

多目标扰动生物地理学优化算法

徐志丹¹, 莫宏伟²

(1. 哈尔滨商业大学 基础科学学院, 哈尔滨 150028; 2. 哈尔滨工程大学 自动化学院, 哈尔滨 150001)

摘要: 提出一种多目标扰动生物地理学优化算法(MDBBO)来求解多目标优化问题(MOPs). 该算法基于现有群体中非支配可行解的比率, 联合个体非支配等级排序和拥挤距离对个体进行评价; 在生物地理迁移策略基础上提出扰动迁移算子并应用于群体进化, 增强群体多样性; 应用归档种群来保存所获得的非支配可行解, 并用循环拥挤距离法对其更新, 确保群体的均匀分布性. 通过标准函数测试以及与经典算法比较表明了该算法求解MOPs的有效性.

关键词: 生物地理学优化算法; 扰动迁移算子; 多目标优化; Pareto 最优解集

中图分类号: TP301.6

文献标志码: A

Multi-objective disturbance biogeography-based optimization algorithm

XU Zhi-dan¹, MO Hong-wei²

(1. Institute of Basic Science, Harbin University of Commerce, Harbin 150028, China; 2. Institute of Automation, Harbin Engineering University, Harbin 150001, China. Correspondent: XU Zhi-dan, E-mail: xuzhidanivy@163.com)

Abstract: A multi-objective disturbance biogeography-based optimization algorithm(MDBBO) is proposed for multi-objective optimization problems(MOPs). Based on the ratio of non-dominated feasible solutions in current population, individuals are evaluated by combining their non-dominated rank sorting and crowded distances. A disturbance migration operator is proposed based on the biogeography migration strategy, which is applied to the evolution of the population so that the diversity of the population can be improved. An archive population is applied to store non-dominated feasible individuals gained, while the method of circle crowded disturbance is used to update the archive population to ensure the uniform distribution of population. Simulation results on benchmark test problems show the effectiveness of the MDBBO for MOPs.

Key words: biogeography-based optimization algorithm; disturbance migration operator; multi-objective optimization problem; Pareto-optimal solutions

0 引言

在科学研究和实际工程应用中, 经常遇到多目标优化问题(MOPs), 各子目标之间彼此冲突, 某个子目标的改善可能引起其他子目标性能降低, 使得MOPs的解表现为一组均衡解或折衷解, 即所谓的Pareto最优解集或非支配解集. 多目标进化算法(MOEAs)是基于群体的搜索过程, 通过代与代之间迭代来实现全局搜索, 每次迭代可找到多个Pareto最优解, 故非常适合于求解MOPs. 大量MOEAs已相继被提出并用于求解MOPs, 如Fonseca等^[1]提出的MOGA(genetic algorithm for multi-objective optimization), Srinivas

等^[2]提出的NSGA(non-dominated sorting based genetic algorithm)以及Horn等^[3]提出的NPGA(niched Pareto genetic algorithm)等, 这些多目标进化算法简单易实现. 随后人们引入精英保留策略, 提出若干新的算法, 其中代表性算法有Deb等^[4]提出的NSGA的改进算法NSGA-II, Zitzler等^[5]提出的SPEA(strength Pareto evolutionary algorithm)的改进算法SPEA2等, 大部分算法均采用遗传算法中的交叉、变异算子对群体实行进化. 随着新型进化算法的提出, 一些新的概念、机制和策略被用于MOEAs中, 如Coello Coello等^[6]提出的多目标粒子群算法(MOPSO), Alaya等^[7]

收稿日期: 2012-10-22; 修回日期: 2013-01-09.

基金项目: 国家自然科学基金项目(61075113); 中央高校基本科研业务重大专项基金项目(HEUCFZ1209); 黑龙江省杰出青年科学基金项目(JC201212); 哈尔滨商业大学青年教师自然科学基金项目(HCUL2013013).

作者简介: 徐志丹(1980—), 女, 博士生, 从事多目标优化算法和智能控制的研究; 莫宏伟(1973—), 男, 教授, 博士生导师, 从事自然计算、人工免疫系统、数据挖掘等研究.

提出的基于蚁群的多目标算法, Jiao 等^[8]基于免疫算法提出的 IDCMA 等。

生物地理学是一门研究生物物种地理分布的学科。受生物地理学数学模型启发, Dan Simon^[9]于 2008 年提出了生物地理学优化算法 (BBO)。随后人们对其进行了研究与应用^[10-12], 实验结果表明 BBO 对于单目标优化具有一定的优越性, 但应用 BBO 求解 MOPs 却很少报道。

本文提出一种多目标扰动生物地理学优化算法 (MDBBO) 来求解 MOPs。在 MDBBO 中, 个体采用实数编码, 基于群体中非支配可行解的比率并联合个体的非支配等级^[4]和拥挤距离^[4]对其进行评价; 然后提出扰动迁移算子对群体实行进化, 使群体收敛的同时, 增强其多样性; 同时应用归档种群存储获得的非支配可行个体, 并采用循环拥挤距离法^[13]对归档种群实行更新以确保其均匀分布。通过与经典 MOEAs 中 NSGA-II^[4]、MOPSO^[6] 和 PESAI^[14] 比较, 所得结果表明了 MDBBO 求解 MOPs 的有效性。

1 生物地理学优化算法

BBO 是一种新型基于群体的随机搜索算法, 它模拟生物物种在不同岛屿间的迁移。将岛屿与个体对应起来, 适合物种栖息的岛屿具有较高的栖息适应指数 (HSI), 对应于个体的适应度; 影响 HSI 的因素为适应指数变量 (SIVs), 对应于个体的基因。HSI 较高的岛屿 (问题中较优解) 拥有较多的物种, 因而会有物种迁出, 该岛屿有较大的迁出率和较小的迁入率; 相反, HSI 较低的岛屿 (问题中较差解) 有较大的迁入率及较小的迁出率。这样, HSI 较高的岛屿提供好的 SIVs 与 HSI 较低的岛屿共享, 使较差的个体接受来自较优个体的 SIVs 而得到优化。BBO 模拟该过程, 采用迁移操作来共享优秀个体间的信息, 从而有很好的群体信息利用能力。同时根据个体计数概率 (包含物种数的概率) 实行变异操作, 改进群体多样性。具体操作如下。

根据群体中个体的适应度排序, 得到个体 i 的物种数 s_i ($i = 1, 2, \dots, N$), N 为群体规模, 则定义迁入率 λ_i 和迁出率 μ_i ^[9] 分别为

$$\lambda_i = I \left(1 - \frac{s_i}{s_{\max}} \right), \quad (1)$$

$$\mu_i = E \frac{s_i}{s_{\max}}. \quad (2)$$

其中: $s_{\max}$ 为所有个体包含物种数的最大值, I 和 E 分别为最大的迁入率和迁出率。根据个体的迁入率, 随机选择有物种迁入的个体; 再根据其他个体的迁出率, 随机选择将移出 SIVs 的个体, 用其 SIVs 取代所选择的有物种移入个体的相应位置的 SIVs, 使个体间共享优秀个体的 SIVs 而得到进化。

随着个体物种数目的变化, 其计数概率 NP_i ^[9] 也随之改变, 定义个体变异率为^[9]:

$$m_i = m_0 \left(1 - \frac{NP_i}{NP_{\max}} \right). \quad (3)$$

其中: m_0 为初始变异率, $NP_{\max}$ 为个体计数概率 NP_i ($i = 1, 2, \dots, N$) 的最大值。该变异算子使计数概率较大的个体 (即优秀个体) 具有较小的变异率, 而计数概率小的个体具有较大的变异率, 使群体有更大的机会产生更为优秀的个体。详细流程见文献 [9]。

2 多目标扰动生物地理学优化算法

原 BBO 采用整数编码, 主要用于求解单目标优化问题。与单目标不同, 多目标优化基本目标为群体的收敛性、多样性和均匀分布性。若直接应用 BBO 求解 MOPs, 则群体的多样性将会受到影响^[12]。为了克服这个缺点, 本文提出了 MDBBO。在 MDBBO 中, 首先根据现有群体中非支配可行解比率并联合个体的非支配等级排序与拥挤距离对个体实行评价; 然后考虑到物种迁移过程中随机因素的影响, 在 BBO 迁移操作中引入随机扰动项, 提出扰动迁移算子, 再与 BBO 中变异算子一起用于群体进化; 最后用归档种群保存群体中产生的非支配可行解, 并用循环拥挤距离排序方法^[13]对归档种群实行更新, 确保其均匀分布性。

2.1 扰动迁移算子

考虑到物种在迁移过程中受各种随机因素的影响, 在原 BBO 的迁移算子中引入随机扰动项, 设计扰动迁移算子, 具体算法如下。

算法 1 扰动迁移算子。

```

for  $i = 1$  to  $N$  do
    随机选择  $k_1, k_2 \in \{1, 2, \dots, N\} \setminus \{i\}$ 
    根据迁出率  $\mu_k$  选择  $p_k$ 
    for  $j = 1$  to  $D$  do
        if  $\text{rand} < \lambda_i$  then
             $q_{i,j} = p_{k,j} + \eta(p_{k1,j} - p_{k2,j})$ 
        else
             $q_{i,j} = p_{i,j}$ 
        end if
    end for
end for

```

算法 1 中 η 和 rand 为 $(0, 1)$ 之间的随机数。通过该扰动迁移算子, 迁入率 λ_i 较大的个体 p_i 共享了迁出率 μ_k 较大的个体 p_k 的扰动变量, 产生新的个体 q_i 。新个体 q_i 既共享了迁出率较大的 (优秀个体) p_k 的信息, 又接受了来自其他两个随机个体 p_{k1} 和 p_{k2} 的变量信息, 兼顾了随机个体所带来的影响。因此, 该扰动

迁移算子可以使得群体向 Pareto 前沿进化的同时,确保群体的多样性,进而防止早熟收敛。

2.2 变异算子

为了进一步增强群体多样性,对扰动迁移后获得的群体实行 BBO 中变异操作,具体实现为

$$r_{i,j} = \begin{cases} \text{rand}(l_j, u_j), \text{ rand} < m_i; \\ q_{i,j}, \text{ 否则.} \end{cases} \quad (4)$$

个体 q_i 变异后得到新个体 r_i , 其中 $\text{rand}(l_j, u_j)$ 表示第 j 维变量范围内 (l_j, u_j) 的一个随机实数. 考虑到计数概率^[9]函数关于中间物种数目的对称性,用变异算子对群体的前一半个体进行变异,这样既可以保存部分优秀个体,又可以进一步产生更为优秀的个体,在加速群体收敛的同时增强其多样性。

2.3 MDBBO 算法流程

MDBBO 详细的算法流程如下。

Step 1: 参数设定: 进化种群 P 的规模 N , 归档种群 A 的规模 M , 迁移率 pm_c , 初始变异率 m_0 , 最大迁入率 I , 最大迁出率 E , 最大迭代代数 $g_{\max}$ 。

Step 2: 群体初始化 $P_0 = (p_1, p_2, \dots, p_N)$, 个体 p_i 采用实数编码, 可表示为

$$p_i = (p_{i,1}, p_{i,2}, \dots, p_{i,d}). \quad (5)$$

其中: $p_{i,j} = l_j + \text{rand}(u_j - l_j)$ 为个体 p_i 的第 j 维变量, u_j 和 l_j 分别为第 j 维变量的上下界, d 为个体的维数, rand 为 $(0, 1)$ 之间的随机数. 归档种群 $A_0 = \emptyset$, 令进化代数 $t = 0$ 。

Step 3: 计算群体 $P_t \cup A_t$ 中非支配可行解的比率, 联合每个个体的非支配等级排序^[4]与其拥挤距离^[4]可得个体的适应度为

$$\text{fit}(p_i) = (1 - \gamma) \frac{1}{c_{ik}} + \gamma I_{i.cd}. \quad (6)$$

其中: γ 为群体 $P_t \cup A_t$ 中非支配可行解的比率, 即非支配可行解数目占总群体规模的比例; c_{ik} 和 $I_{i.cd}$ 分别为个体 p_i 的非支配等级排序和拥挤距离. 应用该适应度评价方法, 算法在运行初期阶段, 非支配个体较少, 非支配等级小的个体有更多机会被选择, 使群体朝着非支配 Pareto 前沿进化; 随着非支配可行个体的增加, 拥挤距离大的个体具有较高适应度, 有更多机会参与进化, 使群体具有较好的分布性。

Step 4: 将 $P_t \cup A_t$ 中非支配可行个体存入归档种群 A_{t+1} 中, 并用循环拥挤距离排序算法^[13]对 A_{t+1} 实行更新, 使其具有均匀分布. 具体实现如下:

如果 A_{t+1} 中非支配个体数量 $N_{\text{on}} \leq M$, 则将 $P_t \cup A_t$ 所有非支配可行解存入 A_{t+1} 中。

如果 $N_{\text{on}} > M$, 则计算 $P_t \cup A_t$ 中非支配可行个体的拥挤距离, 删除拥挤距离最小的个体, 重新计算

余下个体的拥挤距离, 再删除最小拥挤距离的个体, 不断重复直到 $N_{\text{on}} = M$ 。

Step 5: 如果 $t > g_{\max}$, 则输出归档种群 A_{t+1} 并停止搜索, 否则转 Step 6。

Step 6: 由式 (6) 计算种群 A_{t+1} 中个体的适应度, 再由式 (1) 和 (2) 得到个体迁入率 λ_i 和迁出率 μ_i 。

Step 7: 如果 $\text{pm}_c > \text{rand}$, 则种群 A_{t+1} 中个体实行 2.1 节中扰动迁移操作, 否则个体不变, 得到种群 B_{t+1} 。

Step 8: 利用变异率 (3) 对 B_{t+1} 中个体进行式 (4) 中变异操作得到种群 P_{t+1} 。

Step 9: 当 P_{t+1} 中个体变量超出取值范围时, 对其进行如下修正:

$$p_{i,j} = \begin{cases} u_j - \beta(u_j - r_{i,j}), & r_{i,j} > u_j; \\ l_j + \beta(l_j - r_{i,j}), & r_{i,j} < l_j. \end{cases} \quad (7)$$

其中: β 为 $(0, 0.5)$ 内均匀分布的随机数, l_j 和 u_j 分别为原个体变量 $r_{i,j}$ 的下界与上界. 该修正方法使所得个体可行, 确保了群体的多样性。

Step 10: $t = t + 1$, 转 Step 3。

3 实验结果与分析

为了定性和定量分析 MDBBO 求解 MOPs 的有效性, 选取 ZDT 系列测试函数. 其中: ZDT1 有凸型的 Pareto 前沿, ZDT3 有非连续的 Pareto 前沿, ZDT4 有多个不同的局部 Pareto 前沿, ZDT6 的解集非均匀分布且较难收敛. 各函数表达式可参见文献 [15]。

3.1 参数分析

为了分析算法中各参数对算法性能的影响, 选择 ZDT4 测试函数, 最大迁入率及迁出率 $I = E = 1$, 最大运行代数 $g_{\max} = 200$. 对于 ZDT4, 不同迁移率 pm_c 及不同初始变异概率 m_0 下, MDBBO 所得 Pareto 前沿如图 1 所示. 在图 1(a) 中, 由下而上依次为 $\text{pm}_c = 0.1, 0.3, 0.5, 0.7$ 和 0.9 , $m_0 = 0.5$ 时算法所得的 Pareto 前沿向上移动 0.1、0.3、0.5、0.7 和 0.9 个单位; 在图 1(b) 中, 由下而上依次为 $m_0 = 0.1, 0.3, 0.5, 0.7$ 和 0.9 , $\text{pm}_c = 0.5$ 时算法所得的 Pareto 前沿向上移动相应单位. 从图 1 中可以看出, 对于 ZDT4, 不同的迁移率及初始变异概率下算法均能收敛到真正的 Pareto 前沿,

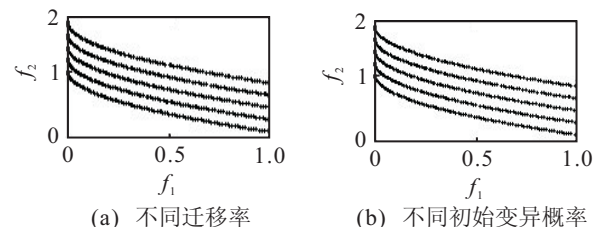


图 1 MDBBO 对于 ZDT4 获得的 Pareto 前沿

并具有很好的分布性, 这表明 MDBBO 具有很好的鲁棒性.

3.2 扰动迁移算子性能分析

在 MDBBO 中, 选择迁移率 $pm_c = 0.5$, 初始变异概率 $m_0 = 0.5$, 将其与原迁移算子下算法进行比较, 选择拥有多个局部最优 Pareto 前沿的函数 ZDT4 进行测试, 所得的 Pareto 前沿如图 2 所示. 在图 2 中, “+”表示扰动迁移算子下 MDBBO 所得的 Pareto 前沿, “o”表示原 BBO 迁移算子下算法所得的 Pareto 前沿. 从图 2 中可以看出, 与原迁移算子相比, 扰动迁移算子下算法获得的 Pareto 前沿具有较好的收敛性、多样性和均匀分布性.

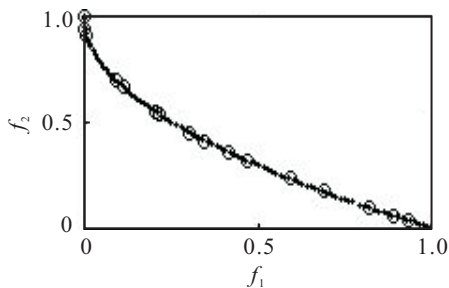


图 2 扰动迁移算子与原迁移算子下算法对于 ZDT4 获得的 Pareto 前沿

3.3 性能比较

为了进一步证实 MDBBO 求解 MOPs 的有效性, 选择 MOEAs 中 NSGA II^[4]、MOPSO^[6]和 PESAI^[14]进行比较. 各算法均采用实数编码, 种群规模为 100, 迭代次数为 200 代, 若有归档种群, 则其规模为 100. 在 NSGA-II 和 PESAI 中交叉概率为 0.9, 变异概率为 $1/d$ (d 为变量维数), 交叉和变异分布参数均是 15. 选择 ZDT4 测试, 各算法所得 Pareto 前沿如图 3 所示. 在图 3 中, 实线表示真正的 Pareto 前沿, “+”表示各算法所得 Pareto 前沿. 从图 3 中可以看出, 对于 ZDT4, MDBBO 能收敛到真正的 Pareto 前沿, 并具有很好的多样性和分布性; NSGAII 虽然接近真正的 Pareto 前

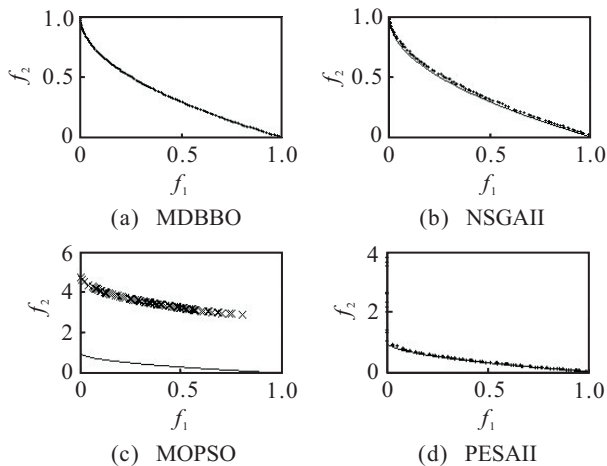


图 3 4 种算法对于 ZDT4 获得的 Pareto 前沿

沿, 但在前沿上一些个体较为集中, 使得部分区域出现了个体缺失, 分布不均匀; MOPSO 不能收敛到真正的 Pareto 前沿, 陷入局部 Pareto 前沿; PESAI 所得 Pareto 解集存在远离 Pareto 前沿的离散点而不能收敛.

应用当代距离 (GD)^[6]和间隔指标 (SP)^[6]定量分析 MDBBO 的性能. GD 用于衡量算法所得非支配解对问题真实最优解的逼近程度, 为收敛性评价指标, 其值越小说明收敛性越好. SP 为解集的分布性评价指标, 其值越小说明分布越均匀.

将各算法对 ZDT 系列函数独立运行 30 次, 所得 GD 和 SP 的均值与方差如表 1 和表 2 所示. 从表 1 中可以看出, 对于 ZDT1 和 ZDT3, MDBBO 和 NSGAII 具有相近的收敛性, 且优于 MOPSO 和 PESAI; 对于 ZDT4 和 ZDT6, MDBBO 收敛性指标 GD 的均值最小, 说明其有最好的收敛性; 对于较难收敛的函数 ZDT4 和 ZDT6, MDBBO 在收敛性上优势明显, 其次是 NSGAII, 而 MOPSO 和 PESAI 均不能收敛到真正 Pareto 前沿.

表 1 4 种算法对于 ZDT 系列函数获得的 GD 的均值和方差

函数	MDBBO		NSGAII	
	mean	var	mean	var
ZDT1	5.134 7e-4	8.384 7e-9	4.682 0e-4	3.984 4e-9
ZDT3	6.187 9e-4	2.761 6e-9	6.238 6e-4	6.204 7e-9
ZDT4	4.672 8e-4	1.396 3e-8	0.054 1	6.503 4e-4
ZDT6	2.873 6e-4	4.711 5e-11	0.001 5	2.106 7e-8

函数	MOPSO		PESAI	
	mean	var	mean	var
ZDT1	0.055 9	6.569 5e-4	0.001 2	5.460 7e-7
ZDT3	0.061 1	0.001 2	0.001 1	2.093 5e-6
ZDT4	0.557 2	0.065 3	0.321 6	0.456 4
ZDT6	0.120 2	0.021 7	0.005 9	2.078 8e-5

表 2 4 种算法对于 ZDT 系列函数获得的 SP 的均值和方差

函数	MDBBO		NSGAII	
	mean	var	mean	var
ZDT1	0.005 6	5.255 5e-5	0.007 1	5.789 2e-7
ZDT3	0.005 0	8.754 8e-7	0.008 4	9.654 8e-7
ZDT4	0.004 4	1.362 2e-6	0.051 8	0.017 8
ZDT6	0.003 8	1.305 0e-8	0.005 1	2.167 5e-7

函数	MOPSO		PESAI	
	mean	var	mean	var
ZDT1	0.021 6	4.980 8e-5	0.009 4	2.914 6e-5
ZDT3	0.019 1	6.066 1e-5	0.011 2	5.866 2e-5
ZDT4	0.019 9	4.156 2e-5	0.310 7	0.368 6e-4
ZDT6	0.102 3	0.006 6	0.009 2	1.418 2e-5

从表 2 中可以看出, 对于所有测试问题, MDBBO 获得 SP 的均值最小, 表明 MDBBO 的均匀分布性最好; 对于测试问题 ZDT1、ZDT3 和 ZDT6, NSGAII 的分布性优于 MOPSO 和 PESAI; 对于 ZDT4, MOPSO 具有较好的分布性, 但不能收敛到真正的 Pareto 前沿;

除了ZDT1外, MDBBO拥有最小的方差值, 表明与其他算法相比, MDBBO具有更好的鲁棒性。

应用非参数检验——秩和检验来检验算法MDBBO与其他算法的性能有无显著性差异。在原假设 $p < 0.05$ 下, MDBBO与其他算法所得GD和SP的秩和检验结果如表3和表4所示。其中: 算法一栏中的1表示MDBBO, 2表示NSGAIL, 3表示MOPSO, 4表示PESAIL。从表3中可以看出, 对于ZDT1和ZDT3, MDBBO和NSGAIL有相近的收敛性; 对于其他的测试问题, MDBBO在收敛性上都明显优于其他算法, 与表1中结果一致。表4中所有数值均小于0.05, 表明MDBBO在间距SP上具有明显的优越性。

表3 4种算法获得的GD值在原假设 $p < 0.05$ 的秩和检验

算法	ZDT1	ZDT3	ZDT4	ZDT6
(1, 2)	0.473 3	0.053 7	5.572 7e-10	1.956 8e-10
(1, 3)	3.019 9e-011	3.019 9e-11	3.019 9e-11	3.019 9e-11
(1, 4)	2.432 7e-005	3.019 9e-11	1.694 7e-9	4.615 9e-10

表4 4种算法获得的SP值在原假设 $p < 0.05$ 的秩和检验

算法	ZDT1	ZDT3	ZDT4	ZDT6
(1, 2)	3.019 9e-11	3.820 2e-10	1.066 6e-7	3.019 9e-11
(1, 3)	3.019 9e-11	3.338 4e-11	3.019 9e-11	3.019 9e-11
(1, 4)	3.019 9e-11	2.316 8e-6	3.988 1e-4	3.019 9e-11

4 结 论

本文提出了求解多目标优化问题的多目标扰动生物地理学优化算法(MDBBO)。该算法以BBO中迁移算子为基础, 提出了扰动迁移算子, 并与BBO中变异算子一起用于群体进化, 改进了群体的多样性; 同时采用归档种群保存搜索的非支配可行个体, 应用循环拥挤距离对其更新, 确保了群体的均匀分布性。通过各类型函数测试及与经典算法比较, 仿真结果表明, MDBBO对于各测试函数不论在Pareto最优解集的逼近性, 还是均匀分布性上, 均具有一定的优越性。

参考文献(References)

- [1] Fonseca C M, Fleming P J, Forrest S. Genetic algorithm for multiobjective optimization: Formulation, discussion and generalization[C]. Proc of the 5th Int Conf on Genetic Algorithms. San Francisco: Morgan Kaufmann Publishers, 1993: 416-423.
- [2] Srinivas N, Deb K. Multiobjective optimization using non-dominated sorting in genetic algorithms[J]. Evolutionary Computation, 1995, 2(3): 221-248.
- [3] Horn J, Nafpliotis N, Goldberg D E. A niched Pareto genetic algorithm for multiobjective optimization[C]. Proc of the 1st IEEE Congress on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE Service Center, 1994, 1: 82-87.
- [4] Deb K, Pratap A, Agarwal S, et al. A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: NSGA-II[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2002, 6(2): 182-197.
- [5] Zitzler E, Laumanns M, Thiele L. SPEA2: Improving the strength Pareto evolutionary algorithm[R]. Zurich: Swiss Federal Institute of Technology, 2001: 126-140.
- [6] Coello Coello C A, Pulido G T, Lechuga M S. Handling multiple objectives with particle swarm optimization[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2004, 8(3): 256-279.
- [7] Alaya I, Solnon C, Ghedira K. Ant colony optimization for multi-objective optimization problems[C]. Proc of the 19th IEEE Int Conf on Tools with Artificial Intelligence. Patras, 2007, 1: 450-457.
- [8] Jiao L C, Gong M G, Shang R H, et al. Clonal selection with immune dominance and anergy based multiobjective optimization[C]. Proc of the 3rd Int Conf on Evolutionary Multi-criterion Optimization. Berlin: Springer, 2005: 474-489.
- [9] Dan Simon. Biogeography-based optimization[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2008, 12(6): 702-713.
- [10] Simon D. A probabilistic analysis of a simplified biogeography-based optimization algorithm[J]. Evolutionary Computation, 2011, 19(2): 167-188.
- [11] Ma H P, Ruan X Y, Pan Z X. Handling multiple objectives with biogeography-based optimization[J]. Int J of Automation and Computing, 2012, 9(1): 30-36.
- [12] Mo H W, Xu Z D. Research of biogeography-based multi-objective evolutionary algorithm[J]. J of Information Technology Research, 2011, 4(2): 70-80.
- [13] 罗辞勇, 陈民铀, 张聪誉. 采用循环拥挤排序策略的改进NSGA-II算法[J]. 控制与决策, 2010, 25(2): 227-231. (Luo C Y, Chen M Y, Zhang C Y. Improved NSGA-II algorithm with circular sorting[J]. Control and Decision, 2010, 25(2): 227-231.)
- [14] Corne D W, Jerram N R, Knows J D, et al. PESA-II: Region-based selection in evolutionary multi-objective optimization[C]. Proc of the Genetic and Evolutionary Computation Conf. San Francisco, 2001: 283-290.
- [15] 郑金华. 多目标进化算法及其应用[M]. 北京: 科学出版社, 2007: 177-178. (Zheng J H. Multi-objective evolutionary algorithm and its application[M]. Beijing: Science Press, 2007: 177-178.)

(责任编辑: 李君玲)