

一种改进的非支配排序多目标遗传算法

陈静, 伍军, 郑金华

CHEN Jing, WU Jun, ZHENG Jin-hua

湘潭大学 信息工程学院, 湖南 湘潭 411105

Institute of Information Engineering, Xiangtan University, Xiangtan, Hunan 411105, China

E-mail: jhzheng@xtu.edu.cn

CHEN Jing, WU Jun, ZHENG Jin-hua. Improved non-dominated sorting genetic algorithm for multi-objective optimization. Computer Engineering and Applications, 2009, 45(29): 60-63.

Abstract: The main goal for research on MOEAs is to make the algorithms converge rapidly, and gain solutions that are widely and uniformly scattered in the non-dominated feasible areas of the problems. This paper, which is on the basis of NSGA2, proposes a new strategy for generating new population, that is not only selecting a certain proportion of non-dominated individuals according to the crowding distance, but also choosing some other dominated but potential individuals to form the next generation. The new strategy-combined algorithm (NSGA-II+IMP) is compared with the original NSGA2, and the result shows that the new one can better improve the diversity and the convergence of the solution set.

Key words: multi-objective evolutionary algorithm; multi-objective optimal problem; population maintenance; crowding distance; diversity; maintenance strategy

摘要: 多目标进化算法的研究目标主要是使算法快速收敛, 并且广泛而均匀分布于问题的非劣最优域。在 NSGA-II 算法的基础上, 提出了一种新的构造种群策略——按照聚集距离选取部分非支配个体, 并选取部分较好的支配个体形成下一代种群。该策略与原算法相结合后的算法 (NSGA-II+IMP) 与原 NSGA-II 进行比较, 结果表明新算法较好地改善了分布性和收敛性。

关键词: 多目标进化算法; 多目标优化问题; 种群维护; 聚集距离; 分布性; 保持策略

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2009.29.017 **文章编号:** 1002-8331(2009)29-0060-04 **文献标识码:** A **中图分类号:** TP18

进化算法 (evolutionary algorithm) 是一类模拟生物自然选择与自然进化的随机搜索算法, 因其适用于求解高度复杂的非线性问题而得到了非常广泛的应用。在解决只有单个目标的复杂系统优化问题时, 进化算法的优势得到了充分展现。然而, 现实世界中的优化问题通常是多属性的, 一般是对多个目标的同时优化, 且被同时优化的多个目标之间通常是相互冲突的, 如在企业生产活动中, 产品质量与生产成本是两个相互冲突的目标。为了达到总目标的最优化, 通常需要对相互冲突的子目标进行综合考虑, 即对各个子目标进行折衷 (tradeoffs)。由此, 针对多目标优化问题 (Multi-Objective Optimal Problem, MOP), 出现了多目标进化算法 (Multi-Objective Evolutionary Algorithms, MOEAs)。

近年来, 进化计算界相继提出了大量有效的多目标进化算法。最有代表性的主要有: Fonseca 和 Fleming 提出的 MOGA^[1]; Horn 等提出的 NPGA^[2], 以及在其基础上提出的 NPGA-II^[3]; Srinivas 和 Deb 提出的 NSGA^[4], 以及 Deb 等在其基础上提出了 NSGA-II^[5]; Zitzler 和 Thiele 提出的 SPEA^[6] 和 SPEA2^[7]; Corne 等

提出的 PESA^[8] 和 PESA-II^[9]; Knowles 等提出的 PAES^[10] 和 M-PAES^[11]; Coello 等提出的 Micro-GA^[12] 和 Micro-GA2^[13]; Deb 等提出的 ϵ -MOEA^[14]。其中 NSGA-II 以其良好的性能受到国内外学者的关注。

多目标进化算法的研究目标主要是使算法快速收敛, 并且广泛而均匀分布于问题的非劣最优域。在 MOEAs 的设计中, 解的分布性保持策略一般放在种群维护中实现, 当非支配个数超过一定规模时, 此时就需要利用修剪操作 (truncation operator) 来去除个体, 去除个体不是随机的, 而是根据一定的分布性保持策略来进行的。在 NSGA-II 中, 利用个体的聚集距离 (crowding distance) 来对种群进行维护, 通过计算进化群体中每个个体的聚集距离, 构造了一个偏序集, 对聚集距离较小的个体进行淘汰。在 NSGA-II 的基础上, 提出了一种改进的非支配排序多目标遗传算法 (NSGA-II+IMP)。在其修剪操作中, 提出了一种新的策略——即从当前层非支配集中选取部分聚集距离较大的个体进入新种群, 形成种群的大部分; 从下一层非支配集中选取部分较好的个体进入新种群, 形成种群的少部

基金项目: 国家自然科学基金 (the National Natural Science Foundation of China under Grant No.60773047); 湖南省教育厅科研计划重点项目 (the Key Scientific Research Project of Department of Hunan Education of China under Grant No.06A074); 湖南省教育厅一般科研项目 (No.07c752)。

作者简介: 伍军 (1982-), 男, 硕士研究生, 研究方向为进化计算; 郑金华 (1963-), 男, 教授, 博士生导师, 主要研究方向为进化计算, 智能科学等。

收稿日期: 2008-06-06 **修回日期:** 2008-09-04

分, 从而组成下一代种群。实验表明, 该策略与原算法相结合高地改善了原算法的分布性和收敛性。

1 基本概念

最小化与最大化问题可以相互转化, 因此, 仅以最小化多目标问题为研究对象。多目标问题(MOP)的一般描述为:

给定决策向量 $X=(x_1, x_2, \dots, x_n)$, 它满足下列约束:

$$g_i(X) \geq 0 \quad i=1, 2, \dots, k \tag{1}$$

$$h_l(X) \geq 0 \quad i=1, 2, \dots, l \tag{2}$$

设有 r 个优化目标, 且这 r 个优化目标是相互冲突的, 优化目标可表示为:

$$f(X)=(f_1(X), f_2(X), \dots, f_r(X)) \tag{3}$$

寻求 $X^*=(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*)$, 使 $f(X^*)$ 在满足约束(1)和(2)的同时达到最小。MOEA 经常用到如下几个基本概念。

定义 1 (个体的 Pareto 支配关系) 设 p 和 q 是进化群体 Pop 中的任意两个不同的个体, 称 p 支配 (dominate) q , 则必须满足下列二个条件:

- (1) 对所有的子目标, p 不比 q 差, 即 $f_k(p) \leq f_k(q) (k=1, 2, \dots, r)$;
- (2) 至少存在一个子目标, 使 p 比 q 好。即 $\exists l \in \{1, 2, \dots, r\}$, 使 $f_l(p) < f_l(q)$ 。

其中 r 为子目标的数量。此时称 p 为非支配的 (non-dominated), q 为被支配的 (dominated)。表示为 $p > q$, 其中“ $>$ ”是支配关系 (dominate relation)。

定义 2 (Pareto 最优解) 给定一个多目标优化问题 $\text{Min} f(X)$, 称 $X^* \in \Omega$ 是最优解, 若 $\forall X \in \Omega$, 满足下列条件:

- 或者 $\wedge (f_j(X) = f_j(X^*))$
 - 或者至少存在一个 $j \in I, I=\{1, 2, \dots, r\}$, 使 $f_j(X) > f_j(X^*)$
- 其中 Ω 是满足式(1)和式(2)的可行解集, 即

$$\Omega = \{X \in R^n | g_i(X) \geq 0, h_j(X) = 0, (i=1, 2, \dots, k; j=1, 2, \dots, l)\} \tag{4}$$

定义 3 (Pareto 最优面 (边界)) 给定一个多目标优化问题 $\text{Min} f(X)$ 和它的最优解集 X^* , 它的 Pareto 最优面定义为:

$$PF^* = \{f(X) = (f_1(X), f_2(X), \dots, f_r(X)) | X \in X^*\} \tag{5}$$

定义 4 (非支配集) 设有解集 P , P 中的个体 q 不被任何其他个体支配, 则 q 是 P 中的非支配个体; P 的非支配个体构成的子集称为 P 的非支配集 $NDset$ 。

$$\text{即 } NDset = \{q | q \in P \text{ 且 } \nexists p \in P, \text{ 使 } p > q\} \tag{6}$$

2 改进的 NSGA-II

经典多目标进化算法 NSGA-II 采用的是基于聚集距离的分布性保持策略。个体的聚集距离 (crowding distance, CD) 是对种群中的一层非支配个体而言的, 个体 i 聚集距离 $I_i.cd$ 的计算式为:

$$I_i.cd = \frac{1}{r} \sum_{k=1}^r |I_{i+1}.f_k - I_{i-1}.f_k| \tag{7}$$

其中: r 为目标的维数; I_i 为对非支配个体进行排序后的第 i 个个体; $I_i.f_k$ 为第 i 个个体 I_i 在第 k 维目标上排序后的第 $k (k=1, \dots, r)$ 维目标值。注意, 式(7)只用于对非边界个体的聚集距离进行赋值, 为了保持解的分布广度, 边界点通常被无条件地保留, 这样, 边界个体的聚集距离在实际操作中赋值为一个很大

的数。

基于聚集距离的分布性保持策略就是根据式(7)计算种群中每一层中非支配个体的聚集距离, 然后对当前层个体按聚集距离从小到大排序, 若需要从当前层中去除 N 个个体, 则直接从当前层中一次性去除 N 个聚集距离小的个体, 从而达到修剪的目的。如图 1, 图中实心黑点 $A-H$ 为非支配个体。若采用基于聚集距离的分布性保持策略, 则(1)由于 C, D, E 的聚集距离均较小, 如果一次性去除所有聚集距离小的个体, 则会出现个体 B 与个体 F 之间个体严重缺失, 因而影响解分布性。(2)对于个体 B , 由于在一维目标上的差值很大, 而在另一维目标上的差值却很小, 使得 B 的聚集距离也较小, 而个体 F 由于在各维目标上的差值均较大, 使得 F 的聚集距离也较大, 此时, 会误认为 F 的分布性较 B 要好, 而去除 B , 事实上, B 的分布性较 F 要好些。

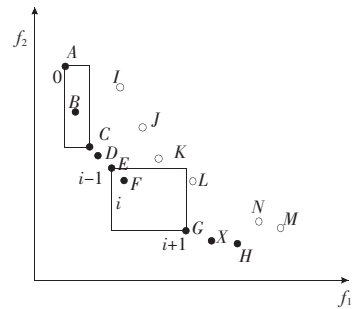


图 1 基于聚集距离的修剪过程

针对如上的两个缺点, 那么提出一种新的修剪策略, 其思想为: 首先从本层非支配集中选取一些聚集距离大的个体进入新种群 Q , 形成新种群的大部分; 对下一层中的每个非边界个体, 计算其离 Q 中最近个体的空间距离, 然后从第二层中选取少部分距离大的个体以及所有边界个体进入种群 Q 。

基于该策略选取个体的过程如图 2, 先选取第一层非支配集中聚集距离大的个体 A, B, F, G, H , 然后根据第二层中个体到第一层最近个体的距离选取第二层中距离较大的个体 I, J, L, M , 最后种群 Q 如图中黑色个体所示。即使个体 B 与 F 之间出现了个体严重缺失, 按照新策略, 则会加入个体 J , 从而保持了相对好的分布性。在当前种群中, 由于个体 H 的右边很大一部分区域没有非支配个体, 如果按照聚集距离去修剪种群, 在以后的进化过程中, 很难在个体 H 的右边区域产生好的个体, 但是如果按照新的策略, 则个体 M 会保留下来参与以后的进化, 这样在个体 H 的右边区域产生好的个体机会就比较大, 这样更易收敛到边界点。另外如果按照聚集距离, B 个体被去除后, 个体 A 和 F 之间会很空洞。但是按照新的策略, 即使 B 个体不会被选中, 个体 I, J 也会保留到新种群中, 从而个体 A 和 F 之间不会很稀疏。

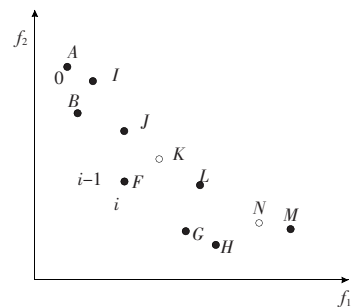


图 2 基于新策略选取个体的过程

基于该策略的修剪算法可描述为:若种群大小为 N , 已经进行 Pareto 分层的种群 $P(t)$ 大小为 M , 且 $M > N$, 设 $P(t) = \bigcup_{i=1}^n F_i$, n 为非支配集合的层数, 新的修剪策略描述如算法 1:

步骤 1 $i=1$, 外部种群 $Q=\Phi$, 大小为 $popsiz$, 临时种群 $TempPop=\Phi$, 大小为 $2 \times popsiz$;

步骤 2 如果 $|Q|+|F_i| \leq M$, 则 $Q=Q \cup F_i, i=i+1$, 转步骤 5, 否则转步骤 3;

步骤 3 如果 $i \geq 2$, 则从 F_i 中选取 $M-|Q|$ 个拥挤距离大的个体到 Q 中, 转步骤 5;

步骤 4 如果 $i=1$, 则 $TempPop=TempPop \cup F_i, i=i+1$, 当 $(1) |TempPop|$ 小于等于设定值 Num 时, 从 $TempPop$ 中选取 $popsiz \times scale_gene$ (比例因子) 个聚集距离大的个体进入 Q , 从 F_i 中选取 $popsiz \times (1-scale_gene)$ 个距离大的个体进入 Q ; (2) $|TempPop|$ 大于设定值时, 则仅从 $TempPop$ 中选取 $popsiz$ 个个体进入 Q ;

步骤 5 如果 $|Q| \neq popsiz$, 则返回步骤 2, 否则返回 Q 。

在进化的后期, 经统计种群中有 60% 以上的个体是非支配个体, 所以在算法 1 中加了个控制选取标准的参数 Num , 其大小一般为 $popsiz \times 1.1 \sim popsiz \times 1.3$ 较合适。

NSGA-II+IMP 使用了 NSGA-II 中分层构造非支配集的方法^[5]:

(1) 算法参数设定: 内部种群 R 规模为 N , 外部种群 Q 的最大规模 M , 中间种群 P 的规模 $M+N$, 交叉概率 P_c , 变异概率 P_m , 算法搜索的最大代数 gen_{max} , 令进化代数 $gen=1$ 。

(2) 随机产生一个初始种群 R , 同时初始化外部种群 Q , 并使之为空。

(3) 合并 R_{gen}, Q_{gen} 到 P_{gen} , 将 P_{gen} 中的个体按支配的关系进行分层, 然后按算法 1 从 P_{gen} 中选取 M 个体到 Q_{gen+1} 。若 $gen+1=gen_{max}$, 将 Q_{gen+1} 中的个体作为返回结果, 程序结束。

(4) 对 Q_{gen+1} 执行锦标赛选择操作, 对选中的个体执行交叉和变异操作。并将结果保存到 R_{gen+1} 中, $gen=gen+1$, 转(3)。

3 实验与分析

为了定性和定量地检验新策略的有效性, 将 NSGA-II+IMP 与原 NSGA-II 相比较。选取了 6 个测试函数。SCH^[15] 被认为是在 MOP 领域具有代表性的测试函数, ZDT 是由 Deb 提出的一系列测试函数^[16], 这些函数是具有代表性的测试函数, 其中 ZDT1, ZDT2 较易收敛, ZDT3 为非连续的, ZDT4, ZDT6 较难收敛且 ZDT6 为非均匀分布, 如表 1 所示。在实验中, 算法都采用实数编码, 交叉概率 0.9, 变异概率 0.01, 种群规模为 100, 被评价个体的数目为 20 000, 算法的运行代数为评价个体的数目除以种群规模。新算法的比例因子 $scale_gene$ 取了 0.9, 参数 Num 选取了 $popsiz \times 1.1$ 和 $popsiz \times 1.2$ 。每个算法对各个测试

函数独立运行 20 次, 结果取平均值。

表 1 测试函数集

测试问题	目标函数	特征
ZDT1	$f_1(x_1)=x_1$	$n=30$
	$f_2(x)=g(1-\sqrt{f_1/g})$	$0 \leq x_i \leq 1$
	$g(x)=1+9 \sum_{i=2}^m x_i/(m-1)$	凸
ZDT2	$f_1(x_1)=x_1$	$n=30$
	$f_2(x)=g(1-(f_1/g)^2)$	$0 \leq x_i \leq 1$ 凹
	$g(x)=1+9 \sum_{i=2}^m x_i/(m-1)$	
ZDT3	$f_1(x_1)=x_1$	$n=30$
	$f_2(x)=g(1-\sqrt{f_1/g}-(f_1/g)\sin(10\pi f_1))$	$0 \leq x_i \leq 1$
	$g(x)=1+9 \sum_{i=2}^m x_i/(m-1)$	非连续
ZDT4	$f_1(x_1)=x_1$	$m=10, 0 \leq x_i \leq 1$
	$f_2(x)=g(1-\sqrt{f_1/g})$	$-5 \leq x_i \leq 5$
	$g(x)=1+10(m-1)+\sum_{i=2}^m (x_i^2-10\cos(4\pi x_i))$	$(i=2, \dots, m)$ 凸
ZDT6	$f_1(x_1)=1-\exp(-4x_1)\sin^6(6\pi x_1)$	$n=10$
	$f_2(x)=g(1-(f_1/g)^2)$	$0 \leq x_i \leq 1$
	$g(x)=1+9((\sum_{i=2}^m x_i/(m-1))^{0.25})$	凹
SCH	$f_1(x)=x^2$	$-10^5 \leq x \leq 10^5$ 凸
	$f_2(x)=(x-2)^2$	

NSGA-II+IMP、NSGA-II 对表 1 中的 6 个测试函数进行优化, 得到的 Pareto Front 分别于图 3~8。

从图 3~8 可以看出, 在均匀性方面, NSGA-II+IMP 比原 NSGA-II 在选取的六个测试函数上都要好一些。主要表现为两点: (1) NSGA-II 得到的 Pareto Front 在有些区域个体密集, 一些区域个体稀疏, 甚至有一些区域出现个体缺失。(2) NSGA-II 在优化非连续或者非凸以及非均匀的 MOPs 时, 如: ZDT2, ZDT3, ZDT4 与 ZDT6 等, 容易造成部分区域个体严重缺失和难收敛。

上面已经定性比较了 NSGA-II+IMP 与 NSGA-II 的分布性能。为了进行定量分析, 这里引入两个性能评价指标。

(1) SP: SP 为 Schott^[17] 提出的一种评价分布性的指标, 是目前使用最多的评价分布的参数。SP 的计算式如下:

$$SP = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (\bar{d}-d_i)^2} \quad (8)$$

其中 $d_i = \min_j \{ \sum_{k=1}^r |f_k^i - f_k^j| \}$, $(i, j = 1, 2, \dots, n)$; \bar{d} 为 d 的平均值; f_k^i 为第 i 个个体的第 k 维目标值; n 为算法得到的 Pareto 最优解集中的解的个数。SP 越小, 说明分布性越好。

(2) GD: GD 为世代距离 (Generational Distance, GD), GD 主要用于评价收敛性。GD 定义为式(9)。

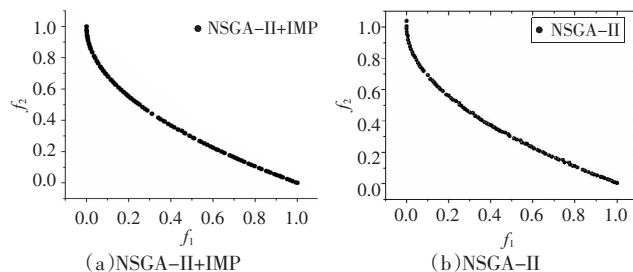


图 3 NSGA-II+IMP、NSGA-II 在 ZDT1 上的 Pareto Front

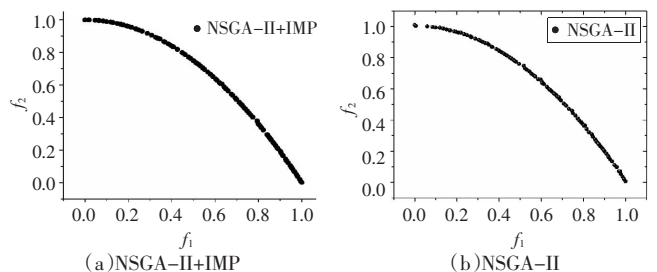


图 4 NSGA-II+IMP、NSGA-II 在 ZDT2 上的 Pareto Front

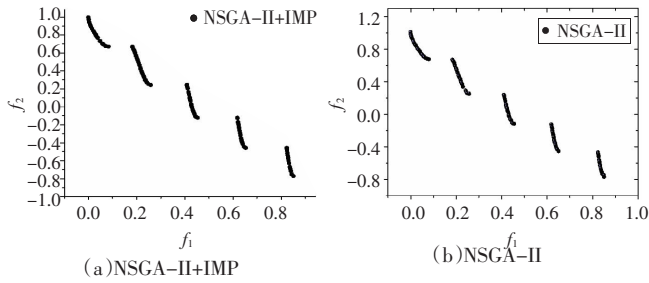


图5 NSGA-II+IMP、NSGA-II 在 ZDT3 上的 Pareto Front

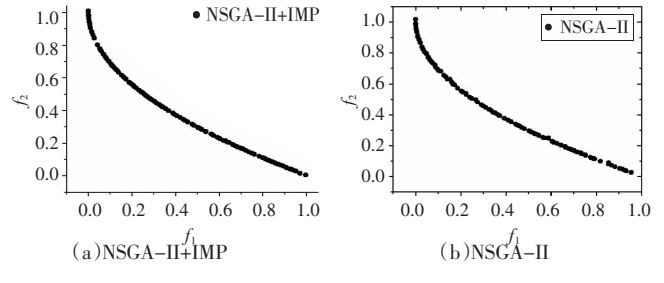


图6 NSGA-II+IMP、NSGA-II 在 ZDT4 上的 Pareto Front

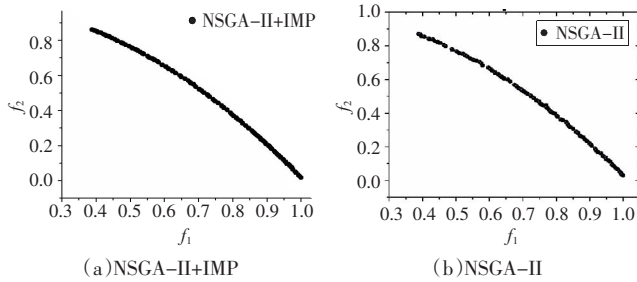


图7 NSGA-II+IMP、NSGA-II 在 ZDT6 上的 Pareto Front

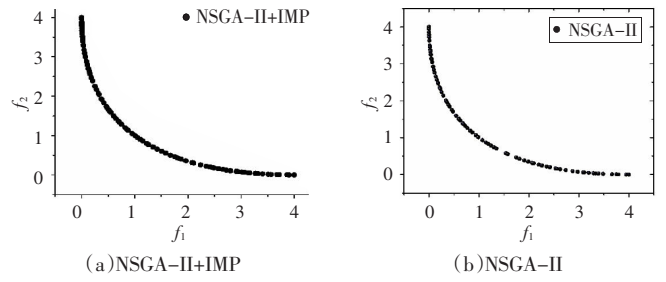


图8 NSGA-II+IMP、NSGA-II 在 SCH 上的 Pareto Front

表3 算法在部分测试函数上的收敛度(GD)值

MOEAs	NSGA-II+IMP(0.9:1.1)		NSGA-II		NSGA-II+IMP(0.9:1.2)	
	GD(Avg)	Std Dev	GD(Avg)	Std Dev	GD(Avg)	Std Dev
ZDT1	0.000 244 14	0.000 030 67	0.000 259 08	0.000 102 86	0.000 238 75	0.000 040 33
ZDT2	0.000 111 89	0.000 016 53	0.000 212 98	0.000 140 36	0.000 109 46	0.000 012 91
ZDT3	0.000 606 73	0.000 047 52	0.000 613 41	0.000 057 72	0.000 643 76	0.000 096 57
ZDT4	0.001 257 78	0.002 701 38	0.015 301 44	0.005 445 46	0.001 781 31	0.003 865 94
ZDT6	0.001 214 39	0.000 274 50	0.008 209 38	0.002 067 21	0.001 415 53	0.000 532 15
SCH	0.000 371 76	0.000 016 99	0.000 376 87	0.000 019 96	0.000 374 16	0.000 018 85

$$GD = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n d_i^2}{n}} \quad (9)$$

n 是解集中个体的数目, d_i 是每个个体到全局非劣最优解的最小欧几里德距离。GD 的值越小就说明解集越靠近全局非劣最优区域, 如果 $GD=0$ 就说明算法的解都在全局非劣最优区域上, 这是最理想的情况。

表 2 显示了两种算法在 6 个测试函数上的收敛度, 表 3 显示了两种算法在 6 个测试函数上的分布度。在每个评价指标中, 第一列为均值, 第二列为标准差, 加粗数据为最优值。从表 2, 表 3 中可以发现, 在收敛性和分布性方面, 对较易收敛的测试函数 SCH, ZDT1, ZDT2 和 ZDT3, NSGA-II+IMP 比 NSGA-II 要稍微好一些, 对非均匀或较难收敛的测试函数 ZDT4 和 ZDT6, NSGA-II+IMP 比 NSGA-II 要好的多。

表2 算法的分布性平均 SP 及其方差 σ 的比较

MOEAs	NSGA-II+IMP(0.9:1.1)		NSGA-II		NSGA-II+IMP(0.9:1.2)	
	SP(Avg)	SP(σ)	SP(Avg)	SP(σ)	SP(Avg)	SP(σ)
ZDT1	0.007 423	0.000 577	0.007 578	0.000 696	0.007 309	0.000 568
ZDT2	0.007 570	0.000 484	0.007 788	0.000 779	0.007 448	0.000 698
ZDT3	0.008 161	0.000 869	0.008 507	0.000 985	0.007 996	0.000 694
ZDT4	0.007 565	0.000 699	0.008 093	0.000 786	0.007 326	0.000 599
ZDT6	0.005 134	0.000 537	0.007 925	0.003 241	0.005 041	0.000 490
SCH	0.036 125	0.002 792	0.036 726	0.003 323	0.035 847	0.001 984

4 结论

经典多目标进化算法 NSGA-II 采用了基于聚集距离的分布性保持策略, 经过对其深入分析, 提出了一种新的构造种群

的策略。通过对 6 个测试函数的 SP 以及 GD 的统计, 并与 NSGA-II 进行比较, 实验结果表明, NSGA-II+IMP 较高地提高了算法分布性与收敛性。在 NSGA-II+IMP 中, 选取了部分较好的支配个体参与进化, 而在经典的多目标算法 NSGA-II, SPEA2 等中, 确实只选取第一层非支配个体参与进化, 难道第一层非支配个体都是好的吗?

参考文献:

- [1] Fonseca C M, Fleming P J. Genetic algorithm for multiobjective optimization: Formulation, discussion and generalization[C]//Forrest S. Proceedings of the 5th International Conference on Genetic Algorithms. San Mateo: Morgan Kaufman Publishers, 1993: 416-423.
- [2] Horn J, Nafpliotis N, Goldberg D E. A niched pareto genetic algorithm for multiobjective optimization[C]//Proceedings of the 1st IEEE Conference on Evolutionary Computation, IEEE World Congress on Computational Intelligence, Piscataway, New Jersey: IEEE Service Center, 1994, 1: 82-87.
- [3] Erickson M, Mayer A, Horn J. The niched pareto genetic algorithm 2 applied to the design of groundwater remediation systems[C]//E-MO, 2001: 681-695.
- [4] Srinivas N, Deb K. Multi-objective optimization using non-dominated sorting in genetic algorithms [J]. Evolutionary Computation, 1994, 2(3): 221-248.
- [5] Kalyanmoy D, Agrawal S, Pratab A, et al. A fast elitist non-dominated sorting genetic algorithm for multi-objective optimization: NSGA-II. KanGAL Report 200001[R]. Indian Institute of Technology, Kanpur, India, 2000.