

文章编号: 1001-0920(2005)01-0011-06

一种基于遗传算法的进化计算模型

龚道雄, 阮晓钢

(北京工业大学 电子信息与控制工程学院, 北京 100022)

摘 要: 提出一种基于遗传算法的进化计算模型(ECM)。在 ECM 的种群中, 每个成员都根据其适应度值不同程度地影响着种群的进化。ECM 定义了个体对进化的影响因子, 并以个体的影响因子为参数定义了个体的形成算子。分析表明, ECM 是采用算术交叉算子的两父辈遗传算法以及采用频率扫描交叉算子的多父辈交叉遗传算法的推广, 形成操作是父代群体编码的凸组合。实验研究显示, ECM 具有比经典遗传算法更强的优化计算功能。

关键词: 遗传算法; 进化计算; 优化计算

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A

Evolutionary computing model based on genetic algorithm

GONG Dao-xiong, RUAN Xiao-gang

(School of Electronic Information and Control Engineering, Beijing University of Technology, Beijing 100022, China. Correspondent: GONG Dao-xiong, E-mail: gongdx@bjut.edu.cn)

Abstract: An evolutionary computing model, ensemble crossover model (ECM) based on genetic algorithm (GA), is introduced. In ECM, every individual in the parental population impacts the evolution to a certain extent. Every individual is given an evolutionary impact factor according to its fitness. The offspring forming operator is defined on the impact factors of parental population. Analysis shows that ECM is the generalization of both the two-parent GA with arithmetic crossover operator and the multi-parent recombination GA with occurrence based scanning crossover operator. And the forming operation is the convex combination of the whole parental population. Experiments show that ECM outperforms the classical two-parent GA.

Key words: genetic algorithm; evolutionary computation; optimization

1 引 言

在经典的遗传算法中, 一个子代个体的形成依赖于两个父代个体的交叉。近年来, 多父辈重组的遗传算法已引起越来越多研究者的注意。1994 年, Eiben 等首次提出了多父辈重组的概念^[1]; 随后人们又提出了二值编码遗传算法的多父辈扫描交叉算子和对角线交叉算子^[2-4]; Muhlenbein 和 Voigt 提出了多父辈重组的基因池重组算子^[5]; Tsutsui 等研究了采用边界镜像延拓(BEM)的实数编码质心交叉(CMX)算子和单纯形交叉(SPX)算子^[6-8]; Kita 等提出了多父辈的单峰正态分布交叉算子(UNDX- m)^[9,10]。研究发现, 对于绝大多数优化问题, 采用

CMX, SPX 以及 UNDX- m 等算子的多父辈重组遗传算法的优化性能明显优于两父辈遗传操作, 只有极少量的结果不支持这个结论^[5,9,10]。Eiben 等特别强调指出, 在这些多父辈重组试验中, 遗传算法优化性能的显著改善是多个父辈参与遗传操作的结果。

就遗传而言, 子代个体的形成一般只涉及两个父代个体。然而, 遗传只是生物种群进化的一个方面或一个环节。就进化而言, 生物种群中每一个个体对于群体的进化都有不同程度的影响或贡献。有关多父辈重组遗传算法的研究表明, 种群中全体成员参与的进化有可能比单纯的遗传更有利于复杂优化计算。

收稿日期: 2004-02-02; 修回日期: 2004-07-27

基金项目: 国家自然科学基金重点项目(60234020)

作者简介: 龚道雄(1968—), 男(土家族), 湖南永顺人, 讲师, 博士, 从事智能优化计算、进化计算等研究; 阮晓钢(1958—), 男, 四川自贡人, 教授, 博士生导师, 从事自动控制、模式识别等研究

本文在经典遗传算法的基础上提出一种基于遗传算法的进化计算模型 (ECM)。在 ECM 中, 种群中的每个成员都不同程度地影响着种群的进化, 具体表现在对子代个体形成的影响上。ECM 定义了个体对进化的影响因子, 并以个体的影响因子为参数定义了个体的形成算子和发展算子。ECM 通过种群的进化实现对复杂优化问题的求解。研究表明, ECM 是采用算术交叉算子的两父辈遗传算法以及采用频率扫描交叉算子的多父辈交叉遗传算法的推广。本文采用经典测试函数集对 ECM 进行了测试。测试结果显示, 与经典的遗传算法相比, ECM 具有更强的优化计算功能。

2 种群进化计算模型的设计思想与结构

在经典遗传算法中, 子代个体的形成仅依赖于种群 P 中的两个父代个体。令种群中两个被选中的父代个体为 $c^{(1)}$ 和 $c^{(2)}$, 其子代个体为 c , 则由经典遗传算法可知, 其子代个体可表示为

$$c = \omega \cdot c^{(1)} \oplus (1 - \omega) \cdot c^{(2)}. \quad (1)$$

其中: 对于实数编码遗传算法的算术交叉算子, ω (0, 1) 为一个随机数, 符号 \oplus 为求和符号 +; 对于二值编码遗传算法的单点交叉算子, ω (0, 1) 为所选择的交叉位点在整个个体编码长度中的比例, 符号 \oplus 表示两段染色体编码片段的拼接。

在多父辈重组遗传算法中, 子代个体的形成依赖于种群 P 中的 $2 < m < M$ 个父代个体, 其中 M 为父代群体的规模。相似地, 令种群中被选中的父代个体为 $c^{(1)}, c^{(2)}, \dots, c^{(m)}$, 其子代个体为 c , 则其子代个体可表示为

$$c = \omega_1 \cdot c^{(1)} \oplus \omega_2 \cdot c^{(2)} \oplus \dots \oplus \omega_m \cdot c^{(m)}. \quad (2)$$

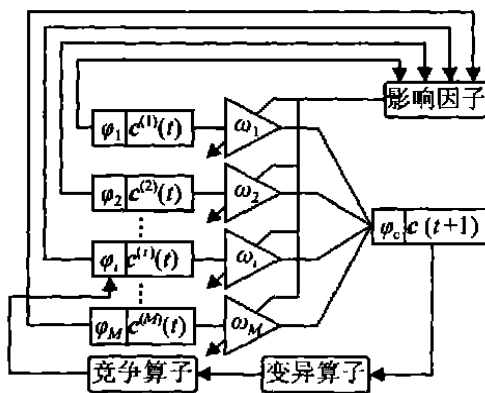


图 1 ECM 模型示意图

从进化的角度看, 种群的进化依赖于种群中的所有成员。将式 (1) 和 (2) 予以推广可得

$$c(t+1) = \sum_{k=1}^M \omega_k(t) \cdot c^{(k)}(t). \quad (3)$$

其中: c 为子代个体; $c^{(k)}$ 为父代 P 中的个体; $t = \{0,$

$1, 2, \dots\}$ 表示种群的进化代; ω 与 \mathcal{Q} 相关, 称为 $c^{(k)}$ 对于群体 P 进化的影响度; \mathcal{Q} 为个体 $c^{(k)}$ 的评价值。式 (3) 表达的全体成员参与进化可由图 1 所示的结构表示, 本文称此进化计算模型为 ECM。

图 1 所示的 ECM 结构意味着子代个体 $c(t+1)$ 是在父代 $P(t)$ 中全体成员的影响下形成的, 并通过变异和竞争操作而发展。随着种群 $P(t)$ 的进化, 即进化代 t 的不断增大, 群体 $P(t)$ 中各成员 $c^{(k)}(t)$ 的进化影响因子 $\omega_k(t)$ 会不断变化, ECM 通过进化影响因子调节机制不断地修正群体中各成员的进化影响因子, 同时种群中不断有子代个体形成和发展, 也有父代个体的淘汰和消亡, 从而不断地推动群体的进化, 最终达到优化问题的求解。

本算法的流程如下:

```

procedure ECM
begin
  t = 0; {赋进化代初值}
  Initialize P(t); {初始化群体}
  while not (terminate condition) do begin
    {进化循环}
    t = t + 1;
    calculate the evolutionary impact factor of
      individuals; {进化影响因子计算}
    determine the evolutionary impact degree of
      individuals; {确定进化影响度}
    while not (offspring population size) do begin
      forming operation; {形成操作}
      mutation; {突变操作}
    end while
    survive competition; {生存竞争}
  end while
end
  
```

3 进化影响因子的定义和计算

设有如下优化问题:

$$\min \mathcal{Q}(x), \text{ s.t. } x \in X. \quad (4)$$

其中: x 为泛函 $\mathcal{Q}(x)$ 的变量, X 为泛函 $\mathcal{Q}(x)$ 的定义域。优化的目标是在域 X 中寻求最优向量 x^* , 使 $\mathcal{Q}(x^*)$ 极小。

用种群进化计算模型求解优化问题 (4), 需将问题由解空间映射到编码空间, 即对泛函 $\mathcal{Q}(x)$ 的变量 x 进行编码。设 x 的编码为 c , 对应泛函 $\mathcal{Q}(x)$ 定义域 X 的编码域为 Ω , 则优化问题 (4) 可重述为

$$\min \mathcal{Q}(c), \text{ s.t. } c \in \Omega. \quad (5)$$

其优化目标是在编码域 Ω 中寻求最优编码向量 c^* , 使 $\mathcal{Q}(c^*)$ 极小。

设 ECM 模型中群体的规模为 M , 则模型中的

第 t 代群体可记作

$$P(t) = \{c^{(k)}(t) \mid k = 1, 2, \dots, M\},$$

$$c^{(k)}(t) = \{c_i^{(k)}(t)\}_{i=1}^n \quad (6)$$

其中: $t \in \{0, 1, 2, \dots\}$ 为进化代, $c^{(k)}(t)$ 代表第 t 代群体中第 k 个个体, $c_i^{(k)}(t)$ 为第 k 个个体 $c^{(k)}(t)$ 的第 i 位编码. 个体的编码可为二值编码, 也可为实数编码. 个体的编码与简单遗传算法中染色体的编码相同. 在 ECM 模型中, 个体 $c^{(k)}(t)$ 对于种群 P 进化的影响程度记作 $\omega(t)$, 称为进化影响因子, 定义如下:

$$\omega(t) = 1 - \frac{\mathcal{Q}(t)}{\sum_{i=1}^M \mathcal{Q}(t)}, \quad k = 1, 2, \dots, M. \quad (7)$$

其中 $\mathcal{Q}(t) = \mathcal{Q}(c^{(k)}(t))$ 为个体 $c^{(k)}(t)$ 的评价值

式(7)意味着较优秀的父代个体具有较大的进化影响因子, 即对于子代个体的影响较大, 而较差的父代个体对子代个体的影响相对较小

4 ECM 的进化算子

4.1 形成算子

在 ECM 模型中, 优秀的父代个体对子代个体具有较大的进化影响因子, 因而将以较大的概率对子代个体产生较大的影响; 较差的父代个体对于子代具有相对较小的进化影响因子, 因而对于子代个体产生较大影响的机会也较小

个体 $c^{(k)}(t)$ 对于种群 P 进化的影响度记作 $\omega(t)$, 并定义为

$$p(\omega(t)) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(\omega(t) - \mu)^2}{2\sigma^2}},$$

$$k \in \{1, 2, \dots, M\}, \quad (8)$$

其中 $\sigma = \omega(t)/2$ 即个体 $c^{(k)}(t)$ 的进化影响度 $\omega(t)$ 的取值服从高斯分布, 其均值即 $c^{(k)}(t)$ 的进化影响因子 $\omega_k(t)$.

ECM 形成算子有二值编码和实数编码两种形式. 在实数编码的子代形成算子中, 个体采用归一化编码方式. 设 $P(t)$ 中个体 k 的第 i 位基因编码 $c_i^{(k)}(t)$

$[0, 1]$, $c^{(k)}(t+1) = \{c_i^{(k)}(t+1)\}_{i=1}^n$ 为形成操作所产生的子代个体编码, 其中 n 为 $c(t+1)$ 的编码长度. 则实数编码 ECM 形成算子的操作如下:

$$c_i(t+1) = \frac{\sum_{k=1}^M \omega(t) \cdot c_i^{(k)}(t)}{\sum_{k=1}^M \omega(t)}. \quad (9)$$

式中各符号的含义同前

在二值编码的子代形成算子中, 设 $P(t)$ 中个体 k 的第 i 位基因编码 $c_i^{(k)}(t) \in \{0, 1\}$, $c^{(k)}(t+1) = \{c_i^{(k)}(t+1)\}_{i=1}^n$ 为形成操作所产生的子代个体编码, 其中 n 为 $c(t+1)$ 的编码长度. 则 ECM 形成算子

的操作如下:

$$y(i) = \frac{\sum_{k=1}^M \omega(t) \cdot (2c_i^{(k)}(t) - 1)}{\sum_{k=1}^M \omega(t)}, \quad (10)$$

$$c_i(t+1) = \frac{\text{sgn}(y(i)) + 1}{2} = \begin{cases} 0, & y(i) < 0; \\ 1, & \text{else} \end{cases} \quad (11)$$

其中 $i \in \{1, 2, \dots, n\}$ 为个体的编码位数

4.2 发展算子

ECM 的发展算子包括经典遗传算法中的变异算子和竞争算子.

变异操作的对象为形成算子所产生的子代个体 $c(t+1)$. 变异操作位点在个体编码中随机选择, 其概率服从均匀分布. 设选定子代个体的第 i 位编码进行变异, 则在二值编码下 $c_i^{(k)}$ 的变异操作为 $0 \rightarrow 1$ 或 $1 \rightarrow 0$. 在实数编码下, ECM 采用均匀变异或非均匀变异算子, 从而获得新的子代个体编码

对于每一个进化代 t , ECM 可形成 r 个子代个体, $r \geq 1$ 且 $r \leq M$. 竞争操作发生在 ECM 模型完成一代进化, 即产生了 r 个新子代个体之后. 在 r 个子代个体和 M 个父代个体的集合中形成生存竞争, 根据适者生存的原则选择较为优秀的 M 个个体组成第 $t+1$ 代的父代群体 $P(t+1)$.

个体 $c^{(k)}(t)$ 的存活概率定义为

$$p_s(c^{(k)}(t)) = 1 - \frac{\mathcal{Q}(t)}{\sum_{i=1}^{M+r} \mathcal{Q}(t)},$$

$$k = 1, 2, \dots, M + r. \quad (12)$$

其中 $c^{(M+i)}(i = 1, 2, \dots, r)$ 代表子代个体

式(12)意味着在生存竞争过程中较优秀的个体, 即评价值较小的个体具有较大的生存概率; 较差的个体, 即评价值较大的个体具有较小的生存概率. 为了实现进化计算的精英策略, 即保证最优秀的个体无条件地存活, ECM 在竞争操作之前首先将当前代 t 的父代和子代群体中最优秀的一个个体 $c^{(\text{opt})}(t)$, 即其评价值 $\mathcal{Q}(c^{(\text{opt})}(t))$ 最小的一个个体放入 $P(t+1)$; 然后对其余的个体进行式(12)所示的竞争操作.

ECM 在形成 $P(t+1)$ 之后, 按式(7)计算 $P(t+1)$ 中每一个个体 $c^{(k)}(t+1)$ 的影响因子 $\omega(t+1)$, 模型进入新一轮循环

5 ECM 的计算功能分析

5.1 ECM 与经典遗传算法

假设群体中只有两个父代个体的进化影响因子不为零, 其余个体的进化影响因子均为零. 不失一般

性, 设 $\omega_1 = 0, \omega_2 = 0, \omega = 0, i \in \{1, 2\}$, 则由式(9) 可得

$$c_i(t+1) = \frac{\sum_{k=1}^2 \omega(t) \cdot c_i^{(k)}(t)}{\omega(t)} = \sigma \cdot c_i^{(1)}(t) + (1 - \sigma) \cdot c_i^{(2)}(t), \quad (13)$$

其中 $\sigma = \omega_1(t) / (\omega_1(t) + \omega_2(t))$. 这时, 式(13) 意味着 ECM 的形成算子退化为实数编码遗传算法的两父辈算术交叉算子.

5.2 ECM 与多父辈交叉遗传算法

假设对于任意的 $i, j (i, j \in \{1, 2, \dots, M\})$, 有 $\omega = \omega_j$, 则由式(10) 和(11) 可得

$$c_i(t+1) = \frac{\text{sgn}\left[\frac{\omega_j(t)}{M \cdot \omega_j(t)} \sum_{j=1}^M (2c_i(t) - 1)\right] + 1}{2} = \frac{\text{sgn}\left[\sum_{j=1}^M (2c_i(t) - 1)\right] + 1}{2} = \frac{\text{sgn}(N_A - N_B) + 1}{2}. \quad (14)$$

其中: N_A 为父代群体中第 i 位编码为 1 的次数, N_B 为父代个体中第 i 位编码为 0 的次数, $N_A + N_B = M$.

式(14) 表示如果父代个体中第 i 位编码为 1 的频度大于为 0 的频度, 则子代个体的相应位编码为 1; 反之为 0. 这时形成算子退化为 Eiben 等提出的二值编码多父辈重组遗传算法的出现频率扫描交叉算子^[5].

5.3 ECM 模型的凸空间封闭特性

考察实数编码时形成算子的情形. 由式(9) 可知, 子代形成算子具有如下形式:

$$c_i(t+1) = \frac{\sum_{k=1}^M \omega(t) \cdot c_i^{(k)}(t)}{\omega(t)} = \kappa_1 \cdot c_i^{(1)}(t) + \kappa_2 \cdot c_i^{(2)}(t) + \dots + \kappa_M \cdot c_i^{(M)}(t), \quad (15)$$

其中 $\kappa_k = \omega(t) / \sum_{j=1}^M \omega_j(t) \in [0, 1]$, 且 $\sum_{k=1}^M \kappa_k = 1$.

显然, ECM 形成算子是全部父代个体编码的一个凸组合, 具有凸空间封闭特性. 具有线性约束条件的数值优化问题的可行解空间是一个凸集, 对于在该凸空间中给定的可行解(父代个体), ECM 形成操作所产生的子代个体保证仍为该凸空间中的合法个体. ECM 形成算子的这个特点保证了它在求解线性约束优化问题时简明高效的特点.

综上所述, ECM 计算模型是采用两父辈算术交叉算子的实数编码遗传算法和采用出现频率扫描交叉算子的二值编码多父辈重组遗传算法的概括和推广.

6 实验研究

本文采用一组经典的遗传算法测试函数作为 ECM 计算模型的测试集. 这些测试函数包括二维的 De Jong 测试函数 2 和 5, Schaffer 函数 6 和 7, Easom 函数, Branin RCOS 函数, Six-hump camel back 函数, 4 维的 Shekel SQRN 7 函数以及 10 维的 Griewangk 函数. 有关这些函数的定义可参见相关文献^[4, 5, 14]. 在实验中, 染色体采用实数编码, 变异操作采用传统的非均匀突变算子. 有关试验参数的取值详见表 1. 试验以进化计算达到最大评价次数为停止准则.

表 1 中 Δx 的取值根据测试函数定义域的大小确定. 对于定义域较大的函数, Δx 的取值相应较大; 反之, 对于定义域较小的函数, Δx 的取值相应较小. 对于所有的测试函数, Δx 的取值确保实验中的相对寻优误差 $\epsilon = 0.0001$. Δx 为测试函数自变量的最大允许误差, 这里被作为分辨率来衡量 ECM 模型是否真的找到或充分逼近了全局最优解. 设 n 为测试函数自变量的维数, x_i^* 为测试函数全局最优值点的第 i 维坐标, \hat{x}_i 为 ECM 模型寻优到的最优值点的第 i 维坐标, 如果有

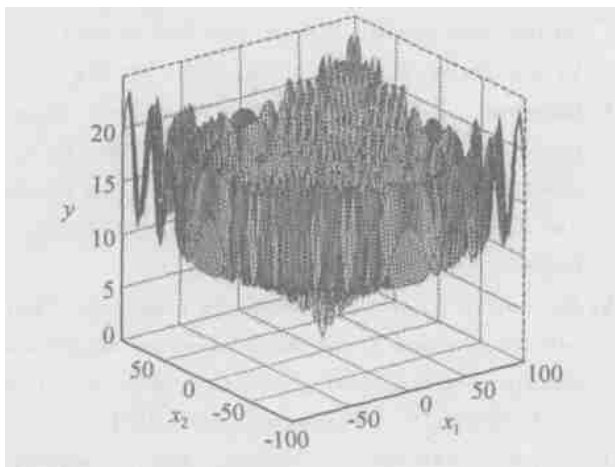
$$\forall i \in (0, 1, \dots, n), \max(|x_i^* - \hat{x}_i|) < \Delta x, \quad (16)$$

表 1 实验参数设定

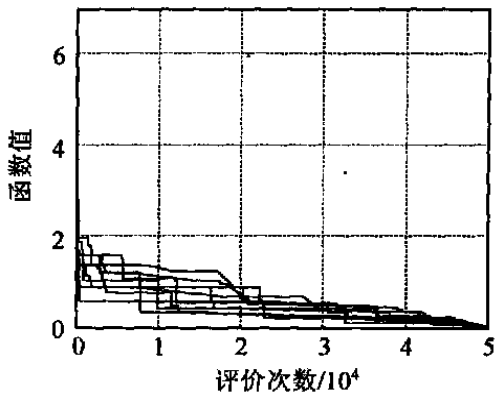
测试函数	维数	形成概率	变异概率	群体规模	最大评价次数	重复试验次数	Δx
De Jong F2	2	0.80	0.01	20	100 000	10	0.001
De Jong F5	2	0.80	0.01	20	100 000	10	0.001
Schaffer F6	2	0.80	0.01	20	100 000	10	0.01
Schaffer F7	2	0.80	0.01	20	100 000	10	0.001
Easom	2	0.80	0.01	20	50 000	10	0.01
Branin RCOS	2	0.80	0.01	20	50 000	10	0.0001
Six-hump camel back	2	0.80	0.01	20	10 000	10	0.001
Shekel SQRN 7	4	0.80	0.01	40	100 000	10	0.001
Griewangk	10	0.80	0.01	100	500 000	10	0.50

则称 ECM 模型已经找到或充分逼近了全局最优解

以 Schaffer F7 测试函数为例, 考察 ECM 模型对于多模函数的寻优能力. Schaffer F7 是一个解空间曲面非常粗糙的多模函数, 在解空间中具有许多局部极小点, 其解空间曲面如图 2(a) 所示. ECM 对其进行 10 次优化计算的结果如图 2(b) 所示. 图中: 横坐标为评价次数, 即在进化计算中繁殖的个体总数, 纵坐标为函数值. 由图 2 可见, ECM 模型对 Schaffer F7 函数的寻优一致性很好, 寻优速度也很快. 实际上, ECM 模型寻优 Schaffer F7 函数时的计算量还不到采用算术交叉算子的两父辈交叉遗传算法计算量的 60%.



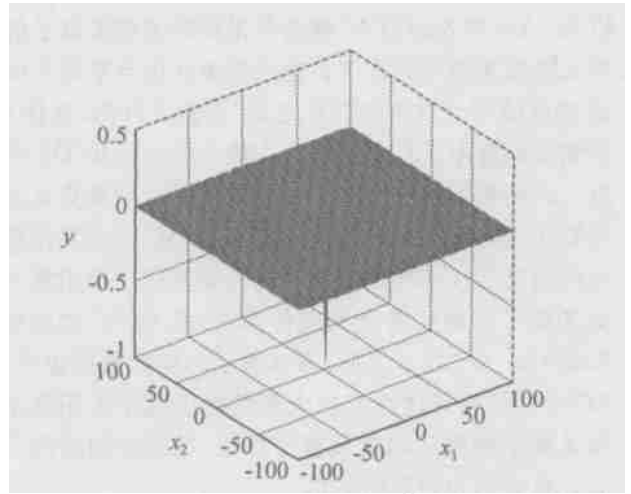
(a) Schaffer 函数 7 的解空间曲面



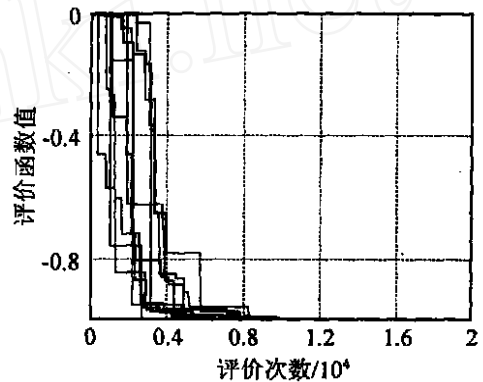
(b) 对 Schaffer 函数 7 的寻优曲线

图 2 Schaffer 函数 7 的解空间曲面图和模型的寻优曲线图

以 Easom 测试函数为例, 考察 ECM 模型对于欺骗函数的寻优能力. Easom 的解空间为一个平面, 在平面中有一个小而深的孔, 其解空间曲面如图 3(a) 所示. ECM 对其进行 10 次优化计算的结果如图 3(b) 所示. 横坐标为评价次数, 即在进化计算中繁殖的个体总数, 纵坐标为函数值. 由图 3 可见, ECM 模型对 Easom 函数的寻优一致性很好, 寻优速度也很快. 实际上, ECM 模型寻优 Easom 函数时的计算量还不到采用算术交叉算子的两父辈交叉遗传



(a) Easom 函数的解空间曲面



(b) 对 Easom 函数的寻优曲线

图 3 Easom 函数的解空间曲面图和模型的寻优曲线图
算法计算量的 30%.

对表 1 中全部 9 个测试函数的试验统计结果如表 2 所示. 本文采用寻优速度和寻优成功率两个指标来衡量 ECM 模型的寻优性能. 寻优速度为在多次的成功试验中算法首达全局最优值点时的平均个体适应度值评价次数 MNT; 寻优成功率为在多次重复试验中算法成功寻优到全局最优值点的次数占全部试验次数的百分比 PSR. 表 2 中 MNT 的

表 2 实验结果

测试函数	PSR/%		MNT		
	ECM	AX	ECM	AX	ECM/AX
De Jong F2	100	100	15 740	65 380	0.240 7
De Jong F5	100	100	17 880	81 180	0.220 3
Schaffer F6	100	100	59 800	98 380	0.607 8
Schaffer F7	100	100	51 060	89 280	0.571 9
Easom	100	100	14 000	48 080	0.291 2
Branin RCOS	100	100	4 360	3 100	1.406 5
Six-hump camel back	100	100	5 000	6 720	0.744 0
Shekel SQRN 7	100	100	37 180	95 460	0.389 5
Griewangk	100	100	190 800	489 500	0.389 8

注: ECM 为本文所提出的算法, AX 为采用算术交叉算子的两父辈交叉遗传算法

ECM /AX 列表示 ECM 模型与采用算术交叉算子的两父辈交叉遗传算法的首达全局最优值点平均个体适应度值评价次数MNT 之比。由表2可见,在这9个测试函数中,ECM 模型只在优化Branin RCOS 函数时的性能不及采用算术交叉算子的两父辈交叉遗传算法,约比后者多花了40%的计算量;而在其他所有的情况下,ECM 模型的寻优性能都优于采用算术交叉算子的两父辈交叉遗传算法,其MNT 之比在0.2203~0.7440之间。表2所示的实验数据表明,ECM 模型的寻优性能在大多情况下优于采用算术交叉算子的两父辈交叉遗传算法,在最好的情况下其计算量约为后者的1/5。

7 结 论

本文提出了一种基于遗传算法的进化计算模型ECM。在该算法中,所有的父辈都以不同的进化影响因子参与子代个体的形成运算,且父代个体对子代个体的影响程度与其优秀程度相关。进化影响因子概念的引入,不仅将多父辈遗传算法以及经典遗传算法统一到同一个框架之中,而且使得进化计算得以更充分地利用父代群体中所携带的有用信息。ECM 计算模型是采用两父辈算术交叉算子的实数编码遗传算法和采用出现频率扫描交叉算子的二值编码多父辈重组遗传算法的概括和推广,具有凸空间封闭特性,可保证子代个体的合法性和进化操作的简明性。对经典测试函数的实验结果表明,ECM 模型具有较采用两父辈算术交叉算子的实数编码遗传算法更强的解空间搜索寻优能力。本文的研究对进一步改善遗传算法的优化计算能力,促进遗传算法的研究具有一定的意义。

参考文献(References)

- [1] Agoston E Eiben, Raue P-E, Ruttkay Zs. Genetic algorithm with multiparent recombination [A]. *Parallel Problem Solving from Nature-3, LNCS 866* [C]. Berlin: Springer, 1994: 78-87.
- [2] Agoston E Eiben. Multiparent recombination in evolutionary computing [A]. *Advances in Evolutionary Computing, Natural Computing Series* [C]. Berlin: Springer, 2002: 175-192.
- [3] Agoston E Eiben. Multiparent recombination [A]. *Evolutionary Computation 1: Basic Algorithms and Operators* [C]. Bristol: Institute of Physics Publishing, 2000: 289-307.
- [4] Agoston E Eiben, Adriaan Schippers. Multiparent niche: n -ary crossover on NK-landscapes [A]. *Proc of the Parallel Problem Solving from Nature IV* [C]. Berlin: Springer, 1996: 319-328.
- [5] Heinz Muhlenbein, Heinz Michael Voigt. Gene pool recombination for the breeder genetic algorithm [A]. *Proc of the Meta-heuristics Int Conf* [C]. Colorado: Kluwer Academic Publishers, 1995: 19-25.
- [6] Shigeyoshi Tsutsui. Multiparent recombination in genetic algorithm with search space boundary extension by mirroring [A]. *PPSN V, LNCS 1498* [C]. Berlin: Springer-Verlag, 1998: 428-437.
- [7] Takahide Higuchi, Shigeyoshi Tsutsui, Masayuki Yamamura. Theoretical analysis of simplex crossover for real-coded genetic algorithm [A]. *Proc of the PPSN VI* [C]. Berlin: Springer-Verlag, 2000: 365-374.
- [8] Shigeyoshi Tsutsui, Masayuki Yamamura. Multiparent recombination with simplex crossover in real coded genetic algorithms [A]. *Proc of the 1999 Genetic and Evolutionary Computation Conf (GECCO-99)* [C]. Orlando, 1999: 657-664.
- [9] Hajime Kita, Isao Ono, Shigenobu Kobayashi. Multiparental extension of the unimodal normal distribution crossover for real-coded genetic algorithms [A]. *Proc of the CEC 99* [C]. Washington, 1999: 1581-1587.
- [10] Osamu Takahashi, Hajime Kita, Shigenobu Kobayashi. A distance dependent alternation model on real-coded genetic algorithm [A]. *1999 IEEE Int Conf on Systems, Man and Cybernetics* [C]. Tokyo, 1999: 619-624.
- [11] Gilbert Syswerda. Uniform crossover in genetic algorithms [A]. *Proc of the 3rd Int Conf on Genetic Algorithms* [C]. San Mateo: Morgan Kaufmann Publishers, 1989: 2-9.
- [12] William M Spears, Kenneth A De Jong. On the virtues of parameterized uniform crossover [A]. *Proc of the 4th Int Conf on Genetic Algorithms* [C]. San Mateo: Morgan Kaufmann Publishers, 1991: 230-236.
- [13] Larry J Eshelman, Rich Caruana, David Schaffer. Biases in the crossover landscape [A]. *Proc of the 3rd Int Conf on Genetic Algorithms* [C]. San Mateo: Morgan Kaufmann Publishers, 1989: 10-19.
- [14] Zbigniew Michalewicz. *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs* [M]. Berlin: Springer-Verlag, 1996.