

文章编号: 1001-0920(2009)06-0894-05

## 求解多目标优化问题的分级变异量子进化算法

杨海东, 杨 春

(华南理工大学 自动化科学与工程学院, 广州 510640)

**摘 要:** 分析量子进化算法和免疫算子的特点, 提出一种分级变异的量子进化算法, 用于求解多目标优化问题. 算法主要基于两个策略: 首先, 利用快速非受控排序和密度距离计算种群抗原-抗体的亲和度; 然后, 基于亲和度排序将个体进行分级, 最优分级中的个体作为算法中的最优个体, 大部分实施量子旋转更新和免疫操作, 而剩余分级中的个体实施免疫交叉操作以获得新的个体补充种群. 求解多目标 0/1 背包问题的实验结果表明了该算法的有效性.

**关键词:** 量子进化算法; 多目标优化; 分级变异; 快速非受控排序; 背包问题

**中图分类号:** TP18 **文献标识码:** A

## Quantum-inspired immune evolutionary algorithm with classified mutation for solving multi-objective optimization problems

YANG Hai-dong, YANG Chun

(School of Automation Science and Engineering, South China University of Technology, Guangzhou 510640, China.

Correspondent: YANG Hai-dong, E-mail: hdyang@scut.edu.cn)

**Abstract:** Based on quantum-inspired evolutionary algorithm and immune operator, a quantum-inspired immune evolutionary algorithm with classified mutation is proposed. The following two main strategies are introduced. First, the fast nondominated sorting and crowding distance calculation are used in the algorithm to compute the affinity between antigens and antibodies of the population. Then, the sorted population is classified into several groups. The individuals in the best group are utilized to update individuals in other groups. Most of the individuals perform immune operator and Q-gate update. And the left individuals perform quantum crossover to gain new individuals to the new generation population. Finally, the proposed algorithm is used for solving multiobjective 0/1 knapsack problem and the results show its effectiveness.

**Key words:** Quantum-inspired evolutionary algorithm; Multiobjective optimization; Classified mutation; Fast nondominated sort; Knapsack problem

### 1 引 言

与单目标优化问题(SOPs)不同,多目标优化问题(MOPs)存在多个最优解<sup>[1]</sup>,通常需要满足解的收敛性和多样性.自 David Schaffer<sup>[2]</sup>首次将进化算法应用于求解多目标优化问题,提出了向量评估遗传算法之后,出现了许多成功的多目标进化算法(MOEA).典型的多目标进化算法有 Deb 等<sup>[3]</sup>提出的非劣排序遗传算法(NSGA),Zitzler 等<sup>[4]</sup>提出的强 Pareto 演化算法(SPEA)等.与其他多目标优化算法一样,这些算法设计的最主要的两个目标是解的收敛性和多样性<sup>[1]</sup>.

量子进化算法(QEA)<sup>[5,6]</sup>和基于免疫原理的量子进化算法<sup>[7-11]</sup>的本质是概率进化算法.与经典的进化算法相比具有很多优点,例如:保持了群体多样性和全局寻优能力;利用规模较小的群体得到较好的性能;保存进化过程中个体历史信息等<sup>[5,6]</sup>.QEA在单目标优化和组合优化中显示其优良特性.但是,QEA进化的随机性不好把握,收敛方向无法有效控制,容易陷入局部最优,这些问题很难克服.特别针对多目标优化问题,在QEA中,由于最优解的局部全局迁移可能破坏多样性,对MOPs的求解有负面作用,并不适合高维多解的MOPs<sup>[7,8]</sup>.

收稿日期: 2008-06-24; 修回日期: 2008-11-26.

基金项目: 广东省自然科学基金项目(x2zdB6080490); 教育部高校博士点基金项目(20070561081); 广东省工业科技攻关项目(2007B010200046).

作者简介: 杨海东(1973—),男,湖南邵阳人,博士后,从事智能算法及其复杂系统控制与信息安全技术研究; 杨春(1976—),男,湖南临湘人,博士,从事智能算法与信息安全技术研究.

本文以求解多目标优化问题为例,分析量子进化算法和免疫算子的特点,提出一种分级变异量子进化算法(CMQEA)来求解多目标优化问题.算法主要基于两个策略:1)利用快速非受控排序和密度距离计算种群抗原-抗体的亲和度;2)经适应度排序后个体被分级,最优分级中的个体作为量子进化算法中的最优个体,大部分个体则实施量子旋转更新和免疫操作,而其余分组中的个体实施免疫交叉操作.通过实施这两个策略,可满足解的收敛性和多样性.

### 2 多目标优化概念及原理

考虑含有  $n$  个自变量  $m$  个目标函数的多目标优化问题(MOP)<sup>[1]</sup>.

定义 1(MOP)  $MOP(x, y), \min y = f(x)$ . 其中

$$\begin{aligned} x &= (x_1, x_2, \dots, x_n) \in X \subseteq R^n, \\ y &= (y_1, y_2, \dots, y_m) \in Y \subseteq R^m, \end{aligned}$$

$x$  为决策(参数)向量,  $X$  为决策空间,  $y$  为目标向量,  $Y$  为目标空间.

定义 2(Pareto 关系) 称决策向量  $x$  优于  $x'$ , 记为  $x \succ x'$ , 当且仅当:

- 1)  $\forall i \in \{1, 2, \dots, m\} : f_i(x) \leq f_i(x')$ ;
- 2)  $\exists j \in \{1, 2, \dots, m\} : f_j(x) < f_j(x')$ .

定义 3(Pareto 最优解) 称  $x^* \in X$  为集合  $A (\subseteq X)$  上的非受控解, 当且仅当  $\forall a \in A : a \prec x^*$ . 特别地, 若  $A = X$ , 则称  $x^*$  为 Pareto 最优解.

定义 4(非受控解集与其前沿) 设  $A \subseteq X$ , 令  $\text{non}(A) = \{x \in X : x \text{ 是 } A \text{ 上的非受控解}\}$ , 则集  $\text{non}(A)$  称为  $A$  上的非受控解集. 对应目标向量空间中的解集  $f(\text{non}(A))$  称为  $A$  上的非受控前沿.

定义 5(Pareto 最优解集与 Pareto 前沿) 令  $X^* = \{x \in X : \forall x' \in X, \text{s.t. } x' \prec x\}$ , 则集  $X^*$  称为 Pareto 最优解集, 记为  $P_{\text{true}}$ ; 对应的目标向量空间中的解集  $Y^* = \{y = f(x), x \in X^*\}$  称为 Pareto 前沿, 记为  $PF_{\text{true}}$ . 其中,  $P_{\text{true}}$  和  $PF_{\text{true}}$  由具体的多目标优化问题中各目标函数所决定, 是一个确定的不变集合. 由优化算法所发现的非劣最优解组成的集合记为  $P_{\text{known}}$  和  $PF_{\text{known}}$ <sup>[1]</sup>.

### 3 分级变异量子进化算法

#### 3.1 量子进化算法

QEA 以量子计算的一些概念和理论为基础, 采用量子比特(Q-bit)染色体编码. 在量子进化算法中, 最小的信息单元为 1 个量子比特. 1 个量子比特的状态可以取值为 0 或 1, 或任一叠加态, 可表示为

$$|i\rangle = |0\rangle + |1\rangle. \tag{1}$$

式中:  $|0\rangle$  和  $|1\rangle$  为代表相应状态概率幅的 2 个复数. 和

满足下列归一化条件:

$$|a_i|^2 + |b_i|^2 = 1. \tag{2}$$

$|a_i|^2$  和  $|b_i|^2$  分别表示 Q-bit 处于状态 0 和状态 1 的概率. 常用的量子旋转门为

$$U(\theta) = \begin{bmatrix} \cos(\theta) & -\sin(\theta) \\ \sin(\theta) & \cos(\theta) \end{bmatrix}. \tag{3}$$

QEA 采用量子门作用于量子位概率幅度来保持种群的多样性, 因此量子门更新的方式是 QEA 的关键. 直接采用基于量子比特的编码方式, 考虑到式(2)的约束性, 编码方案如下:

$$Q^t = \left[ \begin{array}{c|c|c} \frac{t}{i_1} & \frac{t}{i_2} & \dots & \frac{t}{i_m} \\ \hline \hline \hline \end{array} \right]. \tag{4}$$

式中:  $i = 1, 2, \dots, n; j = 1, 2, \dots, m; n$  是种群规模;  $m$  是量子位数, 即在解区间内随机产生均匀分布的实数序列作为初始种群.

由  $Q(t)$  生成  $P(t)$ , 通过观察  $Q(t)$  的状态产生一个二进制串的集合  $P(t)$ , 其中每一位为 0 或 1, 则根据测量量子比特结果的出现概率  $(|a_{ij}^t|^2$  或  $|b_{ij}^t|^2, i = 1, 2, \dots, n; j = 1, 2, \dots, m; t$  为迭代代数) 产生  $[0, 1]$  随机数  $R$ . 若  $R$  大于  $|a_{ij}^t|^2$ , 则取值为 1; 否则为 0.

#### 3.2 算法步骤

经典 QEA<sup>[5,6]</sup> 显然忽视了先验知识对求解问题的帮助作用, 而基于免疫原理的 QEA<sup>[9-13]</sup> 对最优个体的旋转更新又不适用于多目标优化. 因此, 本文在经典 QEA 和基于免疫原理的 QEA 结构的基础上, 引入多目标优化亲和度排序和分级变异的免疫操作对  $Q(t)$  和  $P(t)$  进行操作. 算法的具体步骤如下:

procedure CMQEA

begin

Step1:  $Q(t), P(t)$  初始化

1)  $t = 0$ ;

2) 初始化  $Q(t)$ ;

3) 由  $Q(t)$  生成  $P(t)$ ;

4) 评价  $P(t)$ ;

while (not termination condition) do

begin

Step2: 由  $Q(t-1)$  生成  $P(t)$

1)  $t = t + 1$ ;

2) 由  $Q(t-1)$  生成  $P(t)$ ;

3) 评价  $P(t)$ ;

Step3: 对  $P(t-1)$  和  $P(t)$  进行亲和度排序, 生成新一代  $P(t)$

1) 确定  $P(t-1)$  和  $P(t)$  中个体的非受控级别并排序;

2) 确定  $P(t-1)$  和  $P(t)$  中个体在相同受控级

别中的密度距离并排序;

3) 取排序后前  $N$  个个体组成  $P(t)$  及相应的  $Q(t)$ ;

Step4: 对  $P(t)$  种群分级  $P_1(t) P_m(t) P_n(t)$  进行混合免疫操作生成  $Q(t)$

1) 经过亲和度排序的  $P(t)$  被分为  $\{G_1, G_2, \dots, G_n\}$  个组, 其中:  $G_1$  作为  $P_1(t)$ ,  $G_2 \sim G_{n-1}$  作为  $P_m(t)$ ,  $G_n$  作为  $P_n(t)$ ;

2) 从  $P_1(t)$  中采用二进制随机竞赛选择方法, 对相应  $Q_1(t)$  进行个体间单点变异生成  $Q_1'(t)$ ;

3) 将  $P_1(t)$  中的个体作为最优个体, 对  $P_m(t)$  进行量子旋转变异生成  $Q_m(t)$ , 对  $Q_m(t)$  进行个体内交叉操作生成  $Q_m'(t)$ ;

4) 由  $P_1(t)$  和  $P_n(t)$  进行个体间全交叉生成  $Q_n(t)$ ;

5)  $Q_1'(t) Q_m'(t) Q_n(t)$  生成  $Q(t)$ ;

End;

输出  $P(t)$ ;

End.

### 3.2.1 种群初始化及生成 $P(t)$

在初始化群体  $Q(0)$  中, 所有的量子染色体都被初始化为相同的常数 ( $\theta = 1/\sqrt{2}$ ). 这表明, 一个量子染色体以相同的概率表示了所有可能的线性叠加态.

### 3.2.2 多目标优化亲和度排序

适应度排序采用偏序排名<sup>[3]</sup>. 排序过程如下: 非受控目标向量暂时保存以备查找下一个非受控目标向量; 通过 Pareto 关系确定该向量在种群中的级别, 该过程迭代, 直到所有个体都被分类到指定级别, 即种群中每个个体的非受控级别 ( $i_{rank}$ ). 级别数越小, 则亲和度越大, 从而保证了最优个体得到保存. 对于级别相同的个体, 则计算与同级别其他个体的密度距离 ( $i_{distance}$ ), 距离越大, 则亲和度越大, 从而保证了种群的个体多样性. 因此, 偏序排名  $i_n$  可定义为  $i_n = j, \text{if}(i_{rank} < j_{rank})$  或  $((i_{rank} = j_{rank}) \text{ and } (i_{distance} > j_{distance}))$ .

### 3.2.3 种群分级

种群分级过程如图 1 所示. 经过亲和度排序的种群被分为  $\{G_1, G_2, \dots, G_n\}$  个组, 设种群个体数目为  $N$ ,  $G_1$  中的个体数为  $t$ , 则其余组的个体个数为<sup>[8]</sup>

$$S_i = \left\lfloor \frac{N-t}{t} \right\rfloor, \quad i = 2, \dots, n-1;$$

$$S_n = N - \sum_{i=1}^{n-1} S_i. \quad (5)$$

前  $t$  个个体作为量子变异的最优个体分组  $G_1$ , 即  $P_1(t)$ ; 其余的个体分在  $G_2 \sim G_{n-1}$ , 即  $P_m(t)$ . 设个

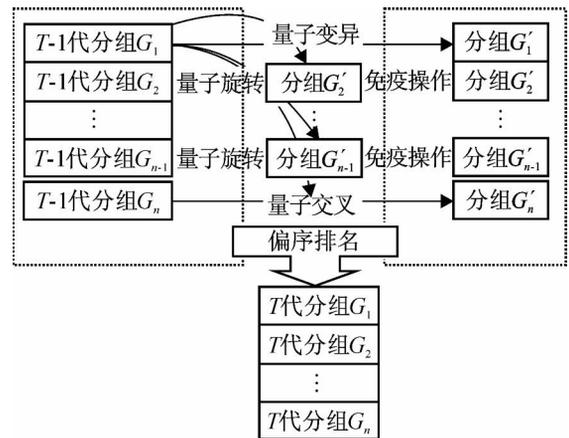


图 1 种群分级比较流程图

体在  $G_2 \sim G_{n-1}$  中, 且排序为  $i^{\text{th}}$ , 则其观测器为  $G_1$  中的  $\left\lfloor \frac{i-t}{(N-t)/t} \right\rfloor + 1$ , 剩余的个体为  $P_n(t)$ .

### 3.2.4 更新操作

量子染色体的更新采用式 (3) 所示的旋转门  $U(\theta_i)$ , 则每一位量子比特值的更新公式为

$$\begin{bmatrix} i \\ i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos \theta_i & -\sin \theta_i \\ \sin \theta_i & \cos \theta_i \end{bmatrix} \begin{bmatrix} i \\ i \end{bmatrix}, \quad (6)$$

式中旋转角度  $\theta_i$  的值由  $s(\theta_i)$  给出. 其中:  $\theta_i$  控制着算法收敛的速度,  $s(\theta_i)$  则决定了向全局最优解收敛的方向.  $\theta_i$  和  $s(\theta_i)$  的取值可由表 1 查询得到.

表 1 的查询表

$x_i$	$b_i$	$f(x)$ $f(b)$	$\theta_i$	$s(\theta_i)$			
				$\theta_i > 0$	$\theta_i < 0$	$\theta_i = 0$	$\theta_i = 0$
0	0	False	0	0	0	0	0
0	0	True	0	0	0	0	0
0	1	False	0	0	0	0	0
0	1	True	-1	+1	$\pm 1$	0	0
1	0	False	-1	+1	$\pm 1$	0	0
1	0	True	+1	-1	0	$\pm 1$	$\pm 1$
1	1	False	+1	-1	0	$\pm 1$	$\pm 1$
1	1	True	+1	-1	0	$\pm 1$	$\pm 1$

本文将  $\theta_i$  视为一个可调整搜索步长大小的变量, 即

$$\theta_i = \theta_0 \exp(1 - t/T) \exp(i/N). \quad (7)$$

式中:  $\theta_0$  为初始旋转角度,  $t$  为进化代数,  $T$  为最大进化代数,  $i$  为个体亲和度排序的位置,  $N$  为种群规模.

### 3.2.5 免疫操作

进化算法搜索后期由于其算法的盲目性和随机性, 将会出现退化早熟现象. 为了防止这类现象的发生, 应增大优良个体的比例以减少坏个体的不良影响, 即利用有用信息来指导进化.

变异操作分为 3 种：1) 最优个体角度旋转的变异；2) 交叉变异；3) 个体本身的变异。其中：旋转变异按式 (3) 和 (6) 所示；交叉变异采取单点交叉变异或全交叉变异<sup>[9]</sup>，即在交换相应的二进制位字符串 ( $P(t)$ ) 的过程中，同时交换两个个体的相应位的观测器  $Q(t)$ ；对于个体本身变异，文中采取文献 [13] 的方法。设某一量子位当前的幅角为  $t_{ij}$ ，则变异后的幅角为  $\pi/2 - t_{ij}$ ，即交换  $i$  和  $i$ 。假设个体在种群中的排名为  $m$ ，种群个数为  $n$ ，决策空间为  $l$  维，则变异概率  $p_m$  为  $l^{-(n+1)/(n+m)}$ ，这样可保证每个基因位的变异概率在  $[1/l, \sqrt{1/l}]$  中变化，而且亲和力靠前的个体变异度较小。

### 4 实验及结果

#### 4.1 多目标 0/1 背包问题

多目标 0/1 背包问题是一个典型的组合优化问题，属于 NP- 完全问题。可描述为：对一给定权值集合  $w_{i,j}$  (第  $j$  个物品在第  $i$  个背包的重量)，利润集合  $p_{i,j}$  (第  $j$  个物品在第  $i$  个背包的利润) 及  $k$  个背包的容量  $c_i$ ，求一个二进制向量  $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)$   $(0, 1)^n$ ，使下式成立：

$$\begin{aligned} \max f(x) &= (f_1(x), f_2(x), \dots, f_n(x)). \\ \text{s. t. } & \sum_{j=1}^n w_{i,j} \cdot x_j \leq c_i, \quad 1 \leq i \leq k; \\ & f_i(x) = \sum_{j=1}^n p_{i,j} \cdot x_j. \end{aligned} \quad (8)$$

对于背包问题，有一个基本的先验知识，就是人们在装包时，总是先选择利润，将权值比值大的物件装入；如果背包容量过载，则将权值比值小的物件从背包中拿出来。这个特征是背包问题本身的一种属性，也是在解决问题时可以利用的一种特征信息和知识。因此在这里可作为从问题中提取疫苗的一种途径。

利用免疫相关知识，本文中抗体是指候选解，即  $PF_{\text{known}}$ ；抗原是指问题的优化目标及其约束条件，即式 (8)；抗体 - 抗原的亲合度是指候选解所对应的目标函数值，即  $PF_{\text{known}}$  与  $PF_{\text{true}}$  的差别，亲合度越大，则两者差距越小。

#### 4.2 性能指标和初始参数

对于多目标优化问题，采用不同算法所得解集的比较通常要考虑收敛性和多样性两个方面：首先，最小化优化算法发现的非劣最优解与实际非劣最优的距离；其次，最大化分散解从而使解集空间向量尽可能一致和光滑。为了评价多目标优化问题非受控解的性能，需要两个独立的公式：收敛公式 (GD)<sup>[11]</sup> 和差异多样性公式 ( )<sup>[13]</sup>。因为这两个公式依赖于目

标值的刻度，需将未归一化的目标函数值先进行归一化处理。

为了进行对比，对 NSGAII, QIEA 和 CMQEA 三种算法分别在 100 项, 250 项和 500 项背包问题上进行仿真实验，采用文献 [7] 的测试数据。

CMQEA 算法的相关参数为：群体规模  $N = 100$ ， $G_1$  子群体个数 10。与本实验进行比较的算法 NSGAII 的参数设置为：群体规模为 100，采用 pair-wise tournament 选择，二进制编码的单点交叉和 bit-wise 交叉，交叉概率和变异概率分别为 0.9 和  $1/l$  ( $l$  为决策空间维数)。两种算法的实验数据是在 25000 和 50000 个评估后得到的。

#### 4.3 实验结果

由于是对启发式方法 (随机搜索算法) 进行对比实验，需要多次实验结果对比。图 2 和图 3 分别为 250 和 500 背包问题，函数评估次数为 25000 次，进行 50 次独立实验，取 GD 最小的一次。从图 2 和图 3 可以看出，在相同的评估次数下，CMQEA 的收敛性均好于 NSGAII。

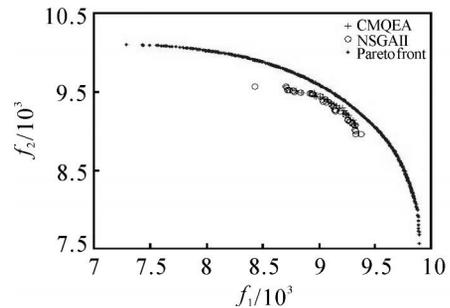


图 2 250 背包问题性能比较

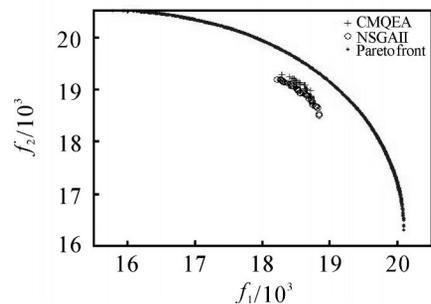


图 3 500 背包问题性能比较

为进一步比较不同算法所得解的收敛性和多样性，表 2 和表 3 列出了在不同背包数目和不同评估次数时，实验所得 GD 和 的均值和标准差。其中黑体部分表示更好的实验结果。从表 2 和表 3 可以看出，CMQEA 与另外两种算法相比，解的收敛性和多样性除背包数目为 100，评估次数为 25000 时较差外，其余都得到了更好的结果。

表2 GD的均值和标准差

背包数目	评估次数	GD $\pm \sigma$		
		NSGAII	QIEA	CMQEA
100	25000	<b>4.11e-3 <math>\pm</math> 7.9e-4</b>	4.29e-3 $\pm$ 1.9e-3	4.22e-3 $\pm$ 1.1e-3
100	50000	2.62e-3 $\pm$ 8.0e-4	2.48e-3 $\pm$ 1.3e-3	<b>2.19e-3 <math>\pm</math> 7.2e-4</b>
250	25000	9.82e-3 $\pm$ 1.4e-3	1.30e-2 $\pm$ 2.7e-3	<b>9.42e-3 <math>\pm</math> 1.4e-3</b>
250	50000	6.17e-3 $\pm$ 9.9e-4	6.10e-3 $\pm$ 2.1e-3	<b>5.67e-3 <math>\pm</math> 9.5e-4</b>
500	25000	1.71e-2 $\pm$ 2.0e-3	2.21e-2 $\pm$ 5.7e-3	<b>1.57e-2 <math>\pm</math> 2.1e-3</b>
500	50000	9.71e-3 $\pm$ 1.5e-3	1.30e-2 $\pm$ 2.7e-3	<b>8.45e-3 <math>\pm</math> 1.4e-3</b>

表3 的均值和标准差

背包数目	评估次数	$\bar{v} \pm \sigma$		
		NSGAII	QIEA	CMQEA
100	25000	<b>7.72e-1 <math>\pm</math> 4.9e-2</b>	7.82e-1 $\pm$ 5.0e-2	7.84e-1 $\pm$ 4.5e-2
100	50000	7.48e-1 $\pm$ 5.1e-2	8.35e-1 $\pm$ 3.7e-2	<b>7.41e-1 <math>\pm</math> 4.5e-2</b>
250	25000	9.04e-1 $\pm$ 2.5e-2	9.39e-1 $\pm$ 2.2e-2	<b>9.03e-1 <math>\pm</math> 1.9e-2</b>
250	50000	8.80e-1 $\pm$ 2.6e-2	9.43e-1 $\pm$ 1.8e-2	<b>8.71e-1 <math>\pm</math> 1.7e-2</b>
500	25000	9.38e-1 $\pm$ 1.3e-2	9.62e-1 $\pm$ 1.2e-2	<b>9.30e-1 <math>\pm</math> 1.6e-2</b>
500	50000	9.30e-1 $\pm$ 1.6e-2	9.63e-1 $\pm$ 1.1e-2	<b>9.24e-1 <math>\pm</math> 1.4e-2</b>

本文提出的算法采用文献[3]的偏序排名方法计算群体中个体适应度的大小,利用偏序排名和种群分组代替求解 SOPs 的量子进化算法的局部-全局迁移以及种群更新,适合求解 MOPs 的收敛性和多样性需求.利用快速非受控排序,可使亲和度大的个体得以保留( $G_i$ ),防止丢失最优个体;同时利用最优个体保证进化的方向性,从而满足算法的收敛性条件.

其次,通过量子比特个体的多个观测器,越靠前的个体亲和度越大.利用量子比特个体( $G_2 \sim G_{n-1}$ )产生多个子个体,实现最优个体间的交叉,以及最优个体和最差个体的全交叉( $G_i, G_n$ ),从而使子个体能够访问候选集合附近未访问的空间,进而使解集接近 Pareto 前端并保持分布性.

## 5 结 论

本文针对经典量子进化算法在求解多目标问题方面存在的不足,采用多目标优化亲和度排序策略和分级变异策略对算法进行改进,提出了一种新的多目标进化算法——CMQEA.该算法在种群内部变异和种群进化过程中,能有机地结合局部-全局搜索,同时保持种群的多样性.仿真实验结果表明,新算法在目标向量维数为二维的 Knapsack 测试集上能取得较好的效果,是一种有效且稳定的算法.如何更好地将算法用于其他 MOPs,包括更高维的 MOPs,以及如何更好、更全面地评价 MOPs 算法,将是进一步要做的工作.

## 参考文献(References)

- [1] 谢涛, 陈火旺. 多目标优化与决策问题的演化算法[J]. 中国工程科学, 2002, 4(2): 59-68.  
(Xie T, Chen H W. Evolutionary algorithms for multi-objective optimization and decision-making problems[J]. Engineering Science, 2002, 4(2): 59-68.)
- [2] Schaffer J D. Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms [D]. Unpublished: Vanderbilt University, 1984.
- [3] Deb K, Agarwal S, Pratap A, et al. A fast and elitist multi-objective genetic algorithm: NSGA-II[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2002, 6(2): 182-197.
- [4] Zitzler E, Laumanns M, Thiele L. SPEA2: Improving the strength Pareto evolutionary algorithm[R]. Zurich: Swiss Federal Institute of Technology, 2001.
- [5] Han K H, Kim J H. Genetic quantum algorithm and its application to combinatorial optimization problem [C]. Proc of the 2000 IEEE Congress on Evolutionary Computation. San Diego, 2000: 1354-1360.
- [6] Han K H, Park K H, Lee C H, et al. Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization [J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2002, 6(6): 580-593.
- [7] Eckart Z, Marco L. Test problems and test data for multiobjective optimizers [EB/OL]. <http://www.tik.ee.ethz.ch/sop/download/supplementary/testProblemSuite/>, 2007.

(下转第 902 页)

不低于 0.6,

Then  $x$   $X$  的程度不低于 0.6.

即当重大错报风险和检查风险都是“高”的程度至少为 0.6 时, 审计风险“高”的程度至少是 0.6.

If  $x$   $P_{32}$  的程度不低于 0.8,

Then  $x$   $Z$  的程度不低于 0.7.

即当大错报风险和检查风险都是“低”的程度至少为 0.8 时, 审计风险“低”的程度至少是 0.7. 等等.

## 6 结 论

针对模糊信息系统, 本文建立了基于优势关系的粗糙集模型并提出了知识约简的多种定义; 将分辨函数引入模糊信息系统优势模糊最大分布约简, 定义了对象及系统的分辨函数. 这种方法可以类推到本文定义的其他约简. 最后将优势模糊粗糙集模型应用于审计风险评估, 得到了较为可信的评估规则.

## 参考文献(References)

- [1] Dubois D, Prade H. Putting rough sets and fuzzy sets together[C]. Intelligent Decision Support. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers, 1992: 203-232.
- [2] Richard Jensen, Qiang Shen. Fuzzy-rough attribute reduction with application to web categorization[J]. Fuzzy Sets and Systems, 2004, 141(3): 469-485.
- [3] Qiang Shen, Richard Jensen. Selecting informative features with fuzzy-rough sets and its application for complex systems monitoring[J]. Pattern Recognition, 2004, 37(7): 1351-1363.
- [4] Richard Jensen, Qiang Shen. Semantics-preserving dimensionality reduction: Rough and fuzzy-rough based approaches[J]. Knowledge and Data Engineering, 2004, 16(12): 1457-1471.
- [5] Rajen B, Bhatt M Gopal. On fuzzy-rough sets approach to feature selection[J]. Pattern Recognition Letters, 2005, 26(7): 965-975.
- [6] Huang B, Zhou X Z, Jiang X Y. Knowledge reductions in fuzzy information systems[C]. Proc of 2006 Int Conf on Machine Learning and Cybernetics. Dalian, 2006, 5: 4169-4172.
- [7] Hong T P, Wang T T, Wang S L. Mining fuzzy - certain and -possible rules from quantitative data based on the variable precision rough-set model[J]. Expert Systems with Applications, 2007, 32(1): 223-232.
- [8] Hu Q, Xie Z, Yu D. Hybrid attribute reduction based on a novel fuzzy-rough model and information granulation[J]. Pattern Recognition, 2007, 40(12): 3509-3521.
- [9] Wang X, Tsang E C C, Zhao S, et al. Learning fuzzy rules from fuzzy samples based on rough set technique[J]. Information Sciences, 2007, 177(20): 4493-4514.
- [10] 陈力生, 朱亚兵, 高前善. 审计风险管理研究[M]. 上海: 立信会计出版社, 2005.  
(Chen L S, Zhu Y B, Gao Q S. Research on audit risk management[M]. Shanghai: Lixin Accounting Press, 2005.)
- [8] Kim Y, Kim J H, Han K H. Quantum-inspired multiobjective evolutionary algorithm for multiobjective 0/1 knapsack problems[C]. Proc of 2006 IEEE Congress on Evolutionary Computation. Vancouver, 2006: 2601-2606.
- [9] 李阳阳, 焦李成. 求解 SAT 问题的量子免疫克隆算法[J]. 计算机学报, 2007, 30(2): 176-183.  
(Li Y Y, Jiao L C. Quantum-inspired immune clone algorithm for SAT problem[C]. Chinese J of Computers, 2007, 30(2): 176-183.)
- [10] Nebro A J, Durillo J J, Luna F, et al. A cellular genetic algorithm for multiobjective optimization[C]. Proc of NCSO 2006. Granada, 2006: 25-36.
- [11] Van Veldhuizen D A, Lamont G B. Multiobjective evolutionary algorithm research: A history and analysis[R]. Ohio: Air Force Institute Technology, 1998.
- [12] Zitzler E, Thiele L. Multiobjective evolutionary algorithms: A comparative case study and the strength Pareto approach[C]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 1999, 3(4): 257-271.
- [13] 游晓明, 帅典勋, 刘升. 基于免疫原理的量子进化算法及收敛性研究[J]. 控制与决策, 2007, 22(7): 749-754.  
(You X M, Shuai D X, Liu S. Research on quantum evolutionary algorithm based on immune theory and its convergence[J]. Control and Decision, 2007, 22(7): 749-754.)

(上接第 898 页)