

求解多目标 0/1 背包问题的克隆选择算法

尚荣华, 焦李成, 马文萍, 张伟

(西安电子科技大学智能信息处理研究所, 710071, 西安)

摘要: 提出一种用于求解多目标 0/1 背包问题的新算法. 新算法将抗体群中的抗体分为支配抗体和非支配抗体代替传统算法中对所有个体分配适应度值, 解决了多目标优化问题中解的多样性的问题. 先通过克隆操作实现全局择优, 得到分布较广的 Pareto-前端, 接着采用免疫基因操作提高算法的局部搜索能力, 同时采用抗体修正操作对由免疫基因等操作产生的不可行解进行修正, 保证抗体在可行解范围内, 并实现局部搜索. 该算法与已有算法相比能更好地保持解的多样性、均匀性以及收敛性. 仿真实验表明, 新算法所得的 Pareto-前端分布最广, 所得的解能较好地收敛到 Pareto-前端, 并且将均匀性评价指标降低到 1% 以下.

关键词: 多目标 0/1 背包问题; 支配抗体; 克隆选择; 抗体修正

中图分类号: TP18 **文献标志码:** A **文章编号:** 0253-987X(2008)02-0156-05

Clonal Selection Algorithm for Multi-Objective 0/1 Knapsack Problems

SHANG Ronghua, JIAO Licheng, MA Wenping, ZHANG Wei

(Institute of Intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an 710071, China)

Abstract: A new algorithm for multi-objective 0/1 knapsack problems is proposed. The antibodies in the antibody population are divided into dominated ones and non-dominated ones, which solves the diversity problem in the multi-objective optimization problems. In the algorithm, the clonal operation is adopted to implement the searching for optimal solutions in the global region and getting a widely spread Pareto-front. Then, adopting the immune gene operation the searching for optimal solutions is improved in the local region. In the last, the antibody repair operator is introduced for repairing the infeasible solutions produced by the immune gene operation, which guarantees the antibodies in the feasible region and implements the local research. Compared with the existed algorithms, the algorithm can obtain high quality solutions with good diversity, uniformity and convergence. Simulation results show that the Pareto-front obtained by the new algorithm has the most widely spread; the solutions obtained by the algorithm can converge to the Pareto-front and the spacing metric is depressed under 1%.

Keywords: multi-objective 0/1 knapsack problems; dominated antibody; clonal selection; antibody repair

多目标 0/1 背包问题是经典的 NP-难组合优化问题之一, 对该问题求解方法的研究无论是在理论上, 还是在实践中都具有一定的意义. SPEA^[1]、VEGA^[2]、NPGA^[3] 以及 NSGA^[4] 等算法在求解多目标

0/1 背包问题上表现出了好的效果, 但是这些算法所得的有效解集在多样性、均匀性以及收敛性等方面都有待进一步提高.

克隆选择是生物免疫系统理论的重要学说.

收稿日期: 2007-04-28. 作者简介: 尚荣华(1979—), 女, 博士生; 焦李成(联系人), 男, 教授, 博士生导师. 基金项目: 国家重点基础研究发展规划资助项目(2001CB309403, 2006CB705700); 国家自然科学基金重点资助项目(60133010, 60372045).

de Castro 等^[5]从不同的角度模拟生物学抗体克隆选择机理,相继提出不同的克隆选择算法.这些算法在提高收敛速度的同时,能较好保持种群的多样性,从而能够比较有效地克服诸如早熟收敛、骗问题等进化计算本身难以解决的问题^[6].

本文基于克隆选择学说,提出一种用于求解多目标 0/1 背包问题的新算法.本文算法改进了现有的克隆策略和选择策略,采用抗体修正算子对由于免疫基因等操作产生的不可行解进行修正.仿真实验表明,该算法对于求解多目标 0/1 背包问题非常有效.

1 多目标 0/1 背包问题的数学模型

在一个具有 n 个背包、 m 个物品的多目标 0/1 背包问题中,每一个目标即每一个背包,都有一个目标函数和一个约束条件^[1],其数学模型为

$$\left. \begin{aligned} \max y &= f(x) = [f_1(x), f_2(x), \dots, f_n(x)] \\ \sum_{j=1}^m w_{ij} x_j &\leq c_j \quad i = 1, 2, \dots, n \\ f_1(x) &= \sum_{j=1}^m p_{ij} x_j \quad i = 1, 2, \dots, n \end{aligned} \right\} \quad (1)$$

式中: $f_i(x)$ ($i=1, 2, \dots, n$) 为要被优化的函数, $x = [x_1, x_2, \dots, x_m] \in \{0, 1\}^m$ 是一个 m 维的二进制向量, $x_j=1$ 表示该物品被装入所有背包中; w_{ij} 为物品 j 装在背包 i 时的质量 ($j=1, 2, \dots, m, i=1, 2, \dots, n$); p_{ij} 为物品 j 装入背包 i 时的价值 ($j=1, 2, \dots, m, i=1, 2, \dots, n$); c_i ($i=1, 2, \dots, n$) 为背包 i 的容量.

任意一个二进制向量 $x = [x_1, x_2, \dots, x_m]$ 都是一个解,如果 x 满足约束条件,则称为可行解,否则称为不可行解.下面给出几种重要的定义^[7].

定义 1 对于给定的点 $x^* \in X$,它是 Pareto-占优的,当且仅当不存在其他的点 $x \in X$,使得

$$\forall i \in \{1, \dots, n\}: f_i(x^*) \geq f_i(x)$$

成立,记作 $x^* > x$.

定义 2 一个解 x^* 被称为非支配解 (Pareto-最优解),当且仅当满足如下条件

$$\neg \exists x \in X: x > x^* \quad (3)$$

式中: $\neg \exists$ 表示不存在.

定义 3 所有 Pareto-最优解的集合 P_s 定义如下

$$P_s = \{x^* \mid \neg \exists x \in X: x > x^*\} \quad (4)$$

定义 4 Pareto-最优解集合 P_s 中的解对应的目标

函数值组成的集合 P_F 称为 Pareto-前端,定义如下

$$\begin{aligned} P_F &= \\ \{F(x) &= [f_1(x), f_2(x), \dots, f_p(x)] \mid x \in P_s\} \end{aligned} \quad (5)$$

2 求解多目标 0/1 背包问题的克隆选择算法

若 k 为进化代数, G 为最大迭代次数,本文提出的算法的程序流程图如图 1 所示.

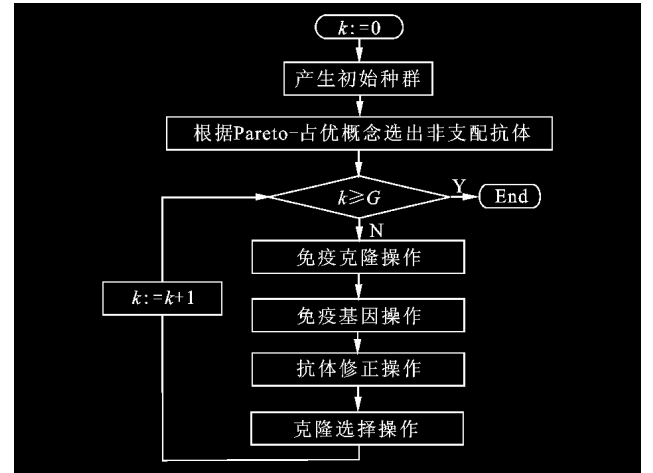


图 1 本文算法的程序流程图

本文算法中,抗体 a 对应于候选解

$$a = [a_1, a_2, \dots, a_m] \quad (6)$$

式中 $[a_1, a_2, \dots, a_m] \in \{0, 1\}^m$, 因此一个规模为 N 的抗体群可以表示为

$$A = [a_1, a_2, \dots, a_N] \quad (7)$$

抗原对应于目标函数

$$Y = [y_1, y_2, \dots, y_N] \quad (8)$$

式中: $y_i = f(a_i) = [f_1(a_i), f_2(a_i), \dots, f_n(a_i)]$, $i = 1, \dots, N$.

2.1 初始化

设定算法终止条件,初始化进化代数 $k:=0$,给定抗体群规模 N ,最大迭代次数 G ,随机产生初始抗体群 $A(k) = [a_1(k), a_2(k), \dots, a_N(k)]$,其中 k 表示当前代数, $a_i(k) = [a_1(k), a_2(k), \dots, a_m(k)]$, $i = 1, \dots, N$.

2.2 根据 Pareto-占优概念选出非支配抗体

根据 Pareto-占优概念将抗体群中的抗体划分为支配抗体和非支配抗体两类,即对于 $A(k)$ 任意一个抗体,记作 $a^*(k)$,如果不存在其他抗体 $a(k) \in A(k)$ 满足

$$\forall i \in \{1, \dots, n\}: f_i(a^*(k)) \geq f_i(a(k))$$

$$\wedge (\exists l \in \{1, \dots, n\} : f_l(a^*(k)) > f_l(a(k))) \quad (9)$$

则称 $a^*(k)$ 为非支配抗体, 否则称 $a^*(k)$ 为支配抗体.

设 $A(k)$ 中的非支配抗体的个数为 $N_{\text{non}}(k)$, 选出 $N_{\text{non}}(k)$ 个非支配抗体组成抗体群, 标记为 $A^{(1)}(k)$, 即

$$A^{(1)}(k) = [a_1^{(1)}(k), a_2^{(1)}(k), \dots, a_{N_{\text{non}}(k)}^{(1)}(k)] \quad (10)$$

式中: $a_i^{(1)}(k) (i=1, \dots, N_{\text{non}}(k))$ 为 $A(k)$ 中的非支配抗体.

2.3 免疫克隆操作

在本文算法中, 对抗体群 $A^{(1)}(k)$ 执行克隆操作, 得到克隆后的抗体群标记为 $A^{(2)}(k)$, 即

$$\begin{aligned} A^{(2)}(k) &= T_c(A^{(1)}(k)) = \\ &[T_c(a_1^{(1)}(k)), T_c(a_2^{(1)}(k)), \dots, T_c(a_{N_{\text{non}}(k)}^{(1)}(k))] = \\ &[a_1^{(1)1}(k), \dots, a_1^{(1)q_1}(k), \dots, \\ &a_{N_{\text{non}}(k)}^{(1)1}(k), \dots, a_{N_{\text{non}}(k)}^{(1)q_{N_{\text{non}}(k)}}(k)] \end{aligned} \quad (11)$$

式中: $T_c(a_i^{(1)}(k)) = [a_i^{(1)1}(k), a_i^{(1)2}(k), \dots, a_i^{(1)q_i}(k)]$, $a_i^{(1)j}(k) = a_i^{(1)}(k)$, $j=1, 2, \dots, q_i$, $i=1, 2, \dots, m$; $q_i \in [1, m_c]$ 为一自适应参数, 也可以设定为一常数, 其中 m_c 为设定的克隆比例上限, $q_i=1$ 表示对抗体没有进行克隆操作. 本文算法采用对群体整体进行克隆的方法, 所以 $\forall i \in (1, 2, \dots, m)$, 克隆比例取为 $m_c=5$. 克隆过后, 种群变为

$$\begin{aligned} A^{(2)}(k) &= [a_1^{(1)}(k), \dots, a_1^{(1)}(k), \dots, a_m^{(1)}(k), \dots, \\ &a_m^{(1)}(k)] = [a_1^{(2)}(k), a_2^{(2)}(k), \dots, a_{N(k)}^{(2)}(k)] \end{aligned} \quad (12)$$

式中: $a_i^{(2)}(k) (i=1, \dots, N(k))$ 为克隆后的抗体, 其中 $N(k) = \sum_{i=1}^{N_{\text{non}}(k)} q_i = N_{\text{non}}(k)m_c$.

2.4 免疫基因操作

免疫基因操作 T_g 主要包括交叉和变异. 免疫学更加强调变异的作用. 依据概率 $p_{N(k)}^i$ 对克隆后的群体进行变异操作, 得到新的抗体群, 标记为 $A^{(3)}(k)$, 即

$$\begin{aligned} A^{(3)}(k) &= T_g(A^{(2)}(k)) = T_g[a_1^{(2)}(k), a_2^{(2)}(k), \dots, \\ &a_{N(k)}^{(2)}(k)] = [a_1^{(3)}(k), a_2^{(3)}(k), \dots, a_{N(k)}^{(3)}(k)] \end{aligned} \quad (13)$$

式中: $a_i^{(3)}(k)$ 为 $a_i^{(2)}(k) (i=1, \dots, N(k))$ 变异后的个体. 本文算法采用二进制编码, 基因变异操作是把某

些基因位置上的基因位以概率取反.

2.5 抗体修正操作

初始群体的随机性以及迭代过程中的基因操作都可导致产生不满足约束条件的个体. 对于不满足约束的个体的处理方法通常有惩罚函数法和修正法. 大量实验表明, 采用修正的算法的性能好于其他方法^[8], 本文采用抗体修正法如图2所示.

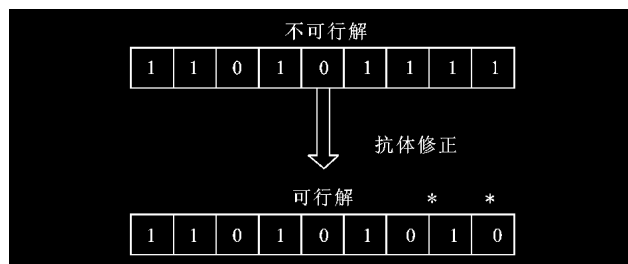


图2 抗体修正示意图

抗体修正的主要思想为: 先把背包中价值体积比较小的物品从背包中移出, 直到满足约束为止. 这种约束处理机制可确保在满足容量约束的同时, 尽可能减少背包总价值的损失. 其操作步骤如下:

- (1) 对物品 $j (j \in 1, \dots, m)$, 首先求 n 个价值/质量比的最大值 p_j , 即令 $p_j = \max_{i=1}^n \{p_{ij}/w_{ij}\}$;
- (2) 对这 m 个 p_j 值按照非降次序排序;
- (3) 对不满足约束条件的编码按照 p_j 的非降次序依次将非0的二进制位清0;
- (4) 如果满足约束条件, 算法停止, 否则转至步骤(3).

经过抗体修正操作 T_m 后得到新的抗体群, 记为 $A^{(4)}(k)$, 即

$$\begin{aligned} A^{(4)}(k) &= T_m(A^{(3)}(k)) = \\ &T_m[a_1^{(3)}(k), a_2^{(3)}(k), \dots, a_{N(k)}^{(3)}(k)] = \\ &[a_1^{(4)}(k), a_2^{(4)}(k), \dots, a_{N(k)}^{(4)}(k)] \end{aligned} \quad (14)$$

式中: $a_i^{(4)}(k)$ 为对 $a_i^{(3)}(k) (i=1, \dots, N(k))$ 抗体修正后的个体.

2.6 克隆选择操作

克隆选择操作是从抗体各自克隆增殖后的子代中选择优秀的个体, 从而形成新的种群, 是一个无性选择过程. 对抗体群 $A^{(4)}(k)$, 克隆选择操作 T_s 后得到新的抗体群, 记为 $A^{(5)}(k)$, 即

$$\begin{aligned} A^{(5)}(k) &= T_s(A^{(4)}(k)) = \\ &T_s[a_1^{(4)}(k), a_2^{(4)}(k), \dots, a_{N(k)}^{(4)}(k)] = \\ &[a_1^{(5)}(k), a_2^{(5)}(k), \dots, a_{N_{\text{nn}}(k)}^{(5)}(k)] \end{aligned} \quad (15)$$

式中: $a_i^{(5)}(k) (i=1,2,\dots,N_{\text{non}}(k))$ 为抗体群 $A^{(4)}(k)$ 中的非支配抗体,其中 $N_{\text{non}}(k)$ 为抗体群非支配抗体的个数. 一般情况下, $N_{\text{non}}(k) > N$, 再进行二次选择操作 T_r , 删除 $A^{(5)}(k)$ 中在目标空间比较拥挤的抗体, 直到抗体的个数为 N , 得到新的抗体群, 记为 $A^{(6)}(k)$, 即

$$A^{(6)}(k) = T_r[a_1^{(5)}(k), a_2^{(5)}(k), \dots, a_{N_{\text{non}}(k)}^{(5)}(k)] = [a_1^{(6)}(k), a_2^{(6)}(k), \dots, a_N^{(6)}(k)] \quad (16)$$

2.7 算法的复杂度分析

给定抗体群规模 N , 目标数 n , 编码长度 m , 非支配解集的抗体规模 N_{non} , 每一代要保留的非支配解的个数 N . 克隆比例为 m_c , 最大迭代次数为 G , 则在一代中算法的时间复杂度最差为

$$O((Nm_c)^2 + nN_{\text{non}}^2) \quad (17)$$

所以, 迭代 G 次时总的时间复杂度为

$$O(G((Nm_c)^2 + nN_{\text{non}}^2)) \quad (18)$$

2.8 算法的收敛性分析

定义 5 如果当 $k \rightarrow \infty$ 时, 真实的 Pareto-前端 P_{Ft} 与第 k 代时求得的 Pareto-前端 $P_{\text{Fk}}(k)$ 之间的距离以概率 1 趋向于 0, 即当 $k \rightarrow \infty$ 时, $|P_{\text{Ft}} \cup P_{\text{Fk}}(k)| - |P_{\text{Ft}} \cap P_{\text{Fk}}(k)| \rightarrow 0$, 或当 $k \rightarrow \infty$ 时, $|P_{\text{Fk}}(k)| - |P_{\text{Ft}} \cup P_{\text{Fk}}(k)| \rightarrow 0$, 称算法收敛.

定理 1 M 是一个随机矩阵, 它记录了当前进化群体到下一代的转移概率, 如果 M 是正定的, 则算法收敛^[9].

算法中抗体群从状态 $A(k) = [a_1(k), a_2(k), \dots, a_N(k)]$ 经过克隆选择算子的作用后, 转移为状态 $A(k+1) = [a_1(k+1), a_2(k+1), \dots, a_N(k+1)]$ 的过程为

$$A(k+1) = T(A(k)) = T_r(T_s(T_m(T_g(T_c(A(k)))))) \quad (19)$$

记 $A(k+1) = Y$, 则转移概率为

(1) 当 $X \neq Y$ 时

$$p_{XY}(k) = p\{A(k+1) = Y | A(k) = X\} = \begin{cases} 0 & i \in M, j \notin M \\ \prod_{j=1}^m \left(\sum_{i=1}^{q_j(k)-1} (p_m^i)^{d(X,Y)} (1-p_m^i)^{l-d(X,Y)} \right) & \text{其他} \end{cases} \quad (20)$$

(2) 当 $X = Y$ 时

$$p_{XY}(k) = p\{A(k+1) = Y | A(k) = X\} =$$

$$\begin{cases} 1 - \sum_{L \neq Y} \prod_{j=1}^m \left(\sum_{i=1}^{q_j(k)-1} (p_m^i)^{d(X,L)} (1-p_m^i)^{l-d(X,L)} \right) & i \in M, j \in M \\ 1 - \sum_{L \neq Y} \prod_{j=1}^m \left(\sum_{i=1}^{q_j(k)-1} (p_m^i)^{d(X,L)} (1-p_m^i)^{l-d(X,L)} \right) & i \notin M, j \notin M \end{cases} \quad (21)$$

式中: L 代表克隆的中间状态; p_{p+N}^i 为变异概率; $d(\cdot)$ 代表欧式距离. 由此可见, 由算法中的转移概率组成的随机矩阵为正定的. 由定理 1 知算法收敛.

3 仿真实验

3.1 评价指标

一个多目标 0/1 背包问题的最优解集的质量由以下 3 个方面衡量: ①与真实 Pareto-前端的距离; ②解分布的均匀性; ③解分布的广度. 第 1 和第 3 个方面可从得到的 Pareto-前端上形象地观察出来; 关于第 2 个方面, 选取评价指标^[10] S 来评价算法得到的非支配解集的空间分布情况. 对于目标空间 X 中的非劣解集 X' , 定义

$$S = \left(\frac{1}{|X'| - 1} \sum_{i=1}^{|X'|} (\bar{d} - d_i)^2 \right)^{1/2} \quad \left. \begin{aligned} d_i &= \min_j \left\{ \sum_{k=1}^p |f_k(x_i) - f_k(x_j)| \right\} \\ (x_i, x_j &\in X' \quad i, j = 1, \dots, |X'|) \end{aligned} \right\} \quad (22)$$

式中: $\bar{d}$ 表示 d_i 的平均值; p 为目标函数的个数.

3.2 测试问题

为验证本文算法的有效性, 选取背包数 $n=2$ 、物品数 $m=750$ 时的多目标 0/1 背包问题进行测试^[1].

3.3 测试结果及性能分析

将本文算法与 SPEA^[1]、VEGA^[2]、NPGA^[3] 以及 NSGA^[4] 4 种多目标优化算法相比较. 由于 5 种算法都与参数选择有关系, 因此为能公平比较 5 种算法, SPEA、VEGA、NPGA 和 NSGA 这 4 种算法的参数按相关文献中提供的最佳的情况选择, 本文算法与其保持一致.

5 种算法中, 最大迭代次数 G 均为 500, 编码长度 $c=m$. SPEA 的群体规模为 100, 外部存档的规模为 50, 交叉概率为 0.5, 变异概率为 0.2; VEGA 的群体规模为 100, 交叉概率和变异概率与 SPEA 相同; NPGA 和 NSGA 的群体规模为 100, 交叉概率

为1;本文算法的抗体群规模 $N=100$,克隆比例 $m_c=5$,变异概率为 $1/m$,独立运行30次.图3给出了5种算法的 Pareto-前端.

从图3可以形象地看出,本文算法获得的解,无论是在多样性、均匀性还是收敛性上要明显好于其他4种算法.

表1给出了5种算法关于S的评价结果.

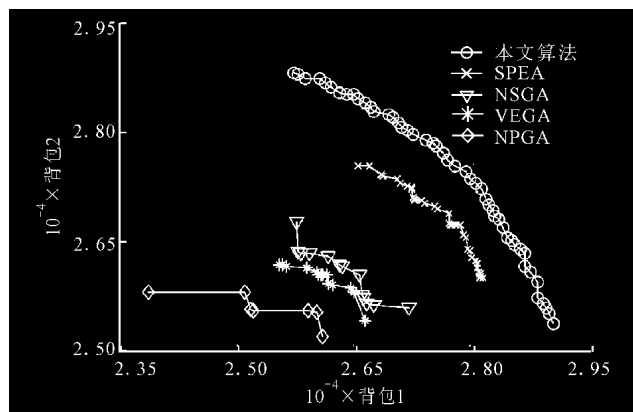


图3 2个背包750个物品时5种算法的 Pareto-前端

如表1所示,对于该测试问题由本文算法得到的有效解集在目标空间的分布最均匀,SPEA和NSGA次之,VEGA较差,NPGA最差.

表1 5种算法关于测试问题的S的评价结果

	S				
	本文算法	SPEA	NSGA	VEGA	NPGA
最小值	0.004 578	0.012 525	0.035 874	0.057 863	0.157 864
均值	0.005 478	0.021 547	0.057 846	0.089 574	0.187 252
最大值	0.008 524	0.057 897	0.124 575	0.145 236	0.214 578
方差	0.021 450	0.014 755	0.045 782	0.054 788	0.017 895

由以上实验可以看出,与其他4种算法相比较,本文算法的有效解在分布的广度、均匀性以及收敛性3个方面都体现了较明显的优势,从而表明了本文算法对于求解多目标0/1背包问题的有效性.

4 结 论

本文给出一种求解多目标0/1背包问题的新算法——克隆选择多目标背包优化算法.本文算法改

进了现有的克隆方式和选择方式,增加了种群的多样性,从而扩大了搜索范围,使算法不易陷入局部最优解.采用抗体修正操作,不仅能保证抗体约束在可行解范围内,而且可实现局部搜索.从实验结果可以看出,本文算法对于多目标0/1背包问题非常有效,获得的结果明显优于其他4种算法.但是,如何提出更好的评价指标来评价一个多目标0/1背包优化算法的有效性,是我们下一步要做的工作.

参考文献:

- [1] ZITZLER E, THIELE L. Multiobjective evolutionary algorithms: a comparative case study and the strength pareto approach [J]. IEEE Trans Evol Comput, 1999, 3(4):257-271.
- [2] SCHAFFER J D. Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms [D]. Nashville, USA: Vanderbilt University, 1984.
- [3] HORN J, NAFPLIOTIS N. Multiobjective optimization using the niched pareto genetic algorithm, IlliGAL Report 93005 [R]. Urbana, USA: Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois, 1993.
- [4] NAND S, DEB K. Multiobjective optimization using nondominated sorting in genetic algorithms [J]. IEEE Trans Evol Comput, 1994, 2(3): 221-248.
- [5] de CASTRO L N, von ZUBEN F J. Learning and optimization using the clonal selection principle [J]. IEEE Trans Evol Comput, 2002, 6(3):239-251.
- [6] 焦李成,杜海峰,刘芳,等.免疫优化计算、学习与识别[M].北京:科学出版社,2006.
- [7] ISHIBUCHI H, MURATA T. A multiobjective genetic local search algorithm and its application to flow-shop scheduling [J]. IEEE Trans System, Man and Cyber, 1998, 28(3): 392-403.
- [8] 潘正君,康立山,陈毓屏.演化计算[M].北京:清华大学出版社,1998.
- [9] 郑金华.多目标进化算法及其应用[M].北京:科学出版社,2007.
- [10] ZITZLER E, DEB K, THIELE L. Comparison of multiobjective evolutionary algorithms: empirical results [J]. IEEE Trans Evol Comput, 2000, 8(2): 173-195.

(编辑 刘杨)