

基于粒子对和差分进化的基因表达数据聚类*

禤世丽¹, 杨秋叶¹, 张超英¹, 禤浚波²

(1. 广西师范大学 计算机科学与信息工程学院, 广西 桂林 541004; 2. 贺州学院 计算机科学与工程系, 广西 贺州 542800)

摘要: 针对粒子对算法存在过早陷入局部最优导致聚类精度不高以及聚类结果对初始粒子比较敏感等问题, 提出了一种新的基于粒子对(PPO)与差分进化(DE)混合算法。该混合算法结合 PPO 和 DE 的优点, 根据一定的迭代次数在精英粒子对迭代过程中引入 DE 算法, 借助 DE 算法的全局收敛能力避免 PPO 算法过早陷入局部最优的缺点, 并借助 K-means 快速聚类的结果和 PSO 聚类结果初始化粒子位置, 提高初始粒子的质量从而提高聚类结果精度。将混合算法应用于真实的基因表达数据, 实验结果表明, 混合算法比 K-means 和 PPO 算法具有更好的聚类结果和稳定性。

关键词: 基因聚类; K-means 算法; 粒子对; 差分进化; 混合算法

中图分类号: TP311 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-3695(2012)07-2484-04

doi: 10.3969/j.issn.1001-3695.2012.07.022

Gene expression data clustering based on particle pair and differential evolution

XUAN Shi-li, YANG Qiu-ye, ZHANG Chao-ying, XUAN Jun-bo

(1. College of Computer Science & Information Engineering, Guangxi Normal University, Guilin Guangxi 541004, China; 2. Dept. of Computer Science & Engineering, Hezhou University, Hezhou Guangxi 542800, China)

Abstract: In order to solve the problem that particle pair algorithm existed local optimization premature to lower precision and the clustering results were sensitive to initial particle, this paper put forward a new hybrid algorithm based on particle pair optimization(PPO) and differential evolution(DE). The hybrid algorithm combined the advantages of PPO and DE, and assigned the fast cluster result of the K-means and PSO to initialize particle position to improve the quality of the initial particles and improve accuracy of clustering results. It applied the hybrid algorithm to gene expression data. The experiment results indicate that the hybrid algorithm obtains better clustering precision and stability than the K-means algorithm and particle pair algorithm.

Key words: gene clustering; K-means algorithm; particle pair; differential evolution; hybrid algorithm

0 引言

随着 20 世纪 90 年代人类基因组计划^[1] (human genome project, HGP) 的正式启动, 生物信息学^[2] 得到了前所未有的迅猛发展。在这期间产生的基因芯片技术^[3], 极大地推动了生物信息数据量呈指数级增长。如何分析和处理基因表达数据, 从中提取有用的生物信息, 已成为后基因组时代的研究热点。对基因表达数据进行聚类分析是一种有效的研究方法。

目前, 常用的基因聚类算法有 K-means 算法^[4]、层次聚类算法^[5]、自组织映射算法^[6]等。为避免 K-means 算法对初始聚类中心敏感的缺点, Du 等人^[7] 基于粒子群优化算法提出了群体规模较小的粒子对算法 (particle pair optimization, PPO)。PPO 算法使用粒子对代替粒子群完成优化。由于群体规模小, 易于协调粒子之间的位置关系, 使得每个粒子都可受益于较接近最优解的粒子组合, 因此表现出明确的方向性。但是粒子对算法采用了标准的粒子群算法, 所以难以避免粒子群算法的缺点: 粒子对是随机进行初始化的, 如果随机初始化的粒子代表的聚类中心得到的分类离全局最优分类比较远, 那么聚类结果

的质量就会受影响; PPO 算法采用了标准 PSO 算法的粒子速度和位置更新公式, 难以避免地带入标准 PSO 算法本身所固有的过早陷入局部最优的缺陷, 导致最终获得的基因聚类结果的精度不高。1997 年, Storn 等人^[8,9] 在遗传算法等进化思想的基础上, 提出了一种新颖进化算法: 差分进化算法 (differential evolution algorithm, DEA)。该算法具有较好的全局收敛性和鲁棒性, 非常适合求解各种数值最优化问题, 使得该算法迅速成为了当前最优领域的一个研究热点。

为了解决粒子对算法存在过早陷入局部最优和对初始粒子敏感等问题, 本文提出了两种新的混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE。KPPO-DE 混合算法先用 K-means 快速聚类的结果初始化粒子, SPPO-DE 混合算法先用 PSO 算法聚类初始化粒子, 然后在精英粒子对的迭代过程中根据一定迭代次数将 DE 算法引入到 PPO 算法中, 将两者的优点结合起来进行基因聚类, 进一步提高基因聚类的效果。

1 基因聚类

基因表达数据是指基因芯片测量得到的基因转录产物

收稿日期: 2011-12-01; **修回日期:** 2012-01-19 **基金项目:** 广西研究生教育创新计划资助项目(2011106020812M57)

作者简介: 禤世丽(1985-), 女, 广西兴业人, 硕士, 主要研究方向为数据库应用技术、数据挖掘、人工智能及生物信息学等; 杨秋叶(1979-), 男, 湖南武冈人, 硕士, 主要研究方向为数据库应用技术、数据挖掘; 张超英(1958-), 男, 广西永福人, 教授, 硕导, 主要研究方向为数据库应用、数值模拟(zhangcy@mailbox.gxnu.edu.cn); 禤浚波(1986-), 男, 广西苍梧人, 硕士, 主要研究方向为数据库应用、数据挖掘和生物信息学等。

mRNA 在细胞中丰度的数据。可用基因表达矩阵表示为 $X = (x_{ij})_{m \times n} (i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots, n)$, 其中元素 x_{ij} 表示基因 i 在实验样本条件下的表达水平; 行向量 $G_i = (x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{in})$ 表示基因 i 的表达谱; 列向量 $S_j = (x_{1j}, x_{2j}, \dots, x_{mj})$ 表示实验样本条件 j 的表达谱。

基因聚类就是指将一组个体按相互间的相似程度归入几个子类中, 即找到一个划分 $Y = \{y_1, y_2, \dots, y_k\}$, 以满足同质性和差异性两个条件^[10]。同质性是指属于同一类的基因之间应该高度相似, 可用类内紧致性 D_1 来衡量; 而差异性是指不属于同一类的基因之间应该差异很大, 可用类间分离度 D_2 来衡量。在聚类的过程中, 本文采用两个基因 a 和 b 间的 Euclidean 距离 $D(a, b)$ 来确定聚类划分, 并采用均方差函数 (mean square error, MSE) 作为聚类目标准则函数。 $D(a, b)$ 、MSE、 D_1 和 D_2 分别定义如下^[11]:

$$D(a, b) = \sqrt{\sum_{j=1}^n (x_{aj} - x_{bj})^2} \quad (1)$$

$$\text{MSE} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M [\min_{y_j \in Y} D(x_i, y_j)]^2 \quad (2)$$

$$D_1 = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^K \sum_{i=1}^{K_j} [D(x_i, c_j)]_{U_{ij}=1} \quad (3)$$

$$D_2 = \frac{1}{\sum_{i \neq j} K_i K_j} \sum_{i \neq j} [K_i K_j D(c_i, c_j)] \quad (4)$$

其中: M 表示基因个数; K_j 表示第 j 类中的基因个数; c_j 表示第 j 类的聚类中心; U_{ij} 表示基因 i 属于第 j 类。

2 粒子对算法

粒子对优化算法^[12]是由纪震等人提出的。PPO 算法使用一个粒子对代替传统意义上的粒子群^[13]来完成优化。在 PPO 算法中, 粒子结构的设计是基于所有聚类中心的。设聚类个数为 K 类, 则每个粒子就代表 K 个聚类中心, 每个聚类中心是 L 维向量。粒子结构如表 1 所示。

表 1 粒子结构

$y_{11}, y_{12}, \dots, y_{1L}$	$y_{21}, y_{22}, \dots, y_{2L}$	$\dots$	$y_{K1}, y_{K2}, \dots, y_{KL}$
---------------------------------	---------------------------------	---------	---------------------------------

所以粒子的维数为 $N = K \times L$ 维。在迭代过程中, 粒子采用标准粒子群算法的速度和位置公式进行迭代更新:

$$v_{id}^{t+1} = w v_{id}^t - c_1 r_1 (p_{id} - z_{id}^t) + c_2 r_2 (p_{gd} - z_{id}^t) \quad (5)$$

$$v_{id}^t = z_{id}^t + v_{id}^t \quad (6)$$

其中: $i = 1, 2, \dots, N$; $d = 1, 2, \dots, L$; t 是迭代次数; w 为惯性权重; r_1, r_2 为 $[0, 1]$ 之间的随机数; c_1, c_2 为学习因子; $v_i = (v_{i1}, v_{i2}, \dots, v_{iN})$ 表示粒子 i 的飞行速度; $p_i = (p_{i1}, p_{i2}, \dots, p_{iN})$ 表示粒子 i 的历史最优位置; $p_g = (p_{g1}, p_{g2}, \dots, p_{gN})$ 表示整个粒子对的历史最优位置。

在 PPO 算法中, 适应度函数选取为均方差函数, 终止条件设为最大迭代次数, 其中纪震等设置初始粒子对迭代 19 次, 精英粒子对迭代 14 次。PPO 算法应用于基因表达数据聚类分析的步骤描述如下:

a) 初始化。对基因表达数据集 X 先后执行四次随机选择, 得到四个聚类中心集合 $Y_i (i = 1, 2, 3, 4)$ 。根据相似性准则对基因表达数据矩阵 X 进行初始聚类, 得到初始隶属度矩阵 U_i 。

b) 将随机产生的四个初始聚类中心集合, 按表 1 的结构

设为四个粒子。任意两两选取粒子, 各组成一个粒子对。

c) 对每个粒子分别执行以下操作:

(a) 按式(2)计算每个粒子的适应度, 按式(5)(6)更新粒子的速度和位置, 并返回更靠近最优解的最佳粒子标记。

(b) 将粒子还原成聚类中心集合, 根据相似性准则进行迭代, 迭代次数为三次的 K-means 操作, 并更新隶属度矩阵 U_i 。

d) 重复执行步骤 c), 直至满足第一阶段的最大迭代次数, 此时每个粒子对根据最佳粒子标记均产生一个精英粒子, 将这两个精英粒子组合成新的粒子对。

e) 对精英粒子对重复执行步骤 c) 的操作, 直至设置的第二阶段最大迭代次数。根据返回的最佳粒子标记选出代表最终解的精英粒子, 并得到最终的隶属度矩阵 U 。从 U 中可以看到基因聚类的结果。

作为一种比较新颖的基因聚类算法, PPO 算法由于群体规模小, 易于协调粒子之间的位置关系, 使粒子受益于较接近最优解的粒子组合, 表现出明确的方向性, 并引导 K-means 算法逼近最佳聚类, 在一些基因表达数据的聚类中取得了较好的聚类效果。但由于采用了标准 PSO 的进化公式, 也难以避免地带来 PSO 可能过早陷入局部最优的缺点, 导致聚类结果精度不高, 同时聚类结果有时不够稳定。因此, PPO 算法还有很大的改进空间, 以取得更好的聚类效果和相对稳定的聚类结果。

3 差分进化算法

DE 算法是一种随机的并行直接搜索算法, 是一种新兴的进化计算技术。它模拟了生物进化的随机模型, 通过反复迭代, 使得那些适应环境的个体被保存了下来^[14]。进化流程与遗传算法形同: 变异、交叉和选择。DE 的变异方式有效利用了群体分布特性, 提高算法的搜索能力, 避免了遗传算法中变异方式的不足^[15]。

DE 算法流程如下:

a) 初始化种群。初始种群随机产生

$$\{x_i(0) | x_{j,i}^L(0) \leq x_{j,i}^U, i = 1, 2, \dots, NP; j = 1, 2, \dots, D\}$$

$$x_{j,i}(0) = x_{j,i}^L + \text{rand}(0, 1) \times (x_{j,i}^U - x_{j,i}^L)$$

其中: $x_i(0)$ 表示种群中第 0 代的第 i 条染色体的第 j 个基因; NP 表示种群大小; $\text{rand}(0, 1)$ 表示在 $(0, 1)$ 区间均匀分布的随机数。

b) 变异操作。DE 通过差分策略实现个体变异, 这也是区别遗传算法的重要标志。在 DE 中, 常见的差分策略是随机选取种群中两个不同的个体, 将其向量差缩放后与待变异个体进行向量合成, 即

$$v_i(g+1) = x_{r1}(g) + F \times (x_{r2}(g) - x_{r3}(g)) \quad i \neq r_1 \neq r_2 \neq r_3 \quad (7)$$

其中: F 为缩放因子; $x_i(g)$ 表示第 g 代种群中第 i 个个体。

在进化过程中, 为了保证解的有效性, 必须判断染色体中各基因是否满足边界条件, 如果不满足边界条件, 则基因用随机方法重新生成 (与初始种群的产生方法相同) 第 g 代种群:

$$\{x_i(g) | x_{j,i}^L \leq x_{j,i}(g) \leq x_{j,i}^U, i = 1, 2, \dots, NP; j = 1, 2, \dots, D\}$$

通过变异后, 产生一个中间体

$$\{v_i(g+1) | v_{j,i}^L \leq v_{j,i}(g+1) \leq v_{j,i}^U, i = 1, 2, \dots, NP; j = 1, 2, \dots, D\}$$

c) 交叉操作。对第 g 代种群 $\{x_i(g)\}$ 及其变异的中间体 $\{v_i(g+1)\}$ 进行个体间的交叉操作:

$$u_{j,i}(g+1) = \begin{cases} v_{j,i}(g+1) & \text{if } \text{rand}(0, 1) \leq CR \text{ or } j = j_{\text{rand}} \\ x_{j,i}(g) & \text{otherwise} \end{cases}$$

其中, CR 为交叉概率; j_{rand} 为 $[1, 2, \dots, D]$ 的随机整数。为了确保变异中间体 $\{v_i(g+1)\}$ 的每个染色体至少有一个基因遗传给下一代, 第一个交叉操作的基因是随机取出 $v_i(g+1)$ 中的第 j_{rand} 位基因作为交叉后染色体 $u_i(g+1)$ 第 j_{rand} 位等位基因。后续的交叉操作过程, 则是通过交叉概率 CR 来选取 $x_i(g)$ 还是 $v_i(g+1)$ 的等位基因作为 $u_i(g+1)$ 的等位基因。

d) 选择操作。在基本差分进化算法中, 选择操作采取贪婪策略, 即只有当产生子代个体时 (对应目标函数值 $f(u_i(g+1)) \leq f(x_i(g))$) 才被保留, 否则父代个体被保留至下一代。DE 采用贪婪算法来选择进入下一代种群的个体操作如下:

$$v_i(g+1) = \begin{cases} u_i(g+1) & \text{if } f(u_i(g+1)) \leq f(x_i(g)) \\ x_i(g) & \text{otherwise} \end{cases}$$

4 新的混合算法

为了克服 PPO 算法同样存在的粒子群算法易过早陷入局部最优导致精度不高的缺陷, 本文将 DE 算法引入到 PPO 算法中形成新的混合算法。DE 算法的全局搜索能力避免了 PPO 算法过早陷入局部最优的缺点, 将两者的优点结合起来完成基因聚类。

为降低粒子初始化对聚类结果的影响, 本文使用两种方式进行初始化粒子对, 一种是利用 K-means 快速聚类初始化粒子对, 一种是使用 PSO 算法初始化粒子对, 再把 DE 算法根据一定迭代次数引入到算法中, 将混合算法命名为 KPPO-DE 和 SPPO-DE, 粒子的速度和位置更新公式仍采用式 (5) (6)。在混合算法产生精英粒子对后, 由于每次迭代都引入 EO 算法, 将会增加算法的时间开销, 所以根据一定迭代次数才引入 EO 算法。经过大量实验验证, 综合考虑时间复杂度和聚类精度, 引入 DE 算法的预设参数 $INV = 3$ (即迭代次数为 3 的倍数时引入 DE 算法)。混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE 的聚类流程可描述如下:

- 对基因表达数据做一次快速 K-means 操作或者 PSO 操作初始化粒子, 计算 p_i 和 p_g 。
- 对粒子按式 (5) (6) 进行迭代更新, 重新计算 p_i 和 p_g , 并返回最佳粒子的标记。
- 如果达到第一阶段的最大迭代次数, 则根据最佳粒子的标记得到第一个精英粒子。
- 重复执行步骤 a) ~ c), 得到另一个精英粒子。
- 将得到的两个精英粒子组合成一个新的粒子对。
- 对精英粒子对按式 (5) (6) 迭代更新粒子的速度和位置, 并计算精英粒子对的 p_i 和 p_g 。如果当前迭代次数满足预设 INV 值条件, 则引入 DE 算法, 返回最佳粒子的标记。
- 重复执行步骤 f), 直到达到第二阶段的最大迭代次数。此时, 根据最佳粒子的标记, 得到体现最终聚类结果的精英粒子。根据精英粒子值计算 MSE、 D_1 和 D_2 的值。混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE 的聚类流程如图 1 所示。

5 实验结果与分析

5.1 实验数据及算法参数设置

为了验证混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE 的有效性, 本文分别使用不含先验信息的数据集 6400、i2282.pcl 和包含先验信息的数据集 CellCycle_384 进行基因聚类结果的分析 and 比

较。实验数据及参数设置如表 2 所示。

表 2 实验数据及参数设置

基因表达数据集	基因个数 M	实验样本数 L	待聚类的个数 K
6 400	6 400	14	256
i2282.pcl	11 015	14	512
CellCycle_384	384	17	5

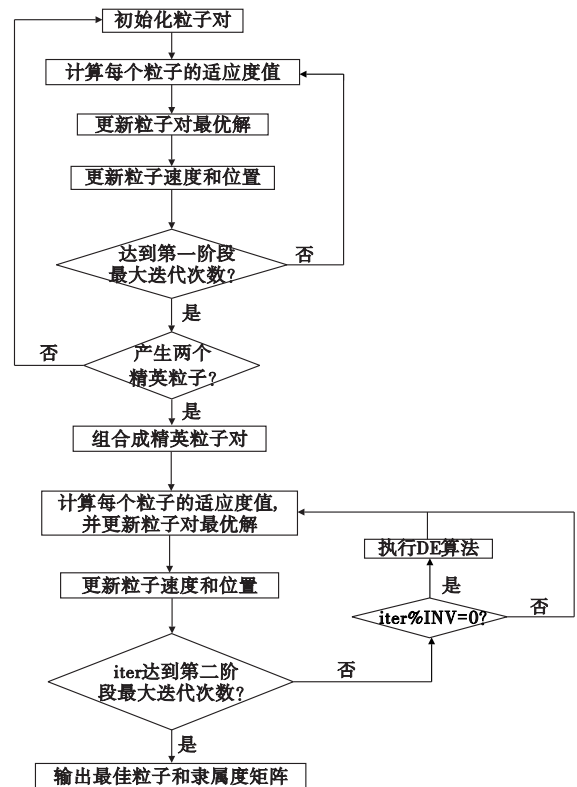


图 1 混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE 流程图

本文分别利用 K-means 算法、PPO 算法、KPPO-DE 算法和 SPPO-DE 算法对实验数据集进行基因聚类。PPO 算法、KPPO-DE 算法、SPPO-DE 算法中, 参数 $w = 0.1$, $c_1 = 0.3$, $c_2 = 0.5$, 第一阶段初始粒子对迭代 19 次, 第二阶段精英粒子对迭代 14 次, 差分进化算法中的变异因子 $CR = 0.8$ 。四种算法均执行 10 次, 取结果的平均值。

5.2 实验结果分析

为了便于对基因聚类结果进行分析和比较, 本文所有算法采用相同的实验仿真平台: Windows XP, CPU E4500 2.20 GHz, 1 GB 内存, Microsoft Visual C++ 6.0; 评价指标采用均方差函数 MSE 值、类内紧致性 D_1 和类间分离度 D_2 衡量算法的性能, 聚类结果如表 3 所示。

混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE 通过在精英粒子对的迭代过程中引入 DE 算法完成基因聚类, 发挥二者的优势, 克服了各自的缺点, 有助于提高聚类结果的精度。从表 3 中可以看出, 在均方差函数 MSE 的平均值比较方面, 混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE 在三个基因表达数据集集中的 MSE 值明显小于 K-means 算法的 MSE, 也小于 PPO 算法的 MSE 值, 说明混合算法进一步提高了聚类准则函数的精度。在类内紧致性 D_1 和类间分离度 D_2 两个评价指标上, 混合算法取得了更小的 D_1 和更大的 D_2 值, 表明混合算法获得的基因聚类结果中, 属于同一类的基因相似性更高, 不同类之间的基因差异性更大。混合算法获得了更好的聚类效果, 但是需要更多的时间开销, 即用

更多的时间换取更高精度的聚类效果。

表3 四种算法聚类结果比较

实验数据	算法	MSE	D_1	D_2	T/m
6400	K-means	1.582 87	1.196 23	2.682 22	0.19
	PPO	1.518 81	1.187 76	2.691 1	1.88
	KPPO-DE	1.518 52	1.186 29	2.692 65	15.13
	SPPO-DE	1.497 9	1.174 89	2.704 83	10.48
i2282. pcl	K-means	1.446 5	1.1476 8	2.816	0.65
	PPO	1.381 21	1.137 83	2.824 27	6.34
	KPPO-DE	1.381 94	1.136 8	2.826 16	53.58
	SPPO-DE	1.353 06	1.123 3	2.839 33	35.9
CellCycle_384	K-means	3.713 44	1.819 81	4.416 11	1s
	PPO	3.612 56	1.787 95	4.465 37	1s
	KPPO-DE	3.588 92	1.781 71	4.462 45	1s
	SPPO-DE	3.591 89	1.781 48	4.468 08	1s

为了进一步分析混合算法的聚类效果,本文以实验数据 i2282. pcl 为例,取 DE 算法的变异因子 $CR = 0.8$,对四种算法分别执行 10 次获得的初始解质量、MSE 值、类内紧致性 D_1 和类间分离度 D_2 值进行比较,如图 2~5 所示。

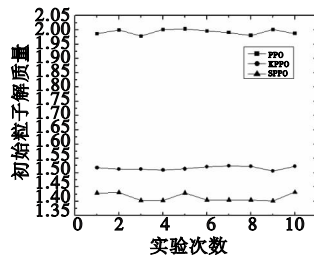


图2 i2282.pcl数据初始化获得初始粒子解质量比较

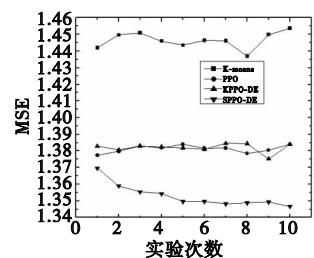


图3 i2282.pcl数据四种算法运行10次的MSE值比较

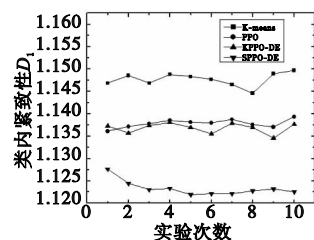


图4 i2282.pcl数据四种算法运行10次的 D_1 值的比较

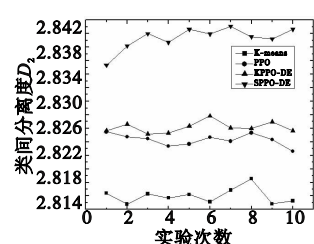


图5 i2282.pcl数据四种算法运行10次的 D_2 值的比较

从图2可以看出,使用 K-means 算法和 PSO 算法初始化获得了更高质量的初始粒子解,并且获得了更高精度的聚类结

果,其中 PSO 初始化混合算法 SPPO-DE 的 MSE 值是最小的,且相对较稳定;图3中 SPPO-DE 的 MSE 值是最小的,K-means 算法的 MSE 值最大;图4中混合算法的 D_1 值比 K-means、PPO 算法都小,PSO 算法初始化的混合算法 SPPO-DE 获得的 D_1 值最小;图5进一步表明了混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE 能相对稳定地获得更大的 D_2 值。

综上,混合算法 SPPO-DE 和 KPPO-DE 比 K-means、PPO 算法获得了更高精度的聚类效果。

6 结束语

本文分析了基本 PPO 和 DE 两种算法的特点,充分利用 PPO 的收敛速度快和 DE 的全局优化性能好的优势,有效克服了各自的不足,扬长避短,并融合 PPO 和 DE 算法提出了两种新的混合算法 KPPO-DE 和 SPPO-DE。混合算法充分利用现有 PPO 算法和 DE 算法的优化性能,极大程度地克服了 PPO 算法的局部最优及 DE 算法的收敛速度慢、鲁棒性不好等缺陷。仿真实验表明,混合算法具有更高的聚类精度和相对稳定性,并获得了更好的聚类效果,为生物信息学的研究提供了一种更有效和具有更高精度的基因聚类方法。

参考文献:

- [1] 钟杨,张文娟,王莉,等. 基因计算[M]. 上海:上海教育出版社,2005.
- [2] 孙啸,陆祖宏,谢建明. 生物信息学基础[M]. 北京:清华大学出版社,2005.
- [3] 李瑶. 基因芯片技术——解码生物[M]. 北京:科学出版社,2004.
- [4] MacQUEEN J B. Some methods for classification and analysis of multivariate observations[C]//Proc of the 5th Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability. Berkeley: University of California Press,1967:281-297.
- [5] MICHAEL B,EISEN M B,PAUL T, et al. Cluster analysis and display of genome-wide expression patterns[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences,1998,95(25):14863-14868.
- [6] OHONENT. The self-organizing maps[J]. Proceedings of the IEEE,1990,78(9):1464-1480.
- [7] DU Zhi-hua,WANG Yi-wei,JI Zhen. PK-means: a new algorithm for gene clustering[J]. Computational Biology and Chemistry,2008,32(4):243-247.
- [8] STORN R,PRICE K. Differential evolution: a simple and efficient heuristic for global optimization over continuous spaces[J]. Journal of Global Optimization,1997,11(4):341-359.
- [9] STORN R,PRICE K. Differential evolution for multi-objective optimization[J]. Evolutionary Computation,2003,12(4):8-12.
- [10] 张国印,程慧杰,刘咏梅,等. 一种新算法在基因表达谱聚类中的应用[J]. 计算机工程与应用,2009,45(36):216-218.
- [11] 榻浚波,吴小霞,王珍珍,等. 基于粒子对和极值优化的基因聚类混合算法研究[J]. 计算机应用研究,2011,28(10):3675-3681.
- [12] 纪震,廖慧连,许文焕,等. 粒子对算法在图像矢量量化中的应用[J]. 电子学报,2007,35(10):1916-1920.
- [13] 纪震,廖慧连,吴青华. 粒子群算法及其应用[M]. 北京:科学出版社,2009.
- [14] 易文周. 粒子群与差分进化混合算法的研究[D]. 桂林:广西师范大学,2009.
- [15] YANG Qi-wen, JIANG Jing-ping, QU Zhao-xia, et al. Improving genetic algorithms by using logic operation[J]. Control and Decision, 2002,15(4):510-512.