多目标优化算法 NSGA-II 的改进

刘旭红 刘玉树 张国英 阎光伟 (北京理工大学计算机科学与工程系 北京 100081)

摘要 该文提出了 NSGA-II 算法的一种改进算法—INSGA。在引入算术交叉算子的同时,提出并引入累积排序适应度赋值策略。实验表明 JINSGA 具有更高的收敛速度和更好的种群多样性。

关键词 多目标进化算法 Pareto 前端 NSGA-II 算法

文章编号 1002-8331-(2005)15-0073-03 文献标识码 A 中图分类号 TP301

Improvement of Multi-objective Optimization Algorithm NSGA-II

Liu Xuhong Liu Yushu Zhang Guoying Yan Guangwei

(Dept. of Computer Science and Engineering Beijing Institute of Technology Beijing 100081)

Abstract: An improved version of NSGA-II JNSGA is proposed.INSGA adopts arithmetic crossover operator. Meanwhile a new accumulated rank fitness assignment strategy is proposed. As experiments demonstrate the results of INSGA have higher convergence speed and better population diversity than those of NSGA.

Keywords: multi-objective optimization Pareto front NSGA-II

1 引言

由于多目标进化算法可以在一次运行中得到多个 Pareto 优化解,近年来,在多目标优化领域已经成为一个研究热点,出现了许多优秀的算法,取得了较好的效果[1]。其中非支配排序算法 NSGA-II(Non-dominated Sorting Genetic Algorithm II)是具有代表性的算法[2.3]。 NSGA-II 是 NSGA[4]算法的改进,在 NSGA 的基础上加上了精英策略、密度值估计策略和快速非支配排序策略,在很大程度上改善了 NSGA 的缺点。 实验证明 NSGA-II 的结果优于有代表性的其他几种算法[2]。 但 NSGA-II 采用的 SBX(Simulated Binary Crossover)^{5]}交叉算子搜索性能相对较弱,所使用的个体 Pareto 排序值方法有时不能很好地反映个体周围的密度信息,从而在一定程度上限制了算法的搜索性能,使得 NSGA-II 在种群的多样性保持和收敛速度方面尚不能令人满意。

在 NSGA-II 算法的基础上,针对 NSGA-II 存在的问题,该文提出一种改进的 NSGA-II 算法——INSGA 算法(Improved Non-dominated Sorting Genetic Algorithm),在引入算术交叉算子的同时,提出并引入累积排序适应度赋值策略。最后,在收敛速度和种群多样性保持方面进行了实验验证。

2 INSGA 算法

2.1 交叉算子

NSGA-II 中采用 SBX 交叉算子。SBX 算子模拟二进制交叉算子的过程,对实数编码的父个体进行交叉操作,即对于给定的随机交叉点,交换两个父个体位于交叉点两侧的部分。

该文将算术交叉算子[6 7 引入 NSGA-II。设 $X_{i}^{'}$ 和 $X_{j}^{'}$ 分别为第 t 代两个体交叉点处对应的决策变量的真实值编码 ,则交叉后两个体的相应的决策变量值为:

$$X_i^{t+1} = aX_i^t + bX_j^t \tag{1}$$

其中 a 和 b 为[-0.5 ,1.5]上均匀分布的随机数 ,且 a+b=1。 将 a 和 b 不仅仅限于[0,1]区间,可以保证该交叉算子的搜索区 域覆盖 X_i^{\prime} 和 X_j^{\prime} 的所有邻域,且二者之间的区域搜索几率较大。显然,该算术交叉算子比 SBX 具有更好的全局搜索能力,能更好地保持种群的多样性。

2.2 累积排序适应度赋值策略

NSGA-II 采用的 Pareto 排序策略是:当前群体中不被任何其他个体支配的个体是非支配个体,其 Pareto 排序值赋为 1,全部非支配个体的集合是第一级非支配个体集;从当前群体中将这些个体去掉,新产生的非支配个体的 Pareto 排序值为 2,组成的集合为第二级非支配个体集。依次类推,直到所有的个体的 Pareto 排序值确定为止。以 $r(y \mid t)$ 表示的 t 代中的个体 y 的 Pareto 排序值。

这种赋值方法的一个缺点是,个体的 Pareto 排序值有时不能很好反映个体周围的密度信息,如图 1 所示,尽管个体 a 周围种群的密度大于个体 b 周围的种群密度,但它们的 Pareto 排序值都为 2。尽管 NSGA-II 算法中有密度信息估计的部分,但所采用的密度信息的估计仅限于同一级非支配个体集中[a] 对于图 1 中的个体 a 和 b 仍然具有同样的机会繁殖后代。

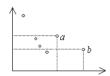


图 1 个体周围种群密度的影响

该文提出的累积排序适应度赋值策略同时考虑个体的 Pareto 排序值和密度信息。首先,类似于 NSGA-II 对所有的个体进行 Pareto 排序,得到每一个个体的 Pareto 排序值。设在第 t 代种群中支配个体 y 的个体集为 y_1 y_2 \dots y_n ,则个体 y 累积排序值定义为支配个体 y 的所有个体的 Pareto 排序值的和 ,如式 (2)所示:

 $rank(y_t) = 1 + \sum_{i=1}^{n} r(y_i t)$ House All rights reserved http://www.cnki.net

由此,对于图 1 中的个体 a 和 b 的累积排序值分别为 4 和 2。采用累积排序适应度赋值策略并没有增加算法的复杂度,只需对 NSGA-II 中的快速非支配排序算法做少许改动即可,如下所示,其中黑体对应的两行是改进后的算法。

```
fast-non-dominated-sort(P)
for each p \in P
   S_n = \phi \approx 0 p_{mnk} = 1;
   for each q \in P
      if (p < q) then S_p = S_p \cup \{q\};
      else if q < p then n_p = n_p + 1;
   if n_n=0 then
      p_r=1;
      F_1=F_1\cup\{p\};
i=1:
while F \neq \phi
   F_{i+1}=\phi;
   for each p \in F_i
      for each q \in S_p
         n_q = n_q - 1 \mathbf{q}_{rank} = \mathbf{q}_{rank} + \mathbf{p}_r;
          if n_a=0 then
             q_i=i+1;
             F_{i+1} = F_{i+1} \cup \{q\};
i=i+1;
```

其中,每一个个体p对应四个数据结构(1)个体集 S_p 记录p支配的所有个体(2) n_p 记录优于p的个体数目(3) p_r 记录p的 Pareto 排序值(4) p_{max} 记录p的累积排序值。

 F_i 记录第 i 级非支配个体集。

首先,找到群体中所有 n_i =0 的个体,将其存入第一级非支配个体集 F_1 ,这些个体的 Pareto 排序值和累积排序值都为 1。 然后,对于 $F(i \ge 1)$ 中的每个个体 p,考察它所支配的个体集 S_p ,将 S_p 中的每个个体 q 的支配它的个体数量 n_q 减 1,并计算个体 q 的累积排序值 q_{rank} ,如果支配 q 的个体数量 n_q =0,则将 q存入下一级非支配集 F_{i+1} 。直到所有的个体排序完毕,算法中止。 2.3 INSGA 算法过程

随机产生一个规模为 N 的初始种群 P_0 , 将种群中的所有个体快速非支配排序。采用选择、交叉遗传算子产生一个规模为 N 的子代种群 Q_0 。其中,选择算子主要根据累积排序值评价个体的优劣,选择累积排序值小的个体参与繁殖。将 P_0 和 Q_0 合并为一个规模为 2N 的种群 R_0 ,对 R_0 进行非支配排序得到非支配个体集(F_1,F_2),选择前 i(i) 满足式(i3) 个非支配集和

$$F_{i+1}$$
 的前 $N-\sum_{j=1}^{i}\left|F_{j}\right|$ 个体组成 P_{1} 。
$$\sum_{j=1}^{i}\left|F_{j}\right|\leq N \ , \ \, \coprod_{j=1}^{i+1}\left|F_{i}\right|>N \tag{3}$$

再由 P_1 经选择、交叉产生 Q_1 将 P_1 和 Q_1 合并为 R_1 。 重复上面的循环 ,直到满足停止条件。从第一代开始主流程如下:

$$R_i = P_i \cup Q_i$$
;
 $(F_1 \ F_2 \ \dots) = fast-non-dominated-sort(R_i)$;
 $P_{i+1} = \phi \ i = 1$
while $|P_{i+1}| + |F_i| \le N$
 $crowding-disance-assignment(F_i)$;
 $P_{i+1} = P_{i+1} \cup F_i$;
 $i = i+1$;

$$P_{i+1} = P_{i+1} \cup F_i$$
 其中 $1 \le i \le N - |P_{i+1}|$; $Q_{i+1} = make - new - pop(P_{i+1})$; $t = t+1$ $i = i+1$; 几点说明:

(1)子程序 crowding-distance-assignment 和 sort 分别对某一个非支配个体集进行拥挤距离赋值和拥挤距离排序,具体过程可以参考文献[2].在此不再赘述;

(2)子程序 make-new-pop 中的选择算子使用联赛选择, 个体的优劣主要由个体的累积排序适应度值确定,累积排序适 应度值小的个体优。对于具有相同累积排序适应度值的个体, 再进行拥挤距离的比较,拥挤距离小的个体优。

3 实验结果

该文采用 INSGA 对文献[2]所列举的两个典型的测试函数进行了计算,并与由 NSGA-II 计算得到的结果进行比较(两个测试函数均为最小化问题)。

$$F_{1} \begin{cases} f_{1} = 1 - \exp\left[-\sum_{i=1}^{3} \left(x_{i} - \frac{1}{\sqrt{3}}\right)^{2}\right] \\ f_{2} = 1 - \exp\left[-\sum_{i=1}^{3} \left(x_{i} + \frac{1}{\sqrt{3}}\right)^{2}\right] \end{cases}$$

其中 $-4 \le x_1 x_2 x_3 \le 4$ 。

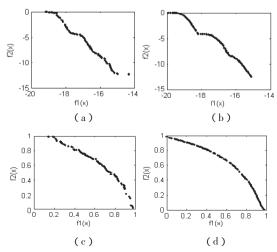
$$F_1$$
 的最优解为 $x_1=x_2=x_3 \in [-\frac{1}{\sqrt{3}}, \frac{1}{\sqrt{3}}]$

$$F_{2} : \begin{cases} f_{1}(x) = \sum_{i=1}^{n-1} \left[-10 \exp(-0.2\sqrt{x_{i}^{2} + x_{i+1}^{2}}) \right] \\ f_{2}(x) = \sum_{i=1}^{n} \left| x_{i} \right|^{0.8} + 5 \sin(x_{i})^{3} \right] \end{cases}$$

其中 $-5 \le x_1 \ x_2 \ x_3 \le 5$ 。

对于两个测试问题,两种算法所采用的相同的设置为;实数编码方式,种群规模为100,联赛选择,联赛规模为6,交叉概率为0.8,进化代数为50代。

图 2 是实验结果。(a)是 NSGA-II 对于函数 F_1 的运行结果,(b)是 INSGA 对于 F_1 的运行结果(c)是 NSGA-II 对于函数 F_2 的运行结果(d)是 INSGA 对于 F_2 的运行结果。由实验可以看出,采用 INSGA 得到的 Pareto 曲线分布更加均匀,且解的精确度更高。



(C) 1994-2023 China Academic Journal Electronic Publishing House. A图 2 ig NSGA electronic Publishing House. A图 2 ig NSGA electronic Publishing House.

4 结论

该文使用算术交叉算子代替 NSGA-II 算法中的 SBX 交叉 算子 提高了算法的搜索性能 ;同时 ,提出了累积排序适应度赋值策略 ,更好地维持了种群的多样性。在两个典型的多目标优化测试函数上进行了实验 , 对照结果可以证明 INSGA 比 NS-GA-II 具有更快的收敛速度和更好的种群多样性。

(收稿日期 2004年8月)

参考文献

- 1.谢涛,陈火旺,康立山.多目标优化的演化算法[J].计算机学报,2003; 26(8)997~1003
- 2.Kalyanmoy Deb ,Amrit Pratap ,T Meyarivan.A fast and elitist multi-

- objective genetic algorithm :NSGA-II[J].IEEE Transactions on Evolutionary Computation 2002 5(2):182~197
- 3.Kalyanmoy Deb.Multi-objective optimization using evolutionary algorithms[M].New York John Wiley & Sons Press 2001 210~302
- 4.Deb K Agrawal R B.Simulated binary crossover for continuous search space[J].Complex Systems ,1995 9:115
- 5.N Srinivas & Deb Multiobjective function optimization using nondominated sorting genetic algorithms [J].Evol Comput ,1995 $2\!\!/\,3$) 221~248
- 6.朱学军 ,陈彤 ,薛量等.多个体参与交叉的 Pareto 多目标遗传算法[J]. 电子学报 ,2001 ,29(1):106~109
- 7.陈文平 康立山.基于多父体杂交的多目标演化优化算法[J].计算机工程与应用 2003 39(10).79~82

(上接19页)

较好地解决加速收敛和停滞早熟的矛盾,对算法性能的改善比较明显。算法的时间复杂度分析如下:算法初始化的复杂度为O(NK);L0 层包含 R 个蚂蚁构造解和计算公式(1)(2),其复杂度为 O(R2NKn);L1 层局部搜索的复杂度为 O(2LNKn);L2 层信息素更新的复杂度为 O(NK)。因此,在最坏情况下整个算法的复杂度为 $O(M_{cmerg}RNKn)$, M_{cmerg} 是达到收敛条件的演化代数。可以看到,算法的时间复杂度受收敛情况影响很大,且随问题规模的扩大,算法的复杂度呈线性上升。

5 总结

该文在分析蚁群优化算法的多 Agent 结构的基础上 ,提出了一种自适应蚁群优化聚类算法。该算法分为三个层次 ,每一层均由多个 Agent (即蚂蚁)组成。L0 层是解构造层 ,L1 层是可行解改进层(算法采用局部搜索) L2 层是信息素更新层。更新后的信息素矩阵作为蚂蚁一次演化结果的反馈 ,为下一轮搜索提供启发信息。算法选取解构造过程中的变异概率 p 以及信息素残留度 p 作为自适应参数 , 在蚁群演化过程中自动调节其值 ,达到加快收敛和全局搜索的最佳效果。

实验结果及分析验证了该算法的有效性。与 GA 和 SA 聚类算法相比较,该算法确实表现出更好的性能,聚类效果和运行效率均优于上述两种方法。与成熟的聚类算法相比较,在运行效率和处理大规模聚类问题上有待进一步提高。

(收稿日期 2005年3月)

参考文献

- 1.J Bilmes ,A Vahdat ,W Hsu.Empirical observations of probabilistic heuristics for the clustering problem[R].Technical Report TR-97-018 , International Computer Science Institute ,University of California , Berkeley ,CA ,1997
- 2.Sung C S Jin H W.A tabu-search-based heuristic for clustering[J]. Pattern Recognition 2000 33 949~858
- 3.Murthy C A Chowdhury N.In search of optimal clusters using genetic algorithms[J].Pattern Recognition Letters ,1996 (17) \$25~832
- 4.Brown D E Huntley C L.A practical application of simulated anneal-ing[J].Pattern Recognition ,1992 ;25(4) ;401~412
- 5.J L Deneubourg S Goss N Franks et al.The dynamics of collective sorting Robot–like ants and ant–like robots[C].In J A Meyer S Wilson

- eds.Proceedings of the First International Conference on Simulation of Adaptive Behavior From Animals to Animates Cambridge MA MIT Press 1991 356~363
- 6.E Lumber B Faieta. Diversity and adaption in populations of clustering ants[C]. In 'J-A Meyer S W Wilson eds. Proceeding of the Third International Conference on Simulation of Adaptive Behavior: From Animals to animates Cambridge MA MIT Press/Bradford Books ,1994; 3:501~508
- 7.N Monmarché.On data clustering with artificial ants[C].In :A Freitas ed.Data Mining with Evolutionary Algorithms ,Research Directions—papers from the AAAI Workshop Menlo Park CA :AAAI press ,1999: 23~26
- 8.吴斌,郑毅,傅伟鹏等.一种基于群体智能的客户行为分析算法[J].计 算机学报,2003,26(8)913~918
- 9.吴斌,傅伟鹏,郑毅等.一种基于群体智能的 Web 文档聚类算法[J].计 算机研究与发展 2002 39(11):1429~1435
- 10.Dorigo M ,Maniezzo V ,Colorni A.Ant System :Optimization by a Colony of Cooperating Agents[J].IEEE Trans on System ,Man ,and Cybernetics ,1996 ,26(1) 29~41
- 11.Dorigo M ,Bonabeau E ,Theraulaz G.Ant algorithm and stigmergy[J]. Future Generation Computer Systems 2000 ;16 \$51~871
- 12.Yang Xin-Bin Sun Jing-Gao Huang Dao. A new clustering method based on ant colony algorithm[C].In Proceeding of 4th World Congress on Intelligent Control and Automation Shanghai P R China 2002: 2222~2226
- 13.Shelokar P S Jayaraman V K Kulkarni B D.An ant colony approach for clustering[J].Analytica Chimica Acta 2004 (509):187~195
- 14.Nicolas Labroche Nicolas Monmarch'e Gilles Venturini.AntClust Ant clustering and web usage mining[C].In :GECCO 2003 ,LNCS 2723 , Berlin Heidelberg Springer-Verlag 2003 25~36
- 15.H Azzag N Monmarch'e M Slimane et al.A clustering algorithm based on the ants self-assembly behavior[C].In: ECAL 2003 ,LNAI 2801 , Berlin Heidelberg Springer-Verlag ,2003 :564~571
- 16.M Milano ,A Roli.MAGMA ;A Multiagent Architecture for Metaheuristic[J].IEEE Trans on System ,Man ,and Cybernetics ,2004 ;33(2): 925~941
- 17.Sergios Theodoridis Konstantinos Koutroumbas.Pattern Recognition[M]. Second Edition Elsevier Science Academic Press JUSA 2003
- 18.朱庆保 ,杨志军.基于变异和动态信息素更新的蚁群优化算法[J].软件学报 2004;15(2):185~192