

文章编号: 1000-8152(2010)07-0843-06

# 保留精英遗传算法收敛性和收敛速度的鞅方法分析

喻寿益, 邝溯琼

(中南大学 信息科学与工程学院, 湖南 长沙 410083)

**摘要:** 论文引入鞅方法取代传统的马尔科夫链理论, 研究保留精英遗传算法(EGA)的收敛条件和收敛速度。通过把EGA的最大适应值函数过程描述为下鞅, 基于下鞅收敛定理构造使算法满足几乎处处收敛的充分条件, 分析了概率1收敛充分条件与算法操作参数的关系, 并计算了EGA获得全局最优解所需的最大进化代数。使用鞅方法分析遗传算法收敛性具有独特的优势, 成为分析遗传算法收敛性及其性能的新方法。

**关键词:** EGA; 下鞅; 最大适应值; 几乎处处收敛; 收敛速度

中图分类号: TP301 文献标识码: A

## Convergence and convergence rate analysis of elitist genetic algorithm based on martingale approach

YU Shou-yi, KUANG Su-qiong

(School of Information Science and Engineering, Central South University, Changsha Hunan 410083, China)

**Abstract:** The martingale approach is introduced in this paper to study the convergence conditions and convergence rate of elitist genetic algorithm(EGA) instead of the traditional Markov chain theory. The maximal fitness function process is described as a submartingale. Based on the submartingale convergence theorem, we develop the almost everywhere convergence sufficient conditions of the EGA. The relations between the probability 1 convergence sufficient conditions and the algorithm operating parameters are analyzed; and the maximal evolutional generations needed to obtain the global optimal solution are estimated. The martingale approach has its unique advantage and is a new method to analyze the convergence and performance of the genetic algorithm.

**Key words:** EGA; submartingale; the maximal fitness; almost everywhere convergence; convergence rate

## 1 引言(Introduction)

遗传算法(GA)的全局收敛性研究一直倍受关注, 但大都是基于Markov chain理论, 依赖于对其转移矩阵及特征值的描述的研究, 计算较为繁琐, 当种群规模很大时, 更增加了其转移矩阵分析计算的难度。针对简单遗传算法(SGA)不以概率1收敛的情况<sup>[1]</sup>, 人们提出了许多改进策略, 以提高算法的收敛性。20世纪90年代, Rudolph基于Markov chain理论证明了保留精英的遗传算法(EGA)以概率1收敛<sup>[2]</sup>, 收敛条件是进化代数 $t \rightarrow \infty$ , 但是GA操作参数对算法收敛性和收敛速度的影响在Markov chain理论与分析结果中不清晰<sup>[3~6]</sup>。

本世纪初, 有的学者用鞅方法取代Markov chain理论研究遗传算法的收敛性, 取得了一些成果<sup>[7,9,10]</sup>。本文利用种群最大适应值函数描述遗传算法的演化过程, 并把最大适应值函数过程转化成下

鞅, 基于下鞅的性质和收敛定理分析EGA的收敛性, 获得收敛速度与遗传算法操作参数 $p_c, p_m, p_s$ 的数学表达式, 并计算了EGA寻优到全局最优解所需的最大进化代数。

## 2 EGA模型(Model of EGA)

考虑一个优化问题

$$\max F(x), F(x) > 0. \quad (1)$$

若采用二进制编码和保留精英选择, 单点交叉, 基本位变异等遗传操作, 所考虑的算法具体描述为<sup>[6~8]</sup>:

- 1) 编码, 随机生成种群规模为 $m$ , 染色体长度为 $L$ 的初始种群 $X_1$ ;
- 2) 保留最佳个体直接遗传到下一代;
- 3) 随机选择 $X_n$ 中的其他非最佳个体进行交叉操作, 形成中间种群 $Y_n$ ;

收稿日期: 2009-02-24; 收修改稿日期: 2009-09-23。

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60574030); 国家自然科学基金重点资助项目(60634020)。

- 4) 对种群 $V_n$ 进行变异操作形成种群 $V_n$ ;
- 5) 选择种群 $V_n$ 中较好的个体作为新一代种群 $X_n$ ;
- 6) 如果满足算法终止条件, 则结束计算; 否则置 $n = n + 1$ 并转2).

以上遗传操作过程可用转移概率描述如下:

1) 交叉算子.

对于单点交叉, 母本 $i$ 和 $j$ 产生个体 $k$ 的概率记为<sup>[7]</sup>

$$P_C^n(i \times j, k) = \begin{cases} |k|p_c/L, & k \neq i, j, \\ (1 - p_c) + |k|p_c/L, & k = i. \end{cases} \quad (2)$$

其中:  $|k|$ 为 $i$ 和 $j$ 杂交生成个体 $k$ 的个数,  $0 \leq p_c \leq 1$ 为交叉概率. 杂交后获得的个体是母本的第一个个体的最小概率为

$$a = 1 - p_c + p_c/L. \quad (3)$$

2) 变异算子.

对于二进制编码的基本位变异, 由 $V_n$ 转移到 $X_{n+1}$ 的概率记为<sup>[7,9]</sup>

$$P_M^n(i, j) = p_m^{d(i,j)}(1 - p_m)^{L-d(i,j)},$$

其中:  $0 \leq p_m \leq 1$ 为变异概率,  $d(i, j)$ 为个体 $i$ 和 $j$ 之间的海明距离. 变异后使个体保持不变, 即变异前后个体的海明距离为0, 其最小概率为

$$b = (1 - p_m)^L. \quad (4)$$

3) 选择算子.

EGA的选择算子采用了保留精英的策略, 将种群规模扩展到 $m + 1$ , 且将每代种群中的最好个体置于种群的第一个, 并保留这个个体到下一代, 不参加竞争. EGA选择下一代种群中第一个个体的概率为<sup>[10]</sup>

$$P_S^{n^*}(x, i) = \frac{|x|}{|B(X_n)|}, \quad x \in B(X_n), \quad (5)$$

其中:  $|x|$ 表示种群 $X_n$ 中个体 $x$ 的数目,  $|B(X_n)|$ 表示 $X_n$ 的最优解集 $B(X_n)$ 的基数.

选择其他 $m$ 个个体仍然按照比例选择方式, 概率为

$$P_S^n(x, i) = \sigma_n(f(x_i)) / \sum_{k=1}^m \sigma_n(f(x_k)), \quad i \in x, n = 1, 2, \dots. \quad (6)$$

其中 $\sigma_n$ 为某个严格单调递增的尺度函数.

### 3 EGA 算法演化的收敛性分析(Convergence analysis of EGA)

将EGA算法的演化过程转化成最大适应值函数变化过程 $\{\hat{f}(X_n)\}$ 构成马尔科夫序列. 一个种群如

果在第 $n$ 代的最佳个体适应值达到全局最优解对应的适应值 $f^*$ , 记为 $\{\hat{f}(X_n)\} = f^*$ , 则第 $n$ 代以后的任何一代种群的最佳个体的适应值都会达到最大适应值 $f^*$ . 因此马尔科夫序列 $\{\hat{f}(X_n)\}$ 构成下鞅, 基于下鞅的性质和下鞅收敛定理, 将EGA的收敛性研究转化为研究 $\{\hat{f}(X_n)\}$ 的收敛性. 以下给出3个定理, 其中定理1证明了马尔科夫序列 $\{\hat{f}(X_n)\}$ 满足下鞅定义条件; 定理2基于鞅理论证明EGA算法是全局收敛的; 定理3构造了满足下鞅收敛的条件, 推导出EGA几乎处处收敛于优化问题的最优解.

**定理 1** 描述EGA算法的最大适应值函数过程 $\{\hat{f}(X_n)\}$ 是非负有界下鞅, 即

$$E\{\hat{f}(X_{n+1})/X_n\} \geq \hat{f}(X_n). \quad (7)$$

证 由于EGA保留了上一代种群的最大适应值个体到下一代, 且不参与遗传操作, 最佳个体模式未被破坏, 因此下一代种群的最大适应值不会小于上一代种群的最大适应值, 即

$$E\{\hat{f}(X_{n+1})/X_n\} \geq \hat{f}(X_n) > 0. \quad (8)$$

因此, 描述EGA的最大适应值函数过程 $\{\hat{f}(X_n)\}$ 是非负有界下鞅.

证毕.

**定理 2** EGA依概率收敛到全局最优解.

证 种群 $X$ 演化到第 $n$ 代的最大适应值记为 $\hat{f}(X_n)$ , 全局最优解的适应值记为 $f^*$ , 假设EGA演化到第 $n$ 代收敛到全局最优解, 即有

$$\hat{f}(X_n) = f^*.$$

根据定理1, 得

$$E\{\hat{f}(X_{n+1})/X_n\} = f^*.$$

由条件期望的定义

$$\begin{aligned} E\{\hat{f}(X_{n+1})/X_n\} &= \\ &\sum_{i,j \in x} P_C^n(i \times j, y) \sum_v P_M^n(y, v) \sum_k P_S^n(v, k) \hat{f}(k) \geq \\ &\sum_{i,j \in x} P_C^n(i \times j, i) \sum_v P_M^n(y, v) \sum_k P_S^n(v, k) \hat{f}(k) \geq \\ &a \sum_v P_M^n(y, v) \sum_k P_S^n(v, k) \hat{f}(k) \geq \\ &a \sum_v P_M^n(y, y) \sum_k P_S^n(v, k) \hat{f}(k) \geq \\ &ab^m \left\{ \sum_{k \in B(X_n)} [P_S^n(v, k) - P_S^{n^*}(v, k)] \hat{f}(k) + \right. \\ &\left. \sum_{k \in B(X_n)} P_S^{n^*}(v, k) \hat{f}(k) \right\}. \end{aligned}$$

对于EGA, 当 $k \notin B(X_n)$ 时,  $P_S^{n^*}(v, k) = 0$ , 而当

$k \in B(X_n)$  时,  $\hat{f}(k) = f^*$ , 则上式可化简为

$$\begin{aligned} & E\{\hat{f}(X_{n+1})/X_n\} \geqslant \\ & ab^m \left\{ \sum_{k \in B(X_n)} [P_S^n(v, k) \hat{f}(k) + f^*] \right\} \geqslant ab^m f^*. \end{aligned}$$

由以上推导得

$$ab^m f^* \leqslant f^*.$$

因为  $f^* > 0$ , 即

$$ab^m \leqslant 1. \quad (9)$$

由式(3)和(4)可知式(9)恒成立, 即EGA一定收敛到全局最优解.

证毕.

**定理3**  $\forall n \geqslant 1$ , 若满足

- 1)  $E[\hat{f}(X_1)] < \infty$ ,  $f^* < \infty$ ,
- 2)  $E[\hat{f}(X_n)/X_{n-1}] = \hat{f}(X_{n-1}) + c_{n-1}f^*$ ,
- 3)  $c_n \in [0, 1]$ ,  $\lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{k=0}^{n-1} c_k = 1 - \frac{\hat{f}(X_1)}{f^*}$ ,

则随机序列  $\hat{f}(X_n) \xrightarrow{a.s.} f^*$ .

证 对条件(2)两边同时取数学期望得

$$\begin{aligned} E[\hat{f}(X_n)] &= E[\hat{f}(X_{n-1})] + c_{n-1}f^* = \\ E[\hat{f}(X_{n-2})] &+ c_{n-1}f^* + c_{n-2}f^* = \cdots = \\ E[\hat{f}(X_1)] &+ f^* \sum_{k=0}^{n-1} c_k. \end{aligned}$$

由条件(1)和(3)知

$$E[\hat{f}(X_n)] < E[\hat{f}(X_1)] + f^* < \infty,$$

则

$$\sup_n E[\hat{f}(X_n)] < \sup_n E[\hat{f}(X_1)] + \sup_n f^* < \infty.$$

又因  $\hat{f}(X_n)$  是一个下鞅序列, 由下鞅收敛定理知<sup>[11, 12]</sup>

$$\hat{f}(X_n) \xrightarrow{a.s.} \hat{f}(X_\infty) = \lim_{n \rightarrow \infty} \hat{f}(X_n),$$

而

$$\begin{aligned} \lim_{n \rightarrow \infty} E[\hat{f}(X_n)] &= \\ \lim_{n \rightarrow \infty} E[\hat{f}(X_1)] &+ f^* \lim_{n \rightarrow \infty} \sum_{k=0}^{n-1} c_k = \\ E[\hat{f}(X_1)] &+ f^* \left(1 - \frac{\hat{f}(X_1)}{f^*}\right) = f^*, \end{aligned}$$

所以

$$\hat{f}(X_n) \xrightarrow{a.s.} f^*. \quad (10)$$

证毕.

## 4 EGA算法的收敛速度(Convergence rate of EGA)

### 4.1 收敛速度的估计(Estimation of convergence rate)

以上已经证明了EGA在一定条件下能保证几乎处处收敛, 它的收敛速度与算法的操作有密切关系. 设  $r(n)$  为种群从第  $n$  代演化到第  $n+1$  代的最佳个体适应值的变化率, 描述了EGA的收敛速率,  $r(n)$  可表示为

$$r(n) = \frac{|E[\hat{f}(X_{n+1})/X_n] - \hat{f}(X_n)|}{|\hat{f}(X_1) - f^*|}, \quad (11)$$

其中  $\hat{f}(X_1)$  为初始种群中的最佳个体适应值.

如前所述,  $\{\hat{f}(X_n)\}$  为非负有界下鞅, 满足  $E\{\hat{f}(X_{n+1})/X_n\} \geqslant \hat{f}(X_n) > 0$ .

设  $\hat{f}(X_n) < f^*$ , 算法尚未达到全局最优, 根据条件期望的定义化简式(11)得

$$\begin{aligned} r(n) &= \frac{E[\hat{f}(X_{n+1})/X_n] - \hat{f}(X_n)}{f^* - \hat{f}(X_1)} = \\ &\frac{\sum_{i,j \in x} P_C^n(i \times j, y) \sum_v P_M^n(y, v) \sum_k P_S^n(v, k)}{f^* - \hat{f}(X_1)} \cdot \\ &\frac{\hat{f}(k)}{f^* - \hat{f}(X_1)} - \frac{\hat{f}(X_n)}{f^* - \hat{f}(X_1)} = \\ &\frac{\sum_{i,j \in x} P_C^n(i \times j, y) \sum_v P_M^n(y, v)}{f^* - \hat{f}(X_1)} \cdot \\ &\frac{\sum_{k \notin B(X_n)} P_S^n(v, k) \hat{f}(k)}{f^* - \hat{f}(X_1)} - \frac{\hat{f}(X_n)}{f^* - \hat{f}(X_1)} < \\ &\frac{\sum_{i,j \in x} P_C^n(i \times j, y) \sum_v P_M^n(y, v)}{f^* - \hat{f}(X_1)} \cdot \\ &\frac{\sum_{k \notin B(X_n)} P_S^n(v, k) \hat{f}(k)}{f^* - \hat{f}(X_1)} - \frac{f_*}{f^* - \hat{f}(X_1)} = \\ &\frac{\sum_{i,j \in x} P_C^n(i \times j, y) \sum_v P_M^n(y, v)}{f^* - \hat{f}(X_1)} \cdot \\ &\frac{\sum_{k \notin B(X_n)} P_S^n(v, k) \hat{f}(k)}{f^* - \hat{f}(X_1)}. \end{aligned}$$

当  $k \notin B(X)$  时,  $\hat{f}(k) < f^*$ , 所以

$$r(n) < \frac{\sum_{i,j \in x} P_C^n(i \times j, y) \sum_v P_M^n(y, v)}{f^* - \hat{f}(X_1)}.$$

$$\frac{\sum_{k \notin B(X_n)} P_S^n(v, k) \hat{f}(k)}{f^* - \hat{f}(X_1)} + \frac{f^* - \hat{f}(X_n)}{f^* - \hat{f}(X_1)} = \\ \frac{(1 + p_c p_m p_s) f^* - \hat{f}(X_n)}{f^* - \hat{f}(X_1)}.$$

又因为  $k \notin B(X)$  时,  $\hat{f}(X_1) < \hat{f}(X_n) < f^*$ , 所以

$$0 < \frac{f^* - \hat{f}(X_n)}{f^* - \hat{f}(X_1)} < 1,$$

且  $\hat{f}(X_1) < \hat{f}(X_k)$ , 则

$$r(n) > \frac{\sum_{i,j \in x} P_C^n(i \times j, y) \sum_v P_M^n(y, v)}{f^* - \hat{f}(X_1)} \cdot \\ \frac{\sum_{k \notin B(X_n)} P_S^n(v, k) \hat{f}(X_1)}{f^* - \hat{f}(X_1)} = \\ \frac{p_c p_m p_s \hat{f}(X_1)}{f^* - \hat{f}(X_1)}.$$

由以上分析可得

$$\frac{p_c p_m p_s \hat{f}(X_1)}{f^* - \hat{f}(X_1)} < r(n) < \frac{(1 + p_c p_m p_s) f^* - \hat{f}(X_n)}{f^* - \hat{f}(X_1)}, \quad (12)$$

其中:  $p_c, p_m, p_s$  分别为交叉概率、变异概率、非最佳个体的选择概率.

设  $n$  为收敛代数, 当  $p_c, p_m$  固定时, 式(12)下限的倒数即为收敛代数:

$$n = \frac{1}{r(n)} < \frac{f^* - \hat{f}(X_1)}{p_c p_m p_s \hat{f}(X_1)}. \quad (13)$$

对于EGA算法, 选取合适的  $p_c, p_m$ , 并在整个进化过程中保持不变, 种群分布将随进化过程逐渐逼近最优, 因此,  $p_s$  逐渐增大. 记进化第一代非最佳个体的选择概率为  $p_{s1}$ , 则  $n_{\max}$  满足

$$n_{\max} = \frac{f^* - \hat{f}(X_1)}{p_c p_m p_{s1} \hat{f}(X_1)}. \quad (14)$$

由式(14)可知, EGA的最大进化代数不仅取决于算法的交叉、变异和选择概率, 而且与初始种群分布有关, 初始种群的最佳个体适应值越接近全局最优解, 则算法的寻优速度也越快.

## 4.2 仿真验证(Simulation research)

由式(12)可知, 第  $i + 1$  代最佳个体的适应度对第  $i$  代最佳个体适应度的增加值  $r(i)$  为

$$\frac{p_c p_m p_s(i) \hat{f}(X_1)}{f^* - \hat{f}(X_1)} < r(i) <$$

$$\frac{(1 + p_c p_m p_s(i)) f^* - \hat{f}(X_i)}{f^* - \hat{f}(X_1)}, \quad r(i) \neq 0. \quad (15)$$

将  $r(i)$  的上限和下限值分别累加, 所得的区间即为全局最优解所在的区间. 为了检验式(12)对收敛速度计算的正确性, 本节选取了3个测试函数进行检测.

### 4.2.1 测试函数(Test functions)

3个测试函数均为最大值问题:

1) 简单多峰函数:

$$F_1(x) = x + 10 \sin(5x) + 7 \cos(4x), \\ 0 \leq x \leq 9. \quad (16)$$

在任一选定的区间内, 函数有多个峰值点, 寻优容易落入局部最优解.

2) Schaffer函数-6:

$$F_2(x_1, x_2) = 0.5 - \frac{(\sin^2 \sqrt{x_1^2 + x_2^2} - 0.5)}{[1 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)]^2}, \\ -10 \leq x_1, x_2 \leq 10. \quad (17)$$

其特点是最大值位于图形的中心点, 最大值为1, 不但所在区域较小, 而且主峰也不突出, 极易陷入局部最优解<sup>[13]</sup>.

3) Rosenbrock函数:

$$f_3(x_1, x_2) = 100(x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2, \\ -2.048 \leq x_1, x_2 \leq 2.048. \quad (18)$$

它是病态的且难以求出其最小值, 其全局最小值是位于一个非常狭窄的山谷中的点, 极小值为0<sup>[14]</sup>.

将Rosenbrock函数转化为最大值问题, 测试函数为

$$\begin{cases} F_3(x_1, x_2) = \frac{1}{1 + f_3(x_1, x_2)}, \\ -2.048 \leq x_1, x_2 \leq 2.048, \end{cases} \quad (19)$$

当  $f_3(x_1, x_2)$  取极小值逼近0时, 则GA寻优得  $F_3(x_1, x_2)$  全局最优解逼近于1.

### 4.2.2 仿真结果(Simulation results)

算法每进化一次, 最大适应值均增加  $r(i)$ , 对于式(15), 固定交叉和变异概率  $p_c = 0.5$ ,  $p_m = 0.001$ ,  $p_s(i)$  是随进化进程变化的, 但无论它如何变化, 始终有

$$p_{s\min}(i) \leq p_s(i) \leq p_{s\max}(i), \quad (20)$$

由式(15)和式(20)可知, 若

$$\frac{p_c p_m p_{s\max}(i) \hat{f}(X_1)}{f^* - \hat{f}(X_1)} < r(i) <$$

$$\frac{(1 + p_c p_m p_{s \min}(i)) f^* - \hat{f}(X_i)}{f^* - \hat{f}(X_1)}, \quad (21)$$

则式(15)一定成立.

取式(21)中的 $p_{s \min}(i)$ 和 $p_{s \max}(i)$ 分别为每次迭代过程非最佳个体选择概率的最小值和最大值, 3个函数的仿真结果分别如图1~图3所示. 其中, 图2(b)为图2(a)第6代附近局部放大图, 由于其最大值超出了图2(b)所能显示的范围, 故最大值如图2(a)所示.

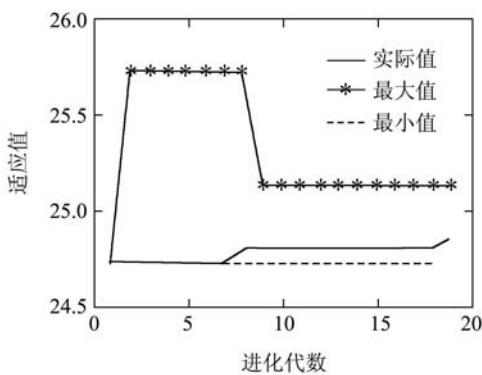
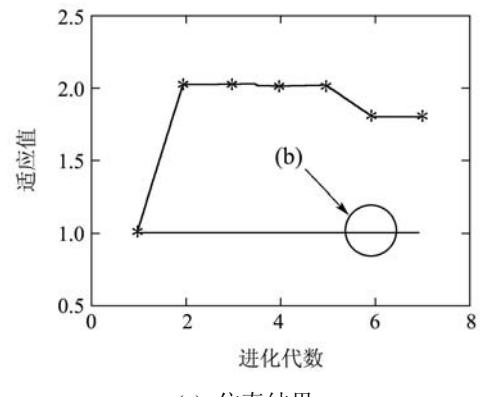


图 1 函数 $F_1(x)$ 仿真结果  
Fig. 1 Simulation results of  $F_1(x)$



(a) 仿真结果

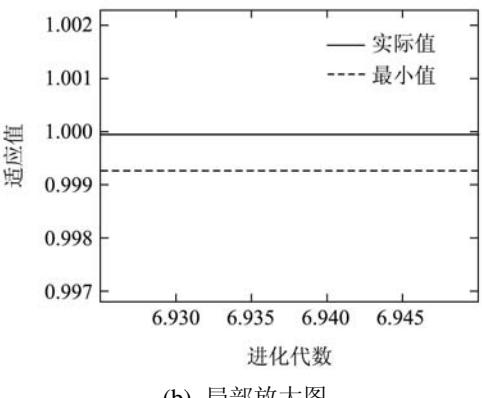


图 2 函数 $F_2(x_1, x_2)$ 仿真结果  
Fig. 2 Simulation results of  $F_2(x_1, x_2)$

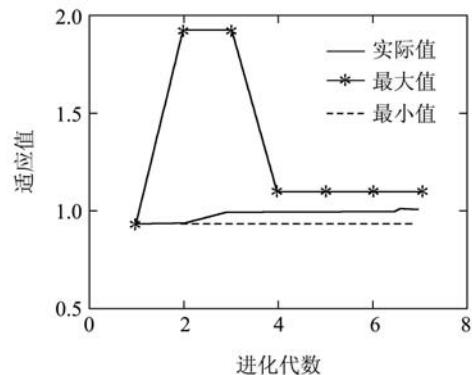


图 3 函数 $F_3(x_1, x_2)$ 仿真结果  
Fig. 3 Simulation results of  $F_2(x_1, x_2)$

对于3个函数, 分别经过9代、6代、4代的进化, 计算值趋于稳定, 函数 $F_1(x)$ 的最优解的最大值和最小值分别约为25.1和24.7, 变化范围约为0.4; 函数 $F_2(x_1, x_2)$ 的最优解的最大值和最小值分别约为1.785和0.999, 变化范围约为0.786; 函数 $F_3(x_1, x_2)$ 的最优解的最大值和最小值分别约为1.09和0.93, 变化范围约为0.16. 可见, 各个函数的全局最优解均在式(21)所计算的区间, 也在式(15)的范围, 验证了收敛速率式(12)的正确性.

## 5 结论(Conclusions)

本文通过把遗传算法的进化过程转化成下鞅序列, 用下鞅理论证明了EGA的全局收敛性. 基于下鞅收敛定理, 获得了使EGA满足几乎处处收敛的充分条件; 研究了它的收敛速度与遗传操作参数的关系; 计算了EGA寻优到全局最优解所需的最大进化代数. 提高收敛速度是改善寻优算法实时性的重要条件, 由于交叉、变异和选择概率 $p_c, p_m$ 和 $p_s$ 对算法演化过程互相影响, 而增大初始种群最佳个体适应值是加速算法收敛的有效途径; 在寻优过程后期, 通过提高 $p_c, p_m$ 和 $p_s$ 可以加快求解过程. 用鞅理论取代传统的Markov chain理论分析GA收敛性, 避开了求解转移矩阵及特征值的复杂性, 而且鞅理论分析方法不依赖染色体的编码形式, 具有独特的优势, 值得深入研究<sup>[9, 11]</sup>.

## 参考文献(References):

- [1] SUZUKI J. Markov chain analysis on simple genetic algorithm[J]. *IEEE Transactions on System, Man, and Cybernetics*, 1995, 25(4): 655 – 659.
- [2] RUDOLPH G. Convergence analysis of canonical genetic algorithm[J]. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 1994, 5(1): 96 – 101.
- [3] RUDOLPH G. Convergence of non-elitist strategies[C] //Proceedings of the 1st IEEE World Congress on Computational Intelligence. Orlando, America: IEEE, 1994: 63 – 66.

- [4] GUO G Q, YU S Y. Using Markov chain of the best individual to analyze convergence of genetic algorithms[C] //Proceedings of the 3rd World Congress on Intelligent Control and Automation. Hefei, China: IEEE, 2000: 512 – 515.
- [5] 喻寿益, 郭观七. 遗传算法的平均收敛速度及其估计[J]. 控制理论与应用, 2003, 20(3): 467 – 469.  
(YU Shouyi, GUO Guanqi. Estimating average convergence velocity of genetic algorithms[J]. *Control Theory & Applications*, 2003, 20(3): 467 – 469.)
- [6] TARANENKO A, VESET A. An elitist genetic algorithm for the maximum independent set problem[C] //Proceedings of the 23rd International Conference on Information Technology Interfaces. Pula, Croatia: IEEE, 2001: 373 – 378.
- [7] 徐宗本, 聂赞坎, 张文修. 遗传算法的几乎必然强收敛性-鞅方法[J]. 计算机学报, 2002, 25(8): 785 – 793.  
(XU Zongben, NIE Zankan, ZHANG Wenxiu. Almost sure convergence of genetic algorithms: a martingale approach[J]. *Chinese Journal of Computers*, 2002, 25(8): 785 – 793.)
- [8] 李宏, 焦永昌, 张莉, 等. 一种求解全局优化问题的新混合遗传算法[J]. 控制理论与应用, 2007, 24(3): 343 – 348.  
(LI Hong, JIAO Yongchang, ZHANG Li, et al. Novel hybrid genetic algorithm for global optimization problems[J]. *Control Theory & Applications*, 2007, 24(3): 343 – 348.)
- [9] 徐宗本, 聂赞坎, 张文修. 父代种群参与竞争遗传算法几乎必然收敛[J]. 应用数学学报, 2002, 25(1): 167 – 175.  
(XU Zongben, NIE Zankan, ZHANG Wenxiu. Almost sure strong convergence of a class of genetic algorithms with parent-offspring competition[J]. *Acta Mathematicae Applicatae Sinica*, 2002, 25(1): 167 – 175.)
- [10] 王霞, 周国标. 遗传算法收敛率的下鞅分析[J]. 应用数学, 2003, 16(4): 130 – 135.  
(WANG Xia, ZHOU Guobiao. Submartigale analysis of convergence rate genetic algorithm[J]. *Mathematica Applicata*, 2003, 16(4): 130 – 135.)
- [11] 罗小平, 韦巍. 生物免疫遗传算法的几乎处处收敛性分析及收敛速度估计[J]. 电子学报, 2005, 33(10): 1803 – 1807.  
(LUO Xiaoping, WEI Wei. The analysis on strong convergence(a.s)and convergence rate estimate of immune genetic algorithm[J]. *Acta Electronica Sinica*, 2005, 33(10): 1803 – 1807.)
- [12] DOOB J L. *Measure Theory*[M]. New York: Springer-Verlag, 1994.
- [13] 刘习春, 喻寿益. 局部快速微调遗传算法[J]. 计算机学报, 2006, 29(1): 100 – 105.  
(LIU Xichun, YU Shouyi. A genetic algorithm with fast local adjustment[J]. *Chinese Journal of Computers*, 2006, 29(1): 100 – 105.)
- [14] 熊伟清, 刘明达, 魏平. 遗传算法的基因定位算子[J]. 控制理论与应用, 2005, 22(3): 491 – 494.  
(XIONG Weiqing, LIU Mingda, WEI Ping. Gene-orientation operator for genetic algorithm[J]. *Control Theory & Applications*, 2005, 22(3): 491 – 494.)

### 作者简介:

**喻寿益** (1940—), 男, 教授, 研究领域为自适应控制、计算机过程控制和进化理论计算等;

**邝溯琼** (1984—), 女, 硕士研究生, 研究领域为进化计算理论,  
E-mail: ksq56@sohu.com.