

# 量子克隆进化算法

刘 芳,李阳阳

(西安电子科技大学计算机学院,陕西西安 710071)

**摘 要:** 本文在量子进化算法的基础上结合基于克隆选择学说的克隆算子,提出了改进的进化算法——量子克隆进化策略算法(QCES)。它既借鉴了量子进化算法的高效并行性又利用克隆算子来代替其中的变异和选择操作,以增加种群的多样性,避免了早熟,且收敛速度快。本文不仅从理论上证明了该算法的收敛,而且通过仿真实验表明了此算法的优越性。

**关键词:** 克隆算子;进化算法;量子克隆进化策略

**中图分类号:** TN957 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2003) 12A-2066-05

## Quantum Clonal Evolutionary Algorithms

LIU Fang, LI Yang-yang

(Institute of Computer, Xidian University, Xi'an, Shaanxi 710071, China)

**Abstract:** Based on the combining of the quantum evolutionary algorithms (QEA) with the main mechanisms of clone, an improved evolutionary algorithm—quantum clonal evolutionary strategies (QCES) was proposed in this paper. By adopting the high-effective parallelism of QEA and replacing clone operator by mutation and selection of the classical evolutionary algorithms (CEA), it has better diversity and the converging speed than CEA and avoided prematurity. The convergence of the QCES is proved and its superiority is shown by experiments in this paper.

**Key words:** clone operator; evolutionary algorithm; quantum clonal evolutionary strategies

### 1 引言

计算是人类思维能力的最重要的方面之一,计算能力的提高与人类文明进步息息相关。从古老的算盘到现代的超级计算机,人类的计算技术实现了革命性的突破。综观当今,计算机的广泛应用已经并且仍在继续改变着我们的世界。一方面,人们为计算机的神奇能力所倾倒。另一方面,人们也为它无力完全满足实际的需要而烦恼。因此,加速计算机的运算速度以提高计算机的运算能力成为计算机科学中心任务之一。

如何加快计算机的运算能力呢?这一问题大体可以从两个方面着手解决。一是制造更为先进的计算机硬件,另一则是设计恰当的计算机运算流程,后者可以称之为“算法”。一类模拟生物进化过程与机制来求解问题的自组织、自适应人工智能技术即进化计算(包括用于机器学习问题的遗传算法,优化模型系统的进化规划和用于数值优化问题的进化策略)的出现为我们寻找快速算法提供了新思路。进化计算是一种仿生计算,依照达尔文的自然选择和孟德尔的遗传变异理论,生物的进化是通过繁殖、变异、竞争、选择来实现的,进化算法就是建立在上述生物模型基础上的随机搜索技术。我们所熟悉的

遗传算法(Genetic algorithms)<sup>[1]</sup>,它通过模拟达尔文的“优胜劣汰,适者生存”的原理鼓励好的个体,通过模拟孟德尔的遗传变异理论在进化过程中保持好的个体,同时寻找更好的个体,由此来模仿一切生命与智能的产生与进化过程。理论上已经证明:进化算法能从概率的意义上以随机的方式寻求到问题的最优解;但在实际应用当中随着问题的复杂和海量的数据量,也出现了一些不尽人意的情况,主要表现在:计算后期解的多样性差即易造成早熟,收敛速度慢等缺点。因此,为克服上述缺点关键是构造性能良好的进化算法。

在改进的进化算法中,有些是将传统寻优算法与遗传算法相结合提出了混合遗传算法<sup>[2,3]</sup>,有些则另辟蹊径提出了新颖的学习算法——量子进化算法<sup>[4]</sup>和免疫进化算法<sup>[5]</sup>,量子力学是 20 世纪物理学最惊心动魄的发现之一,量子计算是物理理论与计算机的成功结合,在量子体系中,一位的信息位不在是经典的 1 比特,而是由两个本征态的任意叠加态所构成即称之为量子比特位(qubit),例如一个  $n$  位二进制的串在量子体系中就可同时表示  $2^n$  个信息,而量子计算机对每个叠加分量(本征态)实现的变换相当于一种经典计算,所有这些经典计算同时完成,并按一定的概率振幅叠加起来,给出量子计算的结果,这种计算称之为量子并行计算<sup>[6]</sup>。正是量子的

并行性使得原来传统计算机无法解决的复杂问题以惊人的速度得以解决,但在量子计算机尚未构成的情况下,为了充分利用量子计算的高效并行性,本文借用了量子进化算法中的量子编码,继承了免疫克隆策略中的克隆算子将二者相结合,提出了量子克隆进化策略算法,并将其应用于函数优化中,与传统进化算法相比较,它具有收敛速度快、寻优能力强的特点。

## 2 基本概念

我们知道,经典计算机的存储单元是比特,它只有两种状态,或者为 0,或者为 1。而量子计算机最基本的存储单元是量子比特(qubit),它是任何一个有二维 Hilbert 态空间的量子体系<sup>[6]</sup>,它的态空间有两个基,记为 $|0\rangle$ 和 $|1\rangle$ <sup>[6]</sup>。与经典计算机中的比特不同的是,量子比特的态可以为任意叠加的态: $|0\rangle + |1\rangle$ ,其中 $\alpha$ 和 $\beta$ 为满足归一化条件 $|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1$ 的任意复数,且称之为概率幅,其平方表示在任何基态出现的概率。由此可得到:如果有 $n$ 位的量子位,可同时表示 $2^n$ 个状态(即 $2^n$ 个信息),因而在对量子比特计算时,一次运算相当于对 $2^n$ 个状态同时操作,这就是量子并行性的由来。所以,一个量子比特所包含的信息要比经典的比特多。

量子算法是相对于经典算法而言的,它最本质的特征就是充分利用了量子态的叠加性和相干性,以及量子比特之间的纠缠性<sup>[6]</sup>,它是量子力学直接进入算法理论的产物。而量子算法与经典算法最主要的区别就是它具有量子并行性。我们也可以从概率算法去认识量子算法,在概率算法中,系统不再处于一个固定的状态,而是对应于各个可能状态有一个几率,即状态几率矢量。如果知道初始状态几率矢量和状态迁移矩阵,通过状态几率矢量和状态转移矩阵相乘可以得到任何时刻的几率矢量。量子算法与此类似,只不过需要考虑量子态的几率幅,因为它们不是平方归一的,所以几率幅相对于经典几率有 $\sqrt{N}$ 倍的放大,状态转移矩阵则用 Walsh-Hadamard 变换、旋转相位操作等酉正变换实现。量子算法作为控制量子计算机运行的程序,显示出高效的运算能力,但目前量子计算机尚未投入应用,只是处在试验模型上,为了更好的利用量子的并行计算,使其在传统的计算机上行之有效,有人将量子比特引入到进化算法中,提出了新颖的学习算法量子进化算法,下面给出它的具体步骤。

## 3 量子进化算法机理分析

### 3.1 量子比特染色体

进化算法的常用编码方式有二进制、十进制和符号编码。在量子进化算法中,采用了一种特殊的编码方式——量子比特编码,即用一对复数来表示一个量子比特,这也正是此算法高效性的所在。一个具有 $m$ 个量子比特位的系统(即为一个量子染色体)可以描述为:

$$\begin{pmatrix} \alpha_1 & \alpha_2 & \dots & \alpha_m \\ \beta_1 & \beta_2 & \dots & \beta_m \end{pmatrix} \quad (1)$$

其中,如前所述, $\alpha_i$ 和 $\beta_i$ 要满足归一化条件。这种表示方法可以表征任意的线性叠加态,例如一个具有如下三对概率幅的 3 量子比特系统:

$$\begin{pmatrix} \frac{1}{\sqrt{2}} & 1 & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{\sqrt{2}} & 0 & \frac{\sqrt{3}}{2} \end{pmatrix} \quad (2)$$

则系统的状态可以表示为:

$$\frac{1}{2\sqrt{2}}|000\rangle + \frac{\sqrt{3}}{2\sqrt{2}}|001\rangle + \frac{1}{2\sqrt{2}}|100\rangle + \frac{\sqrt{3}}{2\sqrt{2}}|101\rangle \quad (3)$$

上式表示状态 $|000\rangle$ , $|001\rangle$ , $|100\rangle$ , $|101\rangle$ 出现的概率分别是 $1/8$ , $3/8$ , $1/8$ , $3/8$ 。由此我们很清楚的看到一个 3 量子比特系统表示了四个状态叠加的信息,即它同时表示出四个状态的信息。

因此通过使用量子比特染色体增加了算法的解的多样性。如在上例中,一个量子染色体足以表示四个状态,而在传统进化算法中至少需要四个染色体( $000$ ),( $001$ ),( $100$ ),( $101$ )来表示;同时此算法也具有好的收敛性,随着 $t$ 趋于 1 或 0,量子比特染色体收敛于一个状态,这时多样性消失,算法收敛。

### 3.2 量子进化算法(QEA)

QEA 是一种和进化算法近似的概率算法,种群由量子染色体构成,在第 $t$ 代的染色体种群为 $Q(t) = \{q_1^t, q_2^t, \dots, q_n^t\}$ ,其中 $n$ 为种群大小, $t$ 为进化代数, $m$ 为量子比特染色体的比特数, $q_j^t$ 为定义如下的染色体:

$$q_j^t = \begin{pmatrix} \alpha_j^t & \beta_j^t & \dots & \gamma_j^t \\ \delta_j^t & \epsilon_j^t & \dots & \zeta_j^t \end{pmatrix}, \quad j = 1, 2, \dots, n \quad (4)$$

下面介绍量子进化算法(QEA)的一般步骤:

初始化进化代数 $t = 0$ ;

初始化种群 $Q(t)$ ;(即初始时赋予概率幅为 $[ -1, 1 ]$ 的实数)

由 $Q(t)$ 生成 $P(t)$ ;

个体交叉、变异操作,生成新的 $P(t)$ ;

评价群体 $P(t)$ 的适应度,保存最优解;

停机条件判断:当满足停机条件时,输出当前最优个体,算法结束,否则继续;

更新 $Q(t)$ , $t = t + 1$ ,转到 ;

在此算法中值得指出的是,第 $i$ 步和第 $j$ 步,其中 $Q(t)$ 为量子染色体种群, $P(t)$ 为二进制染色体种群,在第 $t$ 代中 $P(t) = \{x_1^t, x_2^t, \dots, x_n^t\}$ ,每个二进制解 $x_j^t$ ( $j = 1, 2, \dots, n$ )是长度为 $m$ 的二进制串,它是以 $|0\rangle$ 或 $|1\rangle$ ( $i = 1, 2, \dots, m$ )为概率选择得到的。“由 $Q(t)$ 生成 $P(t)$ ”具体操作如下:随机产生一个 $[0, 1]$ 数,若它大于 $|\alpha_j^t|^2$ ,取值 1,否则取值 0。在“更新 $Q(t)$ ”中,由三种方法:传统意义上的交叉、变异操作;随机产生概率幅值;根据量子的叠加特性和量子跃迁的理论,可以运用一些合适的量子门<sup>[6]</sup>变换来产生新的 $Q(t)$ ,在本文算法中只采用第二种即随机产生的方法来更新。很显然,由于在量子进化算法中采用量子比特染色体,使得一个 $m$ 位的二进制串(染色体)在没通过观察之前,携带了 $2^m$ 个染色体的信息,这既保持了群体的多样性,又加快了收敛速度(量子的并行性)。本文算法中借鉴了基于细胞克隆选择学说的克隆算子<sup>[5]</sup>,它可有效解决多峰值函数优化,下面给出它的理论构架。

### 4 克隆算子

如前所述,进化算法在解决优化问题时虽具有简单、通用、鲁棒性等特点,但在搜索后期由于其算法的盲目性和随机性,就会出现退化早熟现象.为了防止这类现象的发生,就是要增大优良个体的比例减少坏个体的不良影响,即利用有用信息来指导进化.基于此杜海峰等人提出了免疫克隆策略算法<sup>[5]</sup>,算法中主要提出了克隆算子,包括三个步骤:克隆、克隆变异和克隆选择.其抗体群的状态转移情况可以表示成如下的随机过程:

$$C_q : A(k) \xrightarrow{\text{clone}} A(k) \xrightarrow{\text{mutation}} A(k) \xrightarrow{\text{selection}} A(k+1)$$

值得说明的是:抗原、抗体、抗原和抗体之间的亲合度分别对应优化问题的目标函数和各种约束条件、优化解、解与目标函数的匹配程度.克隆算子就是依据抗体与抗原的亲合度函数  $f(\cdot)$ ,将解空间中的一个点  $a_i(k) \in A(k)$  分裂成了  $q_i$  个相同的点  $a_i(k) \in A(k)$ ,经过克隆变异和克隆选择后获得新的抗体.其实质是在一代进化中,在候选解的附近,根据亲合度的大小,产生一个变异解的群体,从而扩大搜索范围.

很显然,在克隆算子中,为了保持解的多样性而扩大空间搜索范围,采取对父代进行克隆复制的策略,其解空间变大是以计算时间增长为代价的,由于量子进化算法具有量子并行运算的特点.因此,本文将二者相结合,提出了量子克隆进化策略算法,是一种解决多峰值函数优化问题行之有效的快速方法.

### 5 量子克隆进化策略算法(QCES)

#### 5.1 量子克隆进化策略算法

本算法仍然借用量子进化算法中的量子比特染色体,并对量子染色体进行克隆、变异、选择,由于量子染色体携带了多个个体的信息,对量子染色体进行进化操作,程序的额外开销少.下面给出算法的具体步骤:

- 初始化进化代数:  $t=0$ ;
- 初始化种群  $Q(t) : i = 1/\sqrt{2}$ ; (初始时以等概率出现)
- 克隆  $Q(t)$  生成  $Q(t)$ ;
- 对  $Q(t)$  进行高斯变异生成  $Q(t)$ ;
- 通过选择压缩  $Q(t)$  生成  $Q(t+1)$ ;
- 评价种群  $Q(t+1)$  的亲合度,保存最优解;
- 停机条件判断:当满足停机条件时,输出当前最优个体,算法结束,否则继续;

$t = t + 1$ , 转到 ;

值得指出的是,本算法中克隆采取的是等比例复制,克隆选择是在克隆群体中选择亲合度最好的保留下来,并且要保证经选择后群体规模与克隆前一样.在本算法中对于多峰值函数优化问题亲合度采用目标函数值来度量.计算种群  $Q$  的亲合度采用前面提到的量子进化算法中第一步生成二进制染色体后解码求函数值.

#### 5.2 算法的收敛性

**定理 1** 量子克隆进化策略算法的种群序列  $\{X_k, k \geq 0\}$

是有限齐次马尔可夫链.

**证明** 由于 QCES 采用量子比特染色体  $Q$ ,对于 CEA,染色体的取值是离散的 0、1,假设染色体长度为  $L$ ,种群规模为  $N$ ,种群所在的状态空间大小是  $N * 2^L$ .由于  $Q$  的取值是连续的,所以理论上种群所在的状态空间是无限的,但另一方面,实际运算中  $Q$  是有限精度的,设其维数为  $v$ ,则种群所在的状态空间大小为  $N * v^L$ ,因此种群是有限的,而算法中采用的克隆、克隆变异、克隆选择都与  $k$  无关(由文献[5]给出的定义保证),所以  $X_{k+1}$  仅与  $X_k$  有关,即  $\{X_k, k \geq 0\}$  是有限齐次马尔可夫链.证毕.

设  $X_k = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ ,下标  $k$  表示进化的代数,  $X_k$  表示在第  $k$  代时的一个种群,  $x_i$  表示第  $i$  个个体.设  $f$  是  $X_k$  上的亲合度函数其中,令

$$s^* \{x\} \max_{x \in X_k} f(x) = f^* \tag{5}$$

称  $s^*$  为最优解集,其中  $f^*$  为全局最佳值,则有如下定义.

**定义 1** 设  $f_k = \max_{x_i \in X_k} \{f(x_i) : i = 1, 2, \dots, N\}$  是一个随机变量序列,该变量代表在时间步  $k$  状态中的最佳的亲合度.如果当且仅当

$$\lim_k P\{f_k = f^*\} = 1 \tag{6}$$

则称算法收敛.即表明当算法迭代到足够多的次数后,群体中包含全局最优解的概率接近 1.

**定理 2** 对于量子克隆进化策略算法马尔可夫链序列的种群满意值序列是单调不减的,即对于任意的  $k \geq 0$ ,有  $f(X_{k+1}) \geq f(X_k)$ ,即种群中的任何一个个体都不会退化.

**证明** 显然,由于在本算法中采用保留最优个体来进行克隆选择,因此保证了每一代个体都不会退化.

**定理 3** 量子克隆进化策略算法是以概率 1 收敛的.

**证明** 由上所述,本算法的状态转移由马尔可夫链来描述.我们将规模为  $N$  的群体认为是状态空间  $S$  中的某个点,用  $s_i \in S$  表示  $s_i$  是  $S$  中的第  $i$  个状态,相应本算法  $s_i = \{x_1, x_2, \dots, x_N\}$ ,显然  $X_k^i$  表示在第  $k$  代时种群  $X_k$  处于状态  $s_i$ ,其中随机过程  $\{X_k\}$  的转移概率为  $p_{ij}(k)$ ,则

$$p_{ij}(k) = P\{X_{k+1}^j | X_k^i\} \tag{7}$$

下面给出  $p_{ij}(k)$  两种特殊情况:设  $I = \{i | s_i \in s^*\}$

(1) 当  $i \in I, j \notin I$  时:由于式(8)和定理 2 使得

$$p_{ij}(k) = 0 \tag{8}$$

即当父代出现最优解时不论经历多少代的进化最优解都不会退化.

(2) 当  $i \notin I, j \in I$  时:由定理 2 可知:  $f(X_{k+1}^j) > f(X_k^i)$ ,所以

$$p_{ij}(k) > 0 \tag{9}$$

在讨论了转移概率的两种特殊情况后,我们来证明式(6).

设  $p_i(k)$  为种群  $X_k$  处在状态  $s_i$  的概率,  $p_k = \sum_{i \in I} p_i(k)$ ,则由马尔科夫链的性质可知:

$$\begin{aligned} p_{k+1} &= \sum_{s_i} p_i(k) p_{ij}(k) \\ &= \sum_{i \in I} p_i(k) p_{ij}(k) + \sum_{i \notin I} p_i(k) p_{ij}(k) \end{aligned} \tag{10}$$

由于

$$\sum_{i \in I} p_i(k) p_{ij}(k) + \sum_{i \in I} p_i(k) p_{ij}(k) = \sum_{i \in I} p_i(k) = p_k \quad (11)$$

因此

$$\sum_{i \in I} p_i(k) p_{ij}(k) = p_k - \sum_{i \in I} p_i(k) p_{ij}(k) \quad (12)$$

把式(12)代入式(10),再利用式(9)和式(8),则:

$$0 \leq p_{k+1} < \sum_{i \in I} p_i(k) p_{ij}(k) + p_k = p_k \quad (13)$$

因此:

$$\lim_k p_k = 0 \quad (13)$$

又因为  $\lim_k P\{f_k = f^*\} = 1 - \lim_k \sum_{i \in I} p_i(k) = 1 - \lim_k p_k$  和式(13)

可知

$$\lim_k P\{f_k = f^*\} = 1 \quad (14)$$

即所有包含在非全局最优状态中的概率收敛于 0. 则包含在全局最优状态中的概率收敛为 1. 证毕.

### 6 仿真试验

本算法不仅能够保证种群中解的多样性,而且具有很强的搜索能力,所以量子比特染色体和克隆算子的引入提高了进化计算处理多峰函数优化问题的能力. 以下面三个测试函数<sup>[1,7,8]</sup>为例,比较量子克隆进化策略算法(QCES)与传统进化算法(CEA)的空间搜索性能与收敛速度.

$$f_1 = 1 + x \sin(4 - x) - y \sin(4 - y) + \frac{\sin(6 \sqrt{x^2 + y^2})}{6 \sqrt{x^2 + y^2} + 0.0000000000000001}, \quad x, y \in [-1, 1]$$

$$f_2 = x^2 + y^2 - 0.3 \cos 3x + 0.3 \cos 4y + 0.3, \quad x, y \in [-1, 1]$$

$$f_3 = nA + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - A \cos(2x_i)), \quad x_i \in [-5.12, 5.12]$$

函数  $f_1$  是文献[8]给出的测试函数,它是一个多峰值函数,在其定义域内  $[-1, 1]$  有多个局部极值点. 函数  $f_2$  是 Bohachevsky 的测试函数 3, 最优解为  $-0.1848$ . 函数  $f_3$  称为 Rastigrin 函数,它是一个多峰值函数,在上述定义域内有多个局部最小点,其中最优解为 0.

为了便于比较,我们针对两种算法采用统一的参数,精度取  $10^{-3}$ ,对函数  $f_1$  和  $f_2$  种群规模为 50, 变异概率为 0.1, 最大进化代数 500; 对函数  $f_3$  种群规模为 50, 变异概率也为 0.1, 最大进化代数为 1000. 图 1 中给出分别采用 QCES 和 CEA 对函数  $f_1$  和  $f_2$  一次优化的结果(特别指出为了直观地反映最优值的分布情况特将函数  $f_2$  取反绘出,且图 1 中的 (b)、(d) 的进化的代数为 50 的情况),其中“\*”表示最终的最优值,从图 1 中反映出 QCES 解集的多样性要明显优于 CEA. 图 2 中给出一次运行结果的收敛性比较(其中实线为 QCES,虚线为 CEA),从中也反映出 QCES 具有较快的收敛性.

表 1 中给出独立 10 次试验的统计结果,发现由于采用量子比特染色体,在种群规模较小时仍能获得满意的解,这样在实际应用中可节省计算的时间和空间. 对于函数  $f_3$ , 当  $n=6$  时,传统的进化算法根本无法收敛到最优解,故在表 1 的相应框中用“/”来表示无法统计. 在表 1 中可以看到 QCES 一次运

行的时间有所增加,这是由于本算法比传统的进化算法多了两步(即量子染色体生成普通二进制染色体和克隆复制),但解的性能有了明显提高.

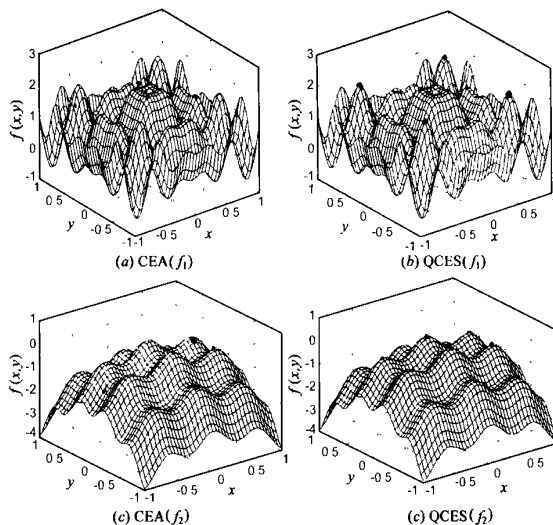


图 1 不同算法对函数  $f_1$  和  $f_2$  的优化结果

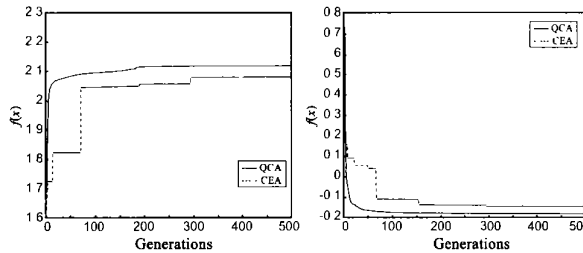


图 2 不同算法的收敛性能比较

表 1

| 采用的优化方法 | 函数         | $f_1$ |      | $f_2$ |      | $f_3(n=6)$ |       |
|---------|------------|-------|------|-------|------|------------|-------|
|         | 种群数        | 10    | 50   | 10    | 50   | 10         | 50    |
| QCES    | 找到最优解次数    | 10    | 10   | 10    | 10   | 8          | 10    |
|         | 一次运行的时间(s) | 0.18  | 0.34 | 0.14  | 0.32 | 8.46       | 50.12 |
| CEA     | 找到最优解次数    | 3     | 6    | 4     | 6    | /          | /     |
|         | 一次运行的时间(s) | 0.14  | 0.26 | 0.12  | 0.22 | /          | /     |

### 7 结论与讨论

本文借鉴了量子进化算法中的量子比特染色体并与人工免疫系统中的克隆算子相结合提出了一种学习算法——量子克隆进化策略算法. 通过理论分析与仿真试验表明,该算法与传统的进化算法相比,保持了解的多样性,有效克服了早熟问题,而且收敛速度快.

#### 参考文献:

[1] 陈国良,王煦法,庄镇泉,王东生. 遗传算法及其应用 [M]. 北京:人民邮电出版社,1997.  
 [2] Ahuja Ravindra K. Greedy genetic algorithm for the quadratic assign

- ment problem [J]. Computers and Operations Research, Elsevier Science Ltd, 2000, 10(27): 917 - 934.
- [ 3 ] YU Hong-mei, YAO Ping-jing. Combined genetic algorithm/ simulated annealing algorithm for large-scale system energy integration [J]. Computers and Chemical Engineering, Elsevier Science Ltd, 2000, 8(24): 2023 - 2035.
- [ 4 ] 杨淑媛, 刘芳, 焦李成. 量子进化策略 [J]. 电子学报, 2001, 29(12A): 1873 - 1877.
- [ 5 ] 焦李成, 杜海峰. 人工免疫系统进展与展望 [J]. 电子学报, 2003(10): 1540 - 1548.
- [ 6 ] 戴葵, 宋辉, 刘芸, 谭明峰. 量子信息技术引论 [M]. 湖南长沙: 国防科技大学出版社, 2001.
- [ 7 ] 杜海峰, 王孙安. 基于 ART—人工免疫网络的数据浓缩方法研究 [J]. 模式识别与人工智能, 2001, 14(4): 401 - 405.
- [ 8 ] 潘正军, 康立山, 等. 演化计算 [M]. 北京: 清华大学出版社, 1998.

### 作者简介:



刘 芳 女, 1963 年生于北京市, 现为西安电子科技大学教授, 主要研究领域包括: 网络智能信息处理与模式识别.



李阳阳 女, 1979 年生于河南省开封市, 现为西安电子科技大学在读博士生, 主要研究领域包括: 进化算法、模式识别与数据挖掘等.