

免疫克隆算法求解动态多目标优化问题*

尚荣华⁺, 焦李成, 公茂果, 马文萍

(西安电子科技大学 智能信息处理研究所, 陕西 西安 710071)

An Immune Clonal Algorithm for Dynamic Multi-Objective Optimization

SHANG Rong-Hua⁺, JIAO Li-Cheng, GONG Mao-Guo, MA Wen-Ping

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

+ Corresponding author: Phn: +86-29-88209786, Fax: +86-29-88201023, E-mail: rhshang@mail.xidian.edu.cn, <http://www.xidian.edu.cn>

Shang RH, Jiao LC, Gong MG, Ma WP. An immune clonal algorithm for dynamic multi-objective optimization. *Journal of Software*, 2007,18(11):2700–2711. <http://www.jos.org.cn/1000-9825/18/2700.htm>

Abstract: The difficulty of Dynamic Multi-Objective Optimization (DMO) problem lies in either the objective function and constraint or the associated problem parameters variation with time. In this paper, based on the immune clonal theory, a new DMO algorithm termed as Immune Clonal Algorithm for DMO (ICADMO) is proposed. In the algorithm, the entire cloning is adopted and the clonal selection based on the Pareto-dominance is adopted. The individuals in the antibody population are divided into two parts: Dominated ones and non-dominated ones, and the non-dominated ones are selected. Three operators are introduced into ICADMO, which guarantees the diversity, the uniformity and the convergence of the obtained solutions. ICADMO is tested on four DMO test problems and compared with the Direction-Based Method (DBM), and much better performance in both the convergence and diversity of the obtained solutions is observed.

Key words: artificial immune system; Pareto-optimal front; dynamic multi-objective optimization; performance metric

摘要: 求解动态多目标优化(dynamic multi-objective optimization,简称 DMO)问题的主要困难在于目标函数、约束条件或者相关的问题参数是随时间不断变化的.基于免疫克隆选择学说,提出一种用于解决 DMO 问题的新算法——动态多目标免疫克隆优化(immune clonal algorithm for DMO,简称 ICADMO).该算法改进了现有的克隆策略,采用整体克隆的方式;在选择策略上,根据 Pareto-占优的概念,将抗体群中的个体分为支配个体和非支配个体,对非支配个体进行选择.采用 3 个特色算子,使其很好地保持了所得解的多样性、均匀性和收敛性.通过数值实验,与 DBM(direction-based method)算法进行比较,结果表明,新算法在收敛性、多样性以及解分布的广度方面都体现了很好的性能.

关键词: 人工免疫系统;Pareto-前沿面;动态多目标优化;性能指标

中图法分类号: TP18 **文献标识码:** A

* Supported by the National Natural Science Foundation of China under Grant Nos.60133010, 60372045, 60703108 (国家自然科学基金); the National Basic Research Program of China under Grant Nos.2001CB309403, 2006CB705700 (国家重点基础研究发展计划(973))

Received 2006-09-18; Accepted 2006-11-21

在现实世界中,许多优化问题都是多个目标的,而且是与时间因素有关的.许多系统需要考虑动态调度问题,考虑时间间隔上各个运行状态之间的约束,即时间带来的约束,这些约束称为动态约束.面对一个复杂动态变化的系统,静态优化方法具有明显的局限性,因为在这些问题中,研究目标是复杂变化的.将现实中的这些具有多个目标、与时间因素相关的问题抽象成数学模型就是动态多目标优化(dynamic multi-objective optimization,简称 DMO)问题^[1].

在过去的大约 10 年中,在解决多目标优化问题时,进化计算的方法与其他经典的方法相比充分显示了其优越性.虽然现有的一些进化多目标算法很好地解决了静态多目标优化^[2,3]问题的多重 Pareto-最优解,但是,很少有人将其推广到解决 DMO 问题中去^[4,5].Farina 等人提出了一组既能用于连续的又能用于离散的 DMO 问题的测试问题,同时也给出了解决这些问题的一个动态进化多目标算法:基于方向的方法(direction-based method,简称 DBM)^[1].

人工免疫系统是模仿自然免疫系统功能的一种智能方法,它实现一种受生物免疫系统启发,通过学习外界物质的自然防御机理的学习技术,提供噪声忍耐、无教师学习、自组织、记忆等进化学习机理,结合了分类器、神经网络、机器推理等系统的一些优点,因此具有提供新颖的解决问题方法的潜力^[6].其研究成果涉及到控制、数据处理、优化学习、故障诊断等许多领域,已经成为继神经网络、模糊逻辑和进化计算后,人工智能的又一个研究热点^[7-9].

根据免疫优势概念和抗体克隆选择学说^[10,11],本文就连续的 DMO 问题提出了一种解决 DMO 问题的新算法——动态多目标免疫克隆优化(immune clonal algorithm for DMO,简称 ICADMO)算法.该算法的主要目的在于,在决策变量随着时间不断变化的过程中,去寻找一系列的随时间不断变化最优解集合,并且使这些解集合要有很好的多样性、均匀性和收敛性.同时,由于问题的“动态性”,所以要在保证所得解的质量的前提下,保证在每一个时间步骤中算法的收敛速度.本文针对由 Farina 提出的测试组中的 4 个问题,从理论上对决策变量空间和目标变量空间的最优解进行了分析.用新算法对这 4 个测试问题进行了测试,测试结果与理论分析相一致,表明了对决策变量空间和目标变量空间的最优解的理论分析的正确性.将目标空间中的测试结果与 DBM 算法相比较,新算法在多样性、均一性方面都体现出了很好的效果.文中引入的测量收敛性的量也定量的说明了新算法具有很好的收敛性.

1 动态多目标优化问题

不失一般性,任何 DMO 控制问题都可以表述为如下的参数化的多目标优化问题^[1]:

定义 1. 记 V_o, V_F 和 W 分别为 n_o 维、 n_F 维和 M 维连续的或离散的矢量空间,函数 g 和 h 分别为不等式和等式约束, f 为从 $V_o \times V_F$ 映射到 W 上的一个函数,则含有 M 个目标的参数化的最小化问题定义如下:

$$\begin{cases} \min_{v_o \in V_o} f = \{f_1(v_o, v_F), \dots, f_M(v_o, v_F)\} \\ \text{s.t. } g(v_o, v_F) \leq 0, h(v_o, v_F) = 0 \end{cases} \quad (1)$$

在上述定义中,变量 v_o 对于优化是有用的,而变量 v_F 是强加的参数,与优化变量无关.目标函数和约束条件都是受参数约束的,而且可以是非线性的.如果仅考虑一个参数——时间 t ,则上述问题可以转化为:

定义 2. 记 t 为时间变量, V 和 W 分别为 n 维和 M 维连续的或离散的矢量空间,函数 g 和 h 分别为不等式和等式约束, f 为从 $V \times t$ 映射到 W 上的一个函数,则含有 M 个目标的参数化的最小化问题定义如下

$$\begin{cases} \min_{v \in V} f = \{f_1(v, t), \dots, f_M(v, t)\} \\ \text{s.t. } g(v, t) \leq 0, h(v, t) = 0 \end{cases} \quad (2)$$

对于上述问题,定义如下两个比较重要的解集:

定义 3. 称 t 时刻的 Pareto-最优解的集合 $POS(S_p(t))$ 和 t 时刻的 Pareto-最优前沿面上的最优目标集合 $POF(F_p(t))$ 分别为决策变量空间和目标空间的 Pareto-最优解集.⁴

一个时变 DMO 问题对于最优决策变量空间和最优目标值空间通常有以下 4 种可能的随时间变化的方式:类型 1. 最优决策变量空间 S_p 随时间变化,而最优目标值空间 F_p 不随时间变化.

类型 2. 最优决策变量空间 S_p 和最优目标值空间 F_p 都随时间变化.

类型 3. 最优决策变量空间 S_p 不随时间变化, 而最优目标值空间 F_p 随时间变化.

类型 4. 尽管问题改变, 但最优决策变量空间 S_p 和最优目标值空间 F_p 都不随时间变化.

类型 4 变化意味着, 在一个系统的变化中, 最优决策变量空间和最优目标值空间都不发生任何变化. 当问题发生变化时, 上述变化的多种类型可能在时间尺度内同时发生.

2 动态多目标免疫克隆优化

2.1 人工免疫系统的基本机理

免疫是指机体对“自己(self)”和“非己(nonsel)”的识别并排出非己的功能. 具体地说, 免疫是机体识别和排除抗原性异物, 以维护自身生理平衡和稳定的功能. 这种能够诱导机体免疫反应并能与相应抗体发生特异性反应的物质称为抗原. 在人工免疫系统中, 抗原一般指问题及其约束^[11]. 具体地, 它是问题目标函数的函数, 是人工免疫系统算法的始动因子以及重要的度量标准. 在 DMO 问题中, 抗原定义如下:

$$\begin{cases} \min_{v \in V} f = \{f_1(v, t), \dots, f_m(v, t)\} \\ \text{s.t. } g(v, t) \leq 0, h(v, t) = 0 \end{cases} \quad (3)$$

其中, V, n, t, g, h 和 M 的含义如定义 2 所述. 抗体在免疫系统应答中起着主要的作用. 免疫系统应答是针对某种特定的“非己”物质即抗原而作出的特定的反应. 当检测到一个抗原时, 抗体就会识别该抗原, 并作出是否将该抗原通过克隆来增值的决定, 这一过程称为克隆选择. 在人工免疫系统中, 抗体一般是指问题的候选解. 在该问题中, 一个规模为 m 的抗体群定义为 $A = \{a_1, a_2, \dots, a_m\}$.

2.2 克隆选择与亲和度测度

1958 年, Burnet 等人提出了著名的克隆选择学说, 其中心思想是, 抗体是天然产物, 以受体的形式存在于细胞表面, 抗原可与之选择性地反应. 抗原与相应抗体受体的反应可导致细胞克隆增殖, 该群体具有相同的抗体特异性. 其中, 某些细胞克隆分化为抗体生成细胞, 通过抗体基因频繁的变异和编辑, 在经过免疫后得到改善; 另一些形成免疫记忆细胞, 以参加之后的再次免疫响应^[7].

2.2.1 克隆操作

在免疫学中, 克隆是指通过无性繁殖(如细胞丝分裂)可连续传代并形成群体. 在人工免疫响应中, 对抗体种群 $A = \{a_1, a_2, \dots, a_m\}$ 的克隆增殖操作 R_C^p 可表示为

$$\begin{aligned} A' &= R_C^p(a_1, a_2, \dots, a_m) \\ &= R_C^p(a_1) + R_C^p(a_2) + \dots + R_C^p(a_m) \\ &= \{a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{q_1}\} + \{a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{q_2}\} + \dots + \{a_m^1, a_m^2, \dots, a_m^{q_m}\} \end{aligned} \quad (4)$$

其中, $R_C^p(a_i) = \{a_i^1, a_i^2, \dots, a_i^{q_i}\}$, $a_i^j = a_i$, $j=1, 2, \dots, q_i$, $i=1, 2, \dots, m$, $q_i \in [1, m_c]$ 为自适应参数, 也可以设定为一个常数, m_c 为设定的克隆比例上限, $q_i=1$ 表示对抗体没有进行克隆操作. 在新算法中, 采用了对群体整体进行克隆的方法, 克隆比例为 5.

2.2.2 亲和度成熟操作

在免疫学中, 亲和度成熟是指免疫系统学习识别外部模式, 抗体基因频繁地变异和编辑, 抗体反应在经过免疫后得到改善. 亲和度成熟操作 R_A^M 是对免疫系统亲和度成熟过程的模拟. 对克隆操作后的抗体群 A' 的亲和度成熟操作 R_A^M 表示为

$$\begin{aligned} A'' &= R_A^M(A') \\ &= R_A^M(\{a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{q_1}\} + \{a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{q_2}\} + \dots + \{a_m^1, a_m^2, \dots, a_m^{q_m}\}) \\ &= \{R_A^M(a_1^1) + R_A^M(a_1^2) + \dots + R_A^M(a_1^{q_1})\} + \dots + \{R_A^M(a_m^1) + R_A^M(a_m^2) + \dots + R_A^M(a_m^{q_m})\} \\ &= \{a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{q_1}\} + \dots + \{a_m^1, a_m^2, \dots, a_m^{q_m}\} \end{aligned} \quad (5)$$

其中, $R_A^M(a_i^j) = a_i^{j'}$, $i=1,2,\dots,m, j=1,2,\dots,q_i$. 在免疫学中,亲和度成熟操作主要是超变异,其基本内容是以较小概率对抗体的某些基因位置上的基因值作变动,但对 A' 中的每个抗体以概率 1 执行. 可以采用进化算法中已有的任何一种变异方式. 对实数编码而言, R_A^M 可以采用均匀变异、Gauss 变异、Cauchy 变异等随机变异策略. 在新算法中采用了非一致性变异, 因为该变异算子的结果与演化代数相联系, 避免了在传统的遗传算法中, 算子的作用与代数没有直接关系而导致的缺乏局部搜索的情况. 具体内容见第 2.2.4 节.

2.2.3 克隆选择操作

克隆选择操作是从抗体各自克隆增殖后的子代中选择优秀的个体, 从而形成新的种群, 是一个无性选择过程. 对抗体群 A'' , 克隆选择操作 R_C^S 表示如下:

$$\begin{aligned} A''' &= R_C^S(A'') \\ &= R_C^S(\{a_1^1, a_1^2, \dots, a_1^{q_1}\} + \{a_2^1, a_2^2, \dots, a_2^{q_2}\} + \dots + \{a_m^1, a_m^2, \dots, a_m^{q_m}\}) \\ &= R_C^S(a_1^1 + a_1^2 + \dots + a_1^{q_1} + a_2^1 + a_2^2 + \dots + a_2^{q_2} + \dots + a_m^1 + a_m^2 + \dots + a_m^{q_m}) \\ &= a_1' + a_2' + \dots + a_n' \end{aligned} \quad (6)$$

在本文中, n 为抗体群 A'' 根据多目标优化中定义的 Pareto-最优确定的非支配抗体的个数, 而 $a_i'(i=1,2,\dots,n)$ 即为 A'' 中的非支配抗体. 如果 $n \leq m$, 则保留 A'' ; 如果 $n > m$, 则对 A'' 再进行第 2 次选择, 选择的标准是这 n 个抗体在目标空间的拥挤程度, 删除较密集的个体, 直到最后保留 m 个抗体为止, 即

$$A''' = R_D^S(A''') = R_D^S(a_1' + a_2' + \dots + a_n') = a_1'' + a_2'' + \dots + a_m'' \quad (7)$$

2.2.4 非一致性变异

在传统的遗传算法中, 算子的作用与代数是直接关系的. 因此, 当算法演化到一定代数以后, 由于缺乏局部搜索, 传统的遗传算子将很难获得收益. 基于上述原因, Michalewicz 首先将变异算子的结果与演化代数联系起来, 使得在演化的初期, 变异的范围相对较大, 而随着演化的推进, 变异的范围越来越小, 起着一种对演化系统的微调(fine-tuning)作用^[12]. 其具体描述如下:

设 $s = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 是一个父解, 分量 v_k 被选为进行变异, 其定义区间是 $[a_k, b_k]$, 则变异后的解为

$$s' = (v_1, \dots, v_{k-1}, v_k', \dots, v_n) \quad (8)$$

其中,

$$v_k' = \begin{cases} v_k + \Delta(t, b_k - v_k), & \text{if } \text{rnd}(2) = 0 \\ v_k - \Delta(t, b_k - v_k), & \text{if } \text{rnd}(2) = 1 \end{cases} \quad (9)$$

这里, if $\text{rnd}(2)=0$ 表示将随机均匀地产生的正整数模 2 所得的结果, t 为当前演化代数, 而函数 $\Delta(t, y)$ 的值域为 $[0, y]$, 并使得当 t 增大时, $\Delta(t, y)$ 接近于 0 的概率增加. 即 t 的值越大, $\Delta(t, y)$ 取接近于 0 的值的的可能性越大, 从而使得算法在演化初期能够搜索到较大范围, 而后期主要是进行局部搜索. 函数 $\Delta(t, y)$ 的具体表达式可取为

$$\Delta(t, y) = y \cdot (1 - r^{(1-t/T)^\lambda}) \quad (10)$$

这里, r 是 $[0, 1]$ 上的一个随机数, T 表示最大代数, λ 是决定非一致性程度的一个参数, 它起着调整局部搜索区域的作用, 其取值一般为 2~5. 本算法中 λ 取为 2.

2.3 动态多目标免疫克隆优化

一个多目标优化算法的性能评价指标不像单目标问题那样简单而统一. 通常, 多目标优化算法最优解集的质量取决于以下 3 个方面: 1) 与理想 Pareto-最优面的距离; 2) 解分布的均匀性; 3) 解分布的广度. 一般来说, 与 Pareto-最优面的距离越小越好, 解分布得越均匀、越广越好. 而对于 DMO 问题, 不仅要考虑上述 3 个方面, 而且还要考虑到“动态性”, 即在保证所得解的质量的前提下, 要保证每一个时间步骤中算法的收敛速度. 为了保证算法的收敛性和收敛速度, 新算法将前一个时刻的最终抗体群作为下一个时刻的初始种群; 并且, 在算法的第 1 时刻的最大迭代次数为 $\text{gmax}_0=150$, 在接下来的时刻, 最大迭代次数为 $\text{gmax}=100$, 从而在较好收敛性的前提下, 保证了较好的收敛速度. 而在每一个时间步骤中, 新算法所得到的解的质量由以下 3 个算子来保证: 免疫克隆选择算子、非一致性变异算子和均匀性保持算子. 这 3 个算子保证了所得解的多样性、均匀性以及向着最优面的很

好的逼近性.

2.3.1 免疫克隆选择算子

克隆操作实现了搜索空间的扩张,为产生新的抗体群提供了基础.克隆操作一方面通过将抗体划分为支配抗体与非支配抗体实现了个体间的竞争;另一方面,通过将非支配抗体的增生,为对某一抗体同时采用多种变异和重组策略提供了可能,从而保持了抗体群的多样性.具体到新算法,即为通过对具有竞争性的抗体的增生来保证所得解的多样性.克隆选择算子的主要计算步骤见算法 1,其中 t 表示当前的时间步骤.

算法 1. DMO 中的免疫克隆选择算子.

第 1 步. $it=0$,初始化抗体群 $A(0,t)$,设定算法参数.

第 2 步. 根据 Pareto-最优的概念将抗体划分为支配抗体和非支配抗体,令支配抗体的亲和度均为 0,非支配个体的亲和度均为 1.

第 3 步. 根据提前设定的抗体克隆规模,进行克隆操作 R_C^P ,免疫基因操作 R_A^M ,克隆选择操作 R_C^S ,获得新的抗体群 $A(it,t)$.

第 4 步. $it:=it+1$;若满足停止条件,则终止计算;否则,转第 2 步.

2.3.2 非一致性变异算子

免疫基因操作是生物学中抗体亲和力成熟的原动力.新算法采用的基因操作是非一致性变异,即在单一抗体周围产生一个变异的解的群体,利用局部搜索增加了提高抗体与抗原亲和度的可能性(亲和力成熟),提高收敛能力,保证了所得解向着理想 Pareto-最优面的逼近性.非一致性变异算子的主要步骤见算法 2.其中,对于不同的抗体,所选取的 k 值不一定相同,其中的 it 表示算法中当前的代数, t 表示当前的时间步骤, $bu(i,k)$ 表示所选取的第 i 个抗体的第 k 个分量取值的上界, $bd(i,k)$ 表示所选取的第 i 个抗体的第 k 个分量取值的下界.

算法 2. DMO 中的非一致性变异算子.

第 1 步. 令 $i=1$.

第 2 步. 对抗体群 $A(it,t)$ 中的第 i 抗体随机选取第 k 个分量 $(A(it,t))(i,k)$.

第 3 步. 随机选取一个正整数 n ,并对其进行模 2 运算.

第 4 步. 如果运算结果为 1,则令 $(A(it,t))(i,k) = (A(it,t))(i,k) + (bu(i,k) - (A(it,t))(i,k)) \times (1 - r^{(1-it/g \max)^2})$;

否则,令 $(A(it,t))(i,k) = (A(it,t))(i,k) - ((A(it,t))(i,k) - bd(i,k)) \times (1 - r^{(1-it/g \max)^2})$.

第 5 步. $i=i+1$;若满足停止条件,则终止计算;否则,转第 2 步.

2.3.3 均匀性保持算子

解分布的均匀性是评价一种 DMO 算法好坏的很重要的标准.所以,在保证所得解与理想 Pareto-最优面的最小距离以及解分布的广度的情况下,也要尽可能地保证解分布的均匀性.均匀性保持算子主要通过将比较密集之处的解删除来保证解的分布的均匀性,其主要步骤见算法 3.

算法 3. DMO 中的均匀性保持算子.

第 1 步. 设抗体群中的抗体的个数为 m ,每个抗体中目标的个数为 Nn ,期望保留的抗体的个数为 N ,初始化 $i:=1, j:=1$.

第 2 步. 根据第 i 个目标函数将群体按升序排列: $N(A'_i(it,t)) = \{N(a'_{i1}(it,t)), N(a'_{i2}(it,t)), \dots, N(a'_{im}(it,t))\}$.

第 3 步. 对于第 i 个目标函数给边界解(有最大和最小函数值的解)分配一个无穷大的距离值 $c_{i1}=NN$, $c_{im}=NN$.

第 4 步. 对于其他中间解分配如下的距离值: $c_{ij} = \frac{(N(A(it,t)))(j+1,i) - (N(A(it,t)))(j-1,i)}{\delta + \max((N(A(it,t)))(:,i) - \min((N(A(it,t)))(:,i))}$.

第 5 步. 如果 $i=Nn$,则转第 6 步;否则, $i:=i+1$,转第 2 步.

第 6 步. 如果 $j=m$,转第 7 步;否则, $j:=j+1, i:=1$,转第 2 步.

第 7 步. 计算第 $j(j=1,2, \dots, m)$ 个个体的拥挤距离 $f(c_j(k))=c_{1j}+c_{2j}+\dots+c_{mj}$,即为该抗体的适应度函数.

第 8 步. 如果 $m=N$,则停止;否则,转第 9 步.

第 9 步. 将适应度值最小的抗体及其对应的目标值矩阵中的抗体删除,得到新的 $A'(it,t)$ 及新的 $N'(A(it,t))$,
令 $A(it,t)=A'(it,t),N(A(it,t))=N'(A(it,t)),m:=m-1,i:=1,j:=1$,转第 2 步.

在算法 3 中, NN 表示一个较大的正整数,在新算法中,令 $NN=1000$; $N(A(it,t))$ 表示抗体群 $A(it,t)$ 中的所有抗体的目标值矩阵; $\max(N(A(it,t))(:,i))$ 和 $\min(N(A(it,t))(:,i))$ 分别表示在所有抗体的目标值中,第 i 个目标的最大值和最小值; δ 为一个较小的整数,在新算法中,令 $\delta=0.0001$. δ 的主要作用是保证当 $\max(N(A(it,t))(:,i))=\min(N(A(it,t))(:,i))$ 时,分母不为 0.

2.3.4 动态多目标免疫克隆优化

受生物免疫系统中免疫克隆选择机理的启发,针对 DMO 问题,结合上述 3 个主要的算子,本文设计了动态多目标免疫克隆优化(ICADMO)算法.新算法采用实数编码,主要步骤见算法 4.

算法 4. 动态多目标免疫克隆优化算法.

第 1 步. 设定算法终止条件,给定抗体群规模 N ,克隆比例 R ,最大迭代次数 $gmax0$ 和 $gmax$;初始化 $t:=0$;最大时间步骤 T_{max} ;随机产生初始群 $A(1,t)=\{a_1(1,1),a_2(1,1),\dots,a_N(1,1)\}$;初始化迭代次数 $it:=0$.

第 2 步. 对抗体群 $A(it,t)$ 进行克隆操作: $A'(it,t) = R_C^P(A(it,t))$.

第 3 步. 对抗体群 $A'(it,t)$ 通过非一致性变异实施亲和度成熟操作: $A''(it,t) = R_A^M(A'(it,t))$.

第 4 步. 计算 $A''(it,t)$ 中的所有抗体的目标值,得到目标值矩阵 $N(A''(it,t))$.

第 5 步. 求出 $N(A''(it,t))$ 中的所有的非支配抗体,对抗体群 $A''(it,t)$ 进行克隆选择操作 $A'''(it,t) = (R_C^S \cup R_D^S) \cdot (A''(it,t) \cup A(it,t))$,更新目标值矩阵,得到 $N(A'''(it,t))$.

第 6 步. 对 $N(A'''(it,t))$ 和 $A'''(it,t)$ 进行均匀性保持操作,得到新目标值矩阵 $N(A''''(it,t))$ 和新抗体群 $A''''(it,t)$.

第 7 步. 如果 it 满足终止条件,输出 $A''''(it,t)$ 和 $N(A''''(it,t))$,转第 8 步;否则,令 $A(it+1,t)=A''''(it,t),it:=it+1$,转第 2 步.

第 8 步. 如果 t 满足停止条件 $t>T_{max}$,则停止;否则,令 $A(it,t+1)=A''''(it,t),t:=t+1,it:=0$,转第 2 步.

2.3.5 动态多目标免疫克隆优化的性能分析

从上述算法描述中可以看出,新算法主要具有以下 4 个特点:

(1) 克隆选择算子较好地保持了最优解分布的广度.在新算法中,随机产生初始抗体群,采用了对抗体群整体进行克隆的操作,克隆抗体群的更新操作实现了全局择优,从而保证了解分布的广度.

(2) 非一致性变异算子较好地保持了向理想 Pareto-最优面的逼近性.在新算法中,先将变异算子的结果与演化代数联系起来,使得在演化的初期变异的范围相对较大,而随着演化的推进,变异的范围越来越小,起着一种对演化系统的微调作用,从而使得算法在演化初期能够搜索到较大范围,而后期主要是进行局部搜索,从而保证算法更好地向着理想 Pareto-最优面搜索.

(3) 均一性保持算子较好地保持了最优解分布的均匀性.在新算法中,每一次克隆变异后,均能得到相当数量的非支配解,均匀性保持算子将会首先删除这些非支配解中比较拥挤的解及其对应的抗体群中的个体,直到达到提前规定的非支配解的个数,然后再将得到的这些分布比较均匀的最优解对应的个体进行下一代的操作,从而较好地保证了最优解分布的均匀性.

(4) 前一个时刻的最终抗体群作为下一个时刻的初始种群,保证了较好的收敛速度.在新算法中,将前一个时刻的最终抗体群作为下一个时刻的初始种群;并且算法在第 1 个时刻的最大迭代次数取为 $gmax0=150$,在其他时刻最大迭代次数取 $gmax=100$,从而在较好收敛性的前提下,保证了较好的收敛速度.

上述前 3 点是衡量多目标优化算法最优解集的质量的最主要的 3 个方面,第 4 点对于 DMO 是极其重要的一个方面.所以,由新算法得到的受时间约束的最优解将会具有较高的质量,同时也保证了很好的收敛速度.

2.3.6 算法的复杂度分析

设抗体群规模为 N ,目标数为 r ,非支配解集对应的抗体规模为 Nn ,每一代最后要保留的非支配解的个数为 M .克隆比例为 N_c ;初始化抗体群并计算各抗体的目标函数值,时间复杂度为 $O(N)$;构造非支配解集的时间复杂度为 $O(N)$;对非支配解集对应的克隆抗体群进行克隆的时间复杂度为 $O(N_n N_c)$;非一致性变异的时间复杂度为

$O(N_n N_c)$;利用均匀性保持算子,从 N_n 个非支配解及其对应的抗体群中选取 M 个非支配解及其对应的抗体群的时间复杂度为 $O(MN_n \log N_n)$,因此在每一代的运行中,总的时间复杂度最差为

$$O(N) + O(N) + O(N_n N_c) + O(N_n N_c) + O(MN_n \log N_n) = O(2N) + O(2N_n N_c) + O(MN_n \log N_n) \tag{11}$$

$$= O(N) + O(N_n N_c) + O(MN_n \log N_n) = O(N + N_n N_c + MN_n \log N_n)$$

在动态多目标免疫克隆优化中,设最大的时间步骤为 T_{\max} ,在第 1 时刻的最大迭代次数取为 $g_{\max 0}$,在其他时刻的最大迭代次数为 g_{\max} ,则在新算法中,总的时间复杂度最差为

$$O((MN_n \log N_n + N_n N_c + N) \times (g_{\max 0} + (T_{\max} - 1) \times g_{\max})) \tag{12}$$

3 仿真实验及其结果比较

3.1 收敛测度

为了描述 DMO 算法的性能,必须要考虑到所得解的收敛性和多样性.本文用到了文献[1]中在目标空间用于测量收敛性的量,

$$e_f(t) = \frac{1}{np} \sum_{j=1}^{np} \min_{i=1:nh} \|S_{P,i}(t) - X_j^{sol}\| \tag{13}$$

其中, nh 为用于标记已知 S_p 的采样的数目; np 为已得到的非支配解的数目. X_j^{sol} 分别为在目标空间计算的解,算子 $\|\cdot\|$ 为欧式距离.上述参数评估了在 S_p 所得到的解的收敛性.关于多样性的测量,则通过在目标变量空间中给出的最优解的分布,对解的多样性进行形象的描述.

3.2 测试问题

本文使用的测试问题是由文献[1]对两目标的 ZDT 和可升级的 DTLZ 测试问题做一直接的推广构造的.这些动态多目标优化问题(DMOP)具有非凸、非连续、骗和局部前沿面的存在等问题^[1],见表 1.

Table 1 Test problems for DMO

表 1 DMO 测试问题

Problem	Objective functions	Variable bounds	n
DMOP1 (FDA1)	$\begin{cases} f_1(\mathbf{x}_I) = x_1, f_2 = g \cdot h \\ g(\mathbf{x}_{II}) = 1 + \sum_{x_i \in \mathbf{x}_{II}} (x_i - G(t))^2, h(f_1, g) = 1 - \sqrt{f_1/g} \\ G(t) = \sin(0.5\pi t), t = \lfloor \tau / \tau_T \rfloor / n_t \end{cases}$	$\begin{cases} \mathbf{x}_I = (x_1) \in [0, 1] \\ \mathbf{x}_{II} = (x_2, \dots, x_n) \in [-1, 1] \end{cases}$	20
DMOP2 (FDA2)	$\begin{cases} f_1(\mathbf{x}_I) = x_1, f_2 = g \cdot h \\ g(\mathbf{x}_{II}) = 1 + \sum_{x_i \in \mathbf{x}_{II}} x_i^2, h(\mathbf{x}_{III}, f_1, g) = 1 - (f_1/g)^{\left(\frac{H(t) + \sum_{x_i \in \mathbf{x}_{III}} (x_i - H(t))^2}{H(t)} \right)^{-1}} \\ H(t) = 0.75 + 0.7\sin(0.5\pi t), t = \lfloor \tau / \tau_T \rfloor / n_t \end{cases}$	$\begin{cases} \mathbf{x}_I = (x_1) \in [0, 1] \\ \mathbf{x}_{II}, \mathbf{x}_{III} \in [0, 1] \end{cases}$	31
DMOP3 (FDA3)	$\begin{cases} f_1(\mathbf{x}_I) = \sum_{x_i \in \mathbf{x}_I} x_i^{F(t)}, f_2 = g \cdot h \\ g(\mathbf{x}_{II}) = 1 + G(x) + \sum_{x_i \in \mathbf{x}_{II}} (x_i - G(t))^2, h(f_1, g) = 1 - \sqrt{f_1/g} \\ G(t) = \sin(0.5\pi t) , F(t) = 10^{2\sin(0.5\pi t)}, t = \lfloor \tau / \tau_T \rfloor / n_t \end{cases}$	$\begin{cases} \mathbf{x}_I \in [0, 1] \\ \mathbf{x}_{II} \in [-1, 1] \end{cases}$	30
DMOP4 (FDA5)	$\begin{cases} \min_x f_1(\mathbf{x}) = (1 + g(\mathbf{x}_{II})) \prod_{i=1}^{M-1} \cos\left(\frac{y_i \pi}{2}\right), & y_i = x_i^{F(t)} \text{ for } i = 1:M-1 \\ \min_x f_k(\mathbf{x}) = (1 + g(\mathbf{x}_{II})) \left(\prod_{i=1}^{M-k} \cos\left(\frac{y_i \pi}{2}\right) \right) \sin\left(\frac{y_{M-k+1} \pi}{2}\right), & k = 2 : M-1 \\ \min_x f_M(\mathbf{x}) = (1 + g(\mathbf{x}_{II})) \sin\left(\frac{y_1 \pi}{2}\right), \mathbf{x}_{II} = (x_M, \dots, x_n), & x_i \in [0, 1], i = 1:n \\ \text{where } g(\mathbf{x}_{II}) = G(t) + \sum_{x_i \in \mathbf{x}_{II}} (x_i - G(t))^2, G(t) = \sin(0.5\pi t) , t = \lfloor \tau / \tau_T \rfloor / n \end{cases}$	$\begin{cases} \mathbf{x}_{II} = (x_M, \dots, x_n) \\ x_i \in [0, 1] \\ i = 1:n \end{cases}$	12

3.3 测试结果及性能分析

在两种算法中,已知的 Pareto-前沿面都用线来表示;在新算法中,所得到的受时间约束的解用“*”表示.而在 DBM 算法中,所得到的受时间约束的解用“o”表示.对于测量收敛性的量 $e_f(t)$,对其取对数,并将结果在图中用 $\lg e_f$ 表示.由于在实现 DBM 算法时遇到了一些难以解决的问题,故为了公平地比较这两种算法,文中直接采用参考文献[1]的实验结果与新算法进行比较.

3.3.1 DMOP 1 问题

该问题是第 1 种类型的测试问题,即 S_p 随时间变化, F_p 不随时间变化.在第 1 个时刻,对于所有的 x_{II} ,受时间约束的最优解对应着 $x_i(t)=0$.随着时间的变化, x_{II} 中的变量随着 $G(t)$ 的改变以正弦的方式变化.即在任一时刻 t , 在最优化决策变量空间中,对于所有的 x_{II} ,受时间约束的最优解对应着 $x_i(t)=G(t)=\sin(0.5\pi t)$.但是,对应的最优目标值空间不随时间变化,且任意时刻的 Pareto-前沿面均为 $f_2 = 1 - \sqrt{f_1}$.

DMOP1 的实验结果如图 1 所示.在该测试问题中,最优目标值空间不随时间而变化,所以,一个好的动态多目标算法应该是无论时间 t 如何变化,都能找到相同的最优面.为了易于观察, $f_1+t/20$ 和 $f_2+t/20$ 分别在 x 轴和 y 轴上表示.从图 1(a)可以看出,当 f_2 接近 1 时, DBM 不能很好地找到 Pareto-前沿面左上方的最优解,然而从图 1(b)可以看出,新算法在每一个时间步骤都可以在很广的范围内找到最优解.即新算法找到的受时间约束的解集在目标值空间分布的范围较广,并且较为均匀,体现了新算法较强的保持多样性与均匀性的能力.从图 1(c)可以看出,虽然在每一次变化后, DBM 都能将收敛量降低到一个较小的值,但是,当有另外一个时间变化时,就会影响到收敛性.所以, DBM 算法的收敛性总是好一次、坏一次.而从图 1(d)可以看出,新算法却不存在这种明显的随时间摆动情况,都比较稳定地分布在 $[-2.7, -2.1]$, 这表明新算法具有较强的收敛能力.

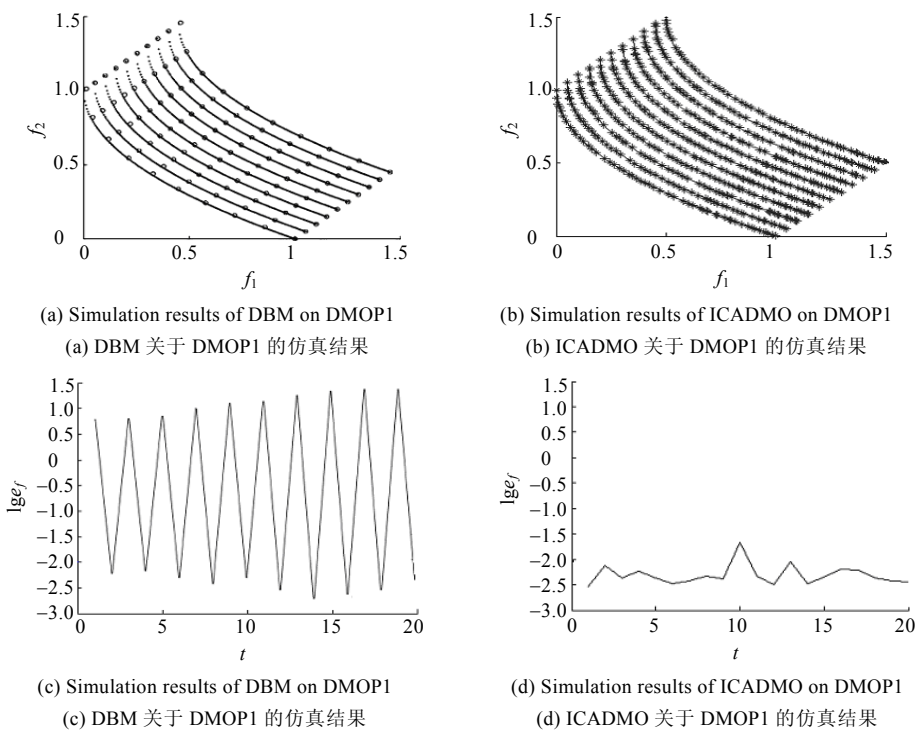


Fig.1 Simulation results of DMOP1

图 1 DMOP1 的仿真结果

3.3.2 DMOP 2 测试问题

这是第 3 种类型的测试问题,即 S_p 不随时间变化,而 F_p 随时间变化.在任意时刻,在最优化决策变量空间中,对

于所有的 \mathbf{x}_{II} , 受时间约束的最优解都对应着 $x_i(t)=0$. 在最优目标变量空间中, Farina 等人认为, 随着函数 $H(t)$ 的变化, Pareto-前沿面的形状由凸变成非凸. 而我们经分析得出, 随着时间的变化, 任一时刻的 Pareto-前沿面为 $f_2 = 1 - f_1^{(H(t)+15 \times (1+H(t))^2)^{-1}}$. 从实验结果也可以看出, 在任意时刻, 新算法得到的前沿面均在由 DBM 算法得出的前沿面的下方, 又因为该问题是一个求两目标最小化的问题, 所以, 由新算法得到的受时间约束的解支配着由 DBM 算法得到的受时间约束的解. 实验结果与理论分析的一致性, 也表明本文理论分析的正确性.

DMOP2 的实验结果如图 2 所示. 在这个测试问题中, 令 $|\mathbf{x}_{II}|=|\mathbf{x}_{III}|=15$. 为易于观察, $f_1+t/25$ 和 $f_2+t/25$ 分别在 x 轴和 y 轴上表示. 比较图 2(a)和图 2(b)可以看出, 新算法的均一性稍差, 但却保持了较好的多样性. 图 2(c)表明 DBM 算法的收敛性同样是好一次、坏一次. 图 2(d)表明新算法却不存在这种明显的随时间摆动情况, 都较稳定地分布在 -3 附近, 说明新算法的收敛能力比较强. 所以, 对于 DMOP2, 新算法保持了很好的多样性和较强的收敛性.

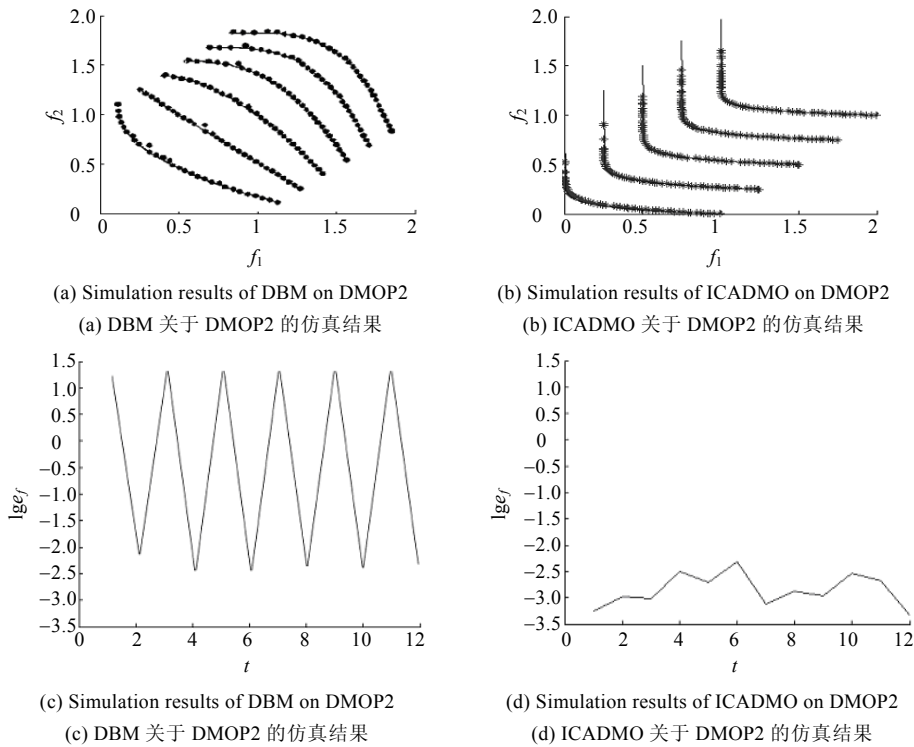


Fig.2 Simulation results of DMOP2

图 2 DMOP2 的仿真结果

3.3.3 DMOP3 测试问题

该问题是第 2 种类型的测试问题, 即 S_p 和 F_p 都随时间变化. 在任意时刻 t , 在最优决策变量空间中, 对于所有 \mathbf{x}_{II} , 受时间约束的最优解随时间 t 变化, 即 $x_i(t)=G(t)=|\sin(0.5\pi t)|$. 在目标变量空间中, 受时间约束的最优解也随时间 t 变化, 任意时刻 t 的 Pareto-前沿面为 $f_2 = (1+G(t)) \times (1-\sqrt{f_1})$. 并且 Pareto-最优面上的解的密度也随时间 t 变化. 所以, 一种好的 DMO 算法应该是每当 t 变化时, 都能找到一个分布广泛的解集.

DMOP3 的实验结果如图 3 所示. 在该测试问题中, 令 $|\mathbf{x}_I|=5, |\mathbf{x}_{II}|=25$. 图 3(b)表明, 随着时间 t 的变化, 新算法每次都能找到一个分布广泛的解集; 而从图 3(a)可以明显看出, DBM 算法在第 4 个时间步骤所得受时间约束的解的分布很差, 并且在第 5 个时间步骤所得的受时间约束的解的分布也较差. 从图 3(d)可以看出, 新算法的收敛性虽然没有 DBM 算法在最好的时刻的收敛性要好, 但在所有的时刻都比较集中地分布在 $[-2, 0]$ 内, 而且不存在像图 3(c)那样明显的随时间摆动情况. 所以, 对于 DMOP3, 新算法仍然保持了很好的多样性和较强的收敛性.

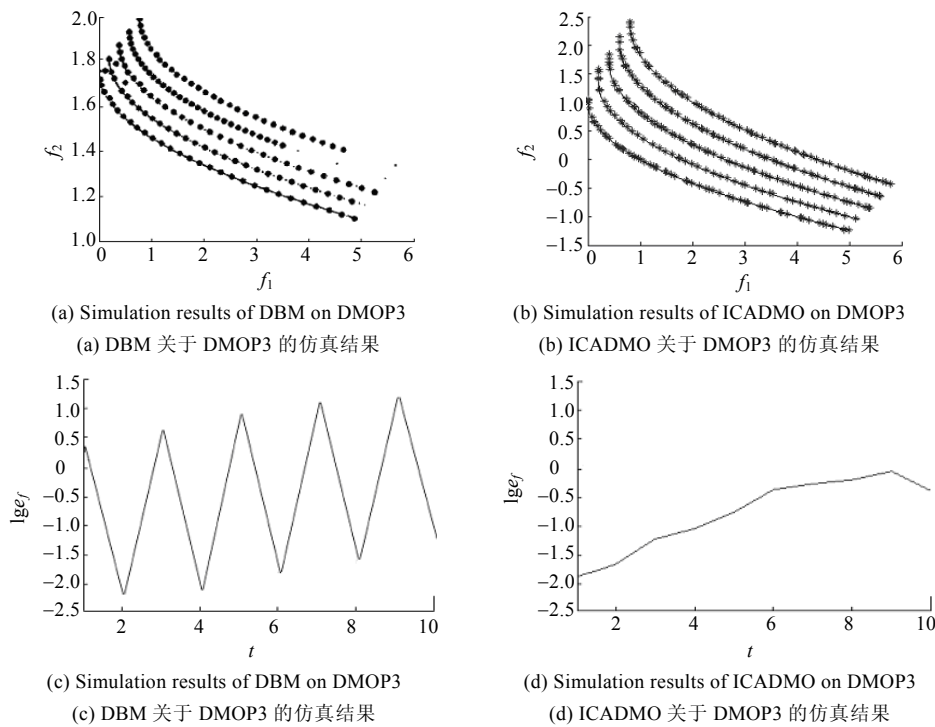


Fig.3 Simulation results of DMOP3

图3 DMOP3 的仿真结果

3.3.4 DMOP4 测试问题

DMOP4 是第 2 种类型的测试问题,即 S_p 和 F_p 都随时间变化.对于该问题,在任意时刻 t ,在最优决策变量空间中,对于所有的 x_{it} ,受时间约束的最优解对应着 $x_i(t)=G(t)=|\sin(0.5\pi t)|$.在最优目标变量空间中,任意时刻 t 的 Pareto-最优面为 $\sum_{i=1}^M (f_i^*)^2 = 1 + G(t)$,所以该前沿面随时间 t 变化,并且 Pareto-最优面上解的密度也随时间 t 变化.所以,一种好的 DMO 算法要在每一次解的密度发生改变时,都能找到一个分布较好的解集.

在 DMOP4 中,令 $M=3$.图 4(a)、图 4(c)、图 4(e)、图 4(g)表明 DBM 在保持多样性上存在一些困难,尤其是对于图 4(e)和图 4(g),DBM 不能找到 Pareto-最优面上右半部分的解,不能很好地保持所得解的多样性.图 4(b)、图 4(d)、图 4(f)、图 4(h)表明,虽然 Pareto-前沿面上解的密度随时间 t 变化,但新算法仍能在每一次解的密度改变时都找到一个分布很好的解集,从而很好地保证所得解的多样性与均匀性.图 4(i)和图 4(j)表明,这两种方法均能获得较好的收敛性.

4 结论

根据免疫优势概念和抗体克隆选择学说,本文提出了一种 DMO 算法——动态多目标免疫克隆优化 (ICADMO)算法,并对 Farina 提出的测试组中的 4 个问题从理论上对决策变量空间和目标变量空间中的最优解进行分析.新算法对 4 个问题进行测试,测试结果与理论分析一致,表明对决策变量空间和目标变量空间中的最优解的理论分析是正确的.将目标空间中给出的测试结果与 DBM 算法相比可以得出:新算法在多样性、均一性方面都体现出了很好的效果.文中引入的测量收敛性的量也定量地说明了新算法在收敛性方面体现出了很好的效果,即新算法具有很强的向着最优面逼近的能力.同时,对于整个“动态”的过程来讲,新算法有较强的收敛能力,并且保持了从一个解集收敛到一个新集所需要的多样性.但是,如何更好地将算法用于其他一些 DMO 问题以及如何更好、更全面地评价一种 DMO 算法,将是我们进一步要做的工作.

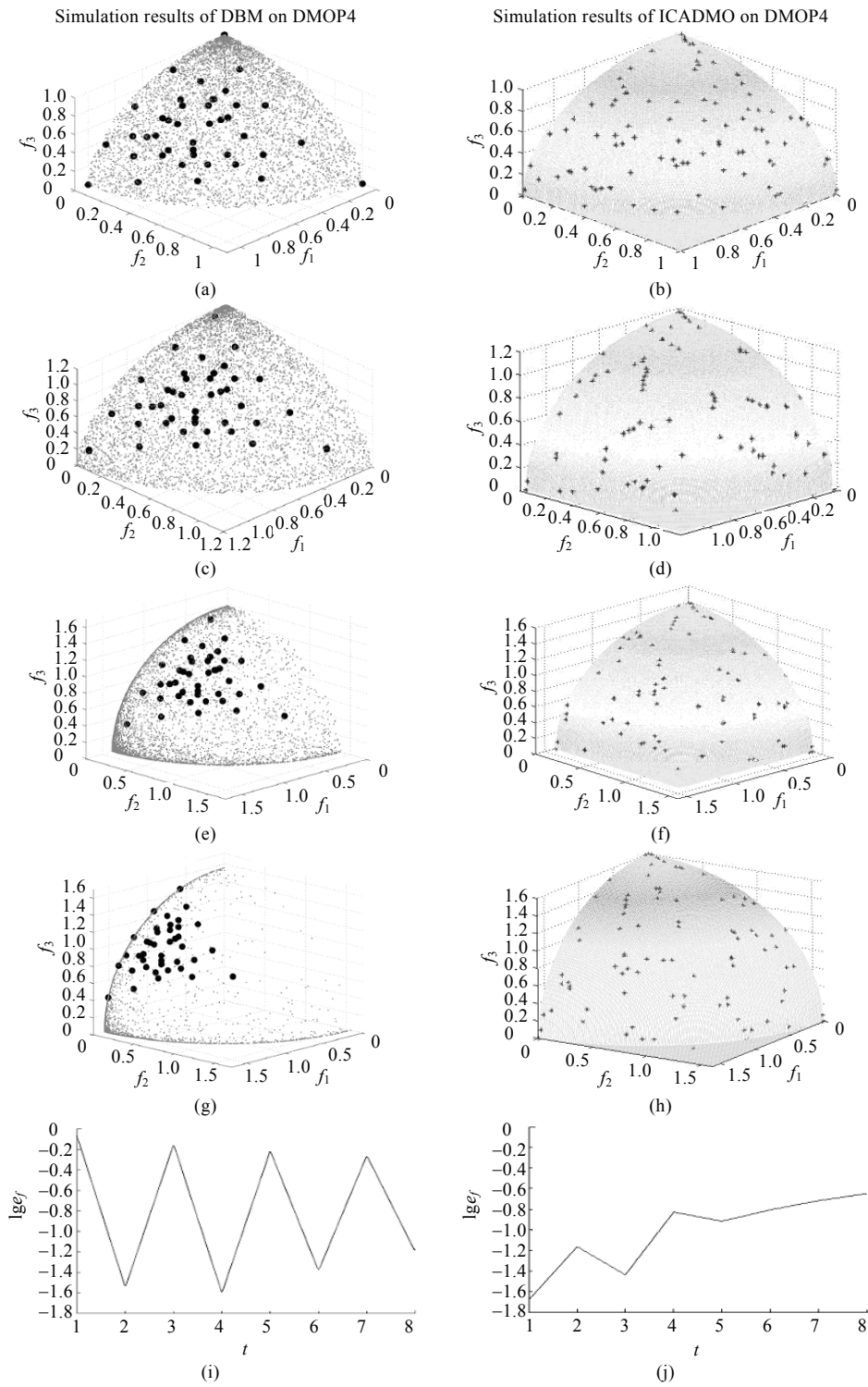


Fig.4 Simulation results of DMOP4

图4 DMOP4 的仿真结果

References:

- [1] Farina M, Deb K, Amato P. Dynamic multiobjective optimization problems: Test cases, approximations, and applications. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2004,8(5):425–442.
- [2] Zitzler E, Thiele L. A simple multi-membered evolution strategy to solve constraint optimization problems. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2005,9(1):1–17.
- [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.
- [4] Shang RH, Jiao LC, Gong MG, Lu B. Clonal selection algorithm for dynamic multiobjective optimization. In: Hao Y, Liu JM, YP Wang, *et al.*, eds. *Proc. of the 2005 Int'l Conf. on Computational Intelligence and Security*. LNCS 3801, Berlin, Heidelberg, New York: Springer-Verlag, 2005. 846–851.
- [5] Ursem RK, Krink T, Jensen MT, Michalewicz Z. Analysis and modeling of control tasks in dynamic systems. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2002,6(4):378–389.
- [6] Jiao LC, Du HF. Artificial immune system: Progress and prospect. *Acta Electronica Sinica*, 2003,31(10):1540–1548 (in Chinese with English abstract).
- [7] Jiao LC, Du HF, Liu F, Gong MG. *Immunological Computation for Optimization, Learning and Recognition*. Beijing: Science Press, 2006 (in Chinese).
- [8] Liu F, Yang HC. A clone based multicast algorithm with adjustable parameter. *Journal of Software*, 2005,16(1):145–150 (in Chinese with English abstract). <http://www.jos.org.cn/1000-9825/16/145.htm>
- [9] Gong MG, Du HF, Jiao LC. Optimal approximation of linear systems by artificial immune response. *Science in China (Series F), Information Science*, 2006,49(1):63–79.
- [10] Jiao LC, Wang L. A novel genetic algorithm based on immunity. *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics-Part A: Systems and Humans*, 2000,30(5):552–561.
- [11] de Castro LN, Von Zuben FJ. Learning and optimization using the clonal selection principle. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2002,6(3):239–251.
- [12] Pan ZJ, Kang LS, Chen YP. *Evolutionary Computation*. Beijing: Tsinghua University Press, 1998 (in Chinese).

附中文参考文献:

- [6] 焦李成,杜海峰.人工免疫系统进展与展望. *电子学报*,2003,31(10):1540–1548.
- [7] 焦李成,杜海峰,刘芳,公茂果.免疫优化计算、学习与识别.北京:科学出版社,2006.
- [8] 刘芳,杨海潮.参数可调的克隆多播路由算法. *软件学报*,2005,16(1):145–150. <http://www.jos.org.cn/1000-9825/16/145.htm>
- [12] 潘正君,康立山,陈毓屏. *演化计算*.北京:清华大学出版社,1998.



尚荣华(1979—),女,河北衡水人,博士生,主要研究领域为自然计算,工程优化,智能信息处理.



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



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



马文萍(1981—),女,博士生,助教,主要研究领域为自然计算,图像处理,智能信息处理.