

正交遗传算法

史奎凡,董吉文,李金屏,曲守宁,杨 波

(济南大学信息科学与工程学院,山东济南 250022)

摘 要: 本文提出正交遗传算法.该算法把正交设计与遗传算法结合起来,用正交设计确定区间水平,在每个区间水平按遗传算法进行搜索,正交设计能够发现包含最好解的区间水平,再在这个区间水平使用遗传算法进行搜索.反复使用上述算法,当前区间水平变小.最后,当前区间水平变为一点了,它就是这些区间水平的最优点.借助正交设计,本文证明了正交遗传算法是收敛的和进行了计算机模拟.模拟结果显示该算法是有效的和可行的.

关键词: 遗传算法; 正交试验法; 区间水平; 分辨率

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2002) 10-1501-04

Orthogonal Genetic Algorithm

SHI Kui-fan, DONG Ji-wen, LI Jin-ping, QU Shou-ning, YANG Bo

(School of Information Science and Engineering, Jinan University, Jinan, Shandong 250022, China)

Abstract: The paper proposes an Orthogonal Genetic Algorithm (OGA) that combines Genetic Algorithm (GA) with Orthogonal Design. Orthogonal Design determines interval level, GA is performed in the interval level. The Orthogonal Design can find an interval that contains the best solution, GA is performed again in the interval level, The Orthogonal Design can again find an interval that contains the best solution, GA is performed again in the interval level, the interval level gets smaller and smaller. At last, it gets one point. The point is expected optimal point of interval levels. The paper has proved that GA is able to converge to the global optimum. Computer simulation is performed, the result shows that OGA is efficient and feasible.

Key words: genetic algorithm; orthogonal design; interval level; resolution rate

1 引言

近30年来,模拟进化的研究(包括遗传算法、进化规划和进化策略)取得了长足的进步,模拟进化的应用领域几乎涉及到所有用传统的优化方法难以解决的优化问题,比如,非线性函数优化、工程设计的优化、神经网络的权值和拓扑结构的优化、系统辨识和控制、机器学习、图像处理和智能信息处理等领域.目前,人们不断拓宽遗传算法的应用,有人把遗传算法应用到社会生活某些方面,如某些社会组织的进化^[2].还有人用于程序自动生成^[3]和人工生命的研究^[4]以及计算机代替人作曲^[2].遗传算法也被用于分类和预测^[5].但是,影响遗传算法应用的主要因素是收敛问题.基本的遗传算法不能保证收敛全局最优点,它阻碍遗传算法的应用.如何使遗传算法收敛到全局最优是一个很重要的问题,因为这是一个能否把遗传算法应用到许多问题的重要条件.

遗传算法收敛由Holland用模式定理证明了,但算法收敛的条件严格.文献[6]研究了遗传算法的收敛并给出收敛的充分条件.文献[7]也研究了遗传算法的收敛,给出模式定理的精确的表达式.张铃等在文献[8]对框架定理进行改进.在应用正交设计工作中,值得注意的有:吴少岩等^[9]人把正交设计引入GA,提出一种基于家族优生学的进化算法;朱文良等^[10]应用正交表进行寻优;丁承民等^[11]用正交设计对遗传算法的参数进行优化;Zhang Qingfu等^[13]用正交遗传算法设计多媒体多点传输的路由.他们都取得很好的结果.

遗传算法虽然可以稳定收敛,但是,它局部搜索能力差,

所以,它经常在无效区间搜索,它的收敛速度很慢.使遗传算法具有局部搜索能力是遗传算法领域的研究热点.为了使遗传算法具有局部搜索能力,文献[12]把遗传算法与准牛顿法、爬山法和Nelder-Mead's Simplex methods结合起来,发现遗传算法与准牛顿法的结合使全局优化问题既有遗传算法全局收敛可靠性又有准牛顿法的高精度.

本文把正交设计与遗传算法结合起来,提出正交遗传算法.该方法的主要内容是用正交设计确定区间水平,在每个区间水平按遗传算法进行搜索,正交设计能够发现包含最好解区间水平,再在这个区间水平使用正交设计确定区间水平和用遗传算法进行搜索.反复使用上述算法,当前区间水平变小.最后,当前区间水平变为一点了,它就是所寻找的最优点.因此,正交遗传算法一定收敛到正交设计确定区间水平最优点.这个方法可以提高遗传算法的局部搜索能力.

2 基于精英策略的基本遗传算法

策略的基本遗传算法(以下简称基本遗传算法)基本思想是把待优化问题的参数编码成二进制位串的形式,然后由若干个位串形成一个初始种群作为待求问题的候选解,使用再生(Reproduction)、交叉(Crossover)和变异(Mutation)三种算子进行操作,在操作中保持最优解不变,不断迭代优化,直到找到全局最优解.

算法过程如下:

Step1 初始化.随机产生一个规模为 P 的初始种群,其中每个个体为二进制位串的形式;

Step2 计算种群中每个个体的适应值和保留适应值最好的个体;

Step3 再生:根据每个个体的相对适应值,计算每个个体(亦称染色体)的再生次数,并进行再生操作;

Step4 交叉:从种群中随机选择两个染色体,按一定的交叉概率 P_c 进行基因交换,交换位置的选取也是随机的;

Step5 变异:从种群中随机选择一个染色体,按一定的变异概率 P_m 进行基因变异;

Step6 若发现全局最优解,则算法停止;否则,转 Step2.

Goldberg 证明基本遗传算法在某些情况下易收敛到局部极值,因此,人们对基本遗传算法提出许多改进.本文针对基本遗传算法的收敛到局部极值这点进行改进.

3 正交设计法和它的性质

在工业和农业生产及科学实验中,为了试制新产品,改革工艺,寻找优良的生产条件,需要安排一系列的实验.全面实验时,往往成本高,并且,由于种种条件的限制,往往不能做到.正交设计法^[1]是一种通过少数次试验,就能找到最好或较好的试验条件.因此,它被广泛地用于寻优.在寻优时,先确定影响指标的因素和水平,再选择适当的正交表,即可按正交表安排试验,最后,分析试验的结果和发现较好的水平.当然,重复上述过程可以发现更好的结果.正交设计寻优类似一般寻优过程,只不过它把寻优的变量和变量的取值分别叫做因素和水平.在多因素和多水平的实验中,若把每个因素和水平的组合都做一次试验,则称实验为完全试验,否则就称为部分试验.我们用几个部分试验代替完全试验,或用完全试验得到最优解所在的水平,进一步缩小水平,再做试验,提高解的精度.如何选择部最优解所在的水平从而达到上述目的呢?正交表能够帮助我们选择确定最优解所在的水平.为此,引入下述定义.

定义 1 A 是一个 $n \times m$ 矩阵,它的第 j 列的元素为由数码 $1, 2, \dots, t_j (j = 1, 2, \dots, m)$ 所构成.它的任两列中,同行元素所构成的元素对是一个完全对,而且,每对出现的次数相同,则称 A 是正交表.简记为 $L_n(t_1 \times t_2 \times \dots \times t_m) = L_n(t^m)$, n 为试验数, m 为因素数, t 为水平数.这里所谓的完全对是这样的,今有两组元素 A_1, A_2, \dots, A_r 与 B_1, B_2, \dots, B_s , 我们把 rs 个元素对 $(A_1, B_1), (A_1, B_2), \dots, (A_1, B_s), (A_2, B_1), (A_2, B_2), \dots, (A_2, B_s), \dots, (A_r, B_1), (A_r, B_2), \dots, (A_r, B_s)$, 叫做由元素 A_1, A_2, \dots, A_r 与 B_1, B_2, \dots, B_s 所构成的完全对.

正交表有下列性质:

(1) 它的任两个元素都构成有相等重复的完全试验.但是,一般来说,却不能构成有 m 个因素的完全试验.

(2) 在第 i, j 两列所构成的水平对中,每个水平对都重复出现 $n/t_i t_j$ 次,其中 n 为试验数.

(3) 每一列中各水平出现的次数相同,如第 j 列中,每个水平都出现 n/t_j 次, $(j = 1, 2, \dots, m)$.

为了评价正交表寻优的性能,文献[9]有下述结论:

定理 1 若 $f(x)$ 的分布函数 $f(x)$ 连续, x_1, x_2, \dots, x_n 是简单随机子样,记 $x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*$ 为其顺序统计量,则

$$E[f(x_i^*)] = t/(n+1) \quad (t = 1, 2, \dots, n), \text{ 其中 } (x_1^* = \min_{1 \leq i \leq n} x_i^*, x_n^* = \max_{1 \leq i \leq n} x_i^*).$$

文献[9]所得到的结论是某次正交试验的结果以比例 $N/(N+1)$ 优于总体中的试验结果,而以比例 $1/(N+1)$ 劣于总体中的试验结果. N 为正交表所确定的试验数.

在某次正交试验中,正交表能够用较少试验,得到较好或最好的试验结果,但不能保证每次试验结果总是最好的,并且它的每个水平是一个确定的值,故需要改变以便适应遗传算法的需要.因此,有下面定义:

定义 2 区间水平被定义为遗传算法的搜索的定义域被正交表 $L_n(t^m)$ 所确定的水平数等分所得到的部分区间.显然,在不同的输入变量的定义域上,区间水平的大小是不同的.它们相当于正交试验的水平.

定义 3 遗传试验被定义为每个染色体在区间水平上的一次实现.我们把正交试验法与遗传算法相结合的寻优的方法叫做正交遗传试验.

定义 4 正交最优解指在正交遗传试验中所获得的最优解.值得注意的是正交最优解不一定是全局最优解.

定义 5 自动区间水平指程序反复使用正交表时,程序本身根据需要所确定的区间水平.

定义 6 强制区间水平指人给使用正交表的程序指定的区间水平.

在遗传算法中,种群用二进制数或者用十进制数表示.今假定用二进制数表示种群,则解码公式为

$$F(\text{bit}_{i1}, \text{bit}_{i2}, \dots, \text{bit}_{ik}) = R_i + \frac{T_i - R_i}{2^k - 1} \sum_{j=1}^k \text{bit}_{ij} 2^{j-1}$$

其中 $(\text{bit}_{i1}, \text{bit}_{i2}, \dots, \text{bit}_{ik})$ 为某个种群的第 i 段,每段段长都为 k , T_i 和 R_i 是染色体第 i 段变量 X_i 的定义域的两个端点.根据上述公式,我们定义下列概念.

定义 7 如果种群中每段段长都为 k ,我们定义 $\frac{T_i - R_i}{2^k - 1}$ 为第 i 个分量的分辨率 W_i .

当段长固定时,分辨率的大小与每个段变量的 T_i 和 R_i 有关,即变量的定义域大小决定了分辨率的大小.分辨率的大小反映了遗传算法解的精度,或者说解的误差.显然,若强制区间水平变小时,正交遗传算法解的精度会变高,它的误差会变小.这正是我们所期待的.

定理 2 在正交遗传试验中,若遗传试验是独立的且指定获得最优解概率,则正交遗传试验以确定的染色体数发现该次正交遗传试验的包含最好解区间水平.

证明 由于遗传试验是独立的,故正交遗传试验的结果是一个符合二项分布的多重贝努利试验.如果使用的正交表是 $L_n(t^m)$, n 次的试验结果以概率 $\frac{n}{n+1}$ 获得最优试验结果而以概率 $\frac{1}{n+1}$ 不能获得最优试验结果.设 $P(X=1)$ 为获得一次以上最优试验结果概率,则有 $P(X=1) = 1 - (1 - \frac{n}{n+1})^m$. m 是遗传试验次数(染色体数),所以 $m = \log(1 - P(X=1)) / \log(\frac{1}{n+1})$, 在每次正交遗传试验中,则我们至少做 m 个遗传试

验才能获得最优解及其区间水平. 因此, 染色体数与最优试验结果概率有关. 这个关系可以作为选择染色体数的依据.

定理 3 若 $F(x_1, x_2, \dots, x_n)$ 在区间 $[a_1, b_1], [a_2, b_2], \dots, [a_n, b_n]$ 上有定义且有确定的函数值, 在正交遗传算法中, 重复使用正交表和定理 2 中所确定的遗传试验数, 当区间水平的大小 $\rightarrow 0$, 此时的区间水平解就是正交最优解.

证明 设所使用正交表 $L_n(t^m)$, t^m 是完全试验数, n 是部分试验数, t 是水平数, m 是变量数. 在第一次正交遗传试验中, 任一变量, 如第 i 个变量的自动区间水平是 $[a_i, b_i] (i = 1, 2, \dots, n)$, 按推论中所确定的遗传试验数进行一次正交遗传试验, 一定能发现本次试验的最好结果 R_1 及其所在的自动区间水平. 今设它在第 j 个自动区间水平, 这个自动区间水平的大小是 $ij1 = (b_{ij} - a_{ij}) / t, (j = 1, 2, \dots, t, i = 1, 2, \dots, n)$, $R_1 \subset ij1$. 在当前自动区间水平 $ij1$ 上再进行一次正交遗传试验, 当前自动区间水平 $ij2 = (b_{ij} - a_{ij}) / t^2 (j = 1, 2, \dots, t, i = 1, 2, \dots, n)$. 一直到进行第 k 次正交遗传试验后, 它的最好结果 R_k 所在的第 j 个自动区间水平 $ijk = (b_{ij} - a_{ij}) / t^k (j = 1, 2, \dots, t, i = 1, 2, \dots, n)$, $R_k \subset ijk$. 依此法继续下去, 可以得到一个闭区间序列 $\{ijk\}$, 并且满足: 对每一个变量 x_i 的自动区间水平的一切 $k = 1, 2, \dots$ 都有

(1) $[a_i, b_i] \supset ij1 \supset ij2 \supset \dots \supset ijk$;

(2) $|ijk| = [a_i, b_i] / t^k \rightarrow 0$ (因为 $t > 1, t^k \rightarrow \infty$);

(3) 最好结点 R_i 始终包含在 ijk 中.

根据闭区间套原理, 存在唯一的一点 R_k 属于 $[a_i, b_i]$, R_k 就是正交最优解. 证毕.

4 正交遗传算法

在正交遗传试验中, 用正交表把遗传算法中的定义域划分为若干个相等的区间水平, 在每个区间水平中用染色体做正交试验, 每个染色体就是一次遗传试验, 按定理 1 中确定的遗传试验数做正交遗传试验, 就能获得正交设计所确定区间水平内的最优解. 但是, 使用一个正交表只能获得正交设计所确定区间水平内正交最优解. 如果全局最优解不在正交设计所确定区间水平内, 还不可能获得全局最优解. 解决的方法是选用不同的正交表进行完全试验, 这样就可以获得全局最优解.

算法第一步是用某一个正交表确定正交最优解 (相当于粗选区间水平, 为了省时间精度不用很高或每个区间水平运行代数不用太多, 大约是 40 - 60 代). 算法如下:

- (1) 根据优化的条件, 选定正交表和终止精度 (代数).
- (2) 把遗传算法中每个变量的当前搜索区间按选定的正交表的水平数要求划分自动区间水平.
- (3) 在每个区间水平中, 按定理 2 中 (当然, 遗传试验数也可以比理论要求多些, 也是可以的) 要求确定遗传试验数.
- (4) 用遗传算法在每个自动区间水平中做遗传试验.
- (5) 确定最好解所在的区间水平为当前自动区间水平.
- (6) 若自动区间水平的大小 $< \epsilon$, 在当前自动区间水平获得的解即是正交最优解, 停止; 否则, 返回 2.

算法的第二步是从若干个正交最优解中确定强制区间水平.

(a) 从正交最优解中确定正交最优解和它的区间水平.

(b) 选择正交表和确定强制区间水平.

(c) 在强制区间水平上, 使用算法第 1 步的过程. 但是, 要适当地提高运算精度.

(d) 反复上述过程, 一直到满意的精度为止.

5 模拟实验

我们做的模拟实验有: (1) 正交遗传算法与基本遗传算法对比. (2) 同一个正交表, 但不同的变量区间水平组合. (3) 不同因素的正交表对比. 选取的正交表是 $L_9(3^4)$ 和 $L_4(2^3)$, 第一个表的完全试验数是 27, 部分试验数是 9, 区间水平数 3, 变量数是 4, 实际使用 3 个变量. 第二个表的完全试验数是 6, 部分试验数是 4, 区间水平数 2, 变量数是 3, 实际使用 2 个变量. 测试函数是

$$f(x, y, z) = 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{x^2 + y^2 + z^2}) - 0.5}{(1 - 0.001(x^2 + y^2 + z^2))^2} + 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{(x-t)^2 + y^2 + z^2}) - 0.5}{(1 - 0.001((x-t)^2 + y^2 + z^2))^2} + 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{x^2 + (y-t)^2 + z^2}) - 0.5}{(1 + 0.001(x^2 + (y-t)^2 + z^2))^2} + 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{(x-t)^2 + (y-t)^2 + z^2}) - 0.5}{(1 + 0.001((x-t)^2 + (y-t)^2 + z^2))^2} + 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{(x+t)^2 + y^2 + z^2}) - 0.5}{(1 + 0.001((x+t)^2 + y^2 + z^2))^2} + 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{x^2 + (y+t)^2 + z^2}) - 0.5}{(1 + 0.001(x^2 + (y+t)^2 + z^2))^2} + 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{(x+t)^2 + (y-t)^2 + z^2}) - 0.5}{(1 + 0.001((x+t)^2 + (y-t)^2 + z^2))^2} + 0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{(x-t)^2 + (y+t)^2 + z^2}) - 0.5}{(1 + 0.001((x-t)^2 + (y+t)^2 + z^2))^2} + a(0.5 - \frac{\sin^2(\sqrt{(x+t)^2 + (y+t)^2 + (z+t)^2}) - 0.5}{(1 + 0.001((x+t)^2 + (y+t)^2 + (z+t)^2))^2})$$

此函数有 3 个自变量和 8 个局部极值点, 只有一个点为全局极值. 全局极值的大小和位置由 a 和 t 决定, a 控制函数极值的大小, t 控制函数极值的位置. 每个局部极值点和全局极值附近有一个圈脊, 它有无数次局部极点. 当自变量的定义域为: $-280 < x, y, z < 280$. $t = -150$, $a = 4$ 时, 全局极值是 7.9995584, 全局解的位置是 $x = y = z = 150$. 从表 1 和表 2 可以看到: 正交遗传算法与基本遗传算法对比的结果. 正交遗传算法能够很快地到达全局最大点, 而基本遗传算法运行了 406175 代, 还没有获得全局最优解. 因此可以说, 正交遗传算法对有许多局部极值点的复杂函数是可行的和很有效的. 正交遗传算法的速度比基本遗传算法的速度快, 并且, 正交遗传算法解的质量比基本遗传算法的好. 从表 3 到表 5 可以看到: 同一个正交表, 但不同的变量区间水平组合对比的模拟结果. 由于 $L_9(3^4)$ 是一个部分试验表, 对于某一个区间水平来说, 用它做正交遗传试验时, 每次都可以获得该区间水平组合的正交最优解. 但是, 不一定是全局最优解. 因为该正交表的区间水平组合可能不包括全局最优解所在的区间水平, 故不能获得全局最优解. 因此, 正交表的选取是获得全局最优解的关键. 选取优良正交表的方法是^[11]: 用不同区间水平组合的正交

表1 基本遗传算法

代数	解	函数值
406	$x = 152.3291$	7.961341
175	$y = 147.9626$	
	$z = 150.5181$	

表2 三个不同区间水平正交表

$L_9(3^4)$ 正交遗传算法的总结结果		
代数	解	函数全局极值
7200	$x = 149.9997$	7.9995582
	$y = 149.9995$	
	$z = 149.9994$	

表3 一个不同区间水平正交表

$L_9(3^4)$ 部分试验结果(1)		
代数	解	函数局部极值
	$x = 153.2540$	7.68792
1440	$y = 148.0831$	
	$z = 141.2712$	

表4 一个不同区间水平正交表

$L_9(3^4)$ 部分试验结果(2)		
代数	解	函数局部极值
	$x = -277.1582$	6.0021
1440	$y = 153.987$	
	$z = -2.7886$	

表5 一个不同区间水平正交表

$L_9(3^4)$ 部分试验结果(3)		
代数	解	函数局部极值
	$x = 132.3005$	6.06137
1440	$y = 10.8005$	
	$z = 38.8628$	

表6 正交表 $L_4(2^3)$ 部分试验结果

代数	解	函数局部极值
	$x = 149.9998$	7.99962
4160	$y = 149.9995$	
	$z = 149.9995$	

表 $L_9(3^4)$ 进行多次部分试验。根据函数值和正交表,我们可以推断全局最优解可能在 $L_9(3^4)$ 部分试验结果(1)所确定的区间水平内。我们缩小函数的定义域,指定新的强制区间水平,再用不同区间水平组合的正交表 $L_9(3^4)$ 确定全局最优解可能属于的区间水平,进一步缩小函数的定义域和指定新的强制区间水平,重复这个过程一直到获得全局最优解,结果见表2。从表2和表6可以看到:不同因素的正交表对比结果。正交表 $L_4(2^3)$ 对于2个变量来说是进行完全试验。测试函数形式与上边的测试函数相同,只是去掉了第三个变量 z 。它有二个水平,共有4个完全试验,可以用正交表一次获得全局最优解。测试函数的全局最优解是7.99962,解的位置是 $x = y = 150$ 。结果见表6。显然,使用多个不同区间水平组合的正交表或完全试验的正交表,正交遗传算法都能够获得全局最优解。

6 结论

正交遗传算法把正交设计法与遗传算法结合起来,用正交表确定区间水平,在每个区间水平按遗传算法进行搜索,比较每个区间水平的结果,可以确定出正交最优解所在的区间水平,再缩小区间水平,再重复使用上述算法,当前区间水平的大小不断减小。最后,当前区间水平的大小趋于零,也就是当前区间水平变为一点了,它就是所寻找的最优点。通过比较多个正交表的正交实验结果,正交遗传算法一定能够获得全局最优解,它的解精度高和速度快。本文证明了正交遗传算法的收敛性,并且,算法对函数没有特殊要求和具有较高的并行性。这个算法在自变量定义域很大,比其他遗传算法更有优越性。本文提出的正交遗传算法与文献[11]和[14]的正交遗传算法主要不同是本文的算法通过重复使用不同的正交表来获得全局最优解,也就是主要通过改变函数的定义域来得到全局最优解。对某一个正交表本文来说,所得到的最优解很可能不是全局最优解,因为它只是部分实验。在文献[11]和[14],作者使用正交设计解决一些工程问题,没有解决这一个问题。本文提出的方法的不足之处是有时找不到合适的正交表,自

己设计正交表又不是件容易的事,所以有时影响算法的应用。另外一个不足之处是算法过程比较复杂些。

参考文献:

- [1] 杨子胥. 正交表的设计 [M]. 济南: 山东人民出版社, 1978.
- [2] [GA-1997] Gr-list. email bulletin board [DB], from GA-List-Request @AIC. NRL. MIL, 1997.
- [3] John. R. Kozo. Architecture-Altering Operations for Evolving the Architecture of a Multi-part Program In Genetic Programming [R]. Report No. STAN-CS-TR-94-1528, Department of Computer Science, Stanford University, 1994.
- [4] Marco Dorigo, Vittorio Maniezzo, Alberto Colomi. Ant system: optimization by a colony of cooperating agents [J]. IEEE Tran. on System, Man, and Cybernetics-Part B: Cybernetics, 1996, 26(1): 29-41.
- [5] S Mahfoud, G Mani. Financial forecasting using genetic algorithms [J]. Applied Artificial Intelligence, 1996, 12(10): 543-565.
- [6] 王丽薇, 洪勇, 洪家荣. 遗传算法的收敛性研究 [J]. 计算机学报, 1996, 19(10): 794-797.
- [7] 孙艳丰, 王众托. 关于遗传算法模式定理的分析研究 [J]. 控制与决策, 1996, sup 11(11): 221-224.
- [8] 张铃, 张钊. 统计遗传算法 [J]. 软件学报, 1997, 18(5): 335-344.
- [9] 吴少岩, 张青富, 陈火旺. 基于家族优生学的进化算法 [J]. 软件学报, 1997, 18(2): 137-144.
- [10] 朱文良, 李风华. 一种新的数值优化方法 [J]. 系统工程, 1997, 14(4): 21-25.
- [11] 丁承民, 张传生, 刘贵忠. 正交试验遗传算法及其在函数优化中的应用 [J]. 系统工程与电子技术, 1997.
- [12] Jean-Michel Renders, Stéphanie P. Flasse. Hybrid methods using genetic algorithms for global optimization [J]. IEEE Trans. System, Man and Cybernetics-part B: Cybernetics, 1996, 26(2): 234-248.
- [13] Zhang Qingfu, Leung Yuiwing. Orthogonal genetic algorithm for multimedia multicast routing [J]. IEEE Trans. on Evolutionary Computing, 1999, 3(1): 53-62.

作者简介:



史奎凡 男, 1943年7月出生于山东莱州, 教授, 1969年毕业于吉林大学物理系。主要感兴趣的研究领域是进化计算、人工神经网络、算法和数学模型、图像处理与模式识别等。近几年在国内外各类学术期刊上发表论文三十多篇, 参加并完成了多项省部级科研项目, 并获省部级科技进步二等奖一项。



董吉文 男, 副教授, 1964年1月出生于辽宁葫芦岛。1985年毕业于武汉测绘科技大学计算机专业, 1992年到1995年期间在武汉工业大学自动化系计算机专业读硕士研究生, 并获工学硕士学位。主要研究领域是进化计算、图像处理与模式识别等。近几年在国内外各类学术期刊上发表论文十几篇; 参加了多项科研项目, 其中省部级以上项目7项, 其中有多项通过省部级鉴定, 并获省部级优秀教学成果二等奖一项。