

正交免疫克隆粒子群多目标优化算法

丛琳 焦李成 沙宇恒

(西安电子科技大学智能信息处理研究所 西安 710071)

摘要: 该文基于抗体克隆选择学说理论,提出了一种求解多目标优化问题的粒子群算法——正交免疫克隆粒子群算法(Orthogonal Immune Clone Particle Swarm Optimization, OICPSO)。根据多目标的特点,提出了适合粒子群算法的克隆算子,免疫基因算子,克隆选择算子。免疫基因操作中采用了离散正交交叉算子来获得目标空间解的均匀采样,得到理想的 Pareto 解集,并引入拥挤距离来减少获得 Pareto 解集的大小,同时获得具有良好均匀性和宽广性的 Pareto 最优解集。实验中,与 NSGA-II 和 MOPSO 算法进行了比较,并对算法的性能指标进行了分析。结果表明, OICPSO 不仅增加了种群解的多样性而且可以得到分布均匀的 Pareto 有效解集,对于多目标优化问题是有效地。

关键词: 粒子群优化; 人工免疫系统; 克隆选择; 正交设计; 多目标优化

中图分类号: TP18

文献标识码: A

文章编号: 1009-5896(2008)10-2320-05

Orthogonal Immune Clone Particle Swarm Algorithm on Multiobjective Optimization

Cong Lin Jiao Li-cheng Sha Yu-heng

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

Abstract: Based on the particle swarm optimization and antibody clonal selection theory, a novel Orthogonal Immune Clone Particle Swarm Algorithm (OICPSO) is presented to solve multiobjective optimization. According to the problem characters, clone operator, immune gene operator and clone selection operator are designed in this paper. And discrete orthogonal crossover operator is used in immune gene operations to obtain uniformity of the objective space and the idea Pareto solutions. And crowding-comparison approach is adopted to obtain the uniformity of the population distribution. In experiments, the results of OICPSO are compared with NSGA-II and MOPSO, and the quality of solutions is analyzed with parameters. The results indicate that OICPSO not only can increase the solutions' diversity but also can obtain the Pareto solutions. OICPSO is effective on multiobjective optimizations.

Key words: Particle swarm optimization; Aartificial immune system; Clone selection; Orthogonal design; Multiobjective optimization

1 引言

近年来,多目标优化领域已经成为一个研究热点,出现了许多优秀的算法,取得了较好的效果。自上世纪80年代开始进化算法逐步发展成为有效解决多目标优化问题的重要技术。如 Schaffer 提出了向量评估遗传算法(VEGA)^[1], Fonseca 等人提出的多目标遗传算法^[2], Horn 和 Nafpliotis 提出的 NPGA 算法^[3]和 Srinivas 和 Deb 提出的 NSGA^[4]算法等。这些算法在解决多目标优化问题时表现出了进化算法不同于传统算法的寻优特性,但他们也存在一个共同的特点,没有明确采用精华保留策略。随着发展,一些使用了精华保留策略的算法也相应地被提出,如 Zitzler 和 Thiele 提出的

SPEA^[5]及其改进算法 SPEA2^[6], Deb 等人提出的 NSGA-II^[7]。与此同时,粒子群算法在解决多目标优化问题上也取得了很快的发展,其中比较具有代表性的是 Carlos 等人提出的 MOPSO^[8]算法。

本文提出一种正交免疫克隆粒子群算法(OICPSO)用来求解多目标优化问题。文中给出相应的适用于粒子群算法的免疫克隆算子,并且为了对种群空间进行均匀采样,避免有效 Pareto 解的丢失,文中采用正交交叉策略来得到分布均匀的有效 Pareto 解集,并采用拥挤距离来控制 Pareto 种群空间的大小。实验中与 NSGA-II 和 MOPSO 算法进行了比较,通过两个度量来定量地评价所得 Pareto 解的收敛性和宽广性。结果表明, OICPSO 不仅可以增加种群解的多样性而且可以得到分布均匀、伸展性好的 Pareto 有效解集。

2007-04-16 收到, 2007-10-08 改回

国家自然科学基金(60133010, 60372045), 国家“863”计划项目(2002AA 135080)和国家“973”计划项目(2001CB309403)资助课题

2 粒子群优化算法及其性能分析

粒子群优化算法可以用有序三元组 $(\mathbf{x}_i, \mathbf{v}_i, \mathbf{p}_i)$ 来表示。其中 $\mathbf{x}_i = (x_{i,1}, x_{i,2}, \dots, x_{i,n})^T$ 是粒子的当前位置, $\mathbf{v}_i = (v_{i,1}, v_{i,2}, \dots, v_{i,n})^T$ 是粒子的当前速度, $\mathbf{p}_i = (p_{i,1}, p_{i,2}, \dots, p_{i,n})^T$ 是粒子自身经历的最好位置, n 为搜索空间的维数。令粒子群中粒子个数为 S_{size} , 所有粒子经历的全局最好位置为 $\mathbf{p}_g = (p_{g,1}, p_{g,2}, \dots, p_{g,n})^T$, k 为进化迭代代数, 则粒子在每一代中的速度和位置计算公式为

$$\begin{aligned} v_{i,j}(k+1) &= w(k)v_{i,j}(k) + c_1r_1(p_{i,j}(k) - x_{i,j}(k)) \\ &\quad + c_2r_2(p_{g,j}(k) - x_{i,j}(k)) \end{aligned} \quad (1)$$

$$x_{i,j}(k+1) = x_{i,j}(k) + v_{i,j}(k+1) \quad (2)$$

其中 c_1 和 c_2 为加速常数, r_1 和 r_2 是两个在 $[0,1]$ 范围内服从均匀分布的随机变量。

本文为了提高 PSO 算法的性能, 克服 PSO 算法容易陷入局部极值而无法摆脱的缺点, 将免疫克隆选择算法^[9]与粒子群算法相结合, 提出了一种用于求解多目标优化问题的正交免疫克隆粒子群算法。

3 正交免疫克隆粒子群多目标优化算法

考虑多目标优化问题(P)

$$\begin{cases} \min \mathbf{y} = f(\mathbf{x}) = (f_1(\mathbf{x}), f_2(\mathbf{x}), \dots, f_k(\mathbf{x})) \\ \text{s.t. } \mathbf{e}(\mathbf{x}) = (e_1(\mathbf{x}), e_2(\mathbf{x}), \dots, e_m(\mathbf{x})) \leq \mathbf{0} \end{cases} \quad (3)$$

这里 $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in \mathbf{X}$ 是变量向量, $\mathbf{y} = (y_1, y_2, \dots, y_k) \in \mathbf{Y}$ 为目标向量, \mathbf{X} 和 \mathbf{Y} 分别表示决策空间和目标空间, 则问题(P)的多个可行解的一个集合称为一个种群, 种群中的每个元素称为一个粒子, 粒子的个数称为种群规模。

3.1 正交免疫克隆粒子群算子

(1)免疫克隆算子 对于第 k 代的粒子群 $\mathbf{X}(k)$ 中的任意一个抗体 $\mathbf{x}_i = (x_{i,1}, x_{i,2}, \dots, x_{i,n})$, $i = 1, 2, \dots, S_{\text{size}}$, S_{size} 为种群规模, 进行规模为 q_i 的克隆操作, 称为抗体 \mathbf{x}_i 的 q_i 克隆。对抗体 \mathbf{x}_i 的 q_i 克隆操作定义为

$\bar{\mathbf{x}}^i = \mathbf{I}_i \times \mathbf{x}_i$, 其中 $\bar{\mathbf{x}}^i$ 是 \mathbf{x}_i 克隆操作后的抗体组, \mathbf{I}_i 为元素为 1 的 q_i 维行向量。

$$q_i(k) = \text{Int} \left[n_c \times \frac{f(\mathbf{x}_i)}{\sum_{j=1}^{S_{\text{size}}} f(\mathbf{x}_j)} \times \Theta_i \right], \quad i = 1, 2, \dots, S_{\text{size}} \quad (4)$$

其中 n_c 为抗体种群克隆规模, $n_c > S_{\text{size}}$, $\text{Int}(x)$ 表示大于 x 的最小整数。 $f(\mathbf{x}_i)$ 是抗体 \mathbf{x}_i 的亲合度, Θ_i 反映了抗体 \mathbf{x}_i 与其它粒子的亲和力, 定义为

$$\begin{aligned} \Theta_i &= \min \{D_{ij}\} = \min \left\{ \exp \left(\left\| \mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j \right\| \right) \right\}, \\ i &\neq j, i, j = 1, 2, \dots, S_{\text{size}} \end{aligned} \quad (5)$$

其中 $\left\| \cdot \right\|$ 为任意范数, 本文采用欧式距离。

(2)粒子群更新算子 令 $\mathbf{P}_g(k) = (p_{g,1}, p_{g,2}, \dots, p_{g,n})^T$ 表示

所有粒子经历的最好位置, $\mathbf{P}_i(k) = (p_{i,1}, p_{i,2}, \dots, p_{i,n})^T$ 表示第 i 个粒子直到第 k 代所找到的最好位置。下面给出第 i 个粒子经过克隆后的克隆群体 $\bar{\mathbf{x}}^i$ 在第 k 代粒子速度和位置的更新方式:

$$\begin{cases} v_j^i(k) = k \times (w(k) \times v_j^i(k) + c_1r_1(P_i(k) \\ \quad - \bar{x}_j^i(k)) + c_2r_2(P_g(k) - \bar{x}_j^i(k))) \\ \bar{x}_j^i(k) = \bar{x}_j^i(k) + v_j^i(k), \\ i = 1, 2, \dots, S_{\text{size}}, \quad j = 1, 2, \dots, q_i \end{cases} \quad (6)$$

其中 $\mathbf{P}_g(k)$ 是由所有克隆父代个体根据拥挤距离得到的最优个体, $\mathbf{P}_i(k)$ 是由每个克隆父代个体直到第 k 代找到的最好位置; w 是惯性权因子; c_1, c_2 为加速常数; k 是由 c_1, c_2 决定的搜索因子, 即

$$w(k) = w_{\max} - \frac{w_{\max} - w_{\min}}{N_{\max}} \times N \quad (7)$$

$$k = \frac{2}{2 - c - \sqrt{c^2 - 4c}}, \quad c = c_1 + c_2, \quad c > 4 \quad (8)$$

其中 N_{\max} 为最大迭代代数, N 为当前迭代代数。

(3)免疫基因操作

(a)基因重组操作 设基因重组算子为 P^c , $\mathbf{C}(k) = \{c^1(k), c^2(k), \dots, c^{S_{\text{size}}}(k)\}$ 为重组后的种群, 即

$$\begin{aligned} c_j^i(k) &= P^c(\bar{\mathbf{x}}_j^i(k), \mathbf{x}_i(k)), \quad \bar{\mathbf{x}}_j^i(k) \in \bar{\mathbf{x}}^i(k), \\ j &= 1, 2, \dots, q_i, \quad i, t = 1, 2, \dots, S_{\text{size}}, \quad i \neq t \end{aligned} \quad (9)$$

由于通常情况下我们并不知道所求问题最优解的位置信息, 为了促进个体间有用信息的交流, 本文采用正交矩阵来对个体间的有用信息进行有效地采样。

首先根据文献[10]产生正交矩阵 $L_{m1}(n_1^F)$, 其中 n_1 为奇数, $m_1 = n_1^J$, J 为满足下式的最小正整数。

$$F \leq (n_1^J - 1) / (n_1 - 1) \quad (10)$$

考虑父代粒子 $\mathbf{x}_1 = (x_{1,1}, x_{1,2}, \dots, x_{1,n})$ 和 $\mathbf{x}_2 = (x_{2,1}, x_{2,2}, \dots, x_{2,n})$, 按照如下方式确定了一个子空间 $[l, u]$, 这里

$$\begin{aligned} l &= \left[\min(x_{1,1}, x_{2,1}), \min(x_{1,2}, x_{2,2}), \dots, \min(x_{1,n}, x_{2,n}) \right] \\ u &= \left[\max(x_{1,1}, x_{2,1}), \max(x_{1,2}, x_{2,2}), \dots, \max(x_{1,n}, x_{2,n}) \right] \end{aligned} \quad (11)$$

首先将空间 $[l, u]$ 的每个区域量化为 n_1 个水平, 并使得相邻两个水平的差是相同的。定义 $\beta_i = (\beta_{i,1}, \beta_{i,2}, \dots, \beta_{i,n_1})$, 如下:

$$\beta_{i,j} = \begin{cases} \min(l_i, u_i), & j = 1 \\ \min(l_i, u_i) + (j-1) \times \left(\frac{u_i - l_i}{n_1 - 1} \right), & 2 \leq j \leq n_1 - 1 \\ \max(l_i, u_i), & j = n_1 \end{cases} \quad (12)$$

随机产生 $F-1$ 个整数, k_1, k_2, \dots, k_{F-1} , 并满足 $1 < k_1 < k_2 < \dots < k_{F-1} < n$, 然后对任意的粒子 $\mathbf{x}_i = (x_{i,1}, x_{i,2}, \dots, x_{i,n})$ 产生如下的 F 个因素:

$$\begin{aligned} \mathbf{f}_1 &= (x_1, \dots, x_{k_1}), \mathbf{f}_2 = (x_{k_1+1}, \dots, x_{k_2}), \dots, \\ \mathbf{f}_F &= (x_{F-1+1}, \dots, x_n) \end{aligned} \quad (13)$$

因素 f_i 的 n_i 个级别为

$$\left. \begin{aligned} \mathbf{f}_i(1) &= (\beta_{k_{i-1}+1,1}, \beta_{k_{i-1}+2,1}, \dots, \beta_{k_i,1}) \\ \mathbf{f}_i(2) &= (\beta_{k_{i-1}+1,2}, \beta_{k_{i-1}+2,2}, \dots, \beta_{k_i,2}) \\ &\vdots \\ \mathbf{f}_i(n_i) &= (\beta_{k_{i-1}+1,n_i}, \beta_{k_{i-1}+2,n_i}, \dots, \beta_{k_i,n_i}) \end{aligned} \right\} \quad (14)$$

用正交矩阵 $L_{m_1}(n_1^F) = [r_{i,j}]_{m_1 \times F}$, 产生如下的 m_1 个粒子:

$$\left. \begin{aligned} (\mathbf{f}_1(r_{1,1}), \mathbf{f}_2(r_{1,2}), \dots, \mathbf{f}_F(r_{1,F})) \\ (\mathbf{f}_1(r_{2,1}), \mathbf{f}_2(r_{2,2}), \dots, \mathbf{f}_F(r_{2,F})) \\ \vdots \\ (\mathbf{f}_1(r_{m_1,1}), \mathbf{f}_2(r_{m_1,2}), \dots, \mathbf{f}_F(r_{m_1,F})) \end{aligned} \right\} \quad (15)$$

最后从 m_1 个粒子中选出一个粒子作为克隆子代个体。

考虑到计算量, 本文令正交矩阵为 $L_9(3^4)$ 。

(b)基因变异操作 依据变异概率 p_m 对基因重组后的群体进行按位变异的策略, 即对群体 $c^i(k), i = 1, 2, \dots, S_{\text{size}}$ 中的抗体 $c_j^i(k), j = 1, 2, \dots, q_i$ 的第 $\text{Int}(\text{rand} \times l)$ 位编码, 用 0 到 9 之间的随机整数代替, 可以表示为

$$c_j^i(k) = [\text{Int}(\text{rand} \times 10) - 1] \mapsto c_j^i(k)^{\text{Int}(\text{rand} \times l)} \quad (16)$$

式中 \mapsto 表示数字的按位替代, $c_j^i(k)^{\text{Int}(\text{rand} \times l)}$ 表示克隆抗体 $c_j^i(k)$ 第 $\text{Int}(\text{rand} \times l)$ 基因位上的数字编码, l 为编码长度。

(4)克隆选择算子 克隆选择操作包括子代克隆种群和 Pareto 种群的更新操作, 本文采用拥挤距离来防止 Pareto 集的限制增大。设当前的 Pareto 种群为 W , 其规模为 $M (> M_{\text{max}})$, M_{max} 为 Pareto 集规模的上限。参数 i_{dis} 表示个体 i 周围解的密度, 称为拥挤距离。其值等于该个体按照每个目标排序后其前后相邻两点间距离和的平均。根据拥挤距离从大到小排序, 选取前 S_{size} 个个体做为子代种群, 前 M_{max} 个个体作为下一代的 Pareto 种群。

3.2 正交免疫克隆粒子群多目标算法描述

算法 正交免疫克隆粒子群算法:

步骤 1 设定最大迭代代数 N_{max} , 粒子群规模 S_{size} , 克隆规模 n_c , 外部 Pareto 集规模 M_{max} , 变异概率 p_m 等参数, 随机产生粒子群 $\mathbf{x}(k)$, 令 $k = 0$, 并计算每个粒子的适应度;

步骤 2 对克隆种群 $\mathbf{x}(k)$ 进行克隆操作, 得到 $\bar{\mathbf{x}}(k)$;

步骤 3 利用粒子群更新算子对 $\bar{\mathbf{x}}(k)$ 进行更新, 得到新的 $\bar{\mathbf{x}}(k)$;

步骤 4 对更新后的 $\bar{\mathbf{x}}(k)$ 进行免疫基因操作, 包括基因重组和基因变异, 得到 $C(k)$;

步骤 5 对 $C(k)$ 进行克隆选择操作, 得到子代克隆种群 $\mathbf{x}(k+1)$ 和 Pareto 种群;

步骤 6 $k = k + 1$, 如果 $k < N_{\text{max}}$, 转步骤; 否则, 输出 Pareto 种群, 停止。

4 仿真分析

本节采用 ZDT 测试函数用来对 NSGA-II, MOPSO 和 OICPSO 的算法性能进行比较, 算法中均是对目标函数最小化操作, ZDT 函数的表达形式可以参照文献[7]。其中比较算法中的重要参数的设定均参照相应文献。对于 OICPSO 算法, 设定最大迭代代数 150, 种群规模 20, 克隆规模 100, 外部 Pareto 种群规模 100, 变异概率为 $1/c$, c 为变量维数, 重组概率为 1, 惯性权 w 从 0.6-0.4 线性变换, $c_1 = c_2 = 2.05$ 。在设定上述参数后, 得到相应测试结果所用的函数评价次数为 15100。下面给出 5 个多目标函数实验比较结果(如图 1)。

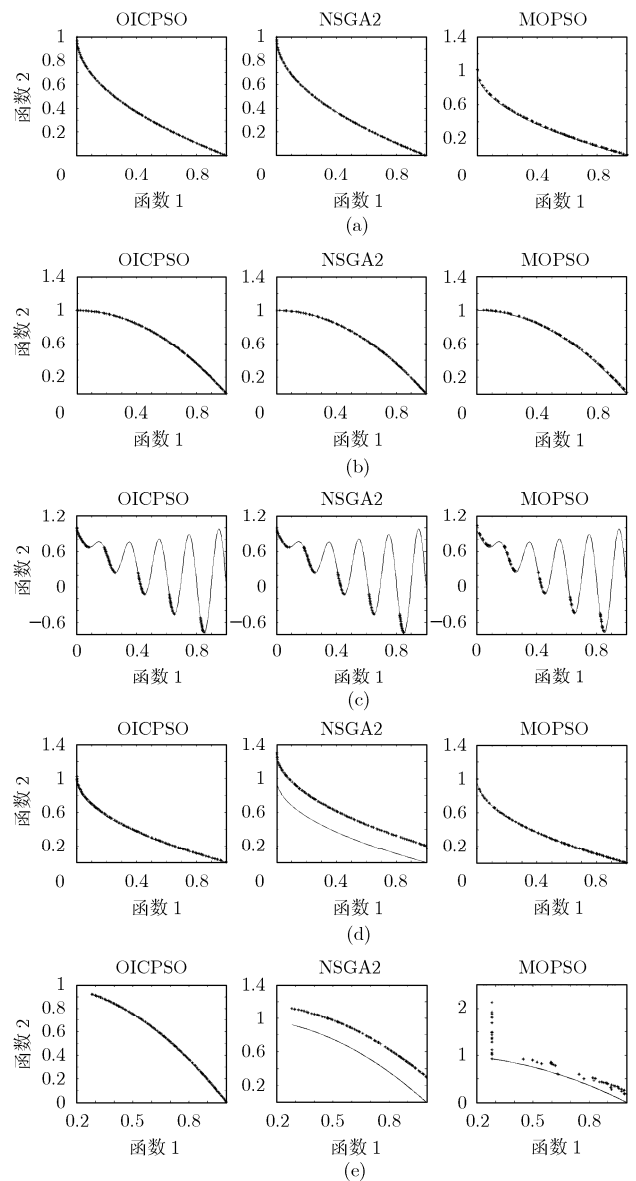


图 1 ZDT1, ZDT2, ZDT3, ZDT4 和 ZDT6 函数的 Pareto 前沿面及 3 种算法得到的最优解分布比较

表 1 Υ 度量 30 次独立运行均值和方差比较结果

算法		ZDT1	ZDT2	ZDT3	ZDT4	ZDT6
OICPSO	均值	0.001070	0.000757	0.004224	0.097983	0.004782
	方差	0	0	0	0.037336	0
NSGA-II 实数编码	均值	0.033482	0.072391	0.114500	0.513053	0.296564
	方差	0.004750	0.031689	0.007940	0.118460	0.013135
NSGA-II 二进制编码	均值	0.000894	0.000824	0.043411	3.227636	7.806798
	方差	0	0	0.000042	7.30763	0.001667
MOPSO	均值	0.010058	0.007226	0.007796	0.000747	0.436245
	方差	0.000015	0.000002	0.000001	0	0.124116

表 2 Δ 度量 30 次独立运行均值和方差比较结果

算法		ZDT1	ZDT2	ZDT3	ZDT4	ZDT6
OICPSO	均值	0.001467	0.000625	0.247001	0.221950	0.003687
	方差	0.000029	0.000000	0.000085	0.021201	0.000005
NSGA-II 实数编码	均值	0.390307	0.430776	0.738540	0.702612	0.668025
	方差	0.001876	0.004721	0.019706	0.064648	0.009923
NSGA-II 二进制编码	均值	0.463292	0.435112	0.575606	0.479475	0.644477
	方差	0.041622	0.024607	0.005078	0.009841	0.035042
MOPSO	均值	0.019147	0.015033	0.251558	0.000194	0.148747
	方差	0.000056	0.000019	0.000006	0.000000	0.002827

图 1 给出了 5 个测试函数一次运行的比较结果。可以看出, OICPSO 算法每次都可以得到规定数量的 Pareto 最优解集, 并且所得解的分布都具有较强的均匀性和伸展性, 并且最优解的分布最接近真实 Pareto 曲面。为了进一步说明算法的有效性, 下面将分别给出 30 次独立运算得到的用来评价 Pareto 解集收敛性和伸展性的 Υ 度量^[7]和 Δ 度量^[7]的统计比较结果, 如表 1, 表 2 所示。

表1和表2给出了 Υ 度量和 Δ 度量的比较结果。从表1的结果可以看出, OICPSO 算法对于本文测试的5个函数具有良好的收敛性, 所得结果参数明显优于 NSGA-II 和 MOPSO 算法。从解集分布的均匀性和宽广性来看, OICPSO 算法对大多数测试函数得到结果的 Δ 度量的均值和方差与其他两种比较方法的结果至少相差近1个数量级。因此 OICPSO 用于求解多目标优化问题是有效的。

5 结束语

本文提出了一种正交免疫克隆粒子群算法(OICPSO)用于求解多目标优化问题。根据多目标的特点, 设计了适合粒

子群算法的免疫克隆算子。为了获得目标空间解的均匀采样, 免疫基因操作中采用了离散正交交叉算子。为了保持种群的多样性以避免算法早熟收敛, 引入拥挤距离来减少获得 Pareto 解集的大小, 同时获得具有良好均匀性和宽广性的 Pareto 最优解集。实验中与 NSGA-II 和 MOPSO 算法得到的结果进行了比较, 并采用 Υ 度量和 Δ 度量来对算法得到的 Pareto 最优解的收敛性, 均匀性以及伸展性进行了定量分析。结果表明, OICPSO 可以增加种群解的多样性并且可以得到分布均匀的具有良好伸展性的 Pareto 有效解集, 对求解多目标优化问题是有效的。

参考文献

[1] Schaffer J D. Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms[C]. In: the proceedings of the International Conference on Genetic Algorithms and Theirs Applications. Pittsburgh, PA, 1985: 93-100.

[2] Fonseca C M and Fleming P J. Genetic algorithms for multiobjective optimization: formulation, discussion and

- generalization [C]. Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithm (S. Forrest, ed.), California, university of Illinois at Urbana Champaign, Morgan Kaufman Publishers, 1993: 416-423.
- [3] Horn J and Nafpliotis N. Multiobjective optimization using the niched Pareto genetic algorithm. Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois, Urbana, Champaign: IlliGAL Report 93005, 1993.
- [4] Srinivas N and Deb K. Multiobjective optimization using nondominated sorting in genetic algorithms [C]. *Evolutionary Computation*, 1994, 2(3): 221-248.
- [5] Zitzler E and 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.
- [6] Zitzler E, Laumanns M, and Thiele L. SPEA2: Improving the strength Pareto evolutionary algorithm. Swiss Federal Institute of Technology, Lausanne, Switzerland, Technical Report TIK-Rep 103, 2001.
- [7] Deb K, Pratap A, Agarwal S, and Meyarivan T. A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: NSGA-II [J]. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2002, 6(2): 182-197.
- [8] Coello C A and Lechuga M S. MOPSO: A proposal for multiple objective particle swarm optimization [C]. In Proceedings of the Congress on Evolutionary Computation (CEC'2002)), Honolulu, Hawaii, USA 2002: 1051-1056.
- [9] 杜海峰, 公茂果, 焦李成, 刘若辰. 用于高维函数优化的免疫记忆克隆规划算法[J]. 自然科学进展, 2004, 14(8): 925-933.
Du H F, Gong M G, Jiao L C. Immune memory clonal programming algorithm for high-dimensional function numerical optimization [J]. *Progress in Natural Science*, 2004, 8(14): 925-933.
- [10] Leung Y W and Wang Y. An orthogonal genetic algorithm with quantization for global numerical optimization [J]. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2001, 5(1): 41-53.
- 丛琳: 女, 1980年生, 博士生, 研究方向为图像处理和进化计算.
- 焦李成: 男, 1959年生, 教授, 博士生导师, 研究方向为智能信息处理、非线性理论、图像处理.
- 沙宇恒: 男, 1980年生, 博士生, 研究方向为图像的多尺度几何分析及应用、SAR 图像处理和智能目标识别.