

## 量子克隆多播路由算法\*

李阳阳<sup>+</sup>, 焦李成

(西安电子科技大学 电子工程学院 智能信息处理研究所, 陕西 西安 710071)

### Quantum Clonal Algorithm for Multicast Routing Problem

LI Yang-Yang<sup>+</sup>, JIAO Li-Cheng

(Institute of Intelligent Information Processing, School of Electronic Engineering, Xidian University, Xi'an 710071, China)

+ Corresponding author: Phn: +86-29-88209788, Fax: +86-29-88201023, E-mail: lyy\_791@yahoo.com.cn

**Li YY, Jiao LC. Quantum clonal algorithm for multicast routing problem. Journal of Software, 2007,18(9): 2063-2069.** <http://www.jos.org.cn/1000-9825/18/2063.htm>

**Abstract:** The bounded shortest multicast algorithm (BSMA) is believed the best constrained multicast algorithm. However, the large computation time restricts its application. As a global optimizing algorithm, genetic algorithm (GA) is applied to solve the problem of multicast more and more. GA has more powerful searching ability than traditional algorithm, however its property of "prematurity" makes it difficult to get a good multicast tree. A quantum clonal algorithm (QCA) to deal with multicast routing problem is presented in this paper, which saliently solves the "prematurity" problem in Genetic based multicast algorithm. Furthermore, the algorithm is accelerated by using quantum crossover. The algorithm has the property of simple realization and flexible control. The simulation results show that QCA has a better performance than BSMA and traditional GA.

**Key words:** multicast routing; bounded shortest multicast algorithm; clonal operator; quantum crossover; delay constrained

**摘要:** BSMA(bounded shortest multicast algorithm)被认为是最好的受限多播路由算法;然而,过长的计算时间限制了其应用.作为一种全局优化算法,遗传算法(GA)被越来越多地应用于解决多播路由问题.与传统的算法相比,遗传算法的全局搜索能力更强,但其易"早熟"的特点使它并不总是能够得到最优多播树.提出量子克隆多播路由算法,有效地解决了"遗传"多播路由算法中的"早熟"问题,量子交叉的引入,加快了算法的收敛速度.算法实现简单、控制灵活.仿真结果表明,该算法的性能优于 BSMA 算法和传统的遗传算法.

**关键词:** 多播路由;BSMA;克隆算子;量子交叉;时延限制

中图分类号: TP301 文献标识码: A

近年来,随着越来越多的时延敏感的网络应用,如视频会议、远程教学以及其他分布式多媒体应用的出现,时延受限多播路由算法也逐渐受到人们关注.研究表明,时延受限多播问题为NP完全(nondeterministic

\* Supported by the National Natural Science Foundation of China under Grant No.60372045 (国家自然科学基金); the National Basic Research Program of China under Grant No.2006CB705700 (国家重点基础研究发展计划); the National Research Foundation for the Doctoral Program of Ministry of Education of China under Grant No.20030701013 (国家教育部博士点基金)

Received 2006-11-01; Accepted 2007-01-24

polynomial complete)问题.针对这一问题,在过去几年里已经提出了很多启发式路由算法<sup>[1-3]</sup>.然而,这些算法普遍存在的问题是算法的复杂度太大,实现复杂.仿真结果表明<sup>[4]</sup>,这些算法得到的多播树费用通常较大.

除了启发式算法以外,遗传算法<sup>[5]</sup>由于良好的全局优化能力逐渐应用于求解时延受限多播路由问题.总的说来,基于遗传算法的多播路由算法可分为3大类:基于二进制码、树型编码和整数编码.Xiang等人<sup>[6]</sup>采用 $N \times N$ 的一维二进制编码机制(其中 $N$ 为网络节点数)提出了通用的遗传算法,但这种编码方式使得算法编码、解码过程复杂化,并且算法的搜索空间随网络规模的增大而急剧增大,算法效率低.Ravikumar等人<sup>[7]</sup>采用树型编码提出了求解时延受限多播路由问题的遗传算法以克服算法搜索空间大的缺点,其个体为覆盖源节点和目的节点集合的一棵子树.文献[8]根据树型编码的特点设计了适合问题求解的交叉和变异算子,分别提出了一种启发式遗传算法.为了避免父代个体交叉操作后产生不连续的Steiner树,需要设计复杂的交叉算子.王新红等人<sup>[9]</sup>提出了采用整数编码的遗传算法求解多播路由问题.该算法对目的节点进行编码,每一基因位上的整数表示从源节点到该目的节点的一条路径.这种编码方式的优点在于加快了遗传操作的速度,算法实现简单,但如果预处理后的备选路径集合庞大,则会导致算法收敛速度较慢.针对这一问题,该文采用 $k$ 最短路径算法来减少问题的规模,但未给出如何取 $k$ 值.

从多数仿真结果来看,遗传算法取得了比确定性算法更好的结果,但其易“早熟”的特性也影响了算法性能的进一步提高,特别是当搜索空间很大的时候.为此,本文提出了量子克隆多播路由算法,该算法有效地克服了早熟现象;而且通过引入量子交叉,加快了收敛速度.仿真结果表明,该算法是有效而可行的,与BSMA算法<sup>[1]</sup>和遗传算法解决同类问题相比具有更令人满意的结果.

## 1 多播路由问题描述

通常,通信网络可以被表示为一个连通图 $G(V,E)$ , $V$ 表示节点(路由器)的集合, $E$ 为任意两相邻节点 $x$ 和 $y$ 间通信链路 $(x,y)$ 的集合.对于 $\forall(x,y) \in E$ ,均有两个正实数 $d(x,y),c(x,y)$ ,分别表示链路 $(x,y)$ 的时延和费用.对于 $\forall a,b \in V$ ,则 $a$ 和 $b$ 间路径 $P(a,b)$ 的时延函数和费用函数为

$$Delay(a,b) = \sum_{(x,y) \in P(a,b)} d(x,y) \quad (1)$$

$$Cost(a,b) = \sum_{(x,y) \in P(a,b)} c(x,y) \quad (2)$$

在多媒体实时业务的QoS传输中,基于时延受限的多播路由优化问题可以表述为:给定源节点 $s$ 和目的节点集合 $D \in V - \{s\}$ ,以及寻找从源节点 $s$ 到所有目的节点 $v(v \in D)$ 的多播树 $T=(V_T,E_T)$ , $T \in G$ ,并且满足条件

$$Cost(T) = \min \left( \sum_{(x,y) \in P_T(s,v)} c(x,y) \right) \quad (3)$$

$$\sum_{(x,y) \in E_T} d(x,y) \leq \Delta, \forall v \in D \quad (4)$$

其中, $\Delta$ 为实时业务允许时延的上限值, $P_T(s,v)$ 为图 $G$ 中从源节点 $s$ 经多播树到目的节点 $v$ 的路径.

## 2 克隆算子<sup>[10]</sup>

由于遗传和免疫细胞在增殖中的基因突变,形成了免疫细胞的多样性,这些细胞的不断增殖形成了无性繁殖系,无性繁殖称为克隆.1958年,Burnet等人提出了著名的克隆选择学说,其中心思想为,抗体是天然产物,以受体的形式存在于细胞表面,抗原可与之选择性地发生反应.抗原与相应抗体受体的反应可导致细胞克隆性增殖,该群体具有相同的抗体特异性,其中,某些细胞克隆分化为抗体生成细胞,另一些形成免疫记忆细胞以参加之后的二次免疫反应.在此过程中,主要借助克隆使之激活、分化和增殖,以增加抗体的数量,通过进行免疫应答最终清除抗原.因此,克隆选择是生物体免疫系统自适应抗原刺激的动态过程,在这一过程体现出的学习、记忆、抗体多样性等生物特性正是人工免疫系统所要借鉴的.而免疫克隆算法<sup>[10]</sup>也正是基于抗体克隆选择这一生物特性而形成的一种新的人工免疫系统方法,其中的核心算子——克隆算子是由亲合度诱导的抗体随机映射,包括

了 3 个步骤,即克隆操作、免疫基因操作和免疫选择操作.抗体种群的状态转移情况可以表示成如下的随机过程:

$$A(t) \xrightarrow{\text{clone}} A'(t) \xrightarrow{\text{immune genetic operator}} A''(t) \xrightarrow{\text{selection}} A(t+1).$$

设抗体种群规模为  $N$ , 抗体种群  $A = \{a_1, a_2, \dots, a_N\}$ , 3 个主要操作具体描述如下:

克隆操作  $T_c^C$ : 设抗体群  $A$ , 其规模为  $N$ :

$$T_c^C(A) = [T_c^C(a_1), T_c^C(a_2), \dots, T_c^C(a_N)] \quad (5)$$

其中,  $T_c^C(a_i) = I_i \times a_i (i=1, 2, \dots, N)$ ,  $I_i$  为元素值为 1 的  $q_i$  维行向量,  $q_i$  为抗体  $a_i$  克隆后的规模, 一般取  $q_i$ :

$$q_i(k) = \text{Int} \left[ N_c \times \frac{D(a_i(t))}{\sum_{j=1}^N D(a_j(t))} \right], i=1, 2, \dots, N \quad (6)$$

$\text{Int}(x)$  表示大于等于  $x$  的最小整数, 而  $N_c$  是与克隆后的规模有关的设定值且满足  $N_c > N$ . 由此可见, 对单一抗体而言, 其克隆规模是依据抗体亲合度  $D(a_i(t))$  的大小自适应地调整, 即当抗体受到抗原的刺激后会根据影响的大小来决定克隆规模的多少. 克隆操作生成了单一抗体的多个镜像, 实现了个体空间的自适应扩张. 克隆之后, 种群变为

$$A' = \{A, A'_1, A'_2, \dots, A'_N\} \quad (7)$$

其中,

$$A'_i = \{a_{i1}, a_{i2}, \dots, a_{iq_i-1}\}, a_{ij} = a_i, j=1, 2, \dots, q_i-1 \quad (8)$$

免疫基因操作  $T_g^C$ : 主要包括变异操作和交叉操作. 值得注意的是, 为了保留父代种群信息, 免疫基因操作不作用于  $A \in A'$ .

免疫选择  $T_s^C$ : 是从经克隆免疫基因操作后的各自子代和相应父代中选择优秀的抗体, 从而形成新的种群, 即  $A(t+1) = T_s^C(A(t) \cup A''(t))$ , 其中  $A''(t)$  为经过免疫基因操作后的抗体种群. 具体地, 根据亲合度,  $\forall i=1, 2, \dots, N$ , 若有

$$b_j(t) = \{a_{ij}''(t) \mid \max D(a_{ij}''(t)), j=1, 2, \dots, q_i-1\} \quad (9)$$

使得

$$D(a_i(t)) < D(b_j(t)), i=1, 2, \dots, N \quad (10)$$

则

$$a_i(t+1) = b_i(t), i=1, 2, \dots, N \quad (11)$$

即用  $b_j$  代替原抗体  $a_i$ , 否则保持不变. 免疫选择完成后得到下一代抗体群  $A(t+1)$ .

### 3 量子克隆多播路由算法

#### 3.1 搜索空间动态扩展

当时延约束放宽时, 备选路径的数目很大, 因此导致算法的搜索空间过大, 减缓算法的收敛速度. 为了加速算法的收敛速度, 有必要缩小搜索空间. 下面以 Waxman 随机网络模型为基础, 生成一个节点数为 100、平均度为 4 的网络, 以 15% 的网络节点为目的节点, 随机产生 50 组源节点和目的节点, 分别求出最优多播树, 并统计最优多播树中的路径是备选路径集合中的第  $k$  条代价最小路径的概率, 结果如图 1 所示.

从图 1 可以看出, 最优多播树中的路径是备选路径集合第 1 条路径的概率为 0.524, 第 2 条的概率为 0.174, 第 3 条的概率为 0.111, 其趋势随  $k$  的增大而减小; 最优多播树中的路径是备选路径集合中的前 12 条路径的概率高达 0.98. 由此可见, 真正构成最优多播树的路径往往是备选路径集合中较小的几条, 一般取前 12 条就可以了. 所以, 利用 Dijkstra 算法来求前  $k$  条最短路径, 这样便在减少备选路径数的同时, 还可缩短计算备选路径集的时间. 但在某些情况下, 备选路径集中代价较大的路径也会出现在最优多播树中, 如图 1(a) 中有一条排在备选路径

集中第 34 条的路径出现在第 1 组源节点和目的节点的最优多播树中。

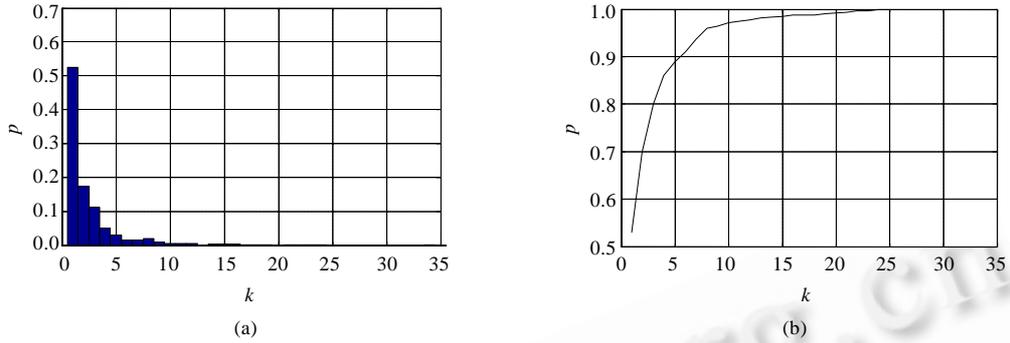


Fig.1 (a) and (b) denote the probability density and distribution of  $k$ -th minimal path

图 1 (a)和(b)分别表示第  $k$  条最小路径的概率密度和概率分布函数

为了使算法能够找到最优解,我们提出了搜索空间动态扩展法,其思想是,首先求出从目的节点到源节点的所有满足时延条件的路径,并按代价升序排序.在算法开始时只选择前  $k$  条路径,根据算法运行状况,动态扩展  $k$  值,最终扩展到整个备选路径集.详细算法见算法 1.

**算法 1.** 搜索空间动态扩展算法.

步骤 1:令  $k$  取一个较小的初始值  $k_0$ ;

步骤 2:执行量子克隆算法的一次迭代;

步骤 3:如果最优多播树连续  $m$  次保持不变,转步骤 4;否则,转步骤 2;

步骤 4:令  $k=2k$ ,转步骤 2.

根据图 1,可以容易地选择  $k_0$ ,在本文中取  $k_0=8$ .由统计结果可知,备选路径集中的前 8 条路径有 96% 是最优多播树中的路径.

### 3.2 算法描述

#### (1) 编码机制

对每个目的节点  $v \in D$ ,利用 Dijkstra 第  $k$  最短路径算法找出源节点  $s$  到目的节点  $v$  的所有满足最大时延限制  $\Delta$  的路径组成路径集,作为算法编码空间的备选路径集.设  $R_i$  表示目的节点为  $i$  路径的集合,其基数为  $\bar{x}_i$ .

**定义 1.** 一个抗体  $a$  就是多播路由优化问题的一个候选解,表达成一个多值向量:

$$a = (a_1, a_2, \dots, a_n) \in S, 1 \leq a_i \leq \bar{x}_i, 1 \leq i \leq n \quad (12)$$

其中,  $n$  为目的节点数.

#### (2) 亲合度的建立

**定义 2.** 形如式(12)抗体的亲合度  $D(a)$  等于其目标函数值的倒数,即

$$D(a) = 1 / Cost(a) \quad (13)$$

免疫选择的目的是最大化其亲合度.

#### (3) 变异算子

本文采用以概率  $p_m$  对形如式(8)的  $A_i^j$  上的抗体的每一个码位赋以随机值,且随机值的范围为  $[1, \bar{x}_i]$ .

#### (4) 量子交叉

实施量子交叉作用于子种群间,实施过程是:若抗体个数为 5,抗体长度为 8,具体操作见表 1、表 2.经过全干扰交叉操作后,种群中的抗体变化见表 2.

**Table 1** Before all interference crossover

**表 1** 全干扰交叉前

No.	Antibody							
1	A(1)	E(2)	D(3)	C(4)	B(5)	A(6)	E(7)	D(8)
2	B(1)	A(2)	E(3)	D(4)	C(5)	B(6)	A(7)	E(8)
3	C(1)	B(2)	A(3)	E(4)	D(5)	C(6)	B(7)	A(8)
4	D(1)	C(2)	B(3)	A(4)	E(5)	D(6)	C(7)	B(8)
5	E(1)	D(2)	C(3)	B(4)	A(5)	E(6)	D(7)	C(8)

**Table 2** After all interference crossover

**表 2** 全干扰交叉后

No.	Generated antibody							
1	A(1)	A(2)	A(3)	A(4)	A(5)	A(6)	A(7)	A(8)
2	B(1)	B(2)	B(3)	B(4)	B(5)	B(6)	B(7)	B(8)
3	C(1)	C(2)	C(3)	C(4)	C(5)	C(6)	C(7)	C(8)
4	D(1)	D(2)	D(3)	D(4)	D(5)	D(6)	D(7)	D(8)
5	E(1)	E(2)	E(3)	E(4)	E(5)	E(6)	E(7)	E(8)

如上所示的是一种按对角线重新排列组合的交叉方式,其中生成的一个新抗体为“A(1)-A(2)-A(3)-A(4)-A(5)-A(6)-A(7)-A(8)”,我们称这样的交叉方式为“全干扰交叉”<sup>[11]</sup>,即量子交叉.上面仅给出一种方式,我们还可以采用不同的方法产生“交叉基因位”来实施交叉.这种量子交叉可以充分利用种群中尽可能多的抗体信息,改进普通交叉的局部性与片面性.量子交叉作用在抗体种群之间,增加信息交流,克服进化后期的早熟,加快收敛,提高运算效率.

整个算法的流程见算法 2.

**算法 2.** 量子克隆算法求解多播路由问题.

步骤 1:  $t=0$ ,初始化抗体种群  $A(0)$ ,其中,  $SC$  表示为最优解连续不变的次数,设定算法参数,计算初始种群的亲合度;

步骤 2:依据亲合度和设定的抗体克隆规模,克隆操作生成  $A'(t)$ ;

步骤 3:对克隆后的子群体内部进行变异操作,生成种群  $A''(t)$ ;

步骤 4:对种群  $A''(t)$ 进行免疫选择;

步骤 5:将亲合度弱的  $T\%$ 个抗体用  $T\%$ 个亲合度强的抗体采用量子交叉操作生成的抗体来替代,形成新种群;

步骤 6:  $t=t+1$ ,计算新种群的亲合度函数保留最佳解,记录  $SC$  值:若满足终止条件,则终止计算;否则,如果  $SC=m$ ,则令  $k=2k$ ,更新  $SC$  值,回到步骤 2.

算法 2 的复杂度分为搜索备选路径的时间复杂度和利用量子克隆算法求解最优多播树的时间复杂度两部分.假设网络节点总数为  $N$ ,目的节点数为  $N_d$ ,搜索备选的时间复杂度为  $O(N_d \times N^2)$ ;利用量子克隆算法求解的时间复杂度为  $O(\text{gen} \times N_c \times N_d)$ ,其中,  $\text{gen}$  为算法迭代次数,  $N_c$  为克隆规模,因此,算法总的时间复杂度为

$$O(N_d \times N^2) + O(\text{gen} \times N_c \times N_d).$$

#### 4 仿真实验比较研究

仿真网络的生成采用了改进的Waxman随机网络模型<sup>[4]</sup>.它保证了生成网络的连通性,并保证每个节点的度数大于等于 2.在该模型中,任意两个节点  $u, v$  之间存在链路的概率为

$$p(u, v) = \beta \exp\left(-\frac{d(u, v)}{\alpha L}\right) \tag{14}$$

其中,  $d(u, v)$  为节点  $u$  到节点  $v$  的欧氏距离,  $L$  为任意节点间的最大距离,参数  $\alpha$  和  $\beta$  控制产生网络的特征,其值在  $(0, 1)$  之间,参数  $\alpha$  控制网络中短边与长边之比,  $\beta$  用来调节网络节点的平均度数,采用的网络坐标空间为  $4000\text{km} \times 4000\text{km}$ ,  $\alpha$  为 0.26,  $\beta$  为 0.4,节点的平均度数为 4,时延上限  $\Delta$  为 100.

我们以遗传算法GA<sup>[9]</sup>和BSMA<sup>[1]</sup>为比较基础,采用如下的性能指标:

$$R = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M \frac{Cost(T_{QCA})}{Cost(T_{GA/BSMA})} \quad (15)$$

其中, $M$ 表示实验次数, $R$ 值小于 1 表示QCA的平均性能优于GA和BSMA, $R$ 值变大,则说明QCA的平均性能变差.其中, $R_1$ 表示QCA与BSMA的性能比较, $R_2$ 表示QCA与GA的性能比较.实验中,QCA的参数设置如下:种群规模 $N=30$ ,克隆规模 $N_c=100$ , $p_m=0.5$ , $p_c=0.8$ , $T\%=0.5$ ;遗传算法的参数设置如下:种群规模 $N=100$ , $p_m=0.2$ , $p_c=0.6$ .同时,为了测试BSMA得到的多播树的最小费用,仿真时并不限制其替换超边的数量.

#### 4.1 算法随目的节点数增长的性能比较

用前述的网络生成算法随机生成一个节点数为 100 的网络,考察算法在不同目的节点数下的性能比较.目的节点占网络节点总数的比例为 5%~40%,每隔 5% 采样,在每个采样点上,QCA与GA和BSMA各独立运行 10 次,进化代数数为 200 代.图 2 给出了QCA与GA和BSMA比较的结果.从实验结果来看, $R_1$ 和 $R_2$ 都在 0.85 附近,这充分表明了QCA的性能优于GA和BSMA的性能.随着目的节点比例的增大, $R_1$ 和 $R_2$ 的趋势在不断变小,也说明了QCA比GA和BSMA具有更强的搜索能力.

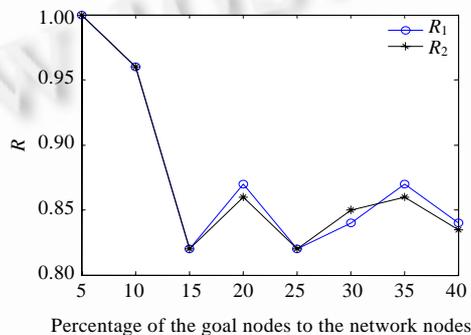


Fig.2 Percentage of QCA to GA and BSMA versus number of goal nodes

图 2 QCA 与 GA 和 BSMA 在不同目的节点数下的比较结果

#### 4.2 算法随网络节点数增长的性能比较

由于 BSMA 算法求解复杂度太高,不适用于求解大型网络的多播路由问题.因此在本节实验中,我们只考察 QCA 和 GA 的性能比较.固定目的节点占网络节点数比例为 15%,考察算法在不同网络节点数下的性能比较.网络节点数为 100~500,每隔 50 采样,在每个采样点上,QCA 和 GA 各独立运行 10 次,进化代数数为 1000 代.图 3 给出了 QCA 和 GA 比较的结果.从实验结果来看, $R$  小于 1 且比较稳定,这充分表明 QCA 比 GA 具有更优的性能和良好的扩展性.

## 5 结 论

针对进化算法在解时延受限多播路由问题出现的搜索空间过大和易陷入局部最优的缺点,本文提出了搜索空间动态扩展的量子克隆多播路由算法.该算法设计了克隆算子和量子交叉以实现全局优化的目的,并通过搜索空间动态扩展方法克服搜索空间过大的缺点.在实验中,给出了该算法与遗传算法和 BSMA 随目的节点和网络节点数增长的性能比较.结果表明,该算法比遗传算法和 BSMA 具有更强的搜索能力和更快的收敛速度,同时具有良好的扩展性.

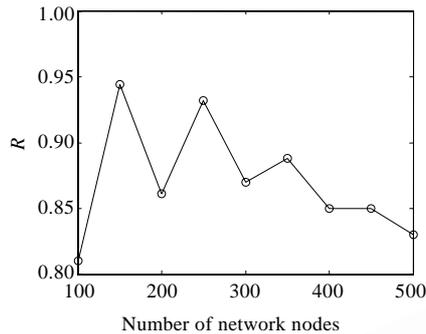


Fig.3 Comparison of QCA to GA below different number of network nodes

图3 QCA与GA在不同网络节点数下的比较结果

**References:**

- [1] Parsa M, Zhu Q, Garcia-Luna-Aceves JJ. An iterative algorithm for delay-constrained minimum-cost multicasting. *IEEE/ACM Trans. on Networking*, 1998,6(4):461-474.
- [2] Kompella VP, Pasquale JC, Polyzos GC. Multicasting for multimedia applications. In: *Proc. of the 11th Annual Joint Conf. of the IEEE Computer and Communications Societies*. Piscataway: IEEE Press, 1992. 2078-2085.
- [3] Sun Q, Langendörfer H. An efficient delay-constrained multicast routing algorithm. *Journal of High Speed Networks*, 1998,7(1): 43-55.
- [4] Salama HF, Reeves DS, Viniotis Y. Evaluation of multicast routing algorithm for real-time communication on high-speed networks. *Journal on Selected Areas in Communications*, 1997,15(3):332-345.
- [5] Chen GL, Wang XF, Zhuang ZQ, Wang DS. *Genetic Algorithm and Its Applications*. Beijing: Posts & Telecom Press, 1996 (in Chinese).
- [6] Fei X, Lou JZ, Wu JY, Gu GQ. Qos routing based on genetic algorithm. *Computer Communications*, 1999,22(15):1392-1399.
- [7] Ravikumar CP, Bajpai R. Source-Based delay-bounded multicasting in multimedia networks. *Computer Communications*, 1998,21(2):126-132.
- [8] Wang ZY, Shi BX, Zhao ED. Heuristic genetic algorithm for Qos multicast routing. *Acta Electronica Sinica*, 2001,29(2):253-256 (in Chinese with English abstract).
- [9] Wang XH, Wang GX. A multicast routing approach with delay-constrained minimum-cost based on genetic algorithm. *Journal of China Institute of Communications*, 2002,23(3):112-117 (in Chinese with English abstract).
- [10] Jiao LC, Du HF. Development and prospect of the artificial immune system. *Acta Electronica Sinica*, 2003,31(10):1540-1548 (in Chinese with English abstract).
- [11] Narayanan A, Moore M. Quantum-Inspired genetic algorithms. In: *Proc. of the Int'l Congress on Evolutionary Computation*. Piscataway: IEEE Press, 1996. 61-66.

**附中文参考文献:**

- [5] 陈国良,王煦法,庄镇泉,王东生. *遗传算法及其应用*.北京:人民邮电出版社,1996.
- [8] 王应征,石冰心,赵尔敦. QoS 组播路由的启发式遗传算法. *电子学报*, 2001,29(2):253-256.
- [9] 王新红,王光兴. 基于遗传算法的时延受限代价最小组播路由选择方法. *通信学报*, 2002,23(3):112-117.
- [10] 焦李成,杜海峰. 人工免疫系统进展与展望. *电子学报*, 2003,31(10):1540-1548.



李阳阳(1979-),女,河南开封人,博士生,主要研究领域为量子进化计算,人工免疫系统,多播路由算法。



焦李成(1959-),男,教授,博士生导师,CCF高级会员,主要研究领域为进化计算,模式识别,神经网络,子波理论,数据挖掘。