

基于人工免疫网络的动态聚类算法

钟 将, 吴中福, 吴开贵, 欧 灵

(重庆大学计算机学院, 重庆 400044)

摘 要: 聚类分析的两个基本任务是分析数据集中簇的数量以及这些簇的位置. 大多数的聚类方法通常只关注后一个问题. 为了在聚类数不确定的情况下实现聚类分析, 本文提出了一种新的结合人工免疫网络和遗传算法的动态聚类算法) DCBIG. 新算法主要包含两个阶段: 先使用人工免疫网络算法获得聚类可行解, 然后使用遗传算法依据聚类可行解实现动态聚类. 本文对获得聚类可行解的条件和概率进行了分析. 仿真实验结果表明与现有方法相比, 新方法具有更高的收敛概率和收敛速度.

关键词: 动态聚类; 免疫网络; 聚类可行解; 收敛

中图分类号: TP183 **文献标识码:** A **文章编号:** 03722112 (2004) 08126805

A Novel Dynamic Clustering Algorithm Based on Artificial Immune Network

ZHONG Jiang, WU Zhongfu, WU Kaigui, OU Ling

(College of Computer Science and Engineering, Chongqing University, Chongqing 400044, China)

Abstract: Cluster analysis aims at answering two main questions: how many clusters there are in the data set and where they are located. Usually, the traditional clustering algorithms only focus on the last problem. In order to solve the two problems at the same time, this paper proposes a novel dynamic clustering algorithm called DCBIG, which is based on the immune network and genetic algorithm. The algorithm includes two phases, begins by running immune network algorithm to find a feasible solution, and then employs genetic algorithm to search the optimum number of clusters and the location of each cluster according to the feasible solution. Also, the probabilities and the conditions to acquire a feasible solution through immune network algorithm are discussed in this paper. Experimental results show that new algorithm is characterized by higher convergent probability and convergent speed.

Key words: dynamic clustering; immune network; clustering feasible solution; convergence

1 引言

聚类分析作为一种可以从研究对象的特征数据中发现有用规则的无监督学习方法, 已经广泛应用于数据挖掘、图像分割、模式识别、网络入侵检测等诸多领域. 聚类分析的目标是将一个数据集划分成若干个簇, 使在同一簇中的对象尽可能相似, 而不同簇的对象间的差异尽可能大^[1]. 聚类分析主要解决两个问题: 数据集中存在多少聚类簇以及这些簇的位置. 如果分析前已知簇的数量就称为静态聚类 (static clustering), 否则, 要在分析过程中获得簇的数量就称为动态聚类 (dynamic clustering)^[2]. 根据聚类采用的方法可以分为^[1]: 划分聚类 (partitional clustering)、层次聚类 (hierachical clustering)、基于密度的聚类 (density based clustering) 以及基于网格的聚类 (grid based clustering), 本文主要讨论划分聚类.

通常采用 p 维向量集 $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\} \in R_p$ 来表示要分析的数据集, x_i 为数据集上的一个样本或者对象. 聚类分析就是寻找向量集 $V = \{v_1, v_2, \dots, v_k\} \in R_p$, 它将 X 划分成 k

个簇 (用 X_i 表示簇 i). 常使用一个 $k \times n$ 的矩阵 W_{kn} 来表示这种划分.

$$W_{kn} = \{U \in R_{c \times n} \mid \sum_{i=1}^k U_{ij} = 1, 0 < \sum_{j=1}^n U_{ij} < n, \text{ and } U_{ij} \in \{0, 1\}; 1 \leq i \leq k; 1 \leq j \leq n\} \quad (1)$$

目前最常用的划分聚类算法是 k means 算法^[1], 其基本思想是: 随机选择一个初始解, 然后采用迭代方法, 不断移动聚类中心来改进划分质量, 划分质量用式(2)来计算.

$$J(X, V) = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^k w_{ij} + x_i - v_j^2, w_{ij} \in W_{kn} \quad (2)$$

尽管 k means 方法具有算法简单, 收敛速度快的特点, 但是该方法对初始值的选取敏感, 容易陷入局部最优. 为了避免算法陷入局部极值, 2002 年 Hongbing Xu 等提出使用 fuzzy tabu search 的方法来改进 k means 聚类^[3], 2003 年行小帅等使用免疫规划的方法改进 k means 聚类^[4]. 此外大量的研究采用遗传算法来优化聚类^[5]. 1992 年 Krovil^[6] 提出了使用遗传算法来改进 k means 算法, 由于其搜索空间巨大, 该方法只能处

理小规模数据集. 本文将人工免疫网络和遗传算法结合起来, 提出了一种新的动态聚类算法, 理论分析和仿真试验表明新算法不仅可以正确发现聚类簇的数量, 有效避免局部极值, 而且收敛速度比现有算法快.

2 聚类可行解

定义 1 理想聚类中心集 (Ideal Clustering Centers Set): 如果集合 V^* 满足 $J(X, V^*) = \min_{V \times V^*} (J(X, V))$, 那么就称 V^* 为理想聚类中心集, 其中 $J(X, V)$ 是数据集 X 以 V 为聚类中心的聚类评价函数.

定义 2 可划分聚类数据集 (Partitioning Clusterable Data Set): 如果一个数据集 X 能通过划分聚类算法获得理想聚类中心集 V^* , 就称之为可划分聚类数据集.

定义 3 簇中心区域 (Clustering Center Area, CA): 集合 $CA(i, r) = \{x \in R^p \mid |x - v_i| + [r]\}$ 为数据集的簇中心区域, v_i 属于理想聚类中心集 V^* .

定义 4 簇中心区域集 (CAS, Clustering Center Areas Set): 称集合 $CAS = \{A_i \mid A_i = CA(i, r_i), 1 \leq i \leq k, r_i > 0\}$ 为数据集的簇中心区域集, k 为数据集上簇的数量.

定义 5 收敛中心区域集 (CCAS, Convergent Center Areas Set): 在一个 CAS 中每个区域 A_i 内任选一个点构成集合 $C^* = \{c_i \mid 1 \leq i \leq k, c_i \in A_i\}$, C^* 作为聚类的初始中心集, 算法如果能够收敛到理想聚类中心集, 则称 CAS 为该数据集的收敛中心区域集, 记为 CCAS. 称 $r_c = \min_{1 \leq i \leq k} (r_i)$ 为 CCAS 的收敛半径.

定义 6 可划分数 (Q): 称一个数据集的所有收敛中心区域集中最大的收敛半径为该数据集的可划分数, 记为

$$Q = \max_{\text{all CCAS}} (r_c).$$

Q 表明了数据集进行划分聚类的难易程度, 如果一个数据集的可划分数 $Q = 0$, 说明在分析前至少要了解一个理想聚类中心的位置, 此时数据集就不适于划分聚类. 因此对于可划分聚类的数据集, 必然存在一个 $r_c > 0$ 的收敛中心区域集.

定义 7 聚类可行解 (clustering feasible solution): 如果集合 R 与数据集的某个 CCAS 中的每个区域 A_i 的交集都不为空, 即满足条件 $P A_i \cap CCAS, R \cap A_i \neq \emptyset$, 那么称 R 为数据集的一个聚类可行解.

3 可行解求解算法

3.1 算法背景

近年来, 研究人员从不同的角度模拟生物免疫网络的工作原理来进行数据分析^[7]. 2000 年 Leandro Nunes de Castro 等人提出使用演化的免疫网络来实现聚类分析^[8], 该方法模拟生物免疫系统中抗体克隆和选择过程, 它将数据集作为抗原集合, 生成的抗体集合则作为聚类结果. 通过仿真实验发现, 该算法在聚类分析阶段难以确定聚类簇数量, 甚至在已知簇的数量的情况下也可能偏离正确的聚类中心. 但是该算法能够极大地减少了数据冗余, 且生成的抗体集合能够反映数据集的结构特征, 因此本文在该算法的基础上作适当的修改, 用

来求解聚类可行解.

3.1.2 算法描述

新算法以数据集 X 为抗原集合, 输出的抗体集合 M 为数据集的可行解. 抗原与抗体之间, 以及抗体与抗体之间的亲和度由它们之间欧氏距离决定, 距离越大, 亲和度越低. 算法的关键参数为免疫抑制阈值, 即抗体集合中存在两个抗体的距离小于该值, 那么其中一个抗体将被清除. 算法使用了文献 [8] 中定义的克隆运算, 变异运算以及免疫抑制运算.

算法 1 基于人工免疫网络的聚类可行解求解算法

算法的输入: 要进行聚类分析的数据集 X , 以及免疫抑制阈值 ts .

算法的输出: 抗体集合 M , 也即数据集 X 的一个可行解.

算法的基本步骤:

- step1 随机产生一个抗体集合 Abs , 令 $M = \{\}$.
- step2 按照随机顺序选择 X 中每一个抗原, 进行以下运算.
 - 2.1 计算 Ag 与 Abs 中抗体的距离;
 - 2.2 选择距离 Ag 最近的 k 个抗体, 构成临时抗体集合 $tmpM$;
 - 2.3 $tmpM$ 上执行克隆运算, 每个抗体最大的克隆数为 c ;
 - 2.4 $tmpM$ 上进行退火变异;
 - 2.5 删除 $tmpM$ 中与 Ag 的距离最远的部分抗体;
 - 2.6 在 $tmpM$ 上行免疫抑制操作;
 - 2.7 将 Ag 插入到 $tmpM$ 中;
 - 2.8 将 $tmpM$ 添加到 M 中;
 - 2.9 在 M 上进行免疫抑制;
- step3 循环结束条件判断. 若不满足终止条件, 令 $Abs = M, M = \{\}$ 转到步骤 2 执行, 否则返回 M , 结束算法.

本算法对原有算法做以下三点修改:

(1) 添加 2.7 步, 即在每一个 Ag 作用于抗体集合时, 与该抗原具有相同特征的抗体都有机会进入 M . 该步骤有利于抗体集合尽可能反映所有的抗原分布情况.

(2) 为了获得稳定的抗体集合, 在 2.14 改用退火变异. 即随着循环次数增加, 变异的概率逐渐降低.

(3) 免疫抑制运算时, 保留先进入的抗体. 即进行免疫抑制操作时, 存在两个抗体 M_i 和 M_j , 如果 $i < j$ 且 $+M_i - M_j < ts$, 那么删除抗体 M_j .

3.1.3 算法计算复杂度分析

假定抗体集合 M 中最大的抗体数量为 m , 算法中每个抗原选择最临近的 k 个抗体, c 为每个抗体的最大克隆数量, 步骤 2.1 到 2.9 总的计算量为 $O(m)$, 假定抗原数据集大小为 n , 步骤 2 的计算复杂度为 $O(m * n)$. 步骤 2 最大循环次数为 t , 算法总的计算复杂度为 $O(t * m * n)$, 即 $O(m * n)$. 经过归规范化后的数据集 $X < [0, 1]^p$, 如果免疫抑制参数为 ts , 那么 m 的最大取值为 $7(2/ts)\delta^p$.

3.1.4 获得可行解的条件和概率分析

引理 1 如果数据集中存在一个抗原 Ag 包含在 $CA(i, r)$

ts), 那么通过算法 1 获得的抗体集合 M 中至少存在一个抗体包含在 CA(i, 2* ts) 中.

证明 当 Ag 最后一次与 M 作用时, 即在步骤 2 的最后一轮循环过程, 存在两种情况: M 中没有抗体在 CA(i, 2* ts) 中; M 中已存在抗体在 CA(i, 2* ts) 中.

(1) 对于前者, 经过算法 1 中的 2.7 步, 与 Ag 有相同特征的抗体将加入 tmpM 中, 在 2.8 步后, 该抗体加入 M 中, 且在 2.9 步后保留到算法结束.

(2) 对于后者, 根据免疫抑制操作的特点, 该抗体将保留到算法结束.

综合 (1) 和 (2) 可知, 如果在 CA(i, ts) 中存在抗原 Ag, 对于算法 1 获得的抗体集合 M: 要么包含一个与 Ag 有相同特征的抗体; 要么包含一个位于 CA(i, 2* ts) 中的抗体. 证毕.

定义 8 概率 P_{1, ts, i} 为簇 i 中至少存在 1 个样本属于 CA(i, ts) 的概率.

定理 1 如果数据集的可划分度满足 Q \ 2* ts, 那么通过算法 1 获得的抗体网络 M 是可行解的概率为 P, 且 P \

$$\prod_{i=1}^k P_{1, ts, i}, \text{ 其中 } k \text{ 为簇的数量.}$$

证明 由于每个簇的分布是独立的, 因此每个簇都包含一个样本, 分别在属于 CA(i, ts) 的概率为 P = \prod_{i=1}^k P_{1, ts, i}. 根据引理 1 可知, 如果数据集在 CA(i, ts) 中存在一个样本, 那么算法 1 的结果集 M 中必然包含一个抗体属于 CA(i, 2* ts). 由于 Q \ 2* ts, 假定 CCAS_{max} 的收敛半径等于 Q, 因此 M 与 CCAS_{max} 的每一区域 A_i 的交集都不为空, 由定义 7 可知 M 是数据集的一个可行解. 因此算法获得可行解的概率不小于

$$\prod_{i=1}^k P_{1, ts, i}. \text{ 证毕.}$$

对于高斯分布的簇 i, 随样本数 n_i 的增大, P_{1, ts, i} 将以指数速度趋近 1, 即 \lim_{n_i \to \infty} P_{1, ts, i} = 1, 实际上, 对于簇满足均匀分布、拉普拉斯分布的数据集都具有上述性质. 由于可划分聚类的数据集, 簇的数量为有限常数, 由定理 1 可知, 如果每个簇都符合上述分布, 那么通过本算法获得可行解的概率为

$$\prod_{i=1}^k P_{1, ts, i}, \text{ 且随样本的增加, 算法获得可行解的概率将趋近 } 1.$$

4 基于可行解的遗传聚类算法

4.1 算法使用的评估函数

在动态聚类过程中, 随 k 值增大, 一般要导致式 (2) 取值减小, 因此该式不能作为动态聚类的评估函数. 目前常用的动态聚类评估函数有: Modified Hubert Static (MHT), Davies-Bouldin (DB), Dunn's CS (DCS)^[9]. 本文采用 Davies-Bouldin (DB) 方法来评价聚类的质量, 该方法的评估值越小, 其聚类的质量也越好 (本文中的 v_{DB, q, t} 函数中的参数 q = 2, t = 2).

4.2 染色体的编码方式及其适应度

用评估函数 f(C) 来表示 C 作为 k2means 算法的初始聚类中心集的聚类质量. 根据聚类可行解的特性, 动态聚类的过

程就是在 R 中寻找一个子集 C*, 使 f(C*) = max_{PC \subset R} (f(C)), 显然有 f(C*) = J(X, V*). 本文使用遗传算法在 R 上搜索 C*, 染色体使用二进制编码方式, 染色体的长度为 |R| (|R| 表示 R 包含元素的个数). 函数 C_i = s(g_i, R) 表示按照染色体 g_i 的取值在可行解 R 上选取一个子集 C_i, 选取的方法为: 如果 g_i 上第 l 位上的取值为 1, 那么 R 中的第 l 个对象就包含在 C_i 中, 否则就不包含在 C_i 中. 例如染色体 g_i = 001100 表示 R 中的第 3 和第 4 个对象包含在 C_i. 由于评估函数 v_{DB, q, t} 的取值越小, 其对应的聚类效果就越好, 因此染色体 g_i 的适应度可用 1/f(s(g_i, R)) 计算.

4.3 动态聚类的算法描述

算法 2 基于可行解的动态遗传聚类算法.

算法输入: 数据集和聚类可行解 R

算法的输出: 数据集的聚类结果 V*

算法基本的流程如下.

step1: 随机产生 N 个长度为 |R| 的染色体作为初始种群, N 为种群大小.

step2: 根据染色体在选择初始聚类中心集进行聚类, 并使用聚类评估值来计算染色体的适应度.

step3: 根据适应度进行选择, 交叉和变异运算, 形成下一代种群, 并保留最优个体.

step4: 结束条件判断. 如果满足结束条件, 将获得的最优个体对应的聚类结果输出; 否则转入到 step2 继续执行.

文献 [10] 表明一个优胜劣汰的遗传算法将以概率 1 收敛到最优解. 如果是聚类可行解, 算法将以概率 1 获得最优的聚类中心的数目以及其位置.

5 基于免疫网络的动态聚类算法

下面给出基于免疫网络的动态聚类算法 (DCBIG, Dynamic Clustering Based on Immune Network and Genetic Algorithm) 的完整描述.

算法 3 DCBIG 算法

算法的输入: 数据集 X 和免疫阈值 ts

算法的输出: 聚类结果 V*

step1: 使用免疫网络算法 (算法 1) 获取在 X 上的可行解 R.

step2: 删除数据集和可行解中的异常数据. (是可选步骤).

如果一个抗体识别的抗原数目小于等于某个指定阈值 (如 1), 就将抗体从免疫网络中清除, 并将这些抗体所识别的抗原从数据集中清除.

step3: 使用算法 2 在可行解 R 的基础上进行遗传聚类, 输出 V* 结束.

算法的收敛概率决定于第一阶段求得可行解的概率, 以及第二阶段的遗传动态聚类阶段的收敛概率. 假设一个可划分聚类的数据集 X, 每个簇中的样本服从高斯分布, 且 Q \ 2* ts, 那么据第 3, 4 两节的分析, 算法随着学习样本的增加, 收敛到最优解的概率将趋近于 1. 由定理 1 可知, ts 理想的取

值是 $Q/2$ 。由于数据集的 Q 不可能事先获得,本文采用的方法是在 X 上随机抽样得到子集 X_c ,设 X_c 中所有点对的平均距离为 d_{mean} ,令 $ts = a * d_{mean}$,实验表明当 $a \in [0.2, 0.6]$ 可获得理想的结果,在本文的实验采用 $a = 0.3$ 。

6 仿真实验

6.1 人工数据集上的实验结果

为了直观地显示实验结果,首先使用两个在簇中心附近产生的高斯分布的人工数据集试验。数据集 1 是包含 9 个簇的二维数据集,数据集 2 是包含 5 个簇的三维数据集。每个簇包含 100 个样本。两个数据集使用的免疫抑制参数分别为 $ts = 0.1$ 和 $ts = 0.15$ 。遗传算法中的参数为:种群大小 $N = 20$,交叉概率 $P_c = 0.3$,变异概率 $P_m = 0.05$,演化代数 40。

每个数据集进行了 50 次试验,算法 100% 地收敛到正确的聚类数,并获得最佳聚类中心集的位置。其中一次试验结果分别见图 1 所示。对于数据集 1,可行解的规模平均为 37,遗传聚类阶段在 30 代内就可以收敛到最优解。对于数据集 2,可行解的规模平均为 21,遗传聚类阶段在 20 代就可以收敛到最优解。图 2 表示数据集 2 的其中一次实验中的每一代最优聚类数以及适应度的变化情况。

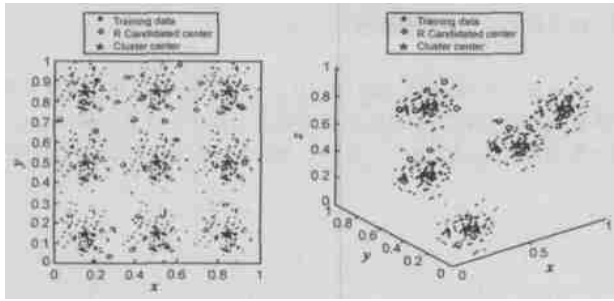


图 1(a) 数据集 1 的一次试验结果(数据集 θ ,可行解 o 和聚类中心 m) 图 1(b) 数据集 2 的一次试验结果(数据集 θ ,可行解 o 和聚类中心 m)

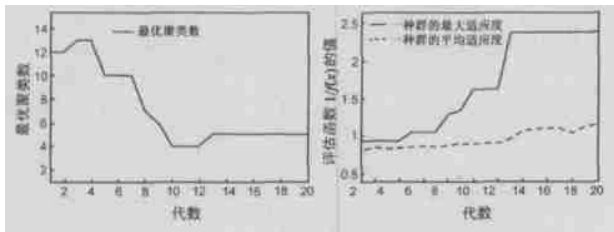


图 2(a) 最优聚类数随迭代次数的变化情况 图 2(b) 平均和最佳适应度随迭代次数的变化情况

6.2 IRIS 数据集上的实验结果

为了进一步验证算法的有效性,使用 UCI 机器学习库中的 IRIS 数据集,该数据集具有 4 个特征维,故不能直观显示其聚类结果。数据集的物理标识分为 3 类,但是根据其数据特征,第 2 类和第 3 类之间区域相互覆盖。因此其最佳的聚类数一直存在争论。根据文献[9],使用 $v_{DB,22}$ 评价函数,IRIS 数据集的最佳的聚类数为 2。

使用作为免疫网络的抑制参数,可行解的平均规模为

16。遗传聚类阶段一般小于 20 代就获得可获得与文献[9]提供的结果,即簇的数量为 2,评估值 $v_{DB,22} = 0.46$ 。实际上在多数情况下,算法收敛到评估值为 0.44 的解。

6.3 算法比较

动态聚类的目标是确定数据集中簇的数量以及这些簇的位置,因此可以从这两个方面考察算法的性能。本文使用 GA^[6], aiNet^[8]以及 DCBIG 在 IRIS 数据集上分别试验了 50 次,试验中遗传算法演化 40 代。BHCM 算法的结果采用文献[9]中的值。

表 1 IRIS 上不同方法的性能比较(N/A: 文献未提供)

试验方法	试验次数	最优评估值	聚类数正确的次数	评估值最优的次数
GA	50	0.44	22	17
aiNet ^[8]	50	0.44	50	20
DCBIG	50	0.44	50	49
BHCM ^[9]	N/A	0.46	N/A	N/A

表 1 中的实验结果说明,直接使用 GA 尽管可以获得最优评估值,由于其搜索空间大,因此收敛到最优评估值的概率较低。BHCM 算法通过尝试所有可能的取值来发现最优聚类数,由于直接使用 Kmeans 方法,因此没能发现最优评估值。aiNet 方法存在收敛到最优评估值的概率低的问题(即偏离理想聚类中心集),尽管在 IRIS 上得到正确聚类数的概率较高,但对于其它两个人工数据集,收敛到正确聚类数的概率约为 0.5。这表明新算法不仅能够获得正确的聚类数,且在相同代数的情况下收敛到最优评估值的概率最高,这也意味着具有更快的收敛速度^[10]。

7 结论

本文根据可划分聚类的数据集存在收敛半径大于零的收敛中心区域集的性质,提出了一种全新的动态聚类算法。它通过人工免疫网络算法快速求得一个聚类可行解,然后使用遗传算法在可行解的基础上实现动态聚类分析。实际上算法在求聚类可行解的过程,就是分析和提取数据集的结构特征的过程。在动态聚类阶段,可利用这些信息来保证解的质量,并避免算法在解空间上随机搜索。大量的聚类应用如网络入侵检测,数据挖掘,事先很难确定合理的聚类数量,因此本算法具有广阔的应用前景。

参考文献:

[1]awei Han, Micheline Kamber. Data Mining: Concepts and Techniques [M]. San Francisco: Morgan Kaufmann, 2000.
 [2] Karkkainen Franti. Dynamic local search for clustering with unknown number of clusters[A]. IEEE 16th International Conference on Pattern Recognition[C]. Quebec Canada: IEEE, 2002(2). 240- 243.
 [3] Hongbing XU. Fuzzy tabu search method for the clustering problem [A]. IEEE Proceeding of the first International Conference on Machine Learning and Cybernetics[C]. Beijing: IEEE, 2002(5). 876- 880.
 [4] 行小帅, 焦李成, 等. 基于免疫规划的 K2means 聚类算法[J]. 计

计算机学报, 2003, 26(5): 605- 610.

- [5] Hall L O Ozyurt. Clustering with a genetically optimized approach[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 1999, 7(3): 103- 112.
- [6] Krovi R. Genetic algorithms for clustering: a preliminary investigation. System Sciences[A]. IEEE Proceedings of the Twenty-Fifth Hawaii International Conference on System Sciences[C]. Hawaii: IEEE, 1992 (4). 540- 544.
- [7] Timmis. Artificial immune system: an novel data analysis technique inspired by immune network theory[D]. Wales: Wales university, 2001.
- [8] Leandro Nunes de Castro. An evolutionary immune network for data clustering[A]. Proc of the IEEE SBRN (Brazilian Symposium on Artificial Neural Networks)[C]. Brazil: IEEE, 2000. 84- 89.
- [9] Bezdek J C, Pal N R. Some new indexes of cluster validity[J]. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, 1998, 28(Part B, Issue: 3): 301- 315.
- [10] 张文修, 等. 遗传算法的数学基础[M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2000. 146- 170.

作者简介:



钟 将 男, 讲师, 1974 年 4 月生于重庆市江津, 1995 年毕业于重庆大学计算机系, 获学士学位, 2001 年于重庆大学计算机学院获硕士学位, 现为重庆大学博士研究生, 主要研究方向为计算机网络安全、智能计算、地理信息系统等。



吴中福 男, 教授, 博士生导师, 1938 年 10 月生于四川省岳池, 国家教委直属工科院校教育研究协作组第四届组长, 教育部远程教育专家组组长, 1961 年毕业于重庆大学, 1981 年作为访问学者到美国伍斯特综合工学院(WPI)计算机科学系, 从事计算机系统结构的访问研究, 1992 年至 1995 年被国家派驻加拿大使馆任教育参赞, 先后历任重庆大学计算机及自动化系系主任、副校长、校长等职务, 发表学术论文 50 余篇; 完成统编教材以及学术专著 3 部, 主要的研究领域为数据挖掘技术, 计算机网络安全, 远程教育技术等。



吴开贵 男, 副教授, 1966 年 4 月出生于重庆市璧山县, 1989 年于四川师范大学数学系获学士学位, 1992 年于重庆大学计算机学院获硕士学位, 1999 年于重庆大学电气工程学院获博士学位, 已在重庆杂志上发表学术论文 10 余篇, 参与国家自然科学基金研究 1 项, 获四川电力科学技术进步奖 1 项, 目前主要研究方向为信息安全、神经网络和电网可靠性分析等。

欧 灵 男, 副教授, 1965 年 7 月生于重庆市, 1987 年于重庆大学计算机系获学士学位, 1992 年于西南师范大学计算机系获硕士学位, 现为重庆大学博士研究生, 主要研究方向为网络安全, 移动代理技术。