

文章编号:1673-9469(2010)01-0103-06

## 基于多保留策略的复合型遗传算法及其收敛性分析

刘立民<sup>1</sup>,马丽涛<sup>1</sup>,庞彦军<sup>1</sup>,李法朝<sup>2</sup>

(1.河北工程大学 理学院,河北 邯郸 056038;2.河北科技大学 经济管理学院,河北 石家庄 058021)

**摘要:**遗传算法(GA)作为一种新型的智能优化方法,以其结构简单、适应性强等特点在众多实际领域取得了成功的应用,但存在计算复杂度大、易于局部收敛等方面的不足。本文在分析现有遗传操作的不足和生物进化的基本特征基础上,从提高进化效率的角度出发,提出基于多保留策略的复合型遗传算法(简称MRS-CGA);进而利用Markov链理论和仿真技术,从不同的层面分析了算法的性能。讨论结果表明,算法从本质上推广了常规的GA,在计算效率和收敛性能上均明显地优于常规的GA。

**关键词:**遗传算法;复合型遗传算法;多保留策略;收敛性;Markov链

**中图分类号:** TP301

**文献标识码:** A

### Composite genetic algorithm and its convergence analysis based on multi-reserved strategy

LIU Li-min<sup>1</sup>, MA Li-tao<sup>1</sup>, PANG Yan-jun<sup>1</sup>, LI Fa-chao<sup>2</sup>

(1. School of Science, Hebei University of Engineering, Hebei Handan 056038, China; 2. School of Economics and Management, Hebei University of Science and Technology, Hebei Shijiazhuang, 050018, China)

**Abstract:** As a new kind of intelligence optimization method, genetic algorithm, with the features of simple structure and strong adaptability, achieves great success in many real fields, but still there are some shortcomings such as greater computation complexity and more chance of being trapped into local states. This paper analyzes the deficiency of the existing genetic operation and the essential characteristics of creature evolution to improve evolution efficiency, and proposes a composite genetic algorithm based on multi-reserving strategy (MRS-CGA for short). Moreover, it analyzes the performances of MRS-CGA by the theory of Markov chains and simulation technology. All the results indicate that, MRS-CGA is essentially the extension of ordinary GA, and obviously better than ordinary GA in computation efficiency and convergence performance.

**Key words:** genetic algorithm; composite genetic algorithm; multi-reserved strategy; convergence; Markov chain

遗传算法是近年来计算机科学、信息科学及人工智能领域的一个热点研究内容<sup>[1-3]</sup>,是由美国控制论专家 Holland<sup>[4]</sup>提出的一种基于生物进化论及孟代尔基因遗传理论的搜索型优化算法,在函数优化、机器学习、人工神经网络、分子生物学和优化调度等领域得到了广泛应用,遗传算法借鉴物种进化思想,将每个可行解表示成字符串形式,避开了问题的复杂数学特征,其执行过程为:从一

个初始种群开始,利用某种准则(称之为适应度函数)对当前种群进行评价,进而通过选择、交叉和变异等操作生成新的种群,如此反复直到满足某种条件为止。在上面的过程中,适值函数模拟了自然选择的力量,而选择、交叉和变异则分别对应于生物的繁衍、交配及基因突变现象,选择操作的作用是确定最优搜索的方向,交叉操作的作用是扩大算法的搜索范围,变异操作的作用是增强算

收稿日期:2009-10-07

基金项目:河北省自然科学基金项目(F2009000857)

特约专稿

作者简介:刘立民(1981-),男,河北永年人,硕士,助教,从事智能计算,复杂系统优化研究。

法的全局搜索能力。

尽管遗传算法思路直观、操作简单,但却常常存在“未成熟”收敛以及收敛精度不高等方面的不足,尤其对大范围、高精度的优化问题往往不能收敛到全局最优解。近年来,人们提出许多改进的遗传算法,但大多是集中在选择、交叉和变异概率及适应度函数的选取上<sup>[5-7]</sup>,且均具有较强的针对性,没有从根本上解决上述算法的不足。本文在分析现有遗传操作的不足和生物进化的基本特征基础上,从提高进化效率的角度出发,提出了基于多保留策略的复合型遗传算法(简称 MRS - CGA),并利用 Markov 链理论和仿真技术从各个层面分析了算法的收敛性能。

## 1 MRS - CGA 的结构

### 1.1 多保留策略

最优保留策略(即将上一代种群中的最好染色体转移到下一代种群中)是为了提高进化质量而采取的一种保留措施,是实现全局最优的保证,但现有的单保留方式难以提高算法的收敛速度。因此,在分析生物进化基本特征的基础上,提出了多保留策略,其作用是增加种群中优质个体的多样性,避免局部收敛,加快收敛速度,其基本原则如下:

1) 根据种群规模,预保留一定数目的优秀个体(如种群规模的 5%);

2) 根据某种标准,对预保留的个体适应度进行检验,同时去掉适应度相对较小的个体;

3) 按照某种策略,对剩下的个体进行离散型检验,进而确定最终保留到下一代的个体。

图 1 反映了多保留策略的作用。该函数是一个连续的多峰函数,全局最优值只有一个,但有两个局部极值点。从图中可以看出,虽然  $x_4$  的适应度比  $x_1$  的适应度小,但  $x_4$  更接近全局最优解,在下一代的进化过程中,更容易到达最优解,因此  $x_4$  比  $x_1$  更有用。在算法的执行过程中,若采取单保留策略,则保留的解是  $x_1$ ,而  $x_4$  却可能被淘汰,其结果将导致算法收敛速度慢,且很容易陷入局部最优;若采取多保留策略,由于  $x_1, x_4$  的适应度相差不多,且他们的离散度又较大,因而  $x_1, x_4$  既可以同时被保留下来,又可以保证了种群的多样性,更有利于群体的进化。

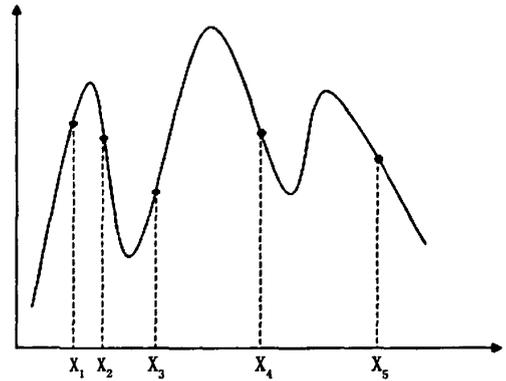


图1 多保留策略的直观释义图

Fig.1 Visual interpretation graph of multi-reserved strategy

按照上面的分析,对于多峰函数的优化问题,可见采取多保留策略具有提高收敛速度和避免局部收敛的功能;而对于连续型单峰函数的优化问题,多保留策略和最优保留策略效果基本相同。

解的离散度可以用解空间上距离函数来度量,关于度量空间的概念如下:

定义 1<sup>[7]</sup> 设  $X$  是一个非空集合,  $D: X \times X \rightarrow [0, \infty)$ , 对任意的  $x, y, z \in X$ , 若  $D$  满足: 1)  $D(x, y) = 0 \Leftrightarrow x = y$ ; 2)  $D(x, y) \leq D(x, z) + D(z, y)$ , 则称  $D$  为  $X$  上的距离函数, 并称  $(X, D)$  为度量空间; 若将上面的 1) 修改为: 1) 当  $x = y$  时,  $D(x, y) = 0$ , 则称  $D$  为  $X$  上的拟距离函数, 并称  $(X, D)$  为拟度量空间。

### 1.2 MRS - CGA 的结构

由于多保留策略能够在保证整体不断进化的同时,兼顾其他有用信息的收集(如次优个体的保留)和调剂功能(如优质个体的多样性),因而可以避免局部收敛,提高搜索的效率和全局收敛性能,可以按照如下步骤来实现多保留操作(本文实例仿真部分选用了双保留策略,其中  $D$  为欧几里得距离)。

步骤 1 选择预保留强度: 即确定当代种群直接转移到下一代种群中的最大个体数目  $M$ ;

步骤 2 选择检验准则: 即确定解空间上的距离函数  $D$  以及反映解的质量差异的阈值  $\alpha$  和离散程度的阈值  $\beta$ ;

步骤 3 选择预保留个体: 即在父代个体中依次选取  $M$  个适应度最大的个体  $X_1, X_2, \dots, X_M$ , 即  $f(X_1) \geq f(X_2) \geq \dots \geq f(X_M)$ ;

步骤 4 确定保留结果:1)  $X_1$  无条件地保留到下一代种群中;2) 对  $2 \leq i \leq M$ , 依次按下面的原则确定  $X_i$  是否保留:若  $f(X_1) - f(X_i) \geq \alpha$ , 则不保留  $X_i$ ;若  $f(X_1) - f(X_i) < \alpha$ , 则当  $D(X_1, X_i) \geq \beta$  时, 保留  $X_i$ , 当  $D(X_1, X_i) < \beta$  时, 不保留  $X_i$ 。

### 1.3 MRS - CGA 的两点注明

1) 在多保留策略中, 每次从当代种群保留到下一代种群中的个体数是不确定的, 但至少有一个个体能够保留到下一代种群中, 其具体结果依赖于当代种群的整体质量和参数  $M, \alpha, \beta$  的取值, 一般而言, 在算法运行的前期阶段保留的数目会大一些, 而后期阶段的保留数目会小一些。

2)  $M, \alpha, \beta$  是保证进化质量的参数, 其取值应结合种群规模、决策变量的变化范围和目标函数的特点来确定。

## 2 MRS - CGA 的收敛性分析

由 MRS - CGA 的结构可知, MRS - CGA 的遗传序列  $\{X(t)\}_{t=1}^{\infty}$  可以看作有限状态空间上的 Markov 链。用  $S$  表示 MRS - CGA 的解空间,  $N$  表示种群规模(即种群中的个体数目),  $S^N$  表示种群空间,  $K$  表示  $S^N$  的规模(即  $S^N$  中的元素个数),  $S = (s_{ij})_{k \times k}$ ,  $C = (c_{ij})_{k \times k}$  和  $M = (m_{ij})_{k \times k}$  分别表示选择算子, 交叉算子和变异算子的概率转移矩阵, 则  $S$  是列可容的,  $C$  是随机的,  $M$  是正的, 且  $T = CMS$  即为  $\{X(t)\}_{t=1}^{\infty}$  的概率转移矩阵。下面利用 Markov 链理论来分析 MRS - CGA 的收敛性。

定义 2<sup>[8]</sup> 设  $X(t) = \{X_1(t), X_2(t), \dots, X_N(t)\}$  为遗传算法的第  $t$  代种群,  $f^* = \max\{f(X) | X \in S\}$  表示  $f(X)$  的全局最优值,  $Z_t = \max_{1 \leq i \leq N} f(X_i(t))$ 。若  $\lim_{t \rightarrow \infty} P\{Z_t = f^*\} = 1$ , 则称遗传序列  $\{X(t)\}_{t=1}^{\infty}$  是收敛的。

引理 1<sup>[9]</sup> 设  $P$  为 Markov 链  $\{X(t)\}_{t=1}^{\infty}$  的转移矩阵, 若  $P$  只有一个模为 1 的特征值  $\lambda$ , 则  $\{X(t)\}_{t=1}^{\infty}$  收敛于  $\lambda$  所对应的特征向量, 且与初始状态无关。

定理 1 MRS - CGA 的转移矩阵  $T = CMS$  是个本原矩阵。

证明 记  $A = CM = (a_{ij})_{k \times k}$ ,  $T = AS = (t_{ij})_{k \times k}$ , 则  $C$  是由随机矩阵可知,  $C$  的每一行(列)至少存在一个正元素, 从而对任意的  $1 \leq i, j \leq K$ , 有  $a_{ij} = \sum_{k=1}^K c_{ik} \cdot m_{kj} > 0$ , 即  $A > 0$ 。同理, 由  $S$  是列可容的可知, 对任意的  $1 \leq i, j \leq K$ , 有  $t_{ij} = \sum_{k=1}^K a_{ik} \cdot s_{kj} >$

0, 即  $T > 0$ , 从而  $T$  是个本原矩阵。

由引理 1 和定理 2 可得下面的推论:

推论 1 MRS - CGA 的 Markov 链  $\{X(t)\}_{t=1}^{\infty}$  是遍历的, 即不论其初始分布如何, 状态链最终收敛于一个确定的终了状态, 而各状态都是非零概率可达的。

定理 2 MRS - CGA 的 Markov 链  $\{X(t)\}_{t=1}^{\infty}$  是收敛的。

证明 为了叙述上方便, 下文仅对双保留策略进行叙述。记  $p_{ij}^{(n)}$  为种群由状态  $i$  经过  $n$  步到达状态  $j$  的转移概率。设当代(如第  $t$  代)种群的状态为  $j$ , 则由于采用了双保留策略, 因此或者状态  $j$  中某一个个体(比如第  $k$  个个体)是上一代(即  $t-1$  代)种群中的最优个体, 或者状态  $j$  中某两个个体(比如第  $k_1$  和  $k_2$  个个体)是上一代(即  $t-1$  代)种群中的最优和次最优个体, 这表明第  $t$  代种群中的最优个体优于或等于第  $t-1$  代种群中的最优个体。若假设  $i$  是第  $t$  代种群之前的某一代(如第  $t'$  代)种群所处的状态, 且从第  $t'$  代种群到第  $t$  代种群的进化过程中产生了更优秀的个体, 则由复合变异的遍历性可知  $p_{ij}^{(n)} > 0$ (即从状态  $i$  到状态  $j$  是可达的), 由多保留策略的最优保留性可知  $p_{ji}^{(n)} = 0$ (即从状态  $j$  到状态  $i$  是不可达的)。由于上述分析中的  $i$  和  $j$  均是任意的, 因而 MRS - CGA 的求解过程是一个单向进化的过程, 由此及推论 1 可知 MRS - CGA 的遗传序列  $\{X(t)\}_{t=1}^{\infty}$  必将依概率 1 收敛到全局最优解。

## 3 实例仿真

本部分通过两个具有相当复杂度的数值型函数优化问题, 来比较 MRS - CGA、采用单保留策略的 BsGA 和基本遗传算法 BGA 求解性能。

例 1 考虑六峰驼背函数<sup>[10,11]</sup>:

$$f(x_1, x_2) = (4 - 2.1x_1^2 + \frac{1}{3}x_1^4)x_2^2 + x_1x_2 + (-4 + 4x_2^2)x_2^2, \quad -100 \leq x_1, x_2 \leq 100.$$

该函数共有六个局部极小点, 其中  $(-0.0898, 0.7126)$  和  $(0.0898, -0.7126)$  为全局最小点, 最小值为  $-1.0316$ 。

下面分别采用 MRS - CGA、BsGA 和 BGA 来进行求解实验(图 2、3、4 中, 横坐标表示迭代次数, 纵坐标表示函数适应值)。

1) MRS - CGA: 参数设置如下, 种群规模为 80, 最大进化代数为 100, 交叉概率和变异概率分

别为  $p_c = 1, p_m = 0.001$ , 则目标函数的进化曲线如图 2, 最小值为  $-1.0316$ 。

2) BsGA: 参数设置如下参数设置如下, 种群规模为 80, 最大进化代数为 100, 交叉概率和变异概率分别为  $p_c = 1, p_m = 0.001$ , 则目标函数的进化曲线如图 3, 最小值为  $-1.0251$ 。

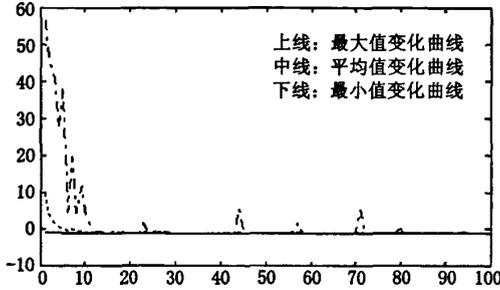


图2 MRS-CGA的100次迭代曲线  
Fig. 2 100 iterations results of MRS-CGA

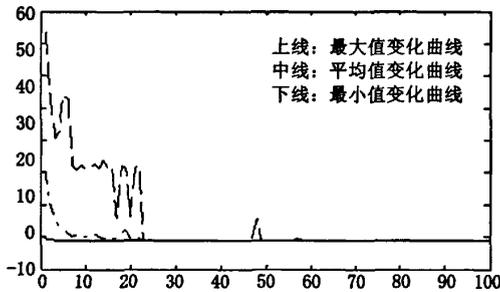


图3 BsGA的100次迭代曲线  
Fig. 3 100 iterations results of BsGA

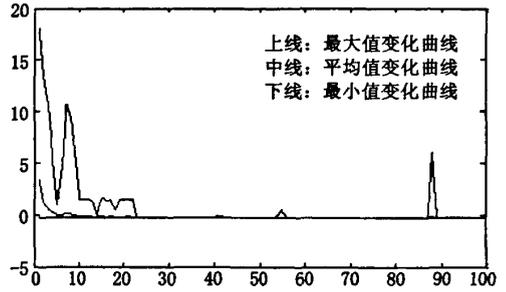


图4 BGA的100次迭代曲线  
Fig. 4 100 iterations results of BGA

3) BGA: 参数设置如下, 种群规模为 80, 最大进化代数为 100, 交叉概率和变异概率分别为  $p_c = 1, p_m = 0.001$ , 则目标函数的进化曲线如图 3, 最小值为  $-0.5324$ 。

为了进一步分析上述三种算法的性能, 我们针对上述各算法的参数设置, 分别对例 1 进行了 10 次独立的重复求解试验, 结果如表 1 所示。

从表 1 可以看出: 1) 在收敛精度和收敛稳定性方面, MRS-CGA 均优于 BsGA 和 BGA; 2) 在收敛代数方面, MRS-CGA 均小于 BsGA 和 BGA; 3) 在计算效率(收敛时间)方面, BsGA 是 MRS-CGA 的 1.5 倍, BGA 是 MRS-CGA 的 1.2 倍。因而, MRS-CGA 在各方面的性能均好于 BsGA 和 BGA。

$$\text{例 } 2^{[10,11]} \min f(x) = -\frac{\sin^2 \sqrt{x_1^2 + x_2^2} - 0.5}{[1 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)]^2} + 0.5 - 100 \leq x_1, x_2 \leq 100.$$

表 1 三种算法对例 1 的 10 次试验结果

Tab. 1 10 experiments results of example 1 for three algorithms

	MRS-CGA			BsGA			BGA		
	收敛值	收敛代数	收敛时间/s	收敛值	收敛代数	收敛时间/s	收敛值	收敛代数	收敛时间/s
1	-1.0316	10	1.1340	-1.0311	22	2.3120	-0.5324	23	1.9650
2	-1.0316	10	1.5430	-1.0212	21	2.0220	-0.4129	22	1.0840
3	-1.0313	14	1.4230	-1.0251	12	1.7240	-0.5356	19	1.1870
4	-1.0316	11	1.4560	-1.0321	11	2.0140	-0.7125	20	1.2980
5	-1.0316	13	1.2530	-1.0316	10	2.1410	-0.3269	20	1.3640
6	-1.0316	10	1.4320	-0.9985	14	2.2450	-0.5124	18	1.1560
7	-1.0315	17	1.1130	-1.0301	15	2.2140	-0.6386	20	1.8450
8	-1.0316	15	1.3420	-1.0313	14	2.0130	-0.3469	17	1.7540
9	-1.0316	15	1.2750	-0.9897	13	2.0240	-0.4897	18	1.9250
10	-1.0316	11	1.3240	-1.0313	10	1.8150	-0.6532	14	1.9130
平均值	-1.0316	12.6	1.3300	1.0222	14.2	2.0524	-0.5161	19.1	1.5491

该函数有唯一的全局最大值点  $x_1 = 0, x_2 = 0$ , 相应的最大值为 1, 在距离全局最大值点大约 3.14 范围内存在无穷多个局部极大点将其包围, 并且函数强烈震荡, 用解析方法很难得到最优解。下面分别采用 MRS - CGA、BsGA 和 BGA 来进行求解实验(图 5 ~ 图 7 中, 横坐标表示迭代次数, 纵坐标表示函数适应值)。

1) MRS - CGA: 参数设置如下, 种群规模为 80, 最大进化代数为 100, 交叉概率和变异概率分别为  $p_c = 1, p_m = 0.001$ , 则目标函数的进化曲线如图 5, 最大值为 1。

2) BsGA: 参数设置如下参数设置如下, 种群规模为 80, 最大进化代数为 100, 交叉概率和变异概率分别为  $p_c = 1, p_m = 0.001$ , 则目标函数的进化曲线如图 6, 最大值为 0.987 4。

3) BGA: 参数设置如下, 种群规模为 80, 最大进化代数为 100, 交叉概率和变异概率分别为  $p_c = 1, p_m = 0.001$ , 则目标函数的进化曲线如图 7, 最大值为 0.458 9。

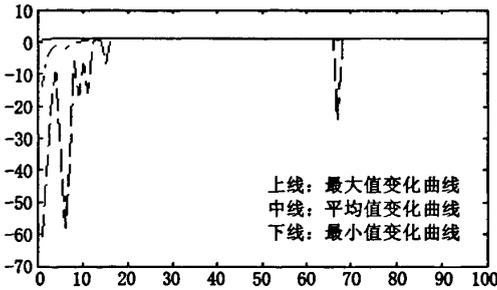


图5 MRS-CGA的100次迭代曲线

Fig.5 100 iterations results of MRS-CGA

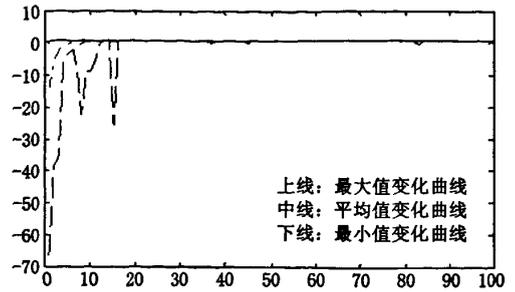


图6 BsGA的100次迭代曲线

Fig.6 100 iterations results of BsGA

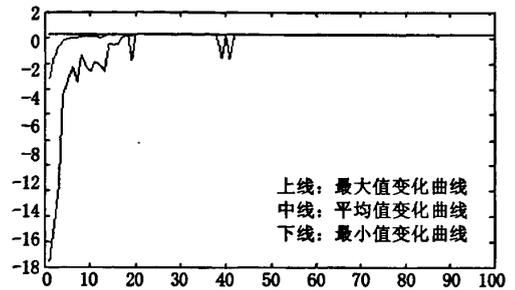


图7 BGA的100次迭代曲线

Fig.7 100 iterations results of BGA

针对上述各算法的参数设置, 我们分别对例 2 进行了 10 次独立的重复求解试验, 结果如表 2 所示。

从图 5 ~ 图 7 及表 2 可以看出: 1) MRS - CGA 在收敛精度方面略高于 BsGA; 2) 在收敛代数方面, MRS - CGA 和 BsGA 基本相当, 但远远小于 BGA; 3) 在收敛时间方面, BsGA 是 MRS - CGA 的 1.6 倍, BGA 是 MRS - CGA 的 1.3 倍。

表 2 三种算法对例 2 的 10 次试验结果

Tab.2 10 experiments results of example 2 for three algorithms

	MRS - CGA			BsGA			BGA		
	收敛值	收敛代数	收敛时间/s	收敛值	收敛代数	收敛时间/s	收敛值	收敛代数	收敛时间/s
1	1	15	1.241 0	0.981 3	19	2.142 0	0.458 9	20	1.941 0
2	1	14	1.412 0	0.963 2	15	2.102 0	0.532 4	22	1.408 0
3	1	17	1.431 0	0.985 6	18	1.643 0	0.365 9	24	1.178 0
4	0.998 5	10	1.421 0	0.962 7	19	1.984 0	0.631 2	21	1.653 0
5	1	11	1.315 0	1	15	2.745 0	0.412 5	18	1.654 0
6	1	15	1.119 0	0.978 6	16	2.247 0	0.440 5	18	1.861 0
7	0.997 1	18	1.142 0	0.990 3	16	2.241 0	0.463 2	17	1.832 0
8	1	11	1.265 0	0.980 3	16	2.112 0	0.501 2	21	1.871 0
9	1	10	1.234 0	0.995 6	14	2.142 0	0.713 1	23	1.693 0
10	1	13	1.348 0	0.990 3	15	1.875 0	0.532 9	20	1.867 0
平均值	1	13.4	1.292 8	0.983 8	16.3	2.123 3	0.505 2	20.4	1.695 8

综合以上分析和计算结果可以看出,无论在收敛精度还是在计算效率和收敛性能方面,MRS - CGA 均好于常规的 GA。

#### 4 结论

从提高进化效率的角度出发,提出了基于多保留策略的复合型遗传算法(简称 MRS - CGA),利用 Markov 链理论和仿真技术从各个层面分析了算法的收敛性能,理论分析和实例仿真比较表明,MRS - CGA 不仅具有良好的结构和可操作性,而且在计算效率和收敛稳定性方面均明显优于常规的遗传算法,为进一步构建复合优化方法奠定了基础,在一定程度上推广和丰富了现有的智能优化理论和方法。

#### 参考文献:

- [1] SRINIVAS M, PATNAIK M. Genetic algorithm: A survey [J]. IEEE Computer, 1994, 27(6): 17 - 26.
- [2] FOGE D B. An introduction to simulated evolutionary optimization[J]. IEEE Trans. on SMC, 1999, 24(1): 3 - 14.

- [3] ATMAR W. Notes on the simulation of evolution[J]. IEEE Trans. on SMC, 1994, 24(1): 130 - 147.
- [4] HOLLAND J H. Adaptation in nature and artificial systems [M]. USA: Univ. of Michigan, 1975.
- [5] 巩教卫,孙小燕,郭西进. 一种新的优胜劣态遗传算法[J]. 控制与决策, 2002(6): 908 - 912.
- [6] 韩万林. 遗传算法的改进[J]. 中国矿业大学学报, 2001(1): 102 - 105.
- [7] 李京涛,何丽丽,高瑞贞,等. 改进遗传算法在桁架拓扑优化中的应用[J]. 河北工程大学学报(自然科学版), 2009, 26(3): 19 - 22.
- [8] 夏道行,吴卓人,严绍宗,等. 实变函数与泛函分析 [M]. 北京: 高等教育出版社, 1979.
- [9] 方兆本,缪柏其. 随机过程[M]. 合肥: 中国科学技术大学出版社, 1993.
- [10] 盛骤. 概率论与数理统计[M]. 北京: 高等教育出版社, 1989.
- [11] 王小平,曹立明. 遗传算法理论、应用与软件实现 [M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2002.
- [12] 陈国良. 遗传算法及其应用[M]. 北京: 人民邮电出版社, 1996.

(责任编辑 马立)

(上接第 98 页)

#### 参考文献:

- [1] 杨小兵. 聚类分析中若干关键技术的研究[D]. 杭州: 浙江大学计算机学院, 2005.
- [2] 袁方,周志勇,宋鑫. 初始聚类中心优化的 k - means 算法[J]. 计算机工程, 2007, 33(3): 65 - 66.
- [3] HUANG Z. A fast clustering algorithm to cluster very large categorical data sets in data mining. In: Proc. of the SIGMOD Workshop on Research Issues on Data Mining and Knowledge Discovery. Tucson, 1997. 146 - 151[EB/OL]. <http://www.informatik.uni-trier.de/~ley/db/conf/sigmod/sigmod97.html>.
- [4] SAMBASIVAM S, THEODOSOPOULOS N. Advanced data clustering methods of mining Web documents[J]. Issues in

Informing Science and Information Technology, 2006, (3): 563 - 579.

- [5] 黎敏. 数据挖掘算法研究与应用[D]. 大连: 大连理工大学, 2004.
- [6] 孟岩,刘希玉,刘艳丽. 一种基于蚁群算法的 K - means 算法—在公路运输枢纽宏观布局规划中的应用[J]. 计算机工程与应用, 2008, 44(1): 179 - 182.
- [7] 周涓,熊忠阳,张玉芳,等. 基于最大最小距离法的多中心的聚类算法的研究[J]. 计算机应用, 2006, 26(6): 1425 - 1427.
- [8] MARQUES J P, WRITTEN, WU Y F, TRANS. Pattern recognition concepts, methods and applications. 2nd ed [M]. Beijing: Tsinghua University Press, 2002.

(责任编辑 刘存英)

# 基于多保留策略的复合型遗传算法及其收敛性分析

作者: [刘立民](#), [马丽涛](#), [庞彦军](#), [李法朝](#), [LIU Li-min](#), [MA Li-tao](#), [PANG Yan-jun](#), [LI Fa-chao](#)  
作者单位: [刘立民, 马丽涛, 庞彦军, LIU Li-min, MA Li-tao, PANG Yan-jun\(河北工程大学理学院, 河北, 邯郸, 056038\)](#), [李法朝, LI Fa-chao\(河北科技大学经济管理学院, 河北, 石家庄, 058021\)](#)  
刊名: [河北工程大学学报\(自然科学版\)](#)   
英文刊名: [JOURNAL OF HEBEI UNIVERSITY OF ENGINEERING\(NATURAL SCIENCE EDITION\)](#)  
年, 卷(期): 2010, 27(1)  
被引用次数: 2次

## 参考文献(12条)

1. [SRINIVAS M;PATNAIK M Genetic algorithm:A survey](#)[外文期刊] 1994(06)
2. [FOGE D B An introduction to simulated evolutionary optimization](#) 1999(01)
3. [ATMAR W Noteson the simulation of evolution](#) 1994(01)
4. [HOLLAND J H Adaptation m nature and artificial systems](#) 1975
5. [巩敦卫;孙小燕;郭西进 一种新的优胜劣态遗传算法](#)[期刊论文]-[控制与决策](#) 2002(06)
6. [韩万林 遗传算法的改进](#)[期刊论文]-[中国矿业大学学报](#) 2001(01)
7. [李京涛;何丽丽;高瑞贞 改进遗传算法在桁架拓扑优化中的应用](#)[期刊论文]-[河北工程大学学报\(自然科学版\)](#) 2009(03)
8. [夏道行;吴卓人;严绍宗 实变函数与泛函分析](#) 1979
9. [方兆本;缪柏其 随机过程](#) 1993
10. [盛骤 概率论与数理统计](#) 1989
11. [王小平;曹立明 遗传算法理论、应用与软件实现](#) 2002
12. [陈国良 遗传算法及其应用](#) 1996

## 本文读者也读过(6条)

1. [张景森. 张静. 张景广. 巩佳琨. 杜文堂. ZHANG Jing-sen. ZHANG Jing. ZHANG Jing-guang. GONG Jia-kun. DU Wen-tang 邯鄲东武仕水库表层水体多环芳烃的环境意义](#)[期刊论文]-[河北工程大学学报\(自然科学版\)](#) 2010, 27(2)
2. [于雪晶. 麻肖妃. 夏斌. YU Xue-jing. MA Xiao-fei. XIA Bin 动态粒子群优化算法](#)[期刊论文]-[计算机工程](#) 2010, 36(4)
3. [张安兵. 高井祥. 时翠梅. 刘新侠. 赵玉玲. ZHANG An-bing. GAO Jing-xiang. SHI Cui-mei. LIU Xin-xia. ZHAO Yu-ling AGO-BP神经网络预测建模及工程应用研究](#)[期刊论文]-[河北工程大学学报\(自然科学版\)](#) 2007, 24(3)
4. [高兴旺. 王琼. 欧阳一鸣. GAO Xing-wang. WANG Qiong. OUYANG Yi-ming 基于混合预测模型的负载均衡算法研究](#)[期刊论文]-[计算机工程与设计](#) 2010, 31(16)
5. [郝国生. 严玉若. 黄永青. 胡培亮. 章磊. 路娟. 季君. HAO Guo-sheng. YAN Yu-ruo. HUANG Yong-qing. HU Pei-liang. ZHANG Lei. LU Juan. JI Jun 基于三角函数的遗传算法选择算子](#)[期刊论文]-[江南大学学报\(自然科学版\)](#) 2010, 9(2)
6. [谢娟英. 张琰. 王春霞. 蒋帅. XIE Juan-ying. ZHANG Yan. WANG Chun-xia. JIANG Shuai 基于分裂算子的遗传算法和自适应遗传算法](#)[期刊论文]-[计算机工程与应用](#) 2010, 46(33)

## 引证文献(2条)

1. [任海艳. 陈飞翔 自适应遗传算法的改进及在曲线化简中的应用](#)[期刊论文]-[计算机工程与应用](#) 2012(11)
2. [刘立民 潘伟. 庞彦军. 李法朝 多阶段复合型遗传算法的结构及性能研究](#)[期刊论文]-[河北工程大学学报\(自然科](#)

学版) 2010(2)

本文链接: [http://d.wanfangdata.com.cn/Periodical\\_hbjzkjxyxb201001026.aspx](http://d.wanfangdata.com.cn/Periodical_hbjzkjxyxb201001026.aspx)