

多模态函数优化的协同多群体遗传算法¹⁾

李敏强 寇纪淞

(天津大学系统工程研究所 天津 300072)

(E-mail: mqli@tju.edu.cn)

摘 要 讨论了多模态函数优化的遗传算法(GA)求解方法. 分析了传统的基于排挤选择模型和基于适应值共享的 GA 方法的特点和不足, 应用模式理论研究了 GA 群体进化行为. 提出了宏观小生境思想和协同多群体 GA 的基本框架和详细算法流程, 并给出了一种自动小生境半径估计方法. 采用典型函数进行了实例计算, 结果表明了协同多群体 GA 的有效性.

关键词 多模态函数优化, 遗传算法, 多群体, 小生境技术

中图分类号 O242.1, TP301.6

COORDINATE MULTI-POPULATION GENETIC ALGORITHMS FOR MULTI-MODAL FUNCTION OPTIMIZATION

LI Min-Qiang KOU Ji-Song

(*Institute of Systems Engineering, Tianjin University, Tianjin 300072*)

(E-mail: mqli@tju.edu.cn)

Abstract Traditional GA adopts crowding or fitness-sharing technique to evolve multi-solutions in a single population, which does not conform to the natural evolution of species and is also with the difficulty of parameters design. We analyze the characteristics of GA evolution of population and species evolution in nature, and formulate the logic of macro-niching method based on multi-populations, and describe its work flow in detail. Moreover, we design a new algorithm for calculating niche radius automatically. Finally, the coordinate multi-population GA is applied to the optimizations of typical multi-modal functions, and the experiments reveal its efficiency and effectiveness.

Key words Multi-modal function optimization, genetic algorithms, multi-populations, niching technology

1 引言

遗传算法 GA (Genetic Algorithms) 是在模拟达尔文的进化论和孟德尔的遗传学理论

1) 国家自然科学基金(70171002, 69974026)资助

收稿日期 2000-01-04 收修改稿日期 2000-06-29

基础上,产生和发展起来的一种优化问题求解的随机化搜索方法^[1~3],具备良好的全局搜索能力、信息处理的隐并行性、鲁棒性和可规模化等优良性能。

在大量的实际优化问题的求解计算中,不仅要求在可行域内寻找全局最优解,而且往往需要搜索多个全局最优解和有意义的局部最优解,从而为决策者提供多种选择或者多方面的信息,这类问题一般称为多峰函数优化问题或者多模态函数优化问题(multi-modal function optimization)。如何构造一种优化算法,使之能够搜索到全部全局最优解和尽量多的局部最优解,已成为一个持续研究的领域^[1~3]。

对于具有多模态性质的连续函数优化问题和组合优化问题,传统的基于导数或其它启发式信息的搜索算法(如梯度爬山法,模拟退火方法等),均存在着如何避免陷于局部极值点而发现全局最优解的问题。GA 的特点在于采用群体搜索和遗传算子策略(空间分布式信息继承与重组),其效果显著好于传统方法的单点搜索和启发引导方式(邻域局部性信息继承与逼近)。

本文在分析传统 GA 求解多模态函数优化问题的基础上,提出了协同多群体 GA,并进行了实例计算。

2 多模态函数的传统 GA 方法

GA 的一个重要研究领域就是函数优化,因此针对应用 GA 发现多个最优解的目标,提出了各种各样的多模态函数优化问题的 GA 求解方法(multi-modal GA),基本上可以分为两种类型。

2.1 排挤模型(crowding model)

由 De Jong 提出的排挤模型是一种维持群体多样性的选择方法^[3,4]。在自然界中,当种群中的个体大量繁殖时,为争夺有限的生存资源,个体之间的竞争压力加大、个体消亡的概率升高、生存率下降。基于排挤模型进行遗传选择操作,新的子串仅仅替代与之相似的父代个体。然而,实验表明采用排挤模型的 GA 发现两个以上最优解的可能性极小^[4,5]。为此,在原有的基本操作方式的基础上,引入了概率排挤模型^[5],使之更加适合于多模态函数的 GA 求解。但是,仍然存在着已搜索到的最优解丢失的问题,而且 CF 参数的选择与具体问题有关,很难事先确定合适的取值。

2.2 适应值共享模型(fitness-sharing model)

1987 年,Goldberg 和 Richardson 提出了一种基于适应值共享机制的小生境技术(niching technology)^[1,2,6],通过定义群体中个体的共享度,采用适应值非线性标度变换调整个体的适应值,使得群体同时保持多个高阶模式。设 $sh(d_{ij})$ 表示个体 i 和个体 j 之间的共享函数,其常用形式为

$$sh(d_{ij}) = \begin{cases} 1 - \left(\frac{d_{ij}}{\sigma_{share}}\right)^\alpha, & \text{if } d_{ij} < \sigma_{share} \\ 0, & \text{else} \end{cases} \quad (1)$$

其中 σ_{share} 为小生境的半径, d_{ij} 为个体之间的距离测度(欧氏距离或者海明距离), α 用于调整共享函数的形状,Beasley 建议采用 $\alpha=2$ ^[7]。

当群体规模为 n 时,个体 i 在群体中的共享度

$$m_i = \sum_{j=1}^n \text{sh}(d_{ij}), \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (2)$$

那么,基于个体共享度的适应值非线性标度变换方法为

$$f'(a_i) = f(a_i)/m_i, \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (3)$$

该机制限制了群体内某一特殊物种的无限制的增长,其中共享半径 σ_{share} 取值是影响 GA 搜索性能的关键因素^[8~10]. 可见,为了维持大量的小生境,需要规模比较大的群体,计算的复杂度为 $o(n^2)$,而且其中很大一部分小生境可能是无用的. 为此,Beasley 提出了序列小生境技术(sequential niching),依次搜索多个全局最优解^[7]. 其不足在于阻断了不同最优解位串之间模式信息的继承关系,交叉操作产生大量无效个体浪费计算资源,同时也存在着复杂的参数选择问题.

Harik 借鉴联赛选择模型(tournament selection),提出了一种受约束的联赛保留策略,使得群体中构成以最优解点为核心的多个超球面小生境^[8],对于给定的一类多模态函数的求解表现出了良好的性能. 但是,需要事先指定各个小生境的核心、半径和数量,当不知道峰值点和峰距时,难以给定恰当参数.

基于排挤模型的 GA 和基于适应值共享模型的 GA 存在共同的特点,即必须对标准 GA 搜索行为施加必要的限制,通过定义搜索空间上的某种度量保持群体的多样性,并在群体中同时保留多个高适应值的高阶模式,防止某个高适应值的个体快速充满整个群体,使得 GA 可以搜索到多个全局最优解和局部最优解. 我们可以统称为基于空间分离策略的 GA 方法. 但是对于具体问题,选择合适的空间距离度量函数及其控制参数是一个非常复杂的过程.

3 多模态函数的 GA 进化行为

根据模式定理,当群体中存在多个适应值相同的高阶模式时,其生存机会就趋近于随机过程,即相同适应值的高阶模式的共存仅仅是一种瞬态现象. 考虑到群体规模的有限性和模式采样误差,群体收敛到某个最优解完全构成了一个随机问题.

以 $\max f(x) = \sin^6(5\pi x) (x \in [0, 1])$; $\max f(x) = \sin^6 5\pi(x^{3/4} - 0.05) (x \in [0, 1])$ 两个典型的多模态函数的 GA 求解为例进行分析. 实验计算发现,当多个全局最优解均匀地分布在定义域中时,每个最优解被搜索到的概率相同. 当多个全局最优解非均匀地分布在定义域中时,位于比较稀疏的邻域中的最优解点成为 GA 群体吸收态的概率比较大.

可见,欲在单一群体中同时进化多个全局最优解,必须在搜索空间上建立某种距离测度,并对标准 GA 的遗传操作进行改进,形成协同进化的多个小生境共生状态(niching via co-evolutionary). 然而,自然界中大量存在着同类物种的局部种群生态系统,不同特征的种群之间实际上基因交叉的可能性极小,染色体基因重组只能限制在局部的生境当中. GA 群体在本质上只能进化到单一高阶模式,这是 GA 的进化行为与自然界多物种群体共同进化相比存在的主要差异.

4 单纯多群体 GA

模式欺骗性是 GA 必须考虑的一个问题^[1,2,6],很多专家一直在探索如何有效地克服

GA 欺骗性, 发现问题的全局最优解. 单纯多群体 GA 的基本思想是多群体同时进化, 其中多个群体之间不存在染色体位串的迁移和基因交换.

根据 Goldberg 和 Deb 的关于群体接管时间为 $o(\ln n)$ 的结论^[2,4], 即在不考虑交叉和变异算子的情况下群体接管时间越长, 其可进化性越好, 突破模式欺骗性和跳出局部极值点的概率就越大. 同时, 针对传统上经常采用的一组优化函数进行大量的实验分析, 在预定的比较大的适应值函数计算次数的情况下, GA 搜索到全局最优解的概率与不同群体规模之间的关系能够很好地采用对数曲线拟合, 不妨设 GA 的性能描述函数为 $y = a + b \ln n$ ($a > 0$, $b > 0$), 其中 n 为群体规模.

那么采用单纯多群体的 GA 的性能 $y' = \sum_{j=1}^q (a + b \ln n_j)$, q 为多子群体数量. 不妨设各个子群体规模相同且均为 n/q , 那么 $y' = q(a + b \ln n/q) = q(a + b \ln n) - qb \ln q$.

两种情况下的性能差异 $y' - y = (q-1)(a + b \ln n) - qb \ln q$, 当 $q=1$ 时, $y' - y = 0$; 当 $q > 1$ 时, 若 $y' - y > 0$, 则

$$y' - y = (q-1)\left(a + b \ln n - \frac{q}{q-1} b \ln q\right) > (q-1)(a + b \ln n - 2b \ln q) > 0 \\ \Rightarrow a + b \ln n - 2b \ln q = a + b \ln(n/q^2) > 0;$$

当 $q \leq \sqrt{n}$ 时, 必然存在 $y' - y > 0$. $q \leq \sqrt{n}$ 仅仅是一个初步选择, 一般要求子群体的规模不小于位串长度或位串长度的 $1/2$, 群体太小可能导致 GA 早熟^[7].

在计算量相同(适应函数评价次数)的情况下, 单纯多群体 GA 性能优于传统单群体 GA. 实验计算表明单纯多群体 GA 在克服模式欺骗问题中效用显著.

5 协同多群体 GA

在单纯多群体 GA 的基础上, 我们设计了协同多群体 GA 方法. 其基本思想之一为: 同时进化多个群体, 当多个群体均收敛到同一个最优解, 基本上可以断定该问题仅存在单一全局最优解. 另外, 多个群体同时进化, 可以有效地克服模式欺骗问题; 基本思想之二为: 将小生境从单一群体中转移到多群体之中、子群体之上, 形成宏观小生境(macro niches). 当某个子群体发现最优解时, 将该最优解放入最优解点集或小生境核集(niches core set), 该子群体重新初始化. 在各个子群体中, 当个体与任意一个小生境核的距离(参数空间或编码空间, phenotypic or genotypic)小于小生境半径时, 将其适应值缩减(derating)到一个较小值, 各子群体按新适应值进行进化. 重复该过程, 直至达到预定的计算量, 或者新的最优解与当前最优解点集中的最大值之比低于预定值时, 停止多群体进化过程.

5.1 协同多群体 GA 的基本流程

协同多群体 GA 的详细计算过程如下

1) 设定遗传进化参数.

- 多群体数量 q , 子群体规模 n' , 一般子群体规模相同且为 $n' = n/q$;
- 遗传操作算子参数 $\{L, p_c, p_m\}$, 确定选择策略和交叉策略;
- 最多重新开始次数 p_{\max} , 开始计数 $p=1$;

• 终止策略:预定计算量,最优解的数量或者解的质量.

2) 多子群体进化. 当子群体进化到预定代数之后,将当前各个子群体中的最优解个体放入最优解点集和小生境核集 $X^* = \{X_1^*, X_2^*, \dots, X_p^*\}$, $A^* = \{a_1^*, a_2^*, \dots, a_p^*\}$,并按适应值由高到低重新排序.

3) 适应值缩减与重开始(derating and restarting). 子群体重新初始化,对于包含在已发现小生境之内的个体实施适应值缩减.

4) 终止判断.

• 整体迭代代数超过预定值;

• 当前获得最优解质量低于预定值, $(f(x_1^*) - f(x_p^*)) / f(x_1^*) < \beta$.

不满足上述条件之一,重复 2)~4), $p = p + 1$; 否则终止.

5.2 小生境半径的自动确定方法

设多模态函数为 $f(X)$ ($X \in R^m$), 当前所获得的最优解 $X_p^* = (x_{p1}^*, x_{p2}^*, \dots, x_{pm}^*)$, 不妨在参数空间内计算个体之间的距离. 当然可以采用预定的小生境半径 σ_{share} , 由于缺乏先验知识, 一般很难确定合适的 σ_{share} 值. 同时, 由于不同小生境的半径可能存在着差异, 采用相同 σ_{share} 往往导致进化效果不佳. 为此, 设计了一种自动确定小生境半径的方法.

首先, 计算各维变量的 $\sigma_{share}(x_j)$, 求解

$$\min \{f(x_{p1}^*, x_{p2}^*, \dots, x_j, \dots, x_{pm}^*, \sigma^+) \mid x_j \in (x_{pj}^*, x_{pj}^* + \sigma^+)\} \quad (4)$$

当最优解 $x_j^+ = x_{pj}^* + \sigma^+$ 时, 令 $\sigma^+ = \sigma^+ + \delta$, $\delta > 0$ 且是一个比较小的实数. 重新计算式(4); 当 $x_j^+ < x_{pj}^* + \sigma^+$ 时, 停止, 则 $\sigma^+ = x_j^+ - x_{pj}^*$.

同样, 求解

$$\min \{f(x_{p1}^*, x_{p2}^*, \dots, x_j, \dots, x_{pm}^*, \sigma^-) \mid x_j \in [x_{pj}^* - \sigma^-, x_{pj}^*)\} \quad (5)$$

当最优解 $x_j^- = x_{pj}^* - \sigma^-$ 时, 令 $\sigma^- = \sigma^- + \delta$, $\delta > 0$ 且是一个比较小的实数. 重新计算式(5); 当 $x_j^- > x_{pj}^* - \sigma^-$ 时, 停止, 则 $\sigma^- = x_{pj}^* - x_j^-$.

那么, j 维上的小生境半径为 $\sigma_{share}(x_j) = \min\{\sigma^+, \sigma^-\}$. 关于式(4), (5)的优化问题求解, 当 $f(X)$ 曲面为非光滑时, 可以采用 GA 求解, 以突破局部无意义的细小尖峰的影响. 同理, 可以求解出 m 维上的 $\sigma_{share}(x_j)$ ($j = 1, 2, \dots, m$), 则以 X_p^* 为核心的小生境半径为 $\sigma_{share} = \min\{\sigma_{share}(x_j), j = 1, 2, \dots, m\}$. 不同的小生境可以计算出相应的半径.

5.3 适应值缩减计算方法

设当前最优解点集和小生境核集为 $X^* = \{X_1^*, X_2^*, \dots, X_p^*\}$, $A^* = \{a_1^*, a_2^*, \dots, a_p^*\}$. 在式(4), (5)的优化计算中, 得出

$$f'(X_p^*) = \max \{f(x_{p1}^*, x_{p2}^*, \dots, x_{pj}^* - \sigma_{share}(x_j), \dots, x_{pm}^*), \\ f(x_{p1}^*, x_{p2}^*, \dots, x_{pj}^* + \sigma_{share}(x_j), \dots, x_{pm}^*) \mid j = 1, 2, \dots, m\}$$

作为适应值缩减值. 对 q 子群体 $A_q = \{a_{q1}, a_{q2}, \dots, a_{qn}\}$ 中的个体进行适应值缩减处理, 当 $|\Gamma(a_{qi}) - X_p^*| < \sigma_{share}$ 时, $f'(a_{qi}) = f(X_p^*)$, 否则 $f'(a_{qi}) = f(a_{qi})$.

6 实例计算分析

选择两个典型的多模态函数, 每个函数采用协同多群体 GA 求解重复实验计算 120 次,

计算搜索到的全部最优解(含局部极值点)及其概率.

1) Himmelbau 函数. 将 Himmelbau 函数修改为极大优化问题^[8], 具体形式为

F1: 改进的 Himmelbau 函数 $\max f(x, y) = 660 - (x^2 + y - 11)^2 - (x + y^2 - 7)^2$, $x, y \in [-6, 6]$

GA 参数设置: 染色体位串长度为 $L=40$, 多群体数 $q=3$, 子群体规模相同为 $n'=80$; 采用排序选择 $\eta^+=1.6$ 和精英保留策略; 采用两点交叉算子, 交叉概率 $p_c=0.6$; 变异概率 $p_m=1/L=0.0025$; 最多重新开始次数 $p=3$, 每次重新开始群体进化的代数为 100 代, GA 群体进化的总代数为 $T=900$ 代. 计算结果如表 1 所示.

表 1 F1 函数协同多群体 GA 求解性能

序号	最优解点集		适应值	发现概率(%)
	x_1	x_2		
1	2.999 962 806 666	2.000 022 888 205	659.999 999 956 937	100
2	3.584 436 020 313	-1.848 171 089 336	659.999 999 970 170	100
3	-2.805 115 513 912	3.131 283 885 273	659.999 999 966 907	100
4	-3.779 306 201 273	-3.283 158 572 348	659.999 999 969 017	100
5	2.812 496 960 160	0.008 657 463 701	632.971 631 704 332	
6	-0.810 053 644 231	2.990 796 080 395	604.645 352 629 297	

F1 函数为线性不可分的等高、非等距多峰函数, 该方法比传统小生境方法效率高, 计算结果非常稳定, 而且不需要事先分析函数特征以及多次试验性参数选择.

2) Shekel's Foxholes 函数^[10].

F2: Shekel's Foxholes 函数形式

$$\min \frac{1}{f(X)} = 0.002 + \sum_{j=1}^{25} \frac{1}{c_j + \sum_{i=1}^2 (x_i - a_{ij})^6}, \quad x_i \in [-65.536, 65.536];$$

$$(a_{ij}^k) = \begin{pmatrix} -32 & -16 & 0 & 16 & 32 \\ -32+k \times 16 & -32+k \times 16 & -32+k \times 16 & -32+k \times 16 & -32+k \times 16 \end{pmatrix},$$

$$(a_{ij}) = (a_{ij}^0 a_{ij}^1 a_{ij}^2 a_{ij}^3 a_{ij}^4), \quad i=1, 2, \quad j=1, 2, \dots, 25, \quad k=0, 1, 2, 3, 4;$$

$$X^* = (-32, -32); \quad f(X^*) = 1; \quad f(a_{1j}, a_{2j}) \approx c_j = j.$$

GA 参数设置与 F1 函数相同, 其中多群体数 $q=5$; 最多重新开始次数 $p=12$, 每次重新开始群体进化的代数为 300 代, GA 群体进化的总代数为 $T=18000$ 代. 计算结果如表 2 所示.

表 2 F2 函数协同多群体 GA 求解性能

序号	最优解点集		函数值	发现概率(%)
	x_1	x_2		
1	-31.977 967 996 567	-31.978 217 996 805	0.999 999 845 161	100
2	-15.986 452 745 869	-32.768 093 750 089	2.005 344 519 708	100
3	-0.013 312 512 696	-32.768 093 750 089	3.005 343 303 859	100
4	15.984 077 743 604	-31.960 842 980 235	3.999 996 075 272	100
5	31.958 717 978 209	-31.958 717 978 209	4.999 996 105 545	100
6	-31.953 967 973 679	-16.384 078 125 075	6.003 201 196 214	100

续 表 2

序号	最优解点集		函数值	发现概率(%)
	x_1	x_2		
7	-15.975 077 735 021	-15.975 327 735 260	6.999 982 147 455	100
8	-0.021 562 520 564	-16.384 078 125 075	8.003 186 484 800	100
9	15.972 202 732 280	-15.972 452 732 518	8.999 970 488 267	100
10	-31.941 217 961 519	0.025 437 524 259	10.999 969 995 562	100
11	31.943 467 963 665	-15.972 202 732 280	9.999 975 419 727	100
12	-16.384 078 125 075	-0.026 812 525 570	12.003 156 990 235	100
13	-0.027 812 526 524	0.028 062 526 763	12.999 937 375 251	100
14	15.965 952 726 319	0.028 562 527 239	13.999 928 013 005	100
15	-31.932 092 952 817	15.965 702 726 081	15.999 936 986 447	100
16	32.768 093 750 089	0.029 562 528 193	15.005 294 067 833	100
17	-16.384 078 125 075	15.963 202 723 696	17.003 104 376 482	100
18	0.032 562 531 054	16.384 078 125 074	18.003 090 634 200	100
19	-31.926 467 947 453	31.926 467 947 452	20.999 930 616 159	100
20	15.961 577 722 147	15.961 452 722 028	18.999 868 465 313	100
21	31.925 217 946 260	15.962 077 722 624	19.999 901 465 874	100
22	-16.384 078 125 075	31.921 967 943 161	22.003 090 148 073	100
23	0.031 937 530 458	32.768 093 750 089	23.005 225 585 290	100
24	15.958 452 719 166	31.919 592 940 896	23.999 858 014 380	100
25	31.920 967 942 207	31.921 092 942 326	24.999 901 504 632	100
26	-12.471 949 394 178	-27.903 964 111 294	6 617.186 122 571 910	
27	-3.777 691 102 687	28.132 714 329 447	6 242.947 928 351 110	
28	-19.732 331 318 218	-28.080 964 280 094	6 296.045 769 464 130	
29	28.119 964 317 288	3.824 066 146 914	6 519.081 190 849 650	
30	28.411 464 595 284	-4.096 066 406 313	6 834.800 636 783 400	

F2 函数是一个典型的非等高多峰函数,共有 25 个峰且分布密度较大.小生境半径的选择非常关键,半径选择过大,影响临近峰值的搜索;半径选择过小,造成人为的局部极值点.协同多群体 GA 采用自动计算和判断每个峰值点的小生境半径,可以最大程度地提高进化性能.从表 2 的计算结果可以看出,协同多群体 GA 基本上是按着极值点的函数值从低到高的次序发现,并且在多次重复计算中,编号 1~25 极值点和适应值非常稳定,表明协同多群体 GA 具有良好的鲁棒性.

7 结束语

关于求解多模态函数优化问题,与基于排挤模型和小生境技术的 GA 方法相比,本文提出的协同多群体 GA 具有效率高、适应性强、稳定性好等特点,非常适应于不同极值点的小生境半径不相等的情况,以及大规模并行计算环境.实例计算表明了协同多群体 GA 求解多模态函数优化问题的有效性.

参 考 文 献

- 1 Richard K Belew, Michael D Vose. Foundations of Genetic Algorithms 4. San Francisco, Calif; Morgan Kaufmann Publishers, Inc. , 1997
- 2 Melanie Mitchell. An Introduction to Genetic Algorithms. Cambridge, Mass; The MIT Press, 1996
- 3 De Jong K A. Genetic algorithms; A 25 year perspective. In; Proceedings of the Fifth International Conference on Genetic Algorithms, Los Altos, CA; Morgan Kaufmann Publishers, 1993
- 4 Mahfoud S W. Crowding and pre-selection revisited. In; Parallel Problem Solving from Nature, Manner R, Mand-erick B (eds.). Berlin; Springer, 1992. 67~76
- 5 Mengshoel O J, Goldberg D E. Probabilistic crowding: Deterministic crowding with probabilistic replacement. In; Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference 1999 (GECCO-99), Banzhaf W *et al.* (eds.). San Francisco, CA; Morgan Kaufmann, 1999. 173~179
- 6 Goldberg D E, Deb K, Horn J. Massive multi-modality, deception, and genetic algorithms. In; Manner R, Mand-erick B (eds.), Parallel Problem Solving from Nature, Berlin; Springer, 1992. (2):37~46
- 7 Beasley D, Bull D R, Martin R R. A sequential niche technique for multi-modal function optimization. *Evolutionary Computation*, 1993, 1(2):101~125
- 8 Harik G. Finding multi-modal solutions using restricted tournament selection. In; Proceedings of the Sixth International Conference on Genetic Algorithms (ICGA 6), Eshelman L J (ed.), San Francisco, CA; Morgan Kaufmann, 1995. 24~31
- 9 Miller B L, Shaw M J. Genetic Algorithms with dynamic niche sharing for multi-modal function optimization. In; IEEE International Conference on Evolutionary Computation, Piscataway, NJ; IEEE Press, 1996. 786~791
- 10 Goldberg D E, Wang L. Adaptive niching via co-evolutionary sharing. In Genetic Algorithms in Engineering and Computer Science, Quagliarella *et al.* (eds.). Chichester; John Wiley and Sons, Ltd. 1997, 21~38

李敏强 教授、博士. 主要研究领域为遗传算法、进化计算、数据库系统、机器学习、知识发现.

寇纪淞 教授、博士生导师. 主要研究领域为系统工程、信息系统、人工智能、遗传算法、进化计算.