

文章编号: 1001-0920(2006)07-0781-06

多 UCAV 任务分配的混合遗传算法与约束处理

叶媛媛^{1,2}, 闵春平³, 沈林成¹

(1. 国防科学技术大学 机电工程与自动化学院, 长沙 410073;

2. 空军装备研究院, 北京 100085; 3. 第二炮兵装备研究院, 北京 100085)

摘 要: 针对多 UCAV 协同作战任务分配问题, 建立了多目标整数规划模型, 提出了基于整数编码的混合遗传算法。将约束分为全局约束和局部约束, 根据局部约束将决策变量分为自由变量和非自由变量, 仅对非自由变量进行编码, 减少了染色体变化要素。设计了交叉算子和变异算子, 以提高个体的约束满足率。以 UCAV 的 SEAD 任务为想定进行仿真, 实验结果表明, 该混合遗传算法可有效解决大规模整数规划问题, 在求解效率和约束满足率上比标准遗传算法有显著提高。

关键词: UCAV; 任务分配; 整数规划; 混合遗传算法; 整数编码

中图分类号: TP391

文献标识码: A

Hybrid Genetic Algorithm and Constraint Handling for Multiple UCAV Mission Assigning

YE Yuan-yuan^{1,2}, MIN Chun-ping³, SHEN Lin-cheng¹

(1. School of Mechatronics and Automation, National University of Defense Technology, Changsha 410073, China;

2. Airforce Equipment Academy, Beijing 100085, China; 3. Second Artillery Equipment Academy, Beijing 100085,

China. Correspondent: YE Yuan-yuan, E-mail: yeyuan@163.com)

Abstract: To resolve the multiple cooperative UCAV mission assigning problem, a multiobject integer programming model is presented, and a hybrid genetic algorithm is proposed. The constraints are sorted into global ones and partial ones. According to the partial constraints, the decision variables are divided into free and non-free ones. Only non-free variables are coded to further lessen the chromosome length and to decrease the alterable elements. Then with the partial constraints, the crossover and mutation operators are designed which increase the variables satisfying constraint probability. The simulation results under the SEAD scenario show that the hybrid genetic algorithm resolves the UCAV mission assigning effectively, and has better efficiency and higher chromosome satisfying constraints probabilities than the standard genetic algorithm.

Key words: UCAV; Mission assigning; Integer programming; Hybrid genetic algorithm; Integer coding

1 引 言

多 UCAV 协同作战的任务分配问题是多 UCAV 协同控制研究的重要内容之一, 其目的是对 UCAV 分配攻击目标, 并对 UCAV 进行编队和设计粗略路径, 使得整个 UCAV 机群的作战效能最高, 作战代价最小^[1-4]。它是一个约束众多而复杂的优化问题, 其解空间随武器总数和任务总数的增加

而呈指数级增加, 使其成为一个多参数、多约束的 NP 问题。传统的方法如隐枚举法, 通过检查变量组合的一小部分来求解问题的最优解, 算法较为简单; 分支定界法处理类似线性问题也比较有效。当遇到中等规模甚至大规模问题, 尤其是约束非线性时, 上述传统方法目前还没有很好的解决办法, 因而限制了它在实际大规模问题中的应用^[5-7]。

收稿日期: 2005-06-27; 修回日期: 2005-10-09

基金项目: 国家 973 项目(5130801)。

作者简介: 叶媛媛(1976—), 女, 江苏徐州人, 博士生, 从事飞行器任务规划、智能控制等研究; 沈林成(1965—), 男, 江苏吴江人, 教授, 博士生导师, 从事精确制导与控制、人工智能等研究。

遗传算法是一种概率性算法,它是基于模式定理而非梯度信息产生群体中的最优(满意)个体,因此对目标函数和约束的要求较低。实际上,常规遗传算法并不一定是针对某一问题的最佳求解方法。将遗传算法与问题的特有知识集成到一起所构成的混合遗传算法,却有可能产生出求解性能极佳的方法^[8,9]。特别是对整数规划问题,由于可行解的空间有限,采用适当的遗传算法并充分利用约束中的启发式信息,可以得到一系列的最优(满意)解。

本文针对多UCAV任务分配问题的特点,首先建立了多UCAV任务分配的多目标整数规划数学模型,并提出一种基于整数编码的混合遗传算法;然后充分利用约束提供的启发信息,从编码方式和遗传算子两个方面提高遗传个体的约束满足率,从而提高了混合遗传算法的求解性能;最后以典型的压制敌防空火力(SEAD)任务为想定,进行仿真验证和分析。

2 多UCAV任务分配的整数规划模型

记UCAV数目、机场数目和目标数目分别为 N, M 和 J 。对UCAV按其所属机场和型号分为 L 个类型,同一类型的UCAV指其属于同一个机场,且具有相同的型号。多UCAV协同作战的任务分配数学模型如下:

$$\begin{aligned} \max f &= (f_1, \bar{f}_2), \\ f_1 &= \sum_{l=1}^L \sum_{p=1}^P \frac{x_{lp} \text{Pr}_{lp} V_{jp}}{N_a V_{\max}}, \\ \bar{f}_2 &= 1 - f_2 = \\ &= 1 - \alpha \sum_{l=1}^L \sum_{p=1}^P \frac{x_{lp} D_{lp}}{R N_a}. \end{aligned} \quad (1)$$

s t

- 1) $\sum_{p=1}^P x_{lp} = N_l, N_l$ 为 l 类型UCAV的数目;
- 2) $x_{lp}(D_{lp} - R_l) \leq 0, l = 1, 2, \dots, L, p = 1, 2, \dots, P$;
- 3) $\sum_{l=1}^L \sum_{p=1}^P x_{lp} (1 - \prod_{j=1}^L (1 - \text{Pr}_{lp})^{x_{lp}} - Q_j) \leq 0, l = 1, 2, \dots, L, j = 1, 2, \dots, J$;
- 4) $\sum_{l=1}^L \sum_{p=1}^P x_{lp} \leq A \text{ttack}_j, j = 1, 2, \dots, J$;
- 5) $x_{lp} \geq 0, l = 1, 2, \dots, L, p = 1, 2, \dots, P$.

在模型(1)及其约束中,决策变量 x_{lp} 表示选择路径 p 的 l 类型UCAV的数量,受UCAV兵力部署的限制,某类型UCAV只能选择以该类型UCAV所在机场为起点的路径;记第 m 个机场内的UCAV类型数目为 L_m ,以第 m 个机场为起点的路径数目为 P_m ,则决策变量数目为 $\sum_{m=1}^M L_m P_m$; f_1 用于衡量多

UCAV协同作战的目标价值收益, f_2 用于衡量UCAV的总飞行距离(主要决定燃油消耗量),多UCAV任务分配的目标是在最大化 f_1 的同时最小化 f_2 ;为对指标统一取最大值,对 f_2 处理如式(1), \bar{f}_2 仍然满足 $0 \leq \bar{f}_2 \leq 1$; Pr_{lp} 为 l 类型UCAV经由路径 p 执行攻击任务时,对目标的毁伤概率; $V = (V_j), V_j$ 为目标 j 的价值; $V_{\max} = \max_j V_j, j_p$ 为由路径 p 唯一确定的目标,目标价值为 V_{jp} ; $N_a \leq N$ 为任务分配中实际参与攻击任务的UCAV数目; D_{lp} 为 l 类型UCAV选择航路 p 时飞行的长度; R_l 为 l 类型UCAV的作战半径; $1/N_a V_{\max}$ 和 $1/R N_a$ 为归一化因子; α 为调节因子,此处取为1。

约束1)规定了各类型UCAV的出动架数不能超过机场内部署的UCAV架数;约束2)规定了UCAV所选路径的长度不能超过其作战半径,假设执行完任务沿原出航航路返回;约束3)要求对目标的毁伤概率达到指定的阈值 $Q_j, Q = (Q_j)$,其中 P_j 是攻击目标为目标 j 的所有路径的集合;约束4)规定对同一目标攻击的UCAV数目不能超过指定的数量 $A \text{ttack}_j, A \text{ttack} = (A \text{ttack}_j)$ 。

对模型(1)及其约束的解释如图1所示。不同型号的UCAV分别部署在多个机场,对战场上的多个目标进行攻击。从各个机场到达各任务区存在多条路径,如果某UCAV选择了路径 p ,即选择了对应于路径 p 的目标(任务区)以及攻击该目标的武器。模型(1)及其约束即对UCAV分配这些路径,使得UCAV机群的整体目标价值收益最大,飞行距离代价(燃油消耗)最小。根据分配给UCAV的路径确定其挂载武器和攻击目标,并根据目标相似度或机场相似度初步确定UCAV的编队。

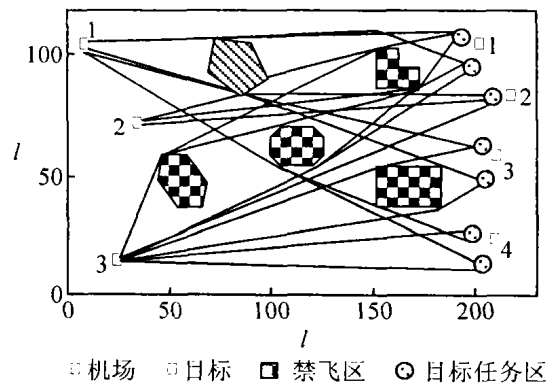


图1 SEAD任务想定

模型中约束3)为非线性约束,因此这是一个大规模的多目标非线性整数规划问题。引入指挥决策人员的决策偏好,建立 $f = \alpha f_1 + \alpha \bar{f}_2$,将其转换为单目标整数规划问题。

对于该整数规划模型, 本文提出了基于整数编码的混合遗传算法 下面从编码和遗传算子设计两方面进行讨论

3 整数编码基本方案

称决策变量 x_{lp} 构成决策矢量 (x_{lp}) , 决策变量是有界整数, 仅取取值范围内的几个有限的整数值, 且取值为小整数, 不超过 $\max_j A_{ttack_j}$. 本文提出一种整数编码方案: 整型决策变量映射为基因位, 决策矢量映射为染色体, 染色体用一维非负整数数组表示, 如图 2 所示 这种直接采用整数的编码方式省略了编码和解码的计算

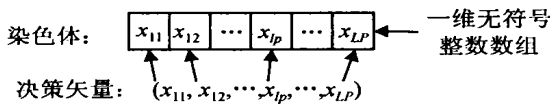


图 2 整数编码基本方案

整数编码方式有别于传统的二进制串编码方式, 基于位操作的交叉算子和变异算子在此将无法适用, 必须根据整数编码的特点设计适用的遗传算子. 从多UCAV 任务分配模型中看出, 这是一个约束众多而复杂的规划问题, 因此在进化计算中, 新生成个体满足约束的概率将直接影响算法的效率: 染色体编码方案直接决定了进化个体的变化要素, 变化要素越多, 新个体的约束满足率越小; 遗传算子的设计将直接影响新个体的约束满足率 下面分别从染色体编码和遗传算子设计两个方面, 利用约束启发信息改进遗传算法的求解效率

4 染色体编码中的约束处理

定义 1(局部约束和全局约束) 局部约束是指: 仅对部分决策变量产生作用, 或该约束可分解为几个相对独立的约束子集, 其中每个约束子集仅对

部分决策变量具有约束作用; 全局约束是指: 对整个决策矢量产生作用, 且不能分解为相对独立的分别仅对部分决策变量产生约束作用的约束子集的集合

本文在编码方式和遗传算子设计中利用局部约束, 以提高遗传算法的效率

在多UCAV 任务分配模型中, 约束 2) 对单独的每个决策变量产生作用, 通过约束 2) 可直接减少决策变量的数目 即如果 l_1 类型UCAV 选择某路径 p_1 不能满足该类型UCAV 的作战半径约束, 则在设计决策矢量的染色体编码时, 禁止决策变量 x_{lp_1} 出现在染色体的基因位 对于上述基本的整数编码方案, 利用约束 2) 可减少染色体中的基因位数, 并减少染色体的长度, 这样可降低进化计算中决策变量的个数, 且保证生成的新个体总是满足约束 2).

约束 1) 是 L 个约束子集的集合, 约束 4) 是 J 个约束子集的集合, 这些子集仅对部分决策变量产生约束 利用约束 1) 和约束 4) 均可进一步减少染色体的变化要素和解空间规模 本文通过约束 4) 对上述基本编码方案进行改进, 以减少染色体的变化要素, 并结合约束 1) 的信息, 提高个体首次经遗传操作后的约束满足率

约束 4) 中 $\sum_{l=1}^L x_{lp} \leq A_{ttack_j}$ 规定, 对于任一待攻击目标 j , 攻击它的UCAV 数目不能超过指定的阈值 A_{ttack_j} . 据此将决策变量 x_{lp} 根据其下标 p 对应的目标分为 J 个决策变量组 $G = (G_1, \dots, G_j, \dots, G_J)$, J 为目标个数 相应地, 将约束 4) 也分为 J 个子约束, 每一决策变量小组必须满足本小组子约束, 如表 1 所示 在每一组 G_j 中任选一个决策变量为自由变量, 组内其余决策变量为非自由变量 编码时

表 1 决策变量分组

决策变量分组	说 明	自由变量	小组内变量满足的子约束
$G_1 = \{x_{lp^1} p^1 \in P_1\}$	P_1 : 攻击目标为目标 1 的所有路径的集合	$x_{l_j^1 p_j^1}$	$\sum_{l=1}^L x_{lp^1} \leq A_{ttack_1}, p^1 \in P_1$
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots
$G_j = \{x_{lp^j} p^j \in P_j\}$	P_j : 攻击目标为目标 j 的所有路径的集合	$x_{l_j^j p_j^j}$	$\sum_{l=1}^L x_{lp^j} \leq A_{ttack_j}, p^j \in P_j$
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots
$G_J = \{x_{lp^J} p^J \in P_J\}$	P_J : 攻击目标为目标 J 的所有路径的集合	$x_{l_j^J p_j^J}$	$\sum_{l=1}^L x_{lp^J} \leq A_{ttack_J}, p^J \in P_J$

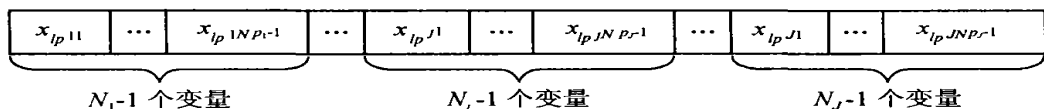


图 3 改进的整数编码方案

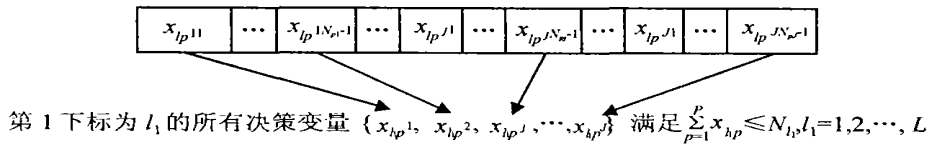


图4 约束1)与染色体中基因位的关系

仅将非自由变量映射到染色体的基因位,而自由变量根据非自由变量、约束4)和约束1)来求解。记 G_j 小组内的决策变量个数为 N_{p^j} ,则染色体个体的基因位与决策变量之间的对应关系如图3所示

$$x_{l_j p_j}^j \begin{cases} [0, \min(A \text{ttack}_j - \sum_{l=1}^L x_{lp^j}, N_{l_j} - \sum_{p \in P_j} x_{lp^j})], \\ x_{lp^j} \leq A \text{ttack}_j; \\ 0, x_{lp^j} > A \text{ttack}_j. \end{cases} \quad (2)$$

由图3看出,共有 J 个自由变量。进化中仅对非自由变量进行遗传操作,而自由变量通过约束来求解。经过改进后的整数编码方式可在很大程度上提高混合遗传算法的效率:将染色体长度由原来的

$\sum_{m=1}^M L_m P_m$ 个基因位减小为 $\sum_{m=1}^M L_m P_m - J$ 个基因位,将解空间由 $\prod_{j=1}^J (A \text{ttack}_j)^{|P_j|}$ 降为

$\prod_{j=1}^J (A \text{ttack}_j)^{(|P_j| - 1)}$,因此降低了问题的复杂度,提高了个体经首次遗传操作后满足约束的概率

分析约束1),它分别对每种类型UCAV对应的基因段构成约束,即保证每种类型UCAV的出动架数不超过该种类型的UCAV数目。在个体编码中,第1下标相同的决策变量之间满足局部约束1)的子集 $\{x_{lp} \mid N_l, l=1, 2, \dots, L\}$,如图4所示

当非自由变量已满足约束时,自由变量的确定对染色体个体是否满足约束起到关键的作用。从表1看出,各小组内决策变量之间的约束并不是等式约束,因此自由变量不能根据约束唯一确定;同时根据图4,自由变量还应尽量考虑约束4)的作用。综合考虑图3和图4中对约束4)和约束1)的处理,本文设计自由变量取值如式(3)。在不考虑自由变量时,如果经过遗传操作后的小组内非自由变量不满足小组约束,则自由变量 $x_{l_j p_j}^j$ 取0;否则, $x_{l_j p_j}^j$ 从满足约束4)和约束1)的取值集中随机选择一个整数

式(2)中 l_j 为由当前自由变量确定的UCAV的类型, N_{l_j} 为 l_j 类型UCAV的数目, $\sum_{p \in P_j} x_{lp^j}$ 表示除了当前自由变量所属小组之外,其他小组内选用 l_j 类型UCAV的总数目。通过式(2)确定的自由变量和非自由变量总是一起满足约束4)和约束1)。

5 遗传算子中的约束处理

在生成新个体时,将约束1)与约束4)结合起来设计遗传算子,可以提高个体满足约束的概率。交叉算子主要利用整数编码的特点;而变异算子的设计充分利用了来自约束4)和约束1)的启发信息,其中约束1)按图4中方法处理,约束4)按图3中方法处理

5.1 交叉算子设计

考虑到个体必须满足较多的约束,双点和多点交叉(均匀交叉)引起个体违反的约束概率较大,因此本文采用单点交叉算子。单点交叉算子如下:

对进化群体中的个体两两配对,对所有两两配对的个体执行如下操作:

- 1) 生成 $[0, L * P - 1]$ 之间的整数 m ;
- 2) 生成 $(0, 1)$ 之间的随机数,根据预定的交叉概率,确定是否进行交叉;
- 3) 如果交叉,则交换两两配对个体的第 m 个决策变量的整数值;
- 4) 如果交叉后的两个个体均满足约束,则继续;否则,取消该交叉操作,返回1);
- 5) 计算两个个体对应的自由变量值;
- 6) 检查新生成个体是否满足约束3),如果不能满足,则返回1)。

5.2 变异算子设计

本文的编码方式有别于传统的二进制串编码方式,变异算子必须充分考虑整数编码的特点,并且充分利用约束来提高变异效率,提高新个体为可行解的概率。根据整数编码方式,小组内变量必须满足小组子约束,同一种类型的UCAV之间还必须满足约束1),因此变异算子必须在满足小组约束和约束1)的整数范围内,取一整数来取代原基因位的变量值。变异算子如下:

- 对每个染色体执行如下操作:
- 1) 生成 $[0, L * P - 1]$ 之间的整数 m ;

2) 确定第 m 个决策变量 x_m 为待变异变量, x_m 所在的决策变量小组为 G_j ;

3) 生成 (0, 1) 之间的随机数, 根据预定的变异概率, 确定是否进行变异;

4) 如果变异, 则在区间 $[0, \min(A \text{ ttack}_j - \sum_{l=1}^L x_{lp}^j, N_{l_m} - \sum_{p \in P_j} x_{lp}^j)]$ 内取一随机整数 x_m , $A \text{ ttack}_j$ 与 G_j 对应, l_m 表示第 m 个决策变量决定的UCAV 类型, 由其第 1 下标值决定;

5) 用生成的整数 x_m 代替 x_m , 生成新的染色体个体;

6) 计算自由变量值;

7) 检查新生成个体是否满足约束 3), 如果不满足, 则返回 1)。

其中: m 指定了染色体中第 m 个决策变量为待交叉或待变异的决策变量; $\min(A \text{ ttack}_j, N_{l_m} - \sum_{p \in P_j} x_{lp}^j)$ 限定了决策变量的整数取值范围, 它保证了新个体满足对应的局部约束 4) 和约束 1)。

综上所述, 本文通过编码设计保证新个体总是满足约束 2); 通过自由变量和遗传算子设计保证新个体必定满足约束 4) 和约束 1); 约束 3 为全局约束, 需要对整个决策矢量全面考虑, 因此在交叉和变异的最后一步, 检查是否满足约束 3), 对不满足的个体重新进行交叉和变异操作

6 混合遗传算法流程

下面根据前述编码和遗传算子设计, 给出混合遗传算法求解多UCAV 任务分配的具体步骤:

Step 1: 初始化, 设置控制参数交叉概率 p_c , 变异概率 p_m , 种群 p 大小 pop size, 最大进化代数 T , 并产生初始种群 $p_t, t = 0$;

Step 2: 计算初始种群中个体适应度;

Step 3: 如果满足终止条件或进化代数为 $t = T$, 则输出最优解, 成功退出; 否则, $t = t + 1$, 继续;

Step 4: 执行前述交叉算子;

Step 5: 执行前述变异算子;

Step 6: 计算种群个体适应度;

Step 7: 根据适应度, 应用选择算子生成新一代群体, 返回 Step 3

算法的复杂性取决于个体的约束检查次数, 约束不满足时重复交叉 / 变异运算的次数, 选择算子中的比较运算。同标准遗传算法相比, 本文算法进行交叉 / 变异算子后只需进行一次约束检查, 而标准遗传算法则需对 4 个约束分别检查。该算法具有较高的个体约束满足率, 重复进行交叉 / 变异运算的概率小于标准遗传算法。选择算子对算法复杂性的

影响与标准遗传算法相同, 取决于采用何种选择算子。

7 仿真与分析

本文整数规划问题的指标函数为非负, 且为指标值取大型的优化问题, 因此直接取指标函数 $f = \alpha_1 f_1 + \alpha_2 f_2 (\alpha_1 = \alpha_2 = 0.5)$ 作为适应度函数。采用比例选择算子, 以图 1 SEAD 为想定进行仿真实验。

仿真中UCAV 数目 $N = 9$, 每个机场分别有 3 架UCAV, 3 架UCAV 的型号同一, 因此共有 3 种类型的UCAV。对各目标攻击的UCAV 最大数目 $A \text{ ttack} = (3, 3, 3, 3)$, 对目标的指定毁伤概率均为 0.5, 目标的价值矢量 $V = (4, 1, 5, 3)$, 作战半径均为 200 个单位。UCAV 在各任务区对相应目标的毁伤概率如表 2 所示, 则决策变量数目为 $\sum_{m=1}^3 L_m P_m = 23$ 。目标数目 $J = 4$, 因此自由变量为 4 个。

表 2 UCAV 类型、任务区及目标毁伤概率数据

		UCAV 类型		
任 务 区	1	0.7566	0.7566	0.7566
	2	0.6164	0.6164	0.6164
	3	0.7566	0.7566	0.7566
	4	0.7566	0.7566	0.7566

混合遗传算法求解结果如图 5 所示。UCAV 从较大规模的机群中自动分解为几个较小的编队, 完成了初步的编队配置。在实际作战中, 还可根据UCAV 攻击目标的相似性和起飞机场的相似性, 对已形成的编队作微小调整。从图 5 中看出, 虽然从机场 2 起飞的UCAV 与目标 2 的距离远小于与目标 3 的距离, 但目标 2 的价值太小, 因此在任务分配结果中没有对目标 2 执行攻击。

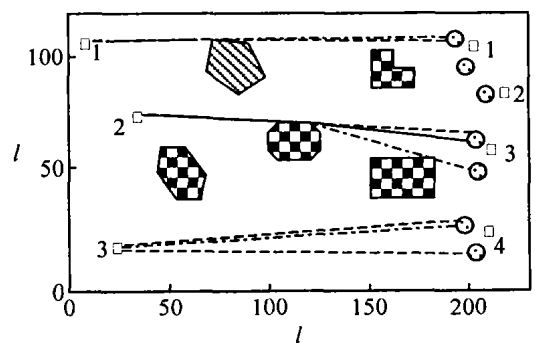


图 5 算法运行结果

将本文的混合遗传算法与标准遗传算法分别运行 50 次, 比较结果如图 6 和表 3 所示, 其中种群大小

为20标准遗传算法采用的策略是:如果个体不满足约束,则循环进行遗传算子操作,直到生成满足约束的新个体

从表3中看出,混合遗传算法的染色体长度小于标准遗传算法的染色体长度,在混合遗传算法中,可行解个体首次遗传操作后的约束满足率几乎是标准遗传算法的3倍。实验表明,这个倍数与自由变量的个数以及决策变量分组有关

表3 混合遗传算法与标准遗传算法性能比较

比较指标	混合遗传算法	标准遗传算法
染色体长度	19	23
首次生成个体约束满足率	9.8/20	3.4/20
最优解首次出现代数	70	105
最优解值	0.7786	0.6380

从图6中两种算法的收敛速度和解性能看,混合遗传算法比标准遗传算法有显著提高,原因在于:

1) 混合遗传算法新个体的约束率较高,因此新个体生成时间花费较少; 2) 混合遗传算法无需编码和解码的额外计算时间

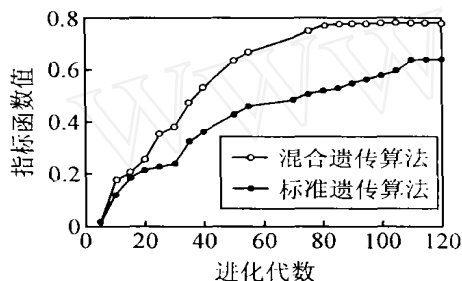


图6 混合遗传算法性能

8 结 语

本文针对UCAV协同作战的任务分配问题,提出了多目标整数规划模型。将问题的启发性知识融入遗传算法,提出了基于整数编码的混合遗传算法。在混合遗传算法的编码方式和遗传算子中,充分利用约束启发信息,减少染色体长度和变化要素,提高新个体的约束满足率,从而提高了混合遗传算法的求解性能。与标准遗传算法相比,在同样种群大小的条件下,混合遗传算法占用的内存高于标准遗传算法,原因在于标准遗传算法采用二进串编码,而本文则采用非负无符号整数数组表示染色体。但是随着存储材质性能的改进,混合遗传算法的存储问题将

不会成为大的问题

参考文献(References)

- [1] David C H. *Geminating a New SEAD: The Implications of Executing the SEAD Mission in a UCAV* [D]. Alabama: School of Advanced Airpower Studies Air University, 2001.
- [2] Welman M, Wuman P. Market-aware Agents for a Multi-agent World [J]. *Robotics and Autonomous Systems*, 1998, 24(3): 115-125.
- [3] Schumacher C, Chandler P R, Rasmussen S J. Task Allocation for Wide Area Search Missions via Network Flow Optimization [A]. *AIAA-GNC* [C]. Montreal: AIAA Press, 2001: 1-8.
- [4] Chandler P R, Pachter M. Hierarchical Control for Autonomous Teams [A]. *AIAA-GNC* [C]. Montreal: AIAA Press, 2001: 632-642.
- [5] 廖芳, 邱晓红. 无人战斗机概念及其技术需求研究[J]. *航空科学技术*, 1998, (6): 2-6.
(Liao F, Qiu X H. Conception and Technology Requirement Research of Uninhabited Combat Air Vehicle [J]. *Aeronautical Science and Technology*, 1998, (6): 2-6.)
- [6] 曹奇英, 何张兵. WTA的遗传算法研究[J]. *控制理论与应用*, 2001, 18(1): 76-79.
(Cao Q Y, He Z B. A Genetic Algorithm of Solving WTA Problem [J]. *Control Theory and Applications*, 2001, 18(1): 76-79.)
- [7] 董彦非, 冯惊雷, 张恒喜. 多机空战仿真协同战术决策方法[J]. *系统仿真学报*, 2002, 14(6): 723-725.
(Dong Y F, Feng J L, Zhang H X. Cooperative Tactical Decision Methods for Multi-aircraft Air Combat Simulation [J]. *J of System Simulation*, 2002, 14(6): 723-725.)
- [8] 周明, 孙树栋. *遗传算法原理与应用* [M]. 北京: 国防工业出版社, 1999.
(Zhou M, Sun S D. *Genetic Algorithms: Theory and Applications* [M]. Beijing: National Defence Industry Press, 1999.)
- [9] 王凌. *智能优化算法及其应用* [M]. 北京: 清华大学出版社, 2004.
(Wang L. *Intelligent Optimization Algorithms with Applications* [M]. Beijing: Tsinghua University Press, 2004.)