

文章编号: 1001-0920(2005)11-1251-05

基于多种群的自适应免疫进化计算

宋丹^{1,2}, 傅明¹

(1. 长沙理工大学 计算机与通信工程学院, 长沙 410076; 2. 湖南财经高等专科学校 信息管理系, 长沙 410205)

摘要: 将免疫思想同思维进化计算相结合, 提出一种新的基于多种群的自适应免疫进化算法 (IABM), 算法定义了选择、记忆、克隆、超变异、抑制 5 种基本算子。试验结果表明该算法具有高效的收敛速度, 并能收敛到全局最优。与多种群遗传算法和思维进化计算相比, IABM 收敛速度更快, 收敛率更高。

关键词: 免疫算法; 多种群; 优化计算; 进化算法

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A

Adaptive Immune Algorithm Based on Multi-population

SONG Dan^{1,2}, FU Ming¹

(1. Institute of Computer and Communication Engineering, Changsha University of Science and Technology, Changsha 410076, China; 2. Department of Information Management, Hu'nan College of Finance and Economy, Changsha 410205, China. Correspondent: SONG Dan, E-mail: s1020d@126.com)

Abstract: A new immune algorithm based on multi-population (IABM) is proposed by combining Immune theory with Mind Evolutionary Computation. IABM defines five basis operators including selection, memory, clone, hypermutation and restraint. Experimental results show that the presented algorithm converges to the global optimal point with high convergence speed. Both IABM's convergence speed and convergence probability of the proposed algorithm are higher than those of Multi-population Genetic Algorithm (MGA) and Mind Evolutionary Computation (MEC).

Key words: Immune algorithm; Multi-population; Optimization computation; Evolution algorithm

1 引言

人类免疫系统作为一个复杂的智能信息处理系统, 可以探索新的智能优化算法^[1,2]。在数值优化方面, Mori 等^[3]提出一种处理函数优化问题的免疫算法, Leandro 等^[4]提出了用人工免疫网络对多模态函数进行寻优, 并取得了较好的结果。免疫算法可分为否定选择算法、肯定选择算法、克隆选择算法和基于网络的免疫算法。本文的免疫算法思想主要来源于克隆选择算法。

基于思维进化的机器学习方法, 即思维进化算法 (MEC) 是 20 世纪 90 年代提出的一种新的演化算法^[5]。此算法继承了进化算法中“群体”和“进化”的概念, 模拟人脑、人类思维和知识的进化。算法一般将描述解空间的群体划分为若干子群体, 采用多种

群并行进化的机制, 对于数值优化、组合寻优具有广泛的应用。

本文受 MEC 和多种群遗传算法 (MGA) 的多种群并行机制的启发, 结合免疫算法提出一种新的基于多种群的免疫算法 (Immune algorithm based on multi-population, 简称为 IABM)。在采用多种群的基础上, 定义了选择、记忆、克隆、超变异、抑制 5 种基本算子。其中记忆算子分为全局记忆细胞和局部记忆区, 记忆充分利用祖辈的优良基因信息指导后代生成; 对超变异算子采取自适应策略, 使个体根据自身的优良程度和所处的历史进化代数来确定搜索范围; 在全局范围内, 利用抑制算子来确保群体的多样性。文中阐述了算法的主要机理, 给出了算法框图, 并分析了算法的收敛性。仿真实验比较和分析了

收稿日期: 2004-11-09; 修回日期: 2005-04-15

作者简介: 宋丹 (1976—), 男, 长沙人, 硕士生, 从事进化计算、基于网络的应用等研究; 傅明 (1961—), 男, 长沙人, 教授, 博士后, 从事基于网络的应用、数据挖掘等研究。

MEC, MGA 和 IABM 3 种算法的性能, IABM 表现出更好的收敛性能和求解问题的潜力

2 IABM 的主要免疫机理

Burnet 首先提出了克隆选择原理, 指出体内存在识别各种抗原的免疫细胞克隆, 抗原通过细胞体选择相应的克隆并使之活化和增殖, 变成抗体产生细胞和免疫记忆细胞, 部分免疫细胞可因突变而与自身抗原起反应, 并进一步说明了对抗原刺激所产生免疫应答这一基本特征的算法理论, 只有识别抗原的细胞才能进行克隆扩增 Hunt 进一步发展了克隆选择理论, 并提出了高频变异学说, 这是克隆选择扩增期间产生的重要变异形式

IABM 采用的免疫机理主要来自克隆选择原理、体细胞高频变异、免疫记忆, 其主要特征如下:

1) 抗原刺激下 B 细胞产生克隆增殖, 分化为抗体细胞和记忆细胞 IABM 中的选择算子实现这一功能, 选择出子群体的优胜者(具有高亲和度的 B 细胞)成为记忆细胞, 余者成为抗体细胞

2) 只有受到最强刺激的细胞才能克隆自身, 即当细胞对抗原的亲合力很高时才会发生 IABM 中的克隆算子指对记忆细胞进行克隆复制, 采取的方式是以其为中心随机正态生成新个体

3) 体细胞高频变异指受刺激的 B 细胞增殖激活体细胞高频变异机制 IABM 中超变异算子实现了高频变异的功能

4) 免疫记忆指首次遇到抗原时, 在对其识别结束后以最优抗体的形式保留对该抗原的记忆信息, 以后遇到抗原时, 记忆群体会很快生成大量抗体, 在异常出现前清除抗原, 这就是免疫系统的二次应答, 比初次应答更快更健壮 IABM 中的记忆算子对子群体和整个群体分别用局部记忆算子和全局记忆细胞进行记忆, 在以后的进化过程中指导产生具有高亲和力的后代, 以加快免疫应答的效率

3 基于多种群的自适应免疫进化计算

在 IABM 中, 每一代分为 n 个子种群, 每个种群规模为 m , 即每一子种群有 m 个 B 细胞, 其基因信息为抗体, 所求问题为抗原, B 细胞的基因信息对问题的解决程度为抗体对抗原的亲合力. 具体应用于函数测试时, 自变量为抗体, 目标函数为抗原, 函数值为亲合力

3.1 算法框图

IABM 的算法流程如图 1 所示

3.2 各种算子

3.2.1 选择算子

从子群体中通过计算亲和力选择出局部具有最

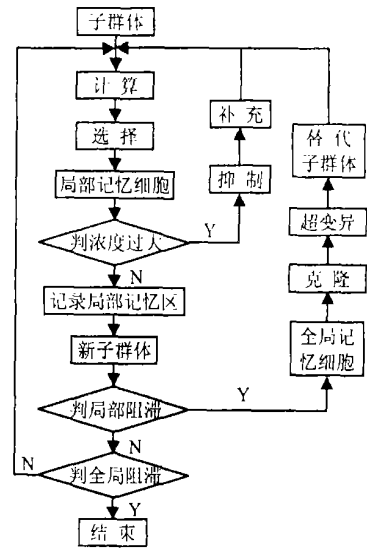


图 1 IABM 流程

高亲和度的 B 细胞成为局部记忆细胞, 并从优胜者中选择全局具有最高亲和度的 B 细胞成为全局记忆细胞

3.2.2 记忆算子

记忆算子指全局记忆细胞和局部记忆区, 全局记忆细胞指当代具有最高亲和度的 B 细胞, 局部记忆区包括局部记忆细胞、状态矩阵 S 和概率矩阵 P . 局部记忆细胞指子群体内部的最大亲和力 B 细胞, 其基因信息录入状态矩阵 S , 再依据 S 将基因信息录入概率矩阵 P , 通过 P 以轮盘赌的形式生成 B 细胞, 构成新子群

假设 B 细胞基因串编码存在于 L 维形态空间, 每个分子都是长度为 L 的属性串, 由从长度为 k 的有限字母表 A 中选出的字母构成. 局部记忆细胞的基因串为 $B_0, B_1, \dots, B_j, \dots, B_{L-1}, B_j$ 的取值为集合 A 中的一个字母

局部记忆细胞的基因信息通过状态矩阵 $S_{k \times L}$ 进行记录, $S_{k \times L}$ 的任一元素取值只有 0 和 1, 初值为 0. 记录过程如下: 设 B_j 的取值为集合 A 中的第 i 字母, 则 B_j 的记录方法是 $s_{ij} = 1$.

概率矩阵 $P_{k \times L}$ 用来描述局部记忆细胞的基因串中各基因位取某一等位基因概率的大小, 根据状态矩阵来修改, 并且其各基因位取值应满足下述条件:

$$p_{ij} = \frac{1}{k}, j = 0, 1, \dots, L. \quad (1)$$

其中 $P_{k \times L}$ 的初值赋初始概率为 $p = 1/k$.

根据状态矩阵修正概率矩阵, 若 $s_{ij} = 1$, 则按下式修正 p_{ij} :

$$p_{ij} = p_{ij} + f \times s_{ij}, \quad (2)$$

$$p_{ij} = p_{ij} / \sum_{i=0}^k p_{ij} \quad (3)$$

修正过程可使子群体高亲和度 B 细胞等位基因的概率增大, 其他的减少. 修正因子 f 的取值范围为 (0.01 ~ 0.1), 当取值变大时, 局部收敛速度明显加快, 但取值过大时易陷入局部最优解

记忆算子借鉴基因学习算法和思维进化计算, 在子群体进化内部引入概率矩阵, 记录子群体的高亲和度 B 细胞的基因信息, 然后经轮盘赌的方法产生新子群, 充分利用了各个亲代的优良基因信息. 调整因子 f 的大小可以灵活控制进化迭代中的局部收敛速度

3.2.3 克隆算子

当一个子群体局部阻滞时, 依据全局记忆细胞进行克隆, 随机生成满足以全局记忆细胞的基因位移为中心的正态分布 B 细胞子群体, 然后进入超变异过程, 进一步提高与抗原的亲和力. 其中, 克隆区间与当前迭代次数 number of Generation 的 i 次方成比例, $i < 0$. 随着 number of Generation 的增加, 克隆区间缩小

克隆算子的作用是通过当代具有最高亲和度的 B 细胞克隆生成一个新的 B 细胞子群体, 使新子群具有高亲和度的趋势

3.2.4 超变异算子

经克隆后产生了 m 个 B 细胞 (构成一个子群体), 每个 B 细胞采取自适应正态变异, 以自身的基因位移为中心按正态分布随机生成新的 B 细胞个体. 若新个体与抗原的亲和力高于原有 B 细胞, 则替换原有 B 细胞, 否则保留原有个体

在自适应正态变异中, 变异的区间域应根据该 B 细胞的当前进化代数和基因 (抗体) 与抗原的亲和力进行调整. 以一维变量求解最小值为例, 设基因的全局取值区域为 (limit Min, limit Max), 位移为 seed, 对问题的求解值为 result, 变异域为 (mutate Min, mutate Max), 当前迭代次数为 number of Generation, 则

$$\text{mutate Min} = \text{seed} - (\text{seed} - \text{limit Min}) \times f_1, \quad (4)$$

$$\text{mutate Max} = \text{seed} + (\text{limit Max} - \text{seed}) \times f_1 \quad (5)$$

其中: f_1 为区间修正因子, 取值为

$$f_1 = \left(1 - \left(\frac{\text{result}}{\text{best Min} + \delta}\right)^j\right) \times \text{number of Generation}^k, \quad (6)$$

$j > 0$, 常取 (0, 2) 之间的实数; $k < 0$, 常取 (-2, 0)

之间的实数; δ 为极小的正值, 用于防止分母为零. 从式 (4) ~ (6) 可以看出, 当亲和力高时, 变异的区间缩小; 当进化迭代次数大时, 变异的区间缩小; 反之, 变异区间增大

超变异算子能够根据亲和力自适应调整搜索范围 (变异区间), 是实现算法高精度搜索的有效算子. 通过上述克隆、超变异过程形成的新子群代替原有子群, 开始新一轮的局部进化

3.2.5 抑制算子

选择出当代的局部记忆细胞后, 依次对每个局部记忆细胞和全局记忆细胞的基因信息 (抗体) 进行信息熵的统计. 若其值小于阈值 r_1 , 则计数器 number 加 1, 统计完所有的局部记忆细胞后, 令 number = number / m ; 若 number 大于阈值 r_2 , 则认为全局记忆细胞基因信息的浓度过大, 实行抑制算子

假设一个抗体的指令集包含 N 个分子 (抗体), 存在于 L 维形态空间, 其中每个分子都是从长度为 k 的有限字母表中选出的字母构成的属性串. Fukuda 提出的函数 $H_j(N)$ 用来计算抗体指令集中位置为 j 的信息熵^[6], 即

$$H_j(N) = - \sum_{i=1}^k p_{i,j} \log p_{i,j}, \quad (7)$$

$$H(N) = \frac{1}{L} \sum_{j=1}^L H_j(N). \quad (8)$$

其中: $p_{i,j}$ 表示基因位 j 是字母 i 的概率, $H(N)$ 为抗体指令集的平均信息熵

式中 $N = 2$, 即用 $H(2)$ 对局部记忆细胞和全局记忆细胞的抗体进行信息熵的统计. 从以上二式可以看出, 当两个抗体的基因差别越大时, 二者构成的指令集的信息熵越大. 所以当 $H(2) < r_1$ 时 (r_1 取一较小的值), 二者的基因非常接近

抑制算子的作用是当局部记忆细胞中出现过多的全局记忆细胞的近亲时, 它将自适应地清除冗余的局部记忆细胞, 并对所在的子群体进行随机重新生成, 经自适应变异后生成新的 B 细胞子群体, 替换掉原有子群体. 抑制算子能有效控制群体的多样性, 防止整个种群陷入局部最优解

3.3 收敛曲线

以一个多峰值函数 $f_1(x_1, x_2)$ (参见式 (9)) 搜索最大值为例, 说明 IABM 的收敛特性及概率矩阵修正因子对收敛性的影响. 种群数为 10, 子种群规模皆为 10, 使用 IABM, MEC, MGA 3 种算法对函数 $f_1(x_1, x_2)$ 迭代 100 次, 记录每代的最优个体, 得到图 2 所示的收敛曲线. 可以看出 IABM 的收敛速度明显优于 MEC 和 MGA, 在约 30 代时达到全局最

优 在第 100 代时各种算法达到的全局最优解为:

- 0 997 544 141 682 623 (IABM),
- 0 997 534 985 021 239 (MEC),
- 0 993 030 832 030 941 (MGA).

IABM 达到全局最优解,MEC 接近全局最优解,而 MGA 陷于局部最优解

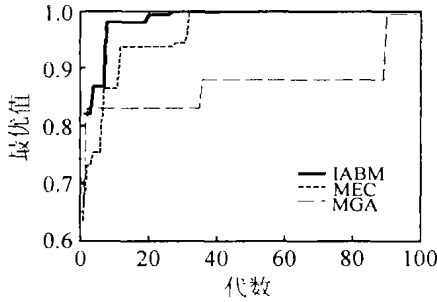


图2 3种算法的收敛曲线

概率矩阵修正因子 f 分别取 0.001, 0.04 和 0.4, 对 IABM 迭代 100 次 图3 给出了因子 f 对 IABM 收敛性的影响 局部记忆细胞在 IABM 中有重要作用, 所以记录每代的局部记忆细胞的抗体对抗原的亲和度(即函数值) 平均值, 图3 表明 f 取值小时 ($f = 0.001$), 收敛速度较慢, f 取值过大时 ($f = 0.4$), 在开始几代的收敛速度很快, 但易陷于局部最优而停滞不前 在第 100 代时局部记忆细胞的平均值为:

- 0 905 067 345 900 909 ($f = 0.001$),
- 0 957 211 187 236 629 ($f = 0.04$),
- 0 762 997 507 482 808 ($f = 0.4$).

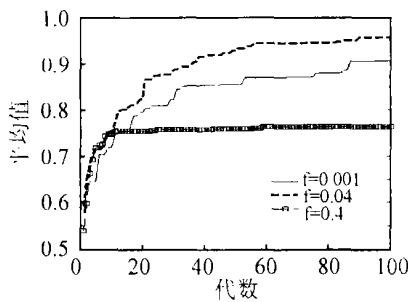


图3 f 因子对收敛性的影响

4 实例仿真与分析

本文采用下述 5 个典型测试函数来检验 IABM 的性能, 并与 MGA, MEC 进行性能的比较和分析

4.1 测试函数

$$f_1(x_1, x_2) = 0.5 + \frac{\sin \sqrt{x_1^2 + x_2^2} - 0.5}{[1.0 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)]^2},$$

$$- 100 \quad x_1, x_2 \quad 100; \quad (9)$$

$$f_2(x_1, x_2) = (x_1^2 + x_2^2)^{0.25} [\sin^2(50(x_1^2 + x_2^2)^{0.1}) + 1.0],$$

$$- 10 \quad x_1, x_2 \quad 10; \quad (10)$$

$$f_3(x_1, x_2) = 100(x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2,$$

$$- 2.048 \quad x_1, x_2 \quad 2.048; \quad (11)$$

$$f_4(x_1, x_2) = 0.5 - \frac{\sin \sqrt{x_1^2 + x_2^2} - 0.5}{[1.0 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)]^2},$$

$$- 10 \quad x_1, x_2 \quad 10, \quad (12)$$

$$f_5(x_1, x_2) = 500 + |x_1| \sin \sqrt{|x_1|} + |x_2| \sin \sqrt{|x_2|},$$

$$- 500 \quad x_1, x_2 \quad 500 \quad (13)$$

$f_1(x_1, x_2)$ 称为 Schaffer's F_6 , 它是快速变化的二维多峰值函数, 越接近最优值, 变化越剧烈 全局最大值周围有一圈脊, 使得函数有无数个局部极大值, 且这些值与全局最大值非常接近, 这样算法在搜索时容易陷于局部极大值 全局最大值为 0.997 544 14

$f_2(x_1, x_2)$ 称为 Schaffer's F_7 , 是复杂的二维多峰值函数, 全局最小值为 0

$f_3(x_1, x_2)$ 称为马鞍函数, 它是连续的凹函数, 全局最小值为 0, 采用普通算法难以求出全局最小值

$f_4(x_1, x_2)$ 是 Schaffer 函数, 是剧烈振荡的圈脊形状函数, 全局最大值为 1

$f_5(x_1, x_2)$ 是陡峭的间断函数^[6], 有 4 个全局最优值 (420.969, 420.969), (-420.969, 420.969), (420.969, -420.969), (-420.969, -420.969), 全局最大值为 1.337.965.774.5

4.2 仿真结果与分析

算法参数见表 1. 其中 n 为子群数, m 为群体规模, g 为最大迭代次数, f 为概率矩阵的修正因子, i 为克隆算子中的系数, j 和 k 为超变异算子中的系数, ϵ 为阈值 为了对比 3 种算法的性能, 在测试每一函数时 3 种算法采取相同的 n, m, ϵ 和 g . 对其中的 (MEC 和 IABM) 二种算法采用相同的 f . 此外, IABM 中抑制算子中的阈值 r_1 取 0.28, 阈值 r_2 取 0.4

表1 IABM, MEC 和 MGA 参数

函数	n	m	g	f	i	j	k	ϵ
$f_1(x_1, x_2)$	10	10	150	0.04	-1	2	-2	0.001
$f_2(x_1, x_2)$	10	10	150	0.08	-1	2	-2	0.005
$f_3(x_1, x_2)$	20	15	150	0.03	-0.1	1	-1	0.001
$f_4(x_1, x_2)$	20	15	150	0.03	-1	2	-2	0.001
$f_5(x_1, x_2)$	10	15	150	0.04	-1	2	-2	0.01

对每个函数都取不同随机初始群体进行 20 次优化计算, 在给定的最大代数 g 内, 若第 z 代最优个体的函数值与第 $z - 5$ 代最优值的差值绝对值小于

表 2 IABM, MEC 和 MGA 的收敛性比较

函 数	平均迭代次数			收 敛 率			平均评价次数		
	M GA	M EC	IABM	M GA	M EC	IABM	M GA	M EC	IABM
$f_1(x_1, x_2)$	81.8	46.6	41.5	0.05	0.95	1.0	20368.0	6215.6	4545.0
$f_2(x_1, x_2)$	138.6	58.7	53.2	0.25	0.95	1.0	22746.0	6952.0	6571.5
$f_3(x_1, x_2)$	67.8	31.2	20.5	0.45	0.95	1.0	51532.5	12330.0	6318.7
$f_4(x_1, x_2)$	62.3	45.375	44.4	0.3	0.80	1.0	49944.7	20710.8	17469.8
$f_5(x_1, x_2)$	114.8	49.4	43.05	0.35	0.90	0.95	32540.3	9664.0	7029.7

表 3 IABM, MGA 和 MEC 的收敛结果比较

函 数	平 均 值			最 优 值		
	M GA	M EC	IABM	M GA	M EC	IABM
$f_1(x_1, x_2)$	0.97364889	0.99637745	0.99738651	0.99725156	0.99754414	0.99754414
$f_2(x_1, x_2)$	0.00549443	0.00449547	5.429894E-07	0.00022983	5.429894E-07	5.429894E-07
$f_3(x_1, x_2)$	0.00121249	0.00021974	0.00013657	0.00031402	1.333726E-06	7.749778E-08
$f_4(x_1, x_2)$	0.99717806	0.99803505	0.99999971	0.99998381	1	1
$f_5(x_1, x_2)$	1.3379123	1.3379588	1.3379653	1.3379625	1.3379657	1.3379657

阈值 ϵ 则认为算法全局阻滞 若一个子群体的最优函数值连续 3 代不发生变化, 则认为局部阻滞, 否则继续子群体内部的进化过程

表 2 比较了 3 种算法达到最优解所需的平均迭代次数、收敛率和平均评价次数 平均评价次数是指进化中达到最优解所需的函数计算次数 n, m, g 取相同值, IABM 对 5 个测试函数均能达到或接近收敛概率 1, 未能达到收敛概率 1 的只需适当增加群体规模或延长进化代数即可, 这表明 IABM 具有更好的稳定性, 不易陷入局部最优解

与 MEC 和 MGA 相比, IABM 达到最优解所需的平均迭代次数和函数平均评价次数更少, 这表明 IABM 具有更强的全局寻优性能 由于函数平均评价次数减少, 使得计算函数值的次数和算法的计算量也减少

Srinivas 等^[8] 用自适应遗传算法 (AGA) 对 $f_2(x_1, x_2)$ 进行优化, 将 IABM 与之比较发现, IABM 的平均代数 53.2 小于 AGA 的 220.61, 平均评价次数 6571.5 小于 22061, 表明 IABM 具有更快的收敛速度

表 3 给出了 IABM, MGA 和 MEC 的优化结果对比, 从表中可以看出, IABM 的 20 次寻优结果的平均值和最优值均优于 MGA 和 MEC

对于 $f_5(x_1, x_2)$, 与 RPGA^[7] 的优化结果进行对比, 本文算法搜索出的最大值 1.3379657745 比 RPGA 的最大值 1.337964448 更优, 其最优点 (420969259, 420973449) 较 RPGA 的 (-421181458, 420780151) 更准确, 种群规模和

迭代次数均少于 RPGA.

5 结 论

本文将多种群引入免疫算法, 提出了一种进化算法 IABM. IABM 的记忆算子充分利用祖辈的优良基因信息指导后代生成, 加快了收敛速度; 超变异算子采取自适应策略, 提高了变异的有效性; 在全局范围内, 利用抑制算子来确保群体的多样性 该算法属于随机优化方法, 具有自适应和并行性的特点 仿真结果表明 IABM 具有有效的收敛速度和全局收敛性能

参考文献 (References)

- [1] Jiao L. C., Wang L. A Novel Genetic Algorithm Based on Immunity [J] *IEEE Trans on System, Man, and Cybernetics, Part A: Systems and Humans*, 2000, 30 (5): 552-561.
- [2] De Castro L. N., Von Zuben F. J. Learning and Optimization Using the Clonal Selection Principle [J] *IEEE Trans on Evolutionary Computation*, 2002, 6(3): 239-251.
- [3] Mori K., Tsukiyama M., Fukuda T. Immune Algorithm and Its Application to Factory Load Dispatching Planning [A] *Proc of Japan USA Symposium on Flexible Automation* [C]. Kobe, 1994: 1343-1346.
- [4] Leandro Nde C., Timmis J. An Artificial Immune Network for Multimodal Function Optimization [A] *Proc of the 2002 Int Conf on Evolutionary Computation* [C]. Honolulu: IEEE, 2002: 699-704.

(下转第 1260 页)

- [6] Schmid C, Mohr R, Bauckhage C. Evaluation of Interest Points[J]. *Computer Vision*, 2000, 37(2): 151-172
- [7] 崔岩梅, 倪国强, 王毅, 等. 一种基于小波变换的多尺度多算子图像融合方法[J]. *光学技术*, 1999, 4: 37-39
(Cui Y M, Ni G Q, Wang Y, et al. A Multi-scale and Multi-algorithm Image Fusion Method Based on Wavelet Transform [J]. *Optical Technique*, 1999, 4: 37-39.)
- [8] 杨福生. *小波变换的工程分析与应用*[M]. 北京: 科学出版社, 2000: 1-20
(Yang F S. *Engineering Analysis and Application of Wavelet Transform* [M]. Beijing: Science Press, 2000: 1-20.)
- [9] 王卫卫. 小波域多聚焦图像融合算法[J]. *系统工程与电子技术*, 2004, 5: 668-671
(Wang W W. Multi-focus Image Fusion Algorithm in Wavelet Field [J]. *Systems Engineering and Electronics*, 2004, 5: 668-671.)

(上接第1255页)

- [5] Sun C Y, Sun Y. Mind-evolution-based Machine Learning: Framework and Implementation of Optimization[A]. *Proc of IEEE Int Conf on Intelligent Engineering Systems* [C]. Vienna: IEEE Inc, 1998: 355-359
- [6] Fukuda T, Mori K, Tsukiana M. Parallel Search for Multimodal Function Optimization with Diversity and Learning of Immune Algorithm [A]. *Artificial Immune Systems and Their Applications* [C]. Berlin: Springer-Verlag, 1999: 210-220
- [7] 邹琳, 夏巨谔, 胡国安. 基于实数编码的多种群并行遗传算法研究[J]. *小型微型计算机系统*, 2004, 25(6): 982-986
(Zou L, Xia J C, Hu G A. Real Coding Based Multi-population Parallel Genetic Algorithm [J]. *Micro Systems*, 2004, 25(6): 982-986.)
- [8] Srinivas M, Patnaik L M. Adaptive Probabilities of Crossover and Mutation in Genetic Algorithm [J]. *IEEE Trans on Systems, Man, and Cybernetics*, 1994, 24(4): 656-667.

下 期 要 目

- 电梯群控技术的现状与发展方向 杨祯山, 邵 诚
- 基于模糊逻辑的图像检索研究 王小玲, 谢康林
- 基于T-S模型的体操机器人系统模糊变结构控制 郑 艳, 井元伟
- 矩阵二阶系统的鲁棒极点配置 武云丽, 段广仁
- 非线性耦合统一混沌系统的同步 闵富红, 王执铨
- 基于流体流量的线性化TCP模型的稳定性分析 王德进
- 马尔可夫切换系统的鲁棒 H 控制 孙敏慧, 等
- 帆船直线航行比赛最优路径动态规划方法研究 葛 艳, 等
- 平面复杂边缘的双机器人协调跟踪运动规划研究 陈国良, 等