

重组的遗传漂移分析*

郭观七^{1,2+}, 喻寿益¹

¹(中南大学 信息科学与工程学院, 湖南 长沙 410083)

²(湖南理工学院 机械与电气工程系, 湖南 岳阳 414000)

Genetic Drift Analysis of Recombination

GUO Guan-Qi^{1,2+}, YU Shou-Yi¹

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

²(Department of Mechanical and Electrical Engineering, Hu'nan Institute of Science and Technology, Yueyang 414000, China)

+ Corresponding author: Phn: 86-730-8844171, Fax: 86-730-8847048, E-mail: guanqi_guo@hotmail.com

<http://www.csu.edu.cn>

Received 2002-10-08; Accepted 2003-03-28

Guo GQ, Yu SY. Genetic drift analysis of recombination. *Journal of Software*, 2003,14(11):1875~1881.

<http://www.jos.org.cn/1000-9825/14/1875.htm>

Abstract: Genetic drift in evolutionary computation, which results from the selection pressure, sampling error and recombination, drives the population to converge to a single individual uniformly, thus causing premature stagnation or losing alternative global or local optima. For multi-parent diagonal crossover and scanning crossover are generalizations of the various conventional crossover and recombination operators, genetic drift from which is analyzed theoretically in this paper. By analyzing the frequency of the dominant allele, it is strictly proved that multi-parent diagonal crossover and uniform scanning crossover do not cause a genetic drift, but multi-parent occurrence-based scanning crossover induces a strong genetic drift that augments with the increasing of the number of parents. The simulant genetic optimization shows that the genetic drift induced by multi-parent occurrence-based scanning crossover reduces both the population diversity and the convergence rate, thus deteriorating the performance of an evolutionary search.

Key words: evolutionary algorithm; genetic drift; recombination

摘要: 进化计算中存在的遗传漂移现象导致种群均匀地收敛于单一个体,产生早熟收敛或丢失可选的全局(或局部)最优解.遗传漂移起源于选择压、选择的采样误差和重组算子的作用.多父代重组算子是多种交叉和重组算子的广义化.以多父代重组算子为对象,研究重组的遗传漂移现象.通过基因频率分析,严格地证明多父代对角交叉和均匀扫描交叉不会引起遗传漂移,但基于基因出现频率的多父代扫描交叉导致遗传漂移,其程度随重组规模的增加而加剧.应用基于基因出现频率的多父代扫描交叉的仿真遗传优化实验的数据表明,重组的遗传

* Supported by the National Natural Science Foundation of China under Grant Nos.50275170, 59835170 (国家自然科学基金); the Science Research Foundation of Education Office of Hu'nan Province of China under Grant No.2002A052 (湖南省教育厅科学研究基金)

第一作者简介: 郭观七(1963—),男,湖南岳阳人,博士,副教授,主要研究领域为进化算法,自适应控制,人工智能.

漂移不但导致种群多样度的急剧下降,而且降低了进化搜索的收敛速度,从而降低了进化搜索的性能。

关键词: 进化算法;遗传漂移;重组

中图法分类号: TP18 文献标识码: A

有性繁殖是自然生物进化的普遍现象,模拟这一自然进化现象,进化算法使用重组算子组合不同父代个体的遗传信息(基因)生成可能的优良个体.取决于目标问题的特性和候选解的表示方法,研究者们提出了大量的重组算子,例如,一点交叉、两点或多点交叉、均匀交叉、离散重组、中间重组等.近年来,组合多个父代个体的遗传信息已成为一种常用的重组技术.

在重组算子的理论研究方面,Beyer^[1]针对球函数分析了全局重组算子的收敛速度,章珂等人^[2]针对二进制编码的遗传算法分析了交叉位置的选取对搜索性能的影响,张文修等人^[3]分析了遗传算法交叉算子的几何性质.迄今为止,重组算子的作用机制和理论分析仍然是进化算法理论研究的最薄弱环节之一.遗传算法学派基于模式定理和积木块假设^[4]强调重组算子的优点,进化策略学派则基于遗传修复假设^[5]应用重组算子.

遗传漂移是指种群均匀地收敛于单一个体的趋势,其起因来自于选择压、采样误差和基因重组等因素的影响.近年来,进化计算中存在的遗传漂移现象已受到研究者们^[6-8]的关注.由于广义多父代重组算子是多种常用交叉或重组算子的一般化,本文以此为研究对象,应用基因频率分析方法解析地分析不同重组算子的遗传漂移现象,应用仿真优化验证重组的遗传漂移对进化搜索性能的影响,为重组算子的设计和应用提供理论和实验依据.

1 广义多父代重组

重组被广泛地应用于遗传算法和进化策略中,是重要的搜索算子.除了传统的一点交叉、多点交叉、均匀交叉、离散重组、中间重组以外,近年来,多父代重组已成为一种常用的重组技术.由 Eiben^[9]提出的多父代对角交叉和扫描交叉是多父代重组技术的典型代表.

对角交叉.将 r (重组规模)个父代个体中每一个个体以完全相同的方式分割成 r 个子段,沿对角线方向从各个体中选取一个子段构造一个子代个体, $r \times r$ 个子段总可以构造 r 个子代个体,为方便起见,将这种交叉称为对称对角交叉(symmetric diagonal crossover,简称 SDC).如果 r 个父代仅构造一个子代,则称其为非对称对角交叉(asymmetric diagonal crossover,简称 ADC).显然, $r=2$ 的 SDC 等价于标准的一点交叉,从某种意义上说,它也是 2 父代多点交叉的广义化.

扫描交叉.设 x^1, x^2, \dots, x^r 表示父代个体, x 表示新生子代个体,个体的编码长度为 L (实数编码下表示目标变量的维数),扫描交叉的算法可用下列伪代码描述:

Algorithm SC

```
{
  initialize position markers as  $i_1=i_2=\dots=i_r=1$ ;
  for  $i=1$  to  $L$ 
  {
    choose  $j$  from  $1, \dots, r$ ;
    let  $i$ th allele of  $x$  be the  $i_j$ th allele of parent  $j$ ;
    update position markers;
  }
}
```

该算法仅定义了扫描交叉的一般框架,其实现取决于 j 的选择方法和位置标记的更新方法.最简单的实现可以是 j 取区间 $[1, r]$ 上的均匀随机整数,并令 $i_j=(i-1)_j+1$.扫描交叉不仅适用于二进制、整数和实数编码表示,也适用于组合优化中的有序表示.例如,如果个体的表示是一个排列,可令

$$i_j = \min \{k \mid k > (i-1)_j, x_k^j \notin \{x_1, \dots, x_{(i-1)_j}\}\},$$

这样,可确保子代个体的当前位基因取第 j 个父代个体的一位尚未在子代个体中出现的基因,从而保证子代个

体的表示仍然是一个排列.

采用不同方法确定当前位基因的值,可形成不同的扫描交叉算子.基于基因出现频率的扫描交叉(occurrence based scanning crossover,简称 OSC),将当前基因的值设置为父代个体相应基因座上出现频率最高的基因值,当出现频率相同时,则随机地取任意父代个体的基因值.均匀扫描交叉(uniform scanning crossover,简称 USC)随机地取任意父代个体的基因值,因此, r 个父代个体以相同的概率捐献基因.基于适应值的扫描交叉(fitness based scanning crossover,简称 FSC)按与父代个体的适应值成比例的方法确定子代个体的基因值.可见, $r=2$ 的 USC 等价于遗传算法的均匀交叉算子;在实数编码情况下, $r=\mu$ (μ 表示种群规模)的 USC 等价于进化策略的全局离散重组.

2 基因频率分析

重组的操作对象为基因.重组可能导致等位基因座(locus)上某基因值(allele)出现的频率增加或减少,也就是说,重组可能引起基因的漂移.一旦某基因值从等位基因座上消失,只能依赖变异算子来恢复,因此,变异是基因漂移的反作用力.虽然选择引起个体数量的变化,个体数量的变化也意味着基因频率的改变,但由选择引起的遗传漂移已在文献[8]中有所分析.为简单起见,本文不考虑选择和变异算子的影响,应用基因频率分析方法研究二进制编码下重组算子的遗传漂移现象.在进行重组算子的漂移分析之前,需要定义下列术语:

多数基因(dominant allele):某基因座上出现频率最高的基因值,其出现频率记为 p ,其他基因值则为少数基因,其出现频率记为 $q=1-p$.

遗传漂移(genetic drift):如果重组算子引起子代种群中某基因座上的多数基因频率增加,即 $p_{t+1}>p_t$,则称该重组算子导致基因漂移或遗传漂移.这里, t 表示进化过程的代序列数.

下面分 3 种情况分析广义多父代重组算子的漂移现象,并研究重组规模对漂移速度的影响.

2.1 对称对角交叉

SDC 虽然对随机选择的多个父代个体的基因段进行重组,但由于子代个体的数量与父代个体的数量完全相同,重组后,每个父代个体的等位基因一定在某个子代的相同基因座上出现,因此,重组不改变任何等位基因的频率,不会导致基因漂移.

2.2 非对称对角交叉和均匀扫描交叉

ADC 虽然重组多个父代个体的基因段创建一个子代个体,但由于父代个体的选取是随机事件,子代个体的基因段到底取自哪一个父代也是随机事件,就子代个体的单个基因座而言,多数基因的出现频率完全等价于 USC 的情况,可以用相同的方法进行分析.

定理 1. 在应用 ADC 或 USC 时,对任意基因座上的某个等位基因, $t+1$ 时刻的基因频率 p_{t+1} 等于该基因 t 时刻的基因频率 p_t ,ADC 和 USC 不引起遗传漂移.

证明:已知重组规模为 r ,那么,基因座上某等位基因 $t+1$ 时刻的基因频率 p_{t+1} 为

$$p_{t+1} = \sum_{i=0}^r \frac{i}{r} C_r^i p_t^i (1-p_t)^{r-i}, \quad (1)$$

其中, C_r^i 表示 r 个父代个体中某基因座上出现 i 个该基因的组合数, $p_t^i (1-p_t)^{r-i}$ 表示一个组合中出现 i 个该基因的概率, $\frac{i}{r}$ 表示包含该基因的一个父代个体捐献该基因的概率,求和符号表示对一切可能的 i 值计算累计概率.

对于 $i=0$, $\frac{i}{r}=0$,并注意当 $i \geq 1$ 时, $\frac{i}{r} C_r^i = C_{r-1}^{i-1}$,式(1)可改写为

$$p_{t+1} = p_t \sum_{i=1}^r C_{r-1}^{i-1} p_t^{i-1} (1-p_t)^{(r-1)-(i-1)}. \quad (2)$$

令 $j=i-1$,可得

$$p_{t+1} = p_t \sum_{j=0}^{r-1} C_{r-1}^j p_t^j (1-p_t)^{(r-1)-j} = p_t (p_t + (1-p_t))^{r-1} = p_t. \quad (3)$$

定理 1 得证. \square

虽然 ADC 和 USC 均不导致遗传漂移,但这并不意味着它们是完全等价的重组算子,因为 ADC 重组父代个体的基因块,似乎更符合模式定理和积木块假设.关于二者对遗传算法性能的影响,已超出本文的范围,有待进一步研究.

2.3 基于基因出现频率的扫描交叉

在二进制编码下,多数基因的频率定义域为 $[0.5, 1)$.定义域左边为闭区间的原因是考虑到种群规模为偶数的情况,右边为开区间是考虑到当多数基因的频率为 1 时,漂移将停止.令 t 时刻某基因座上多数基因的频率为 $p_t, p_t \in [0.5, 1)$,那么, $t+1$ 时刻的多数基因频率 p_{t+1} 可分为当 r 为奇、偶数两种情况来计算.

考虑 r 为奇数的情况,为简便和直观起见,令 $r=2m+1$,此处, $m \geq 1$.那么,

$$p_{t+1} = \sum_{i=m+1}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i}, \quad (4)$$

上式中等号右边的求和符号表示 r 个父代个体中至少出现 $m+1$ 个多数基因的累计概率.令

$$\Delta(m, p) = p_{t+1} - p_t = \sum_{i=m+1}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} - p, \quad (5)$$

可得到下面的定理.

定理 2. 当重组规模为奇数,即 $r=2m+1$ 时,对一切 $m \geq 1$ 和 $p \in [0.5, 1)$,都有

$$\Delta(m, p) \geq 0. \quad (6)$$

当且仅当 $p=0.5$ 时, $\Delta(m, p)=0$ 才成立.

证明:应用归纳法.当 $m=1, p \in [0.5, 1)$ 时,

$$\Delta(1, p) = \sum_{i=2}^3 C_3^i p^i (1-p)^{3-i} - p = -2p^3 + 3p^2 - p = 2p(1-p)(p-0.5). \quad (7)$$

显然,当 $p=0.5$ 时, $\Delta(1, p)=0$; 当 $p \notin (0.5, 1)$ 时, $\Delta(1, p) > 0$, 式(6)成立.

当 $m > 1$ 时,假设式(6)成立.当 $r=2(m+1)+1$ 时,先从 $2m+1$ 个基因中确定多数基因,然后再从另外两个基因中确定多数基因.因此,从 $2m+3$ 个基因中计算多数基因频率等于计算下列概率之和:

- (1) $2m+1$ 个基因中至少包含 $m+2$ 个多数基因的概率;
- (2) $2m+1$ 个基因中仅包含 $m+1$ 个多数基因,另外两个基因中至少包含 1 个多数基因的概率;
- (3) $2m+1$ 个基因中仅包含 m 个多数基因,另外两个基因均为多数基因的概率.

于是可得

$$\begin{aligned} \Delta(m+1, p) &= \sum_{i=(m+1)+1}^{2(m+1)+1} C_{2(m+1)+1}^i p^i (1-p)^{2(m+1)+1-i} - p \\ &= \sum_{i=m+2}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} + C_{2m+1}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^m [p^2 + 2p(1-p)] + C_{2m+1}^m p^m (1-p)^{m+1} p^2 - p. \end{aligned}$$

因为 $C_{2m+1}^m = C_{2m+1}^{m+1}$, $p^m (1-p)^{m+1} p^2 = p^{m+1} (1-p)^m p(1-p)$, 合并中间两项之和后可得

$$\Delta(m+1, p) = \sum_{i=m+2}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} + C_{2m+1}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^m [p^2 + 2p(1-p) + p(1-p)] - p.$$

又因为 $p \in [0.5, 1)$, $[p^2 + 2p(1-p) + p(1-p)] \geq [p^2 + 2p(1-p) + (1-p)^2] = [p + (1-p)]^2 = 1$, 所以,

$$\begin{aligned} \Delta(m+1, p) &\geq \sum_{i=m+2}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} + C_{2m+1}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^m - p \\ &= \sum_{i=m+1}^{2m+1} C_{2m+1}^i p^i (1-p)^{2m+1-i} - p = \Delta(m, p). \end{aligned} \quad (8)$$

由归纳法,式(6)成立,定理 2 得证. \square

当 r 为偶数时,令 $r=2m, m \geq 1$,考虑到 $2m$ 个父代基因中两种基因出现次数可能相同的情况,式(4)和式(5)的定义分别为

$$p_{t+1} = \frac{1}{2} C_{2m}^m p^m (1-p)^m + \sum_{i=m+1}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i}, \quad (9)$$

$$\Delta(m, p) = \frac{1}{2} C_{2m}^m p^m (1-p)^m + \sum_{i=m+1}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i} - p. \quad (10)$$

定理 3. 当重组规模为偶数,即 $r=2m$ 时,对一切 $m \geq 1$ 和 $p \in [0.5, 1)$, 都有

$$\Delta(m, p) \geq 0. \quad (11)$$

当且仅当 $m=1$ 或 $p=0.5$ 时, $\Delta(m, p)=0$ 才成立.

证明:应用归纳法.当 $m=1$ 时, $\Delta(m, p)=p(1-p)+p^2-p=0$, 式(11)成立.

当 $m=2$ 时,

$$\begin{aligned} \Delta(2, p) &= \frac{1}{2} C_4^2 p^2 (1-p)^2 + \sum_{i=3}^4 C_4^i p^i (1-p)^{4-i} - p \\ &= -2p^3 + 3p^2 - p = 2p(1-p)(p-0.5). \end{aligned} \quad (12)$$

显然,当 $p=0.5$ 时, $\Delta(2, p)=0$; 当 $p \in (0.5, 1)$ 时, $\Delta(2, p) > 0$, 式(11)成立.

当 $m > 2$ 时,假设式(11)成立.当 $r=2(m+1)$ 时,按照定理 2 的证明方法可得

$$\begin{aligned} \Delta(m+1, p) &= \frac{1}{2} C_{2(m+1)}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m+1} + \sum_{i=(m+1)+1}^{2(m+1)} C_{2(m+1)}^i p^i (1-p)^{2(m+1)-i} - p \\ &= \frac{1}{2} C_{2(m+1)}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m+1} + \sum_{i=m+2}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i} + C_{2m}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m-1} [p^2 + 2p(1-p)] + C_{2m}^m p^m (1-p)^m p^2 - p \\ &> \sum_{i=m+2}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i} + C_{2m}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m-1} [p^2 + 2p(1-p) + p(1-p)] - p \\ &> \sum_{i=m+2}^{2m} C_{2m}^i p^i (1-p)^{2m-i} + C_{2m}^{m+1} p^{m+1} (1-p)^{m-1} - p = \Delta(m, p). \end{aligned}$$

由归纳法,式(11)成立,定理 3 得证. \square

综合定理 2 和定理 3 的内容,可得出下列推论:

推论 1. 当重组规模为 2 时,OSC 不会引起遗传漂移.

证明:由定理 3 的证明过程可知,当 $m=1$ 时, $\Delta(m, p) \equiv 0$. 根据遗传漂移的定义,推论 1 成立. \square

推论 2. 当重组规模大于 2,且 $p \in (0.5, 1)$ 时,OSC 导致遗传漂移.

证明:因为当 $p \in (0.5, 1)$ 时,对于一切 $r \geq 3 (m \geq 1)$ 的奇数或 $r \geq 4 (m \geq 2)$ 的偶数重组规模,都有

$$\Delta(m, p) > 0 \Rightarrow p_{t+1} - p_t \geq 0 \Rightarrow p_{t+1} > p_t,$$

根据遗传漂移的定义,推论 2 成立. \square

当 $p=0.5$ 时,虽然从理论的角度讲,OSC 不改变基因频率,但由于实际的种群规模和重组规模都有限,随机采样误差将会破坏 $p=0.5$ 的平衡态,从而导致不确定的漂移方向.

推论 3. 当 $p \in (0.5, 1)$ 时,重组规模越大,遗传漂移速度就越快.

证明:由定理 2 和定理 3 的证明过程可知,因为当 $p \in (0.5, 1)$ 时,对于一切 $r \geq 3 (m \geq 1)$ 的奇数或 $r \geq 4 (m \geq 2)$ 的偶数,都有 $\Delta(m+1, p) > \Delta(m, p)$ 成立,根据 $\Delta(m, p)$ 的定义和物理意义,推论 3 成立. \square

当种群规模为 100,应用 OSC 时实测的多数基因频率动态曲线(运行 20 次的平均值)与按式(4)和式(9)计算的曲线几乎完全吻合,验证了理论分析的正确性,限于篇幅,其具体数据和曲线图在此不再赘述.

3 OSC 的应用效果

上节的理论分析并未涉及重组的漂移现象对遗传算法性能的影响.本节通过仿真优化实例来说明 OSC 的

遗传漂移对遗传算法性能的影响.选择下列典型人工函数作为测试平台:

$$f_1(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^{10} x_i^2, -40 \leq x_i \leq 60;$$

$$f_2(\mathbf{x}) = 1 + \sum_{i=1}^2 \frac{x_i^2}{800} - \prod_{i=1}^2 \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right), -512 \leq x_1, x_2 \leq 511;$$

$$f_3(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^{10} (A_i - B_i)^2, A_i = \sum_{j=1}^n (a_{ij} \sin \alpha_j + b_{ij} \cos \alpha_j), B_i = \sum_{j=1}^{10} (a_{ij} \sin x_j + b_{ij} \cos x_j), x_j, \alpha_j \in [-\pi, \pi].$$

f_1 称为球模型,为单峰函数的典型代表; f_2 称为广义 Griewangk 函数,其全局单峰结构受余弦函数的调制,具有非线性不可分特点; f_3 称为 Fletcher-Power 函数, a_{ij}, b_{ij} 是区间[100,100]上的随机整数,其全局最小值随随机数 α_j 的变化而变化,该函数模拟了工程上的回归问题,具有广泛的工程背景.

对于上述测试函数,分别应用两点交叉和 OSC 的遗传算法进行优化.为了便于观察重组规模的取值对种群多样度的影响,实验算法采用 $\eta=1.05$ 的线性排序选择,以降低选择的遗传漂移.其他参数的设置为:种群规模 $\mu=100$,目标变量的编码长度等于 $10 \times$ 维数,变异概率取编码长度的倒数,两点交叉的概率等于 1.种群多样度定义为

$$d = \frac{n_i - 1}{\mu - 1},$$

其中, n_i 表示个体 i 在种群中的样本数.

对每个函数,每种算法各进行 10 次独立的优化,每次优化完成 100 000 次函数评估.10 次运行后总的最佳目标函数值 f_{best} 、平均最佳目标函数值 f_{avg} 和平均种群多样度 d 见表 1.

Table 1 Performance comparison of two points crossover and OSC

表 1 两点交叉和 OSC 的性能比较

Algorithm	f_1			f_2			f_3			
	f_{avg}	f_{best}	d	f_{avg}	f_{best}	d	f_{avg}	f_{best}	d	
Two points crossover	51	9	1.00	1	1	1.00	4 191	863	1.00	
Size of recombination	3	215	57	9	5	1.00	1.00	12 839	4 845	1.00
	5	1 969	1 154	54	26	0.60	0.50	63 748	12 356	0.61
	7	2 546	1 669	65	34	0.55	0.44	70 215	25 572	0.60

表 1 的数据表明,OSC 遗传算法的优化效果明显地不如两点交叉的遗传算法.随着重组规模的增加,OSC 引起的基因漂移导致种群多样度下降.平均种群多样度变化的动态数据表明,对于重组规模大于 3 的 OSC,大约只需 1 代的时间,种群多样度即下降至表中数据所示的水平,但由于变异的作用,进一步下降的趋势将被抑制.另一方面,由于 OSC 独立地重组各基因座上的等位基因,不能有效地利用优良积木块的构造作用,在一定程度上造成了对优良积木块的破坏,因此,难以产生有效的搜索.

4 结 语

本文通过基因频率分析了广义多父代重组算子的遗传漂移现象,严格证明了 SDC,ADC,USC 等算子不会导致基因级的遗传漂移,但 OSC 引起强烈的遗传漂移,其程度随重组规模的增加而加剧.应用 OSC 的仿真优化实验表明,不同于选择所导致的遗传漂移,OSC 的遗传漂移不能提高局部搜索速度,反而会产生降低种群多样度的消极效果.

虽然提高优良个体的选择概率有可能部分地抵消 OSC 所引起的基因漂移,但增加了选择自身的遗传漂移.因为 OSC 对独立的基因座进行重组,不同基因座的多数基因频率相互独立,对每个基因座采用不同的变异概率并自适应地调整变异概率可能是克服基因漂移的有效方法,但这种措施并不能减少 OSC 对优良积木块的破坏性.因此,OSC 所引起的遗传漂移和破坏力对进化搜索的不利影响是难以克服的.

References:

- [1] Beyer HG. Toward a theory of evolution strategies: On the benefits of sex—the (μ, λ) theory. *Evolutionary Computation*, 1995,3(1):81~111.

- [2] Zhang K, Liu GZ. Selecting crossover site with unequal probability in genetic algorithms. *Information and Control*, 1997,26(1): 53~60 (in Chinese with English abstract).
- [3] Zhang WX, Leung Y. *Mathematical Foundation of Genetic Algorithms*. Xi'an: Xi'an Jiaotong University Press, 2000 (in Chinese).
- [4] Holland JH. Building blocks, cohort genetic algorithms, and hyperplane-defined functions. *Evolutionary Computation*, 2000,8(4): 373~391.
- [5] Beyer HG. *The Theory of Evolution Strategies*. Berlin: Springer-Verlag, 2001.
- [6] Rogers A, Prügel-Bennett A. Genetic drift in genetic algorithm selection schemes. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 1999,3(4):298~303.
- [7] Mahfoud SW. Genetic drift in sharing Methods. In: *Proceedings of the 1st IEEE Conference on Evolutionary Computation*. New York: IEEE Service Center, 1994. 67~72. <ftp://ftp-illgal.ge.uiuc.edu/pub/papers/Publications/Mahfoud/share.ps.z>.
- [8] Guo GQ. Analysis and suppressing methods of genetic drift in evolutionary computation [Ph.D. Thesis]. Changsha: Central South University, 2003 (in Chinese with English abstract).
- [9] Eiben AE. Multi-Parent recombination. In: Bäck T, Fogel DB, Michalewicz Z, eds. *Evolutionary Computation I, Basic Algorithms and Operators*. Bristol: Institute of Physics Publishing, 2000. 289~307. <http://www.cs.vu.nl/~gusz/papers/Handbook-Multiparent-Eiben.ps>.

附中文参考文献:

- [2] 章珂,刘贵忠.交叉位置非等概率选取的遗传算法.信息与控制,1997,26(1):53~60.
- [3] 张文修,梁怡.遗传算法的数学基础.西安:西安交通大学出版社,2000.
- [8] 郭观七.进化计算的遗传漂移分析与抑制技术[博士学位论文].长沙:中南大学,2003.