

求解 0-1 背包问题的人工免疫抗体修正克隆算法

杜海峰^{1,2}, 刘若辰¹, 焦李成¹, 王孙安²

(1. 西安电子科技大学 智能信息处理研究所, 陕西 西安 710071; 2. 西安交通大学 机械工程学院, 陕西 西安 710049)

摘要: 基于细胞克隆选择学说, 系统地阐述了用于人工智能的抗体修正克隆算子, 提出了相应的人工免疫抗体修正克隆算法; 利用 Markov 链的有关性质, 证明了该算法的收敛性. 针对 0-1 背包问题的试验结果表明, 人工免疫抗体修正克隆算法解决组合优化问题是有效的, 与相应的进化算法相比, 该算法有效克服了早熟问题, 保持了抗体的多样性, 而且收敛速度快.

关键词: 克隆选择; 进化算法; 马尔可夫链; 背包问题

中图分类号: TP18 **文献标识码:** A

Artificial immune antibody adjusting clonal algorithm for the 0-1 knapsack problem

DU Hai-feng^{1,2}, LIU Ruo-chen¹, JIAO Li-cheng¹, WANG Sun-an²

(1. Institute of Intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an Shaanxi 710071, China;

2. School of Mechanical Engineering, Xi'an Jiaotong University, Xi'an Shaanxi 710049, China)

Abstract: Based on the clonal selection theory, the antibody-adjusting-clone operator is analyzed. A new artificial immune system algorithm, Artificial Immune Antibody Adjusting Clonal Algorithm (AIAACA), is put forward. Based on Markov chain theorem, the general artificial immune system algorithm is proved to be convergent. Compared with the Evolutionary Algorithm (EA), AIAACA is shown to be an evolutionary strategy to solve the combinatorial optimization problem, like 0-1 knapsack problem.

Key words: clonal selection; evolutionary algorithms; Markov chain; 0-1 knapsack problem

1 引言 (Introduction)

人工免疫系统是模仿自然免疫系统功能的一种新的智能方法, 其研究成果涉及到控制、数据处理、优化学习和故障诊断等许多领域, 已经成为继神经网络、模糊逻辑和进化计算后人工智能的又一研究热点^[1,2]. 抗体克隆选择是免疫系统理论的重要学说. 克隆意为无性繁殖系, 即通过无性繁殖 (如细胞丝分裂) 可连续传代并形成群体, 常用于细胞水平的描述. 这一概念已经引起了人工智能研究者的兴趣^[3,4], 一些基于克隆选择学说的新算法相继提出. 但是, 相关研究还处在初始阶段, 采用克隆机理的免疫算法还不多见, 进一步结合其它免疫机理的混合免疫算法就更少, 而且很少有对相关克隆算法的理论分析 (如收敛性).

0-1 背包问题是一类经典的组合优化 NP 完全问题. 对该问题求解方法的研究无论是在理论上, 还

是在实践中都具有一定的意义, 如资源分配、投资决策、装载问题、网络资源分配等均可建模为背包问题. 求解背包问题的方法有许多种^[5], 传统的方法, 如隐枚举法、分支定界法等, 在求解较大规模的背包问题时大多存在计算量大, 迭代时间长的弱点. 神经网络、进化算法、蚁群算法等人工智能方法相继被用于解决背包问题^[6], 虽然在一定程度上克服了传统方法的不足, 但是由于这些算法本身的缺陷, 如进化算法很容易出现早熟收敛, 神经网络学习时间较长且易陷入局部极小值, 因此限制了其更好地应用.

文中主要借助生物免疫学的克隆选择机理, 构造了一种抗体修正克隆算子, 并形成相应的人工免疫抗体修正克隆算法, 相关实验表明, 该算法能成功解决类似 0-1 背包问题这样的组合优化问题, 而且性能优于相应的进化算法.

2 算子与算法(Operator and algorithm)

2.1 抗体修正克隆算子(Antibody-adjusting-clone operator)

抗体克隆选择学说认为,当抗原侵入机体时,克隆选择机制能在机体内选择出能识别和消灭相应抗原的免疫细胞,使之激活、分化和增殖,进行免疫应答以最终清除抗原.抗原引起并决定免疫应答的类型,因此是免疫应答的始动因素^[7].

如采用人工免疫系统算法中的定义,抗原、抗体、抗原和抗体之间的亲和性分别对应于优化问题的目标函数和各种约束条件、侯选解、解与目标函数的匹配程度;那么,生物免疫应答过程就可视为一个由问题驱动的优化过程,而这一过程十分强调抗体(问题的解)依据抗原(问题)特征的自适应改变.事实上,每一个待求的实际问题都会有一些基本的、显而易见的特征信息或知识.现有的基于克隆选择机理的人工免疫系统算法大多忽视了问题的特征信息在求解问题时的辅助作用,特别是在求解一些复杂问题时,这种“忽视”所带来的损失往往比较明显.另外,对于组合优化问题,如0-1背包问题,当侯选解的取值受到限制,依据问题特征对不可行解进行修正是求解问题的有效方法之一.

作者正是基于上述认识,借鉴生物免疫的相关机理,提出一种新的人工免疫系统算子—抗体修正克隆算子(Antibody-adjusting-clone operator, AACO).AACO是由亲合度诱导的抗体随机映射,抗体群的状态转移情况可以表示成如下的随机过程:

$$\begin{aligned} A(k) &\xrightarrow{\text{clone}} A'(k) \xrightarrow{\text{mutation}} A''(k) \xrightarrow{\text{adjust}} \\ A'''(k) &\xrightarrow{\text{select}} A(k+1). \end{aligned}$$

其中,抗体群 $A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$ 为抗体 a 的 n 元组.抗体修正克隆算子就是依据抗体-抗原亲合度 $f(\cdot)$,将解空间中的一个点 $a_i = \{x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}\}$, $a_i(k) \in A(k)$,分裂成了 q_i 个相同的点 $a'_i(k) \in A'(k)$,经过克隆变异、克隆修正和克隆选择变换后获得新的抗体群.

不失一般性,考虑目标函数的最大值问题,抗体修正克隆算子具体描述如下:

克隆 T_c^C 定义

$$T_c^C(A(k)) =$$

$$[T_c^C(a_1(k)), T_c^C(a_2(k)), \dots, T_c^C(a_n(k))]^T, (1)$$

其中: $T_c^C(a_i(k)) = I_i \times a_i(k)$, $i = 1, 2, \dots, n$; I_i 为 q_i 维行向量,称为抗体 a_i 的 q_i 克隆.

$$q_i = g(N_c, f(a_i(k))), (2)$$

一般取

$$q_i = \text{Int} \left(N_c \cdot \frac{f(a_i(k))}{\sum_{j=1}^n f(a_j(k))} \right), i = 1, 2, \dots, n. (3)$$

$N_c > n$ 是与克隆规模有关的设定值; $\text{Int}(\cdot)$ 为上取整函数, $\text{Int}(x)$ 表示大于 x 的最小整数.显然,对单一抗体而言,其克隆规模是自适应调整的.克隆过后,种群变为

$$A'(k) = \{A(k), A'_1(k), A'_2(k), \dots, A'_n(k)\}. (4)$$

其中

$$\begin{aligned} A'(k)_i &= \{a_{i1}(k), a_{i2}(k), \dots, a_{iq_i}(k)\}, \\ a_{ij}(k) &= a_i(k), j = 1, 2, \dots, q_i. \end{aligned} (5)$$

克隆变异 T_m^C 依据变异概率 p_m^i 对克隆后的群体进行变异操作, $A''(k) = T_m^C(A'(k))$.为了保留抗体原始种群的信息,变异算子并不作用到 $A \in A'$, 对于0-1编码有

$$p(a_{ij} \rightarrow a'_{ij}) = (p_m^i)^{H(a_y, a'_y)} (1 - p_m^i)^{l-H(a_y, a'_y)}. (6)$$

其中 $H(\cdot)$ 为海明距离.

克隆修正 T_A 对具体问题的编码要求以及问题的先验知识,对克隆变异后的抗体群 A'' 进行调整,即

$$A''' = T_A(A''). (7)$$

具体地,针对背包问题,对于不满足约束条件的克隆抗体,从其中选择一项移走,直到满足条件.选择的方法可以是随机的,也可以是贪婪的.其中,贪婪选择首先移走利益和价值比小的项^[8].

克隆选择 $T_s^C \quad \forall i = 1, 2, \dots, n$,若存在变异后抗体 $b_i, f(b_i) = \max\{f(a_{ij}) \mid j = 2, 3, \dots, q_i\}$,使得

$$f(a_i) < f(b_i), a_i \in A. (8)$$

则用 b_i 取代原抗体 a_i ,从而更新抗体群,实现信息交换.

可以看出,抗体修正克隆算子的实质是在一代进化中,在侯选解的附近,根据亲合度的大小,产生一个变异解的群体,并且将抗体群落约束在可行解的范围内,从而扩大了搜索范围,增加了种群的多样性;进一步可以认为,抗体修正克隆算子是将一个低维空间(n 维)的问题转化到更高维(N 维)的空间中解决,然后将结果投影到低维空间(n 维)中,从而

更有效地解决问题.

2.2 人工免疫抗体修正克隆算法 (Artificial immune antibody adjusting clonal algorithm)

记 $\varphi: \mathbb{R}^m \rightarrow \mathbb{R}$ 为被优化的目标函数, 亲合度函数 f 一般是目标函数的函数, 其中 $I = \mathbb{R}^m$ 是个体空间, n 是种群规模, m 是优化变量的数目, 即 $\mathbf{a} = \{x_1, x_2, \dots, x_m\}$, 特别地, 当采用 0-1 编码时, m 为抗体编码长度. 基于抗体修正克隆算子的人工免疫抗体修正克隆算法 (Artificial Immune Antibody Adjusting Clonal Algorithm, AIAACA) 的算法流程如下:

$k = 0$

抗体群初始化:

$$\mathbf{A}(0) = \{\mathbf{a}_1(0), \mathbf{a}_2(0), \dots, \mathbf{a}_n(0)\} \in I^n$$

计算亲合度:

$$\mathbf{A}(0): \{f(\varphi(\mathbf{A}))\} =$$

$$\{f(\varphi(\mathbf{a}_1(0))), f(\varphi(\mathbf{a}_2(0))), \dots, f(\varphi(\mathbf{a}_n(0)))\}$$

while $\mathbf{A}(k)$ 中没有最优个体出现, do

克隆:

$$\mathbf{A}'(k) = T_c^C(\mathbf{A}(k)) =$$

$$[T_c^C(\mathbf{a}_1(k)), T_c^C(\mathbf{a}_2(k)), \dots, T_c^C(\mathbf{a}_n(k))]^T;$$

$$\text{克隆变异: } \mathbf{A}''(k+1) = T_m^C(\mathbf{A}'(k));$$

$$\text{克隆修正: } \mathbf{A}'''(k+1) = T_A(\mathbf{A}''(k));$$

$$\text{计算亲合度: } \mathbf{A}'''(k): \{f(\varphi(\mathbf{A}'''(k)))\};$$

$$\text{克隆选择: } \mathbf{A}(k+1) = T_s^C(\mathbf{A}'''(k));$$

$$k = k + 1;$$

end.

人工免疫抗体修正克隆算法强调变异操作的作用, 对保证种群多样性是有利的. 实际应用中一般采用限定迭代次数或在连续几次 (如 t 次) 迭代中种群的最好解都无法得到改善, 以及二者的混合形式作为终止条件.

2.3 算法的收敛性 (Convergence of the algorithm)

在编码方式确定后, AIAACA 中抗体群是从一个状态 $\mathbf{A}(k) = \{\mathbf{a}_1(k), \mathbf{a}_2(k), \dots, \mathbf{a}_n(k)\}$ 到另一个状态 $\mathbf{A}(k+1) = \{\mathbf{a}_1(k+1), \mathbf{a}_2(k+1), \dots, \mathbf{a}_n(k+1)\}$ 的有记忆随机游动, 即

$$\mathbf{A}(k+1) = T(\mathbf{A}(k)) = T_s^C \circ T_A \circ T_m^C \circ T_c^C(\mathbf{A}(k)). \quad (9)$$

因此, 有如下定理成立.

定理 1 AIAACA 的种群序列 $\{\mathbf{A}(k), k \geq 0\}$ 是有限齐次马尔可夫链.

证 与进化算法一样, AIAACA 的状态变化都

是在有限空间中进行, 只是种群中矢量的分量是位 $\{0, 1\}$ 或离散实数, 因此, 种群是有限的.

由抗体修正克隆算子的性质可知, 式 (9) 中 T_s^C , T_A , T_m^C , T_c^C 均与 k 无关, 因此 $\mathbf{A}(k+1)$ 仅与 $\mathbf{A}(k)$ 有关, 即 $\{\mathbf{A}(k), k \geq 1\}$ 是有限齐次马尔可夫链.

证毕.

在上述算法中初始种群的规模为 n , 中间群体的规模为 $N = \sum_{i=1}^n q_i$, 初始种群中的全部近似解看成是状态空间 $S_1 := S^n$ 中的一个点, 而将中间群体的全部近似解看成是状态空间 $S_2 := S^N$ 中的一个点. 由抗体修正克隆算子的性质可知, S_2 中的一个点对应 S_1 中 $\prod_{i=1}^n q_i$ 个点, 而且涉及到状态空间变换的操作 T_c^C 和 T_s^C 都是非随机的, 当没有必要区分时, 将 S_2 和 S_1 统一表示为状态空间 S . 设 f^* 是 S 中优化问题的最优解, 令

$$\mathbf{A}^* = \{\mathbf{A} \mid \max(f(\mathbf{A})) = f^*, \forall \mathbf{A} \in S\}. \quad (10)$$

定义 1 如果对于任意的初始分布 $S_0 \in S$ 均有

$$\lim_{k \rightarrow \infty} P\{\mathbf{A}(k) \in \mathbf{A}^* \mid \mathbf{A}(0) = \mathbf{A}_0\} = 1, \quad (11)$$

则称算法收敛.

该定义表明, 算法收敛是指当算法迭代到足够的次数后, 群体中包含全局最佳个体的概率接近于 1. 这种定义即为通常所说概率 1 收敛的.

定理 2 AIAACA 是概率 1 收敛的.

证 设 $\mathbf{A}_i = \{\mathbf{a}_1^i, \mathbf{a}_2^i, \dots, \mathbf{a}_n^i\} \in S$, 记 $f(\mathbf{A}_i) = (f(\mathbf{a}_1^i), f(\mathbf{a}_2^i), \dots, f(\mathbf{a}_n^i))$, 若对于 $\mathbf{A}_j = \{\mathbf{a}_1^j, \mathbf{a}_2^j, \dots, \mathbf{a}_n^j\} \in S$ 有 $f(\mathbf{a}_k^i) \geq f(\mathbf{a}_k^j), k = 1, 2, \dots, n$, 则记为 $\mathbf{A}_i \geq \mathbf{A}_j$. 此外, 记 $I = \{\mathbf{A}_i \mid \mathbf{A}_i \geq \mathbf{A}_j, \forall \mathbf{A}_j \in S\}$, 显然, 若 $\mathbf{A}_i \in I$, 则有

$$f(\mathbf{a}_1^i) = f(\mathbf{a}_2^i) = \dots = f(\mathbf{a}_n^i) = f^* \text{ 且 } I \subset \mathbf{A}^*. \quad (12)$$

对于状态 $\mathbf{A}_i, \mathbf{A}_j \in S$ 转移概率:

$$P_{\mathbf{A}_i, \mathbf{A}_j} = p\{\mathbf{A}_j \mid \mathbf{A}_i\} = \prod_{k=1}^n \left(\sum_{t=1}^{q_k} (\sigma_k \times p\{\mathbf{a}_k^j \mid \mathbf{a}_k^i\} \times p_m^t) \right). \quad (13)$$

依据抗体修正克隆算子的性质, 有

$$\sigma_k = \begin{cases} 1, & f(\mathbf{a}_k^j) \geq f(\mathbf{a}_k^i), \\ 0, & f(\mathbf{a}_k^j) < f(\mathbf{a}_k^i). \end{cases} \quad (14)$$

$p\{a_k^i|a_k^i\}$ 与变异概率有关,代表 a_k^i 转变为 a_k^i 的概率.特别地,对于二进制编码,这一概率如式(6)所示. p_m' 是针对克隆变异后个体的调整概率,所以

1) 若 $A_i, A_j \in I$, 有 $p_{A_i, A_j}(k) > 0, p_{A_i, A_j}(k) > 0$, 即 $A_i \leftrightarrow A_j$;

2) 若 $A_i \in I$ 且 $A_j \notin I$, 则 $p_{A_i, A_j}(k) = 0$, 即 $A_i \nrightarrow A_j$;

因此除整个状态空间 S^n 外,还有闭集 I . 抗体种群序列 $\{A(k), k \geq 0\}$ 是有限齐次可约马尔可夫链,且 $\{A(k), k \geq 0\}$ 是强遍历的;对于任意初始状态 A_0 , 有

$$\lim_{k \rightarrow \infty} p\{A(k) = A_j | A(0) = A_0\} = \pi_\infty(Y), \quad (15)$$

且 $\sum_{A_j \in I} \pi_\infty(A_j) = 1$. 于是

$$\lim_{k \rightarrow \infty} p\{A(k) \in I | A(0) = A_0\} = \sum_{A(k) \in I} \pi_\infty(A(k)) = 1. \quad (16)$$

又因为 $I \in A^*$, 所以

$$\lim_{k \rightarrow \infty} P\{A(k) \in A^* | A(0) = A_0\} = 1. \quad (17)$$

证毕.

3 仿真实验(Simulation experiment)

0-1 背包问题(0-1 knapsack problem)给出是一套实体及它们的价值和尺寸,选择一个或多个互不相干的子集,使每个子集的尺寸不超过给定边界,而被选择的价值总和最大.具体地,给定 m 种资源(如空间、容积、载量等),各种资源的最大提供数量是 $c_i, i = 1, 2, \dots, m$, 现将 n 种物资装入背包,第 j 项物资占用第 i 种资源的数量是 $a_{ij}, j = 1, 2, \dots, n$, 受益量(profits)是 p_j . 求一个二进制的向量 $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$, 使总受益最大.本质上,这是一个整数规划:

$$\begin{cases} \max f(X) = \sum_{j=1}^n x_j \times p_j, \\ \text{s.t. } \sum_{j=1}^n x_j \times a_{ij} \leq c_i, \quad i = 1, 2, \dots, m, \\ x_j \in \{0, 1\}, \quad j = 1, 2, \dots, n. \end{cases} \quad (18)$$

当 $m \geq 2$ 时,称为多维 0-1 背包问题.采用文献[9]提供的标准测试数据,对 AIAACA 和 Ar^[8] 算法进行了对比实验.实验中,Ar 的种群规模为 500, 变异概率 0.01, 交叉概率 0.5, 采用轮赌选择,贪婪修正;AIAACA 的抗体群规模为 50, 变异概率 0.01, 为了比较,克隆规模 N 为种群规模的 10 倍,克隆修正采用贪婪修正;最大进化代数均取为 2000. 表 1 是

10 次独立试验的统计结果.由于 Ar 算法多次无法达到已知最优值,因此有些统计数据无法获得,表中以“/”表示.另外,表中括号中给出的是已知标准最优值.

表 1 试验结果

Table 1 Experiments results

测试问题	项目	方 法	
		AIAACA	Ar
Weing6 (130623)	T	10	10
	V_{ave}	130623	130623
	t_{av}	0.0426	0.1445
	$m = 2$		
	T_{min}	13	28
	$n = 28$		
Weing8 (624319)	T_{max}	42	240
	T_{ave}	19.9000	78
	T	10	0
	V_{ave}	624319	608360
	t_{av}	0.2201	0.2155
	$m = 2$		
Weish08 (5605)	T_{min}	37	/
	T_{max}	98	/
	T_{ave}	65.6	/
	T	10	1
	V_{ave}	5605	5580.4
	t_{av}	0.0632	0.1877
Weish30 (11191)	$m = 5$		
	T_{min}	17	137
	T_{max}	25	/
	T_{ave}	22	/
	T	10	0
	V_{ave}	11191	10288
Weish30 (11191)	t_{av}	0.1643	0.1877
	$m = 5$		
	T_{min}	38	/
	T_{max}	72	/
	T_{ave}	58.7000	/
	T	10	0

表中, T 表示获得最优解的次数; V_{ave} 表示平均最优值; t_{av} 表示一代运行时间; $T_{min}, T_{max}, T_{ave}$ 分别表示获得最优解的最少进化代数、最大进化代数和平均进化代数. 试验表明, AIAACA 解决 0-1 背包问题是有效的, 与相应的进化算法相比, 种群规模较小, 每代计算量和运行时间与相应的进化算法相当; 进一步的试验也表明, 不论是针对经典, 还是多维 0-1 背包问题, AIAACA 寻优的效果明显优于相应的进化算法, 在 Ar 等算法无法获得问题最优解时, 仍然可以获得令人满意的解, 而且收敛速度快. 实验中还发现, 如果减少抗体群规模, 可以大大减少算法一代运行时间, 而收敛速度有所下降, 例如, 对 Weish30, 当抗体群规模为 10, 并保持其它参数不变时, 一代运行时间约 0.01 s, 而获得最优解的平均进化代数约为 1000.

上述针对 0-1 背包问题的试验均采用 Matlab 语言在 PIII 800, 256MRAM 的 PC 机上完成。

4 结论(Conclusions)

文中提出了抗体修正克隆算子和相应的人工免疫抗体修正克隆算法。抗体修正克隆算子的实质是在一代进化中,在候选解的附近,根据亲合度的大小,产生一个变异解的群体,增加了种群的多样性,从而扩大了搜索范围;通过克隆修正,将抗体群落约束在可行解的范围内,并强调问题先验知识的重要作用;进一步地,人工免疫抗体修正克隆算法借助抗体修正克隆算子,在实现常规进化算法全局进化搜索的同时,也实现了有先验知识指导的局部搜索。理论分析和针对 0-1 背包问题的试验表明:

1) 抗体修正克隆算子增加了种群的多样性,扩大了搜索范围,并且利用问题先验知识,将抗体群落约束在可行解的范围内;

2) 人工免疫抗体修正克隆算法可以用马尔科夫链描述,且算法是收敛的;

3) 人工免疫抗体修正克隆算法可以有效地解决 0-1 背包问题。

参考文献(References):

- [1] DASGUPTA D, FORREST S. Artificial immune systems in industrial applications [C]//MEECH J A, VEIGA M M, SMITH M H, et al. *Proc of the Second Int Conf on Intelligent Processing and Manufacturing of Materials (IPMM'99)*. Honolulu: IEEE Press, 1999: 257 - 267.
- [2] GASPER A, COLLARD P. From GAs to artificial immune systems: improving adaptation in time dependent optimization [C]//Zbyszek Michalewicz. *Proc of the Congress on Evolutionary Computation (CEC '99)*. Piscataway: IEEE Press, 1999: 1859 - 1866.
- [3] De CASTRO L N, Von ZUBEN F J. The clonal selection algorithm with engineering applications [C]//WHITLEY D, GOLDBERG D, CANTU-PAZ E, et al. *Proc. of Genetic and Evolutionary Computation Conference 2000 (GECCO'00), Workshop on Artificial Immune Systems and Their Applications*. San Francisco: Morgan Kaufmann, 2000: 36 - 37.
- [4] KIM J, BENTLEY P J. Towards an artificial immune system for network intrusion detection: an investigation of clonal selection with a negative selection operator [C]//IEEE Neural Networks Council. *Proc of the 2001 Congress on Evolutionary Computation*. Seoul: IEEE Press, 2001: 1244 - 1252.
- [5] MARTELLO S, PISINGER D, TOTH P. New trends in exact algorithms for the 0-1 knapsack problem [J]. *European Journal of Operational Research*, 2000, 123(2): 325 - 332.
- [6] 玄光男, 程润伟. 遗传算法与工程优化[M]. 北京: 清华大学出版社, 2004: 55 - 63.
(GEN Mitsuo, CHENG Runwei. *Genetic Algorithms and Engineering Optimization* [M]. Beijing: Tsinghua University Press, 2004: 55 - 63.)
- [7] 周光炎. 免疫学原理[M]. 上海: 上海科学技术文献出版社, 2001: 16 - 19.
(ZHOU Guangyan. *Principles of Immunology* [M]. Shanghai: Shanghai Technology Literature Press, 2004: 55 - 63.)
- [8] 米凯利维茨 Z. 演化程序—遗传算法和数据编码的结合[M]. 北京: 科学出版社, 2000: 59 - 65.
(MICHALEWICZ Z. *Genetic Algorithm + Data Structure = Evolution Programs* [M]. Beijing: Science Press, 2000: 59 - 65.)
- [9] GEORG S. *Mp-testdata* [EB/OL]. Berlin: Zuse Institute Berlin, 2003 [2004]. <http://elib.zib.de/pub/Packages/mp-testdata/ip/sac94-suite/index.html>.

作者简介:

杜海峰 (1972—), 男, 现为西安电子科技大学博士后, 副教授, 主要从事进化计算、人工免疫系统与智能信息处理方面的研究, E-mail: haifengdu@163.com;

刘若辰 (1974—), 女, 西安电子科技大学在读博士研究生, 西北大学数学系讲师, 主要研究领域为进化计算、人工神经网络等;

焦李成 (1959—), 男, 西安电子科技大学工程学院院长, 教授, 博士生导师, IEEE 高级会员, 现主要从事智能信息处理方面的研究;

王孙安 (1957—), 男, 西安交通大学工程训练中心主任, 教授, 博士生导师, 现主要从事智能控制与智能信息处理方面的研究。