

免疫进化聚类算法

刘 静, 钟伟才, 刘 芳, 焦李成

(西安电子科技大学雷达信号处理国家重点实验室, 陕西西安 710071)

摘 要: 本文在分析经典聚类算法和基于遗传的聚类算法的优越性与存在不足的基础上, 提出了一种新的聚类算法——免疫进化聚类算法. 该算法不仅有效地克服了经典聚类算法易陷入局部极小值和对初始化敏感的缺点, 并且减轻了基于遗传的聚类算法在遗传后期的波动现象. 仿真实验表明, 该算法的聚类正确率比基于遗传的聚类算法平均高 8~16 个百分点.

关键词: 聚类分析; FCM; 遗传算法; 免疫进化算法

中图分类号: TN957 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2001) 12A-1868-05

A Novel Clustering Based on the Immune Evolutionary Algorithm

LIU Jing, ZHONG Wei-cai, LIU Fang, JIAO Li-cheng

(Key Lab for Radar Signal Processing, Xidian University, Xi'an, Shaanxi 710071, China)

Abstract: A novel clustering algorithm is developed by using immune evolutionary method after analyzing the advantages and disadvantages of the classical clustering algorithm and the GA-based clustering algorithm. It not only avoids the local optima and is robust to initialization, but also evidently restrains the degenerating phenomenon during the evolutionary process. The experimental results show that the correct ratio of our algorithm is higher than GA-based clustering algorithm by 8~16 percent.

Key words: clustering analysis; FCM; genetic algorithm; immune evolutionary algorithm (IEA)

1 引言

聚类分析 (Clustering Analysis) 是一种无监督的模式识别方式. 其任务是把一个未标记的模式按某种准则划分成若干子集, 要求相似的样本尽量归为同一类, 而不相似的样本应在不同的类. 故又称无监督分类. 聚类分析已广泛应用于数据挖掘^[1]、图像分割^[2]、图像中物体的检测^[3]、雷达目标检测^[4]等方面.

聚类有许多种不同的分类方式. 按聚类准则不同聚类算法可分为: 基于模糊关系的聚类算法, 包括谱系聚类、图论聚类, 和基于目标函数的聚类算法, 如硬 C-均值聚类、模糊 C-均值聚类. 后者把聚类问题归结为优化问题, 从而成为当今研究的主流.

对于优化聚类目标函数的算法, 一般都采用梯度法求解极值, 由于梯度法的搜索方向总是沿着能量减少的方向, 使得算法很容易陷入局部极小值. 对初始化敏感是基于目标函数的聚类算法的又一严重缺点. 为了克服上述缺点, 最近人们提出了各种算法对目标函数进行优化, 1989 年徐雷提出模拟退火法对硬分类矩阵 U 进行退火处理的硬 C-均值算法^[5]; 1993 年 K. S. Asultan 和 S. Selim 提出利用模拟退火法对模糊分类矩阵 U 进行退火处理的模糊 C-均值算法^[6]; 1994 年 G. P. Babu

和 Mu. Murty 两人提出利用进化策略对目标函数进行聚类的方法^[7], 1995 年刘健庄、谢维信等人提出用遗传算法进行硬聚类和模糊聚类的分析方法^[8]. 由于进化算法固有的缺点, 在进化过程中不可避免地产生了退化的可能, 导致了进化后期的波动现象并且迭代次数过长和聚类准确率不很高.

2 免疫进化算法

众所周知, 传统的进化算法是一种具有“生成 + 检测”的迭代过程的搜索算法. 这种算法多是由体现群体搜索和群体中个体之间信息交换的两大策略的交叉和变异算子组成, 为每个个体提供了优化的机会, 即进化的趋势, 然而不可避免地产生了退化的可能, 在某些情况下, 这种退化现象还相当明显. 免疫进化算法 (the immune evolutionary algorithm—IEA)^[10] 借鉴生命科学中的免疫概念和理论, 在保留原算法优良特性的前提下, 力

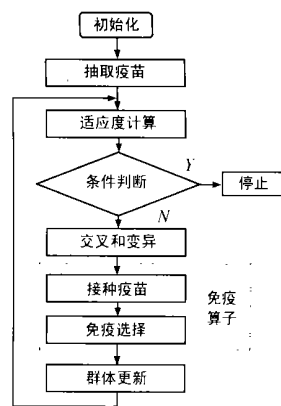


图 1 免疫进化算法流程图

图有选择、有目的地利用待求问题中的一些特征或知识来抑制其优化过程中出现的退化现象。免疫进化算法的核心在于免疫算子的构造,而免疫算子又是通过接种疫苗和免疫选择两个步骤来完成的。免疫进化算法能提高个体的适应度和防止群体的退化,从而达到减轻原有进化算法后期的波动现象和提高收敛速度。免疫进化算法的主要步骤为^[10]:

- Step 1. 随机产生初始化父代种群 A_1 ;
- Step 2. 根据先验知识抽取疫苗;
- Step 3. 若当前群体中包含最佳个体,则停止运行并输出结果,否则继续;
- Step 4. 对目前的第 k 代种群 A_k 进行交叉操作,得到种群 B_k ;
- Step 5. 对 B_k 进行变异操作,得到种群 C_k ;
- Step 6. 对 C_k 进行接种疫苗,得到种群 D_k ;
- Step 7. 对 D_k 进行免疫选择,得到新一代父本 A_{k+1} ,转至 Step 3;

值得注意的是,选取疫苗的优劣,生成抗体的好坏,会严重影响免疫算子中接种疫苗作用的发挥,但不会涉及到算法的收敛性^[11]。

3 免疫进化算法求解聚类问题

用免疫进化算法求解聚类问题,首先要解决以下几个问题:(1)如何将聚类问题的解编码到基因串;(2)如何构造适应度函数来度量每个基因串对聚类问题的适应程度;(3)如何选择遗传算子,确定各个操作参数取值;(4)如何提取免疫疫苗,确定操作参数取值。其中第(4)步是较为困难的一步,也是较为关键的一步。下面我们基于免疫进化算法的模糊 C-均值算法(IFCM)为例,说明免疫进化算法求解聚类问题的一般步骤,后面我们给出基于免疫进化算法的模糊 C-球壳聚类算法(IFCSS)、基于免疫进化算法的模糊 C-线聚类算法(IFCL)及基于免疫进化算法的硬聚类算法。

3.1 基于免疫进化算法的模糊 C-均值聚类算法

模糊 C-均值(FCM)的目标函数为:

$$J(X; U, V) = \sum_{k=1}^c \sum_{i=1}^m u_{ik}^m D_{ik}^2 \quad (1)$$

$$D_{ik}^2 = (x_k - v_i)^T (x_k - v_i) \quad (2)$$

这里 D_{ik} 为第 k 个数据点到第 i 个聚类中心的距离, $V = (v_1, v_2, \dots, v_c)$, 表示各类的聚类中心, $v_i \in R^p$, $m = (1, \dots)$ 为模糊指数, $X = (x_1, x_2, \dots, x_n) \subset R^p$, 其中

$$U = \{ U \in R^{c \times n} \mid u_{ik} \in [0, 1], \forall i, k; \sum_{i=1}^c v_{ik} = 1, \forall k;$$

$$0 < \sum_{k=1}^n u_{ik} < n, \forall i \}$$

(a) 编码方式^[9]

由目标函数 $J(X; U, V)$ 可知,聚类的最终目标是获得样本 X 的一个模糊划分矩阵 U 和聚类的原型 V , U 和 V 是相关的,因此我们可以由两种编码方案。第一种我们对 U 编码。设有 n 个样本要分成 c 类,用基因串 $a = \{ a_1, a_2, \dots, a_n \}$ 来表示某一分类结果,其中 $a_i \in \{ 1, 2, \dots, c \}$, 当 a_i 取值为 k 时 ($1 \leq k \leq c$) 表示 x_i 属于第 k 类。这种方案的搜索空间为 c^n , 通常情

况下,数据集样本较大,采用这种编码方案的搜索空间就很大,因此我们一般采用第二种编码方式。在第二种编码方案中,我们对聚类原型 V 进行编码,根据各自取值范围,将其量化值编码成串。其形式为: $a = (a_1, a_2, \dots, a_l)$, 其中 $l = c \times p$, a 中前 p 个量化值代表第一个 p 维聚类中心,依次类推。若对每个坐标作 $2^8 = 256$ 级量化,则搜索空间为 $2^{8 \times c \times p}$, 量化级数越多,精确度越高,则计算量越大,但它不随数据样本 n 而变化。

(b) 适应度函数的构造

由聚类目标函数 $J(X; U, V)$ 可知,聚类效果越好则目标函数越小,我们可采用下列方式来构造适应度函数 f :

$$f = \frac{1}{J(X; U, V) + 1} \quad (3)$$

(c) 遗传算子的选取及参数范围

交叉算子有一点式交叉、两点式交叉和多点式交叉等等,我们选取其中之一即可。变异算子是以一定的概率将所选的个体的基因取反。我们也可采用一种基因逆转的变异算子,即在父代中随机产生一个基因段并将该基因段中的基因逆转,它主要防止遗传中的“早熟”现象。选择方法一般采用轮盘赌选择方式和基于排名的选择方式(Ranking Selection)。一般交叉概率 $P_c \in [0.7, 0.95]$, $P_m \in [0.001, 0.01]$ 或 $[0.1, 0.3]$ 。

(d) 免疫疫苗的提取和参数范围

免疫疫苗的提取通常由两种^[10],一种视具体分析待求问题,搜集特征信息,进而制作免疫疫苗;另一种是自适应方法,即在群体进化过程中从其最佳个体的基因中提取有效信息,从而制作疫苗。前者由于以下两个原因而受到限制,一是对待求问题一时难以形成较为成熟的先验知识,无法从分析问题的过程中提取出合适的特征信息,因此得不到有效的免疫疫苗。二是提取疫苗的工作代价太大,超出了其在寻找全局最优解过程中的比例。所以在基于免疫进化的聚类算法中,我们采用自适应提取疫苗方法。

由上面的分析,我们可得到:

算法:基于免疫进化算法的模糊 C-均值聚类算法(IFCM)

Step 1. 固定聚类类数 $c, 1 \leq c \leq n - 1$. 设定模糊指数 $m, m = (1, + \dots)$. 设定终止条件 S_c , 种群总个体数为 population, 交叉概率 P_c , 变异概率 P_m , 接种疫苗概率 P_i , 疫苗更新概率 P_v ;

Step 2. 随机产生个体数为 population 的种群 $P(k), k = 0$;

Step 3. 计算每个个体的适应度;

Step 31. 对每个个体进行解码,计算出各个原型参数 $\{ v_i, 1 \leq i \leq c \}$;

Step 32. 利用 $\{ v_i, 1 \leq i \leq c \}$ 及式(2)计算 D_{ik}^2 ;

Step 33. 利用式(4)计算 $U = [u_{ik}]_{c \times n}$;

$$I_k = \phi \Rightarrow u_{ik} = \frac{1}{c \left[\frac{d_{ik}^2}{d_{jk}^2} \right]^{\frac{1}{m-1}}} \quad (4a)$$

$$I_k = \bar{\phi} \Rightarrow u_{ik} = 0, \forall i \in \bar{I}_k, u_{ik} = 1, i \in I_k \quad (4b)$$

其中 $I_k = \{ i \mid 1 \leq i \leq c, d_{ik} = 0 \}, \bar{I}_k = \{ 1, 2, \dots, c \} - I_k$.

Step 34. 利用 U, D_{ik} 及式(1) 计算目标函数 $J(X; U, V)$, 进而计算出每个个体的适应度 f ;

Step 4. 统计父代群体, 确定最佳个体, 然后分解最佳个体, 抽取免疫疫苗 $H = \{h_i | i = 1 \sim m\}$;

Step 5. 以 P_c 和 P_m 的概率分别对 $P(k)$ 进行交叉和变异操作, 得到种群 $P(k)$;

Step 6. 对种群 $P(k)$ 进行接种疫苗和免疫选择, 得到种群 $P(k+1)$;

Step 7. 如果满足终止条件 S_c , 转向 Step 8, 否则转向 Step 3;

Step 8. 对最好个体进行译码, 计算出聚类原型 $v_i, 1 \leq i \leq c$, 在计算出各个样本的分类结果, 这个分类结果就作为数据集 X 的聚类结果.

3.2 基于免疫进化算法的模糊 C-球壳算法

模糊 C-球壳的目标函数为:

$$J(X; U, V, R) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c u_{ik}^m D_{ik}^2 \quad (5)$$

$$D_{ik}^2 = (\|x_k - v_i - r_i\|)^2 \quad (6)$$

这里 D_{ik} 为第 k 个数据点到第 i 个球壳的距离, $V = (v_1, v_2, \dots, v_c)$ 表示各类的聚类中心, $v_i \in R^p$. $R = (r_1, r_2, \dots, r_c)$ 表示各类的壳半径. m (> 1) 为模糊指数. $X = (x_1, x_2, \dots, x_n) \subset R^p$, 其中

$$U = \{U \in R^{c \times n} | u_{ik} \in [0, 1], \forall i, k; \sum_{i=1}^c v_{ik} = 1, \forall k; 0 < \sum_{k=1}^n u_{ik} < n, \forall i\}$$

在经典的算法中, 采用梯度下降法对目标函数进行优化, 易陷入局部极小值. 特别是同心圆、半圆分布的数据的聚类结果不理想, 而基于遗传算法的模糊 C-球壳聚类算法 (FCSS) 在遗传后期出现波动现象. 免疫进化算法则可以克服这些缺点, 从而提高了聚类的准确率. 我们用免疫进化算法用于模糊 C-球壳聚类算法的目标函数的优化, 除了编码方式、适应度计算方法不一样外, 整个算法流程图与算法 1 是一样的. 这里给出模糊 C-球壳聚类算法的编码方式和适应度计算方法.

(a) 编码方式

我们对 FCSS 算法的聚类原型进行编码. 第 i 类的原型由 $\{v_i, r_i\}$ 表示, 把 $\{v_i, r_i, 1 \leq i \leq c\}$ 排成如下形式:

$$\{v_{11}, v_{12}, \dots, v_{1p}, r_1; v_{21}, v_{22}, \dots, v_{2p}, r_2; v_{c1}, v_{c2}, \dots, v_{cp}, r_p\}$$

对上述各个字符进行 8bits 编码, 并按顺序组成一个基因串.

(b) 适应度函数的计算方法

个体的适应度函数我们采用式(3), 过程如下:

Step 1. 对每个个体进行解码, 计算出各个原型参数 $\{v_i, r_i, 1 \leq i \leq c\}$;

Step 2. 利用 $\{v_i, r_i, 1 \leq i \leq c\}$ 及式(6) 计算 D_{ik}^2 ;

Step 3. 利用式(4) 计算 $U = [u_{ik}]_{c \times n}$;

Step 4. 利用 U, D_{ik} 及式(5) 计算目标函数 $J(X; U, V)$, 进而计算出每个个体的适应度 f ;

3.3 基于免疫进化算法的模糊 C-线聚类算法 (IFCL)

模糊 C-线聚类算法 (FCL: fuzzy c-lines) 是以 p 维空间的线

作为聚类原型, 以 p 维空间的点到线原型的垂直距离作为距离度量, 能够对线性分布的数据进行聚类分析. 模糊 C-线聚类算法的目标函数为:

$$J(X; U, V) = \sum_{k=1}^n \sum_{i=1}^c u_{ik}^m D_{ik}^2 \quad (7)$$

$$D_{ik}^2 = (x_k - v_i)^T (x_k - v_i) - (\langle x_k - v_i, s_i \rangle)^2 \quad (8)$$

这里 D_{ik} 为第 k 个数据点到第 i 条线的距离. 其中 v_i, s_i 为第 i 线上的一点和单位方向矢量, $\langle \cdot, \cdot \rangle$ 为 \cdot 的内积. $X = (x_1, x_2, \dots, x_n) \subset R^p$, 其中

$$U = \{U \in R^{c \times n} | u_{ik} \in [0, 1], \forall i, k; \sum_{i=1}^c v_{ik} = 1, \forall k; 0 < \sum_{k=1}^n u_{ik} < n, \forall i\}$$

经典的模糊 C-线聚类算法也是采用梯度下降法对目标函数进行优化. 模糊 C-线聚类算法与模糊 C-均值聚类算法相比, 陷入局部极小值的可能性更大, 对初始化的要求更高, 为了克服 FCL 的这些缺点和遗传算法后期波动缺点, 我们采用免疫进化算法对目标函数进行优化, 取得了较好的效果. 我们用免疫进化算法用于模糊 C-线聚类算法的目标函数的优化, 除了编码方式、适应度计算方法不一样外, 整个算法流程图与算法 1 是一样的. 这里给出模糊 C-线聚类算法的编码方式和适应度计算方法.

(a) 编码方式

IFCL 算法中我们采用对聚类原型进行编码的方式, 由于直接对 $\{v_i, s_i, 1 \leq i \leq c\}$ 进行编码时, s_i 经交叉变异后不再是单位向量, 所以我们采用对直线上的两点进行编码的方式. 设直线上的两点 v_i^1 和 v_i^2 , 把 $\{v_i^1, v_i^2, 1 \leq i \leq c\}$ 排成如下的形式: $\{v_1^1, v_1^2, v_2^1, v_2^2, \dots, v_c^1, v_c^2\}$, 然后对各个字符进行编码.

(b) 适应度函数的计算方法

个体的适应度函数我们采用式(3). 过程如下:

Step 1. 对每个个体进行解码, 计算出各个原型参数 $\{v_i^1, v_i^2, 1 \leq i \leq c\}$;

Step 2. 利用 $\{v_i^1, v_i^2, 1 \leq i \leq c\}$, 式(8) 和式(9) 计算 D_{ik}^2 ;

$$s_i = \frac{v_i^1 - v_i^2}{\|v_i^1 - v_i^2\|} \quad (9)$$

Step 3. 利用式(4) 计算 $U = [u_{ik}]_{c \times n}$;

Step 4. 利用 U, D_{ik} 及式(7) 计算目标函数 $J(X; U, V)$, 进而计算出每个个体的适应度 f ;

3.4 基于免疫进化算法的硬聚类算法

上面的 IFCM 算法、IFCSS 算法和 IFCL 算法都是模糊聚类算法. 我们同理也可以得到相应的基于免疫进化算法的硬聚类算法. 算法的流程图分别与相应的 IFCM 算法、IFCSS 算法和 IFCL 算法相同, 只要把相应的模糊划分矩阵变为硬划分矩阵即可.

4 基于免疫进化算法的聚类算法的实验结果

基于免疫进化算法聚类算法适用于任意维数的数据聚类. 为了显示的方便, 我们仅给出了 2D 数据集. 为了显示基于免疫进化的聚类算法的优越性能, 我们给出如下实例:

实验 1 图 2(a) 显示了一组包含了四类的原始数据集.

它共有 50 个数据点. 在试验中, 总个体数、交叉概率、变异概率、模糊指数分别为 100、0.95、0.3 和 2.0; 个体接种疫苗概率和疫苗更新概率分别为 0.3 和 0.9; 终止条件是群体的最佳适应度值在 100 次连续迭代过程中不被更新; 退火选择中的退火温度按下式计算:

$$T_k = \ln\left(\frac{T_0}{k} + 1\right), T_0 = 300 \quad (10)$$

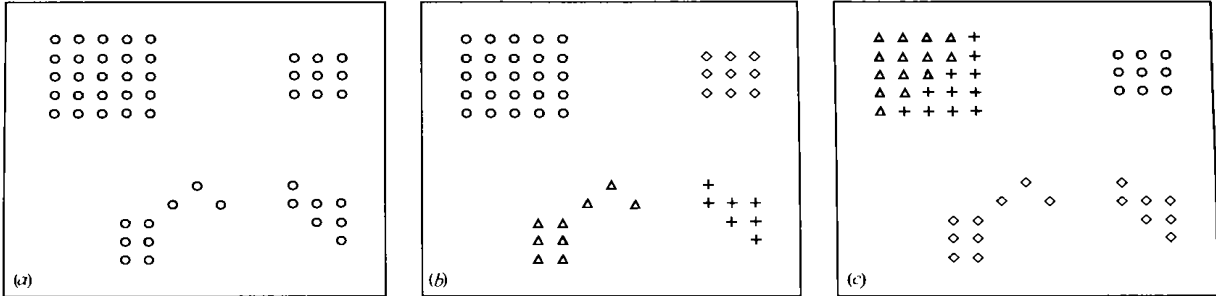


图 2 4-均值聚类. (a) 原始数据集; (b) 采用 GA 和 IEA 聚类结果; (c) 经典 FCM 算法的聚类结果. 用符号“ ”、“ ”、“+”和“ ”分别表示第 1、2、3、4 类.

表 1 三种算法的性能比较

	经典 FCM	GAFCM	IEAFCM
正确率	75 %	100 %	100 %
目标函数最优值	197.59	127.42	127.37

实验 2 图 3(a) 显示了一组包含两类原始球壳分布数据集. 它共有 128 个数据点. 在试验中, 我们取与实验 1 相同的参数. 图 3(b) 是基于免疫进化和基于遗传的模糊 c-球壳聚类

其中 k 为进化代数. 图 2(b) 是基于免疫进化和基于遗传的模糊 c-均值聚类算法的结果, 图 2(c) 是经典模糊 c-均值算法得到的一个结果. 每种算法运行 50 次后, 得到这三种算法的性能比较, 见表 1. 从表 1 中, 我们可以看到经典 FCM 算法的聚类正确率只有 75%, 而 IFCM 和 GFCM 的聚类正确率为 100%, 但 IFCM 的目标函数最优值比 GFCM 略小. 因此 IFCM 算法比其它两种算法更容易找到问题的最优解或次最优解.

算法的结果, 图 3(c) 是经典模糊 c-球壳算法得到的一个结果. 每种算法运行 50 次后, 得到这三种算法的性能比较, 见表 2. 从表 2 的结果我们可以看到, 经典 FCSS 算法的聚类正确率是很低, 很明显, IFCSS 算法比经典 FCSS 算法和 GFCSS 算法更容易收敛到最优解或次最优解. 且 IFCSS 的聚类正确率比 GFCSS 的聚类正确率要高 10 个百分点.

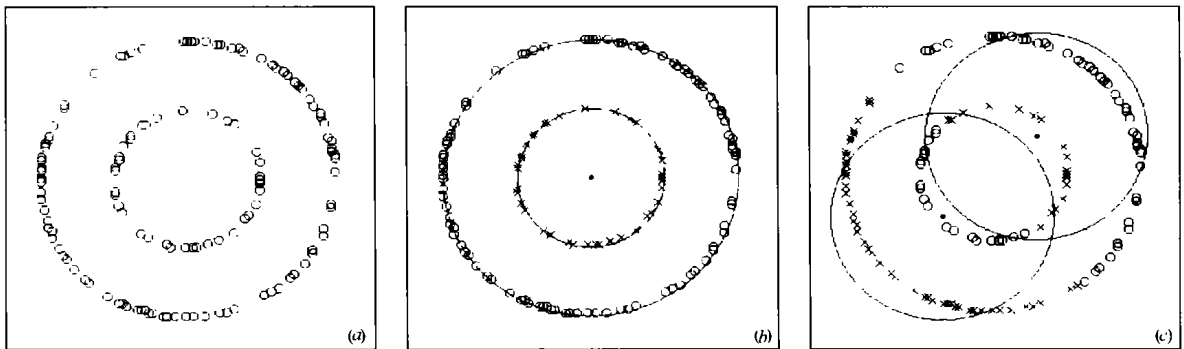


图 3 2-球壳聚类. (a) 原始数据集; (b) 采用 GA 和 IEA 聚类结果; (c) 经典 FCSS 算法的聚类结果. 用符号“ ”、“×”分别表示第 1、2 类球壳.

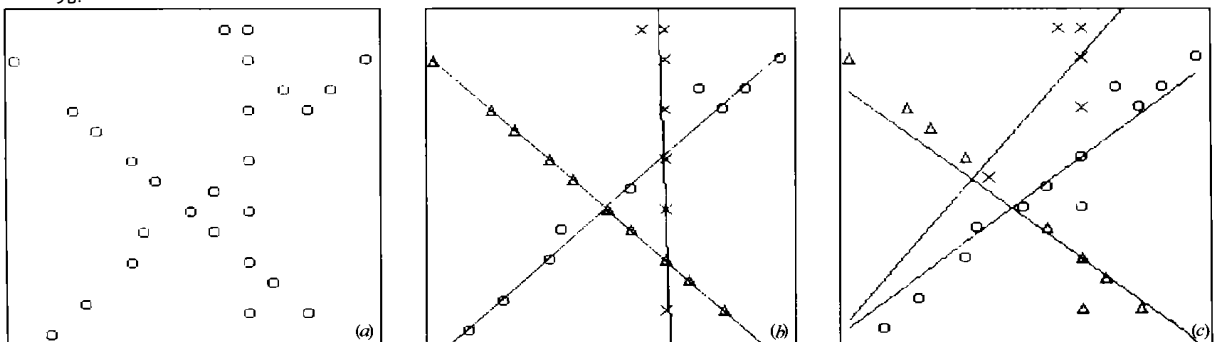


图 4 3-线聚类. (a) 原始数据集; (b) 采用 GA 和 IEA 的聚类结果; (c) 经典 FCSL 算法的聚类结果. 用符号“ ”、“ ”、“×”分别表示第 1、2、3 类直线.

表 2 三种算法的性能比较

	经典 FCSS	GAFCS	IEAFCS
正确率	10 %	68 %	78 %
目标函数最优值	50.78	7.39	7.37

实验 3 图 4(a) 显示了一组包含了三类的原始线状分布数据集. 它共有 27 个数据点. 在试验中, 我们取与实验 1 相同的参数. 图 4(b) 是基于免疫进化和基于遗传的模糊 c 线聚类算法的结果, 图 4(c) 是经典模糊 c 线算法得到的一个结果. 每种算法运行 50 次后, 得到这三种算法的性能比较, 见表 3. 从表 3 中, 我们可以看出经典 FCL 算法很难找到最优解或次最优解, 而 IFCL 和 GFCL 算法都很容易找到正确聚类解. 因此 IFCL 算法取得了相当满意的性能.

表 3 三种算法的性能比较

	经典 FCL	GFCL	IFCL
正确率	6 %	96 %	98 %
目标函数最优值	13.54	11.52	11.52

5 结论与讨论

经典基于目标函数的聚类算法采用梯度下降法对目标函数进行优化, 由于目标函数是非凸、多峰, 算法很容易陷入局部极小值. 又由于遗传算法固有的缺点, 在进化过程中不可避免地产生了退化的可能, 导致了进化后期的波动现象并且聚类准确率不很高. 针对这些缺点我们提出了基于免疫进化的聚类算法, 并具体给出了基于免疫进化的模糊聚类算法 (IFCM、IFCSS、IFCL) 和基于免疫进化的硬聚类算法. 仿真实验证明, 本文提出的算法不仅大大提高了获得全局最优解的概率, 而且减轻了基于遗传的聚类算法在遗传后期的波动现象. 但它也存在参数的适当选取、运算时间过长等需要解决的问题, 这将是我们的下一步的研究工作.

参考文献:

[1] The Data Mining Research Group [Z]. DBMiner User Manual, Decem-

ber 1997.

- [2] 刘健庄. 基于 2D 直方图的灰度图像模糊聚类分割方法 [J]. 电子学报, 1992, 9(20) : 40 - 46.
- [3] M kamel, S Z Selim. New algorithm for solving the fuzzy clustering problems [J]. Pattern Recognition, 1994, 27(3) : 421 - 428.
- [4] 许俊刚, 柯有安. 自组织神经网络雷达目标识别的研究 [J]. 北京理工大学学报, 1992, 12(3) : 162 - 167.
- [5] 许雷. 一种聚类新算法: 模拟退火法 [J]. 模式识别与人工智能, 1989, 1: 11 - 16.
- [6] K S Asultan, S Selim. A global algorithm for the fuzzy clustering problem [J]. Pattern Recognition, 1993, 26(9) : 1357 - 1361.
- [7] G P Babu, M N Murty. Clustering with evolution strategies [J]. Pattern Recognition, 1994, 2(27) : 321 - 329.
- [8] 刘健庄, 谢维信等. 聚类分析的遗传算法方法 [J]. 电子学报, 1995, 23(11) : 81 - 83.
- [9] 李文化. 模糊聚类新算法与模糊聚类神经网络 [D]. 西安电子科技大学, 1995.
- [10] 王磊, 潘进, 焦李成. 免疫算法 [J]. 电子学报, 2000, 28(7) : 74 - 78.
- [11] Licheng JIAO, Lei WANG. A novel genetic algorithm based on immunity [J]. IEEE Trans. SMC: Part A, 2000, 30(5) : 1 - 10.

作者简介:

刘 静 女, 1977 年 3 月生于陕西西安. 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, 数据挖掘, 图像与视频压缩.

钟伟才 男, 1977 年 9 月于江西寻乌. 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、数据挖掘、图像与视频压缩.

刘 芳 女, 副教授, 1963 年 2 月生于北京, 主要研究领域包括: 网络智能信息处理与模式识别.

焦李成 男, 教授, 博士生导师. 1959 年生于陕西白水, 主要研究领域包括: 非线性理论, 人工神经网络, 子波理论与应用, 进化算法, 数据挖掘与多用户检测.