

自适应遗传算法交叉变异算子的改进

邝航宇¹ 金晶² 苏勇¹

¹(华南理工大学电子与通信工程系, 广州 510640)

²(华南理工大学应用物理系, 广州 510640)

E-mail: khymiller@21cn.com

摘要 标准遗传算法采用固定的交叉率和变异率, 对于求解一般的全局最优问题具有较好的鲁棒性, 而对于解决较复杂的优化问题则存在早熟及稳定性差的缺点。传统的自适应遗传算法虽能有效提高算法的收敛速度, 却难以提高优良解的多样性, 算法的鲁棒性仍有待改善。文章提出了一种改进的自适应遗传算法, 对交叉算子和变异算子进行了优化, 实现了交叉率和变异率的非线性自适应调整。实验结果表明, 相比传统的自适应遗传算法, 新算法具有更快的收敛速度和更可靠的稳定性。

关键词 遗传算法 交叉率 变异率 自适应

文章编号 1002-8331-(2006)12-0093-04 文献标识码 A 中图分类号 TP301.6

Improving Crossover and Mutation for Adaptive Genetic Algorithm

Kuang Hangyu¹ Jin Jing² Su Yong¹

¹(School of Electronic & Information Engineering, South China University of Technology, Guangzhou 510640)

²(Department of Applied Physics, College of Science, South China University of Technology, Guangzhou 510640)

Abstract: The Standard Genetic Algorithm(SGA) adopts constant crossover probability as well as invariable mutation probability. It has such disadvantages as premature convergence, low convergence speed and low robustness. Common adaptation of parameters and operators for SGA is hard to obtain high-quality solution, though it promotes the convergence speed. This paper presents a method for optimal design of an improved adaptive Genetic Algorithm making the crossover probability and mutation probability adjust adaptively and nonlinearly. The case study of designing and simulation shows our new method has faster convergence speed and higher robustness.

Keywords: Genetic Algorithm, crossover probability, mutation probability, adaptation

1 引言

遗传算法(Genetic Algorithm, 以下简称 GA)^[1]是一种模仿生物群体进化的随机搜索和优化算法, 它是由美国密歇根大学 J.H.Holland 教授等创立的。GA 的基本思想来自 Darwin 的进化论和 Mendel 的遗传学。算法拥有一群个体(individuals)组成的种群(population), 每一个体代表问题的一个潜在的解。每一个体在种群演化过程中都被评价优劣并得到其适应值(fitness), 个体在选择(selection)、交叉(crossover)以及变异(mutation)算子的作用下向更高的适应度进化以达到寻求问题最优解的目标^[2]。

种群中的个体即基因串中的相似样板被称为“模式”, 模式表示基因串中某些特征位相同的结构^[3]。由模式定理知, 具有低阶、短定义距及平均适应度高于种群平均适应度的模式在子代中呈指数增长^[4]。算法初期, 模式集中在适应度较低的个体上, 若采用较小的交叉率和变异率, 种群很难产生出优秀新个体。算法后期, 模式朝高适应度的个体集中, 倘若仍采用较大的交叉率和变异率, 容易破坏优良模式, 使算法陷入局部收敛。标准

遗传算法(Standard GA, 以下简称 SGA)的交叉率和变异率是固定的, 要为某个特定的优化问题设置好交叉率和变异率, 算法需经过反复地试验且难以丰富种群中优良解的多样性。因此, 自适应地调整交叉率和变异率成为遗传计算中的研究热点。

Srinvas 等提出了自适应遗传算法(Adaptive GA, 以下简称 AGA)^[5], 将算法中的交叉率和变异率进行线性自适应调整, 从而较好地提高了 GA 的收敛速度^[6-8]。然而, AGA 在演化初期存在停滞现象, 这不利于增强 GA 的鲁棒性和维持较佳的种群平均适应度。

本文提出了一种改进的自适应遗传算法(Improved Adaptive GA, 以下简称 IAGA), 对自适应交叉率及变异率调整曲线进行了非线性化, 将个体的适应度与当代种群的平均适应度进行比较, 结合最佳个体计算出该个体的交叉率及变异率, 在种群演化中有效地保留了优秀个体的模式, 增强了较差个体的变异能力, 使算法能跳出局部最优解, 克服早熟的缺点。相比其它自适应遗传改进算法^[9-10], 新算法实现方法简单。本文还对比了一种以余弦形式进行交叉率及变异率自适应调整的遗传算法(Cosine

作者简介: 邝航宇(1981-), 男, 硕士生, 主要研究方向为语音识别、遗传优化算法以及遗传优化算法在语音识别中的应用。金晶(1982-), 女, 硕士生, 主要研究方向为声音信号处理、掩蔽效应、遗传优化算法。苏勇(1980-), 男, 硕士生, 主要研究方向为通信与信息系统、遗传优化算法。

Adaptive GA, 以下简称CAGA)^[11], 实验表明, 新算法收敛速度更快, 稳定性更好且能保证种群中拥有更多的优秀解。

2 自适应遗传算法

2.1 线性自适应遗传算法

根据 Srinvas 等提出的 AGA, 交叉率和变异率随着个体的适应度在种群平均适应度和最大适应度之间进行线性调整。如公式(1)、(2)所示。

P_c = \begin{cases} \frac{k_1(f_{max}-f)}{f_{max}-f_{avg}} & f \geq f_{avg} \\ k_2 & f < f_{avg} \end{cases} \tag{1}

P_m = \begin{cases} \frac{k_3(f_{max}-f)}{f_{max}-f_{avg}} & f \geq f_{avg} \\ k_4 & f < f_{avg} \end{cases} \tag{2}

公式(1)、(2)中, f_max 表示种群的最大适应度, f_avg 表示种群的平均适应度, f 表示参与交叉的两个个体中较大的适应度, f 表示变异个体的适应度。

由公式(1)及公式(2)可知, 当适应度越接近最大适应度时, 交叉率和变异率越小; 当等于最大适应度时, 交叉率和变异率为零。这使得 AGA 在演化初期并不理想, 因为在进化初期的群体中, 较优个体几乎处于一种不发生变化的状态, 而此时的优良个体不一定是全局最优解, 这容易使演化走向局部收敛的可能性增加^[3]。为此, 文献[3]给出了 AGA 的改进算法(Linear Adaptive GA, 以下简称 LAGA), 使群体中最大适应度的个体的交叉率和变异率不为零, 调整公式如公式(3)及公式(4)所示:

P_c = \begin{cases} p_{cmin} - \frac{(p_{cmax}-p_{cmin})(f-f_{avg})}{f_{max}-f_{avg}} & f \geq f_{avg} \\ p_{cmax} & f < f_{avg} \end{cases} \tag{3}

P_m = \begin{cases} p_{mmin} - \frac{(p_{mmax}-p_{mmin})(f-f_{avg})}{f_{max}-f_{avg}} & f \geq f_{avg} \\ p_{mmax} & f < f_{avg} \end{cases} \tag{4}

公式(3)、(4)中, p_cmin 及 p_cmax 分别表示交叉率取值的下限和上限; p_mmin 及 p_mmax 分别表示变异率取值的下限和上限。LAGA 中, 个体的交叉率及变异率根据个体的适应度在平均适应度与最大适应度之间仍然进行线性变换。当种群中出现较多适应度接近平均适应度的个体时, 这些个体的模式相当, 且占据了种群的大部分。若平均适应度与当代种群中的最大适应度接近, LAGA 的自适应交叉、变异调整曲线会变得更陡峭, 这些个体的交叉率和变异率也因此产生较大差异, 导致大部分个体只能拥有较低的交叉率和变异率, 使演化停滞不前。

2.2 余弦改进型的自适应遗传算法

正如文献[11]所述, 交叉率和变异率对 GA 的性能有较大影响, 应防止因交叉率和变异率选择不当造成算法过早收敛或收敛速度慢的现象出现。交叉率和变异率的选取不能简单地随适应度 f 线性变化。文献[11]提出了余弦改进型的自适应遗传算法 CAGA, 构造的自适应遗传算子为:

P_c = \begin{cases} \frac{p_{cmax}+p_{cmin}}{2} + \frac{p_{cmax}-p_{cmin}}{2} \cos(\frac{f-f_{avg}}{f_{max}-f_{avg}}\pi) & f \geq f_{avg} \\ p_{cmax} & f < f_{avg} \end{cases} \tag{5}

P_m = \begin{cases} \frac{p_{mmax}+p_{mmin}}{2} + \frac{p_{mmax}-p_{mmin}}{2} \cos(\frac{f-f_{avg}}{f_{max}-f_{avg}}\pi) & f \geq f_{avg} \\ p_{mmax} & f < f_{avg} \end{cases} \tag{6}

如图 1 所示, CAGA 相对 LAGA 而言, 提升了适应度处于区间[f_avg, (f_avg+f_max)/2]的个体的交叉率和变异率, 由于适应度处于 f_avg 附近的个体拥有的模式并不理想, 因此这样改进之后能促进这些个体模式发生变化。CAGA 压低了适应度处于区间[(f_avg+f_max)/2, f_max]的个体的交叉率和变异率, 这有利于保留种群中的优良模式。

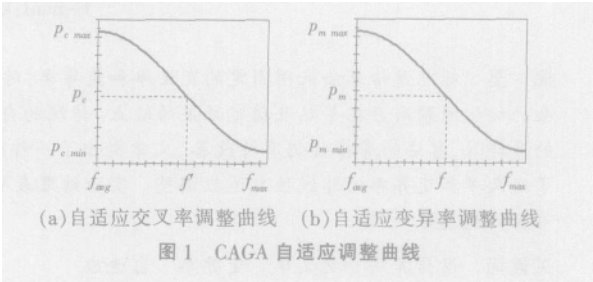


图 1 CAGA 自适应调整曲线

CAGA 中, p_cmin 和 p_cmax 之间的差值 |Δ_pc| 很小, 且 |Δ_pc| → 1, 同样, p_mmin 和 p_mmax 之间的差值 |Δ_pm| 亦很小, 且 |Δ_pm| → 1。然而, 种群在演化过程中的 f_avg 和 f_max 之间的差值 |Δ_f| 变化很大, 不同优化问题的 |Δ_f| 也有很大区别。当 |Δ_f| 很大时, CAGA 的自适应调整曲线就如图 2 所示。

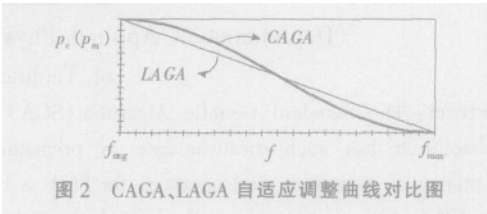


图 2 CAGA、LAGA 自适应调整曲线对比图

如图 2 所示, 当 |Δ_f| 很大时, CAGA 交叉率、变异率的自适应调整曲线与 LAGA 十分接近, 亦表明当种群中的 f_avg 和 f_max 相差交大时, CAGA 的自适应调整性能与 LAGA 相当。

2.3 本文提出的改进型自适应遗传算法

为避免算法在演化中出现停滞不前的现象以及克服 CAGA 在 f_avg 和 f_max 相差交大时算法的性能接近 LAGA, 首先, 应使交叉率和变异率的自适应调整曲线在 f_avg 处缓慢改变, 从而大面积地提高适应度接近平均适应度的个体的交叉率和变异率。其次, 确保自适应调整曲线当 f_avg 和 f_max 相差较大时不会趋于直线型。最后, 保证种群中较优个体仍具有一定的交叉率和变异率。同时, 为了能尽可能地保留较优个体的模式, 应更平滑 f_max 处的自适应调整曲线。

在神经网络中, 构造神经元激活函数最常用的是 sigmoid 函数, 如公式(7)所示。该函数在线性和非线性行为之间显现出较好的平衡^[12]。

\varphi(v) = \frac{1}{1+\exp(-av)} \tag{7}

如图 3 所示, sigmoid 函数拥有比余弦函数更平滑的顶部和底部。当 av → 9.903 438 时, φ(v) 接近 1; 当 av < -9.903 438 时, φ(v) 接近 0。利用 sigmoid 函数设计出的求解最大优化问题时的交叉率及变异率的自适应调整公式分别如公式(8)及公式(9)所示, 其中, A=9.903 438。图 4(a)是 IAGA 的自适应交叉率调整曲线, 图 4(b)是 IAGA 的自适应变异率调整曲线。

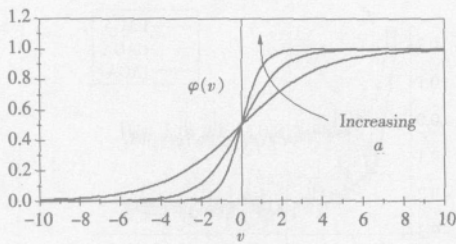
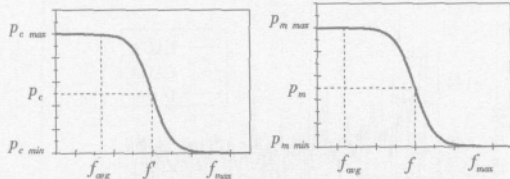


图3 sigmoid 函数



(a)交叉率自适应调整曲线 (b)变异率自适应调整曲线

图4 IAGA 的自适应调整曲线

$$P_c = \begin{cases} \frac{p_{cmax} - p_{cmin}}{1 + \exp(A(\frac{2(f - f_{avg})}{f_{max} - f_{avg}}))} + p_{cmin} & f < f_{avg} \\ p_{cmax} & f > f_{avg} \end{cases} \quad (8)$$

$$P_m = \begin{cases} \frac{p_{mmax} - p_{mmin}}{1 + \exp(A(\frac{2(f - f_{avg})}{f_{max} - f_{avg}}))} + p_{mmin} & f < f_{avg} \\ p_{mmax} & f > f_{avg} \end{cases} \quad (9)$$

分析公式(8)及公式(9)可知,交叉率和变异率按照个体的适应度在平均适应度和最大适应度之间随 sigmoid 曲线进行非线性调整。显然,当种群中的大部分个体拥有相近的适应度且平均适应度与最大适应度接近时,大多数个体的交叉率和变异率被提高,且提高的幅度要高于按余弦函数变化的交叉率和变异率,如图 5(b)中的 a 点所示。同时,最大适应度附近的个体的模式得到了尽可能多地保留,压低了它们的交叉率和变异率,如图 5(b)中的 b 点所示,为这类模式的个体参与交叉配对的概率变大,使算法力求跳出局部收敛。

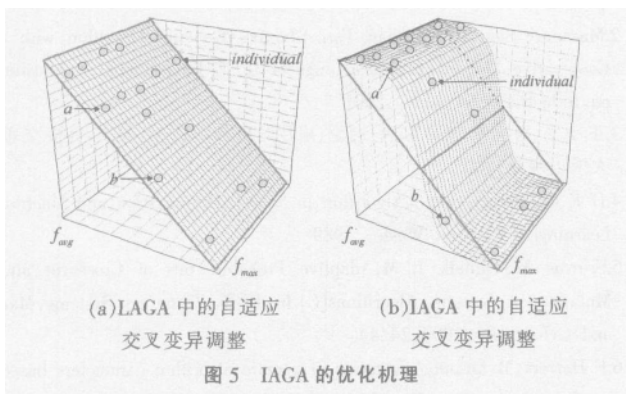


图5 IAGA 的优化机理

在 IAGA 演化中,当种群中的 f_{avg} 和 f_{max} 相差交大时,交叉率及变异率自适应调整曲线如图 6 所示。

由图 6 可知, IAGA 的交叉率、变异率自适应调整曲线无论 f_{avg} 和 f_{max} 之间的差值 $|\Delta|$ 怎么变化都与 CAGA 及 LAGA 拉开较大的差距。对于很多优化问题,在种群个体处于相当的状况下,拉开靠近平均适应度周围的多数个体,带动演化的前进,这

对于摆脱局部收敛,防止算法停滞不前是有积极意义的。下面通过不同的实验论证本文提出的算法。

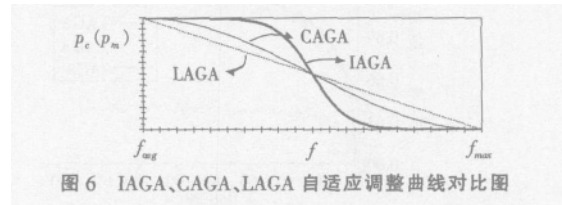


图6 IAGA、CAGA、LAGA 自适应调整曲线对比图

3 计算验证

3.1 测试函数

为验证算法的收敛性和鲁棒性,将 LAGA、CAGA 及本文提出的 IAGA 进行比较。三种遗传算法均采用二进制编码及经典的轮盘赌选择策略。用以下具有相当复杂度的测试函数进行测试:

$$f_1(x, y) = 0.5 - \frac{\sin^2 \sqrt{\frac{x^2 + y^2}{2}} - 0.5}{(1 + 0.001(x^2 + y^2))^2} \quad -100 < x, y < 100 \quad (10)$$

f_1 理论最大值为 1, 收敛值为 0.999 9。

$$f_2(x, y) = (4 - 2.1x^2 + \frac{x^4}{3})x^2 + xy + (-4 + 4y^2)y^2 \quad -100 < x, y < 100 \quad (11)$$

f_2 理论最小值为 -1.031 628, 收敛值为 -1.031 60。

$$f_3(x_i) = 0.002 + \sum_{j=1}^{25} \frac{1}{j + \sum_{i=1}^2 (x_i - a_j)^6} \quad -65.536 < x_i < 65.536 \quad (12)$$

其中:

$$(a_j)_{2 \times 25} = \begin{pmatrix} -32 & -16 & 0 & 16 & 32 & -32 & -16 & \dots & 0 & 16 & 32 \\ -32 & -32 & -32 & -32 & -32 & -32 & -16 & -16 & \dots & 32 & 32 & 32 \end{pmatrix}$$

f_3 理论最大值为 1.002 0, 收敛值为 1.000 0。

$$f_4(x, y) = \{ \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)x + 1] \} \cdot \{ \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)y + 1] \} \quad -10 < x, y < 10 \quad (13)$$

f_4 理论最小值为 -186.730 9, 收敛值为 -186.729。

3.2 算法性能

实验结果如表 1 至表 3 所示:

$p_{cmin}=0.5$, $p_{cmax}=0.8$, $p_{mmin}=0.005$, $p_{mmax}=0.05$, f_1 最大演化 150 代, f_2 、 f_3 、 f_4 最大演化 500 代。

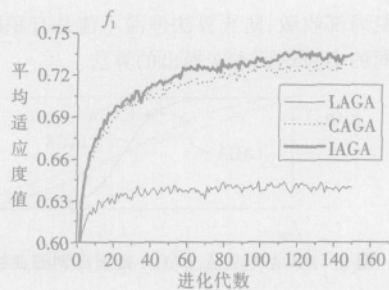
3.3 算法指标评价

结合表 1 至表 3 的实验数据可见,本文提出的 IAGA 在 4 个测试函数分别运行 999 次中,收敛总次数最多,并且都超过 980 次。尤其在 f_2 测试函数下, IAGA 收敛总次数比 LAGA 多 129 次,比 CAGA 更多出 178 次;在 f_4 测试下, IAGA 比 LAGA

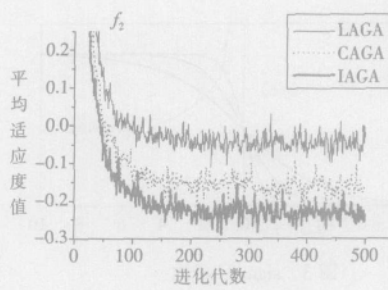
表1 线性自适应遗传算法的收敛性能

函数	解种群规模	收敛次数	平均收敛代数	平均收敛值
f_1	30	999	15	0.999 999
f_2	100	858	153	-1.031 615
f_3	300	999	27	1.001 509
f_4	500	886	51	-186.730 14

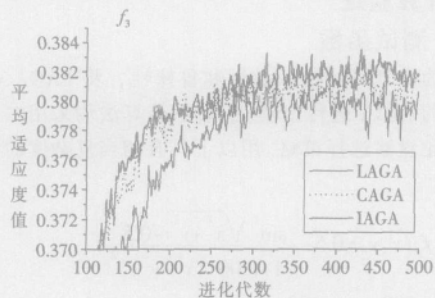
说明:表中的计算结果都是计算 999 次后求得的平均值。



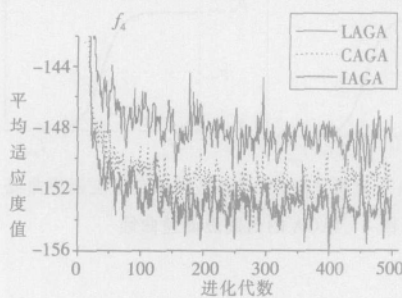
(a) f_1 测试函数下 LAGA、CAGA、IAGA 各代平均适应度曲线



(b) f_2 测试函数下 LAGA、CAGA、IAGA 各代平均适应度曲线



(c) f_3 测试函数下 LAGA、CAGA、IAGA 各代平均适应度曲线



(d) f_4 测试函数下 LAGA、CAGA、IAGA 各代平均适应度曲线

图 7 LAGA、CAGA、IAGA 在 4 种测试函数下各代平均适应度曲线

多 113 次,比 CAGA 更多出 135 次,可见新算法具有较好的鲁棒性。收敛速度方面,CAGA 在 f_2 测试下收敛比 LAGA 慢,而 IAGA 不仅保证平均收敛适应度高于 LAGA, 并且其收敛速度都快于 LAGA。

表 2 余弦改进型自适应遗传算法的收敛性能

函数	解种群规模	收敛次数	平均收敛代数	平均收敛值
f_1	30	999	15	0.999 999
f_2	100	809	160	-1.031 614
f_3	300	999	25	1.001 539
f_4	500	864	49	-186.729 89

说明:表中的计算结果都是计算 999 次后求得平均值。

表 3 本文提出的改进型自适应遗传算法的收敛性能

函数	解种群规模	收敛次数	平均收敛代数	平均收敛值
f_1	30	999	15	0.999 999
f_2	100	987	114	-1.031 615
f_3	300	999	27	1.001 527
f_4	500	999	41	-186.730 55

说明:表中的计算结果都是计算 999 次后求得平均值。

图 7 给出在 4 种测试函数下 LAGA、CAGA、IAGA 平均适应度的性能比较。IAGA 拥有比 LAGA 及 CAGA 更接近最佳适应度的平均适应度,表明 IAGA 的种群比 LAGA 及 CAGA 的种群拥有更多的优良解,体现出了较强的自适应性能。实验中的搜索精度为,可见新算法有较强的寻优能力。

4 结论

本文通过对交叉率、变异率线性自适应遗传算法 LAGA 以及余弦改进型自适应遗传算法 CAGA 的交叉率和变异率进行分析,指出了造成 LAGA、CAGA 收敛性和稳定性上不足的原因。结合神经网络中的神经元激活函数 sigmoid 函数,设计出一种改进的自适应遗传算法 IAGA。新算法实现方法简单,种群中

的个体根据当代种群的适应度情况随 sigmoid 曲线自适应地调整交叉率和变异率。相比 LAGA、CAGA,新算法无论种群的最大适应度和平均适应度之间的差值如何变化,都能在较短的演化代数内自适应地调整个体的交叉率和变异率,使算法尽早跳出局部收敛。新算法无论在收敛速度上还是在对于最佳适应度的搜索上均保持了较高的鲁棒性。由此可见,本文提出的改进的自适应遗传算法对于提高 GA 的收敛性、鲁棒性及优良解的多样性上是有效的,是一种十分实用的算法。

(收稿日期:2005 年 7 月)

参考文献

- 1.J H Holland.Adaptation in Natural Artificial Systems[M].MIT Press, 1975
- 2.Masanori Sugisaka, Xinjian Fan.Adaptive Genetic Algorithm with a Cooperative Mode[C].In: Proceedings of IEEE International Symposium on Industrial Electronics, 2001
- 3.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
- 4.D E Goldberg.Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning[M].Addison- Wesley, 1989
- 5.Srinvas M, Patnaik L M.Adaptive Probabilities of Crossover and Mutation in Genetic Algorithms[C].In: IEEE Trans on Systems, Man and Cybernetics, 1994; 24(4)
- 6.F Herrera, M Lozano.Adaptation of genetic algorithm parameters based on fuzzy logic Controllers[C].In: F Herrera, J L Verdegay eds.Genetic Algorithms and Soft Computing, Berlin, Germany: Springer- Verlag, 1996: 95-125
- 7.A E Eiben, R Hinterding, Z Michalewicz.Parameter control in evolutionary algorithms[J].IEEE Trans Evol Comput, 1999; 3: 124-141
- 8.J E Smith, T C Fogarty.Operator and parameter adaptation in genetic algorithms[J].Soft Computing, 1997; 1(2): 81-87

(下转 99 页)

(3) $Z=Y+D$ 根据股市的特性新的价格总是很快地出现, 故此可以利用新的实际价格与预测值的误差 D 来作为随机抖动, 以确保在训练的过程中实际预测曲线不会偏离得太远, 以提高系统预测的正确性。

(4) 延时寄存器将网络输出延时一步, $n_p=1$ 。

(5) 评价器产生的评价信号 $p=\ln(z-x)^2$ 。

(6) 根据 p_c 确定选择 Y 或 Z 为正解。

4.3 实现结果

通过 Matlab 和 VC++混合编程实现系统预测。股票以 2005 年 3 月新兴铸管(000778)的开盘价为例进行数据的预测分析。

表 1 开盘价强化 BP 算法与一般 BP 算法的比较

日期	实际值	强化 BP 算法	BP 算法
3.16	9.06	9.00	9.00
3.17	8.88	9.02	9.02
3.18	8.83	8.97	8.91
3.19	8.56	8.94	8.89
3.22	8.65	8.97	9.06
3.24	8.70	8.99	8.95
3.25	8.72	8.95	8.74
3.26	8.88	8.96	8.53
3.29	8.86	8.95	8.65
3.30	9.05	9.10	8.72
3.31	8.81	8.95	8.76

图 4 中, 粗实线为实际曲线, 点线为 BP 算法, 虚线为强化 BP 算法的结果。显然, 强化 BP 算法的预测结果比 BP 算法的结果在预测趋势上更加准确, 有着明显的优势。对于股票系统的决策有着较高的价值。

本文在传统的 BP 网络股票预测系统的基础上进行了系统改进, 并实现了这种强化学习的股票预测模型。在原有的有导师系统的基础上实现了自学习功能, 并大大提高了预测的精确度。由于神经网络集成的原因, 初始数据的可预测性也有所提高。

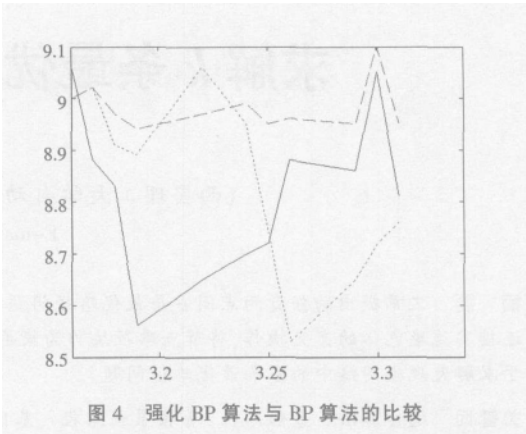


图 4 强化 BP 算法与 BP 算法的比较

5 结论

本文提出了一种基于神经网络集成的强化 BP 算法的系统设计方案。使原有的无导师 BP 神经网络系统实现了自学习的功能, 在实际应用中取得了很好的效果, 并且利用神经网络集成使得系统的精确度大为提高。实践表明, 具有很好的应用效果和良好的泛化能力。(收稿日期: 2005 年 7 月)

参考文献

1.周志华, 陈世福.神经网络集成[J].计算机学报, 2002; 25(1): 1~8
2.姜远等.一种基于神经网络集成的规则学习算法[J].计算机研究与发展, 2003; 40(10): 1419~1423
3.陆鑫等.基于神经网络的强化学习算法研究[J].计算机研究与发展, 2002; 39(8): 981~985
4.赵宏等.证券市场预测的神经网络方法[J].系统工程理论与实践, 1997; 17(6): 127~131
5.林杰等.用神经网络方法预测股票短期走势[J].西南交通大学学报, 1998; (6): 299~304
6.L P Kaelbling, M L Littman, A W Moore. Reinforcement learning: A survey[J].Journal of Artificial Intelligence Research, 1996; 4: 237~285
8.Mandell A, Selz K, Shlesinger M.Wavelet transformation of protein hydrophobicity sequences suggests their memberships in structural families[J].Physical A, 1997; 244: 254~262
9.Murray K, Gorse D, Thornton J.Wavelet transforms for the characterization and detection of repeating motifs[J].Mol Biol, 2002; 316: 341~363
10.Lio P.Wavelet change-point prediction of transmembrane proteins[J].Bioinformatics, 2000; 16: 376~382
11.Mallat S.信号处理的小波导引(英文版)[M].北京: 机械工业出版社, 2003: 220~314
12.Jayasinghe S, Hristova K, White SH.MPTopo: A database of membrane protein topology[J].Protein Sci, 2001; 10: 455~458

(上接 84 页)

4.Persson B, Argos P.Prediction of transmembrane segments in proteins utilizing multiple sequence alignments[J].Mol Biol, 1994; 237: 182~192
5.Rost B, Fariselli P, Casadio R.Topology prediction for helical transmembrane proteins at 86% accuracy[J].Protein Sci, 1996; 5(8): 1704~1718
6.Sonnhammer EL, Von Heijne G, Krogh A.A hidden Markov model for predicting transmembrane helices in protein sequences[C].In: Proc Int Conf Intell Syst Mol Biol, 1998; 6: 175~182
7.Hirakawa H, Muta S, Kuhara S.The hydrophobic cores of proteins predicted by wavelet analysis[J].Bioinformatics, 1999; 15: 141~148

(上接 96 页)

9.欧阳森等.一种新的改进遗传算法[J].计算机工程与应用, 2003; 39(11): 13~15
10.沙智明等.基于改进自适应遗传算法的电力系统相量测量装置安装地点选择优化[J].电工技术学报, 2004

11.石山等.基于自适应遗传算法的无刷直流电机的优化设计[J].西安交通大学学报, 2002
12.Mennon A, K Mehrotra, C K Mohan et al.Characterization of a class of sigmoid functions with applications to neural networks[J].Neural Networks, 1996; 9: 819~835