计算机科学
COMPUTER SCIENCE

基于标签影响力传播的人工免疫检测器生成算法研究

周遵龙, 陈文, 马欣蕾

引用本文

周遵龙, 陈文, 马欣蕾. 基于标签影响力传播的人工免疫检测器生成算法研究[J]. 计算机科学, 2024, 51(5): 346-354.

ZHOU Zunlong, CHEN Wen, MA Xinlei. Study on Artificial Immune Detector Generation Algorithm Based on Label Influence Propagation [J]. Computer Science, 2024, 51(5): 346-354.

计算机科学 COMPUTER SCIENCE
http://www.jsjkx.com
DOI:10.11896/jsjkx.231000027

基于标签影响力传播的人工免疫检测器生成算法研究

周遵龙　陈　文　马欣蕾
四川大学网络空间安全学院　成都 610065
(zhouzunlong@stu.scu.edu.cn)

摘　要　人工免疫系统利用训练样本对候选检测器进行筛选训练,以产生覆盖非自体区域的成熟检测器用于自体和非自体的区分。传统基于否定选择的检测器生成算法(Negative Selection Algorithm,NSA)通常需要大量有标记的自体训练样本,而实际应用中已标记样本有限,导致检测器训练不足,限制了检测器的检测精度。针对这一问题,提出了一种基于标签影响力传播的免疫检测器训练方法。在属于同一聚类的样本中,通过少量的已标记聚类成员进行标签影响力传播,为聚类中的未标记样本进行伪标记。随后,基于噪声学习的伪标记评估去除低可信的新标记样本。通过了标签评估的新标记样本被加入训练样本集合,以扩展已标记样本规模,提升免疫检测器的训练质量。在7类不同维度和规模的UCI公开数据集上的对比实验结果表明,所提基于标签影响力传播的免疫检测训练算法能够有效提升检测器的训练性能,尤其在训练样本有限或数据集不均衡的情况下,检测器的性能明显优于传统方法,相较于PSA,co-PSA和GFNSA等检测生成算法,检测器的识别精度平均提升了10%。

关键词:标签影响力传播;人工免疫;检测器生成算法;标签评估
中图分类号　TP391

Study on Artificial Immune Detector Generation Algorithm Based on Label Influence Propagation

ZHOU Zunlong,CHEN Wen and MA Xinlei
School of Cyber Science and Engineering,Sichuan University,Chengdu 610065,China

Abstract　Artificial immune systems utilize training samples to screen and train candidate detectors,so as to generate mature detectors covering non-self regions for self and non-self differentiation. The traditional negative selection algorithm(NSA) based detector generation algorithm usually requires a large number of labeled self training samples,while the limited number of labeled samples in practical applications leads to insufficient detector training,which restricts the detection accuracy of detectors. To address this problem,this paper proposes an immune detector training method based on label influence propagation,where label influence propagation is performed by a small number of labeled cluster members among samples belonging to the same cluster,and pseudo-labeling is performed for the unlabeled samples in the cluster. Subsequently,this paper removes low-confidence newly labeled samples based on noise-learning-based pseudo-labeling assessment. The newly labeled samples that passed the labeling assessment are added to the training sample set to extend the labeled sample size and improve the training quality of the immune detector. Comparative experimental results on seven types of UCI public datasets of different dimensions and sizes show that the proposed label influence propagation-based immune detection training algorithm is able to effectively improve the training performance of the detector,especially in the case of limited training samples or unbalanced datasets,the detector's performance is significantly better than the traditional methods. Compared with the detection generation algorithms such as PSA,co-PSA,GFNSA,etc,the recognition accuracy of the detector is improved by 10% on average.

Keywords　Label influence propagation,Artificial immunity,Detector generation algorithms,Label evaluation

1　引言

人工免疫系统(Artificial Immune System,AIS)受生物体对外来刺激引起的生物免疫识别反应的启发,产生人工免疫检测器用以区分自体/非自体(正常/异常)样本[1]。AIS仅需要自体训练样本,通过否定选择等过程训练产生超球检测器。特征空间中的检测器共同拟合出自体分布区域用以描述正常样本的特征轮廓,以识别空间中分布的异常样本。近年来,AIS已成功应用于多个领域,包括网络入侵检测、工业管道异常检测、图像分割、疾病诊断等[2-4]。

人工免疫检测器是AIS对自体/非自体样本进行分类的基本识别组件。成熟的非自体检测器覆盖的特征空间为非自体区域,而未覆盖的部分为自体区域。所有超球检测器的并集构成了自体/非自体元素的边界。相应地,样本(称为抗原)可以根据它们在空间中的位置进行分类。因此,AIS系统的性能在很大程度上受到免疫检测器的影响[2]。

到稿日期:2023-10-07　返修日期:2024-01-20
通信作者:陈文(wenchen@scu.edu.cn)

传统上，免疫检测器通过否定选择算法（NSA）[5-6]生成：首先在特征空间中随机生成候选检测器；然后将候选检测器与自体训练样本进行比较，以剔除过于覆盖了自体样本的不合格检测器。为了保证成熟检测器尽可能准确地覆盖非自体空间，需要完备的自体训练样本，以实现检测器的充分训练。然而，实践中通常缺乏已标记的训练样本，造成检测器训练不足，难以准确覆盖非自体空间，从而对检测性能造成严重的影响。

针对上述问题，设计一种基于标签影响力传播的肯定选择算法 Tag Influence Propagation PSA（TIPSA），训练产生正类检测器。首先对样本进行聚类。由于属于同一聚类的样本成员间具有一定的相似性，基于这一假设，TIPSA 利用同一聚类中少量的已知样本对聚类中占多数的未标记样本进行基于标签影响力传播的伪标记。具体地，在标签影响力计算过程中，我们提出了已标记样本对近邻样本类别的影响力值这一概念，基于近邻样本间的距离计算，将标签影响力从已标记样本传播到未标记样本，并根据该样本受到邻域内不同类别标签累积影响力的差异实现对未标记样本的伪标记过程。

然而，属于同一聚类中的成员仍然可能属于不同的自体/非自体类别。为了对伪标记样本进行质量评估以排除不可信伪标记的影响，在未知样本类别先验分布的前提下，基于噪声学习理论对样本的伪标记进行质量筛选，保留下来的伪标记样本被扩充到训练样本集，从而为免疫检测器训练提供足够数量的可信扩展样本。

综上所述，本文工作的贡献包括：

（1）设计了一种扩展已标记样本集的伪标记方法，基于聚类中少量已知标记的自体和非自体样本，通过标签影响力计算，实现对同一聚类未知样本的伪标记。

（2）引入一种基于噪声学习的伪标记评估过程，实现了伪标记的进一步验证。

（3）在真实应用数据上进行了广泛的实证研究，验证了所提方法的有效性。

2 相关工作

负选择算法 NSA 由 Forrest 等提出[1]。最初，人工抗体（检测器）和抗原（样本）被定义为二进制字符串，使用 r-连续匹配规则计算它们之间的相似度。为了便于 NSA 的实际应用，Gonzalez 等[2]提出了实值负选择算法（Real Value Negative Selection Algorithm，RNSA）。该算法将抗原和检测器定义为特征空间中的超球（免疫识别球）[3]，通过闵可夫斯基距离测量相似度。近年来，人们提出了许多新的否定选择算法，其重点都是使用改进的检测器生成方案来提高训练效率或检测精度。Idris 等[4]提出了一种基于差分进化的 NSA 算法，其通过差分进化优化检测器的分布，减少检测孔洞。Luo 等[5]利用遗传算法优化检测器训练，目的是优化不重叠的检测器以获得对非我空间的最大覆盖。Poggiolini 和 Engelbrecht[6]开发了一套提高检测精度的特征检测规则，并分析相邻和非相邻抗原之间的关系，以确定抗原类别。Ma 等[7]提出了一种抗原反馈机制，利用检测器成熟过程中不匹配抗原的反馈，高效生成成熟检测器。Ostaszewski 等[8-9]引入超椭球和超矩形等不同的超形状检测器作为对超球面检测器的改进。Ramdane 和 Salim 设计了 CNSA-FFO[10]，将 NSA 与 K-means 聚类和 FFO 优化相结合，以减少检测漏洞。Fouladvand 等[11]侧重于通过柔性自边界生成检测器，在他们的算法 DENSA 中，检测器是基于高斯混合模型生成的，以此拟合正常空间，限制检测器仅覆盖非非我空间。Chmielewski[12]将粗糙集理论应用于 NSA 来识别与自体类和非自体类亲和力非常相似的不确定样本。为了增强非自覆盖，Yang 等提出了 ADC-NSA[13]，采用聚类算法对高密度非自区域进行识别，聚类后的非自聚类直接作为成熟检测器。Chen 等[14-16]利用树状结构、Voronoi 图和网格文件来刻画训练数据在特征空间中的分布，从而通过预先构建的数据结构来降低候选检测器的自近邻搜索成本。Zhou 等[17]提出了 NNSA，将已经生成的成熟检测器作为训练集，对新生成的半成熟检测器进行自容忍，从而提高检测器覆盖率。Sun 等[18]提出一种双聚类自适应否定方法，采用双聚类方法计算匹配阈值和减少检测器的覆盖空洞，有效提升了算法效率和准确性。Nuhu 等[19]通过在训练过程中启动一个计数器，来跟踪不同尺寸的检测器，从而避免检测器的重叠生成，并采用已知数据对生成的检测器进行验证。Mo 等[20]针对传统负选择算法边界覆盖的难点，提出一种自数据驱动的探测器生成算法，利用每个方向的自体样本确定一组与该自体样本外表面相切的检测器，来增加探测器覆盖率。Zhang 等[21]提出基于粒子群优化的检测器生成算法 DGA-PSO，通过人工设置和变体引导粒子向特定方向移动，生成覆盖非自体空间的高效检测器。Abid 等[22]提出了一种改进的 NSA 算法用于故障检测，该方法不需要模型，并且独立于故障类型的先验知识。

以上方法都是通过改进的检测器生成算法来提高 NSA 的训练效率或检测精度，均假设已知的自体训练样本数量充分覆盖自体空间，然而，实际应用中往往缺乏足够的已标记训练样本。因此，本文受 PU（Positive and Unlabeled Learning）学习过程的启发，将免疫检测器训练过程分为两个阶段。第一阶段，从已知的正类（自体）样本出发，传播标签影响力，从无标记样本中选择经评估后认定为可靠的伪标记样本。第二阶段，基于扩展后的训练集对免疫检测器进行训练，提升检测器性能。PU 学习模式已被广泛应用在 SVM[23]、代价敏感学习[24]、深度学习[25]、生成对抗网络[26]和时间序列分类等[27]过程，用于增强模型在有标记样本不足条件下的训练性能。本文提出的 TIPSA 算法，基于少量已知的自体和非自体样本，通过影响力计算的标签传播和基于噪声学习的样本评估，实现对训练样本的扩充。最后，利用扩充后的训练集合，产生用于自体区域覆盖的肯定选择算法产生可变半径的自体检测器。

3 问题描述

在人工免疫系统中，抗体被定义为识别自体和非自体样本的检测器，因此检测性能在很大程度上取决于检测器[10]的质量。本章将对免疫识别问题进行形式化定义。

NSA 的基本定义如下：

定义 1 抗原集合 A 是从特征空间中抽象出来的所有

样本特征，表示为 $A=\{g|g=(f_1,f_2,\cdots,f_n)\}$，$f_i\in[0,1]$，其中 n 为数据维度，f_i 表示第 i 个归一化属性。

定义 2 $Self(Self\subseteq A)$ 表示从正常样本中提取的特征；$Nonself$ 为异常样本提取的特征，其中 $Self\cup Nonself=A$，$Self\cap Nonself=\varnothing$。

定义 3 检测器 $d=\langle \boldsymbol{c},r\rangle$，其中 $\boldsymbol{c}$ 是 d 的中心向量（位置），$r\in\boldsymbol{R}^+$ 是检测器半径。靠近 d 且小于 r 的抗原可以被检测器识别。

传统的 NSA 训练的免疫检测器只识别非自身抗原，该过程涉及将随机生成的候选检测器与自体训练集 S_t 中的抗原进行比较，如果检测器的中心过于靠近 S_t 中的自体样本，则将该检测器替换为新的候选检测器。这个过程重复进行，直到达到预期的覆盖率为止。NSA 中的检测器训练问题定义为：

$$\begin{cases}\text{Object}:P_{\text{cov}}\geqslant P_{\text{exp}}\\ \text{s.t.}\quad \forall d\in D,n\in N_t:dis(d.\boldsymbol{c},n)>r+r_n\\ \text{Where}:d=\langle \boldsymbol{c},r\rangle,\boldsymbol{c}\in X\subseteq R^n,\\ \qquad X=(x_1,\cdots,x_1)\,|\,0\leqslant x_i\leqslant 1\end{cases}\tag{1}$$

其中，P_{cov} 和 P_{exp} 分别表示检测器的实际和预期的非自体覆盖率，X 是单位特征空间。而传统的肯定选择算法与式(1)相反，训练仅覆盖自体区域的自体检测器，要求检测器避免覆盖已知的非自体样本，$\forall d\in D,n\in N_t:dis(d.\boldsymbol{c},n)>r+r_n$，其中 N_t 为已知的非自体集合，r_n 为非自体半径。检测器训练面临着两个挑战：一是训练样本不足的情况下，如何保证 $P_{\text{cov}}\geqslant P_{\text{exp}}$，因为我们经常缺乏自体/非自体空间分布的统计信息。此外，传统的否定选择过程中，非自体检测器训练模型难以控制随机生成的检测器的位置，导致非自检测器分布不合理，检测孔洞较多。

4 影响力传播的伪标记方案

4.1 标签影响力传播

在传统的正选择算法（PSA）中，自体检测器是使用有限数量的自体样本生成的。显然，更多的标记样本可以提高检测器的最终效果。由于通常缺少标记的样本，因此本节介绍基于标签影响力传播方法。该方法使用标记集合 $L=\{(x_1,y_1)\cdots(x_i,y_i)\}$ 和未标记集合 $U=\{(x_{i+1}\cdots x_{i+j})\}$ 来扩展自体集合，其中 $y_i=0$ 或 1 表示 x_i 的标签。

通常在特征空间中具有近邻分布的数据点更有可能属于同一类。例如，距离较为接近的同一聚类成员通常比特征空间中随机选择的两个样本更有可能属于同一类别。基于这一假设，TIPSA 首先对 $L\cup U$ 中的样本进行聚类。为了减小聚类代价，本文基于固定规模的随机采样进行聚类，从 $L\cup U$ 中随机采样 n 次，每次采样 m 个数据样本，每次采样的数据集记为 $U_1,\cdots,U_n$。

对于第 i 次采样的数据集 U_i，首先对其中的数据进行 DBSCAN 聚类，将数据样本聚类为簇 $Cluster_1,\cdots,Cluster_{num}$，$num$ 表示簇的个数。DBSCAN 中涉及两个关键参数，即领域半径 Eps 和领域半径内最少点数 $MinPts$。

在每个簇内基于已标记样本进行标签影响力传播，样本标签从已标记样本 x_i 传播到未标记样本 x_j 的影响力（传播概率）受到 x_i 与 x_j 之间距离 $dis(x_i,x_j)$ 的影响。在具体的距离衡量过程中，$dis(x_i,x_j)$ 可以是经典的欧氏距离或 DBSCAN 连通路径的跳数等。在一个簇内，无标签样本 $x_t^u\in U_i$ 受到正类和负类样本的标签影响力的定义如式(2)所示：

$$\begin{cases}Score_0(x_t^u)=\sum\limits_{i=1,y_i=0}^{k}C_0*\mathrm{e}^{-dis(x_t^u,x_i)}/k\\ Score_1(x_t^u)=\sum\limits_{i=1,y_i=1}^{h}C_1*\mathrm{e}^{-dis(x_t^u,x_i)}/h\end{cases}\tag{2}$$

其中，C_0 和 C_1 分别代表正类和负类的影响力权值；$Score_0(x_t^u)$ 表示所在簇内已知标签样本中的正类样本对无标签样本 x_t^u 影响力得分的平均值。$Score_1(x_t^u)$ 则表示所在簇内已知标签的负类样本对 x_t^u 影响力得分的平均值；本轮采样给 x_t^u 样本赋予影响力得分更高值 $Score_i(x_t^u)$ 对应的伪标记：$y_t=\arg\max\limits_i Score_i(x_t^u)$。

为了进一步检验伪标记的置信度，对样本集合进行重复抽样，考查未标记样本 x_t^u 在多次抽样数据集中被标记为正类和负类的概率是否具有显著差异。假定在 n 次重复随机抽样数据集中，x_t^u 被标记为正类的次数为 p，被标记为负类的次数为 q，则可以认为标记为正类的概率为 $P_r=p/n$，标记为负类的概率为 $P_n=q/n$。本文采用假设检验的方法检验 x_t^u 的伪标记的显著性，该显著性检验基于 P_r 和 P_n 的两个假设。

$$\begin{cases}H_0:P_r\text{和}P_n\text{接近}\\ H_1:P_r\text{和}P_n\text{相差很大}\end{cases}\tag{3}$$

根据中心极限定理，可以假设影响力传播所得到的平均标记为正类（负类）的概率近似服从正态分布。根据文献[28]，$(P_r-P_n)/(m/\sqrt{n})$ 和 $T(n-1)$ 重合。如果 H_0 成立，则 P_r 的值将接近于 P_n。因此，如果满足式(5)，H_0 将以 $1-\alpha$ 的置信度被拒绝。

$$(P_r-P_n)/(m/\sqrt{n})\geqslant T_\infty(n-1)\tag{4}$$

其中，m 表示每次采样的样本数量，最终以显著性检验结果是否在否定阈值之上判定伪标记的有效性。

如果假设检验结果为接受 H_0，则相当于无标记样本受正类和负类的影响类似，暂无法赋予可信的伪标记。如果假设检验结果是拒绝 H_0，则设定阈值 γ，对 $\forall x_t^u\in U_i$，可以按式(3)对 x_t^u 进行伪标记。其中，$Avg_0(x_t^u)$ 为每轮采样 x_t^u 的 $Score_0(x_t^u)$ 平均值，$Avg_1(x_t^u)$ 为每轮采样 $Score_1(x_t^u)$ 的平均值，当 $Avg_0(x_t^u)$ 和 $Avg_1(x_t^u)$ 之间的差值超过 γ 时，则为 x_t^u 赋予影响力得分更大的类别对应的伪标记，否则认为暂时无法为该样本赋予可信的伪标记。

$$Label(x_t^u)=\begin{cases}1, & \text{if } Avg_0(x_t^u)>Avg_1(x_t^u)+\gamma\\ 0, & \text{if } Avg_1(x_t^u)>Avg_0(x_t^u)+\gamma\\ \text{null}, & \text{if } \|Avg_1(x_t^u)-Avg_0(x_t^u)\|<\gamma\end{cases}\tag{5}$$

4.2 基于噪声学习的伪标记评估

在每一轮训练中，影响力传播机制会从未标记集合 U 中标记 m 个自体样本，表示为 $L_t^u=\{(x_1,y_1),\cdots,(x_m,y_m)\}$，其中 x_i 为标签影响力传播返回的第 i 个样本，其标签为 y_i。

通过影响力传播机制，我们可以有效增加自体数据的标记数量，从而生成更多的自体检测器。但是，不能忽视的是，在标签影响力传播的过程中，可能会错误地将自体标签通过影响力计算传播给集合 U 中的一些非自体元素。本文中将

错误标记的实例视为噪声样本，基于噪声学习理论解决了“噪声”的问题。显然，在这种方案中，如果样本 x 上的伪标记是正确的，那么可以认为 x 生成了一个有效的新自体检测器；否则得到一个带有噪声的样本，可能会生成一个无用的检测器。值得注意的是，根据噪声学习理论[2]，在新标记样本的数量足够多的情况下，可以在一定程度上补偿噪声率的增加。

受 Goldman 和 Zhou[29] 的启发，我们借鉴了 Angluin 和 Laird[30] 的发现，并将其应用于下面的分析。即如果我们为模型 X 的训练绘制一个 m 个样本的序列 σ，并且样本大小 m 满足：

$$m\geqslant\frac{2}{\varepsilon^2(1-2\eta)^2}\ln\left(\frac{2N}{\delta}\right) \tag{6}$$

其中，ε 是模型最坏情况下的分类错误率，$\eta(<0.5)$ 表示训练样本噪声率的上界，N 是候选假设的数量，δ 是置信度，那么与 δ 的分歧最小的模型 X 将具有 PAC 属性。

$$\Pr[d(H_x,H^*)\geqslant\varepsilon]\leqslant\delta \tag{7}$$

其中，$d(,)$ 是 H_x（由模型 X 给出）和 H^*（真实）之间对称差的元素概率和。设 $c=2\mu\ln(2N/\delta)$，其中 μ 使式(6)保持相等，则式(6)变为式(8)：

$$m=\frac{\boldsymbol{c}}{\varepsilon^2(1-2\eta)^2} \tag{8}$$

可以简化为：

$$u=\frac{\boldsymbol{c}}{\varepsilon^2}=m(1-2\eta)^2 \tag{9}$$

下面继续分析新标记样本的数量和自体检测器在新标记样本上的错误率 e_u^t 是如何影响式(9)中的 u 的。由于 u 与最差错误率 $1/\varepsilon^2$ 成反比，因此可以推导出，如果满足式(10)，则 $u^t\geqslant u^{t-1}$，这意味着可以通过将新的检测器纳入自体检测器集合来提高免疫检测的精度。

$$\begin{aligned}m^t(1-2\eta^t)^2\geqslant m^{t-1}(1-2\eta^{t-1})^2&\overset{(a)}{\Rightarrow}\frac{(1-2\eta^t)^2}{(1-2\eta^{t-1})^2}\\&\geqslant\frac{m^{t-1}}{m^t}=1\Leftrightarrow\frac{1-2\eta^t}{1-2\eta^{t-1}}\\&\geqslant1-\eta^t\geqslant\eta^{t-1}-e_u^t\geqslant e_u^{t-1}\end{aligned} \tag{10}$$

其中，(a) 为 $m^t=m^{t-1}=m$，m 表示每轮训练中标记的自体样本数量。

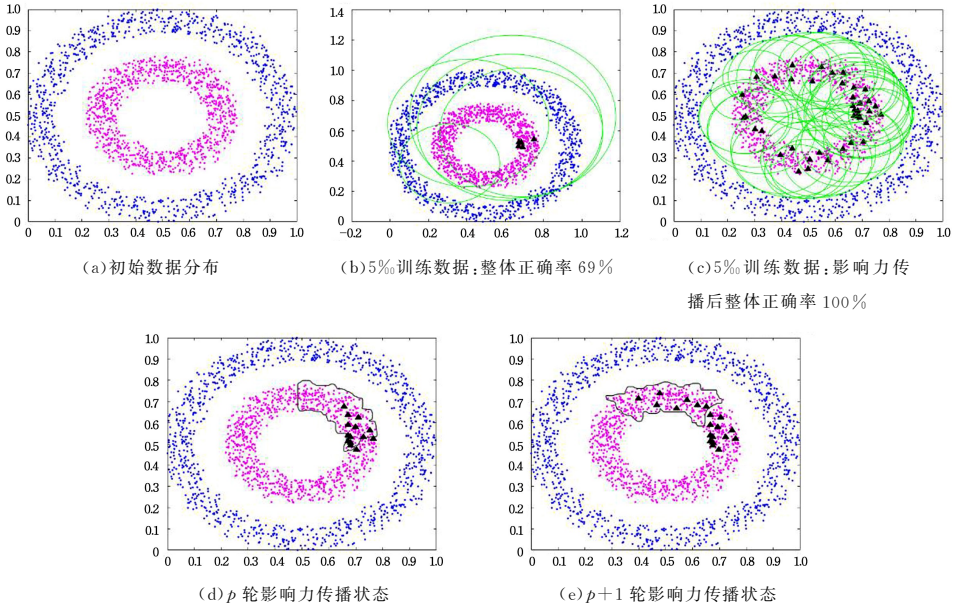
由于我们不知道新标记样本的准确标记，因此难以对 e_u^t 进行计算。在实际应用环境下，我们可以提前从已标记样本中选择部分样本加入无标记标签集合 U 中，用这一部分样本被检测器检测的错误率对 e_u^t 进行估算。

5 TIPSA 算法

传统的 NSA 和 PSA 通常需要大量的标记训练样本来实现充分的训练，然而在实际应用中很难满足这一需求。与此不同的是，TIPSA 在起始阶段仅需较少量的已标记样本，随后通过 DBSCAN 聚类后的标签影响力传播实现标签的扩展。在每一轮训练，TIPSA 都会基于伪标记方案扩展的新标签样本，实现自体检测器集合的扩大。

$$\begin{cases}\text{Object}:|D|>N\\ \text{s.t.}:\forall d\in D,n\in(S_t\cup S_e)\cap NonSelf:dis(d.c,n)>\\ \qquad r+r_n\\ \text{Where}:d=\langle\boldsymbol{c},r\rangle,\boldsymbol{c}\in(S_t\cup S_e)\cap Self,r\in R^+\end{cases} \tag{11}$$

TIPSA 检测器训练问题定义为式(11)，其中 S_e 是基于伪标记方案扩展的标签样本集合，N 为期望的检测器数量，S_t 为已标记训练样本集，S_e 为基于影响力传播的伪标签扩展样本集，r_n 为非自体邻域半径，$\boldsymbol{c}$ 为自体检测器中心向量，r 为检测器半径。标签影响力传播过程示例如图 1 所示。



(a)初始数据分布　(b)5‰训练数据：整体正确率 69%　(c)5‰训练数据：影响力传播后整体正确率 100%

(d)p 轮影响力传播状态　(e)$p+1$ 轮影响力传播状态

图 1　标签影响力传播图(电子版为彩图)

Fig. 1　Diagram of tag influence propagation

图 1(a)表示完整的数据分布，内圈的青色点表示自体样本，外圈的蓝色点表示非自体样本。图 1(b)则是基于 5‰的有标记样本，利用传统的肯定选择算法 PSA 训练的检测器，黑色空心三角形表示已知标签的自体样本，绿色的圆圈表示

检测器的覆盖范围。此时自体检测器整体检测的正确率只有69%，由于有标记样本不足会导致误报率较高，自体检测的正确率只有53.4%。图1(d)是在图1(b)场景下基于影响力传播机制赋予伪标记的第 p 轮状态，黑色区域是对采样数据DBSCAN聚类后产生的一个簇，在簇的内部基于已知标签样本计算所有未知标签样本的影响力得分，并且通过式(10)的噪声学习评估保留可信样本，进而在第 $p+1$ 轮时，继续对新的采样数据聚类，并在新簇内影响力传播，如图1(e)中的黑三角形所示。通过在各个DBSCAN产生的簇内部通过标签影响力传播，产生新的可信伪标记样本并将其用于免疫检测器训练，如图1(c)所示。图1(c)是基于5‰有标记样本，利用TIPSA训练的自体检测器，新标记的黑色实心三角形表示在图1(b)的已知标签基础上通过TIPSA扩展的伪标记样本。由于TIPSA利用影响力计算过程对未标记样本进行了伪标记，扩展了训练样本集，从图中可以看出，样本扩展后产生的免疫检测器覆盖了大部分自体区域，其整体检测的正确率达到了100%。TIPSA由于不需要大量已标记样本就可以达到较好的检测效果，因此更适合实际应用场景。

TIPSA算法的详细描述如算法1所示。

算法1 TIPSA

输入：标签数据样本 L；无标签样本 U；非自体半径 r_n；测试数据大小 n；期望的检测器数量 N

输出：自体选择器集合 D

Step1 初始化：

$L_e, L_t = \text{split}(L)$

$D = \{d \mid d = \langle s, r\rangle, s \in L \cap \text{Self}, r \in R^+$

$t, p = 1, 1$

$T_t = \text{Random\_Select}(L_t)$

$e_u^0 = (n - |A|) \in T_t$ and $D(x) = L(x)$

Step2 标签影响力传播：

Step2.1 第 p 轮影响力传播，从中 $L \cup U$ 采样 m 条数据样本组成采样集 U_i 并进行聚类

$C = \text{DBSCAN}(U_i)$ ＃C 为密度聚类结果

Step2.1.1 对于每一个聚类 $C_i \in C$

对于 $\forall x_j \in C_i$

Step2.1.2 利用式(2)算标签影响力 $\text{Score}_0(x_j)$，$\text{Score}_1(x_j)$

Step2.2 按照式(5)评估结果显著性，如果 H_0 被拒绝，则继续按照式(3)对 x_j 进行伪标记。

Step3 将各个聚类中新产生的伪标记样本 S′加入扩展后的训练样本集 $Se = (S' \cup L_e) \cap \text{Self}$

对于任意样本 $s \in Se$，产生新的正类检测器

Step4 基于噪声学习的伪标记评估

Step4.1 对伪标记样本产生的检测器 $D' = \langle s, r\rangle \mid s \in Se, r = \text{mindis}(s, x_n) - r_n, x_n \in L_e \cap \text{nonself}$ 性能进行评估。

如果评估结果满足噪声学习条件(10)，则将 S′加入 Le，并保留新产生的检测器。

$p = p + 1$

Step4.2 若检测器数量小于 N，则跳转步骤2，开启新一轮标签影响力传播。否则停止标签扩展，结束检测器训练。

其中，步骤1进行初始化，首先调用过程 $split(L)$ 将原始标记的集合 L 随机分成两个集合 L_e 和 L_t。取 L_e 为已知的标记集，L_t 用于估计式(10)中的样本噪声率，D 为利用已标记的自体样本产生初始检测器集合。集合 T_l 包含标签影响力传播返回的新标记样本，$inf\_label(x)$(或 $D(x)$)表示标签传播返回的样本 x 的标记，而 $L(x)$ 表示 x 的原始标签。函数 $Random\_Select(U)$ 从未标记的集合 U 中随机选择固定数量的样本。步骤2是标签影响力传播，通过已知标签数据 L 给无标签样本 U 中的样本赋予伪标记。首先重复从全量数据中采样，针对每一次采样的数据通过DBSCAN聚类，得到不同的簇 C；针对每一个簇，通过式(2)计算簇内无标签样本标签影响力得分，按照式(3)给该样本赋予本次采样的伪标记，最终基于所有采样对同一样本的伪标记结果按照式(5)进行假设检验，以决定最终是否给该样本赋予伪标记。步骤3基于噪声学习对标签传播效果进行评估，用于评估TIPSA每一轮训练得到的伪标记的效果，同时判断何时停止训练。

第一步初始化的时间复杂度为常数 $O(|L|)$，$|L|$ 为 L 中的样本数量。在步骤2.1中，对采样的样本集 U_i 进行DBSCAN聚类，其时间复杂度为 $O(m \cdot \log(m))$，其中 m 为采用的数据样本数量。由于需要重复采样 n 次，最终步骤2时间复杂度为 $O(n \cdot m \cdot \log(m))$。在步骤4.1中，对伪标记样本产生的检测器评估，时间复杂度为 $O(N \cdot |L|)$。因此，TIPSA的时间复杂度为 $O(C((|L| + m \cdot \log(m)) + N \cdot |L|))$，$C$ 为步骤4.2重复的时间。

NSA，V-detector，PSA，CB-RNSA 和 coPSA 是常用的检测器生成算法。表1展示了这些算法的时间成本，其中 P_m 是候选检测器与抗原的匹配概率，$|S|$ 为自体样本数量，P_f 为检测误报率。从表中可以看出，本文算法的成本比PSA算法略高。coPSA算法直接使用传统铁标签传播LPA过程扩展样本集，并且由于LPA随机选择一组已标记样本集 L 向未标记样本集 U 进行标签扩展，忽略了 L 和 U 中的样本的距离和相似性，导致标签传播的可信程度较低。而本文则将标签传播范围限定在同一DBSCN簇内部，由于同一簇内的样本间相关性较高，由簇内进行的标签传播的准确性更高。第6章的实验部分也对coPSA和TIPSA的性能进行了对比分析，证实了TIPSA伪标记样本的可靠性、正确性更优。

表1 算法时间复杂度

Table 1 Time complexity of each algorithm

算法	预处理时间复杂度	训练的时间复杂度
NSA	无	$O\left(-\frac{\ln P_f}{P_m \cdot (1-P_m)^{\lvert s\rvert}} \cdot \lvert S\rvert\right)$
V-deterctor	无	$O\left(-\frac{\lvert D\rvert}{(1-P_s)^{\lvert s\rvert}} \cdot \lvert S\rvert\right)$
PSA	无	$O(N_s)$
CB-RNSA[14]	$\lvert s\rvert^2$	$O(N_0 \cdot \lvert C\rvert + (1-\bar{P}) \cdot N_0 \cdot (\lvert D\rvert + \lvert C\rvert) \cdot \lvert S\rvert)$
coPSA	$O(C(\lvert L\rvert + N/P_s))$	$O(C(N \cdot \lvert L\rvert \cdot (1-P_s)))$
TIPSA	$O(C(\lvert L\rvert + m \cdot \log(m)))$	$O(C(N \cdot \lvert L\rvert))$

6 实验

本章将TIIPSA与一组检测器生成算法进行比较，其中包括广泛使用的V-detector、新提出的GFNSA和co-PSA，以及原始的正选择算法PSA。实验中对V-detector算法进行了修改，以便基于文献[2]中描述的置信度估计过程来评估非自体覆盖范围。测试数据为加州大学发布的UCI数据集，这些

数据集被广泛用于 NSA 的性能评估。数据集的详细情况如表 2 所列。

表 2 UCI 数据集

Table 2 UCI dataset

数据集	特征维度	自体样本		非自体样本	
		标签	样本数量	标签	样本数量
Statlog	14	0	383	1	307
Breast	10	2	458	4	241
Heart	14	0	164	others	139
Hepatitis	19	1	32	2	123
HTRU2	9	1	1639	0	16259
Iris	4	Iris-setosa	50	others	100
Wine	13	1	59	others	119

在实验中，检测器性能的 3 个评价标准是式(12)中定义的tp_s(自体元素的真检测率)、tp_n(非自体元素的真检测率)和tp_a(整体元素的真检测率)。

$$\begin{cases} tp_s = N_{tp}/(N_{tp}+N_{fp}) \\ tp_n = N_{tn}/(N_{tn}+N_{fn}) \\ tp_a = (N_{tp}+N_{tn})/(N_{tp}+N_{fp}+N_{tn}+N_{fn}) \end{cases} \tag{12}$$

其中，N_{tp}和N_{fn}分别表示非自体样本的真阳性和假阴性的数量，而N_{tn}和N_{fp}表示自体样本的真阴性和假阳性的数量。

在实验过程中，本文设定了已标记自体样本的比例在 5%到 60%之间，以便比较不同样本量下的训练性能。实验结果如表 3－表 6 所列。

表 3 5%已标注训练样本的对比结果

Table 3 Comparison results of 5% labeled training samples

(%)

数据集	TIPSA			co-PSA			GFNSA			V-Detector			PSA		
	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa
Statlog	72	88	80	83	79	**81**	49	90	67	62	71	66	49	94	69
Breast	97	97	**97**	98	89	95	93	96	94	88	94	91	88	99	92
Heart	89	76	**88**	80	70	76	17	98	54	37	87	61	41	98	45
Hepatitis	26	96	**81**	59	75	72	6	100	81	11	96	80	18	98	81
HTRU2	68	100	**97**	58	100	96	98	7	15	92	25	31	61	100	96
Iris	100	100	**100**	99	100	99	57	94	82	37	100	80	59	100	86
Wine	93	99	**97**	94	93	93	8	100	70	15	87	64	20	100	74

表 4 20%已标注训练样本的对比结果

Table 4 Comparison results of 20% labeled training samples

(%)

数据集	TIPSA			co-PSA			GFNSA			V-Detector			PSA		
	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa
Statlog	85	90	**87**	86	82	84	79	70	75	87	52	70	54	97	73
Breast	97	98	**97**	98	93	96	96	93	95	96	82	91	89	100	93
Heart	94	87	**94**	82	79	81	48	91	68	76	66	71	48	100	52
Hepatitis	75	88	**86**	57	90	83	19	100	83	36	81	73	29	98	84
HTRU2	69	100	**97**	68	100	97	98	3	11	98	7	14	67	100	97
Iris	100	100	**100**	100	100	**100**	73	92	86	71	100	92	88	100	96
Wine	92	99	**97**	98	96	**97**	32	100	77	55	72	67	29	100	76

表 5 40%已标注训练样本的对比结果

Table 5 Comparison results of 40% labeled training samples

(%)

数据集	TIPSA			co-PSA			GFNSA			V-Detector			PSA		
	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa
Statlog	89	93	**91**	89	88	88	90	56	75	94	38	62	64	98	79
Breast	98	98	**98**	98	96	97	97	90	95	99	72	86	93	100	95
Heart	96	92	**96**	87	84	85	70	85	77	90	50	67	59	100	62
Hepatitis	82	92	**90**	70	92	88	41	100	87	61	71	70	48	99	88
HTRU2	80	100	**98**	77	100	**98**	100	1	10	99	5	11	74	100	98
Iris	100	100	**100**	100	100	**100**	83	93	90	82	98	94	97	100	99
Wine	99	99	**99**	97	98	97	56	100	85	79	58	62	47	100	82

表 6 60%已标注训练样本的对比结果

Table 6 Comparison results of 60% labeled training samples

(%)

数据集	TIPSA			co-PSA			GFNSA			V-Detector			PSA		
	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa	tps	tpn	tpa
Statlog	92	96	**94**	93	91	92	95	47	73	97	35	55	76	99	86
Breast	98	99	**99**	99	98	98	99	88	95	100	65	80	96	100	97
Heart	97	96	**97**	91	90	91	82	81	81	95	45	61	73	100	75
Hepatitis	89	95	**94**	79	95	92	59	100	91	79	56	58	64	99	92
HTRU2	87	100	**99**	86	100	**99**	100	1	10	99	6	9	94	100	98
Iris	100	100	**100**	100	100	100	89	93	92	94	97	96	99	100	100
Wine	99	99	**99**	99	98	99	71	100	91	86	54	60	65	100	88

从表 7 中可以看出，在大多数测试数据集上，TIPSA 的时间成本明显低于 NSA，这是因为正向选择避免了耗时的自体比较的过程，从而节省了大量时间。

由表 3—表 6 的结果可以发现，在所有数据集上，TIPSA 算法在大部分场景下都具有最高的整体检出率，并且对自体和非自体元素的真检出率都较为均衡，不会出现 PSA 算法中自体检出率极低但非自体检出率较高的情况。即使在训练样本较少的情况下（例如 5%训练数据时），TIPSA 仍能保持较高的检出率，并且相较于传统方法 PSA，TIPSA 的准确率提高了 50%左右（例如 Wine 数据集的自体检出率，Hepatitis 数据集部分场景下），同时在数据集极不均衡的场景下（如 Hepatitis 和 HTRU2 数据集），TIPSA 在自体检测率和非自体检测率方面都能保持较高的准确率。TIPSA 算法通过标签影响力机制为未知样本分配伪标记，以此训练自体检测器，因此可以生成更成熟的自体检测器，覆盖更广泛的自体区域。结果表明，TIPSA 在免疫识别正常/异常（自体/非自体）区分任务上表现更好，特别是在训练数据样本极少或者数据集不均衡的情况下。

表 7 不同算法在 40%训练数据时检测器准备和训练时间

Table 7 Detector preparation and training time of different algorithms with 40% training data

(%)

数据集	TIPSA		co-PSA		GFNSA		V-Detector		PSA	
	准备	训练	准备	训练	准备	训练	准备	训练	准备	训练
Statlog	2.58	2.56	4.88	4.86	1.36	51.34	2.37	51.57	0.37	0.36
Breast	2.56	2.55	4.43	4.42	0.54	50.61	1.81	51.58	0.29	0.28
Heart	0.68	0.67	1.69	1.68	0.98	51.48	0.87	50.17	0.11	0.11
Hepatitis	0.37	0.37	0.43	0.43	0.32	50.52	0.43	50.45	0.09	0.09
HTRU2	8.77	7.86	47.24	46.30	7.96	0.60	8.72	0.40	1.51	0.56
Iris	0.33	0.33	0.45	0.44	0.07	50.59	0.21	50.38	0.11	0.11
Wine	0.46	0.46	0.53	0.52	0.46	50.96	0.44	50.82	0.11	0.11

co-PSA 和 TIPSA 原理上相近，都是通过少量的已知标签样本扩展训练集，并且在整体正确率上 TIPSA 对 co-PSA 的优势并不明显。但是除了准确率，算法的抗噪声能力同样重要，因为在真实场景中，有标签的训练数据可能混入噪声数据而受到污染，例如在训练数据中含有少量错误标记的样本。实验过程中，在 Heart 数据集中针对训练数据中带噪声的场景进行了对比分析。实验过程如下：在 20%的训练样本比例的情况下，随机修改训练集中 3%～45%的数据的标签，观察不同比例的噪声场景下 TIPSA 和 co-PSA 的抗噪能力。最终结果如图 2 所示。

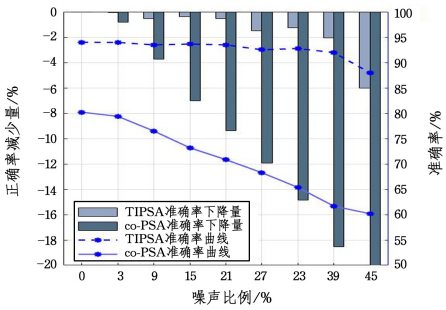


图 2 训练数据含噪声情况下 TIPSA 和 co-PSA 算法的效果

Fig. 2 Performance of TIPSA and co-PSA algorithms on training data with noise

可以发现，在所有场景下 TIPSA 的整体准确率都较为稳定，直到 40%的数据都为噪声数据时 TIPSA 的准确率才开始有较为明显地下降，最终整体准确率从 94%下降到 88%，下降了 6%。而 co-PSA 的准确率则从 3%的训练集为噪声数据后开始较为明显地下滑，最终从 81%下降到 60%，下降了 21%。实验证明，TIPSA 相较于 co-PSA 有更好的抗噪声能力，其在聚类内部基于同一聚类内的所有训练样本进行标签影响力传播。不同于 co-PSA 的 LPA 标签传播，影响力机制弱化了单一训练样本对邻近的无标签样本的决定性作用，并且基于假设检验和噪声学习，可以有效降低伪标记的错误率。

GFNSA，V-detector，PSA 仅限于对已知的少量样本进行训练，免疫检测过程极大地受到了样本量不足的限制，检测性能较差。例如在 HTRU2 数据集且已知样本量为 5%的场景下，GFNSA 对 HTRU2 的非自体检测正确率仅有 7%，V-Detector 的非自体检测的正确率也仅有 25%，而 TIPSA 的自体检测和非自体检测的正确率分别稳定在 68%和 100%。结合表 2—表 6 可以发现，HTRU2 是一个极度不平衡的数据集，非自体元素数量是自体元素的 10 倍以上，从而导致 GFNSA 和 V-detector 等算法非自体检测正确率极低。因为传统的负选择算法仅基于少量已知标签的自体样本训练非自体检测器，导致非自体检测器的半径容易过大，从而导致大部分自体样本被非自体检测器错误覆盖。而 TIPSA 通过影响力传播为无标记样本赋予的伪标记，能够训练非自体检测器，从而保证检测器半径在合理范围。

虽然 co-PSA 也会通过 LPA 扩展训练集的规模，但是考虑到 LPA 是直接从标签矩阵中选择与待标记样本相似度最大的样本进行标记，可能导致某一个类内样本分布密度本就较大的类别首先完成传播，以致该类的样本规模增长过快，使数据集中各类别样本的传播结果不均衡，在后期可能出现其他类别被该类别吞并的情况；而对于类别边界上的关键节点，LPA 可能会将其错误分类后加入训练集，导致原本与该关键节点所属同类别的样本全部被分类错误。结合表 2—表 7 可以发现，对于样本量较小的不平衡数据集 Hepatitis，TIPSA 的自体检测正确率平均比 co-PSA 的自体检测正确率高 10%；同时从表 7 可以看出 TIPSA 的时间成本远低于 coPSA，可以证明在效率和准确性上 TIPSA 都优于 coPSA。不同于 coPSA 对全部数据进行标签传播，TIPSA 通过采样聚类，保证样本分布密度较大的类别仅在小部分样本范围内实现传播，避免了分布密度较大的类别影响小密度类别传播

结果的问题，同时减少了处理大量数据的时间成本；对于边界上的关键节点，TIPSA 采用采样的噪声学习理论，如果关键节点的伪标记置信度过低，则放弃传播，尽可能保证关键节点伪标记的准确性。

本文提出的 TIPSA 算法，基于聚类内部的距离计算过程，利用自体、非自体领域内的标签影响力和假设检验多轮评估扩展伪标记样本集合，避免了 LPA 中新扩展的样本质量不稳定而可能将可信度较差的样本先扩展到有标记集合中，从而对后继的标签扩展造成累积误差，进而降低样本质量并影响检测器训练效果的问题。TIPSA 首先将采样的样本聚类，找到高概率属于同一类的聚类成员，在聚类内部进行标签影响力传播，记录每轮采样的伪标记结果，利用假设检验多轮评估保留高置信度的伪标记样本，又通过噪声学习筛选扩充可信的有标记样本集，最后利用较完备的有标记样本集训练检测器。在 7 个数据集的多个训练场景中，TIPSA 均有最高的整体准确率。由表 2－表 6 可以发现，在训练样本比例较大或面对 Iris 这类数据集时，TIPSA 优势并不明显。这是因为当训练样本较多或数据集本身易分类时，co-PSA 扩展新的训练集的错误率降低，同时 PSA 和 V-Detector 基于现有数据，已经能基本覆盖检测器所在类别的区域了。但是在面对 Heart 这类复杂数据集时，TIPSA 的整体准确率比所有方法都高 10%～30%。由数据分布可以发现该数据集自体样本和非自体样本边界模糊，正负类样本分布区域存在较多重叠，导致 co-PSA 新扩展的训练样本错误率在 20%以上，而传统的 NSA 和 PSA 方法则无法通过少量数据覆盖自体（非自体）区域。结果表明，通过 TIPSA 算法扩展训练样本集进而提升算法检测性能是可行的。

结束语 本文提出了一种新的人工免疫检测器生成算法，即 TIPSA 算法。与传统的 PSA 和 NSA 等方法不同，在本文中，标记数据和未标记数据都参与检测器的训练，我们通过标签影响力传播方法有效扩展了自体和非自体的标记样本集合，同时将噪声学习理论应用于标签传播，以减少错误标记的样本。最后，通过广泛的实验验证了 TIPSA 算法的有效性。实验结果证明，TIPSA 在多个数据集和不同训练样本比例下都表现较好，特别是训练样本稀缺或数据集不均衡的情况下，其性能明显优于传统的 NSA 和 PSA 算法。我们注意到 TIPSA 在多轮传播过程中仍存在误差放大的可能，未来将结合集成学习等多种强化学习模式及更精细化的误差评估方法提升标签影响力传播的有效性，进一步改进伪标记的可信度优化 TIPSA 算法，以使其适应更复杂的应用场景。

参 考 文 献

[1] FORREST S, PERELSON A, ALLEN L, et al. Self-nonself discrimination in a computer[C]// IEEE Symposium on Research in Security and Privacy. 1994: 202-212.

[2] GONZALEZ F, DASGUPTA D, NINO L. A randomized real-valued negativeselection algorithm[C]// Proc. 2nd Symp. Artificial Immune Systems. 2003: 261-272.

[3] PERELSON A S, WEISBUCH G. Immunology for physicists [J]. Reviews of Modern Physics, 1997, 69(4): 1219-1267.

[4] IDRIS I, SELAMAT A, OMATU S. Hybrid email spam detection model with negative selection algorithm and differential evolution[J]. Engineering Applications of Artificial Intelligence, 2014, 28: 97-110.

[5] LUO W, WANG J, WANG X. Evolutionary negative selection algorithms for anomaly detection[C]// Proceedings of 8th Joint Conference on Information Sciences. Salt Lake City, America, 2005, 1: 3.

[6] POGGIOLINI M, ENGELBRECHT A. Application of the feature-detection rule to the negative selection algorithm[J]. Expert Systems with Applications, 2013, 40(8): 3001-3014.

[7] MA W, TRAN D, SHARMAD. Negative selection with antigen feedback in intrusion detection[C]// Artificial Immune Systems: 7th International Conference (ICARIS 2008). Berlin, Heidelberg: Springer, 2008: 200-209.

[8] OSTASZEWSKI M, SEREDYNSKI F, BOUVRY P. Immune anomaly detection enhanced with evolutionary paradigms[C]// Proceedings of the 8th annual conference on Genetic and Evolutionary Computation. 2006: 119-126.

[9] OSTASZEWSKI M, SEREDYNSKI F, BOUVRYP. Coevolutionary-based mechanisms for network anomaly detection[J]. Journal of Mathematical Modelling and Algorithms, 2007, 6: 411-431.

[10] CHIKH R, CHIKHIS. Clustered negative selection algorithm and fruit fly optimization for email spam detection[J]. Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing, 2019, 10(1): 143-152.

[11] FOULADVAND S, OSAREH A, SHADGARB, et al. DENSA: An effective negative selection algorithm with flexible boundaries for self-space and dynamic number of detectors[J]. Engineering Applications of Artificial Intelligence, 2017, 62: 359-372.

[12] CHMIELEWSKI A. Tolerant V-Detector algorithm[J]. Journal of Physics: Conference Series, 2018, 1061(1): 012021.

[13] YANG C, JIA L, CHEN B Q, et al. Negative selection algorithm based on antigen density clustering[J]. IEEE Access, 2020, 8: 44967-44975.

[14] CHEN W, LI T, LIU X J, et al. A negative selection algorithm based on hierarchical clustering of self set[J]. Science China Information Sciences, 2013, 56: 1-13.

[15] CHEN W, DING X M, LI T, et al. Negative selection algorithm based on grid file of the feature space[J]. Knowledge-Based Systems, 2014, 56: 26-35.

[16] ZHU F, CHEN W, YANG H, et al. A quick negative selection algorithm for one-class classification in big data era[J/OL]. Mathematical Problems in Engineering, 2017. https://www.hindawi.com/journals/mpe/2017/3956415/.

[17] ZHOU X, TAN W. An Improved Artificial Immune Negative Selection Algorithm[C]// 2022 7th International Conference on Intelligent Computing and Signal Processing (ICSP). IEEE, 2022: 237-241.

[18] SUN P, BAN L, JIAN H. Improved self-adaptive negative selection algorithm with double clustering for infrared target extraction[C]// 2022 IEEE 5th International Conference on Automa-

tion, Electronics and Electrical Engineering (AUTEEE). IEEE, 2022: 378-382.
[19] NUHU A R, GUPTA K D, BEDADA W B, et al. Negative Selection Approach to support Formal Verification and Validation of BlackBox Models' Input Constraints[C]// 2022 IEEE Symposium Series on Computational Intelligence (SSCI). IEEE, 2022: 413-420.
[20] MO J, YANG H. Sampled Value Attack Detection for Busbar Differential Protection Based on a Negative Selection Immune System[J]. Journal of Modern Power Systems and Clean Energy, 2022, 11(2): 421-433.
[21] ZHANG G, HE J, LI W, et al. DGA-PSO: An improved detector generation algorithm based on particle swarm optimization in negative selection[J]. Knowledge-Based Systems, 2023, 278: 110892.
[22] ABID A, KHAN M T, HAQI U, et al. An improved negative selection algorithm-based fault detection method[J]. IETE Journal of Research, 2022, 68(5): 3406-3417.
[23] CHAUDHARI S, SHEVADE S. Learning from positive and unlabelled examples using maximum margin clustering[C]// Neural Information Processing: 19th International Conference (ICONIP 2012). Berlin, Heidelberg: Springer, 2012: 465-473.
[24] ELKAN C. The foundations of cost-sensitive learning[C]// International Joint Conference on Artificial Intelligence. Lawrence Erlbaum Associates Ltd, 2001: 973-978.
[25] KIRYO R, NIU G, DU PLESSISM C, et al. Positive-unlabeled learning with non-negative risk estimator[J]. Advances in Neural Information Processing Systems, 2017, 30: 1675-1685.
[26] GUO T, XU C, HUANG J, et al. On positive-unlabeled classification in GAN[C]// Proceedings of the IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition. 2020: 8385-8393.
[27] LIANG S, ZHANG Y, MA J. Active model selection for positive unlabeled time series classification[C]// 2020 IEEE 36th International Conference on Data Engineering (ICDE). IEEE, 2020: 361-372.
[28] DEVORE J L. Probability and Statistics for Engineering and the Sciences[M]. Belmont: Duxbury Press, 1995.
[29] GOLDMAN S, ZHOU Y. Enhancing supervised learning with unlabeled data[C]// ICML. 2000: 327-334.
[30] ANGLUIN D, LAIRD P. Learning from noisy examples[J]. Machine Learning, 1988, 2: 343-370.

ZHOU Zunlong, born in 1999, postgraduate. His main research interests include network security and data mining.

CHEN Wen, born in 1983, Ph. D, associate professor, Ph. D supervisor. His main research interests include network security and data mining.

(责任编辑:柯颖)