

## 交叉型状态空间模型进化算法的全局收敛性分析

王鼎湘, 李茂军\*, 李雪, 成立

(长沙理工大学 电气与信息工程学院, 长沙 410004)

(\* 通信作者电子邮箱 591338413@qq.com)

**摘要:** 基于状态空间模型的进化算法(SEA)是一种新颖的实数编码进化算法,在实际工程优化问题中取得了良好的优化效果。为促进SEA的理论及应用研究,对交叉型SEA(SCEA)的全局收敛性进行了研究,得出SCEA不是全局收敛的结论。通过改变状态进化矩阵的构造方式和提出弹性搜索操作,得到改进交叉型SEA(SMCEA),利用齐次有限Markov链对SMCEA的全局收敛性进行了证明。最后利用两个测试函数对算法进行实验分析,结果表明,SMCEA在收敛速度、最优解搜索能力和运算时间等方面都有较大改善,验证了SMCEA的有效性,得到了SMCEA优于遗传算法(GA)和SCEA的结论。

**关键词:** 状态空间模型;进化算法;交叉算子;弹性搜索;收敛性

**中图分类号:** TP301.6 **文献标志码:** A

### Analysis of global convergence of crossover evolutionary algorithm based on state-space model

WANG Dingxiang, LI Maojun\*, LI Xue, CHENG Li

(College of Electrical and Information Engineering, Changsha University of Science and Technology, Changsha Hunan 410004, China)

**Abstract:** Evolutionary Algorithm based on State-space model (SEA) is a novel real-coded evolutionary algorithm, it has good optimization effects in engineering optimization problems. Global convergence of crossover SEA (SCEA) was studied to promote the theory and application research of SEA. The conclusion that SCEA is not global convergent was drawn. Modified Crossover Evolutionary Algorithm based on State-space Model (SMCEA) was presented by changing the construction way of state evolution matrix and introducing elastic search operation. SMCEA is global convergent was proved by homogeneous finite Markov chain. By using two test functions to experimental analysis, the results show that the SMCEA are improved substantially in such aspects as convergence rate, ability of reaching the optimal value and operation time. Then, the effectiveness of SMCEA is proved and that SMCEA is better than Genetic Algorithm (GA) and SCEA was concluded.

**Key words:** state-space model; evolutionary algorithm; crossover operator; elastic search; convergence

## 0 引言

遗传算法(Genetic Algorithm, GA)是Holland教授提出的一类借鉴自然进化论和遗传变异理论思想而设计的进化算法。该算法自提出以来在工程优化问题中得到了大量的应用,其基础理论体系也不断得到完善<sup>[1-2]</sup>。然而,在大量的应用和研究过程中,GA表现出对搜索空间变化的适应能力差、易出现早熟收敛的问题,无法同时满足精度高、可靠性好、计算时间短等方面的要求<sup>[3]</sup>。针对GA在实际应用中表现出的一些问题,国内外许多专家对其提出了很多改进方法。如Rigal等<sup>[4]</sup>提出基于选择和变异的一种遗传算法,并对其收敛性进行了证明;朱思峰等<sup>[5]</sup>提出了一种基于抗体注射的免疫遗传算法,并结合旅行商问题给出了示范抗体的提取和注射方法,同时给出了算法收敛性的理论证明;曹先彬等<sup>[6]</sup>提出了一种融合神经网络的改进遗传算法,该算法以遗传算法为基础,在遗传算法的循环体中将神经网络和遗传操作融合,既保留了遗传算法的全局随机搜索能力,又具有神经网络的鲁

棒性和自学习能力;丁建立等<sup>[7]</sup>提出了一种遗传算法与蚂蚁算法融合的模式与方法,并对该方法的收敛性进行了马尔可夫理论分析;潘伟等<sup>[8]</sup>提出了一种新型实数自适应遗传算法,在该算法设定交叉和变异概率的过程中,考虑到了进化代数对算法的影响和每代中不同个体适应度对算法的作用,取得了较好的仿真结果;郑金华等<sup>[9]</sup>提出了基于空间交配的遗传算法,在遗传算法中增加空间交配遗传算子,把整个搜索空间划分成不相交子空间,能有效解决GA早熟收敛的问题,并对该算法的全局收敛性进行了详细证明。以上这些方法在很大程度上提高了遗传算法的性能,极大地丰富了遗传算法的理论体系。

基于状态空间模型的进化算法(Evolutionary Algorithm based on State-space model, SEA)<sup>[10]</sup>是李茂军教授提出的一种新颖的进化算法。该算法引入遗传算法的思想,采用实数编码方式,通过构造一个状态进化矩阵来模拟遗传算法的交叉和变异算子,实现种群的进化,使算法具有很强的搜索能力和较高的搜索精度,能快速地找到问题的全局最优解。模拟

收稿日期:2014-07-08;修回日期:2014-08-28。 基金项目:国家自然科学基金资助项目(61074018)。

作者简介:王鼎湘(1991-),男,湖南长沙人,硕士研究生,主要研究方向:智能控制、图像处理; 李茂军(1964-),男,湖南长沙人,教授,博士,主要研究方向:智能计算; 李雪(1989-),女,湖南岳阳人,硕士研究生,主要研究方向:智能计算; 成立(1989-),男,湖南株洲人,硕士研究生,主要研究方向:智能计算。

交叉算子构造状态进化矩阵的交叉型 SEA (Crossover Evolutionary Algorithm based on State-space Model, SCEA) 在电力市场竞价<sup>[10]</sup>和电力系统无功优化<sup>[11]</sup>等实际应用中取得了良好的优化效果,但是,该算法的全局收敛性仍未得到严谨的数学分析。

本文通过分析 SCEA 的寻优过程,得到 SCEA 不具有全局收敛性的结论。在改进状态进化矩阵构造方法的基础上,引入弹性搜索操作,得到了改进交叉型的 SEA (Modified Crossover Evolutionary Algorithm based on State-space Model, SMCEA),并利用齐次有限 Markov 链对其全局遍历性和收敛性进行了证明。最后对 SMCEA 进行了仿真,对比分析 SCEA 和 GA 的仿真结果,证明了 SMCEA 的有效性。

## 1 问题及算法描述

### 1.1 问题描述

本文考虑连续域  $S_1$  内的参数优化问题:

$$\text{Max } f(\mathbf{x}) \quad (1)$$

其中:  $\mathbf{x}$  是可行域  $S_1 = \prod_{i=1}^L [a_i, b_i]$  内的任意可行解,  $f(\mathbf{x})$  是  $S_1$  内的连续函数。针对函数  $f(\mathbf{x})$  提出如下假设:

①  $\mathbf{x}$  为实数编码的变量,编码长度为  $L$ ,其位于区域  $S_1$  内时可定义为问题(1)的可行解。

②  $\exists \mathbf{x}^* \in S_1$ ,  $f(\mathbf{x})$  在  $S_1$  内的极大值为  $\text{Max } f(\mathbf{x}) = f(\mathbf{x}^*)$ ,且  $f(\mathbf{x})$  满足  $-\infty < f(\mathbf{x}) \leq f(\mathbf{x}^*) < \infty$ 。

③ 可行解  $\mathbf{x}$  的编码串内各元素取值范围确定且相同,即有  $x^i \in [a_i, b_i] = [a, b]$ ,  $i = 1, 2, \dots, L$ ,且  $0 < a \leq b < \infty$ 。

假设条件①表明  $S_1$  区域维数  $L$  不限定,即  $\mathbf{x}$  编码串长度为  $L$ ,该假设使得问题的提出不失一般性;假设条件②在实际中遇到的绝大部分函数都是符合的;假设条件③限定了  $S_1$  区域各维的边界有限且对称,无限区域内的寻优用任何现有的搜索优化方法都难以解决<sup>[12]</sup>,故这一假设是合理的;虽然常见问题中可行域各维不一定对称,但不对称区域可以通过某种函数映射到对称区域中来,故假设条件③中对  $S_1$  区域各维边界的限定并不影响算法收敛性的分析。

### 1.2 算法描述

SEA 是一种基于离散系统状态空间模型的进化算法<sup>[10]</sup>,该算法引入进化计算的基本思想,构造算法表达式如下:

$$\mathbf{X}(k+1) = \mathbf{G}\mathbf{X}(k) \quad (2)$$

其中:  $\mathbf{G}$  为状态进化矩阵,  $\mathbf{X}(k)$  表示第  $k$  代种群,  $\mathbf{X}(0)$  表示初始种群。SCEA 的状态进化矩阵  $\mathbf{G}$  可借鉴实数编码遗传算法的算术交叉算子来构造,构造方式如下:

$$\mathbf{G}_c = \begin{bmatrix} \alpha_1 & 0 & 1-\alpha_1 & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & \alpha_2 & 0 & \cdots & 1-\alpha_2 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots & \vdots \\ 0 & 1-\alpha_N & 0 & \cdots & 0 & \alpha_N \end{bmatrix} \quad (3)$$

其中  $0 < \alpha_i \leq 1 (i = 1, 2, \dots, N)$ 。矩阵  $\mathbf{G}_c$  中每行只两个元素不为0,其中一个为  $\alpha_i$ ,另一个为  $1-\alpha_i$ ,即每条子代染色体的各个基因由上一代群体中两条染色体相应基因的算术平均值确定。 $\alpha_i$  的大小和每行  $\alpha_i, 1-\alpha_i$  的位置可随机确定。按式(3)构造的状态进化矩阵称为交叉算子矩阵。

利用 SCEA 求解问题(1)的基本步骤为:

步骤1 在可行域内随机构造种群规模为  $N$  的初始种群  $\mathbf{X}(0)$ ,置  $k = 0$ ;

步骤2 根据式(3)生成交叉算子矩阵  $\mathbf{G}_c$ ;

步骤3 根据式(2)生成下一代种群  $\mathbf{X}(k+1)$ ,同时将  $\mathbf{X}(k+1)$  与  $\mathbf{X}(k)$  结合生成选种池;

步骤4 对选种池内染色体进行约束处理,并计算选种池内各染色体的适应度;

步骤5 在选种池内选择适应度较高的  $N$  条染色体,设为种群  $\mathbf{X}(k)$ ;

步骤6 满足终止条件,转步骤7,否则置  $k = k+1$  并转步骤2;

步骤7 输出计算结果。

## 2 算法改进及全局收敛性分析

引理1 SCEA 的状态转移概率矩阵  $\mathbf{P}$  是  $n \times n$  的正矩阵,即对于所有  $i, j \in [1, n]$  存在  $P_{ij} > 0$  同时也存在  $P_{ij} = 0$ 。

证明:由式(2)、(3)可知,状态(种群)  $\mathbf{X}(k+1)$  内第  $i$  条染色体  $\mathbf{x}_i(k+1)$  的第  $l$  位基因  $x_{il}^l(k+1)$  的取值与状态  $\mathbf{X}(k)$  内某两条染色体的第  $l$  位基因  $\mathbf{x}^l(k)$  及交叉算子矩阵  $\mathbf{G}_c$  的第  $i$  行的取值有关。设进行交叉操作时,  $\mathbf{G}_c$  矩阵第  $i$  行内元素  $\alpha_i, 1-\alpha_i$  对应的两条父辈染色体分别为  $\mathbf{x}_m(k), \mathbf{x}_n(k)$ ,即  $\mathbf{x}_m(k), \mathbf{x}_n(k)$  进行交叉,则有:

$$x_{il}^l(k+1) = \alpha_i \times x_{ml}^l(k) + (1-\alpha_i) \times x_{nl}^l(k) \quad (4)$$

设  $\sigma$  为群体  $\mathbf{X}(k)$  内所有染色体的第  $l$  位基因  $\mathbf{x}^l(k)$  中的最大值,即  $\sigma = \text{Max}(\mathbf{x}^l(k))$ 。由于  $\mathbf{x}^l(k) \in [a, b]$ ,  $0 < \alpha_i \leq 1$ ,由式(4)容易得到  $x_{il}^l(k+1)$  的搜索范围为  $[a, \sigma]$ 。当且仅当  $k$  时刻,最大值  $\sigma$  在交叉算子矩阵  $\mathbf{G}_c$  内第  $i$  行对应的元素  $g^{(\sigma)} = 1$  或者两条交叉的染色体第  $l$  位基因  $x_{ml}^l(k), x_{nl}^l(k)$  取值都为  $\sigma$  时,  $x_{il}^l(k+1)$  可能取到  $\sigma$ 。所以当  $\sigma < b$  时,  $x_{il}^l(k+1)$  不能搜索到区间  $(\sigma, b]$  内的值。这样不能保证  $S_1$  内的染色体通过迭代后搜索到  $S_1$  内的任意染色体,导致某些状态之间相互转移的概率为0,即存在状态  $\mathbf{X}_i, \mathbf{X}_j \in S$ ,使得  $P_{ij}(k, k+1) = 0$ ,故有  $\mathbf{P} \geq 0$ 。

证毕。

定理1 SCEA 不是全局收敛的。

证明 从引理1的证明过程可以得知,当全局最优解的某基因取值大于初始种群内所有染色体对应基因的取值时,全局最优解不可能被 SCEA 搜索到。在这种情况下,不能保证 SCEA 具有全局收敛性。

证毕。

从定理1的证明过程可以看出, SCEA 在可行域内并不具有遍历性,算法是否能搜索到全局最优解与初始种群  $\mathbf{X}(0)$  的分布有很大的关系。为了解决该问题,以下对 SCEA 的交叉算子矩阵进行改进。

要保证算法具有遍历性,只需要式(4)中  $x_{il}^l(k+1)$  以大于0的概率取到  $[a, b]$  内的任意值即可。根据式(2)、(4)易知, SCEA 的遍历性只与交叉算子矩阵  $\mathbf{G}_c$  的取值有关,通过适当设置  $\mathbf{G}_c$  内元素的取值范围,能保证算法的遍历性。考虑按如下方式构造交叉算子矩阵  $\mathbf{G}'_c$ :

$$\mathbf{G}'_c = \begin{bmatrix} \alpha_1 & 0 & \beta_1 & \cdots & 0 & 0 \\ 0 & \alpha_2 & 0 & \cdots & \beta_2 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots & \vdots \\ 0 & \beta_N & 0 & \cdots & 0 & \alpha_N \end{bmatrix} \quad (5)$$

其中  $\alpha_i \in (0, b/a]$ ,  $\beta_i \in (0, b/a - \alpha_i]$  ( $i = 1, 2, \dots, N$ )。

在  $k+1$  时刻, 状态  $X(k+1)$  内某染色体  $x_i(k+1)$  的第  $l$  位基因  $x_{il}^l(k+1)$  的取值满足下式

$$x_{il}^l(k+1) = \alpha_i \times x_{im}^l(k) + \beta_i \times x_{in}^l(k) \quad (6)$$

由于父辈基因  $x_m^l(k)$ ,  $x_n^l(k)$  和  $G'$  内第  $i$  行元素的取值是相互独立的, 又由于  $x^l(k) \in [a, b]$ ,  $\alpha_i \in (0, b/a]$ ,  $\beta_i \in (0, b/a - \alpha_i]$ , 可知  $x_{il}^l(k+1)$  的搜索范围为  $(0, b^2/a]$ 。且当第  $k$  代种群所有染色体第  $l$  位基因  $x^l(k) = a$  时,  $x_{il}^l(k+1)$  的搜索范围为  $(0, b]$ , 显然覆盖  $[a, b]$ , 这样染色体通过迭代后以大于 0 的概率搜索到可行域内的任意染色体, 保证了算法各状态之间以大于 0 的概率相互转换, 确保了算法的遍历性。然而, 在这种情况下  $x_{il}^l(k+1)$  的搜索范围为  $(0, b^2/a]$ , 显然超出可行域  $[a, b]$ , 即每一次迭代后得到的子代染色体  $x(k+1)$  不一定是可行解, 从而导致第  $k+1$  代种群不一定在状态空间内, 状态搜索空间可能随着迭代次数的增加而扩大, 降低算法的搜索效率。针对该问题, 下面提出一种弹力搜索过程, 对子代群体中不在可行域内的染色体基因进行约束处理。

**定义 1** 设  $x_{il}^l$  是某次迭代生成的染色体  $x_i$  的第  $l$  位基因, 且  $x_{il}^l \notin [a, b]$ , 则

$$\begin{aligned} & \text{当 } x_{il}^l > b \text{ 时, 令 } H = \frac{x_{il}^l - b}{b - a} \\ & x_{il}^l = \begin{cases} b - \langle H \rangle, & [H] = 2k, k \in \mathbf{Z} \\ a + \langle H \rangle, & [H] = 2k + 1, k \in \mathbf{Z} \end{cases} \end{aligned} \quad (7)$$

$$\begin{aligned} & \text{当 } x_{il}^l < a \text{ 时, 令 } H = \frac{a - x_{il}^l}{b - a} \\ & x_{il}^l = \begin{cases} b - \langle H \rangle, & [H] = 2k + 1, k \in \mathbf{Z} \\ a + \langle H \rangle, & [H] = 2k, k \in \mathbf{Z} \end{cases} \end{aligned} \quad (8)$$

其中:  $\langle \cdot \rangle$  表示取余,  $[ \cdot ]$  表示取整, 称以上过程为弹力搜索。弹力搜索实际上是将不在可行域内的染色体, 通过式 (7)、(8) 映射到可行域内。

**定义 2** 交叉算子矩阵  $G_c$  按式 (6) 构造, 且在交叉操作后加入弹力搜索操作的 SCEA 称为改进交叉型状态空间模型进化算法 (SMCEA)。

**引理 2** SMCEA 的状态转移概率矩阵  $P'$  是正则的, 即对于所有  $i, j \in [1, n]$  有  $P'_{ij} > 0$ , 且其行和为 1。

**证明** 通过对式 (5) 构造的交叉算子分析可知, 子代染色体基因取值满足式 (6), 基因的搜索范围为  $(0, b^2/a]$ , 显然覆盖可行域  $[a, b]$ , 即子代基因以大于 0 的概率搜索到可行域内的任意值, 这样就保证了可行域内的所有染色体之间能以大于 0 的概率相互转化, 同时也保证了算法各种群 (状态) 之间相互转化的概率都大于 0, 即对于所有  $i, j \in [1, n]$  有  $P'_{ij} > 0$ ,  $P'$  是正则的。由定义 2 可知, 在加入弹力搜索后, 算法的搜索必然限定在状态空间  $S$  内, 因此有  $\sum_{j=1}^n P'_{ij} = 1$ 。

证毕。

**推论 1** SMCEA 构成的 Markov 链是遍历的。

**证明** 由引理 2 可知 SMCEA 的状态转移概率矩阵  $P'$  是正则的, 即 SMCEA 构成的 Markov 链的所有状态之间的转移概率大于 0, 故有 SMCEA 构成的 Markov 链是遍历的。证毕。

**定理 2** SMCEA 是全局收敛的。

**证明** 由问题假设可知, 全局最优解  $x_j$  必然存在, 且状态空间  $S$  内必然有某些状态  $X^*$  使得  $x_j \in X^*$ 。根据引理 2, SMCEA 一步迭代搜索到  $X^*$  的概率  $P(X \rightarrow X^*) > 0$ , 故一步迭代搜索不到  $X^*$  的概率  $\bar{P} = 1 - P(X \rightarrow X^*) < 1$ 。当迭代次数  $k \rightarrow \infty$  时, 搜索不到  $X^*$  的概率为  $\lim_{k \rightarrow \infty} (\bar{P})^k = 0$ , 即随着迭代的进行, 算法必然搜索到  $X^*$ 。由于在 1.2 节算法步骤 5 中, 对选种池中适应度高的解进行了保留, 故一旦搜索到  $X^*$ , 全局最优解  $x_j$  就会一直保留下去, SMCEA 全局收敛。证毕。

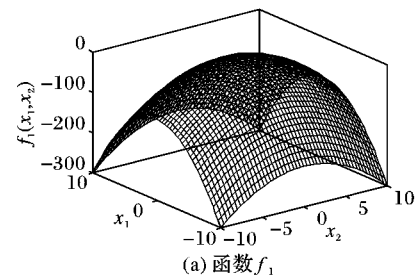
### 3 仿真实验分析

为了验证 SMCEA 的有效性, 本章将 GA、SCEA、SMCEA 应用于两个常用的测试函数来对比它们在收敛速度、最优解搜索能力和寻优时间方面的差异。测试函数如下:

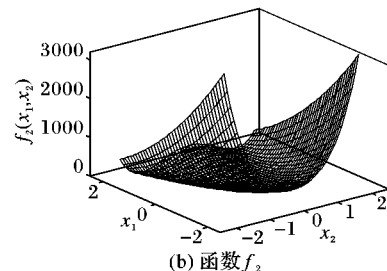
$$f_1(x_1, x_2) = -(x_1^2 + 2x_2^2 - 0.4 \cos(3\pi x_1) - 0.6 \cos(4\pi x_2)); x_1, x_2 \in (-10, 10)$$

$$f_2(x_1, x_2) = 100(x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2; x_1, x_2 \in (-2.04, 2.04)$$

其中: 函数  $f_1$  有一个全局最大点  $(0, 0)$ , 此时最大值为 1; 但由于  $f_1$  是一个多峰函数, 每个峰顶都是一个局部最大点, 所以, 该函数的最大值寻优较为复杂。函数  $f_2$  是一个二参数单峰值的非二次函数, 且该函数是病态的, 在  $x_2 = x_1^2$  处极易陷入局部解, 全局最小化的难度较大, 该函数在  $(1, 1)$  处有全局最小值 0。函数  $f_1$  和  $f_2$  图形如图 1 所示。



(a) 函数  $f_1$



(b) 函数  $f_2$

图 1 测试函数图形

仿真时,  $GA^{[13]}$  采用二进制编码, 参数设置为: 交叉概率  $P_c = 0.7$ , 变异概率  $P_m = 0.01$ 。SCEA 和 SMCEA 采用实数编码, 其状态进化矩阵分别按照式 (3) 和式 (5) 构造。为方便比较分析, 三种算法群体规模均设为 50, 进化代数设为 100 代。两个测试函数都分别用三种算法计算 50 次, 计算结果如下表 1 所示, 其中  $f(\cdot)$  表示 50 次计算中的平均寻优结果,  $D$  表示平均收敛代数,  $T$  为平均运算时间,  $R$  为 50 次运算中搜索到全局最优解的比例。

表1 仿真结果比较

函数	算法	$f(*)$	$D$	$T/s$	$R/\%$
$f_1$	GA	0.8343	95	8.7	60
	SCEA	0.8503	83	6.3	74
	SMCEA	0.9981	56	5.8	96
$f_2$	GA	0.1572	74	7.2	56
	SCEA	0.1100	65	5.5	50
	SMCEA	0.0099	49	5.3	100

图2是三种算法在两个测试函数的应用过程中性能的比较。

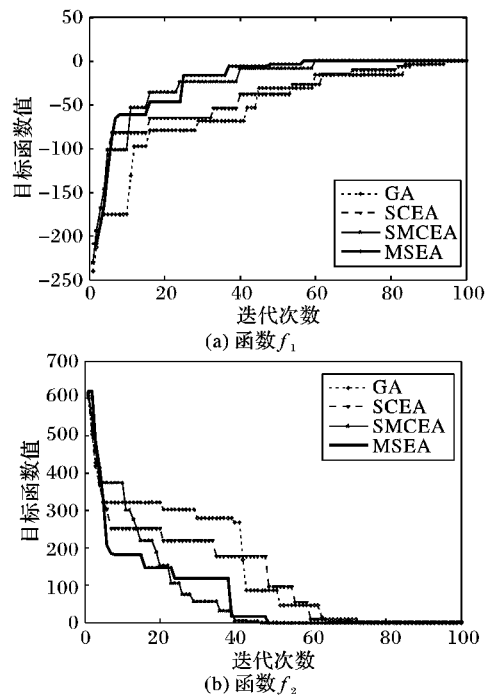


图2 寻优过程性能比较

从表1及图2的仿真结果可以看出,本文应用的算法都是一个逐步收敛的过程。对比GA和SCEA的仿真结果可以看出,SCEA的唯一优势在于其寻优时间较短,这是由于SCEA采用矩阵计算模式和实数编码,在一定程度上减少了算法计算量。而由于SCEA不具有全局遍历性,在函数 $f_2$ 的仿真过程中其搜索到全局最优解的比例甚至比容易陷入局部最优的GA还低。对比SMCEA的仿真结果可以看出,不论在寻优结果、精度还是收敛速度等方面,SMCEA明显优于GA和SCEA。且由于SMCEA采用与SCEA相同的计算模式和编码方式,故在计算时间方面,SMCEA相比GA同样有较大的优势。而由于SMCEA改进了SCEA的进化矩阵,具备了全局遍历性和收敛性,故在搜索到全局最优解的比例方面,SMCEA相比GA和SCEA也有很大的提高。

#### 4 结语

本文利用齐次有限Markov链对SCEA的全局收敛性进行了分析,得出SCEA不是全局收敛的结论。通过对SCEA的状态进化矩阵和算法搜索过程进行改进,得到了SMCEA,证明了SMCEA是全局收敛的。最后将SCEA和SMCEA应用于两个测试函数上,并将仿真结果与GA进行比较。仿真结果分析表明,本文提出的SMCEA能在相对较短的时间内以

较快的速度搜索到全局最优解,验证了SMCEA的有效性。

#### 参考文献:

- [1] SHARAPOV R R, LAPSHIN A V. Convergence of genetic algorithms[J]. Pattern Recognition and Image Analysis, 2006, 16(3): 392-397.
- [2] NICOARA E S. Mechanisms to avoid the premature convergence of genetic algorithms[J]. Bulletin of PG University of Ploiesti, Series Mathematics, Informatics, Physics, 2009, 61(1): 87-96.
- [3] SHENG Y, YI L, WEI Y. An improved genetic algorithm of fast realization in multimodal function optimizations[J]. Journal of Southwest University of Science and Technology, 2009, 24(2): 82-87. (盛鹰, 易丽清, 魏泳涛. 一种快速实现多峰值函数优化的改进遗传算法[J]. 西南科技大学学报, 2009, 24(2): 82-87.)
- [4] RIGAL L, TRUFFET L. A new genetic algorithm specifically based on mutation and selection[J]. Advances in Applied Probability, 2007, 39(1): 141-161.
- [5] ZHU S, SHAO G, WANG H. Immune genetic algorithm based on antibody injection[J]. Journal of Computer Applications, 2009, 29(6): 1536-1538 (朱思峰, 邵国金, 王华东. 基于抗体注射的免疫遗传算法[J]. 计算机应用, 2009, 29(6): 1536-1538.)
- [6] CAO X, ZHENG Z, FAN L, et al. An improved genetic algorithm mixed with neural network[J]. Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 1999, 12(4): 486-491. (曹先彬, 郑振, 范磊, 等. 融合神经网络的一种改进遗传算法[J]. 模式识别与人工智能, 1999, 12(4): 486-491.)
- [7] DING J, CHEN Z, YUAN Z. On the Markov convergence analysis for the combination of genetic algorithm and ant algorithm[J]. Acta Automatica Sinica, 2004, 30(4): 629-634. (丁建立, 陈增强, 袁著祉. 遗传算法与蚂蚁算法融合的马尔可夫收敛性分析[J]. 自动化学报, 2004, 30(4): 629-634.)
- [8] PAN W, DIAO H, JING Y. An improved real-value adaptive genetic algorithm[J]. Control and Decision, 2006, 21(7): 792-795. (潘伟, 刁华宗, 井元伟. 一种改进的实数自适应遗传算法[J]. 控制与决策, 2006, 21(7): 792-795.)
- [9] ZHENG J, LYU H, WU J, et al. Convergence analysis of genetic algorithm based on space mating[J]. Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 2010, 23(5): 639-645. (郑金华, 吕卉, 伍军, 等. 基于空间交配遗传算法的收敛性分析[J]. 模式识别与人工智能, 2010, 23(5): 639-645.)
- [10] FU H, LI M. Bionic algorithm based on state-space model with application in bidding for power market[J]. Computing Technology and Automation, 2009, 28(2): 81-84. (付宏艳, 李茂军. 基于状态空间模型的仿生算法在电力市场竞价中的应用[J]. 计算技术与自动化, 2009, 28(2): 81-84.)
- [11] MAO Y. Multi-objective reactive power optimization based on bionic algorithm with state-space model[D]. Changsha: Changsha University of Science and Technology, 2009. (毛盈旎. 基于状态空间模型仿生算法的多目标无功优化[D]. 长沙: 长沙理工大学, 2009.)
- [12] LIN D, LI M, KOU J. On the convergence of real-coded genetic algorithms[J]. Journal of Computer Research and Development, 2000, 37(11): 1321-1327. (林丹, 李敏强, 寇纪淞. 基于实数编码的遗传算法的收敛性研究[J]. 计算机研究与发展, 2000, 37(11): 1321-1327.)
- [13] ZHANG C, ZHENG J, QIAN J. Comparison of coding schemes for genetic algorithms[J]. Application Research of Computers, 2011, 28(3): 819-822. (张超群, 郑建国, 钱洁. 遗传算法编码方案比较[J]. 计算机应用研究, 2011, 28(3): 819-822.)