

自适应小生态遗传算法的理论分析和加速技术

郭观七^{1), 2)} 喻寿益¹⁾ 贺素良¹⁾

¹⁾(中南大学信息科学与工程学院 长沙 410083)

²⁾(湖南理工学院机电系 岳阳 414000)

摘 要 提出了联赛选择和相似个体概率替换的自适应小生态遗传算法,建立了小生态生长的动力学模型.平衡态理论分析和仿真实验表明,概率联赛小生态技术选择能够形成和维持稳定的子种群.提出了种群聚类分割和单纯形搜索的并行局部搜索算子,定性地分析了其搜索性能.对复杂多峰问题的优化结果表明,结合概率联赛选择和并行局部搜索算子的小生态遗传算法不但能够快速可靠地收敛到全局最优解,且能并行地搜索到多个局部最优解,其收敛速度和全局收敛可靠性均显著地优于简单遗传算法和其它小生态方法.

关键词 遗传算法;自适应小生态;平衡态分析;加速方法

中图法分类号 TP301

Theoretic Analysis and Accelerating of a Class of Self-Adaptive Niching Genetic Algorithms

GUO Guan-Qi^{1), 2)} YU Shou-Yi¹⁾ HE Su-Liang¹⁾

¹⁾(College of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha 410083)

²⁾(Department of Electromechanical Engineering, Hunan Institute of Science and Technology, Yueyang 414000)

Abstract This paper proposes a kind of self-adaptive niching genetic algorithm (NGA) using probabilistic tournament selection. NGA likely accepts the winner of a parent and an offspring with similarity as a member of the next population. The dynamic equation of the niche proportion is formulated by expectation proportion analysis. The analytical solution in equilibrium for two niche problem proves that NGA is capable of forming and maintaining stable subpopulations, which is verified by experiments. This paper also proposes a parallel local search operator (PLS) that implements clustering partition of the population and simplex local search. PLS divides the population into a group of disjoint subpopulations, each of which consists of several individuals with neighboring space locations. It performs independent local search within each subpopulation by simplex method. The reliable global exploration of NGA and fast local convergence of PLS within niches not only locate various local optima concurrently, but also increase the convergence speed remarkably. The experimental results optimizing various classes of test functions show that, NGA + PLS is a much more competent optimization method than canonical genetic algorithms and other niche methods.

Keywords genetic algorithms; self-adaptive niching; equilibrium analysis; accelerating method

1 引 言

遗传算法是模拟生物进化的搜索算法,但由于

全局选择压和采样错误的遗传漂移效果,遗传算法驱使人工种群均匀地收敛于单个或少数几个具有较高适应值的解,导致早熟收敛现象或丢失可选的优良解.生物进化过程通过资源的竞争和共享,自然地

收稿日期:2002-08-19;修改稿收到日期:2003-01-17. 本课题得到国家自然科学基金(59835170,50275170)资助.郭观七,男,1963年生,博士研究生,副教授,主要研究方向为进化计算、人工智能. E-mail: guanqi-guo@hotmail.com.喻寿益,男,1940年生,教授,博士生导师,主要研究方向为自适应控制、进化计算.贺素良,女,1961年生,博士研究生,副教授,主要研究方向为进化算法、人工智能.

维持丰富的物种多样性,不同物种形成不同的小生态.在遗传算法中引入小生态技术可形成和维持稳定的子种群,增加物种多样性,使种群收敛于多个不同的具有高适应值的优良解.排挤^[1,2]小生态技术提供了维持种群中个体多样性的有效技术,但缺乏物种恢复压和维持多个稳定小生态的理论支持;共享^[3~5]和协同进化^[6,7]技术在遗传算法中引入了明晰的物种恢复压,能有效地形成并维持稳定的子种群,但需要所求解问题的先验知识(峰值的数量和分布),因此,实现时需要解决小生态半径^[8,9]或子种群数量等参数问题.

本文提出相似个体概率替换的联赛选择小生态技术,应用期望比例分析建立小生态生长的动态方程,解析地证明该技术能有效地维持稳定子种群,实现多物种平衡态.为了提高概率联赛小生态遗传算法的收敛速度,引入基于种群聚类分割和单纯形搜索的并行局部搜索算子.仿真优化结果表明,小生态技术和并行局部搜索算子的结合不但能够并行地找到复杂优化问题的多个最优解(全局的或局部的),且全局收敛速度显著地高于标准遗传算法.

2 概率联赛小生态技术

概率联赛小生态遗传算法(Niching Genetic Algorithm, NGA)将规模为 N 的种群 P 随机地配成 $N/2$ 对父代个体(不放回采样),父代个体 (P_i, P_j) 经过交叉和变异作后生成子代个体 (D_i, D_j) ,每个子代个体以与其适应值成正比的概率替换父代个体中的相似个体,个体间的相似性由欧氏距离测度.其算法的伪代码如下:

NGA 算法.

随机地生成规模为 N 的初始种群 P ;

while(不满足停止准则)

$A = \{1, 2, \dots, N\}$; $B = \emptyset$;

for($k = 1$; $k \leq N/2$; $k = k + 1$)

$i = A - B$ 上的随机数; $B = B \cup \{i\}$;

$j = A - B$ 上的随机数; $B = B \cup \{j\}$;

$(D_i, D_j) = \text{变异}(\text{交叉}(P_i, P_j))$;

if ($(\text{距离}(P_i, D_i) + \text{距离}(P_j, D_j))$
 $\leq (\text{距离}(P_i, D_j) + \text{距离}(P_j, D_i))$)

if ($X_{\text{new}} \leq f(D_i) / (f(D_i) + f(P_i))$) D_i 替换 P_i ;

if ($X_{\text{new}} \leq f(D_j) / (f(D_j) + f(P_j))$) D_j 替换 P_j ;

else

if ($X_{\text{new}} \leq f(D_j) / (f(D_j) + f(P_i))$) D_i 替换 P_i ;

if ($X_{\text{new}} \leq f(D_i) / (f(D_i) + f(P_j))$) D_j 替换 P_j ;

endif

endfor

endwhile

其中, \emptyset 表示空集, $f > 0$ 表示目标问题的适应值函数, X_{new} 表示 $0 \sim 1$ 区间上均匀分布的随机变量,每次引用都采样一个新的随机数.

NGA 的联赛选择和相似个体概率替换机制隐含地降低全局选择压,实现了物种维持压.与共享技术需要 $O(N^2)$ 的距离测度和 $O(N)$ 的适应值变换计算比较,NGA 仅需要 $O(N)$ 的距离测度开销. NGA 结构简单,无需目标问题的先验知识和任何附加的控制参数,是一种低计算成本的自适应小生态方法.

3 小生态模型与分析

设目标问题定义域的体积为 M , 该问题有 n 个局部最优解,将某局部最优解的吸引域记为 V_i ($i = 1, 2, \dots, n$),其体积的大小也用 V_i 表示.在下列分析过程中,一个小生态(物种)定义为一组个体,该组中的所有个体对应于同一吸引域中的点,因此,与 V_i 对应的小生态记为 N_i ,并且用 $N_i(t)$ 表示 t 时刻第 i 个小生态中的个体在种群中出现的概率或频率.为简单起见,令 N_i 中所有个体的适应值均等于 V_i 上的平均适应值,记为 f_i .

在交叉算子和变异算子的作用下,个体会在同一个小生态内部转移或不同小生态之间迁移,其概率统一记为 p_{ij} ($i = 1, 2, \dots, n, j = 1, 2, \dots, n$),并假定这些概率值不随时间变化.当采用长度为 l 位的二进制编码时,任意个体 $I | I \in N_i$ 在变异算子的作用下变为 $J | J \in N_j$ 的概率

$$p_{IJ} = p_m^{H(I,J)} \cdot (1 - p_m)^{l-H(I,J)} > 0 \quad (1)$$

式中, $p_m > 0$ 表示二进制位变异概率, $H(I, J)$ 表示 I 与 J 之间的海明距离,因此,对于全体 i, j 必有

$$p_{ij} \geq p_{ji} > 0, \quad \sum_{j=1}^n p_{ij} = 1 \quad (2)$$

N_i 和 N_j 中的个体联赛选择时, N_i 或 N_j 赢得联赛的概率记为 $q_i(i, j)$ 或 $q_j(i, j)$,二者分别按下式计算:

$$q_i(i, j) = \frac{f_i}{f_i + f_j}, \quad q_j(i, j) = \frac{f_j}{f_i + f_j} \quad (3)$$

为简单起见,假定父代个体采用放回的随机配对策略,因此,同一个小生态内部或不同小生态之间的个体配对的概率分别为 $N_i(t) \cdot N_i(t)$ 或 $N_i(t) \cdot N_j(t)$.基于上述符号定义和假定,可列出小生态生长方程如下:

$$\begin{aligned}
 N_i(t+1) &= p_n N_i^2(t) + \sum_{j \neq i} p_{ij} q_i(i, j) N_i^2(t) + \\
 &\sum_{j \neq i} p_n N_i(t) N_j(t) + \sum_{j \neq i} p_{ij} q_i(i, j) N_i(t) N_j(t) + \\
 &\sum_{j \neq i} p_{nj} q_i(i, j) N_i(t) N_j(t) + \\
 &\sum_{j \neq i} p_{nj} q_i(i, j) N_j^2(t), \quad i = 1, 2, \dots, n \\
 \sum_{i=1}^n N_i(t+1) &= 1.
 \end{aligned} \quad (4)$$

式(4)为复杂非线性差分方程组,不可能求出解析解.对全体 i, j , 当已知 p_{ij} 和 $N_i(0)$ 时,用计算机可求出 $N_i(t)$ 在各时刻的数值解.

对于有两个局部最优解的优化问题,方程(4)可展开成

$$\begin{cases}
 N_1(t+1) = (p_{11} + p_{12} q_1(1, 2)) N_1^2(t) + \\
 \quad (p_{11} + p_{12} q_1(1, 2) + p_{21} q_1(1, 2)) N_1(t) N_2(t) + \\
 \quad p_{21} q_1(1, 2) N_2^2(t) \\
 N_2(t+1) = (p_{22} + p_{21} q_2(1, 2)) N_2^2(t) + \\
 \quad (p_{22} + p_{21} q_2(1, 2) + p_{12} q_2(1, 2)) N_1(t) N_2(t) + \\
 \quad p_{12} q_2(1, 2) N_1^2(t) \\
 N_1(t+1) + N_2(t+1) = 1
 \end{cases} \quad (5)$$

在小生态平衡态下,方程组(5)必满足

$$\begin{cases}
 N_1(t) = (p_{11} + p_{12} q_1(1, 2)) N_1^2(t) + \\
 \quad (p_{11} + p_{12} q_1(1, 2) + p_{21} q_1(1, 2)) N_1(t) N_2(t) + \\
 \quad p_{21} q_1(1, 2) N_2^2(t) \\
 N_2(t) = (p_{22} + p_{21} q_2(1, 2)) N_2^2(t) + \\
 \quad (p_{22} + p_{21} q_2(1, 2) + p_{12} q_2(1, 2)) N_1(t) N_2(t) + \\
 \quad p_{12} q_2(1, 2) N_1^2(t) \\
 N_1(t) + N_2(t) = 1
 \end{cases} \quad (6)$$

解方程组(6),可得

$$\begin{cases}
 N_1(t) = \frac{p_{21} q_1(1, 2)}{p_{21} q_1(1, 2) + (1 - q_1(1, 2)) p_{12}} \\
 N_2(t) = \frac{p_{12} q_2(1, 2)}{p_{12} q_2(1, 2) + (1 - q_2(1, 2)) p_{21}}
 \end{cases} \quad (7)$$

因为 $0 < p_{12}, p_{21} < 1, 0 < q_1(1, 2), q_2(1, 2) < 1$, 式(7)中的分子和分母均为正值,且分母的值大于分子的值,故必有 $0 < N_1(t), N_2(t) < 1$, 且满足 $N_1(t) + N_2(t) = 1$. 因此,证明了 NGA 在平衡态下能可靠地维持稳定的小生态.

对于小生态适应值已知的问题,为了计算平衡态下 $N_i(t)$ 的值和方程(4)的数值解,需要知道全体 p_{ij} 的值.由于变异算子和交叉算子的统计复杂性,

不可能精确地提供 p_{ij} 的值.从直观的定性分析可以看出,对应于较大吸引域的小生态具有较大的内部转移概率和迁入概率,因此,对全体 i, j 可粗略地取

$$p_{ij} = p_n = \frac{V_j}{M} \quad (8)$$

式(8)表明,从源小生态到目标小生态的迁移概率等于目标小生态的内部转移概率,该概率值正比于目标小生态的吸引域大小.

应用 NGA 对一维双峰函数 $f_1(x)$ 和 $f_2(x)$ 进行优化实验.目标变量均采用 10 位二进制编码,变异概率取 1/10,种群规模取 100. NGA 各运行 100 次,每次运行记录各时刻 $N_1(t)$ 和 $N_2(t)$ 的值,实验的结果用 100 次运行的平均值表示,见图 1,图 2.

当初种群服从均匀分布时,对于 $f_1(x)$: $q_1(1, 2) = 0.1, q_2(1, 2) = 0.9, p_{11} = p_{21} = 0.5, p_{22} = p_{12} = 0.5, N_1(0) = N_2(0) = 0.5$; 对于 $f_2(x)$: $q_1(1, 2) = 0.1, q_2(1, 2) = 0.9, p_{11} = p_{21} = 0.8, p_{22} = p_{12} = 0.2, N_1(0) = 0.8, N_2(0) = 0.2$. 将这些参数值代入到方程(5)中,并应用计算机求数值解,将所求得的 $N_2(t)$ 动态值分别用图 3 中的虚线表示.图 3 中的实线表示实测的 $N_2(t)$ 的平均值.大约经过 100 ($f_1(x)$) 和 50 ($f_2(x)$) 代后,NGA 进入了小生态平衡态.进入平衡态后,实测的 $N_2(t)$ 与方程(5)的数值解基本吻合,因此,验证了平衡态理论分析的正确性.进入平

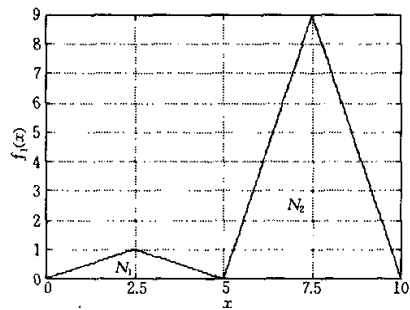


图 1 $f_1(x)$

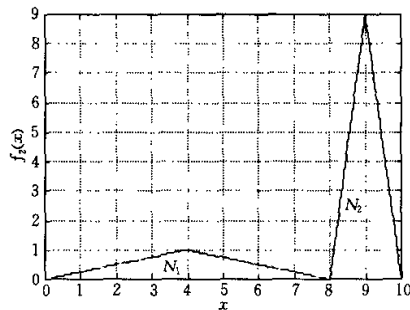


图 2 $f_2(x)$

衡态前的差异主要是由于方程(5)中应用了不变的迁移概率。严格地讲,迁移概率是随时间变化的参数,但采用变化的迁移概率会显著地增加问题的分析难度,而应用不变的迁移概率会大大降低问题的分析难度,且不影响小生态平衡态理论分析的正确性。

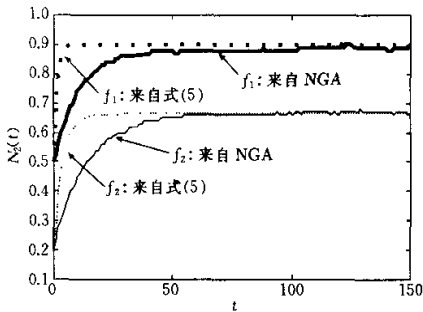


图3 $N_2(t)$ 的数值解与 NGA 的实测值

4 并行局部搜索算子

NGA 的全局选择压低,收敛速度慢。为了克服这一缺陷,对于函数优化问题,引入基于种群聚类分割和单纯形搜索的并行局部搜索算子(Parallel Local Search, PLS)。设 n 维最优化问题的定义域为 $[u, v] = \prod_{i=1}^n [u_i, v_i]$, 种群 P 的规模为 N , P' 表示临时种群, S 和 S' 分别表示初始单纯形和新单纯形中点的集合, \emptyset 表示空集, O 表示定义域中的参考点。将 P 中的 N 个点按照相似个体聚类的规则分解成若干个由 m 个点构成的子空间后,应用单纯形法在每个子空间中进行局部搜索。PLS 的算法描述如下:

PLS 算法.

$O = (u_1, u_2, \dots, u_n); k = 0; P' = \emptyset;$

while($k < \lfloor N/m \rfloor$)

 确定离参考点 O 最近的一点 P_i ;

$S = \{P_i\} \cup \{P \text{ 中离 } P_i \text{ 最近的 } m-1 \text{ 个点}\};$

$S' = \text{扩展或压缩(反射}(S));$

$P' = P' \cup S'; P = P - S; k = k + 1;$

endwhile

$P = P \cup P';$

其中, $\lfloor x \rfloor$ 表示小于等于 x 的最大整数。由于反射和扩展操作所生成的新点可能超出目标变量的定义域,当反射点和扩展点的某分量低于(高于)定义域的下界(上界)时,PLS 算子将该分量的值置为该维定义域的下界(上界)值。鉴于单纯形法的缩边操作会导致大量的点向局部最优解集结,PLS 算子不使用缩边操作,以改善种群多样性。

对多峰优化问题,从种群中随机选择的若干个体覆盖定义域的较大区域,它们以较大概率位于多个小生态中,由这些离散分布的点构造初始单纯形并进行局部搜索,其搜索效率值得怀疑。PLS 算子按照空间位置邻近的规则将种群分割成多个互不相交的子群,使每个子群中的个体以较大概率位于同一小生态中,从而赋予 PLS 算子对搜索空间结构知识自学习的能力。虽然反射、扩展和压缩操作不计算梯度,但启发式地利用了适应值曲面的拓扑信息,是一种启发式最速下降搜索方法。PLS 算子在多个小生态中并行地局部搜索,提高了向多个局部最优解并行地收敛的速度,间接地提高了全局收敛的可靠性。

对 n 维优化问题,经典单纯形搜索法选择 $n+1$ 个初始点作为搜索的起点缺乏严格的理论基础,Smith^[10]证明了当单纯形的规模大于 1 时均可获得稳定的搜索性能,预期较小的子种群规模有利于改善搜索性能。参数化实验结果表明, $m=3$ 可使复杂多峰问题的优化获得鲁棒的收敛速度和全局收敛可靠性。这一实验结果可得到合理的解释,因为较小的 m 值使子群中的 m 个点仅覆盖搜索空间的较小区域,并使该区域以较大概率位于搜索曲面上某个极值的邻域中,使反射和扩展操作不会生成远离该邻域的点,从而提高局部收敛速度和解的精度;较小的 m 值可使种群分解成更多的局部区域,从而增加对多个局部最优解的并行搜索能力,实现快速、可靠的全局搜索。

5 仿真优化实验

为了评估引入 PLS 算子后 NGA 的全局优化性能,选择下列常用的代表性测试函数:

$$f_3(x) = \prod_{i=1}^2 \sum_{j=1}^5 \{j \cos[(j+1)x_i + j]\},$$

$$-10 \leq x_1, x_2 \leq 10;$$

$$f_4(x) = 500$$

$$- [0.002 + \sum_{j=0}^{24} (1+j+(x_1-a(j))^6 + (x_2-b(j))^6)^{-1}]^{-1},$$

$$-65.536 \leq x_1, x_2 \leq 65.535,$$

$$a(j) = 16((j \bmod 5) - 2), b(j) = 16(\lfloor j/5 \rfloor - 2);$$

$$f_5(x) = \begin{cases} h - \frac{2hd^2}{r^2}, & d < \frac{r}{2} \\ \frac{2h(d-r)^2}{r^2}, & \frac{r}{2} \leq d < r \\ 0, & \text{其它} \end{cases}$$

$0 \leq x_1, x_2 \leq 1;$

$f_6(x) = - \sum_{i=1}^{10} x_i \sin(\sqrt{|x_i|}), -512 \leq x_i \leq 511;$

f_3 称为 Shubert 函数,有无穷多个局部极小值和 18 个全局最小点,全局最小值 $f_3(x^*) = -186.7309$.

f_4 称为 Shekel's Foxholes(或 DeJong's F5)函数,25 个极大值的范围从 476.191 到 499.002,其全局最大点的坐标值为 $(-32, -32)$,函数值为 499.002.

f_5 称为 Bell 函数,其中 r 表示铃铛状圆锥体底面的半径, h 表示高度, d 表示点到圆锥体底面中心的距离. 通过改变搜索空间中圆锥体的数量、中心位置、大小和高度,该函数可提供不同的优化复杂度. 在我们的优化实验中,30 个圆锥体底面中心随机地分布于定义域为 $x \in [0, 1]$ 的二维空间中,每个圆锥体底面半径和圆锥体高度分别为区间 $[0.02, 0.1]$ 和 $[0.1, 1]$ 上的随机数. 高度为 1 的最高圆锥体底面中心的坐标值为 $(0.76, 0.61)$,在该点 Bell 函数取全局最大值 1.

f_6 称为 Schwefel 函数,全局最小点为 $x^* = (420.9687, \dots, 420.9687)$, $f_3(x^*) = -4189.8289$. f_3 存在次最小点和多个局部极值点,它们均远离全局最小点,搜索过程易陷入局部极值.

对上述复杂多峰函数,分别应用标准遗传算法(SGA)和混合算法(HGA=NGA+PLS)进行优化. 实验算法采用的种群规模为 200,每一维目标变量采用 30 位二进制编码,变异概率取 $1/(30n)$. SGA 采用线性排序的选择策略,交叉概率为 1. 停止准则为种群中最佳个体的目标函数值满足: $f_3 < -1.867E+2$, $f_4 > 4.990E+2$, $f_5 > 9.999E-1$, $f_6 < -4.189E+3$.

对每个函数,SGA 和 HGA 各运行 100 次优化,算法的性能采用满足停止准则时所需要的函数评估次数的样本均值 Mean、标准差 Std、最小次数 Min、最大次数 Max 和所消耗的平均 CPU 时间 Time(s)表示,如表 1 所示. 表 1 中的数据一致地表明,HGA 的收敛速度显著地优于简单遗传算法,验证了 PLS 提高小生态遗传算法收敛速度的有效性.

表 1 测试函数优化的性能指标值

函数	算法	Mean	Std	Min	Max	Time
f_3	SGA	36042	20003	2200	189600	2.631
	HGA	6977	1576	639	9763	0.4
f_4	SGA	8344	5132	1400	26800	0.618
	HGA	2277	807	640	4195	0.133
f_5	SGA	81110	16624	6200	508800	6.069
	HGA	11350	7724	3075	49615	0.698
f_6	SGA	240188	11509	98400	508800	86.663
	HGA	31693	1610	26340	34824	30.019

为了验证 HGA 对多峰问题的并行局部搜索能力,从 f_3 和 f_4 优化的 100 次运行实验结果中随机地各抽取一个样本种群,种群中个体的分布分别如图 4 和图 5 所示. 图中的曲面表示目标函数曲面,星号表示种群中的个体. 所有个体几乎都集结于多个峰值附近,验证了 HGA 对复杂问题也能自适应地形成和维持多个平衡小生态,且 PLS 能在各小生态内部进行精确的并行局部搜索.

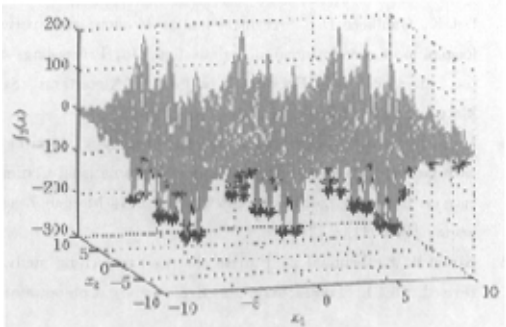


图 4 对 f_3 优化后的种群分布

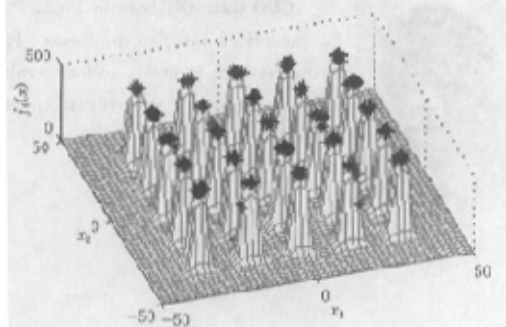


图 5 对 f_4 优化后的种群分布

6 结 论

NGA 能够自适应地形成和维持多个稳定的子种群,其实现无需附加的控制参数和目标问题的先验知识,效率高、计算成本低. NGA+PLS 能够快速精确地收敛到全局最优解,且能并行地搜索到多峰问题的多个局部极值,显著地改善了遗传算法的收敛速度和全局收敛可靠性. NGA+PLS 的并行局部搜索能力对于需要多个可选解的多目标优化问题具有重要的实用价值.

我们将进一步研究先验估计或自适应调整种群规模的方法,对不同表示方案的问题,研究搜索空间的局部性表示和适当的局部搜索策略,这方面的研

究成果将在另文中给出。

参 考 文 献

- 1 DeJong K A. Analysis of the behavior of a class of genetic adaptive systems[Ph D dissertation]. University of Michigan, Ann Arbor, MI, 1975
- 2 Mahfoud S W. Niche methods for genetic algorithms[Ph D dissertation]. University of Illinois, Urbana-Champaign, 1995
- 3 Deb K, Goldberg D E. An investigation of niche and species formation in genetic function optimization. In: Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms. San Mateo, CA; Morgan Kaufmann, 1989. 42~50
- 4 Horn J. Finite Markov chain analysis of genetic algorithms with niching. In: Proceedings of the 5th International Conference on Genetic Algorithms, San Mateo, CA; Morgan Kaufmann, 1993. 110~117
- 5 Sareni B, Krähenbühl L. Fitness sharing and niching method revised. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 1998, 2(3): 97~106
- 6 Spears W. Simple subpopulation schemes. In: Proceedings of the Evolutionary Programming Conference, Singapore; World Scientific, 1994. 296~307
- 7 Cao Xian-Bin *et al.* A co-evolution pattern based on ecological population competition model. Journal of Software, 2001, 12(4): 556~562 (in Chinese)
(曹先彬等. 基于生态种群竞争模型的协同进化. 软件学报, 2001, 12(4): 556~562)
- 8 Jelasity M, Dombi T. GAS, a concept on modeling species in genetic algorithms. Artificial Intelligence, 1998, 99: 1~19
- 9 Gan J, Warwick K. Dynamic niche clustering: A fuzzy variable radius niching technique for multimodal optimization in GAs. In: Proceedings of the 2001 IEEE International Conference on Evolutionary Computation, Piscataway, 2001. 215~222
- 10 Smith S. The simplex method and evolutionary algorithms. In Proceedings of the 1998 IEEE International Conference on Evolutionary Computation, Piscataway, 1998. 799~804



GUO Guan-Qi, born in 1963, Ph. D. candidate, associate professor. His major research interests include evolutionary computation and artificial intelligence.

YU Shou-Yi, born in 1940, professor, Ph. D. supervisor. His major research interests include self-adaptive control and evolutionary computation.

HE Su-Liang, born in 1961, Ph. D. candidate, associate professor. Her major research interests include evolutionary computation and artificial intelligence.