

基于动态拥挤距离的混合多目标免疫优化算法

马元锋¹ 李昂儒² 余慧敏² 潘晓英^{2,3}

(中国电子科技集团公司第三研究所 北京 100015)¹ (西安邮电大学计算机学院 西安 710121)²
(西安邮电大学陕西省网络数据智能处理重点实验室 西安 710121)³

摘要 多目标免疫优化算法的研究目标是种群均匀分布于优化问题的非劣最优域并使算法快速收敛。为进一步提高多目标优化问题非支配解集合的分布均匀性和收敛性,提出了一种基于动态拥挤距离的混合多目标免疫优化算法。该算法基于动态拥挤距离来对个体进行比较和更新操作,从而保持最终解集的均匀分布,同时借鉴经典差分进化算法中的变异引导算子来加强免疫优化算法的局部搜索能力并提高搜索精度。基于 5 个经典测试函数的仿真结果表明,与其他几种有效的多目标优化算法相比,所提算法不仅在求得 Pareto 最优解集的逼近性、均匀性和宽广性上有明显优势,而且收敛速度也有较大的改进和提高。

关键词 多目标优化,人工免疫算法,动态拥挤距离,差分算子

中图分类号 TP391 文献标识码 A

Dynamic Crowding Distance-based Hybrid Immune Algorithm for Multi-objective Optimization Problem

MA Yuan-feng¹ LI Ang-ru² YU Hui-min² PAN Xiao-ying^{2,3}

(The Third Research Institute of China Electronic Technology Group Corporation, Beijing 100015, China)¹

(School of Computer Science and Technology, Xi'an University of Posts and Telecommunications, Xi'an 710121, China)²

(Shanxi Key Laboratory of Network Data Intelligent Processing, Xi'an University of Posts and Telecommunications, Xi'an 710121, China)³

Abstract The goal of the research on multi-objective immune optimization algorithm is to make the population uniformly distributed in Pareto optimal domain and make the algorithm converge fast. To improve the diversity and convergence of the non-dominated solution set, a dynamic crowding distance-based hybrid immune algorithm for multi-objective optimization problem was presented in this paper. The algorithm uses dynamic crowding distance calculation to compare and update individuals in each subpopulation. Meanwhile, it references mutation-guiding operator of differential evolution to strengthen the local search ability and improve search precision of the immune optimization algorithm. Compared with the other three efficient multi-objective optimization algorithms, five benchmark test problems and simulation results indicate that the algorithm performs better in approximation, uniformity and coverage. It converges significantly faster than the relevant optimization algorithms.

Keywords Multi-objective optimization, Immune optimization algorithm, Dynamic crowding distance, DE operator

1 引言

在实际科学与工程应用中,普遍存在着需要同时优化两个或两个以上目标的多目标优化问题(Multi-objective Optimization Problem, MOP)。多目标优化问题之间是相互冲突的,不存在一个能使所有目标都达到最优的解。MOP 算法的目的是获得一个具有代表性的 Pareto 最优解的集合(Pareto Set, PS),使得这些 Pareto 最优解在目标空间 Pareto 前端(Pareto Front, PF)上的分布具有尽可能好的逼近性、宽广性和均匀性^[1]。由于能够在一次运行后获得一组 Pareto 最优解,进化多目标优化(Evolutionary Multi-objective Optimization, EMO)算法受到越来越多的关注,并逐渐发展为了一个相对热门的研究领域^[2]。

Schaffer 很早就提出了向量评价遗传算法(Vector-Evaluated Genetic Algorithms, VEGA)^[3],从此开创了求解多目标优化问题的先河。随后,不同学者相继提出了多种进化多目标优化算法。Fonseca 等提出了多目标遗传算法(Multi-objective Genetic Algorithm, MOGA)^[4],Srinivas 等提出了非支配排序遗传算法(Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm, NSGA)^[5],Horn 等于 1994 年提出了小生境帕累托遗传算法(Niched Pareto Genetic Algorithm, NPGA)^[6]。这些算法的特点是采用基于 Pareto 等级的个体选择方法和基于适应度共享机制的种群多样性保持策略。20 世纪初, SPEA, SPEA2^[7], PAES^[8], PESA, PESA-II^[9], NPGA2^[10] 等多目标进化算法相继被提出,这几种算法主要以精英保留机制为主要特征。在 2002 年,Deb 等学者对 NSGA 算法进行了改进,

本文受国家自然科学基金青年项目(61203311)资助。

马元锋(1973—),男,博士,高级工程师,主要研究方向为信号处理、模式识别;李昂儒(1990—),男,硕士生,主要研究方向为智能优化、信号处理;余慧敏(1995—),女,硕士生,主要研究方向为数据挖掘、进化优化;潘晓英(1981—),女,博士,副教授,主要研究方向为智能优化、图像处理, E-mail: panxiaoying@xupt.edu.cn。

提出了非常经典的算法——NSGA-II^[11]。

2003年以来,进化多目标优化的研究领域呈现出了新的特点,一些新的进化范例陆续被应用于多目标优化问题的求解中,其中人工免疫系统是受免疫学的启发,模拟免疫学功能、原理和模型来解决复杂的自适应系统,已被成功应用于网络入侵检测、计算机安全、数据挖掘等领域^[12]。与进化算法相比,用于求解优化问题的免疫优化算法具有更好的种群多样性保持能力,相关算法不易陷入局部最优。例如,Cutello等提出的MISA(Multi-objective Immune System Algorithm)^[13],Cutello等基于免疫操作对PAES进行改进而提出的I-PAES^[14],Freschi等提出的VAIS(Vector Artificial Immune System)^[15],Jiao等提出的免疫优势克隆多目标算法(IDCMA)^[16]和非劣邻域免疫算法^[17]。舒万能等在传统的克隆选择算法基础上,设计出了一种进化反馈深度模型和种群生存度设计理念^[18];戚玉涛等利用种群中抗体在决策空间上的位置关系,提出了求解多目标问题的Memetic免疫优化算法^[19],提高了免疫多目标优化算法的求解效率。Caseiro等将数学规划中较成熟的分解策略引入到多目标进化算法中,构造出基于分解的多目标进化算法(MOEA/D)框架^[23],该算法将逼近整个Pareto前沿面的问题分解为一定数量的单目标优化问题,然后利用进化算法同时求解这些问题。实验表明,这种有效的方法为解决优化问题提供了新的思路。Zhang等利用非监督式学习方法,提出了较新的SMEA(Self-organizing Multi-objective Evolutionary Algorithm)^[24]。

其中,非劣邻域免疫算法是比较有代表性的算法。非劣邻域免疫算法模拟了免疫响应中多样性抗体共生、少数抗体激活的现象,通过一种基于非支配邻域个体选择方法,只选择少数相对孤立的非支配个体作为活性抗体,并根据活性抗体的拥挤距离程度进行比例克隆复制,对克隆后的抗体进行重组操作和变异操作,以此来加强对当前Pareto前沿面中较稀疏区域的搜索^[20]。需要指出的是,多数免疫优化算法的全局搜索能力较好,但求解效率不高,解集分布不均匀且搜索精度相对较差,局部搜索能力有待提高。与此同时,非支配个体的排序是根据其多目标函数值的多样性的贡献来进行区分的。这种区分基于拥挤距离 D 来度量^[11]。然而,这种直线距离和方式不能很好地反映Pareto曲面拐弯处的拥挤程度和弯曲程度,不能提供足够的邻域信息,这将会丢失部分空间信息,最终导致解集分布不均匀性问题。

为进一步提高免疫优化算法的求解性能,本文采用动态拥挤距离计算方法,同时借鉴差分进化算法中的变异引导算子的特性,将两者都引入免疫优化算法中,提出一种有效求解多目标问题的混合进化算法——DHMOP(Dynamic crowding distance-based Hybrid immune algorithm for Multi-objective Optimization Problem)。仿真实验结果表明,与NSGA-II, SMEA, NNIA, MOEA/D等算法相比, DHMOP新算法在收敛速度和求解质量上均有明显优势。

2 多目标优化问题的数学描述

多目标优化问题又称多标准优化问题。一个具有 n 个决策变量、 m 个目标变量的多目标优化问题可以表述为:

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

其中, $x = (x_1, \dots, x_n) \in X \subset R^n$ 为 n 维的决策变量, $y = (y_1, \dots, y_m) \in Y \subset R^m$ 为 m 维的目标矢量。目标函数 $F(x)$ 定义了 m 个由决策空间向目标空间映射的函数; $g_i(x) \leq 0 (i = 1, 2, \dots, q)$ 定义了 q 个不等式约束; $h_j(x) \leq 0 (j = 1, 2, \dots, p)$ 定义了 p 个等式约束。在此基础上,给出以下几个重要的定义。

定义 1(可行解) 对于某个 $x \in X$, 如果 x 满足式(1)中的约束条件, $g_i(x) \leq 0 (i = 1, 2, \dots, q)$ 和 $h_j(x) \leq 0 (j = 1, 2, \dots, p)$, 则称 x 为可行解。

定义 2(可行解集合) 将由 X 中所有的可行解组成的集合称为可行解集合, 记为 X_f , 且 $X_f \subseteq X$ 。

定义 3(Pareto 占优) 假设 $X_A, X_B \in X_f$ 是式(1)所示的多目标优化问题的两个可行解, 则称与 X_B 相比, X_A 是 Pareto 占优的, 当且仅当

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

记作 $x_A > x_B$, 也称 x_A 支配 x_B 。

定义 4(Pareto 最优解) Pareto 最优解是所有 Pareto 最优解(或非支配解), 当且仅当满足如下条件:

$$\rightarrow \exists x \in X_f, x > x^* \quad (3)$$

定义 5(Pareto 最优解集) Pareto 最优解集是所有 Pareto 最优解的集合, 定义如下:

$$P^* = \{x^* \mid \rightarrow \exists x \in X_f, x > x^*\} \quad (4)$$

定义 6(Pareto 前沿面) Pareto 最优解集 P^* 中所有 Pareto 最优解对应的目标矢量组成面称为 Pareto 前沿面 PF^* :

$$PF^* = \{F(x^*) = (f_1(x^*), f_2(x^*), \dots, f_m(x^*))^T \mid x^* \in P^*\} \quad (5)$$

3 求解多目标优化问题的 DHMOP 算法

3.1 种群多样性保持策略

保持种群的多样性在研究中有着重要的意义,它能够给决策者提供更多合理的选择。另外,对于目标函数数目较多的优化问题,由于搜索空间的维度高,群体个体之间很难进行优劣性比较^[24]。在非劣邻域免疫算法中,只选择少数相对孤立的非支配个体作为活性抗体,并根据活性抗体的拥挤程度进行比例克隆复制,然后再对克隆后的抗体采取重组操作和变异操作,以此来加强对当前Pareto前沿面中较稀疏区域的搜索,使得最终的Pareto解集分布的广度和均匀度更好^[19]。

抗体间的拥挤距离是针对种群中一层非支配个体而言的,某个抗体 i 的拥挤距离的计算公式定义如下:

$$d_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n |f_j^{i+1} - f_j^{i-1}| \quad (6)$$

其中, n 为目标维数; f_j^i 为第 i 个个体在第 j 维目标 0 排序后的第 j 维目标值。

解的多样性主要体现在解分布的广度和均匀程度上。要想获得分布均匀的 Pareto 解集,关键问题就是如何刻画解分布的广度和均匀程度。传统的拥挤程度计算方法存在的问题有:按照拥挤距离值由大到小排序,一次性淘汰所有拥挤距离小的个体,则会出现解集的分布缺失,使得解的分布性较差;同时,基于直线距离的方式不能很好地反映 Pareto 曲面拐弯处的拥挤程度,不能提供足够的邻域信息。针对上述拥挤距

离计算方法的不足,本文提出了一种动态拥挤距离计算方法。其中,动态拥挤距离的计算公式如下:

$$dd_i = \sigma \times d_i + (1 - \sigma) \times d_i', \sigma \in (0.5, 1) \quad (7)$$

其中, $d_i' = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (|f_j^{i+1} - f_j^{i-1}| - d_i)^2}$ 为个体 i 在各维目标的相邻拥挤距离的标准差,反映了各维目标拥挤距离的差异程度,差异程度大的个体被保留的可能性大; $\sigma \in (0.5, 1)$ 是一个权重系数。对于某个抗体的拥挤程度,可以用式(7)计算。

图 1 从数值实验的角度对传统拥挤距离计算方法和本文提出的动态拥挤距离计算方法进行分析。以测试函数 ZDT1 (函数定义见第 4 节中的表 1) 为例,从一组固定的父代抗体出发,分别采用两种不同的拥挤距离计算方法产生子代抗体。

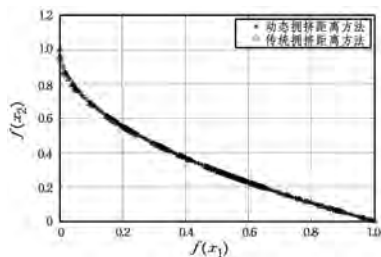


图 1 两种不同的拥挤距离计算方法的对比

从图 1 中不同的拥挤度计算方法产生子代的分布情况可以看出,本文提出的动态拥挤距离计算方法可以有效地解决某些区域个体分布密集而另一些区域个体分布稀疏的问题。新方法在种群维护过程中淘汰掉分布很密集的点,因为种群中个体之间的距离越小,分布度就越差。与传统方法相比,该多样性保持策略可以将差异程度较大的个体进行克隆操作,使其有更大的机会保留到下一代,从而将那些更好的优良个体保存下来,达到保持种群多样性的目的。

3.2 DHMOP 算法的抗体变异策略

非劣邻域免疫算法采用实数编码的方式,交叉变异算子分别采用的是模拟二进制交叉算子(Simulated Binary Cross-over, SBX)^[21]和多项式变异算子(Polynomial mutation, PM)^[21]。对于随机选择的两个父代个体 $P_1 = (p_{11}, p_{12}, \dots, p_{1n})$ 和 $P_2 = (p_{21}, p_{22}, \dots, p_{2n})$,被随机选中的交叉点按照如下方法改变:

$$\begin{aligned} x_{i1} &= 0.5[(1-\alpha)p_{1i} + (1+\alpha)p_{2i}] \\ x_{i2} &= 0.5[(1+\alpha)p_{1i} + (1-\alpha)p_{2i}] \end{aligned} \quad (8)$$

其中, $\alpha(u) = \begin{cases} (2u)^{\frac{1}{p_c+1}}, & \text{若 } u \leq 0.5 \\ (2(1-u))^{\frac{1}{p_c+1}}, & \text{否则} \end{cases}$, u 为 $[0, 1]$ 区间内均匀分布的随机数。

在多项式变异算子中,对于父代个体 $p = (p_1, p_2, \dots, p_n)$,随机选择变异点,按照如下公式产生新的基因:

$$x_i' = x_i + (x_{TB,i} - x_{LB,i})\beta \quad (9)$$

其中, $x_{TB,i}$ 和 $x_{LB,i}$ 分别为第 i 个决策变量的上边界和下边界; β 根据如下公式确定:

$$\beta(u) = \begin{cases} (2u)^{\frac{1}{p_m+1}} - 1, & u < 0.5 \\ 1 - [2(1-u)]^{\frac{1}{p_m+1}}, & u \geq 0.5 \end{cases}$$

其中, u 为 $[0, 1]$ 区间内均匀分布的随机数。

差分进化(Differential Evolution)算法利用种群间个体的竞争和合作来智能指导搜索过程,其种群搜索能力较强,搜索精度高,通过向最优个体学习,提高了收敛速度。本文采用 DE 差分进化模型 $t = x_{\text{best}} + \text{rand}(0, 1) \times (x_{r_2} - x_{r_1}) + \text{rand}(0, 1) \times (x_{r_4} - x_{r_3})$,属于 DE/best/2 变异机制,其中 x_{best} 表示选择当前最优个体作为变异的基, $x_{r_1}, x_{r_2}, x_{r_3}, x_{r_4}$ 为随机选择的个体。其中的关键变异、交叉、选择操作的流程如图 2 所示。

对于每个个体 x_i :

1. 随机选取 3 个解个体进行变异操作,得到临时解 $t = x_{\text{best}} + a(x_{r_2} - x_{r_1}) + b(x_{r_4} - x_{r_3})$;
2. 对 t 和原个体 x_i 进行二项式交叉操作,得到新解 x_i' ;
3. 比较交叉后得到的 x_i' 和原个体 x_i ,选择较好的解进入下一代搜索。

图 2 差分进化算子的流程图

3.3 DHMOP 算法描述

DHMOP 算法以免疫优化算法为基本框架,保留非劣邻域免疫算法的快速非支配排序方法、按比例克隆机制和重组机制,同时采用动态拥挤距离计算方法,并引入差分进化算法中的变异引导算子。算法的具体流程如图 3 所示。

1. 初始化,产生大小为 N 的初始抗体种群 B_0 ,令支配抗体种群 D_0 、活动种群 A_0 和克隆种群 C_0 都为空,最大函数评价次数为 MAXFUN ,令 $t=0$ 。
2. 克隆操作,采用快速非支配排序和动态拥挤距离计算的多样性保持技术,从 P_t 中选出大小为 n_A 的激活种群 A_t ,执行按比例克隆操作,得到克隆种群 C_t 。
3. 免疫基因操作,令 C_t' 为空集,对于克隆种群 C_t 中的每个抗体 $Ab_i (i=1, 2, 3, \dots, |C_t|)$,按照式(7), $dd_i = \sigma \times d_i + (1 - \sigma) \times d_i' (\sigma \in (0.5, 1))$,其中 $d_i' = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (|f_j^{i+1} - f_j^{i-1}| - d_i)^2}$,计算抗体间的拥挤度,并将计算结果由大到小排序;然后用 C_t 中拥挤距离较大的 s 个抗体构成列表 $NL (Ab_i)$,先对 Ab_i 执行模拟二进制交叉算子,再利用执行差分进化的变异引导算子,产生新的抗体 C_t' 。其中,执行变异引导算子的步骤如下:1)输入克隆种群,种群大小为 n_c ,然后随机选取 3 个解个体,得到临时解 $t = x_{\text{best}} + a(x_{r_2} - x_{r_1}) + b(x_{r_4} - x_{r_3})$;2)对原个体 x_i 进行二项式交叉操作,得到新解 x_i' ;3)比较交叉后得到的 x_i' 和原个体 x_i ,将较优的个体保留到下一代。
4. 非劣邻域选择操作,采用快速非支配排序和动态拥挤距离计算的多样性保持技术,从 $P_t \cup C_t'$ 中选择 n_D 个个体的新种群 P_{t+1} 。
5. 判断停机操作,如果函数评价次数大于或等于 MAXFUN ,则输出种群 P_{t+1} ,否则,令 $t=t+1$,转到步骤 2。

图 3 DHMOP 算法的具体实现

本文在多目标免疫优化算法的主框架中运用动态拥挤距离方法计算拥挤度,以改善传统拥挤距离计算方法易导致解集区域分布不均匀的问题,增强最终解集分布的广泛性和均匀性;同时,将差分进化算法中的变异引导算子巧妙地应用到免疫优化算法中,对种群的进化方向进行引导,使得 DHMOP 算法兼具全局搜索能力和局部搜索能力,提高局部搜索性能和搜索精度,获得更高质量的解。

4 实验仿真和性能比较

4.1 经典测试函数

本文采用 Zitzler 等提出的 ZDT 系列函数^[22]中的 5 个经典测试问题(ZDT1, ZDT2, ZDT3, ZDT4, ZDT6)分析本文所提算法的性能。这 5 个经典测试问题代表不同特征的问题,很多

文献中将其作为标准测试问题,以衡量算法性能。测试函数的详情如表1所列。

表1 多目标优化测试问题

问题	n	变量范围	目标函数(最小化)	特征
ZDT1	30	[0,1]	$f_1(x) = x_1$	凸
			$f_2(x) = g(x)(1 - \sqrt{x(1/g(x))})$	
			$g(x) = 1 + 9(\sum_{i=2}^n x_i)/(n-1)$	
ZDT2	30	[0,1]	$f_1(x) = x_1$	非凸
			$f_2(x) = g(x)(1 - (x_1/g(x))^2)$	
			$g(x) = 1 + 9(\sum_{i=2}^n x_i)/(n-1)$	
ZDT3	30	[0,1]	$f_1(x) = x_1$	凸、非连续
			$f_2(x) = g(x)(1 - \sqrt{x(1/g(x))} - \frac{x_1}{g(x)} \sin(10\pi x_1))$	
			$g(x) = 1 + 9(\sum_{i=2}^n x_i)/(n-1)$	
ZDT4	10	$x_1 \in [0,1]$ $x_i \in [-5,5],$ $i=2, \dots, n$	$f_1(x) = x_1$	非凸、局部最优解多
			$f_2(x) = g(x)(1 - \sqrt{x(1/g(x))})$	
			$g(x) = 1 + 10(n-1) + \sum_{i=2}^n (x_i^2 - 10 \cos(4\pi x_i))$	
ZDT6	10	[0,1]	$f_1(x) = 1 - \exp(-4x_1) \sin^6(6\pi x_1)$	非凸、不均匀分布
			$f_2(x) = g(x)(1 - (f_1(x)/g(x))^2)$	
			$g(x) = 1 + 9((\sum_{i=2}^n x_i)/(n-1))^{0.25}$	

4.2 性能评价指标

在评价多目标优化算法的优劣时,一般考虑找到的最优解是否收敛于真实的 Pareto 最优解及最终得到的解集的分布情况。本文采用了 γ 和 Δ 两个指标^[20]来评价 DHMOP 算法的收敛性和分布均匀性,两者的值越小,表示算法的性能越好。同时,采用 IGD(Inverted Generational Distance)值来估计算法的 PF 与理想最优解的趋近程度。

1) γ (Convergencemetric)度量的是算法所获得的 Pareto 前沿 K 和真实 Pareto 最优解集 T^* 的距离。

$$\gamma = \frac{\sum_{i=1}^{|K|} d_i}{|K|} \quad (10)$$

其中, d_i 是目标空间中个体 $i \in K$ 和 T^* 中最接近解个体之间的距离。

2) Δ (Diversity metric)度量算法得到的 Pareto 解集分布在整个前沿面上的均匀程度。

$$\Delta = \frac{d_b + d_e + \sum_{i=1}^{|K|-1} |d_i - \bar{d}|}{d_b + d_e + (|K| - 1)\bar{d}} \quad (11)$$

其中, d_i 是目标空间中所得 Pareto 前沿 K 的相连的两个解之间的欧氏距离, \bar{d} 是 d_i 的均值。参数 d_b 和 d_e 分别为算法获得的边界解与相应的真实 Pareto 极端解间的距离,极端解指某一目标函数值最大而其他目标函数值最小时的解。

3) 综合指标 IGD 值,用来表示算法的 PF 与理想最优解的趋近程度。设 P^* 为一个理想 Pareto 前沿均匀分布的点集, P 是算法得到的近似 Pareto 最优解集合。 P^* 到 P 的平均距离 IGD 定义为:

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

其中, $d(v, P)$ 是 v 与 P 中所有点的最小欧氏距离。如果 $|P^*|$ 足够大,那么 IGD 能够在某种程度上代表 P 的多样性和收敛性。IGD 值越小,表示 P 与 P^* 的 PF 越接近。

4.3 实验结果分析

本文实验采用 MATLAB R2014a 软件进行仿真实验,选

用 5 个不同类型的经典测试问题来验证本文算法的有效性,它们能够从不同方面对多目标问题进行测试。将实验结果与 NSGA-II^[11], NNIA^[16], MOEA/D^[23], SMEA^[24] 进行比较。其中 NSGA-II 是一种公认的有效多目标进化算法, MOEA/D 是将数学规划的分解策略引入到多目标优化问题中的一种新算法, SMEA 是一种新提出的自组织演化算法, NNIA 是经典的免疫优化算法。表 2 给出了 DHMOP 算法与其中 3 种算法(NSGA-II, NNIA, SMEA)在 5 个测试问题上的收敛度指标和多样性指标的比较,所得的数值为运行 30 次得到的均值以及方差。从表 2 中的数据可以看出, DHMOP 算法在 5 个测试问题上都能较好地收敛到 Pareto 前沿面上。

表2 ZDT 系列测试函数的结果统计

	算法	收敛性指标	多样性指标
ZDT1	DHMOP	0.000038 ± 0.00034	0.3679 ± 0.005567
	NSGA-II	0.00511 ± 0.000031	0.6523 ± 0.0507012
	NNIA	0.028423 ± 0.00005	0.38030 ± 0.001765
	SMEA	0.01057 ± 0.000001	0.5728 ± 0.003345
ZDT2	DHMOP	0.000049 ± 0.00002	0.4578 ± 0.006732
	NSGA-II	0.003598 ± 0.000023	0.6156 ± 0.002389
	NNIA	0.000749 ± 0.00003	0.4275 ± 0.002960
	SMEA	0.000545 ± 0.00004	0.5398 ± 0.003487
ZDT3	DHMOP	0.0047 ± 0.000000	0.6680 ± 0.001686
	NSGA-II	0.0374 ± 0.000722	0.7421 ± 0.024860
	NNIA	0.11350 ± 0.007840	0.73854 ± 0.019607
	SMEA	0.001560 ± 0.00000	0.7461 ± 0.001687
ZDT4	DHMOP	0.002 ± 0.00000007	0.6201 ± 0.000556
	NSGA-II	0.0012 ± 0.000006	0.8799 ± 0.032282
	NNIA	0.48906 ± 0.121860	0.64612 ± 0.065901
	SMEA	0.64095 ± 0.005002	0.7932 ± 0.03421
ZDT6	DHMOP	0.00072 ± 0.000000	0.6578 ± 0.005901
	NSGA-II	0.00077 ± 0.000003	0.7311 ± 0.001899
	NNIA	0.29456 ± 0.021135	0.56602 ± 0.006823
	SMEA	0.02723 ± 0.000761	0.7655 ± 0.006381

文中其他 4 种对比算法均采用了模拟二进制交叉(SBX)和多项式变异,各种算法的 SBX 交叉概率设定为 0.8,多项式变异概率为 $1/n$,其中 n 代表多目标优化问题决策变量维数,多项式变异的分布指数设定为 20。NSGA-II 种群大小为

100, SMEA 种群规模为 100, 邻域交配池大小为 30, 学习比率 t 为 0.7; MOEA/D 算法的种群大小为 100, 个体邻域集合大小 T 设为 20; NNIA 中, 非支配种群大小为 100, 激活种群大小为 20, 克隆种群大小为 100。在本文提出的改进算法中, 将非支配种群规模 n_D 设置为 100, 激活种群规模 n_A 设置为 20, 克隆规模 n_C 设置为 50, 引入差分算子的交叉变异模型为:

$$t = x_{best} + \text{rand}(0, 1) \times (x_{r2} - x_{r1}) + \text{rand}(0, 1) \times (x_{r4} - x_{r3})$$

为进一步测试本文算法的性能, 表 3 给出了其中 3 个算法在 5 个测试函数上的 IGD 均值和方差, 其中算法 MOEA/D 和 NSGA-II 的数据来源于文献[23]。

表 3 DHMOP, NSGA-II, MOEA/D 在测试函数上的 IGD 均值和方差

IGD	DHMOP		NSGA-II		MOEA/D	
	Mean	Std	Mean	Std	Mean	Std
ZDT1	0.0046	0.0003	0.0050	0.0002	0.0055	0.0039
ZDT2	0.0048	0.0006	0.0079	0.0109	0.0049	0.0002
ZDT3	0.0105	0.0094	0.0143	0.0091	0.0065	0.0054
ZDT4	0.0075	0.0025	0.0076	0.0023	0.0182	0.0237
ZDT6	0.0019	0.0001	0.0169	0.0028	0.0042	0.0003

由表 3 可以看出, 对于两目标函数, 除了 ZDT3, 算法 DHMOP 在其他两目标函数上获得的 IGD 均值均好于算法 MOEA/D 和 NSGA-II, 这充分说明了本文算法的有效性。

DHMOP 算法在 ZDT4 和 ZDT6 问题上的收敛性均优于 SMEA。图 4 给出了 DHMOP 算法和 SMEA 算法在这两个问题上所得的 PF, 可以看出 DHMOP 算法的分布多样性优于 SMEA, 因为 SMEA 采用 SOM 方法只允许提取邻域种群信息, 只能选择重组相邻解集, 这样较易丢失较优解, 从而使得最终解集的分布不均匀。

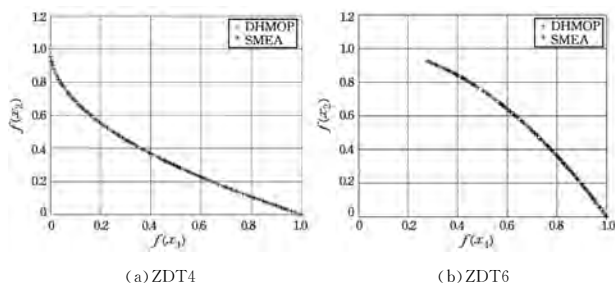


图 4 DHMOP 和 SMEA 求解 ZDT4, ZDT6 问题所得的 PF

对于两目标 ZDT 系列测试函数, DHMOP 算法已经很好地收敛到理想 PF, 其在收敛速度上均优于 NNIA; 在种群多样性上, 除了 ZDT6 外, 本文提出的算法均优于 NNIA。从综合性能来说, 本文提出的算法相比 NNIA 有较大提高。同样地, 与 NSGA-II 相比, 本文提出的算法在所有测试问题上的收敛性都优于 NSGA-II。

为更直观地看出 DHMOP 对 NNIA 收敛性的提高, 图 5 给出了 DHMOP 和 NNIA 对表 1、表 2 中的测试函数求解所得到的 PF。从图中可以看出, 对于 ZDT1, ZDT2, ZDT3, ZDT4 测试问题, NNIA 算法获得的 PF 距 PF* 相对较远, 且在某些地方出现了个体稀疏的情况, 分布出现盲区; DHMOP 所得的解群更趋近于 PF*, 且分布均匀性明显优于 NNIA, 这是因为其使用差分进化算法中的种群进化方向引导变异算子, 使得解朝着真实的 Pareto 前沿方向发展, 搜索能力变强。在 ZDT6 测试问题上, 虽然两者都接近 PF*, 但 DHMOP 在分布上出现的盲区比 NNIA 出现的少, 因此 DH-

MOP 在全局搜索能力上较优于 NNIA。

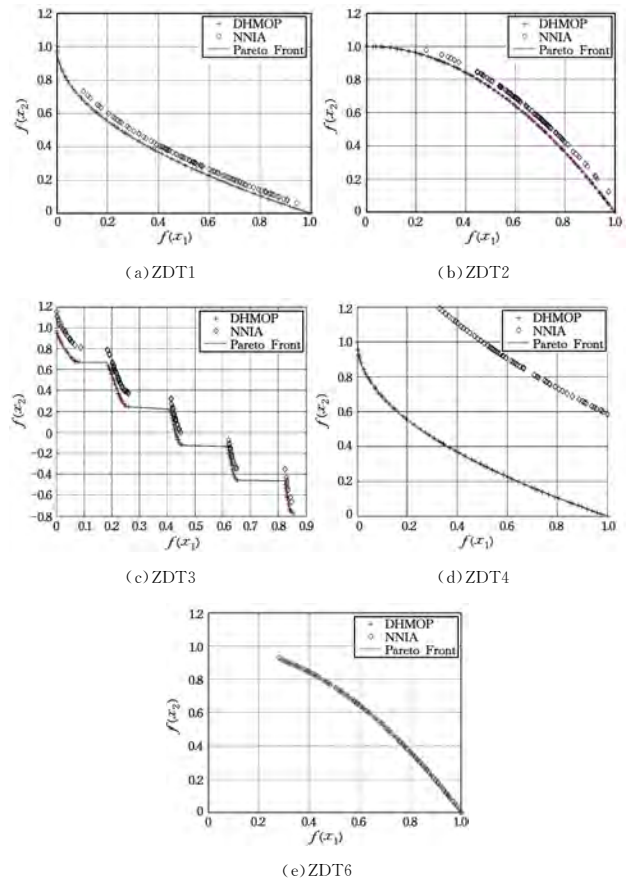


图 5 DHMOP 和 NNIA 对 ZDT 系列函数的优化结果比较

结束语 本文针对多目标免疫优化算法的缺陷以及差分进化算子的优点, 设计出了一种维持种群多样性、提高搜索精度、提升解集质量的混合免疫算法 (DHMOP) 来解决多目标优化问题。基于两目标的标准测试问题 ZDT1, ZDT2, ZDT3, ZDT4, ZDT6 的测试结果以及与其他几种对比结果表明, DHMOP 算法在解决不同的多目标问题时, 收敛性较其他算法有明显提高, 所得 PF 分布均匀性也较好, 具有一定的优势。在未来的研究中, 可以针对算法在某些难度较大问题上所求结果的宽广性不足的问题, 使用更好的方法来替代非支配排序中的拥挤距离计算方法, 以进一步提高算法保持种群多样性的能力, 并在其他测试问题上测试算法性能。另外, 在实际应用中, 可根据解决问题的实际情况, 相应地调整参数, 不断改进算法性能。

参考文献

- [1] LIN H, PENG Y. Immune clonal algorithm with fitness sharing for multi-objective optimization [J]. Control Theory & Applications, 2011, 28(2): 206-214.
- [2] SHANG R, JIAO L, YU H, et al. Quantum immune clone for solving constrained multi-objective optimization [J]. Evolutionary Computation, 2015, 3(4): 26-41.
- [3] AN S, LI Q, YANG S. An Improved Light Beam Search Method in Multi-objective Inverse Problem Optimizations [J]. IEEE Transactions on Magnetics, 2016, 52(3): 1-4.
- [4] FONSECA C M, FLEMING P J. Genetic algorithm for multi-objective optimization: Formulation, discussion and generation [C] // 5th Int'l Conf. on Genetic Algorithms. San Mateo:

- Morgan Kauffman Publishers, 1993: 416-423.
- [5] SRINIVAS N, DEB K. Multi-objective optimization using non-dominated sorting in genetic algorithms[J]. *Evolutionary Computation*, 1994, 2(3): 221-248.
- [6] HORN J, NAFPLIOTIS N, GOLDBERG D E. A niched Pareto genetic algorithm for multi-objective optimization [C] // 1st IEEE Congress on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE, 1994: 82-87.
- [7] ZITZLER E, LAUMANN S, THIELE L. SPEA2: Improving the strength Pareto evolutionary algorithm[C] // *Evolutionary Methods for Design, Optimization and Control with Applications to Industrial Problems*. Berlin: Springer-Verlag, 2002: 95-100.
- [8] KNOWLES J D, CORNE D W. Approximating the non-dominated front using the Pareto archived evolution strategy[J]. *Evolutionary Computation*, 2000, 8(2): 149-172.
- [9] CORNE D W, JERAM N R, KNOWLES J D, et al. PESA-II: Region-Based selection in evolutionary multi-objective optimization[C] // *Genetic and Evolutionary Computation Conf. (GECCO 2001)*. San Francisco: Morgan Kaufmann Publishers, 2001: 283-290.
- [10] ERICKSON M, MAYER A, HORN J. The niched Pareto genetic algorithm 2 applied to the design of groundwater remediation system[C] // 1st Int'l Conf. on Evolutionary Multi-Criterion Optimization (EMO 2001). Berlin: Springer-Verlag, 2001: 681-695.
- [11] DEB K, PRATAP A, AGARWAL S, et al. A fast and elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2002, 6(2): 182-197.
- [12] MARTINEZ S Z, COELLO C A C. A multi-objective evolutionary algorithm based on decomposition for constrained multi-objective optimization [C] // 2014 IEEE Congress on Evolutionary Computation. Beijing, China: IEEE, 2014: 429-436.
- [13] ZHU Q, LIN Q, DU Z, et al. A novel adaptive hybrid crossover operator for multiobjective evolutionary algorithm[J]. *Information Sciences*, 2016, 345(C): 177-198.
- [14] QI Y, HOU Z, YIN M, et al. An immune multi-objective optimization algorithm with differential evolution inspired recombination [J]. *Applied Soft Computing*, 2015, 29(C): 395-410.
- [15] FRESCHI F, REPETTO M. VIS: An artificial immune network for multi-objective optimization[J]. *Engineering Optimization*, 2006, 38(8): 975-996.
- [16] JIAO L C, GONG M G, SHANG R H, et al. Clonal selection with Immune dominance and energy based multi-objective optimization[C] // 3rd Int'l Conf. on Evolutionary Multi-Criterion Optimization (EMO 2005). Berlin: Springer-Verlag, 2005: 474-489.
- [17] GONG M G, JIAO L C, DU H F, et al. Multi-objective immune algorithm with non-dominated neighbor-based selection[J]. *Evolutionary Computation*, 2008, 16(2): 225-255.
- [18] 舒万能, 丁立新, 汪慎文. 基于反馈机制的克隆反馈优化算法的稳定性研究[J]. *计算机科学*, 2012, 39(10): 187-189.
- [19] 戚玉涛, 刘芳, 常伟远, 等. 求解多目标问题的 Memetic 免疫优化算法[J]. *软件学报*, 2013, 19(7): 1529-1544.
- [20] 公茂果, 焦李成, 杨咚咚, 等. 进化多目标优化算法研究[J]. *软件学报*, 2009, 20(2): 271-289.
- [21] DEB K, PRATAP A, AGARWAL S, et al. A fast and elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2002, 6(2): 182-197.
- [22] WANG H, WANG W, SUN H, et al. A new cuckoo search algorithm with hybrid strategies for flow shop scheduling problems [J]. *Soft Computing*, 2017, 21(15): 4297-4307.
- [23] CASEIRO R, HENRIQUES J F, MARTINS P, et al. A non-parametric Riemannian framework on tensor field with application to foreground segmentation[C] // *IEEE International Conference on Computer Vision*. IEEE, 2011: 1-8.
- [24] ZHANG H, ZHOU A, SONG S, et al. A Self-Organizing Multi-objective Evolutionary Algorithm [J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 2016, 20(5): 792-896.
- [25] GIAGKIOZIS I, PURSHOUSE R C, FLEMING P J. An overview of population-based algorithms for multi-objective optimization [J]. *International Journal of Systems Science*, 2015, 46(9): 1572-1599.

(上接第 49 页)

- [30] ZHOU X J, WAN X J, XIAO J G. Attention-based LSTM Network for Cross-Lingual Sentiment Classification[C] // *Proceedings of the 2016 Conference on Empirical Methods in Natural Language Processing*. Austin, Texas, 2016: 247-256.
- [31] TANG D Y, WEI F R, YANG N, et al. Learning Sentiment-Specific Word Embedding for Twitter Sentiment Classification [C] // *Proceedings of the 52nd Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics*. 2014: 1555-1565.
- [32] MOHAMMAD S M, KIRITCHENKO S, ZHU X D. Nrc-canada: Building the state-of-the-art in sentiment analysis of tweets [C] // *Proceedings of SemEval-2013*. 2013.
- [33] RETRIEVAL F. Opinion mining and sentiment analysis[J]. *Foundations and Trends in Information Retrieval*, 2008, 2(1/2): 1-135.
- [34] OWOPUTI O, DYER C, GIMPEL K, et al. Part-of-speech tagging for twitter: Word clusters and other advances[R]. CMU, 2012.
- [35] MOHAMMAD S, KIRITCHENKO S, ZHU X. Nrc-canada: Building the state-of-the-art in sentiment analysis of tweets [C] // *Proceedings of the Seventh International Workshop on Semantic Evaluation Exercises (SemEval-2013)*. Atlanta, Georgia, USA, 2013.
- [36] NABIL M, ALY M, ATIYA A F. Astd: Arabic sentiment tweets dataset[C] // *Proceedings of EMNLP*. 2015: 2515-2519.
- [37] AL-TWAIRESH N, AL-KHALIFA H, AL-SALMAN A. AraSenTi: Large-Scale Twitter-Specific Arabic Sentiment Lexicons [C] // *Proceedings of the 54th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics*. 2016: 697-705.
- [38] VO D T, ZHANG Y. Don't Count, Predict! An Automatic Approach to Learning Sentiment Lexicons for Short Text [C] // *Proceedings of the 54th Annual Meeting of the Association for Computational Linguistics*. 2016: 219-224.
- [39] 李海刚, 于洪志. 藏文文本情感分类系统设计[J]. *甘肃科技纵横*, 2011, 40(1): 106-107.
- [40] 张俊, 李应兴. 基于情感词典的藏文微博情感分析研究[J]. *硅谷*, 2014(20): 220-222.
- [41] 袁斌, 江涛, 于洪志. 基于语义空间的藏文微博情感分析方法[J]. *计算机应用研究*, 2016, 33(3): 682-685.