

基于抗体浓度的克隆选择多目标优化算法及其应用

刘楠楠, 史旭华*

(宁波大学 信息科学与工程学院, 浙江 宁波 315211)

摘要: 提出了基于抗体浓度的克隆选择多目标优化算法(CCSMOA), 该算法借鉴生物克隆选择的机理, 针对算法克隆倍数选择的问题, 将克隆倍数表示为抗体浓度的函数, 并将抗体浓度与抗体-抗原的亲和力及抗体间的亲和度相关联, 以此来寻找靠近真实 Pareto 前沿及分布均匀的解. 通过与经典的 NSGA2、SPEA2 以及当前的 NNIA 算法对比分析表明, 在收敛性和分布性方面 CCSMOA 算法有所改善. 最后将 CCSMOA 算法用于无线传感网络的覆盖优化.

关键词: 多目标优化; 抗体浓度; 克隆选择; 无线传感器网络; 覆盖

中图分类号: TP18

文献标志码: A

文章编号: 1001-5132 (2013) 03-0057-05

多目标优化普遍存在于规划、建模及复杂系统的设计中, 为解决这些问题多目标优化算法应运而生. 最初, 学者们采用的是古典的多目标优化算法, 如加权法、约束法等, 大都是将多目标优化转化为单目标优化问题. 虽然古典的多目标优化算法简单易行, 但在确定算法参数时显得困难, 从而对优化结果的影响较大. 直到1985年 Schaffer 提出了第一个多目标进化算法 VEGA 后, 大量的多目标进化优化算法被相继提出, 如 MOGA、NSGA、SPEA 以及 SPEA 的改进版 SPEA2^[1]. 2002 年 Deb 等人在 NSGA 的基础上提出了 NSGA-II^[2]. 人工免疫多目标优化算法由 Coello 等^[3]最先提出, 在此基础上, Gong 等^[4]于 2008 年提出了非支配近邻免疫算法(NNIA). 虽然多目标优化算法在国内外有大量的研究成果^[5], 但解的收敛性及分布性仍存在不足. 笔者在人工免疫系统研究的基础上, 借鉴了生物的克隆选择机理, 针对克隆倍数选择的难题, 将克隆倍数与抗体浓度相结合, 改善了算法的收敛性和多目标解的分布性, 取得了一定的效果.

1 多目标优化问题

与单目标不同的是多目标优化需要寻找解的集合. 不失一般性, 仅考虑最小化的多目标问题.

以一个具有 n 个决策向量、 m 个目标函数的多目标优化为例, 可描述为:

$$\begin{aligned} \min y &= F(\mathbf{x}) = (f_1(x), f_2(x), \dots, f_m(x)), \\ \text{s.t.} \quad &g_i(x) \leq 0, \quad i = 1, 2, \dots, q, \\ &h_j(x) = 0, \quad j = 1, 2, \dots, p, \end{aligned} \quad (1)$$

y 是含有 m 个优化目标的向量, $g(x)$ 和 $h(x)$ 是约束不等式.

2 基于抗体浓度的克隆选择多目标优化算法

笔者提出的基于抗体浓度的克隆选择多目标优化算法主要体现在浓度的更新以及浓度对克隆的支配上, 在适应度赋值和外部存档更新的操作上借鉴了 SPEA2 中的方法. 下面描述这 2 个操作的具体过程.

2.1 SPEA2 的主要操作

2.1.1 适应度赋值操作

在计算每个个体的适应度时将考虑每个个体支配的解和支配它的解. 在种群 P_t 以及外部种群 $\bar{P}_t$ 中, 每个个体都会被赋予一个强度值 $S(i)$, 表示为被个体 i 支配的个体数量.

$$S(i) = |\{j \mid j \in P_t + \bar{P}_t, i \succ j\}|, \quad (2)$$

在个体 i 的强度值 $S(i)$ 的基础上, 个体 i 的原始适应度值 $R(i)$ 为:

收稿日期: 2012-11-30.

宁波大学学报(理工版)网址: <http://journallg.nbu.edu.cn/>

基金项目: 浙江省公益科技项目 (2011c21077); 宁波市自然科学基金 (2011A610173); 宁波市服务性重点建设专业项目 (Sfwxzdzy200903).

第一作者: 刘楠楠 (1987-), 女, 浙江宁波人, 在读硕士研究生, 主研究方向: 智能计算, 模式识别与智能系统. E-mail: liunan1227@126.com

*通信作者: 史旭华 (1967-), 女, 浙江宁波人, 副教授, 主研究方向: 智能计算, 模式识别与智能系统. E-mail: shixuhua@nbu.edu.cn

$$R(i) = \sum_{j \in p_i + p_i, j > i} S(j), \quad (3)$$

从(3)式可以看出 $R(i)$ 为优于个体 i 的所有个体的强度值之和. $R(i) = 0$ 对应着个体 i 是非支配解.

为区分具有相同原始适应度值的个体, SPEA2 在适应度的计算上引入了密度信息. 密度信息的计算采用了 k 近邻方法.

$$D(i) = 1/(\sigma_i^k + 2), \quad (4)$$

其中: $k = \sqrt{N + \bar{N}}$ ($|P_t| = N, |\bar{P}_t| = \bar{N}$) σ_i^k 为个体 i 与第 k 个近邻个体的距离. 最终, 个体 i 的适应度值 $F(i)$ 由原始的适应度值 $R(i)$ 和其密度值 $D(i)$ 之和组成:

$$F(i) = R(i) + D(i). \quad (5)$$

2.1.2 外部存档更新操作

首先将种群 p_t 以及外部种群 $\bar{P}_t$ 中所有的非支配解复制到 $\bar{P}_{t+1}$ 中, 即

$$\bar{P}_{t+1} = \{i | i \in \bar{P}_t \cup P_t, F(i) < 1\}. \quad (6)$$

(1) 若 $|\bar{P}_{t+1}| = \bar{N}$, 则外部存档更新操作结束.

(2) 若 $|\bar{P}_{t+1}| < \bar{N}$, 则将 p_t 和 $\bar{P}_t$ 中 $F(i)$ 排序靠前的 $\bar{N} - |\bar{P}_{t+1}|$ 个受支配个体加入到 $\bar{P}_{t+1}$ 中.

(3) 如果 $|\bar{P}_{t+1}| > \bar{N}$, 则需要对外部存档进行剪枝操作直到 $|\bar{P}_{t+1}| = \bar{N}$. 在修剪外部存档的过程中采用如下原则: 对所有 $j \in \bar{P}_{t+1}$, 当满足以下关系时, 则会剔除个体 i :

$$i \leq_d j \Leftrightarrow \begin{cases} \forall 0 < k < |\bar{P}_{t+1}|: \sigma_i^k = \sigma_j^k \vee, \\ \exists 0 < k < |\bar{P}_{t+1}|: [(\forall 0 < l < k: \\ \sigma_i^l = \sigma_j^l) \wedge \sigma_i^k < \sigma_j^k]. \end{cases} \quad (7)$$

2.2 基于抗体浓度的克隆操作

笔者将克隆倍数与抗体-抗原的亲合力及抗体间的亲合力相结合, 最终使得较好的抗体得到较多的克隆. 抗体-抗原的亲合力计算笔者选取 SPEA2 中的方法. 因为在 SPEA2 中适应度的计算中不仅考虑了个体在进化种群的支配关系, 而且还考虑了在外种群中的支配关系; 另外也加入了个体与它邻近个体的拥挤度量. 因此, 笔者算法中借鉴了 SPEA2 的适应度计算方法能够使得算法所求得的解更接近真实的 Pareto 前沿, 也能更均匀地分布在 Pareto 前沿上. 抗体-抗原亲合力为:

$$f_i^{Ag} = f_{\text{SPEA2}}(i), \quad (8)$$

抗体-抗体亲合力是衡量抗体之间的相似程度. 文中评估抗体 i 与其距离在设定抑制阈值 σ_s 范围内的抗体之间的相似程度为:

$$f_i^{Ab}(t) = \begin{cases} \frac{\sum_{j \in J} C_t^j [\sigma_s - d(i, j)]}{\sum_{j \in J} C_t^j}, & \text{if } J \neq \emptyset, \\ 0, & \text{otherwise,} \end{cases} \quad (9)$$

其中: $f_i^{Ab}(t)$ 是抗体 i 在 t 代时的亲合力, J 是在 σ_s 范围内优于抗体 i 的抗体集合, C_t^j 是抗体 j 在 t 代的浓度, $d(i, j)$ 是抗体 i 与抗体 j 之间的欧式距离.

从(9)式可看出, 只有其他抗体和抗体 i 的距离在抑制阈值 σ_s 范围内, 且这些抗体必须优于抗体 i 才能被考虑到抗体 i 的亲合力计算中, 同时这些抗体在亲合力计算中所占的权重完全取决于其浓度.

抗体浓度的更新又与抗体-抗原亲合力以及抗体-抗体亲合力相关. 抗体的浓度也影响抗体的克隆倍数. 因此抗体浓度的更新定义为:

$$C_{t+1}^i = \alpha C_t^i - f_i^{Ab}(t), \quad (10)$$

其中: 比例系数 α 为:

$$\alpha = \begin{cases} 1 + 0.1 f_i^{Ag'}(t), & \text{if } f_i^{Ab}(t) = 0, \\ 0.85, & \text{otherwise,} \end{cases} \quad (11)$$

其中: $f_i^{Ag'}(t) = 1 - f_i^{Ag}(t)$, $f_i^{Ag'}(t) \in [0, 1]$, $f_i^{Ag}(t)$ 为归一化处理的原始抗体-抗原亲合力. 这样转化的目的是为了使得亲合力高的个体具有较高的比例系数, 同时将 α 的范围限制在一定范围, 防止优秀的抗体过快地占据进化种群. (10)式中 C_{t+1}^i , $C_t^i \in [0, 1]$, 且分别代表抗体 i 的新旧浓度.

综上, 那些在设定抑制阈值范围内抗体-抗体亲合力为 0 的抗体的浓度会得到提升, 提升的最大程度是 10%; 而那些在设定抑制阈值范围内抗体-抗体亲合力不为 0 的抗体的浓度将会随着代数不断降低, 至少会有 15% 的降幅.

2.3 克隆和基因操作

在每一次迭代中, 每个抗体都有自己的克隆倍数. 克隆倍数又取决于每个抗体在每一次迭代中的浓度 C_i , 从而克隆倍数 n_i 为:

$$n_i = n_{\min} + \lceil (n_{\max} - n_{\min}) * C_i \rceil, \quad (12)$$

$n_{\max}$, $n_{\min}$ 分别代表克隆倍数的最大值和最小值. 随后再进行基因操作. (13)式表示抗体的变异关联着抗体的变化程度, 在此适应度高的抗体将经受

较小的变化, 反之亦然.

$$Ab_{t+1}^i = Ab_t^i + e^{-f_i^{Ag}(t)} * N(0,1), \quad (13)$$

其中: Ab_{t+1}^i 是抗体在 $t+1$ 代的抗体, Ab_t^i 是抗体在 t 代的抗体, $f_i^{Ag}(t)$ 是抗体 i 在 t 代数的适应度, $N(0,1)$ 是用于产生随机数的高斯分布.

2.4 CCSMOA 算法步骤

笔者提出的 CCSMOA 的算法步骤为:

Step1 初始化: 随机产生一个规模为 N , 抗体浓度为 C 的抗体种群 Pa , 同时初始化外部记忆种群 Pm 为空.

Step2 对种群 Pa 中的抗体进行抗体-抗原亲和力计算以及抗体浓度的更新操作.

Step3 如果当前代数 it 没有到达最大的迭代次数则执行以下步骤, 否则转入 Step4: (1)对每个抗体根据其浓度对其进行克隆操作得到克隆后的种群 Pa' . (2)对每个通过克隆得到的抗体进行变异操作, 父代保留不进行变异操作. (3)将 Pa' 和 Pa 合并成一个新的种群 P , 并对其交叉操作. (4)对交叉后的抗体群进行适应度评价及抗体的浓度更新操作, 且根据抗体的适应度进行联赛选择, 选择 N 个抗体进行下一次迭代. (5)据 SPEA2 中的外部种群更新策略选择 Ne 个抗体进入外部记忆种群.

Step4 输出外部记忆种群, 即为 CCSMOA 解.

算法中设置了规模为 Ne 的外部种群, 每一次迭代根据亲和力选取亲和力小于 1 的抗体进入外部种群. 如果这个规模小于 Ne , 那么将根据其亲和力的排序选择比较优秀的抗体去填补; 反之如果规模大于 Ne , 那么就要进行剪枝, 去除多出的抗体.

3 实验与仿真结果

3.1 性能评价指标

为验证 CCSMOA 算法的性能, 采用广泛应用于评价和对比多目标优化算法性能的 2 个度量指标, 即世代距离指标(GD)^[6]和空间度量指标(S)^[7], 并选用经典的 ZDT 函数对算法的性能进行测试.

3.2 性能评价指标

在 CCSMOA 中, 种群规模为 100, 外部种群规模也为 100, 重组操作选取模拟二进制交叉操作, 初始抗体浓度 C 为 0.5, 最小克隆倍数 $n_{\min}$ 为 3, 最大克隆倍数 $n_{\max}$ 为 7, 抑制阈值 σ_s 设置为 0.06, 采

用二进制交叉模拟二元交叉分布指数为 20, 变异概率为 $1/m$, m 为变量的个数. NSGA2、SPEA2、NNIA 参数设置与原著保持一致. 之后独立运行 4 种算法迭代 100 次, 实验结果见表 1 和表 2 (表中最佳结果用粗体表示).

表 1 GD 指标.

	CCSMOA	NSGA-II	NNIA	SPEA2
ZDT1	0.0023	0.0026	0.0020	0.0138
ZDT2	8.2531×10⁻⁴	0.0010	8.994×10 ⁻⁴	0.0277
ZDT3	0.0058	0.0064	0.0060	0.0205
ZDT4	0.0035	0.0039	0.0054	0.0052
ZDT6	0.0113	0.0855	0.0179	0.0189

表 2 S 指标

	CCSMOA	NSGA-II	NNIA	SPEA2
ZDT1	6.1797e⁻⁴	0.0044	0.0055	0.0086
ZDT2	0.0035	0.0054	0.0060	0.0119
ZDT3	8.2833e⁻⁴	0.0065	9.7123e ⁻⁴	0.0076
ZDT4	8.7123×10⁻⁴	0.0046	0.0056	0.0015
ZDT6	0.0048	0.0046	0.0043	0.0039

从表 1 可看出, 在 ZDT2、ZDT3、ZDT4 和 ZDT6 问题上, CCSMOA 的收敛性最好; 但在 ZDT1 这个问题上, CCSMOA 要劣于 NNIA, 其中 SPEA2 的效果最差. 从表 2 可看出, 在 ZDT6 问题上 CCSMOA 分别劣于 NSGA-II 和 SPEA2; 在其他的测试问题上 CCSMOA 均优于其他 3 种算法.

4 CCSMOA 在无线传感器网络覆盖优化的应用

4.1 无线传感器网络覆盖问题

无线传感器网络是由能量有限的传感器节点构成的, 被广泛用于环境监测、智能家居、战场监测等诸多领域^[8]. 无线传感网络的覆盖问题影响着网络的能力和效率, 同时被视为度量无线传感网络的 QoS 标准^[9]. 由于多数的无线传感网络都是无人操作, 只能依靠传感器节点所带的有限能量去完成监测任务, 同时还需考虑到成本、传感器节点的数目等. 如果一味地只考虑满足覆盖率, 增大工作节点的数目, 通常会造成节点的冗余, 导致传感器节点的大量损耗, 从而整个网络的工作寿命就会大大降低; 反之如只考虑网络的使用寿命, 可能因达不到要求的覆盖度而无法完成监测任务. 可

见无线传感网络的覆盖是一个典型的多目标优化问题。

假设所需要监测的目标区域是一个二维区域, 覆盖区域的面积为 A , 投放的传感器节点的数目为 N , 实际处于工作状态的传感器节点的数目为 n . 笔者对所投放的 N 个传感器节点的工作状态进行二进制编码 $\bar{a} = (a_1, a_2, \dots, a_N)$.

$$a_i = \begin{cases} 0 & i, \text{ 在工作,} \\ 1, & \text{反之,} \end{cases} \quad (14)$$

每个传感器的感知范围都是一个以传感器节点为圆心, 半径为 r_s 的圆, 同时传感器节点的感知模型用 0-1 模型^[10]. 传感器节点的集合为 $S = \{s_1, s_2, \dots, s_n\}$, 其中 $s_i = \{x_i, y_i, r_s\}$. 我们将监测区域离散化成 $c \times d$ 个像素, 每个像素的面积为 1. 传感器节点的集合为 $S = \{s_1, s_2, \dots, s_n\}$, 假设每个像素点被 1 个节点覆盖就是被覆盖, 且假设此像素点被任一节点覆盖的事件是独立事件, 节点之间互不干扰. 那么基于以上设定, 像素点 (x, y) 被处于工作状态的节点 i 覆盖的概率可用(15)式表示:

$$p(x, y, s_i) = \begin{cases} 1, & \sqrt{(x_i - x)^2 + (y_i - y)^2} \leq r_s, \\ 0, & \text{otherwise,} \end{cases} \quad (15)$$

像素点 (x, y) 被节点 i 覆盖的概率 P_i 可以用(16)式表示:

$$p(x, y, S) = 1 - \prod_{j=1}^N (1 - p(x, y, s_j)), \quad (16)$$

进而得到覆盖率的数学表达式为:

$$R = \frac{A(S)}{A} = \sum_{x=1}^m \sum_{y=1}^n \frac{p(x, y, S)}{cd}. \quad (17)$$

为了将目标函数均表示为最小化问题, 笔者不直接采用覆盖率作为目标函数, 而是采用未覆盖率作为目标函数, (18)式为最终的无线传感器网络覆盖模型.

$$\min F(x) = \begin{cases} f_1(x) = 1 - A(S) / A, \\ f_2(x) = n / N. \end{cases} \quad (18)$$

4.2 无线传感器网络覆盖问题实验仿真

设监测区域为 $100 \text{ m} \times 100 \text{ m}$ 的正方形区域, 随机部署 150 个感知半径为 11 m 的传感器节点. 采用提出的 CCSMOA 对无线传感器网络进行覆盖模型((18)式)的优化. 算法参数设置不变, 实验以及仿真结果如图 1 所示. 从图 1 可以看出, 利用

CCSMOA 可在使用少量节点的情况下满足不同层次的覆盖要求, 可见笔者提出的算法对无线传感器网络覆盖优化是有效可行的.

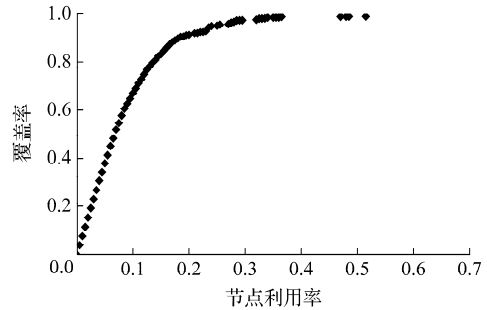


图 1 抑制阈值 σ_s 为 0.06 时的仿真结果

在以上实验的基础上, 调整算法中的关键参数抑制阈值 σ_s 为 0.001 和 0.003, 其他参数与上述实验设置一致, 仿真结果如图 2 和图 3 所示.

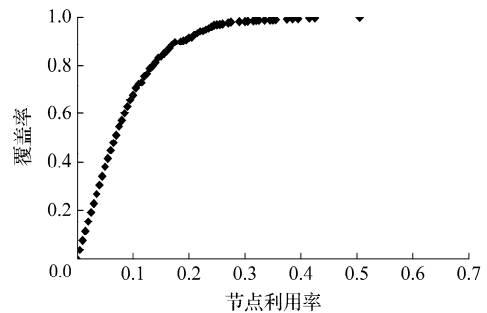


图 2 抑制阈值 σ_s 为 0.001 时的仿真结果

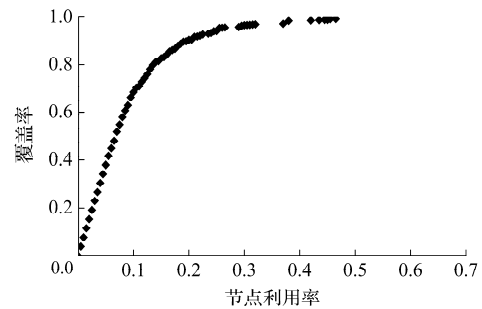


图 3 抑制阈值 σ_s 为 0.003 时的仿真结果

从图 2 和图 3 可看出, 当节点利用率在 0.2 左右时覆盖率就达到了 0.9, 明显优于图 1; 同时随着抑制阈值 σ_s 的调整可以利用更少的节点达到全覆盖. 另外虽然图 3 中解的分布性不如图 1 和图 2, 但在图 3 中可看出在节点的利用率还未达到 0.5 时就达到了全覆盖.

5 结语

针对克隆选择多目标优化算法中克隆倍数选

择的难题, 笔者提出了一种基于抗体浓度的克隆选择多目标优化算法(CCSMOA), 算法将克隆倍数与抗体浓度关联, 同时考虑了抗体-抗原亲和力和抗体-抗体亲和力的影响, 最后在算法的验证上可看到笔者提出的 CCSMOA 在收敛性和分布性方面优于 NSGA-II、SPEA2 和 NNIA. 通过将 CCSMOA 应用于无线传感网络的覆盖优化实验表明, 利用 CCSMOA 对无线传感器网络覆盖进行优化可以做到利用较少工作节点完成覆盖目标.

参考文献:

- [1] Kalyanmoy D, Samir A, Amrit P T. Meyarivan: A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: NSGA-II[J]. IEEE Trans Evolutionary Computation, 2002, 6(2):182-197.
- [2] Zitzler E, Thiele L. SPEA2: Improving the strength pareto evolutionary algorithm[R]. Lausanne: Swiss Federal Institute of Technology, 2001:1-21.
- [3] Coello C C A, Cruz C N. An approach to solve multi-objective optimization problems based on artificial immune system[C]//Proceedings of 1st International Conference on Artificial Immune Systems, Canterbury, 2002:212-221.
- [4] Gong Maoguo, Jiao Licheng, Du Haifeng, et al. Multiobjective immune algorithm with nondominated neighbor-based selection[J]. Evolutionary Computation, 2008, 16(2):225-255.
- [5] Zheng Jieqiong, Chen Yunfang, Zhang Wei. A survey of artificial immune applications[J]. Artif Intell Rev, 2010, 34(1):19-34.
- [6] Van Veldhuizen D A, Lamont G B. On measuring multiobjective evolutionary algorithm performance[C]//Proc of the Congress on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE Press, 2000:204-211.
- [7] Eckart Z, Kalyanmoy D, Lothar T. Comparison of multiobjective evolutionary algorithms: empirical results [J]. Evolutionary Computation, 2000, 8(2):173-195.
- [8] Soumyadip S, Swagatam D M D, Nasir B K P. Multi-objective node deployment in WSNs[EB/OL]. [2012-05-18]. <http://dx.doi.org/10.1016/j.engappai>.
- [9] Jia Jie, Chen Jian, Chang Guiran, et al. Muti-objective optimization for coverage control in wireless sensor network with adjustable sensing radius[J]. Computers and Mathematics with Applications, 2009, 57:1765-1775.
- [10] Zou Y, Chakrabarty K. Sensor deployment and target localization based on virtual forces[C]//Proceedings of IEEE INFOCOM'03. San Francisco, 2003:1293-1303.

An Antibody Concentration Based Multi-objective Optimization Algorithm and its Application

LIU Nan-nan, SHI Xu-hua^{*}

(Faculty of Information Science and Engineering, Ningbo University, Ningbo 315211, China)

Abstract: Antibodies concentration based multi-objective optimization algorithm (CCSMOA) which adopt the biological clonal selection is proposed. To tackle the problem of clone numbers, a new clone method is expressed as a function of antibodies concentration, the antibodies concentration is associated with the affinity of antibody-antigens and the affinity among antibodies. With this approach to search solutions which are close to the Pareto and evenly distributed, CCSMOA is compared with the classic algorithms NSGA2, SPEA2 and currently used algorithm NNIA. The results show that the convergence and the distribution are improved. Furthermore, the CCSMOA is applied to the optimization of coverage of the WSN, satisfactory results are also obtained.

Key words: multi-objective optimization; concentration; clonal selection principle; WSN; coverage

(责任编辑 史小丽)