every 20 generations on ZDT3, ZDT4 and ZDT6 respectively are shown here. The line with circle are the errorbars of PISA; the line with down triangle (∇) are the errorbars of lbsNSGA-II

图 8 ZDT3, ZDT4 和 ZDT6 每隔 20 代得到的世代距离、间距和超体积的误差条进化曲线。有圆圈标识的曲线是 PISA 得到的进化曲线;有下三角(∇)标识的是 lbsNSGA-II 得到的进化曲线

图 7 和图 8 分别是 PISA 和 lbsNSGA-II 解决 SCH, ZDT1, ZDT2, ZDT3, ZDT4 和 ZDT6 问题得到的每 20 代采样之后的世代距离、间距和超体积的均值和方差进化对比曲线。考虑世代距离和间距度量,对于 ZDT1, ZDT2, ZDT4, ZDT6 问题,带有圆圈标识的曲线上抗体的取值整体上比带有下三角标识的曲线上抗体的取值要小,并且上下波动范围小,这说明 PISA 进化速率更快,收敛性较好,抗体分布较均匀,算法稳定性好;lbsNSGA-II 对于 SCH 的进化过程优于 PISA。考虑超体积度量,PISA 对于 SCH 的实验结果明显优于 lbsNSGA-II, lbsNSGA-II 对于 ZDT4 的实验结果明显优于 PISA,对于其他的问题,当进化到 100 代之后,这两种算法得到的超体积度量已经十分接近,表明这两种算法对于这些问题的多样性保持结果较接近。总体来说,PISA 的进化进程较快,能够在以较少的进化代数达到较为理想的实验结果,因此,在实际应用中,应该可以节省评价次数,节约计算资源。此外,如图 7 所示,我们还给出了 PISA 和 lbsNSGA-II 对于 ZDT1 和 ZDT6 的对比运行时间。

需要说明的是,在比较超体积度量时,如果同时考虑收敛性度量,则当两种算法的世代距离度量相等时,超体积度量值大的算法其多样性保持较好;当两种算法的世代距离度量不相等时,如果一种算法的世代距离度量值小于另一种算法,并且,该算法的超体积度量值大于后者,那么该算法得到的抗体就能够更好地逼近 Pareto 最优前沿.比如图 8 中的 ZDT6 问题,PISA 世代距离进化曲线和超体积进化曲线均优于 lbsNSGA-II,这说明对于该问题,PISA 在收敛性和多样性保持方面均优于 lbsNSGA-II.

3.5 PISA用于解决高维多目标问题

高维多目标问题一般是指目标个数大于 3 的多目标优化问题.高维多目标优化问题被公认为当今多目标领域中的难题.如何找到一组既能很好地逼近 Pareto 最优前沿,又能保持较好的多样性的解集是当今多目标优化领域的一个难题.有偏好信息的多目标优化问题在决策者给定偏好信息的前提下,可以极大地减少搜索的区域,保证有限的计算资源用于抗体种群的进化,理论上讲,在同样的计算资源下,基于偏好信息的多目标算法可以得到逼近性更好的抗体种群.

对于高维多目标优化问题,小的抗体种群无法保证抗体收敛到Pareto最优前沿^[33].为了消除种群对进化结果的影响,采用文献[33]的做法,种群的大小随着目标维数的增加而增加(如表 3 所示).起始向量选作坐标的原点,终止向量中每个元素取 1,比如 8 维目标的DTLZ问题的终止向量是[1,1,1,1,1,1,1,1],否决向量的每个元素取值为 0.1,进化代数、种群大小和 ε 向量的取值见表 3.

Table 3 Tuned ε values in DTLZ2 and DTLZ3 with 3~8 objectives

表 3 3~8 目标的 DTLZ2 和 DTLZ3 问题中 ε 值的设定

Number of objective	3	4	5	6	7	8
Population size	200	200	300	400	400	400
Active population size	40	50	60	80	80	90
Iterations scale	500	500	600	600	700	800
ε points	[0.018,0.018,0.018]	[0.035,..., 0.035]	[0.05,..., 0.05]	[0.06,..., 0.06]	[0.08,..., 0.08]	[0.09,...,0.09]
Number of solutions	96	108	110	106	102	113

为了与其他有偏好和无偏好的多目标算法相比较,选取 lbsNSGA-II 和 NSGA-II 作为比较算法,比较的算法均采用表 3 中相同的参数设置.此外,收敛性度量的计算不采用 Pareto 最优参考集合的方式,因为对于目标维数较高的问题,得到均匀分布的逼近性较好的最优解集是十分困难的.由于 Pareto 最优解满足 $\sum_{i=1}^m f_i^2 = 1$,所以,可以计算 $GD = 1/nm \sum_{j=1}^{nm} (\sum_{i=1}^m f_i^2 - 1)$, nm 是外部记忆种群的大小.实验结果见表 4 和表 5.

Table 4 Statistical values of PISA, lbsNSGA-II and NSGA-II in solving DTLZ2

with 2~8objectives (m is the number of objectives)

表 4 PISA,lbsNSGA-II 和 NSGA-II 用于解决 2~8 目标 DTLZ2 的统计结果(m 是目标数目)

m	Mean value of GD (standard deviation)			Mean value of S (standard deviation)			Mean value of HV (standard deviation)		
	PISA	LbsNSGA-II	NSGA-II	PISA	LbsNSGA-II	NSGA-II	PISA	LbsNSGA-II	NSGA-II
3	2.7×10⁻⁴ (1.1×10⁻⁴)	7.7×10 ⁻⁴ (2.6×10 ⁻⁴)	6.1×10 ⁻⁴ (1.8×10 ⁻⁴)	4.6×10⁻³ (6.4×10⁻⁴)	6.3×10 ⁻³ (6.7×10 ⁻⁴)	0.04 (0.003)	0.392 (4.5×10 ⁻³)	0.397 (6.7×10 ⁻³)	0.49 (1.46×10 ⁻³)
4	1.1×10⁻³ (4.1×10⁻⁴)	3.05×10 ⁻³ (8.3×10 ⁻⁴)	6.07×10 ⁻² (3.4×10 ⁻²)	9.1×10⁻³ (2.3×10⁻³)	1.1×10 ⁻² (1.5×10 ⁻³)	0.12 (0.016)	0.178 (2.6×10 ⁻³)	0.176 (7.2×10 ⁻³)	0.25 (6.28×10 ⁻³)
5	1.78×10⁻³ (8.22×10⁻⁴)	4.6×10 ⁻³ (1.6×10 ⁻³)	1.85 (0.19)	9.5×10⁻³ (1.2×10⁻³)	1.4×10 ⁻² (2.8×10 ⁻³)	0.33 (0.016)	5.7×10 ⁻² (1.1×10 ⁻²)	5.1×10 ⁻² (1.53×10 ⁻²)	0.324 (9.1×10 ⁻²)
6	1.65×10⁻³ (3.9×10⁻⁴)	4.54×10 ⁻³ (1.7×10 ⁻³)	4.5 (0.88)	1.6×10⁻² (6.5×10⁻³)	2.6×10 ⁻³ (6.1×10⁻³)	0.59 (0.05)	1.38×10 ⁻² (7.7×10 ⁻³)	1.4×10 ⁻² (8.1×10 ⁻³)	13.46 (7.34)
7	2.1×10⁻³ (1×10⁻³)	5.2×10 ⁻³ (1.7×10 ⁻³)	4.99 (0.34)	1.57×10⁻² (5.4×10⁻³)	1.7×10 ⁻² (5.2×10⁻³)	0.67 (0.02)	1.3×10 ⁻³ (1.1×10 ⁻³)	1.4×10 ⁻³ (4.56×10 ⁻⁴)	6.77 (5.06)
8	1.56×10⁻³ (6.4×10⁻⁴)	5.6×10 ⁻³ (1.6×10 ⁻³)	5.45 (0.14)	1.84×10⁻² (9.1×10⁻³)	1.85×10 ⁻² (3.4×10⁻³)	0.84 (0.01)	5.56×10 ⁻⁴ (2.5×10 ⁻⁴)	3.6×10 ⁻⁴ (1.8×10 ⁻⁴)	4.64 (2.34)

Table 5 Statistical values of PISA, lbsNSGA-II and NSGA-II in solving DTLZ3 with 2~8objectives (m is the number of objectives)

表 5 PISA,lbsNSGA-II 和 NSGA-II 用于解决 2~8 目标 DTLZ3 的统计结果(m 是目标数目)

m	Mean value of GD (standard deviation)			Mean value of S (standard deviation)			Mean value of HV (standard deviation)		
	PISA	lbsNSGAI	NSGAI	PISA	lbsNSGAI	NSGAI	PISA	lbsNSGAI	NSGAI
3	1.7×10⁻³ (1.5×10 ⁻³)	0.017 (0.01)	0.33 (0.24)	2.32×10⁻² (6.4×10 ⁻⁴)	2.42×10 ⁻² (1.4×10 ⁻²)	0.132 (8.6×10 ⁻²)	0.387 (3.26×10 ⁻³)	0.259 (0.179)	0.49 (9.2×10 ⁻²)
4	3.4×10⁻³ (1.8×10 ⁻³)	1.39×10 ⁻² (1.11×10 ⁻²)	4.03×10 ² (44)	2.5×10⁻² (6.56×10 ⁻³)	2.88×10 ⁻² (1.2×10 ⁻²)	30.95 (8.26)	4.8×10 ⁻² (7.2×10 ⁻²)	1.29×10 ⁻² (4.09×10 ⁻²)	5.23×10 ⁶ (9.44×10 ⁶)
5	5.5×10⁻³ (2.8×10 ⁻³)	8.37×10 ⁻³ (5.26×10 ⁻³)	6.97×10 ² (86.4)	3.6×10⁻² (2.7×10 ⁻²)	3.8×10 ⁻² (1.2×10 ⁻²)	84.3 (11.8)	1.2×10 ⁻² (2.1×10 ⁻²)	1.1×10 ⁻¹⁰ (2.53×10 ⁻¹⁰)	3×10 ¹⁰ (3.3×10 ¹⁰)
6	2.5×10⁻³ (2.6×10 ⁻³)	2.1×10 ⁻² (1.54×10 ⁻²)	1.09×10 ³ (57.1)	0.128 (0.103)	6.9×10⁻² (2.1×10 ⁻²)	1.74×10 ² (22.8)	2.38×10 ⁻⁴ (7×10 ⁻⁴)	1.24×10 ⁻⁸ (3.1×10 ⁻⁸)	2.41×10 ¹³ (2.81×10 ¹³)
7	5.49×10⁻³ (5.39×10 ⁻³)	2.3×10 ⁻² (1.8×10 ⁻²)	1.36×10 ³ (77.2)	0.088 (0.027 ³)	8.62×10⁻² (2.54×10 ⁻²)	2.91×10 ² (28)	1×10 ⁻⁴ (3.65×10 ⁻⁴)	4.9×10 ⁻⁴ (1.56×10 ⁻³)	5.33×10 ¹⁶ (7.81×10 ¹⁶)
8	5.44×10⁻³ (5.64×10 ⁻³)	2.79×10 ⁻² (1.65×10 ⁻²)	1.54×10 ³ (54.2)	1.84×10⁻² (9.1×10 ⁻³)	9.8×10 ⁻² (2.5×10 ⁻²)	3.89×10 ² (10.5)	1.1×10 ⁻⁴ (3.4×10 ⁻⁵)	1.9×10 ⁻⁹ (6.1×10 ⁻¹⁰)	4.67×10 ²⁰ (5.7×10 ²⁰)

在表 4 和表 5 中,考虑世代距离的均值和方差,对于 3~8 目标的 DTLZ2 和 DTLZ3 问题,PISA 和 lbsNSGA-II 均能收敛到 Pareto 最优前沿,对于 3 目标和 4 目标的 DTLZ2 问题,NSGA-II 还能够接近 Pareto 最优前沿,但是,对于大于 4 目标的 DTLZ2 问题和 3~8 目标的 DTLZ3 问题,NSGA-II 不能够收敛到 Pareto 最优前沿附近.Khare 等学者指出^[33],在解决目标维数大于 4 的多目标问题时,由于非支配解的数量的增加,经典的进化多目标算法:NSGA-II,SPEA2 和 PESA-II 不能够提供有效的选择压力,导致进化过程的停滞,算法表现出随机搜索的特点,性能急剧下降.本文算法采用有偏好信息的免疫记忆克隆选择算法,偏好信息可以减少搜索空间,基于偏好等级的免疫记忆克隆选择机制可以增加抗体的选择压力,基于 ϵ 支配的外部种群在一定程度上可以保证多样性.

由表 4 可知,对于 8 目标的 DTLZ2 问题,PISA 在保证收敛性的同时,具有相对较好的多样性保持能力.图 9 是 PISA 解决 5 目标和 8 目标 DTLZ2 的一次运行结果.从图中可以看出,随着目标维数的增加,算法并没有收敛到一个解,在不同的目标域内有不同的解.从世代距离度量来看,PISA 比 lbsNSGA-II 具有更好的收敛性,从超体积来看,二者具有较接近的度量值.值得注意的是,PISA 和 lbsNSGA-II 对于 DTLZ3 问题,均取得较好的收敛性,但是多样性保持能力较差,多数方差大于均值,说明算法对于该问题不稳定.这是由于 DTLZ3 问题十分复杂,是 DTLZ 系列问题中最难的一个,当今的算法对于目标维数较高的 DTLZ3 问题还不能找到有效的算法.对于复杂高维多目标优化问题,如何有效地收敛到最优 Pareto 前沿,并具有一定的多样性保持能力,这是当今多目标优化领域面临的难题,在近两年进化计算领域的盛会(IEEE Congress on Evolutionary Computation)上,有关高维目标研究的文章越来越多,但是多数方法均不能同时保证收敛性和多样性^[1],本文提出的 PISA 和文献[15]提出的 lbsNSGA-II 对于 8 目标的 DTLZ2 问题具有较好的性能,保证了收敛性和多样性,从表 4 和表 5 的超体积度量来看,PISA 的收敛性和多样性保持能力较好.这说明,集中有限搜索资源,在给定偏好区域内进行基于偏好等级的克隆选择和基于 ϵ 自配机制外部种群更新,对于解决目标维数较高的多目标问题表现出一定的优势.

3.6 重组算子对于 PISA 的影响

多数现有的人工免疫算法,特别是纯正的克隆选择算法,都不包括重组算子.但是,我们认为重组操作不应该被排除在人工免疫系统之外,并且,一些免疫学者已经通过研究声称,重组操作可以作为 B 细胞提高抗体亲和度成熟的感知模式^[4].在 PISA 中,模拟二进交叉(SBX)和多项式变异(PM)作为抗体亲和度成熟的算子,为了调查 PISA 的性能受模拟二进交叉算子的影响,我们设计了有 SBX 的 PISA 和没有 SBX 的 PISA 的对比实验分析.在没有模拟二进交叉操作时,多项式变异概率为 1.

由图 10 可知,有 SBX 的 PISA 得到的抗体的世代距离和间距的统计均值明显小于没有 SBX 的 PISA 得到的相应结果,这说明,SBX 可以较好地改善 PISA 的性能,把重组操作和克隆选择结合起来是有益的.对于 ZDT1 问题的超体积度量,没有 SBX 的 PISA 其度量值较大.但是,没有 SBX 的 PISA 其世代距离的进化曲线均在 0.01

以上,而 PISA 的世代距离进化曲线在 0.001,这说明,没有 SBX 的 PISA 收敛性较差;对于 ZDT6 的超体积度量,由于二者在 200 代时的世代距离较接近,因此,超体积度量大的算法的多样性保持较好,因此 PISA 对于该问题的多样性保持性较好.从 PISA 的整个进化过程来看,该算法平稳收敛且方差较小.可以认为,重组操作可以作为人工免疫系统中抗体亲和度成熟的一个算子,重组操作可以给一些免疫算法的进化过程起到稳定的加速作用.

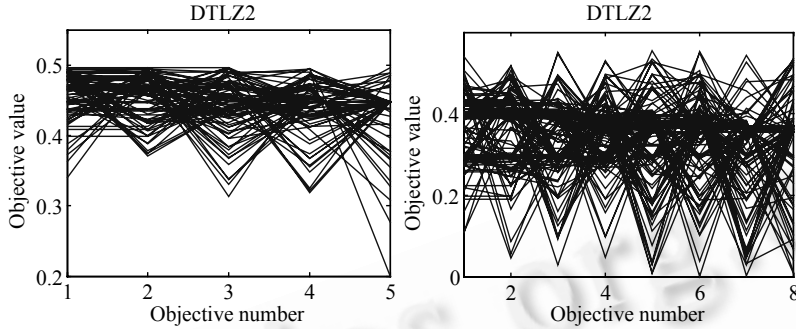


Fig.9 Coordinate maps by PISA in solving five objectives (left figure) and eight objectives (right figure) DTLZ2 problems

图 9 PISA 解决 5 目标(左图)和 8 目标(右图)DTLZ2 问题的坐标图

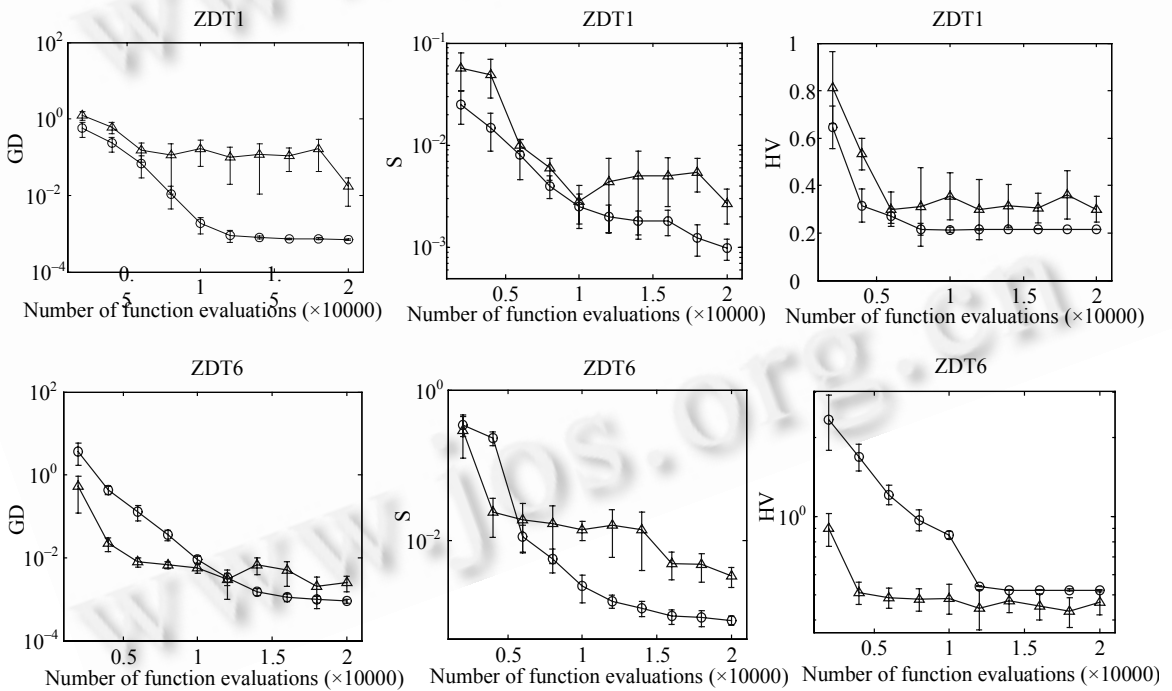


Fig.10 Obtained errorbars of GD, S and HV by PISA and PISA without SBX at every 20 generations on ZDT1 and ZDT6 respectively are illustrated here. The lines with circle are the errorbars of PISA; the lines with up triangle (Δ) are the errorbars of PISA without SBX

图 10 用 PISA 和没有模拟二进交叉操作的 PISA 解决 ZDT1 和 ZDT6 的世代距离、间距和超体积的误差条进化曲线.每隔 20 代对进化过程采样 1 次.圆圈标识的曲线是 PISA 的进化曲线;上三角(Δ)标识的是没有模拟二进交叉操作的 PISA 的进化曲线

3.7 对比运行时间分析

为了调查 PISA 的时间复杂度,表 6 给出了 PISA 和 lbsNSGA-II 独立运行 30 次的平均时间及其方差,算法的参数设置与第 3.3 节中的相同.作者采用的是 MATLAB7.0.1 编译器,电脑配置:Pentium(R) 4 (3.20GHz, 1.00GB, RAM).从表 6 中可以看出,PISA 对于 ZDT1 和 ZDT6 问题,平均运行时间不超过 6s,而 lbsNSGA-II 对于这两个问题需要超过 200s 的平均运行时间,因此,本文算法的实时性更好.

Table 6 CPU time used by PISA and lbsNSGA-II in solving ZDT1 and ZDT6 (Unit: s)

表 6 PISA 和 lbsNSGA-II 解决 ZDT1 和 ZDT6 问题的 CPU 运行时间 (单位:秒)

Number of generations	Mean CPU time (standard deviation) of ZDT1		Mean CPU time (standard deviation) of ZDT6	
	PISA	lbsNSGA-II	PISA	lbsNSGA-II
20	0.345 (0.037)	23.74 (0.718)	0.211 (0.011 9)	22.544 (0.35)
100	2.056 (0.096)	109.67 (2.955)	1.618 (0.086)	104.254 (0.44)
200	5.38 (0.275)	216.73 (2.624)	3.37 (0.128)	206.15 (0.166)

4 结束语

根据免疫记忆的概念和克隆选择原理,结合偏好多目标的局部关系模型,本文提出了一种解决偏好多目标优化问题的算法——偏好等级免疫记忆克隆选择算法(PISA).PISA 包含了基于偏好等级的比例克隆策略, ε 支配机制和基于模拟二进交叉和多项式变异的亲和度成熟操作.新算法对 5 个两目标的问题和 3~8 维的 DTLZ2 和 DTLZ3 问题进行了测试,实验结果显示,新算法具有较快的收敛速率和较好的多样性保持能力,以及较少的时间运算复杂度.对于偏好多目标优化问题,如何构建简单而有效的偏好关系模型是解决该类问题的关键,同时,在解决目标维数较高的复杂多目标问题中,如何同时保持解的收敛性和多样性是我们下一步要做的工作.

References:

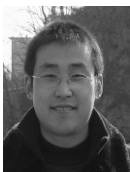
- [1] Ishibuchi H, Tsukamoto N, Nojima Y. Evolutionary many-objective optimization: A short-review. In: Proc. of the 2008 Congress on Evolutionary Computation. Hong Kong: IEEE, 2008. 2424–2431. <http://ieeexplore.ieee.org/Xplore/dynhome.jsp>
- [2] Coello Coello CA. Evolutionary multi-objective optimization: A historical view of the field. IEEE Computational Intelligence Magazine, 2006,1(1):28–36.
- [3] Deb K. Multi-Objective Optimization Using Evolutionary Algorithms. Chichester: John Wiley & Sons, 2001.
- [4] de Castro LN, Timmis J. Artificial Immune Systems: A New Computational Intelligence Approach. Berlin: Springer-Verlag, 2002.
- [5] Liu J, Zhong WC, Liu F, Jiao LC. A novel clustering based on the immune evolutionary algorithm. Acta Electronica Sinica, 2001,29(12A):1868–1872 (in Chinese with English abstract).
- [6] Zhong YF, Zhang LP, Huang B, Li PX. An unsupervised artificial immune classifier for multi/hyperspectral remote sensing imagery. IEEE Trans. on Geoscience and Remote Sensing, 2006,44(2):420–431.
- [7] Dasgupta D, Forrest S. Artificial immune systems in industrial applications. In: Proc. of the 2nd Int'l Conf. on Intelligent Processing and Manufacturing of Materials. Honolulu: IEEE Press, 1999. 257–267. <http://ieeexplore.ieee.org/Xplore/dynhome.jsp>
- [8] Luo WJ, Zhang SH, Liang W, Cao XB, Wang XF. NIDS research advance based on artificial immunology. Journal of China University of Science and Technology, 2002,32(5):530–541 (in Chinese with English abstract).
- [9] Yoo J, Hajela P. Immune network simulations in multicriterion design. Structural Optimization, 1999,18(2-3):85–94.
- [10] Coello Coello CA, Cortés NC. Solving multi-objective optimization problem using an artificial immune system. Genetic Programming and Evolvable Machines, 2005,6(2):163–190.
- [11] Cutello V, Narzisi G, Nicosia G. A class of Pareto archived evolution strategy algorithms using immune inspired operators for ab-initio protein structure prediction. In: Rothlauf F, *et al.*, ed. Applications of Evolutionary Computing, Evo-Workshops 2005. LNCS 3449, Lausanne: Springer-Verlag, 2005. 54–63.
- [12] Jiao LC, Gong MG, Shang RH, Du HF, Lu B. Clonal selection with immune dominance and anergy based multi-objective optimization. In: Proc. of the 3rd Int'l Conf. on Evolutionary Multi-Criterion Optimization. LNCS 3410, Guanajuato: Springer-Verlag, 2005. 474–489.

- [13] Gong MG, Jiao LC, Du HF, Bo LF. Multi-Objective immune algorithm with Pareto-optimal neighbor-based selection. *Evolutionary Computation*, 2008,16(2):225–255.
- [14] Deb K, Pratap A, Agarwal S, Meyarivan T. A fast and elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2002,6(2):182–197.
- [15] Deb K, Kumar A. Light beam search based multi-objective optimization using evolutionary algorithms. Technical Report, No.2007005, Kanpur: Kanpur Genetic Algorithms Laboratory (KanGAL), Indian Institute of Technology, 2007.
- [16] Laumanns M, Thiele L, Deb K, Zitzler E. Combining convergence and diversity in evolutionary multi-objective optimization. *Evolutionary Computation*, 2002,10(3):263–282.
- [17] Jaszkiewicz A, Slowinski R. The light beam search approach-an overview of methodology and applications. *European Journal of Operation Research*, 1999,113(2):300–314.
- [18] Deb K, Miettinen K, Chaudhuri S. Towards an estimation of nadir objective vector using hybrid evolutionary and local search approaches. Technical Report, No.2007009, Kanpur: Kanpur Genetic Algorithms Laboratory (KanGAL), Indian Institute of Technology, 2007.
- [19] Coello Coello CA. Handling preferences in evolutionary multi-objective optimization: A survey. In: *Proc. of the Congress on Evolutionary Computation*. Piscataway: IEEE Service Center, 2000,1:30–37. <http://ieeexplore.ieee.org/Xplore/dynhome.jsp>
- [20] Zitzler E, Laumanns M, Thiele L. SPEA2: Improving the strength Pareto evolutionary algorithm. In: Giannakoglou K, *et al.*, ed. *EUROGEN 2001, Evolutionary Methods for Design, Optimization and Control with Applications to Industrial Problems*. Athens, 2002. 95–100.
- [21] Corne DW, Jerram NR, Knowles JD, Oates MJ. PESA-II: Region-Based selection in evolutionary multi-objective optimization. In: Lee S, *et al.*, ed. *Proc. of the Genetic and Evolutionary Computation Conf. (GECCO-2001)*. San Francisco: Morgan Kaufmann Publishers, 2001. 283–290.
- [22] Shaw KJ, Fleming P J. Including real-life preferences in genetic algorithms to improve optimization of production schedules. In: *Proc. of the Genetic Algorithms in Engineering Systems Innovations and Applications*. Glasgow: IEE, 1997. 239–244. <http://ieeexplore.ieee.org/Xplore/dynhome.jsp>
- [23] Pierro FD, Khu ST, Savic DA. An investigation on preference order ranking scheme for multi-objective evolutionary optimization. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2007,11(1):17–45.
- [24] Cvetković D, Parmee IC. Genetic algorithm based multi-objective optimization and conceptual engineering design. In: *Congress on Evolutionary Computation*. Washington: IEEE, 1999,1:29–36. <http://ieeexplore.ieee.org/Xplore/dynhome.jsp>
- [25] Deb K, Mohan M, Mishra S. Toward a quick computation of well-spread Pareto-optimal solutions. In: Fonseca CM, *et al.*, ed. *Evolutionary Multi-Criterion Optimization, the 2nd Int'l Conf. LNCS 2632*, Faro: Springer-Verlag, 2003. 222–236.
- [26] Shang RH, Jiao LC, Gong MG, Ma WP. An immune clonal algorithm for dynamic multi-objective optimization. *Journal of Software*, 2007,18(11):2700–2711 (in Chinese with English abstract). <http://www.jos.org.cn/1000-9825/18/2700.htm>
- [27] Van Veldhuizen DA. Multi-Objective evolutionary algorithms: Classification, analyzes, and new innovations [Ph.D. Thesis]. Wright-Patterson AFB: Air Force Institute of Technology, 1999.
- [28] Van Veldhuizen DA, Lamont GB. On measuring multiobjective evolutionary algorithm performance. In: *Congress on Evolutionary Computation 2000*. Piscataway: IEEE Press, 2000,1:204–211. <http://ieeexplore.ieee.org/Xplore/dynhome.jsp>
- [29] Zitzler E, Thiele L. Multi-Objective evolutionary algorithms: A comparative case study and the strength Pareto approach. *IEEE Trans. on Evolutionary Computations*, 1999,6(2):182–197.
- [30] Huband S, Hingston P, Barone L, While L. A review of multi-objective test problems and a scalable test problem toolkit. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2006,10(5):477–506.
- [31] Zitzler E, Deb K, Thiele L. Comparison of multi-objective evolutionary algorithms: Empirical results. *Evolutionary Computation*, 2000,8(2):173–195.
- [32] Deb K, Thiele L, Laumanns M, Zitzler E. Scalable multi-objective optimization test problems. In: *Congress on Evolutionary Computation 2002*. Piscataway: IEEE Press, 2002,1:825–830. <http://ieeexplore.ieee.org/Xplore/dynhome.jsp>
- [33] Khare V, Yao X, Deb K. Performance scaling of multi-objective evolutionary algorithms. In: Fonseca CM, *et al.*, ed. *Evolutionary Multi-Criterion Optimization, the 2nd Int'l Conf., EMO 2003. LNCS 2632*, Faro: Springer-Verlag, 2003. 376–390.

附中文参考文献:

[5] 刘静,钟伟才,刘芳,焦李成.免疫进化聚类算法.电子学报,2001,29(12A):1868-1872.

[26] 尚荣华,焦李成,公茂果,马文萍.免疫克隆算法求解动态多目标优化问题.软件学报,2007,18(11):2700-2711.
<http://www.jos.org.cn/1000-9825/18/2700.htm>



杨咚咚(1982-),男,河南三门峡人,博士,主要研究领域为进化多目标优化,流形学习.



公茂果(1979-),男,博士,副教授,主要研究领域为自然计算,图像处理,数据挖掘.



焦李成(1959-),男,博士,教授,博士生导师,CCF 高级会员,主要研究领域为自然计算,数据挖掘,图像处理.



余航(1982-),男,博士,助教,主要研究领域为自然计算,数据挖掘,模式分类.

%%

Call for Papers

The 5th International Conference on Frontier of Computer Science and Technology (FCST 2010)

The FCST 2010 conference provides an open forum for engineers and scientists in academia, industry, and government to address all resulting profound challenges including technical, safety, social, legal, political, and economic issues, and to present and discuss their ideas, results, work in progress and experience on all aspects of computer science and technology. FCST had been held four times. The accepted papers have to be presented orally at the conference and will be published in proceedings of the FCST 2010 conference by *IEEE Computer Society CPS*. All papers in the FCST 2010 proceedings are expected to be indexed by Ei Compindex. The selected best papers will be considered to be published in special issues of international journals (Indexed by Ei Compindex or SCI-E).

Topics of particular interest include, but are not limited to

- | | |
|---|--|
| Parallel and Distributed Computing | Pervasive, Grid, P2P and Cloud Computing |
| Embedded Computing and Systems | Database and Data Management |
| Bio-informatics | Network and Internet Computing |
| Computer Vision and Image Processing | Wireless Sensor Networks and Mobile Computing |
| Security and trustworthy Computing | Artificial Intelligence and its Applications |
| Theoretical Computer Science | System Software and Software Engineering |
| Machine Learning and Pattern Recognition | Computer graphics and Human-Computer Interaction |
| Reliability, Fault Tolerance and Distributed Transaction Processing | Other Emerging Topics |

Submission Information

Submissions should include abstract, 5-10 keywords, and the e-mail address of the corresponding author and be in PDF format. Each submission must not exceed 8 pages in the IEEE "8.5x11" two-column format with 10-12 point font, including tables and figures[Latex][Doc]. Submitted papers must be original work that has not appeared in and is not under consideration for another conference or a journal. At least one of the authors must attend the conference to present the work in order that the accepted paper can be put into digital library.

Important Dates

- | | |
|---|--|
| Workshop Proposal due: January 1, 2010 | Paper submission due: January 30, 2010 |
| Acceptance notification: April 20, 2010 | Camera-ready due: May 20, 2010 |
| Author registration: May 20, 2010 | Conference: August 18-22, 2010 |

Contact Information

Fuxin Wang, Jilin University, Phone: (+86)-431-85167497	Jianhua Jiang, Jilin University, Mobile: (+86)-139-4418-2151
E-mail: fcst2010@jlu.edu.cn	