

# NSGA-II算法

## 一、算法原理

NSGA-II (Nondominated Sorting Genetic Algorithm II) 是一种经典的多目标优化算法，由 Srinivas 和 Deb 于 2000 年在 NSGA 的基础上提出，用于解决多目标优化问题。相较于传统的 NSGA 算法，NSGA-II 在运行速度和解集的收敛性上表现更好，成为了其他多目标优化算法性能的基准。它在以下方面做了改进：

①它采用了快速非支配排序算法，显著降低了计算复杂度；

②采用了拥挤度和拥挤度比较算子，代替了需要人为指定共享参数的传统方法，而且将拥挤度作为种群中个体之间的比较准则，使准 Pareto 域中的个体能扩展到整个 Pareto 域，并均匀分布，保持了种群的多样性；

③引入了精英策略，扩大了采样空间，加快了算法的执行速度并可以防止优秀个体的丢失。

## 二、算法步骤

### Step1) 创建初始种群

随机生成一个包含多个个体的初始种群。每个个体都代表一个潜在的解。

### Step2) 计算适应度

针对每个个体，分别计算它们在目标函数空间中的适应度。

### Step3) 快速非支配排序

通过非支配排序技术，将种群中的个体划分为多个前沿。这个排序过程确定每个个体的非支配级别，从而标识哪些个体占据 Pareto 前沿的不同位置，使较高级别的个体不被较低级别的个体支配。

### Step4) 拥挤度计算

为了保持 Pareto 前沿的多样性，NSGA-II 计算拥挤距离，以度量个体在目标函数空间的密度。拥挤距离越大，个体之间的距离越远，从而有助于保持 Pareto 前沿上的均匀分布。

### Step5) 选择

NSGA-II 使用二元锦标赛作为选择操作，在每代中，首先使用二元锦标赛选择操作从当前种群中随机选择两个个体，然后选择其中具有更高非支配级别的个体。这个选择过程是通过比较个体的非支配级别和拥挤距离来执行的。

### Step6) 交叉、变异

将选择出的个体通过交叉和变异操作生成子代种群。将父代和子代合并成一个更大的候选种群。

### Step7) 迭代

将候选种群重新进行非支配排序、拥挤距离计算、选择、交叉、变异，生成新的子代种群，迭代执行，直到满足停止条件（如达到最大迭代次数或收敛到满意的 Pareto 前沿解）。

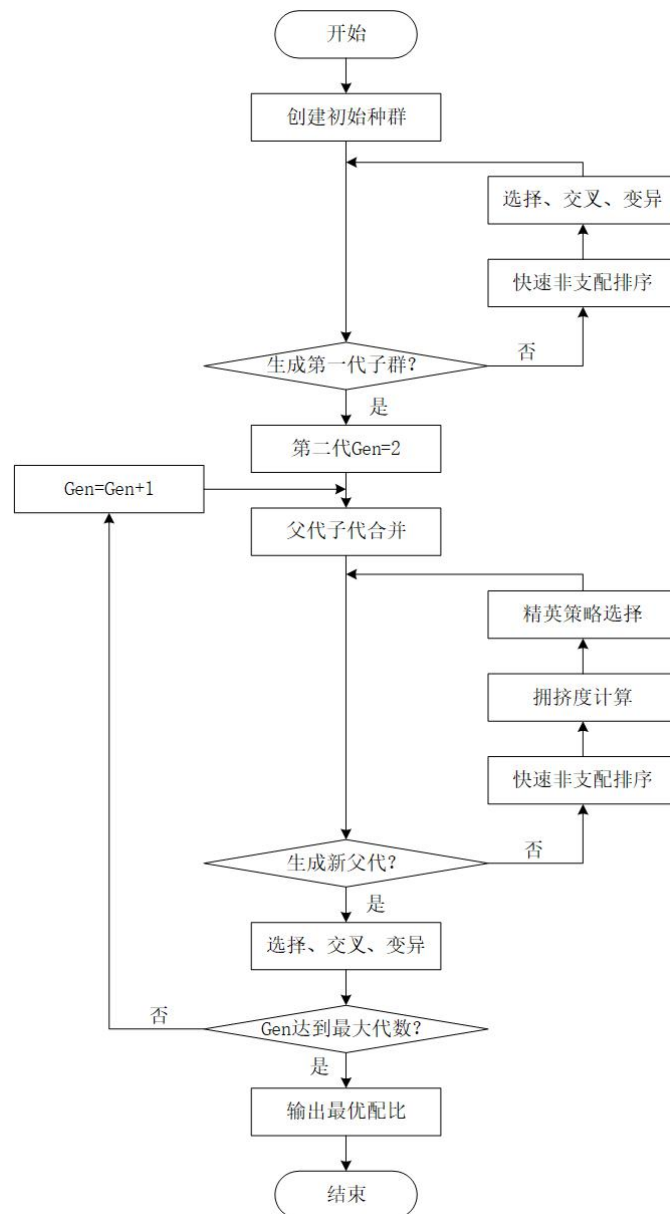


图 1NSGA-II 算法流程图