

基于免疫算法和 EDA 的混合多目标优化算法*

戚玉涛^{1,2}, 刘芳^{1,2}, 刘静乐^{1,2}, 任元^{1,2}, 焦李成²

¹(西安电子科技大学 计算机学院, 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)

通讯作者: 戚玉涛, E-mail: qi_yutao@163.com

摘要: 在免疫多目标优化算法的基础上, 引入了分布估计算法(EDA)对进化种群进行建模采样的思想, 提出了一种求解复杂多目标优化问题的混合优化算法 HIAEDA(hybrid immune algorithm with EDA for multi-objective optimization). HIAEDA 的进化过程混合了两种后代产生策略: 一种是基于交叉变异的克隆选择算子, 用于在父代种群周围进行局部搜索的同时开辟新的搜索区域; 另一种是基于 EDA 的模型采样算子, 用于学习多目标优化问题决策变量之间的相关性, 提高算法求解复杂多目标优化问题的能力. 在分析两种算子搜索行为的基础上, 讨论了两者在功能上的互补性, 并利用有限马尔可夫链的性质证明了 HIAEDA 算法的收敛性. 对测试函数和实际工程问题的仿真实验结果表明, HIAEDA 与 NSGII 算法和基于 EDA 的进化多目标优化算法 RM-MEDA 相比, 在收敛性和多样性方面均表现出明显优势, 尤其是对于决策变量之间存在非线性关联的复杂多目标优化问题, 优势更为突出.

关键词: 多目标优化算法; 人工免疫系统; 分布估计算法; 混合算法

中图分类号: TP301 文献标识码: A

中文引用格式: 戚玉涛, 刘芳, 刘静乐, 任元, 焦李成. 基于免疫算法和 EDA 的混合多目标优化算法. 软件学报, 2013, 24(10): 2251-2266. <http://www.jos.org.cn/1000-9825/4341.htm>

英文引用格式: Qi YT, Liu F, Liu JL, Ren Y, Jiao LC. Hybrid immune algorithm with EDA for multi-objective optimization. Ruan Jian Xue Bao/Journal of Software, 2013, 24(10): 2251-2266 (in Chinese). <http://www.jos.org.cn/1000-9825/4341.htm>

Hybrid Immune Algorithm with EDA for Multi-Objective Optimization

QI Yu-Tao^{1,2}, LIU Fang^{1,2}, LIU Jing-Le^{1,2}, REN Yuan^{1,2}, JIAO Li-Cheng²

¹(School of Computer Science and Technology, Xidian University, Xi'an 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 710071, China)

Corresponding author: QI Yu-Tao, E-mail: qi_yutao@163.com

Abstract: The estimation of distribution algorithm (EDA) is a new type of evolutionary computation approach which reproduces offspring individuals by modeling and sampling the probability distribution of the evolving population. In this paper, the idea of EDA is introduced into the immune multi-objective optimization algorithm to form a hybrid algorithm termed as HIAEDA (hybrid immune algorithm with EDA for multi-objective optimization). It is proposed for solving complex multi-objective optimization problems (MOPs). In HIAEDA, two types of reproducing strategies are combined. One is a recombination and mutation based immune clonal selection operator. It performs a local search around the parent population and develops new searching areas. The other is a EDA based modeling and sampling operator. It learns the variable linkages and promotes the algorithm's capability of solving complex problems. By analyzing the searching behavior of the two operators, the paper comes to the conclusion that their functions are complementary to each other. The

* 基金项目: 国家自然科学基金(61303119); 国家教育部博士点基金(20090203120016, 20100203120008); 博士后面基金(20090461283, 20090451369, 200801426, 20080431228, 201104658); 陕西省自然科学基金基础研究计划(2011JQ8010, 2009JQ8015); 中央高校基本科研业务费专项资金(K5051203007, K5051203002)

收稿时间: 2011-07-07; 定稿时间: 2012-10-19

convergence of HIAEDA is proved using the theory of the finite Markov chain. Experimental results on benchmarking and real problems show that HIAEDA outperforms the outstanding NSGAI and the EDA based RM-MEDA in terms of both convergence and diversity, especially when solving complex MOPs with nonlinear relationship between decision variables.

Key words: multi-objective optimization algorithm; artificial immune system; estimation of distribution algorithm; hybrid algorithm

无论是在科学研究还是工程应用上,多目标优化都是非常重要的研究课题,因为许多现实世界中的优化问题涉及到多个相互冲突的优化目标.一个具有 n 个决策变量、 m 个最小化目标的多目标优化问题(multi-objective optimization problem,简称 MOP)可描述为

$$\begin{aligned} & \text{Minimize} && \mathbf{F}(\mathbf{x}) = (f_1(\mathbf{x}), f_2(\mathbf{x}), \dots, f_m(\mathbf{x})) \\ & \text{Subject to} && \mathbf{x} \in \Omega \end{aligned} \quad (1)$$

其中, $\Omega \in \mathbf{R}^n$ 是 n 维决策空间的可行区域, $\mathbf{x} = \{x_1, x_2, \dots, x_n\} \in \Omega$ 为可行区域内的决策向量,目标函数 $\mathbf{F}(\mathbf{x})$ 定义了一个由 n 维决策空间向 m 维目标空间的映射函数.由于 MOP 往往涉及到优化若干个相互冲突的目标,因此 MOP 不存在一个可使所有目标同时达到最优的解.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,简称 PS),使得这些 Pareto 最优解在目标空间 Pareto 前端(Pareto front,简称 PF)上的分布具有尽可能好的逼近性、宽广性和均匀性.

传统的多目标优化算法将各个子目标聚合成一个带正系数的单目标函数,其共同缺点就是一次运行只能得到一个 Pareto 最优解.进化算法是一种基于群体进化的随机搜索方法,由于一次运行就可以产生一组 Pareto 最优解集,进化多目标优化算法受到了越来越多研究者的关注,并在实际工程应用中发挥着越来越重要的作用^[1].自从 1985 年 Schaffer 把进化算法用于求解多目标问题^[2]之后,过去 20 多年中,各国学者相继提出了不同的进化多目标优化算法,如 NSGAI^[3],SPEAI^[4],PESAI^[5]等,基于非支配排序的个体选择机制和基于外部种群的多样性保持机制是这类进化多目标优化算法的主要特征^[6].

人工免疫系统(artificial immune system,简称 AIS)是受生物免疫系统启发而产生的一种全新的计算智能方法.越来越多的研究表明,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^[7].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 首先将免疫机理引入进化多目标优化算法之中^[8].Coello 等人基于免疫克隆选择模型提出了第一个真正意义上的免疫多目标优化算法 MISA^[9].基于免疫网络模型,Freschi 和 Repetto 提出了一种矢量人工免疫系统(vector artificial immune system,简称 VAIS)求解多目标优化问题.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^[10]及其改进算法 NNIA2^[11],实验结果表明,NNIA 和 NNIA2 具有良好的求解性能,在 Pareto 最优解集合的逼近性、宽广性和均匀性上与 NSGAI 等经典算法相比,具有明显的优势.

然而与现有的进化多目标优化算法一样,人工免疫多目标优化算法更多地关注了目标空间上的选择机制,而在决策空间的搜索上则只是简单继承了单目标进化算法的策略.与单目标优化问题不同,多目标优化的任务不是要找到一个或多个相互独立的全局最优解,而是获得一组在决策空间上满足一定分布特性的 Pareto 最优解的集合^[12].因此,多目标优化问题的 Pareto 最优解之间不是相互独立的.在设计进化多目标优化算法时,有必要关注当前种群中个体之间的相关性,统计种群的宏观分布特性.NNIA 和 NNIA2 虽然具有良好的种群多样性保持能力,且求解精度较高,但是由于没有考虑种群个体间的相关性,对于决策变量之间存在非线性相关的复杂多目标优化问题的求解能力欠佳.

分布估计算法(estimation of distribution algorithm,简称 EDA)是统计学习方法与进化计算相结合的产物,算法中没有传统的交叉、变异等遗传操作,采用了不同于进化算法的全新的进化模式^[12].EDA 通过统计方法建立种群个体分布的概率模型,再对概率模型随机采样产生新的群体,如此反复进行,实现种群的进化.一些研究者尝试采用 EDA 求解连续多目标优化问题^[13-19],其中,Zhang 等人提出的 RM-MEDA^[18]及其推广算法 MMEA^[19]是最具代表性的工作.RM-MEDA 充分利用了连续多目标优化问题的特点,即对于目标个数为 m 的连续多目标问题,由 Karush-Kuhn-Tucker 条件可知,PS 在决策空间上的分布呈现分段连续的 $(m-1)$ -维流形(manifold)^[20].RM-MEDA 算法的基本思想是建立多个线性 $(m-1)$ -维流形分布的概率模型来分段逼近整个非线性

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多目标优化问题十分有效.然而, RM-MEDA 也存在着不足之处:在进化初期,由于种群没有充分收敛,算法建立的概率模型准确性不够;在进化后期,通过对概率模型随机采样产生的后代逼近精度不高.

本文将基于种群分布模型进化的 EDA 引入人工免疫多目标优化算法之中,提出了一种求解复杂多目标优化问题的混合算法 HIAEDA(hybrid immune algorithm with EDA for multi-objective optimization).HIAEDA 在迭代进化过程中采用两种后代产生策略:一种是基于交叉变异的克隆选择算子,另一种是基于 EDA 的模型采样算子.HIAEDA 结合两类算子的优势,利用统计学习方法分析种群中个体的宏观分布特性,利用交叉变异策略提高算法收敛速度和精度,防止算法陷入局部最优而早熟收敛.仿真实验结果表明,HIAEDA 与免疫多目标优化算法和 RM-MEDA 相比均表现出明显优势,尤其是对决策变量之间存在非线性相关的复杂多目标优化问题,其优势尤为突出.

本文第 1 节介绍对种群个体分布的统计建模方法.第 2 节描述 HIAEDA 算法的流程,从理论上证明算法的收敛性,并分析两种算子的搜索行为特性.第 3 节展示仿真实验的结果,并对算法的求解性能、稳定性和算子发挥作用的时机进行分析.第 4 节总结全文并展望进一步工作.

1 种群的概率分布模型

Zhang 等人利用分段连续的线性概率模型对当前种群进行建模,提出了一种适合求解复杂多目标优化问题的 EDA 算法 RM-MEDA^[18].本文采用 RM-MEDA 算法中的建模方法,对免疫多目标优化算法的当前抗体种群建立如下概率统计模型.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:

$$\xi = \zeta + \varepsilon \tag{2}$$

其中,概率模型 ζ 的中心 ζ 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 ζ 的中心流形 ζ ,即

$$\zeta = \Psi^1 + \Psi^2 + \dots + \Psi^K \tag{3}$$

每个分段线性的概率模型 $\Psi^j(j=1,2,\dots,K)$ 是 n 维空间上的一个 $(m-1)$ -维分段连续流形.如图 1 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^[21]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.

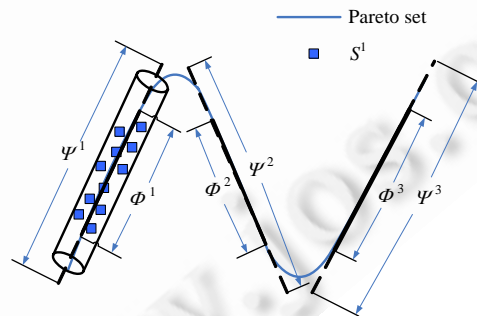


Fig.1 Illustration of the piecewise linear probability distribution model

图 1 分段线性概率模型

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 中所有抗体协方差矩阵的第 i 个最大特征值对应的特征向量),将 S^j 中的所有抗体向 S^j 的 $(m-1)$ -维主子空间投影,将涵盖了所有投影点的最小线段或超平面记为 Φ^j , 那么,

$$\Phi^j = \left\{ x \in R^n \mid x = \bar{x}^j + \sum_{i=1}^{m-1} \alpha_i U_i^j, a_i^j \leq \alpha_i \leq b_i^j, i=1, \dots, m-1 \right\} \quad (4)$$

其中,

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

$$b_i^j = \max_{x \in S^j} (x - \bar{x}^j)^T U_i^j \quad (6)$$

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 :

$$\Psi^j = \left\{ x \in R^n \mid x = \bar{x}^j + \sum_{i=1}^{m-1} \alpha_i U_i^j, a_i^j - 0.25(b_i^j - a_i^j) \leq \alpha_i \leq b_i^j + 0.25(b_i^j - a_i^j), i=1, \dots, m-1 \right\} \quad (7)$$

图 1 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 1 所示的例子中,当前种群被聚为 3 类, Φ^1, Φ^2 和 Φ^3 分别是根据 3 类子群体建立的分段逼近 1 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, Φ^3 相比, Ψ^1, Ψ^2 和 Ψ^3 可以更好地逼近图中的 1 维 PS 流形.

2 HIAEDA 算法

HIAEDA 算法的抗体编码采用了 0~1 之间的实数编码方式.抗体 $A=(a_1, a_2, \dots, a_n)$ 的每一个基因位 a_i ($i=1, 2, \dots, n$) 表示决策向量的一维.在已知每一维决策变量取值范围 $[\min_i, \max_i]$ 的前提下,决策变量的取值可以解码为 $v_i = \min_i + a_i(\max_i - \min_i)$.

2.1 HIAEDA 算法流程描述

在迭代过程中采用了两种不同类型的子代繁殖策略产生后代抗体:一种是基于交叉变异的子代产生策略,另一种是基于建模采样的子代产生策略.算法的主要流程描述如下:

算法 1. HIAEDA 算法流程.

Step 1. 初始化:设置种群规模 N , 子种群个数 K , 变异概率 p_m , 设置算法停止条件.令迭代次数 $t=1$, 随机初始化种群 $P(t)$ 并计算初始种群中抗体的目标函数值;

Step 2. 判断停止条件:若算法停止条件满足,则输出种群 $P(t)$; 否则,转 Step 3;

Step 3. 繁殖:

Step 3.1. 分组建模:采用 Local PCA 聚类算法^[21]将当前种群 $P(t)$ 中的抗体聚为 K 类, 分别构成 K 个子种群 S_1, S_2, \dots, S_K , 采用第 1 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 3.2. 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 可从以下公式获得:

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

其中, $\text{vol}(\Psi^i)$ 表示种群 S_i 中所有抗体在前 $m-1$ 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 3.3. 采用克隆选择算子产生后代:对于每个子种群 S_i ($i=1, 2, \dots, K$), 采用下面的算法 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^1 ;

Step 3.4. 采用模型采样算子产生后代:对于每个子种群 S_i ($i=1, 2, \dots, K$) 建立的概率模型 $\Psi^1, \Psi^2, \dots, \Psi^K$ 进行随机采样产生后代种群 S_i'' , 采样抗体个数为 $N_i^2 = N_i - N_i^1$;

Step 4. 变异:记 $S_1 = \bigcup_{i=1}^K S_i', S_2 = \bigcup_{i=1}^K S_i''$, 令 $S = S_1 \cup S_2$. 对 S 中的每一个抗体, 采用基于 ε 区间分割的变异算子进行变异操作, 变异概率为 p_m , 得到后代种群 S' ;

Step 4.1. 将多目标优化问题决策空间的每一维子空间 $[\min_r, \max_r]$ ($r=1, 2, \dots, n$) 等分为 n_r-1 个子区间:

$$[\omega_1^r, \omega_2^r], [\omega_2^r, \omega_3^r], \dots, [\omega_{n_r-1}^r, \omega_{n_r}^r],$$

其中, \min_r 和 \max_r 分别为第 r 维决策变量的取值下界和取值上界, $\omega_1^r = \min_r, \omega_{n_r}^r = \max_r$, 且 $|\omega_j^r - \omega_{j-1}^r| \leq \varepsilon, j=2, \dots, n_r$;

Step 4.2. 对于被选中变异的抗体 $A=(a_1, a_2, \dots, a_n)$, 对其每一个基因位以概率 p_m 进行变异. 若抗体 A 的第 $r(r=1, 2, \dots, n)$ 个基因位被选中变异, 则在第 r 维决策子空间 $[\min_r, \max_r]$ 的 n_r-1 个子区间中随机选中一个, 记为 $[\omega_s^r, \omega_{s+1}^r], s=1, 2, \dots, n_r-1$; 然后, 令 $\omega = \omega_s^r + rand \times (\omega_{s+1}^r - \omega_s^r)$, 其中, $rand$ 为 0 到 1 之间的实数; 再将抗体 A 的第 r 个基因位 a_r 变异为 $a_r = \omega(\max_r - \min_r)$;

Step 4.3. 将所有变异后得到的新抗体构成后代种群 S' ;

Step 5. 选择: 令 $Q=P(t) \cup S'$, 采用基于 m 最近邻列表(m -nearest neighbor list)的选择方法^[11]从 Q 中选出 N 个抗体, 构成新的种群 $P(t+1)$, 令 $t=t+1$, 转 Step 2.

在 HIAEDA 算法的步骤 3.3 中, 采用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, 具体流程如下:

算法 2. 克隆选择算子.

输入: K 个抗体子种群 $S_i, i=1, 2, \dots, K$;

输出 K 个后代种群 S'_i ;

对于每个抗体子种群 $S_i(i=1, 2, \dots, K)$, 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 进行 Pareto 选择, 记 S_i 中 Pareto 最优解构成的集合为 P_i , 集合规模为 M^i . 若 $M^i > \lfloor N_i/2 \rfloor$, 则转 Step 2; 否则, 转 Step 3;

Step 2. 子种群规模控制: 计算子种群 S_i 中每个抗体的拥挤距离^[3], 从中删除拥挤距离最小的抗体, 令 $M^i \leftarrow M^i - 1$, 若 $M^i > \lfloor N_i/2 \rfloor$, 则转 Step 2; 否则, 转 Step 3;

Step 3. SBX 重组: 依次对子种群 S_i 中的每个抗体 $A_p(p=1, 2, \dots, M^i)$ 执行如下重组操作: 从 S_i 中任意选择一个不同于 A_p 的抗体 $A_q(q=1, 2, \dots, M^i$ 且 $q \neq p)$, 以 A_p 和 A_q 为父代执行模拟二进制交叉(simulated binary crossover, 简称 SBX)^[22], 从两个交叉子代中随机选择一个保留, 记为 A'_p ;

Step 4. PM 变异: 依次对子种群 S_i 的每个重组操作子代 A'_p 进行多项式变异操作(polynomial mutation, 简称 PM)^[22], 产生后代 A''_p ;

Step 5. 返回结果: $S'_i \leftarrow \{A''_1, A''_2, \dots, A''_{M^i}\}$, 返回所有的 S'_i .

在算法 2 中, 模拟二进制交叉操作和多项式变异操作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. 这两个算子在经典的进化多目标优化算法 NSGAII^[3]中被使用, 并取得了良好的效果.

在 HIAEDA 算法的步骤 5 中, 采用了一种基于邻近距离(vicinity distance)的 m 最近邻列表的选择方法保持非支配种群的均匀性, 其中, m 为目标函数个数. 抗体的邻近距离定义为 $V_{mmm} = \prod_{i=1}^m L_2^{NN_i}$, 其中, $L_2^{NN_i}$ 是抗体距离第 i 最近抗体之间的欧氏距离. HIAEDA 算法中, 步骤 5 的选择操作的具体流程如下:

算法 3. 基于 m 最近邻列表的选择方法.

输入: 种群 Q ;

输出: 规模为 N 的新种群 $P(t+1)$.

Step 1. 建立 m 最近邻列表: 对于种群 Q 中的每一个抗体, 计算其在种群 Q 中的邻近距离, 并对每一个抗体建立基于邻近距离的 m 最近邻列表;

Step 2. 判断停止条件: 记当前种群 Q 中的抗体数量为 S_Q , 若 $S_Q \leq N$, 则令 $P(t+1)=Q$, 并返回 $P(t+1)$; 否则, 转 Step 3;

Step 3. 删除最拥挤抗体: 删除当前种群 Q 中邻近距离最小的抗体 A_w , 重新计算 m 最近邻列表中包含了被删除抗体 A_w 的抗体的邻近距离, 令 $S_Q=S_Q-1$;

Step 4. 更新 m 最近邻列表: 对 m 最近邻列表中包含了被删除抗体 A_w 的抗体, 更新其 m 最近邻列表, 转

Step 2.

文献[11]从理论上证明了基于 m 最近邻列表的选择方法能够获得均匀分布的 Pareto 最优解集,并通过大量实验结果验证了,基于邻近距离的非支配排序方法与基于拥挤距离(crowding distance)的非支配排序方法^[3]相比具有明显的优势.

2.2 HIAEDA算法的收敛性分析

对于有无限多个 Pareto 最优解的多目标优化问题,基于有限种群的进化多目标优化算法无法获得所有的 Pareto 最优解.因此,进化多目标优化算法的优化任务是要获得 Pareto 最优解集合的一个子集.利用有限马尔可夫链的性质,本文证明了 HIAEDA 算法以任意精度 ε 收敛到 Pareto 最优解集合的一个子集上.

定义 1(有限齐次马尔可夫链). 如果 S 是一个有限集且 $\{x_t; t=0,1,2,\dots\}$ 是一个从 S 中取值的随机序列.如果对于所有的 $t \geq 0$ 和所有的 $(i,j) \in S \times S$ 有以下性质:

$$P\{x_{t+1}=j|x_t=i, x_{t-1}=i_{t-1}, \dots, x_0=i_0\} = P\{x_{t+1}=j|x_t=i\} = p_{ij} \quad (8)$$

则称序列 $\{x_t; t=0,1,2,\dots\}$ 是一个在状态空间 S 上的齐次有限马尔可夫链.齐次有限马尔可夫链在某一时刻的状态仅与其前一时刻的状态相关,且状态转移矩阵 $P=[p_{ij}]_{S \times S}$ 与时间 t 无关.

定义 2(不可约转移矩阵). 称有限齐次马尔可夫链的转移矩阵 $P=[p_{ij}]_{S \times S}$ 是不可约的,如果有

$$\forall i, j \in S, k \in \{1, 2, \dots\}, p_{ij}(k) > 0 \quad (9)$$

其中, $p_{ij}(k) = P\{x_k=j|x_0=i\} = e_i^T P^k e_j$ 表示通过 k 步从状态 i 转换到状态 j 的概率, e_i 和 e_j 分别表示第 i 维和第 j 维为 1 的单位向量.从不可约矩阵的定义可以看出,如果有限齐次马尔可夫链的转移矩阵 $P=[p_{ij}]_{S \times S}$ 为正矩阵,则它一定是不可约的.

定义 3(ε 精度可达). 称任意抗体 A^* 是从抗体 $A \in P(t)$ 通过免疫基因操作 ε 精度可达的,当且仅当

$$P\{\|IG(A) - A^*\|_\infty \leq \varepsilon\} > 0 \quad (10)$$

其中, $IG(A)$ 表示抗体 A 通过免疫基因操作得到的后代抗体, $\|\cdot\|_\infty$ 是欧氏空间上的无穷范数, ε 是任意非负常数.

引理 1. 一个具有有限状态空间与不可约转移矩阵的齐次马尔可夫链以概率 1 无限次地访问每一状态而与它的初始分布无关.证明见文献[23].

定理 1. 抗体编码空间中的任意一个抗体 A^* 是从抗体 $A \in P(t)$ 通过免疫基因操作 ε 精度可达的.

证明:记 \bar{A} 为抗体 $A \in P(t)$ 经过算法 1 中 Step 3 的繁殖操作后得到的后代抗体,若 \bar{A} 经过 Step 4 的变异操作能够 ε 精度可达抗体 A^* , 则抗体 A^* 是从抗体 A 通过免疫基因操作 ε 精度可达的.对于 $A^* = (a_1^*, a_2^*, \dots, a_n^*)$ 的任意一个基因位 a_i^* ($i=1, 2, \dots, n$), 不妨假设 a_i^* 经解码后对应的决策变量的取值 $x_i^* = \min_i + a_i^* (\max_i - \min_i)$ 落入第 i 维决策子空间 $[\min_i, \max_i]$ 的第 s 个子区间 $[\omega_s^i, \omega_{s+1}^i]$ 中, $s=1, 2, \dots, n_i-1$. 若 $\bar{A} = (\bar{a}_1, \bar{a}_2, \dots, \bar{a}_n)$ 的第 i 个基因位 \bar{a}_i 经解码后对应的决策变量 $\bar{x}_i = \min_i + \bar{a}_i (\max_i - \min_i)$ 没有落入第 s 个子区间 $[\omega_s^i, \omega_{s+1}^i]$ 中, 则通过算法 1 中 Step 4 的变异操作选定 \bar{A} 的第 i 个基因位进行变异, 并且变异后代 $\tilde{A} = (\tilde{a}_1, \tilde{a}_2, \dots, \tilde{a}_n)$ 的第 i 个基因位 \tilde{a}_i 经解码后对应的决策变量 \tilde{x}_i 落入第 s 个子区间 $[\omega_s^i, \omega_{s+1}^i]$ 中的概率为 $p_m / (n_i - 1)$. 此时, 由于 \tilde{x}_i 落入与 x_i^* 相同的子区间 $[\omega_s^i, \omega_{s+1}^i]$, 则

$$|\tilde{x}_i - x_i^*| \leq |\omega_{s+1}^i - \omega_s^i| \leq \varepsilon.$$

记 \bar{A} 与 A^* 有 h 个基因位经解码后对应的决策变量未落入相同的子区间中, 则

$$P\{\|\bar{A} - A^*\|_\infty \leq \varepsilon\} = (p_m)^h \prod_{i=1}^h \frac{1}{n_i - 1} (1 - p_m)^{n-h} \prod_{j=h+1}^n \left(1 - \frac{1}{n_j - 1}\right) > 0 \quad (11)$$

根据定义 3 可知, \bar{A} 经过 Step 4 的变异操作能够 ε 精度可达抗体 A^* . 因此, 抗体编码空间中的任意一个抗体 A^* 是从抗体 $A \in P(t)$ 通过免疫基因操作 ε 精度可达的. \square

定理 2. 在任意精度 ε 下, HIAEDA 算法的种群序列 $P(t), t \geq 0$ 以概率 1 渐近收敛到多目标优化问题理想 Pareto 最优解集合的一个子集上.

证明:对于求解连续多目标优化问题,如果在 ε 精度的意义下,其状态空间 S 可以视为有限集.由于算法中

的参数不随时间 t 而变化,即种群序列 $P(t)$ 的转移矩阵 P 与时间 t 无关,因此根据定义 1 可知,种群序列 $P(t)$ 是在状态空间 S 上的齐次有限马尔可夫链.由定理 1 可知,从种群 $P(t)$ 中的抗体 A 通过免疫基因操作可以 ε 精度可达抗体编码空间中的任意一个抗体 A^* ,则转移矩阵 P 为正矩阵.因此,HIAEDA 算法的种群序列 $P(t), t \geq 0$ 是具有正转移矩阵的齐次有限马尔可夫链.

记多目标优化问题的理想 Pareto 最优解集合为 PS ,HIAEDA 算法的种群序列 $P(t)$ 概率 1 渐近收敛到 PS 的一个子集等价于当 $t \rightarrow +\infty$ 时,对于 $P(t)$ 中的任意一个元素 A ,都有 $A \in PS$.假设 $A \notin PS$,则在 PS 中必然存在一个 Pareto 最优解 \hat{A} ,满足 \hat{A} 支配 A .定理 1 已经证明了 HIAEDA 算法的种群序列是齐次有限马尔可夫链,且转移矩阵 P 是正矩阵.由 P 是正矩阵可知, P 一定是不可约的.由引理 1 可知,HIAEDA 算法的种群序列以概率 1 无限次地访问每一状态而与它的初始分布无关,于是,当 $t \rightarrow +\infty$ 时,Pareto 最优解 \hat{A} 以概率 1 出现在 $P(t)$ 中.由 HIAEDA 算法的选择算子只保留 Pareto 最优解的特性可知, A 会以概率 1 被 \hat{A} 淘汰,与前提 $A \in P(t)$ 矛盾.

因此,在任意精度 ε 下,HIAEDA 算法的种群序列 $P(t), t \geq 0$ 以概率 1 渐近收敛到多目标优化问题理想 Pareto 最优解集合的一个子集上. □

2.3 HIAEDA算法中算子搜索行为特性分析

HIAEDA 算法采用了两种进化算子产生后代抗体,图 2 采用数值实验的方法分析了两种进化算子的搜索特性.考虑到直观性,图 2 以二维决策空间为例,从一组固定的父代抗体(9 个)出发,分别采用两种算子产生了相同数量(900 个)的子代抗体,通过观察子代抗体在决策空间中的分布情况考察算子的搜索特性.

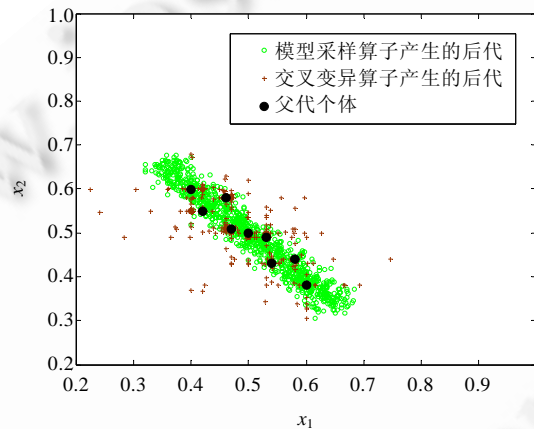


Fig.2 Searching behavior of the two types of evolutionary operators

图 2 两种进化算子的搜索特性分析

从图 2 中两种进化算子产生后代抗体的分布可以看出,模型采样算子会沿着父代种群构成的线性 PS 流形方向进行搜索,搜索范围不仅仅局限于当前种群个体围成区域的内部,而且沿着当前线性 PS 流形方向朝着两端进行扩展.基于 EDA 的模型采样算子对于决策变量之间线性相关的多目标优化问题十分有效;对于决策变量之间非线性相关的情况,该算子通过建立分段线性模型逼近非线性的 PS 流形.基于 SBX 交叉和 PM 变异的算子在父代种群周围进行随机搜索,交叉变异算子产生的后代具有良好的多样性,能够在父代种群所在的空间进行局部搜索的同时开辟更为广阔的搜索空间.在实验中我们还发现,两种算子由于搜索特性各有不同,能够在进化的不同阶段发挥各自的作用,且作用的大小与求解的多目标优化问题有关.

3 仿真实验结果与分析

本文对当前已有的 8 个标准测试函数进行了实验,其中包括 Zitzler 等人提出的 ZDT 系列函数^[24]以及 Zhang 等人在 RM-MEDA^[18]提出的 F7,F9,F10(在本文中分别记为 F1,F2,F3).各个测试函数的表达式见表 1.

Table 1 Multi-Objective optimization test problems

表 1 多目标优化测试问题

函数	变量	维数	目标函数(最小化)
ZDT1	$x_i \in [0,1]$ $i = 1, \dots, n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x)[1 - \sqrt{x_1/g(x)}]$ $g(x) = 1 + 9(\sum_{i=2}^n x_i)/(n-1)$
ZDT2	$x_i \in [0,1]$ $i = 1, \dots, n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x)[1 - (x_1/g(x))^2]$ $g(x) = 1 + 9(\sum_{i=2}^n x_i)/(n-1)$
ZDT3	$x_i \in [0,1]$ $i = 1, \dots, n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x)[1 - \sqrt{x_1/g(x)} - x_1/g(x)\sin(10\pi x_1)]$ $g(x) = 1 + 9(\sum_{i=2}^n x_i)/(n-1)$
ZDT4	$x_1 \in [0,1]$ $x_i \in [-5,5]$ $i = 2, \dots, n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x)[1 - \sqrt{x_1/g(x)}]$ $g(x) = 1 + 10(n-1) + \sum_{i=2}^n [x_i^2 - 10\cos(4\pi x_i)]$
ZDT6	$x_i \in [0,1]$ $i = 1, \dots, n$	10	$f_1(x) = 1 - e^{-(4x_1) \times [\sin(6\pi x_1)]^6}$ $f_2(x) = g(x)[1 - (f_1(x)/g(x))^2]$ $g(x) = 1 + 9[(\sum_{i=2}^n x_i)/(n-1)]^{0.25}$
F1	$x_i \in [0,1]$ $i = 1, \dots, n$	10	$f_1(x) = 1 - e^{-(4x_1) \times [\sin(6\pi x_1)]^6}$ $f_2(x) = g(x)[1 - (f_1(x)/g(x))^2]$ $g(x) = 1 + 9[(\sum_{i=2}^n (x_i^2 - x_1)^2)/(n-1)]^{0.25}$
F2	$x_1 \in [0,1]$ $x_i \in [0,10]$ $i = 2, \dots, n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x)[1 - \sqrt{x_1/g(x)}]$ $g(x) = 1 + 1/4000 \sum_{i=2}^n (x_i^2 - x_1)^2 - \prod_{i=2}^n \cos((x_i^2 - x_1)/\sqrt{i-1}) + 2$
F3	$x_1 \in [0,1]$ $x_i \in [0,10]$ $i = 2, \dots, n$	10	$f_1(x) = x_1$ $f_2(x) = g(x)[1 - \sqrt{x_1/g(x)}]$ $g(x) = 1 + 10(n-1) + \sum_{i=2}^n [(x_i^2 - x_1)^2 - 10\cos(2\pi(x_i^2 - x_1))]$

在 8 个标准测试函数中,ZDT 系列函数的部分决策变量之间存在简单的线性关联,除了 ZDT3 的 PS 是分段连续外,其他 ZDT 函数的 PS 为 $0 \leq x_1 \leq 1, x_2 = x_3 = \dots = x_n$. F1, F2, F3 这 3 个函数的决策变量之间存在复杂的非线性关联. F1 的 PS 是一个有界连续曲线,决策变量间的非线性关系为 $x_i = x_1^2, i = 2, \dots, n, 0 \leq x_1 \leq 1$,且 Pareto 最优解分布不均匀.函数 F2 和 F3 有许多局部最优解,求解较为困难.

在实验中,采用一种综合评价指标 Inverted Generational Distance(IGD)^[25]来评估算法的性能.假定 P^* 为 MOP 的理想 PF 上的一组均匀采样, P 为多目标优化算法求得的一组对理想 PF 的逼近解,则解集 P 的 IGD 指标定义如下:

$$IGD(P^*, P) = \frac{\sum_{v \in P^*} d(v, P)}{|P^*|} \tag{12}$$

其中, $d(v, P)$ 为 v 与种群 P 中与之距离最近的点之间的欧氏距离; $|P^*|$ 表示种群 P^* 中 Pareto 最优解的个数,本文中设置为 500 个.IGD 指标可以综合衡量多目标优化算法求得 Pareto 最优解集 P 的收敛性和多样性,IGD 值越小,算法的求解性能越好.

在第 3.1 节和第 3.2 节的实验中,各种对比算法的种群规模都设为 100.算法的停止条件均设置为当函数评价次数达到上限 $MaxFunEval$ 时算法停止.对于 ZDT6, F1, F2 和 F3, $MaxFunEval$ 设置为 100 000;对于 ZDT4,

MaxFunEval 设置为 30 000;对于 ZDT1,ZDT2 和 ZDT3,MaxFunEval 设置为 10 000.RM-MEDA 算法中,聚类个数为 5;NSGAI 中,变异概率 $p_m=0.1$,SBX 交叉概率 $p_c=1$;HIAEDA 中,聚类个数为 5,变异概率 $p_m=0.1$,SBX 交叉概率 $p_c=1$.

3.1 算法求解性能对比

这部分的实验比较 HIAEDA 与其他两种对比算法 NSGAI 和 RM-MEDA 的求解性能.其中,NSGAI 是经典的进化多目标优化算法,RM-MEDA 是一种有效求解多目标优化问题的 EDA.图 3 给出了 3 种对比算法对 8 个测试函数求得的 Pareto 最优解集,图中的数据为 20 次独立实验得到的最优结果.

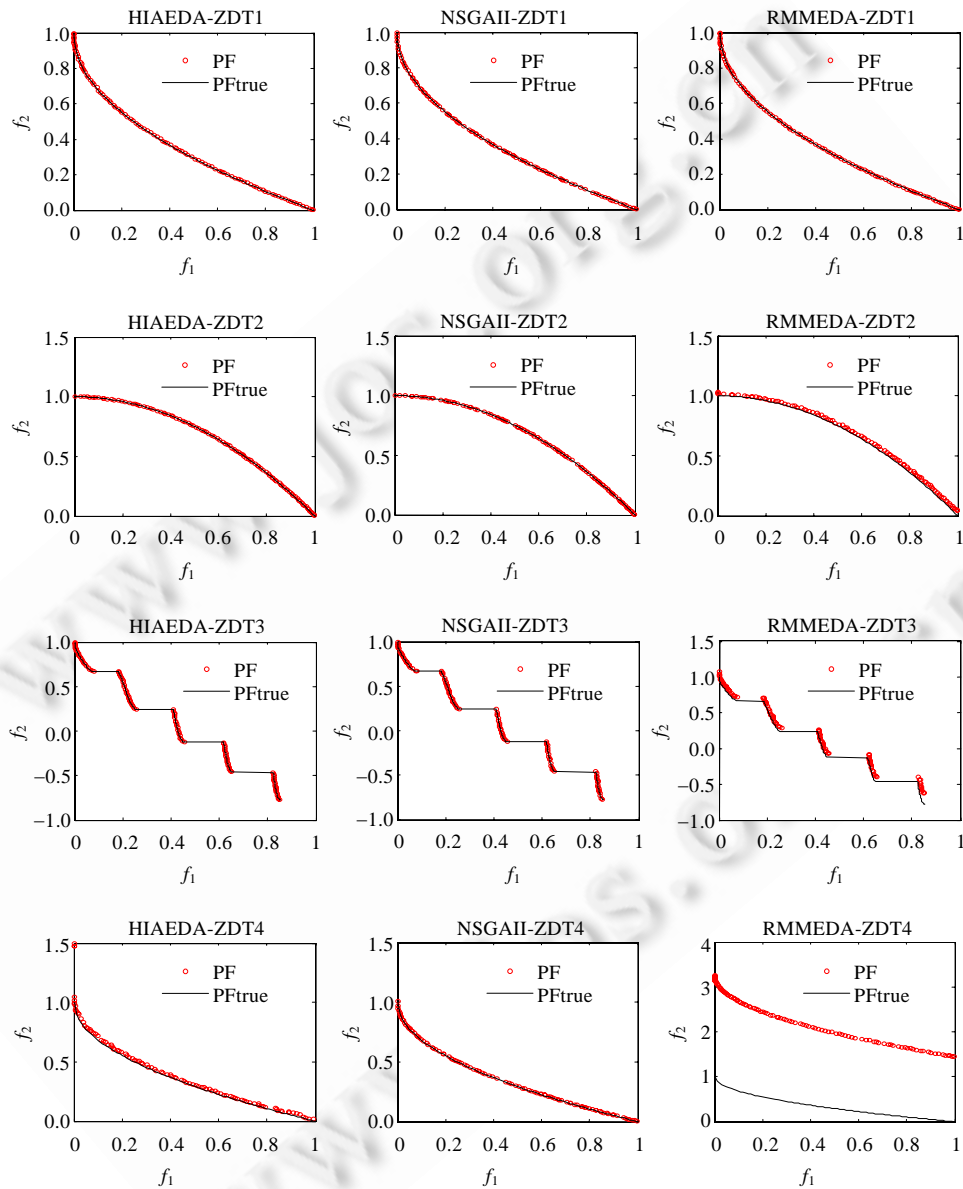


Fig.3 Performance comparisons between the three comparing algorithms on the eight testing problems (1)

图 3 3 种对比算法对 8 个测试函数的求解性能比较(1)

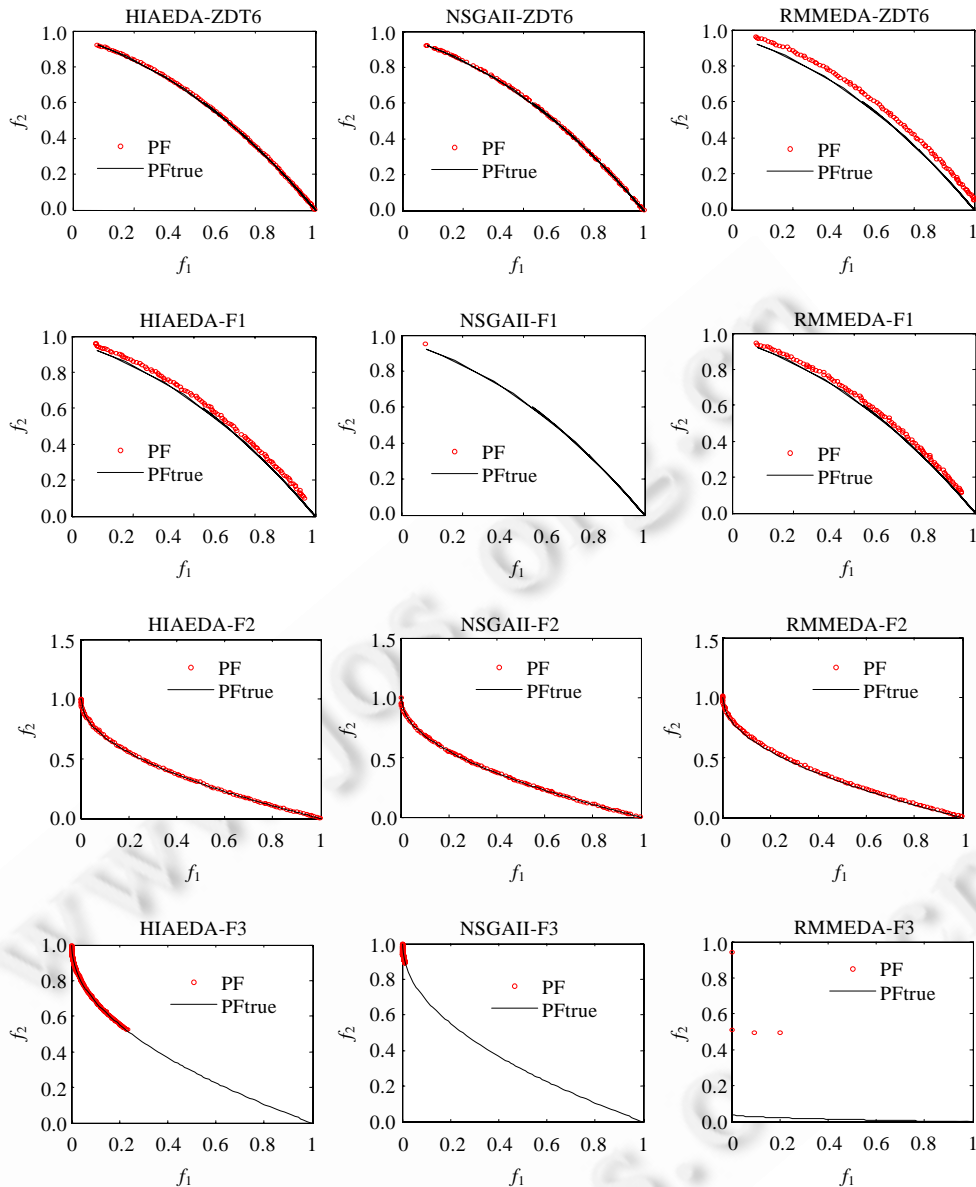


Fig.3 Performance comparisons between the three comparing algorithms on the eight testing problems (2)

图3 3种对比算法对8个测试函数的求解性能比较(2)

从图3的实验结果可以看出,对于ZDT1,ZDT2和ZDT3这些较为简单的测试函数,3种算法找到的Pareto最优解集都收敛到了理想的PF,均匀性、宽广性都较好,算法性能区别不明显。

对ZDT4和ZDT6这两个测试问题,RM-MEDA没有收敛到理想的PF,HIAEDA和NSGAI能够很好地收敛,且对ZDT6函数,HIAEDA的均匀性更好.这是因为ZDT4测试函数多达 21^9 个局部最优解,越靠近理想PF,局部最优解分布越密集.ZDT6的Pareto最优解在理想PF上分布不均匀,距离理想PF越近,解的密度越低.RM-MEDA只用随机采样的方法产生子代,导致算法陷入局部最优之后难以跳出。

F1,F2,F3这三个函数变量之间存在非线性关联,从图3可以看出,NSGAI在测试F1函数时陷入局部最优,而RM-MEDA和HIAEDA则可以收敛到理想PF,因为这两种算法把握了种群的宏观信息,可以挖掘出变量之间

的关联.对于 F2 函数,3 种算法都可以较好地收敛到理想 PF.对于 F3 函数,3 种算法的解都无法覆盖整个理想 PF,但是可以看出,HIAEDA 的求解性能明显优于其他两种算法.

综上所述,本文提出的 HIAEDA 算法结合了两类算法的优势,对 8 个测试函数的求解性能均不差于或明显优于其他两种类型的对比算法 NSGAII 和 RM-MEDA.尤其对于决策变量间非线性关联的复杂测试问题,HIAEDA 的优势尤为明显.

3.2 算法稳定性分析

这部分的实验通过 IGD 指标的统计分析,对比了 3 种算法的稳定性.图 4 给出了算法 RM-MEDA,NSGAII, HIAEDA 对 8 个测试问题求解结果的 IGD 指标盒图,图中数据是 20 次独立运行的统计结果.

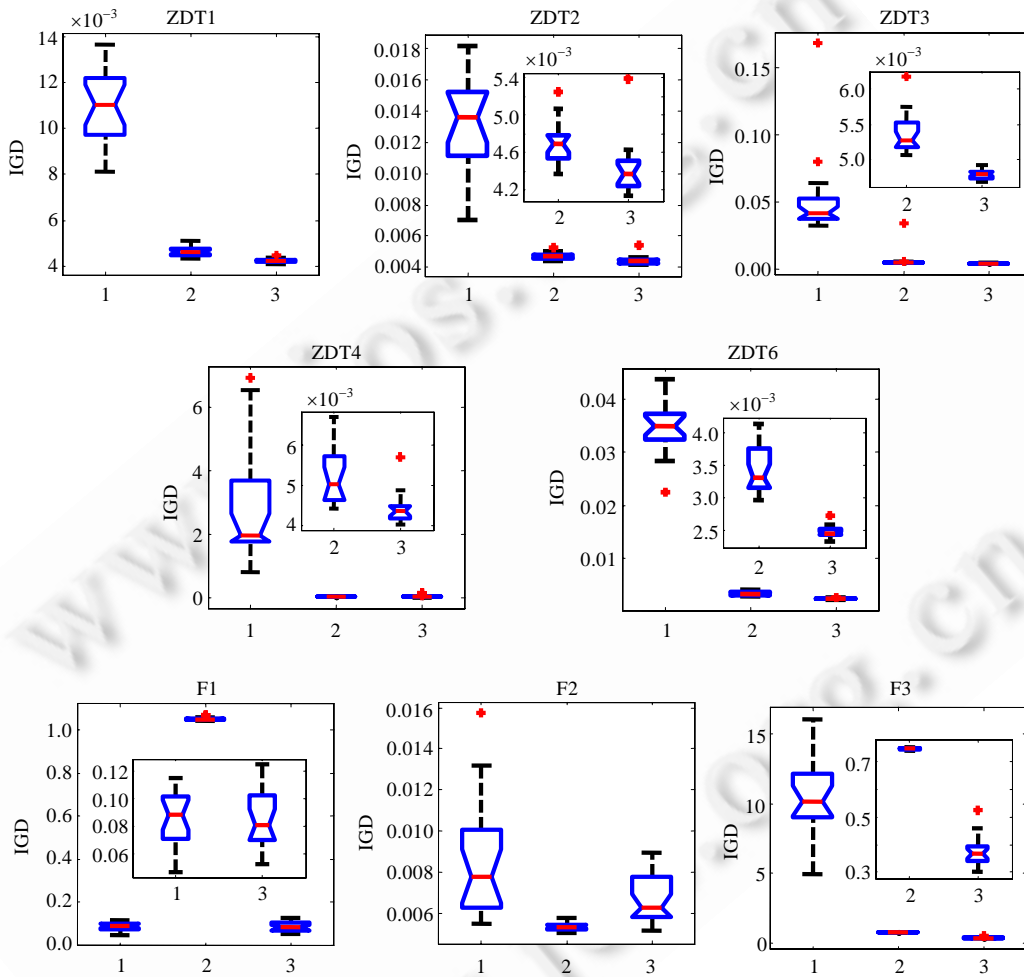


Fig.4 Comparisons of the IGD box plots obtained by the three comparing algorithms

图 4 3 种对比算法的 IGD 指标的统计盒图

盒图可以很好地反映数据的统计分布情况,其中,盒子的上下两条线分别是样本的上下四分位数,盒子中间的水平线为样本的中位数.盒子上下虚线表示样本的其余本分(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.图中算法 1 表示 RM-MEDA 算法,算法 2 表示 NSGAII 算法,算法 3 表示 HIAEDA 算法.

从图 4 可以看出,对于 ZDT 系列函数,HIAEDA 无论是求解性能还是算法稳定性都表现得最好,NSGAII 次

之, RM-MEDA 最差. 对于决策变量之间非线性相关的函数 F1, F2 和 F3, HIAEDA 在 F1 和 F3 函数上表现的性能最好, 对于 F2 函数, NSGAI 所求解的性能最好. 对于 F1 函数, HIAEDA 和 RM-MEDA 明显优于 NSGAI, 这说明 HIAEDA 和 RM-MEDA 更适合求解决策变量非线性相关的 MOP. 对于 F2 和 F3 函数, HIAEDA 和 NSGAI 明显优于 RM-MEDA, 这说明 HIAEDA 和 NSGAI 不容易陷入局部最优而提前收敛.

综上所述, HIAEDA 算法综合了 RM-MEDA 和 NSGAI 两类算法的优点, 不仅适合求解决策变量非线性相关的复杂多目标优化问题, 而且不容易陷入局部最优. 算法对各种类型的测试函数求解性能稳定.

3.3 两种算子发挥作用的时机分析

这部分实验通过对每次迭代中两种算子产生后代的质量进行考察, 分析两种算子在进化过程中发挥作用的时机. 在实验中, 将每次迭代过程中产生的新抗体放入一个临时种群, 并删除其中被支配的抗体, 构成一个新的 Pareto 最优抗体种群. 在这个新种群中, 由基于 EDA 的模型采样算子产生的子代抗体的比例记为 R_{EDA} , 那么由基于交叉变异的克隆选择算子产生的子代抗体的比例为 $1-R_{EDA}$. 图 5 给出了 R_{EDA} 随着迭代的进行而变化的曲线, 图中数据是 20 次独立运行的统计结果. 从图 5 可以看出, R_{EDA} 曲线没有收敛到边界值 0 或 1, 这说明在整个进化过程中, 两种算子均发挥了一定的作用, 只是对不同的问题, 在进化的不同阶段发挥作用的大小不同.

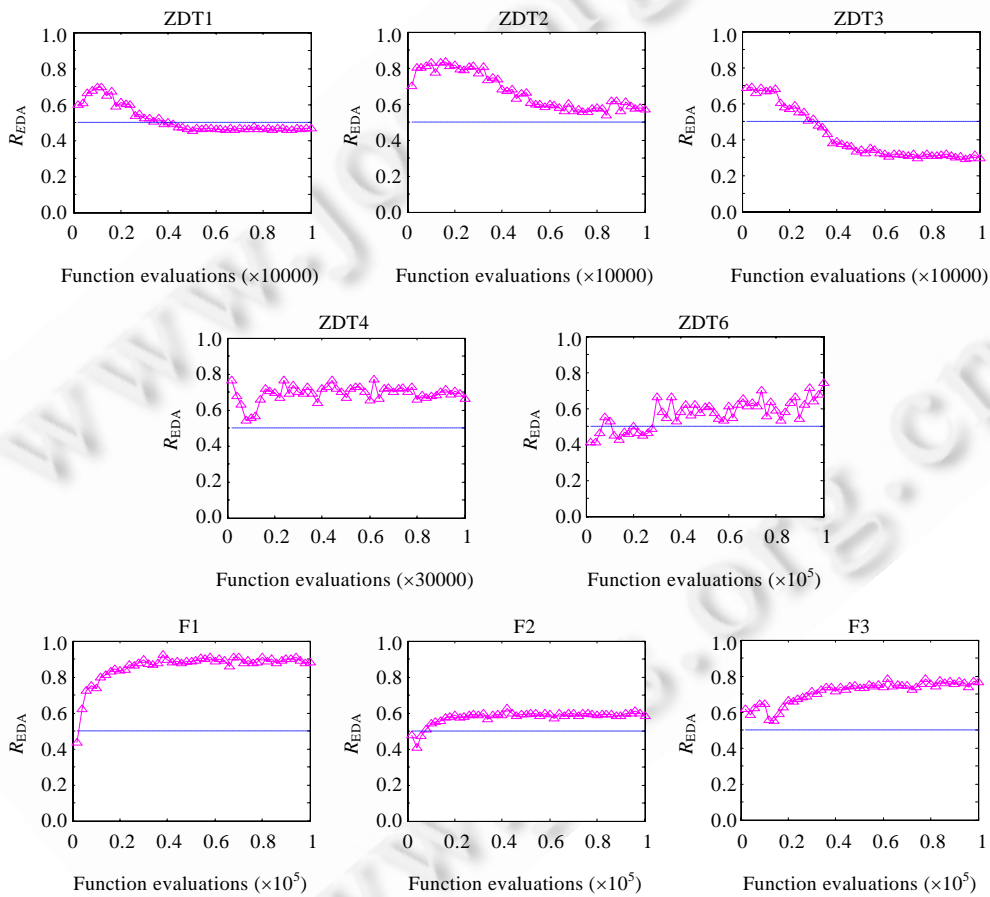


Fig.5 Variation of R_{EDA} with function evaluations

图 5 R_{EDA} 随着函数评价次数的变化曲线

对于 ZDT1 和 ZDT2, R_{EDA} 曲线先上行后下降, 并收敛到 0.5 附近. 在进化初期, 由于种群中抗体的分布规律不明显, 建立模型的准确性较差; 到了进化的中期, 基于 EDA 的模型采样算子发挥的作用明显, 因此, R_{EDA} 曲线在

这一阶段呈现上行趋势.随着种群收敛到理想 PS 附近,基于 EDA 的模型采样算子由于精度不够,有效性下降,此时,交叉变异算子的随机性能带来良好的逼近性能,因此, R_{EDA} 曲线呈现下降趋势.对于 PF 不连续的函数 ZDT3,在进化前期, R_{EDA} 曲线与 ZDT1 和 ZDT2 相同,但是由于 PF 是不连续的,基于 EDA 的模型采样算子产生的后代以一定的几率落入不连续的区域,因此, R_{EDA} 曲线收敛到低于 0.5 的值.

对于多峰函数的 ZDT4 和非均匀函数的 ZDT6,其收敛的难度远大于 ZDT1 和 ZDT2.对于这两个复杂函数, R_{EDA} 曲线波动明显,说明基于 EDA 的模型采样算子和交叉变异算子能够相互合作跳出局部最优解. R_{EDA} 的值始终收敛到 0.5 以上,尤其是 ZDT6 函数的 R_{EDA} 曲线后期有上行的趋势,说明基于 EDA 的模型采样算子对于求解复杂的多目标优化问题有明显的贡献. $F1, F2$ 和 $F3$ 是决策变量非线性相关的函数,其理想的 PS 是一个有界连续曲线.对于这类复杂问题, R_{EDA} 曲线呈上升趋势并收敛到大于 0.5 的值,说明基于 EDA 的模型采样算子适合求解决策变量非线性相关的复杂多目标优化问题.

综上所述,在 HIAEDA 算法中,基于 EDA 的模型采样算子和基于交叉变异的克隆选择算子相互合作,对于不同类型的问题,两个算子在进化的不同阶段发挥作用,从而使得算法具有更好的稳定性.

3.4 求解实际问题:水库防洪调度

水库防洪调度(reservoir flood control,简称 RFC)问题要优化调度周期内各个调度时段的水库下泄流量序列,使得水库的下泄流量既不能过大,威胁下游防洪对象安全,同时也不能过小,威胁大坝安全或造成上游淹没损失.RFC 问题是决策变量高度相关的连续多目标优化问题,数学模型如下:

$$\text{Minimize } F = \{f_1, f_2\} \left. \begin{array}{l} f_1 = \max(Z_t) + \alpha \min(Z_T - Z_{FL}), t = 1, 2, \dots, T \\ f_2 = \max Q_t \end{array} \right\} \quad (13)$$

$$\text{s.t. } Z_{\min} \leq Z_t \leq Z_{\max} \quad (14)$$

$$Q_t \leq Q_{\max} \quad (15)$$

$$Q_t = I_t + I_{t-1} - Q_{t-1} - \frac{2(V_t - V_{t-1})}{\Delta t} \quad (16)$$

其中,目标函数 f_1 的优化目标是要使库前最高水位最低,且调度期末水位尽量回到防洪限制水位.其中, T 为总的调度时段数, Z_t 为第 t 个调度时段的库前水位, Z_T 为调度期末水位, Z_{FL} 为防洪限制水位, α 为调度期末水位约束的惩罚因子.

第 2 个目标函数 f_2 的优化目标是要使水库的最大下泄流量最小.其中, Q_t 为第 t 个调度时段的下泄流量.

约束式(14)是库容(水位)上下限约束,其中, Z_{\min} 和 Z_{\max} 分别为水库水位上下界.约束式(15)是枢纽下泄能力约束,其中, Q_{\max} 为枢纽的最大下泄能力.约束式(16)是水量平衡方程约束,其中, V_t 和 V_{t-1} 分别为第 t 和 $t-1$ 个调度时段的库容, I_t 和 Q_t 分别为第 t 个调度时段的上游入库流量和下泄流量, Δt 为调度时段长,计算时换算成秒.

本文对陕西省安康水库 2003 年 8 月 28 日的一场典型的洪水进行了调度实验.图 6 给出了这场洪水 25 个调度时段的入库流量曲线和安康水库的水位库容曲线.安康水库的调度初始水位为 325m,防洪限制水位为 325m,库前水位约束为 300m~330m,水库枢纽的最大下泄流量为 37474m³/s.算法采用枢纽下泄流量编码方式,种群中的个体的第 i 个基因位的取值表示第 i 个调度时段的下泄流量.种群规模为 100,算法停止条件中的 MaxFunEval 设置为 50 000.

图 7 给出了 3 种算法 10 次独立实验中获得超体积指标最大的 Pareto 最优调度方案的 PF.超体积指标(hyper-volume)是一种衡量多目标优化方法求解质量的综合指标,尤其是在理想 Pareto 前端未知的情况下,超体积也能较为客观地评价算法获得 Pareto 前端的收敛性、宽广性和均匀性^[26].超体积指标越大,算法的性能越好.

从图 7 示例的数据可以看出,HIAEDA 和 RM-MEDA 算法的性能明显优于 NSGAI.这说明对于 RFC 这样的复杂多目标优化问题,基于 EDA 的模型采样算子发挥的作用明显.从超体积指标的盒图可以看出,HIAEDA 算法的稳定性比 RM-MEDA 更好,这说明 HIAEDA 中基于交叉变异的克隆选择算子发挥了开发和探索的辅助作用.

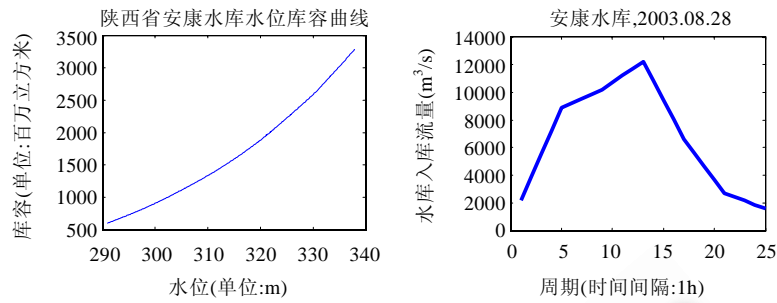


Fig.6 Water level to volume curve of the Ankang reservoir and the inflow volume on August 28, 2003

图6 安康水库的水位库容曲线和2003年8月28日的洪水数据

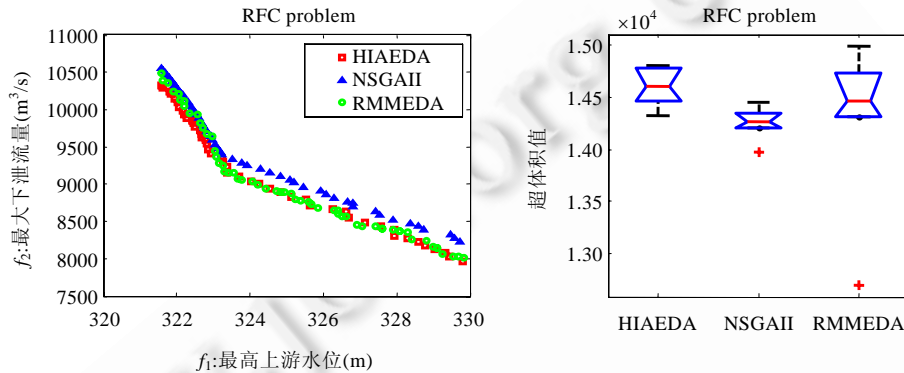


Fig.7 Pareto optimal dispatch obtained by three compared algorithms and box plots of the hypervolume metric

图7 各种算法的 Pareto 最优调度结果和超体积指标的盒图对比

4 结论

本文在免疫多目标优化算法的基础上引入了分布估计算法对进化种群进行建模采样的思想,提出了一种求解复杂多目标优化问题的混合优化算法 HIAEDA. HIAEDA 结合了两类进化思想的优点,利用统计学习方法分析种群中抗体的宏观分布,学习多目标优化问题决策变量之间的相关性;利用交叉变异策略,在父代种群周围进行局部搜索的同时开辟新的搜索区域.通过对不同类型测试函数和水库防洪调度问题的仿真实验结果表明, HIAEDA 算法中的两种算子能够相互合作,在进化的不同阶段发挥不同的作用. HIAEDA 算法的求解性能均不差于或明显优于其他两种类型的对比算法 NSGAII 和 RM-MEDA,不仅适合求解决策变量非线性相关的复杂多目标优化问题,而且不容易陷入局部最优. HIAEDA 算法对各种类型的测试函数求解性能稳定.

本文算法和 RM-MEDA 算法均采用了固定的子种群个数建立确定数量的线性概率模型,对于更为复杂的多目标优化问题,建立模型的个数应该是与问题相关的.因此,如何根据问题的特点自适应地确定建立模型的个数,是进一步研究的重点.

References:

- [1] Deb K. Multi-Objective Optimization Using Evolutionary Algorithms. New York: Wiley, 2001. 51–71.
- [2] Fonseca CM, Fleming PJ. Genetic algorithms for multiobjective optimization: Formulation, discussion and generalization. In: Proc. of the 1st Int'l Conf. on Genetic Algorithms. 1993. 416–423.
- [3] Deb K, Pratap A, Agarwal S, Meyarivan T. A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: NSGA-II. IEEE Trans. on Evolutionary Computation, 2002,6(2):182–197. [doi: 10.1109/4235.996017]

- [4] Zitzler E, Laumanns M, Thiele L. SPEA2: Improving the strength pareto evolutionary algorithm for multiobjective optimization. In: Giannakoglou KC, *et al.*, eds. Proc. of the Evolutionary Methods for Design, Optimisation and Control with Applications to Industrial Problems (EUROGEN 2001). Athens: National Technical University of Athens, 2002. 95–100.
- [5] Knowles J, Corne D. The Pareto archived evolution strategy: A new baseline algorithm for pareto multiobjective optimization. In: Proc. of the Congress on Evolutionary Computation. Washington: IEEE, 1999. 98–105. [doi: 10.1109/CEC.1999.781913]
- [6] Gong MG, Jiao LC, Yang DD, Ma WP. Research on evolutionary multi-objective optimization algorithms. Ruan Jian Xue Bao/Journal of Software, 2009,20(2):271–289 (in Chinese with English abstract). <http://www.jos.org.cn/1000-9825/3483.htm> [doi: 10.3724/SP.J.1001.2009.03483]
- [7] Castro LD, Timmis J. Artificial Immune Systems: A New Computational Intelligence Approach. Heidelberg: Springer-Verlag, 2002. 57–86.
- [8] Yoo J, Hajela P. Immune network simulations in multicriterion design. Structural and Multidisciplinary Optimization, 1999,18(2-3): 85–94. [doi: 10.1007/BF01195983]
- [9] Coello Coello CA, Cortes NC. Solving multiobjective optimization problems using an artificial immune system. Genetic Programming and Evolvable Machines, 2005,6(2):163–190. [doi: 10.1007/s10710-005-6164-x]
- [10] Gong MG, Jiao LC, Du HF, Bo LF. Multi-Objective immune algorithm with nondominated neighbor-based selection: NNIA. Evolutionary Computation, 2008,16(2):225–255. [doi: 10.1162/evco.2008.16.2.225]
- [11] Yang DD, Jiao LC, Gong MG, Feng J. Adaptive ranks and K -nearest neighbor list based multiobjective immune algorithm. Computational Intelligence, 2010,26(4):359–385. [doi: 10.1111/j.1467-8640.2010.00363.x]
- [12] Zhou SD, Sun ZQ. A survey of estimation of distribution algorithm. ACTA Automatic Sinica, 2007,33(2):113–124 (in Chinese with English abstract). [doi: 10.1360/aas-007-0113]
- [13] Larranaga P, Lozano JA. Estimation of Distribution Algorithms: A New Tool for Evolutionary Computation. Kluwer Academic Publishers, 2002. 101–142.
- [14] Costa M, Minisei E. MOPED: A multi-objective parzen-based estimation of distribution algorithm for continuous problems. Evolutionary Multi-Criterion Optimization Lecture Notes in Computer Science, 2003. 282–294. [doi: 10.1007/3-540-36970-8_20]
- [15] Zhou A, Zhang Q, Jin Y, Tsang E, Okabe T. A model-based evolutionary algorithm for bi-objective optimization. In: Proc. of the 2005 IEEE Congress on Evolutionary Computation. Edinburgh: Incorporate, 2005. 2568–2575. [doi: 10.1109/CEC.2005.1555016]
- [16] Zhou A, Jin Y, Zhang Q, Sendhoff B, Tsang E. Combining model-based and genetics-based offspring generation for multi-objective optimization using a convergence criterion. In: Proc. of the IEEE Congress on Evolutionary Computation (CEC 2006). Vancouver, 2006. 892–899. [doi: 10.1109/CEC.2006.1688406]
- [17] Peña JM, Robles V, Larrañaga P, Herves V, Rosales F, Pérez MS. GA-EDA: Hybrid evolutionary algorithm using genetic and estimation of distribution algorithms. Innovations in Applied Artificial Intelligence Lecture Notes in Computer Science, 2004, 3029(1):361–371. [doi: 10.1007/978-3-540-24677-0_38]
- [18] Zhang Q, Zhou A, Jin Y. A regularity model-based multiobjective estimation of distribution algorithm: RM-MEDA. IEEE Trans. on Evolutionary Computation, 2008,12(1):41–63. [doi: 10.1109/TEVC.2007.894202]
- [19] Zhou A, Zhang Q, Jin Y. Approximating the set of pareto-optimal solutions in both the decision and objective spaces by an estimation of distribution algorithm. IEEE Trans. on Evolutionary Computation, 2009,13(5):1167–1189. [doi: 10.1109/TEVC.2009.2021467]
- [20] Ehrgott M. Multicriteria optimization. In: Lecture Notes in Economics and Mathematical Systems. New York: Springer-Verlag, 2005. 31–41.
- [21] Kambhatla N, Leen TK. Dimension reduction by local principal component analysis. Neural Computation, 1997,9(7):1493–1516. [doi: 10.1162/neco.1997.9.7.1493]
- [22] Deb K, Agrawal RB. Simulated binary crossover for continuous search space. Complex Systems, 1995,9(2):115–148.
- [23] Iosifescu M. Finite Markov Processes and Their Applications. Chichester: Wiley, 1980.
- [24] Zitzler E, Deb K, Thiele L. Comparison of multiobjective evolutionary algorithms: Empirical results. Evolutionary Computation, 2000,8(2):173–195. [doi: 10.1162/106365600568202]

- [25] Zitzler E, Thiele L, Laumanns M, Fonseca CM, da Fonseca VG. Performance assessment of multiobjective optimizers: An analysis and review. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2003,7(2):117–132. [doi: 10.1109/TEVC.2003.810758]
- [26] Knowles J, Corne D. Properties of an adaptive archiving algorithm for storing nondominated vectors. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2003,7(2):100–116. [doi: 10.1109/TEVC.2003.810755]

附中文参考文献:

- [6] 公茂果,焦李成,杨咚咚,马文萍.进化多目标优化算法研究.软件学报,2009,20(2):271–289. <http://www.jos.org.cn/1000-9825/3483.htm> [doi: 10.3724/SP.J.1001.2009.03483]
- [12] 周树德,孙增圻.分布估计算法综述.自动化学报,2007,33(2):113–124. [doi: 10.1360/aas-007-0113]



戚玉涛(1981—),男,河南潢川人,博士,副教授,主要研究领域为进化计算,人工免疫系统,高性能计算.

E-mail: qi_yutao@163.com



任元(1988—),男,硕士生,主要研究领域为进化多目标优化.

E-mail: julyhurt@126.com



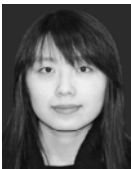
刘芳(1963—),女,教授,博士生导师,CCF高级会员,主要研究领域为网络智能信息处理,智能图像处理,模式识别.

E-mail: f63liu@163.com



焦李成(1959—),男,博士,教授,博士生导师,CCF高级会员,主要研究领域为智能图像处理,神经网络,进化计算,机器学习.

E-mail: lchjiao@mail.xidian.edu.cn



刘静乐(1987—),女,硕士生,主要研究领域为进化计算及其应用.

E-mail: liule870720@126.com