

## 第二次作业 NSGA3 Algorithm (非支配排序遗传算法 III)

### 背景

NSGA3 算法是从 NSGA2 算法加以改进所得到的。在之前的算法中，优化的目标往往只有 1 或者 2 个，这使得 NSGA2 解决这些问题游刃有余。下面简述一下 NSGA2 算法基于第一代的改进之处：

- 在第一代的基础上提出了快速非支配排序算法，一方面降低了计算的复杂度，另一方面它将父代种群跟子代种群进行合并，使得下一代的种群从双倍的空间中进行选取，从而保留了最为优秀的所有个体；
- 引进精英策略，保证某些优良的种群个体在进化过程中不会被丢弃，从而提高了优化结果的精度；
- 采用拥挤度和拥挤度比较算子，不但克服了 NSGA 中需要人为指定共享参数的缺陷，而且将其作为种群中个体间的比较标准，使得准 Pareto 域中的个体能均匀地扩展到整个 Pareto 域，保证了种群的多样性。

到目前，随着时代的发展，优化目标往往不只有一两个，而是有四个以上。针对这样的高维目标空间，主要是要解决以下三个方面：

- 随着优化目标数量的增加，非支配解在种群中的比例也在增加，因而会导致搜索过程缓慢；
- 对于高维目标空间，维持多样性的指标计算复杂度过高，解的邻近元素寻找困难；
- 对于高维目标空间，重组算子的搜索能力过于低效了；

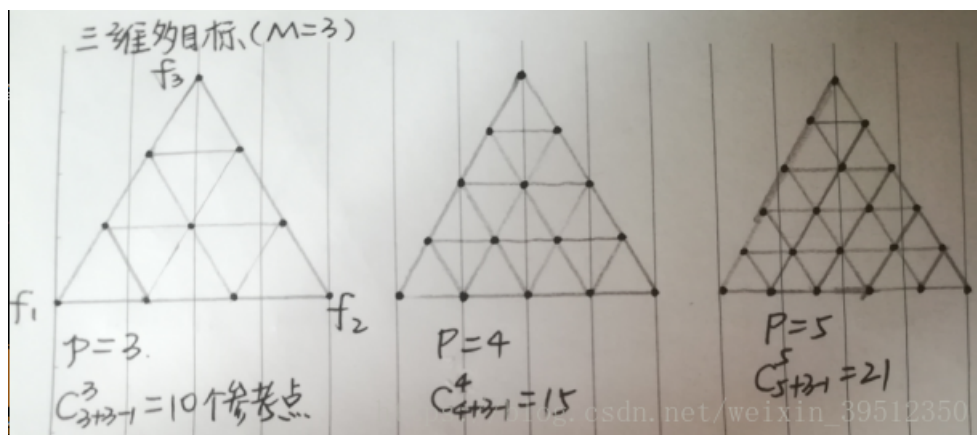
因此，在原有算法的基础上，引入了**参考点**这个概念，因此 NSGA3 算法便诞生了。

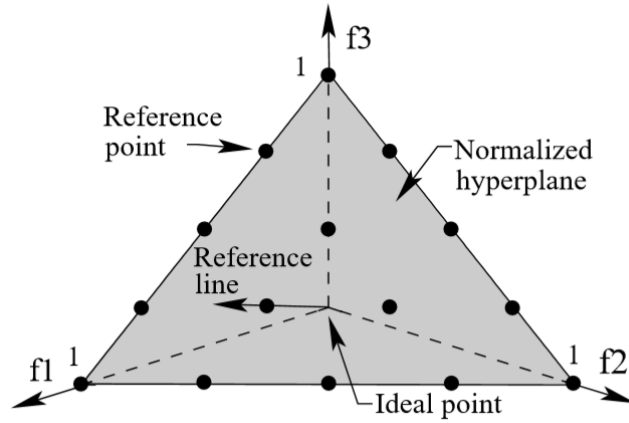
论文链接：[luiz ariza](https://arxiv.org/abs/1802.09576) Last updated: Mon, 11/18/2019 - 13:30 DOI: [10.21227/f5g3-0088](https://doi.org/10.21227/f5g3-0088)

### 简介

NSGA3 算法引入了**参考点**的概念。利用**分布参考点**在高维目标下来维持种群的多样性。当面对三个及以上的多目标优化问题时，如果继续采用拥挤距离的话，NSGA2 算法的收敛性和多样性会不好，容易陷入局部最优。

- **参考点**：出自 1998 年 Das 和 Dennis 在 1998 年提出的边界交叉构造权重的方法。
- **构造参考点**：在标准化参考平面上，维数是  $m$ ，如果每一维目标被均匀地分割成  $p$  份，那么会均匀地产生  $C_{m+p-1}^p$  个参考点。





- **引入参考点的目的：**就是为了获取种群个体与响应参考点之间的映射关系（即垂直距离），进而使得种群超更接近参考点的方向进化，进而事参考点的分布更加均匀。
- **规范化目标函数：**
  - 以最小化为例，首先得到种群  $S_t$  中的所有个体在每一维目标上的最小值，构成当前种群的理想点。
  - 将所有个体的目标值，以及理想点以此理想点为参考作转换操作，这时理想点变为原点，个体的目标值为转换后的临时标准化目标值。
  - 然后计算每一维目标轴上的极值点，这  $M$  个极值点组成了  $M - 1$  维的线性超平面，这时可以计算出各个目标方向上的截距。然后利用截距和临时的标准化目标值计算真正的标准化目标值。
  - 计算公式： $f_i^n(x) = \frac{f_i(x) - z_i^{\min}}{a_i - z_i^{\min}}, i \in [1, m]$ ，其中  $a_i$  是截距。
- **关联操作：**在设置完参考点之后，要进行关联操作，我们要让种群中的个体分别关联到相应的参考点。为了这个目的，我们定义一个参考线，它是原点与参考点在目标空间的连线。有了参考线后，我们计算种群  $S_t$  的每个个体到参考线的垂直距离。然后个体与和它最近的参考线关联起来。

## 算法流程详解

- 我们假设  $P_t$  是第  $t$  代的父代，记录大小为  $N$ ，则  $P_t$  所产生的子代我们设置为  $Q_t$ ，大小也为  $N$ 。
  1. 我们设置一个结合的代（子代和父代结合）  $R_t = P_t \cup Q_t$ ，在  $2N$  的大小中选出  $N$  个个体。
  2. 我们得到了  $R_t$ ，利用非支配排序分为多个非支配层  $(F_1, F_2, F_3, \dots, F_n)$ 。
  3. 枚举每一个  $F_i$ ，从  $F_i$  开始构造一个新的种群  $S_t$ 。
  4. 判断：如果  $S_t.size() == N$ ，则继续，如果  $S_t.size() < N$ ，那么继续寻找下一个非支配层，直到首次大于  $N$ 。

### • 总体流程

输入： $H$  参考点  $Z^s$  或者用户提供的参考点  $Z^\alpha$ ，父代种群  $P_t$ ，种群大小为  $N$ 。

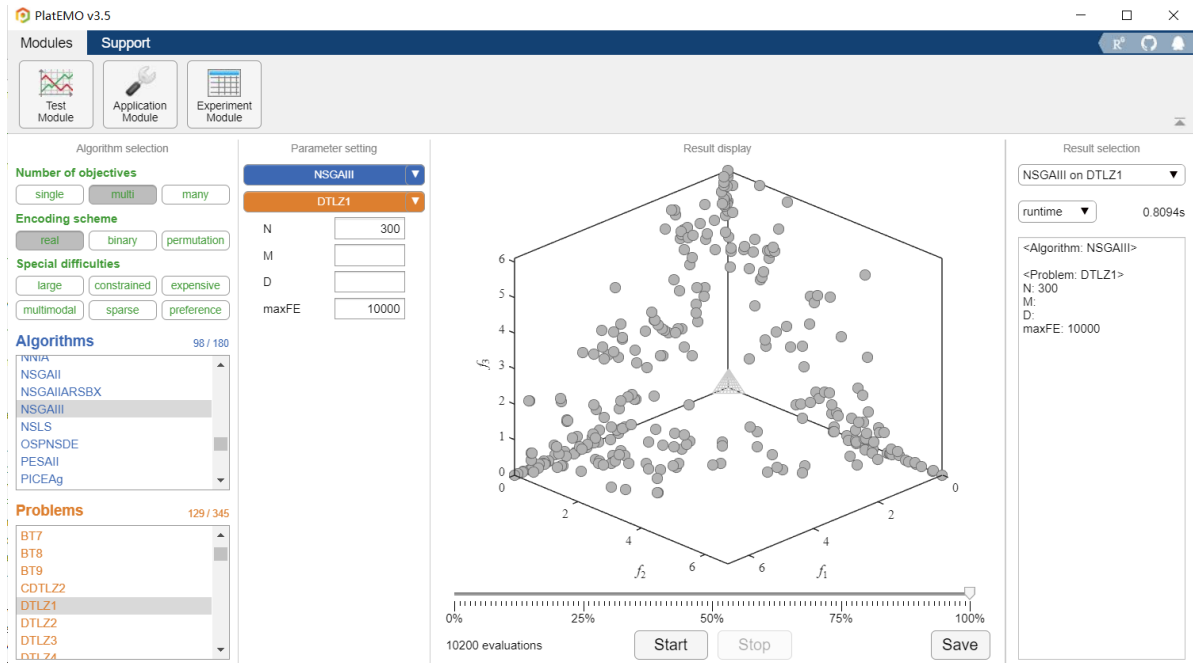
输出： $P_{t+1}$ 。

### 算法步骤：

1. 设置归档集  $S_t = \emptyset, i = 1$ 。
2. 通过交叉变异得到了子代种群  $Q_t$ 。
3. 我们设置一个结合的代（子代和父代结合）  $R_t = P_t \cup Q_t$ 。
4. 对  $R_t$  进行非支配排序划分成若干支配层  $F_i, i \in [1, m]$ 。
5.  $if(|S_t| < N), then$  执行 6, 7 步。

6. 将优先级高的非支配层存入  $S_t$  中,  $i++$ 。
7. 把临界层设置为  $F_l = F_i$ 。
8.  $if(|S_t| == N)$  :
9.  $P_{t+1} = S_t$ 。退出循环  $break$ 。
10.  $else$  :
  11.  $P_{t+1} = \cup_{j=1}^{l-1} F_j$
  12. 从  $F_t$  中选择  $k$  个个体, 其中  $k = N - |P_{t+1}|$ 。
  13. 标准化目标空间, 并设置参考向量  $Z^t$ 。
  14. 种群与参考点的关联操作。
  15. 计算参考向量所关联个体的数目。
  16. 从  $F_t$  中选择  $k$  个个体进入  $P_{t+1}$ 。
17.  $endif$

## 图和表格表示结果



Modules

Support

Test Module

Application Module

Experiment Module

Algorithm selection

Number of objectives

single multi many

Encoding scheme

real binary permutation

Special difficulties

large constrained expensive

multimodal sparse preference

Algorithms

98 / 180

DTLZ2

DTLZ1

DTLZ2

DTLZ3

DTLZ4

DTLZ5

DTLZ6

DTLZ7

Parameter setting

NSGAIII

DTLZ3

N

500

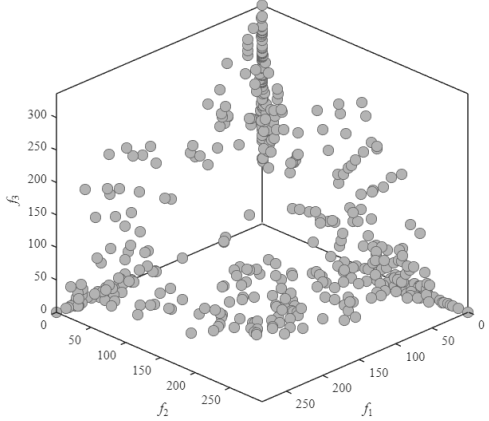
M

D

maxFE

10000

Result display



0% 25% 50% 75% 100%

10416 evaluations

Start

Stop

Save

Result selection

NSGAIII on DTLZ3

runtime

0.4370s

<Algorithm: NSGAIII>

<Problem: DTLZ3>

N: 500

M:

D:

maxFE: 10000