

一种基于进化与免疫的动态多目标人工免疫系统模型

陶 媛¹ 吴耿锋¹ 胡 珉²

(上海大学计算机工程与科学学院 上海 200072)¹ (上海大学悉尼工商学院 上海 201800)²

摘 要 提出一种基于生物免疫系统工作原理的动态多目标人工免疫系统模型,模型由五元组——环境集、抗体集、抗原集、规则集和一个新的动态进化免疫算法 DMEIA 构成。DMEIA 作为模型的核心元素,将进化算法保留上一代进化群体中的最优非支配抗体并使之参与新一代进化的特点与免疫算法的很强群体多样性以及自适应搜索能力等特性相结合,用于控制和协调模型中其他元素的运作。仿真实验表明,DMEIA 算法与已有算法相比,具有更稳定的环境追踪能力,以及良好的收敛性、多样性和解的分布性,从而验证了新模型的性能。

关键词 动态多目标优化,进化免疫,环境追踪,克隆选择

中图分类号 TP312 **文献标识码** A

Dynamic Multi-object Artificial Immune System Model Based on Mechanisms of Evolution and Immunity

TAO Yuan¹ Wu Geng-feng¹ HU Min²

(College of Computer Science & Engineering, Shanghai University, Shanghai 200072, China)¹

(Sydney Institute of Language & Commerce, Shanghai University, Shanghai 201800, China)²

Abstract This paper proposed a new dynamic multi-object artificial immune system model based on simulating the principle of the biological immune system. The model consists of five elements, i. e. environment set, antibody set, antigen set, rule set and a Dynamic Multi-object Evolutionary Immune Algorithm(DMEIA). As a key element of the model, DMEIA combines the feature of evolutionary algorithm which selects optimal non-dominated antibodies and makes them to join in evolution of next generation, and the characteristic of immune algorithm which has strong population diversity and adaptive searching ability to control and assort with the operation of the model. Compared with the existed algorithms, DMEIA has better convergence, diversity, distribution of solution and stability of environment tracking, therefore the performance of the new model is proven to be available.

Keywords Dynamic multi-objective optimization, Evolutionary immune, Environment tracking, Clone selection

动态多目标优化问题(DMO, Dynamic Multi-objective Optimization)在实践中大量存在,其随时间而变化的特性对算法实时追踪问题的 Pareto 最优边界提出了较高要求。近来,进化算法与免疫算法在求解 DMO 上取得了显著成就,如,文献[1,2]采用的进化算法,以及尚荣华等人基于免疫克隆算法提出的 ICADMO^[3]。但大多数都集中在对算法的研究上,而对模型的研究却很少。

本文在动态多目标人工免疫系统与生物免疫系统间建立了一一对应的关系,并在模拟生物免疫系统工作原理基础上提出了一种新的动态多目标人工免疫系统模型。针对模型特点,基于进化算法与免疫算法提出了一种新的动态多目标进化免疫算法 DMEIA(Dynamic Multi-object Evolutionary Immune Algorithm)。DMEIA 具有更好的搜索能力和收敛性能,能很好地指导模型中各元素协同工作。

1 动态多目标人工免疫系统模型

人工免疫系统(AIS)作为模拟免疫学功能、原理和模型

来解决复杂问题的自适应系统,具有学习、记忆、自适应、自组织、分布性以及群体多样性等特点。动态多目标人工免疫系统中的各元素等与生物免疫系统之间的对应关系如表 1 所列。

表 1 动态多目标人工免疫系统与生物免疫系统之间的对应关系

生物免疫系统	动态多目标人工免疫系统
抗原	DMO 问题
抗体	候选解
记忆细胞	相应环境下记忆文档
共刺激	抗体的响应能力
细胞亲和度	抗体抗原的匹配能力
抗体浓度	抗体的相似程度
抗体繁殖	进化
细胞进化周期	环境状态

可以把表 1 中的动态多目标人工免疫系统各元素与本文提出的 DMEIA 算法总体描述为一个五元组模型 $M=(E, G, B, R, A)$, 其中 E 为外界环境状态集合,与时刻 t 有关,环境的变化直接影响着抗原的变化; G 为抗原集合,即 DMO 问题; B

到稿日期:2009-02-10 返修日期:2009-04-08 本文受国家自然科学基金(50778109),上海市科委重点科技攻关项目(08511501702),上海市重点学科建设项目(J50103),上海大学博士创新基金(SHUCX091011)资助。

陶 媛(1981—),女,博士研究生,主要研究方向为智能信息处理、多目标优化,E-mail:taoyuan103@yahoo.com.cn;吴耿锋(1945—),男,教授,博士生导师,主要研究方向为智能信息处理;胡 珉(1970—),女,博士,副教授,硕士生导师,主要研究方向为人工智能和模式识别。

为抗体集合,即对应给定环境下的候选解; R 为抗体间、抗体抗原间相互作用以及环境识别的规则集合,如,抗体的激励度、抗体抗原的匹配能力及抗体的相似程度等; A 为识别抗原、支配抗体反应、指导抗体进化的 DMEIA 算法。

动态多目标人工免疫系统模型结构如图 1 所示。其中,虚线可以看作指令流,也就是说 DMEIA 算法起到控制及协调模型中其他元素运作的的作用,是模型的指挥中心。环境的变化可能导致抗原和规则的变化,这也影响抗体的进化过程与最终的进化结果。模型中的 DMEIA 算法将在第 3 节专门介绍,其它元素在接下来的第 2 节介绍。

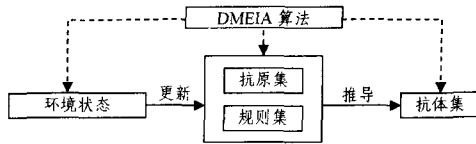


图 1 动态多目标人工免疫系统模型结构

2 动态多目标人工免疫系统模型中的四要素

2.1 环境集 E

环境随时间而变化是动态优化的一个本质。动态环境的两个基本分类是变化的频率和激烈程度。如果变化很激烈,问题的情况将完全与接下来的情况无关。因此,随着环境的变化,抗原可能发生变化,抗原变化的程度将直接影响抗体集进化的过程和结果。环境集中记录了历史环境特征以及与其相对应的最优解信息,为面对新环境时提供参考信息。本文制定环境追踪规则来跟踪环境变化。

2.2 抗原集 G

本文中的抗原为 DMO 问题。DMO 问题描述如下^[4,5]:

定义 1 t 为时间变量, V 和 W 分别表示 n 维和 M 维连续或离散的矢量空间, g 和 h 分别为不等式和等式约束, f 为从 $V \times t$ 映射到 W 的函数。则含有 M 个目标的动态参数化的最小优化问题定义如下:

$$\begin{cases} \min_{v \in V} f = (f_1(V, t), \dots, f_M(V, t)) \\ \text{s. t. } g(v, t) \leq 0, h(v, t) = 0 \end{cases}$$

定义 2 设 p 和 q 是进化群体 Pop 中的任意两个不同个体,在最小优化问题中若称 p 支配 q ,则必须满足下列两个条件:

1) 对所有的子目标, p 不比 q 差,即 $f_k(p) \leq f_k(q) (k=1, 2, \dots, r)$ 。

2) 至少存在一个子目标,使 p 比 q 好。即 $\exists l \in \{1, 2, \dots, r\}$, 使 $f_l(p) < f_l(q)$, 其中 r 为子目标的数量。

此时称 p 为非支配的, q 为被支配的,表示为 $p > q$, 其中“ $>$ ”是支配关系。

定义 3 最优解通常称为 Pareto 最优解(非支配解)。一个多目标优化问题的 Pareto 最优解集在其目标函数空间中的表现形式是它的 Pareto 最优边界。

2.3 规则集 R

规则集 R 从生物免疫机制中获得启发,其主要包含 6 大规则体系 $R = \{R_c, R_r, R_m, R_s, R_u, R_v\}$, 分别是克隆选择、动态繁殖、变异、精英选择、更新记忆文档以及环境追踪规则,以下分别说明。

2.3.1 环境追踪规则

可利用目标行为中任何当前可预知性来加速收敛和提高动态算法的性能。但如果只是简单地将前一个时刻的最终抗体群作为下一个时刻的初始抗体群,容易错过与新环境最相似的历史环境,也不利于算法在短时间内定位新环境下的最优解。

因此,在历史环境集中寻找与新环境相同或相似的历史环境,并计算相似系数。以相似系数为比例选取最相似历史环境下的记忆文档中的全部或部分记忆细胞为新环境下的全部或部分初始抗体种群,不足的随机产生。这样,既充分考虑到了环境的变化程度,也确保了算法的收敛速度。

定义 t_i 与 t_j 时刻的环境相似系数算子为 $E(t_i, t_j)$,

$$E(t_i, t_j) = \exp(-(\sum_{k=1}^n \|f(x_k, t_i) - f(x_k, t_j)\|)/n) \quad (1)$$

其中, x 为已知在 t_j 时刻的历史环境下的最优解。

从式(1)可见,环境相似系数与环境相似程度成正比,并且 $0 \leq E(t_i, t_j) \leq 1$ 。以下给出式(1)的证明。

证明:因为在 t_i 和 t_j 时刻的环境完全相同时,

$$\lim_{n \rightarrow \infty} -(\sum_{k=1}^n \|f(x_k, t_i) - f(x_k, t_j)\|)/n = 0$$

所以 $E(t_i, t_j) = 1$

因为在 t_i 和 t_j 时刻的环境相差极大时,

$$\lim_{n \rightarrow \infty} -(\sum_{k=1}^n \|f(x_k, t_i) - f(x_k, t_j)\|)/n = -\infty$$

所以 $E(t_i, t_j) = 0$

$0 \leq E(t_i, t_j) \leq 1$

$E(t_i, t_j)$ 值越大表示 t_i 与 t_j 时刻的环境越相似,反之环境变化越大。

2.3.2 克隆选择

依据抗体与抗原的亲合力进行克隆选择,根据亲和力选取前 $a\%$ 的抗体参与下一步的动态繁殖。

定义抗体亲和力:

$$aff(Ab, t) = \exp(-\langle F(Ab, t), F(Ab, t) \rangle) \quad (2)$$

其中, $\langle \cdot, \cdot \rangle$ 表示内积。在目标空间而不是在决策空间计算亲和力,并且亲和力计算随环境变化而动态调节。综合考虑了点在目标空间的分布情况。此外,选取的比例 a 随着进化群体的平均浓度和环境变化程度动态调控。也就是说,新环境与最相似历史环境相比变化较大时,被选择参与克隆的抗体数目相对较多;反之,相对较少。

$$\alpha = |X| / (1 + k * \exp(\delta \bar{c})) \quad (3)$$

其中, $0 < \delta < 1$, $|X|$ 为 X 中抗体的个数, \bar{c} 为 t 时刻时 X 中所有抗体的平均浓度, k 为新环境与最相似历史环境的相似系数。这样,综合考虑了环境变化与抗体的浓度对进化的影响。

2.3.3 动态繁殖

根据亲和力由高到低排序后的抗体在序列中的位置计算其克隆数目 N_c^i 。

$$N_c^i = \left\lceil \frac{P_i [nPop * b - (nPop - 1)] + (nPop - 1)}{nPop} \right\rceil \quad (4)$$

其中, $P_i = aff_i / \sum_{i=1}^{nPop} aff_i$ (5)

$nPop$ 是抗体种群大小, b 是定义的最好抗体的最大克隆数。由式(4)可知, N_c^i 与 P_i 成正比(即与其亲和力成正比),且 $1 \leq N_c^i \leq b$ 。由于篇幅关系,这里就不做证明。

$$\text{定义 4 } b = \lceil \exp(\delta_1 * k) \rceil \quad (6)$$

其中, $\delta_1 > 1$ 。当环境变化较大时, b 值相对较大;反之, b 值相对较小。

2.3.4 变异

变异操作综合考虑了环境变化程度及进化代数对变异的影响。当新环境与历史环境相似度大时,变异较小;反之,较大。此外,在进化的初期变异的范围相对较大,随着进化的进行,变异的范围随之变小。这样,有利于避免算法进化到一定代数后而造成的局部搜索不利,充分考虑了进化对变异的影响。同时,有利于算法在环境变化较大时快速定位于新环境下的最优解区域,也利于环境变化较小时的局部搜索。变异规则如下所示:

$$Ab_{new} = Ab_{old} + \alpha \exp(-\delta_2 * k) \quad (7)$$

$$\alpha = (m - n + 1) / (m + 1) \quad (8)$$

其中, $\delta_2 > 0$; m 为在第 t 时刻的进化总代数, n 为当前进化代数, k 为新环境与历史最相似环境的相似系数。

2.3.5 基于信息熵的密度估计更新规则

本文采用基于信息熵的密度估计方法来维持非支配解的均匀分布和对记忆文档的动态更新。在记忆文档中保存着各个环境下的最优解。本文中所考虑的环境是有限的,因此,在进行记忆文档的动态更新时只是针对当前环境下的记忆细胞,而不考虑各环境下记忆细胞之间的相关性。

本文在目标空间而不是在决策空间进行密度估计,并引入 Parzen 窗估计法来计算熵值。熵值量化每一个细胞对记忆文档信息分布的贡献,具有的熵值越大,记忆细胞沿着 Pareto 最优边界分布越均匀。

定义记忆文档 \vec{M} 包含 $|\vec{M}|$ 个记忆细胞或非支配抗体,定义记忆细胞的概率 p_{m_i} 为

$$p_{m_i} = p(\vec{m}_i \in \vec{M}) \quad (9)$$

则细胞的熵值 $E(\vec{m}_i)$ 为

$$E(\vec{m}_i) = -p_{m_i} \log p_{m_i} \quad (10)$$

Parzen 窗估计法是一种具有坚实理论基础和优秀性能的非参数函数估计方法,它能够较好地描述多维数据的分布状态,其基本思想就是利用一定范围内各点密度的平均值对总体密度函数进行估计。Parzen 窗定义如下。

细胞的概率密度估计为

$$\hat{p}(\vec{X}) = \frac{1}{|\vec{X}|} \sum_{i=1}^m \frac{1}{\sigma^m} K\left(\frac{\vec{X} - \vec{x}_i}{\sigma}\right) \quad (11)$$

基于正态函数的平滑性将使得估计函数变化平滑,本文选择正态窗作为核函数。

$$K(\vec{X}) = \frac{1}{(2\pi)^{m/2} |\hat{\sigma}|^m} \exp\left(-\frac{\vec{X}^T \vec{X}}{2}\right) \quad (12)$$

其中, T 是转置操作符, m 是目标的数目, $\hat{\sigma}$ 是核宽, $\hat{\sigma} \in R^m$ 。这里核宽 $\hat{\sigma}$ 是基于优化过程中目标空间的大小做适应性变化。

$$\sigma_j = \frac{\max_j - \min_j}{archivebd} \quad (13)$$

其中, \max_j 和 \min_j 分别表示记忆文档中沿着第 j 维特征空间的最大和最小值。

这里设记忆文档的容量是有限的。当记忆文档达到最大存储量时,根据熵值移去熵值最小、最无效的记忆细胞。

2.3.6 精英选择

根据抗体响应能力选取新一代的进化群体,综合考虑了抗体细胞被支配度及细胞浓度。定义当前环境下的进化抗体种群中的抗体 Ab_i 被支配度 $D(Ab_i)$ 为

$$D(Ab_i) = |x \in X | x > Ab_i | \quad (14)$$

其中, X 为当前进化抗体种群。

定义抗体浓度 $c(Ab_i)$ 为

$$c(Ab_i) = \frac{|\{x \in X | d(x, Ab_i) < \sigma\}|}{|X|} \quad (15)$$

其中, $0 < \sigma < 1$, $d(x, y)$ 表示 x 与 y 的欧氏距离。

定义抗体 Ab_i 的响应能力 $act(Ab_i)$ 为

$$act(Ab_i) = \exp(-\beta D(Ab_i) * c(Ab_i)) \quad (16)$$

其中, $0 < \beta < 1$, β 起着调节抗体支配度和细胞浓度两者比重的作用。抗体的激励度越高,它的全局响应能力越强。

2.4 抗体集 B

本文中抗体集即对应给定环境下的候选解。抗体种群的进化过程如式(17)与式(18)所示。

$$B \xrightarrow{r_c} C \xrightarrow{r_c} C' \xrightarrow{r_m} Mu \xrightarrow{r_s} NB \quad (17)$$

$$B \xrightarrow{r_a} M \quad (18)$$

抗体分为进化抗体种群和最终保存的记忆细胞。式(17)为抗体群体经克隆选择、动态繁殖、变异、精英选择等操作生成新一代进化群体的过程。式(18)为将非支配抗体升级为记忆细胞的过程以及当记忆文档达到最大值时,采用基于信息熵的密度估计方法来更新记忆文档。

作为模型核心元素的 DMEIA 算法将在第 3 节详细阐述。

3 动态进化免疫算法 DMEIA

进化算法具有保留上一代进化群体中的最优非支配抗体并使之参与新一代进化的特点,而免疫算法具有很强的群体多样性以及适应性搜索能力等特性。作为模型指挥中心的 DMEIA 算法结合上述两者的优点,实现了连续、快速地追踪变化的环境,加速算法收敛和提高动态算法性能的目的。算法的具体流程如图 2 所示。

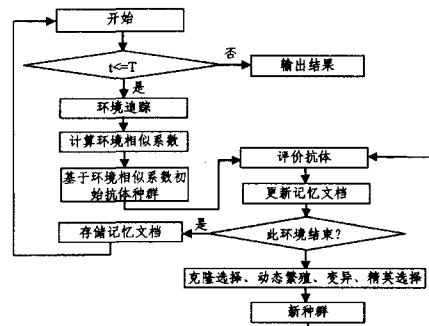


图 2 DMEIA 算法流程

DMEIA 算法具体描述如下:

Step1 初始环境集合 E 与记忆文档集合 M 为空。

Step2 判断 $t \leq T$? 若是,转入 Step3,否则结束,输出结果。

Step3 环境追踪。评价抗原,在环境集合中找出与其最相似的环境。

Step4 计算新环境与最相似历史环境的相似系数。

Step5 从最相似历史环境对应的记忆文档中随机选取以环境相似系数为比例的最优个体为新环境的初始种群,其余所需个体随机产生。然后,转入 Step6。

Step6 基于目标函数评价所有抗体。

Step7 更新该环境下的记忆文档。将非支配抗体升级为记忆细胞,并降级记忆文档中的任何被支配的记忆细胞为进化群体的一员。当记忆文档达到最大存储容量时,采用本文提出的基于信息熵的密度估计方法移除最无效的记忆细胞。

Step8 判断此环境是否到达终止时刻,若是则将其对应的记忆文档 M_t 保存到记忆集合中。否则,转入 Step9。

Step9 对此环境下的进化种群进行克隆选择、繁殖、变异与动态选择操作,进化产生新一代进化种群。

4 动态多目标人工免疫系统模型性能分析

通过以上描述可以得出新模型具有以下 4 个特点:

1)模型中的基本要素与生物免疫系统中的元素建立了一一对应关系。模型运作模拟了生物免疫系统的工作原理,是一种智能模型。

2)环境集 E 中记录了历史环境特征,同时保存着与历史环境相对应的最优解集合。规则集 R 中的环境相似系数算子在充分考虑环境变化程度的同时利用历史环境信息来加速收敛和提高模型的性能,以便在短时间内追踪到新环境的特征,充分体现了模型的动态性。

3)DMEIA 算法结合了进化算法与免疫算法的特点,适合指导模拟生物免疫系统工作原理的动态多目标人工免疫系统模型中各元素之间的协同工作,是模型的指挥中心。

4)在规则集 R 中,基于点在目标空间的分布情况进行克隆选择,并通过进化群体的平均浓度和环境变化动态调控选取的比例,确保最优选择;动态繁殖规则在确保较优个体繁殖机会的同时也限制了繁殖的个数,避免繁殖过大或过小;变异算子综合考虑了环境变化因素与进化代数对进化的作用,确保了算法在进化初期的全局搜索以及后期的局部搜索;基于信息熵的密度估计更新规则较好地保证了在每一环境下的最优解分布的均匀性;精英选择规则使具有较强全局响应能力的抗体参与下一轮进化,也开拓了进化群体的搜索领域。

5 仿真实验与结果分析

文献[5]提供了两个方法分别在决策空间和目标空间测试算法中的收敛性。由于篇幅,本文只给出测试算法在目标空间的收敛公式。

$$e_f(t) = \frac{1}{np} \sum_{i=1}^{nh} \min_{j=1, \dots, m} \|s_{p,i}(t) - X_j^p(t)\| \quad (19)$$

其中, nh 是代表已知 S_p 的采样数目, np 是获得的非支配解的数目, $X^{sol}(t)$ 为在目标空间计算的解。

5.1 测试问题与算法比较

为了测试算法的性能,本文选取文献[5]中的 3 个测试问题进行测试,并将本文所提 DMEIA 算法与经典的 DBM^[5], DNSGAI-A^[6] 进行比较。

DMOP1:测试问题 FDA1 描述如下。

$$f_1(X_I) = x_1$$

$$g(X_{II}) = 1 + \sum_{x_i \in X_{II}} (x_i - G(t))^2$$

$$h(f_1, g) = 1 - \sqrt{f_1/g}$$

$$G(t) = \sin(0.5\pi t), t = \lfloor \tau/\tau_T \rfloor / n_t$$

$$X_I = (x_1) \in [0, 1], X_{II} = (x_2, \dots, x_n) \in [-1, 1]$$

DMOP 2:测试问题 FDA2 描述如下。

$$f_1(X_I) = x_1$$

$$g(X_{II}) = 1 + \sum_{x_i \in X_{II}} x_i^2$$

$$h(X_{III}, f_1, g) = 1 - (f_1/g)^{(H(t) + \sum_{x_i \in X_{III}} (x_i - H(t))^2)^{-1}}$$

$$H(t) = 0.75 + 0.7\sin(0.5\pi t), t = \lfloor \tau/\tau_T \rfloor / n_t$$

$$X_I \in [0, 1], X_{II}, X_{III} \in [-1, 1]$$

DMOP 3:测试问题 FDA3 描述如下。

$$f_1(X_I) = \sum_{x_i \in X_I} x_i^{F(t)}$$

$$g(X_{II}) = 1 + G(t) + \sum_{x_i \in X_{II}} (x_i - G(t))^2$$

$$h(f_1, g) = 1 - \sqrt{f_1/g}$$

$$G(t) = |\sin(0.5\pi t)|, F(t) = 10^{2\sin(0.5\pi t)}, t = \lfloor \tau/\tau_T \rfloor / n_t$$

$$X_I \in [0, 1], X_{II} \in [-1, 1]$$

5.2 测试结果与分析

DMO 通常有以下 4 种可能的随时间变化的方式^[5]:

类型 1:最优决策变量空间随时间变化,而最优目标值空间不随时间变化。

类型 2:最优决策变量空间和最优目标值空间都随时间变化。

类型 3:最优决策变量空间不随时间变化,而最优目标值空间随时间变化。

类型 4:尽管问题改变,但最优决策变量空间和最优目标值空间都不随时间变化。

对于每一个 DMOP 问题,3 种算法初始种群均为 70。DMOP1 设为 10 个环境,DMOP2 与 DMOP3 均设为 7 个环境。图 3、图 4 与图 5 中的(a)、(b)和(c)子图中的黑色的点为各算法搜索到的最优解;(d)子图为 3 种算法在目标空间的收敛比较,其中圆圈表示 DBM,星号表示 DNSGAI-A,上三角表示 DMEIA。

5.2.1 DMOP1

DMOP1 是第 1 种类型,任何时刻都是相同的最优面。该问题的理论 Pareto 面满足 $f_2 = 1 - \sqrt{f_1}$ 。且 $0 \leq f_1(X_I) = x_1 \leq 1$,由此可知 $0 \leq f_2 \leq 1$ 。为了观察方便,将目标函数值 f_1 和 f_2 都平移 0.5t。在该测试问题中, $|X_I| = 1, |X_{II}| = 19$ 。

从图 3(a)、图 3(b)和图 3(c)可知算法 DMEIA 所搜索到的最优解与其他两种算法相比分布更均匀。DNSGAI-A 从第 4 个环境开始表现相对较差,DBM 在 f_2 接近 1 时很难找到最优解。从图 3(d)可知 DMEIA 相对其他两种算法其收敛性随时间变化波动较小,相对平稳。

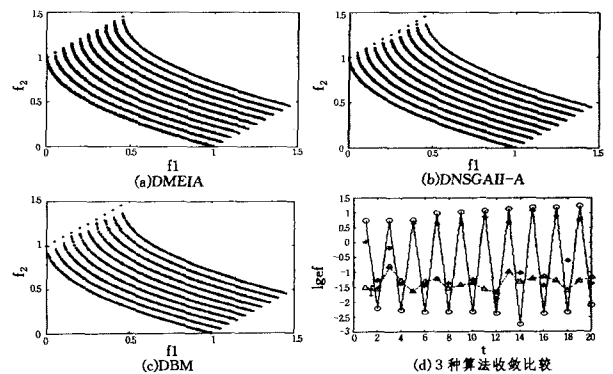


图 3 DMOP1 的 3 种算法的仿真结果图

5.2.2 DMOP2

DMOP2 是第 3 种类型。 $H(t) = 0.75 + 0.7\sin(0.5\pi t) \geq 0.05 > 0$,由此可知,在任意时刻所有的 X_{II} 的最优解为 $x_i =$

$0, x_i \in X_{II}, X_{III}$ 最优解为 $x_i = -1, x_i \in X_{III}$ 。正如尚荣华等人认为^[6], 该问题的理论 Pareto 面满足 $f_2 = 1 - f_1^{(H(t) + 15 \times (1 + H(t))^2)^{-1}}$, 而不是由凸变为非凸。为了观察方便, 将目标函数值 f_1 和 f_2 都平移 0.5t。在该测试问题中, $|X_I| = 1, |X_{II}| = |X_{III}| = 15$ 。

从图 4(a)、图 4(b) 和图 4(c) 可知算法 DMEIA 所搜索到的最优解与其他两种算法相比分布更均匀。DNSGAI-A 好于 DBM, 但在 f_2 接近 1 时很难找到最优解。从图 4(d) 可知 DMEIA 相对其他两种算法其收敛的最小值不如其他两种算法小, 但 DMEIA 随时间变化波动较小, 相对平稳。

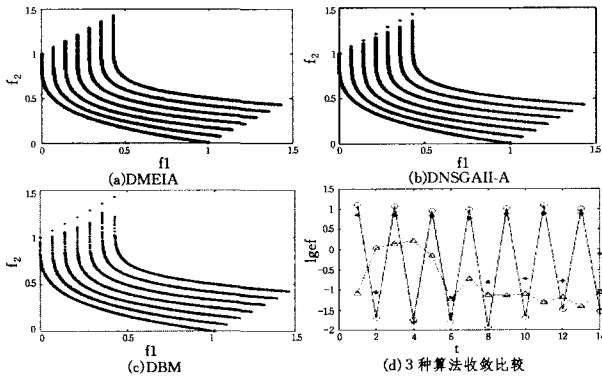


图 4 DMOP2 的 3 种算法的仿真结果图

5.2.3 DMOP3

DMOP3 是第 2 种类型, 且该问题的理论 Pareto 面满足 $f_2 = (1 + G(t)) * (1 - \sqrt{f_1})$, 且 $0 \leq G(t) \leq 1, 1 - \sqrt{f_1} \leq 1$, 由此可知 $f_2 \leq 2$ 。在该测试问题中, $|X_I| = 5, |X_{II}| = 25$ 。

从图 5(a)、图 5(b) 和图 5(c) 可知算法 DMEIA 所得最优解明显好于其他两种算法, 并且 DNSGAI-A 和 DBM 均不能找到 Pareto 面上的全部解。从图 5(d) 可知 DMEIA 相对其他两种算法其随时间变化波动较小, 相对平稳。DBM 收敛的最小值最小。

结束语 本文提出了一种新的动态多目标人工免疫系统模型, 并给出了模型的核心元素——DMEIA 算法。算法结合了进化算法与免疫算法的优良特性, 适时地调用模型规则

集 R 中的环境追踪规则, 并采用基于 Parzen 窗估计法进行信息熵的密度估计。仿真实验表明 DMEIA 具有很强的环境追踪能力及全局搜索能力, 在收敛性、分布性方面也体现了良好的效果, 这些充分验证了模型的综合性能。

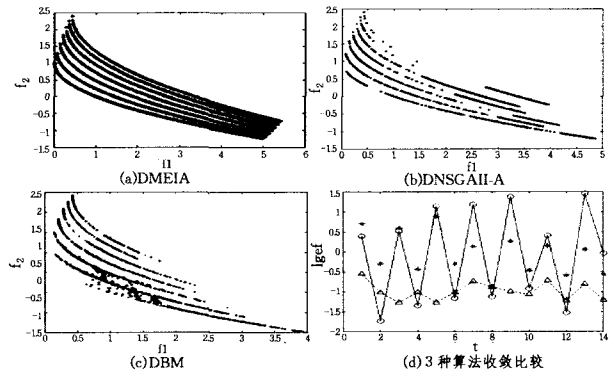


图 5 DMOP3 的 3 种算法的仿真结果图

参考文献

- [1] Wang Yuping, Dang Chuangyin. An evolutionary algorithm for dynamic multi-objective optimization[J]. Applied Mathematics and Computation, 2008, 205(1): 6-18
- [2] Jin Y, Branke J. Evolutionary Optimization in Uncertain Environments—A Survey[J]. IEEE Transactions Evolutionary Computation, 2005, 9(3): 303-317
- [3] 尚荣华, 焦李成, 公茂果, 等. 免疫克隆算法求解动态多目标优化问题[J]. 软件学报, 2007, 11(8): 2700-2711
- [4] 郑金华. 多目标进化算法及其应用[M]. 北京: 科学出版社, 2007: 1-10
- [5] Farina M, Deb K, Amato P. Dynamic multiobjective optimization problems: test case, approximations, and applications[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2004, 8(5): 425-442
- [6] Deb K, Uda YA B R N, Karthik S. Dynamic multi-objective optimization and decision-making using modified NSGA-II: a case study on hydro-thermal power scheduling bi-objective optimization problems[R]. KanGAL Report. 2006

(上接第 213 页)

- [5] Soranzo N, Bianconi G, Altafini C. Comparing association network algorithms for reverse engineering of large-scale gene regulatory networks: synthetic versus real data[J]. Bioinformatics, 2007, 23: 1640-1647
- [6] Lee T I, Rinaldi N J, Robert F, et al. Transcriptional regulatory networks in Saccharomyces cerevisiae[J]. Science, 2002, 298: 799-804
- [7] Tyers M. Cell cycle goes global[J]. Curr Opin Cell Biol, 2004, 16: 602-613
- [8] Li F T, Long T, Lu Y, et al. The yeast cell-cycle cutwork is robustly designed[J]. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2004, 101: 4781-4786
- [9] Kitano H. Biological robustness[J]. Nature Reviews Genetics, 2004, 5: 826-837
- [10] Fengli R, Jinde C. Asymptotic and robust stability of genetic

- regulatory networks with time-varying delays[J]. Neurocomputing, 2008, 71: 834-842
- [11] Crombach A, Hogeweg P. Evolution of Evolvability in Gene Regulatory Networks[J]. PLoS Comput Biol, 2008, 4
- [12] Xiaohua L, Hongyan G, Yuanwei J. Robust decentralized connective stabilization for expanding construction of large-scale systems[C]// Automation and Logistics, 2008. ICAL 2008. Sept 2008: 1121-1125
- [13] National Center for Biotechnology Institute[OL]. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- [14] Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes[OL]. <http://www.genome.jp/kegg/>
- [15] Luwen Z, Wu Z, Mei X, et al. Reverse engineering large-scale gene networks using linear model and robust regression synthetic versus real data. 待发表