

# 新型紧致遗传算法及其性能分析

彭 军,刘 振,徐学文

(海军航空工程学院 接改装训练大队,山东 烟台 264001)

**摘 要:**针对传统紧致遗传算法收敛速度过慢及容易陷入局部极值的情况,对分布估计算法中的紧致遗传算法进行了研究,提出了一种新型的混合紧致遗传算法,系统地阐述了该算法的流程和进化机制。首先设置主种群和辅种群,通过多种群并行进化设置来加速收敛速度,并通过多个概率向量来控制算法的进化过程,当满足一定进化条件后,在主种群内进行免疫接种,以增加优良个体存活概率。设置主种群和辅种群的自适应模式交流策略,增加种群多样性,避免过早收敛。对提出的算法在收敛性以及收敛速度上进行了理论分析,证明了算法满足收敛条件,能够确保收敛,并给出了算法的收敛时间的估计。最后利用基准函数进行了函数仿真分析,结果充分验证了所提算法的正确性。

**关键词:**紧致遗传算法;概率向量;收敛性;函数仿真

**中图分类号:**TP18

**文献标识码:**A

**文章编号:**1673-629X(2015)11-0120-05

doi:10.3969/j.issn.1673-629X.2015.11.024

## Novel Compact Genetic Algorithm and Its Performance Analysis

PENG Jun, LIU Zhen, XU Xue-wen

(Training Brigade of Equipment Acceptance and Modification, Naval Aeronautical  
and Astronautical University, Yantai 264001, China)

**Abstract:** Aiming at the slow convergence speed and weak convergence performance for the compact genetic algorithm, a novel compact genetic algorithm is proposed in this paper through research of the compact genetic algorithm in distributed evaluation algorithm, the procedure and evolution mechanism is also given. Firstly, setting up primary population and secondary population, the algorithm can accelerate the convergence speed through parallel evolution in multiple population and control the evolution process by various probability vector. In the first primary population, immune vaccination is used to increase the probability of better individual, the first primary and the second population can exchange with each other adaptively in order to prevent premature and enhance the diversity. The convergence and convergence speed of the algorithm is analyzed in theory, which proves that the algorithm can converge, and the convergence time is also estimated in this paper. The simulation results of classic function prove the correctness of the algorithm.

**Key words:** compact genetic algorithm; probability vector; convergence; function simulation

## 0 引言

基本遗传算法本身存在的诸多局限,过早收敛一直都是困扰遗传算法的一个问题。进化算法成功的关键是良好的积木块能够不断成长和混合,但当待优化问题的良性积木块几乎散布在所有的染色体中时,此时遗传算法将很难寻找到最优解。因此现在主要集中于研究基于概率模型的进化算法,试图从优良解的概率分布中指导下一代个体的产生,紧致遗传算法便是一种概率模型进化算法。

传统进化算法最大的问题在于收敛速度及寻优能力存在一定的瓶颈,不能满足诸多工程应用问题的需

要,分布估计算法的提出改变了传统进化算法的进化机制。由于其局部寻优能力的增强,有效地解决了传统进化算法陷入局部极值的弊端。紧致遗传算法(Compact Genetic Algorithm, CGA)是 Harik 在伊利诺遗传算法实验室所做的研究报告中提出的一种分布估计算法<sup>[1]</sup>。在国外已经进行了较为广泛的研究<sup>[2-3]</sup>,国内也有一部分人在研究这方面<sup>[4-6]</sup>,但主要偏重于应用,对其理论分析及在军事问题中的应用还相对较少。

进化算法需要在进化过程的每一代中存储种群的信息,用以指导下一步的进化方向。紧致遗传算法则

收稿日期:2015-02-07

修回日期:2015-05-07

网络出版时间:2015-11-04

基金项目:国家自然科学基金资助项目(61174031, 60674090)

作者简介:彭 军(1968-),男,硕士,副教授,研究方向为装备综合保障与仿真技术。

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1450.TP.20151104.0949.022.html>

利用概率模型有效地减少了系统内存的开销,在每一代进化过程中产生少量对种群整体信息具有代表性的个体,来更新概率向量,指导进化的方向,因此对于求解 NP 难问题,具有较高的效率。但紧致遗传算法是一种低阶概率模型进化算法,在具有存储容量较小及速度较快等优势条件下,也势必存在一定的局限性,因此在国内外也逐步提出了一些紧致遗传算法的改进版本。

文中在广泛研究国内外文献的基础上,提出一种新型的自适应交流的紧致遗传算法,并进行了收敛性分析及函数的仿真分析。

1 CGA 及其存在的问题

紧致遗传算法将种群的染色体看作概率向量,概率向量的分量就是基因的取值,在向量中引入竞争机制,同一位置的基因进行竞争。

初始时设定进化向量为  $P = \{0.5, 0.5, \dots, 0.5\}$ , 然后进行两个个体之间的竞争,获胜的就前进一小步,否则相应减小。直到  $P$  为全 0 或 1,这时就形成了最优解。

$$P(k+1) = P(k) + \alpha(w(k) - l(k)) \tag{1}$$

为了阻止  $p_i$  收敛速度过快,一般设  $\alpha$  为  $1/N$ 。其中,  $N$  为染色体的长度,  $\alpha$  为控制步长,决定着概率向量的更新速度。

文献[7]对线性伪布尔  $n$  变量函数进行了严格的数学分析,给出了所有线性函数的低界和高界;文献[8]提出的分级竞争的 CGA,过大地增加了选择压力,并且一次产生过多的个体,明显违背了 CGA 的优良本质;CGA 作为一种优良分布估计算法的优势就在于其每次产生的个体较少,因而占据的存储空间较少,其次执行和计算效率较高;文献[8]提出一种利用紧致进化机制与量子进化算法相结合的新型进化算法;杨有龙<sup>[9]</sup>在国内较早地对典型紧致遗传算法的进化机制进行了分析;文献[10]提出一种基于移动平均的方法进行概率向量的更新,这就意味着在单位时窗内所产生的优良个体必须保留起来,因为增加了系统的存储开销;文献[11]提出基于精英保留的 CGA,分别为 PE-CGA 以及 NE-CGA,并得出了一些有益的理论结果,但也存在一定的问题。提出的 PE-CGA 虽然加快了收敛速度,但会在一定程度上导致选择压的增加,从而使得收敛到局部极值;提出的 NE-CGA 并没有说明参数的详细设置,带有一定的主观性。

2 新型紧致遗传算法

针对传统 CGA 存在的问题,文中提出一种伪并行模式交流 CGA。设置两个种群同时进化,并在两个种

群之间进行模式的交流,同时自适应地改变控制参数,从而实现进化的自适应,不至于收敛到局部极值。称这种 CGA 为新型 CGA (Novel CGA, NCGA), 算法流程可表示为:

(1) 初始化。产生两个种群  $Pop_1$  及  $Pop_2$ , 分别为主种群和辅种群,三个概率向量为  $p_1$ 、 $p_2$  及  $p_3$ ;

(2) 初始时刻,在主种群中产生初始个体,暂定其为精英个体,然后依据概率向量产生第二个体,让其与之竞争并更新优良个体,同时更新概率向量,在主种群中维持一个概率变量  $p_3$ ,使其存储优良个体中位置为 1 的概率。在辅种群的开始阶段,按照传统 PE-CGA 的进化策略进行进化;

(3) 当进化代数达到  $T = 0.2 * T_{max}$  后,使主种群中的优良个体  $n_e$  与依据  $p_3$  产生的个体进行接种疫苗,以一定的概率更改主种群中的优良个体,以增加种群的多样性。

接种方法为,随机选择根据  $p_3$  向量产生的个体中的某一位或几位,更改主种群的个体,并比较更改前后的适应度,如果较之前优,则保留,否则遗弃;

(4) 设置参数  $\mu, \nu$ , 其中,  $\mu < \nu, \nu$  为保留最优解的代数。设定参数  $\lambda$  用来表示当前最优解保持的代数,如果连续  $\mu$  代的最优个体都未更新,则在辅种群中增加控制参数的值,加快概率向量的收敛。与辅种群进行模式的交流,模式交流比例为:

$$\alpha = 0.1 \bullet (1 - e^{-t/t_{max}})$$

前期两个种群模式交流比例较低,为了进行全局搜索,防止陷入局部值,在后期逐步发现极值点以后,进行较多的优良模式的交流可以有效地发现极值点,并跳出局部值;

(5) 判断  $p_1$  是否收敛,是则结束,输出结果,否则继续运行。

设置两个种群,不但能够尽量地增大模式的多样性,扩大搜索空间,同时也可以有效地跳出局部极值。可以看到,辅种群中的选择压力较大,因而有利于全局的大范围搜索,而主种群中,则采用了精确搜索的方法,利用接种疫苗的方法,精确探索种群内部的良好结构,并采取优良个体非永久保留的策略,从而更有利于局部的寻优。

由于采用了具有指导性的疫苗接种策略,从而使得种群可以具备有效的指导性,依据各个优良的模式确定新的个体,在保证收敛精度的前提下,加快了收敛速度。

通过 NCGA 的进化流程,可以得到其概率向量的更新过程为:

$$p_d^{(k+1)} =$$

$$\begin{cases} p_d^k + \frac{\alpha}{2}, & \mu < \lambda < \nu \text{ 且当前位置为 1 的个体获胜} \\ p_d^k - \frac{\alpha}{2}, & \mu < \lambda < \nu \text{ 且当前位置为 0 的个体获胜} \\ p_d^k + \alpha, & 0 < \lambda < \mu \text{ 且当前位置为 1 的个体获胜} \\ p_d^k - \alpha, & 0 < \lambda < \mu \text{ 且当前位置为 0 的个体获胜} \\ p_d^k, & \text{其他} \end{cases}$$

### 3 NCGA 的收敛性分析

采用多个体的方法,可以有效降低选择的随机性,在一定的选择压下,保持多样性的同时,有效抑制了漂移现象。现在分析 CGA 多是基于其概率向量来分析其收敛性。文中从 CGA 本身的性质出发,CGA 总是依据优良个体更新概率向量,再利用更新后的概率向量产生个体,其种群转移概率依然是一个马尔可夫过程,此时可以利用标准遗传算法的分析工具,用于分析 NCGA 的收敛性<sup>[12]</sup>。

定理 1:NCGA 的概率向量  $p_d(k)$  构成一个 Markov 过程。

证明:在  $[0,1]$  区间,取  $1/N$  为步长,则  $p_d(k)$  的状态有限,又  $p_d(k)$  的状态仅与其前一时刻的状态有关,因为  $p_d(k+1)$  仅依赖于  $p_d(k)$ ,  $X(k+1)$  由  $p_d(k+1)$  决定,而  $X(k)$  由  $p_d(k)$  决定,因此  $X(k+1)$  仅由  $X(k)$  决定,因此 NCGA 为 Markov 过程。

NCGA 进化示意图见图 1。

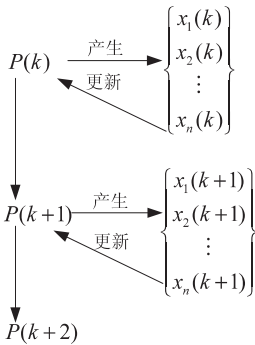


图 1 NCGA 进化示意图

对于算法的收敛有很多定义方法<sup>[13-14]</sup>,可以用达到最优值所需的最小迭代次数作为度量指标,称之为收敛时间。 $T = \min\{t; p(x^* | \xi_t^{(s)}) = 1\}$ , 这里  $x^*$  为全局最优值,  $\xi_t^{(s)}$  为第  $t$  代种群,  $p(x^* | \xi_t^{(s)})$  为在第  $t$  代产生最优值  $x^*$  的概率。除了利用收敛时间以外,首达时间也是一个经常用到的度量方法。首达时间的定义如下:  $\tau = \min\{t; x^* \in \xi_{t+1}\}$ 。其中,  $\xi_{t+1}$  为  $t+1$  代时的种群。

引理 1<sup>[15]</sup>: 首达时间的概率分布满足:

$$\forall t \geq 0, P(\tau = t) = (1 - P_t') \prod_{j=0}^{t-1} (1 - P_j')$$

其中,  $P_j'$  为第  $t$  代发现最优解的概率。

$E(T)$  表示首达时间的期望值,则:  $P(T > cT_0) \leq E(T)/cT_0$ , 当  $E(T) \leq T_0$  时,  $P(T > cT_0) \leq T_0/cT_0 = 1/c$ , 即独立地运行算法  $k$  次,至少有一次在  $cT_0$  步之前找到最优解的概率小于  $1 - 1/c$ 。

设定  $S_i (i \leq n)$  为种群的状态,由于 CGA 的基本性质,当  $i < j$  时,  $S_j$  中的种群不可能到达  $S_i$  中。整个状态空间为:  $\{S_1, S_2, \dots, S_n\}$ , 构成新的马尔可夫链,记:

$$p_{ij} = \min\{P(\vec{X}, \vec{Y}); \vec{X} \in S_i, \vec{Y} \in S_j\}$$

$P(\vec{X}, \vec{Y})$  为齐次马尔可夫链  $\{\vec{X}(n)\}$  的转移概率,

令  $p_{ii} = 1 - \sum_{j=i+1}^n p_{ij}$ ,  $(p_{ij})$  构成种群的马尔可夫链,令:

$$q_{ii} = p_{ii} + \sum_{j=i+2}^n p_{ij}, q_{i,i+1} = p_{i,i+1}$$

$$q_{i,i+k} = 0 (2 \leq k \leq n-i), q_{ij} = 0 (j < i)$$

得到了修正的马尔可夫链的齐次转移矩阵,令  $T_{ij}$  表示从  $S_i$  到  $S_j$  的首达时间,则可得到 NCGA 的首达时间为:

$$E(T) \leq \sum_{i=1}^{n-1} E(T_{i,i-1})$$

由于  $P(T_{i,i+1} = \tau) = q_{i,i+1} (1 - q_{i,i+1})^{\tau-1}$ , 因此

$$\begin{aligned} E(T_{i,i+1}) &= \sum_{\tau=1}^{\infty} q_{i,i+1} (1 - q_{i,i+1})^{\tau-1} \cdot \tau = \\ &= (-q_{i,i+1}) \left[ \sum_{\tau=1}^{\infty} (1 - q_{i,i+1})^{\tau} \right]' = \\ &= (-q_{i,i+1}) \left( \frac{1}{q_{i,i+1}} \right)' = \frac{1}{q_{i,i+1}} \\ E(T) &\leq \sum_{i=1}^{n-1} \frac{1}{q_{i,i+1}} \end{aligned} \quad (2)$$

以上对 NCGA 进行了初步分析,以下将对其到达吸收态的速度进行估计。由于  $p_d(k)$  为带有两个吸收壁的马尔可夫过程,故此时可以用 NCGA 到达吸收态的收敛概率对其收敛速度进行估计。

定理 2: 在 NCGA 中,  $\{0,1\}$  是吸收态,  $S = \{0,1\}$ , 构成一个闭集。

证明: 当概率向量  $p_d(k)$  到达 0 或 1 时,对于状态 0 和 1 来说,  $p_{00} = p_{11} = 1$ , 故为吸收态,在整个  $\{0,1\}$  构成的状态空间  $S$  中,  $p_{ij} = 0, j \notin S$  不可能超过这个区间,故构成一个闭集。

定义 1: 设随机游动  $\{X_n, n \geq 0\}$  的状态空间为  $\{0,1,\dots,n\}$ , 且一步转移概率为:

$$P = \{p_{ij}\} = \begin{cases} 1, i=j=0 \text{ 或 } i=j=n \\ p, j=i-1 \\ q, j=i+1 \\ r, j=i \\ 0, j < i-1 \text{ 或 } j > i+1 \end{cases} \quad (3)$$

其中,  $p \geq 0, q \geq 0, p + q + r = 1$ 。  
称  $\{X_n, n \geq 0\}$  为带有两个吸收壁 0 和  $n$  的随机游动。  
由于引入了自适应机制,从而扩大了搜索的空间,在未引入自适应机制之前的种群空间为  $\{0, \partial, 2\partial, \dots, 1\}$ , NCGA 的种群空间为  $\{0, \frac{\partial}{2}, \partial, \frac{3\partial}{2}, \dots, 1\}$ , NCGA 的随机游走矩阵可以表示为:

$$P = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & \cdots & & 0 \\ p_1 & r_1 & q_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & p_2 & r_2 & q_2 & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 0 & p_{n-2} & r_{n-2} & q_{n-2} & 0 \\ 0 & \cdots & & 0 & p_{n-1} & r_{n-1} & q_{n-1} \\ 0 & \cdots & & & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (4)$$

令  $Q = \{q_{ij}\}$  表示矩阵  $P$  不包含第一行及最后一行, 同时也不包含第一列及最后一列的矩阵;  $u_{i0}$  和  $u_{i1}$  分别表示从任意状态  $i \in S$  到吸收态 0 和 1 的吸收概率, 因此可以得到:

$$u_{i0} = \sum_{j \in S} q_{ij} u_{j0}, u_{i1} = 1 - u_{i0} \quad (5)$$

解方程组可得:  
 $u_{00} = u_{11} = 1, u_{10} = u_{01} = 0, u_{i1} = 1 - u_{i0}$   
 $(u_{\frac{1}{2N}0}, u_{\frac{2}{2N}0}, \dots, u_{\frac{N-1}{2N}0}) = (I - Q)^{-1} (p_{11}, p_{21}, \dots, p_{(2N)1})^T$

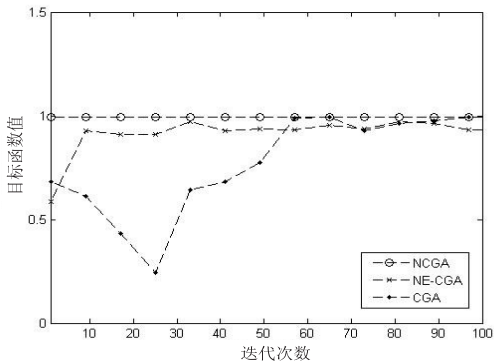
其中,  $I$  为单位矩阵。  
令  $C = (I - Q)^{-1}$ , 则从某个状态到达吸收态的速度为:  
 $T = (t_1, t_2, \dots, t_{2N-1})^T = (I - Q)^{-1} (1, 1, \dots, 1)^T$   
(6)

4 函数仿真分析

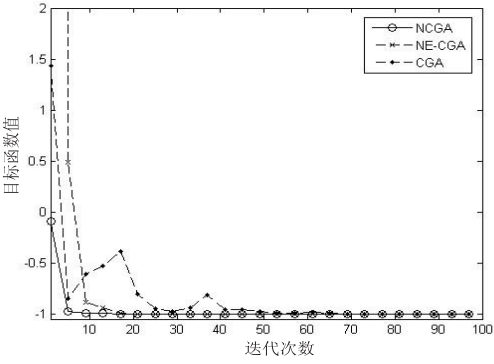
为了验证所提出的算法, 利用 Schaffer 函数及 Camel 函数对所提出的新型紧致遗传算法进行仿真分析。

- (1) Schaffer 函数。  
$$f_s(x) = \frac{\sin^2(\sqrt{\sum_{i=1}^n x_i^2})}{1.0 + 10^{-3} \bullet (\sum_{i=1}^n x_i^2)^2}, n = 2, \text{最大值为} 0.994。$$
- (2) Camel 函数。  
$$f_{ca}(x, y) = (4 - 2.1x^2 + \frac{x^4}{3})x^2 + xy + (-4 + 4y^2)y^2, -100 < x, y < 100, \text{该函数有 6 个局部极小点, 其中最小值为} -1.031\ 628。$$

设定种群规模  $Pop_1$  和  $Pop_2$  分别为 100, 迭代次数  $T_{max} = 100$ 。分别用基本的紧致遗传算法 (CGA)、文献 [11] 提出的 NE-CGA 及文中提出的 NCGA 进行仿真分析。选取某一次的典型的仿真对比结果如图 2 所示。



(a) Schaffer 函数仿真结果图



(b) Camel 函数仿真结果

图 2 仿真结果

从图 2 可以看出, 利用文中提出的 NCGA 能有效提出函数的寻优性能, 需要较少的迭代循环次数就能寻找到最优解附近, 同时所寻找的结果也更稳定。同时也注意到, 由于基本 CGA 是一种低阶概率优化算法, 在缺乏有效指导的情形下, 寻优结果较差, 甚至在某些情况下无法寻找到最优解。

为了更加充分地进行对比分析, 利用三种算法, 分别独立运行二十次, 将运行结果的均值和标准差进行对比分析, 其统计结果如表 1 所示。

表 1 仿真结果对比表

函数	算法	均值	标准差
$f_s$	CGA	$3.74 \times 10^{-1}$	$6.71 \times 10^{-1}$
	NE-CGA	$7.85 \times 10^{-2}$	$5.37 \times 10^{-3}$
	NCGA	$5.59 \times 10^{-2}$	$2.96 \times 10^{-3}$
$f_{ca}$	CGA	-0.929	$4.02 \times 10^{-1}$
	NE-CGA	-0.992	$8.45 \times 10^{-2}$
	NCGA	-1.021	$3.35 \times 10^{-2}$

从统计结果可以看出, 文中提出的 NCGA 在绝大



部分性能指标上都占有优势,显示出良好的优越性。利用 NCGA 进行函数优化所得到的函数均值,也非常接近函数的最优值,显示出良好的稳定性。

## 5 结束语

由于紧致遗传算法进化机制的优越性,已经得到越来越多的关注,文中在研究国内外紧致遗传算法的基础上,提出了一种新型的紧致遗传算法,以及该算法的详细步骤。针对紧致遗传算法收敛性及收敛速度等方面研究内容较少,文中提出了一些对其收敛性方面分析的方法。最后利用所提出的新型紧致遗传算法进行了函数的仿真分析,证明了算法的正确性。

紧致遗传算法作为一种新兴进化算法,还属于单变量低阶的概率模型进化算法,因此下一步的工作可考虑与高阶概率模型进化算法进行良好的交互和融合,提高其全局寻优性。

## 参考文献:

- [1] Harik G R, Lobo F G, Goldberg D E. The compact genetic algorithm[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 1999, 3(4): 287-297.
- [2] Amr B, Ibtehal M, Basma M, et al. Solving protein folding problem using elitism-based compact genetic algorithm[J]. Journal of Computer Science, 2008, 4(7): 525-529.
- [3] Soheil R, Hadi A, Guy V. A simple real-coded compact genetic algorithm and its application to antenna optimization[C]//Proceedings of Asia-Pacific microwave conference. [s. l.]: [s. n.], 2007.
- [4] 刘 振, 胡云安, 彭 军. 协同进化扩展紧致量子进化算法[J]. 控制与决策, 2014, 29(2): 320-326.
- [5] 叶 苗, 程小辉. 改进的紧致遗传算法求解族状旅行商问题[J]. 微电子学与计算机, 2013, 30(8): 7-12.
- [6] 宋 波. 基于紧致遗传算法的 N 次检测测试集压缩[J]. 牡丹江师范学院学报: 自然科学版, 2012, 20(3): 6-7.
- [7] Droste S. A rigorous analysis of the compact genetic algorithm for linear functions[J]. Natural Computing, 2006, 5(3): 257-283.
- [8] 刘 振, 史建国, 高晓光. 紧致遗传算法及其在武器目标分配中的应用[J]. 计算机工程与应用, 2008, 44(30): 229-231.
- [9] 杨有龙, 高晓光. 紧致遗传算法的进化机制分析[J]. 控制理论与应用, 2003, 20(3): 415-418.
- [10] Seok J H, Lee J J. A novel compact genetic algorithm using offspring survival evolutionary strategy[J]. Artificial Life and Robotics, 2009, 14(4): 489-493.
- [11] Ahn C, Ramakrishna R. Elitism-based compact genetic algorithms[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2003, 7(4): 367-385.
- [12] 张文修, 梁 怡. 遗传算法的数学基础[M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2003.
- [13] Rastegar R, Hariri A. A step forward in studying the compact genetic algorithm[J]. Evolutionary Computation, 2006, 14(3): 277-289.
- [14] Liu Z, Hu Y A. Estimation of distribution immune genetic algorithm and its convergence analysis[J]. TELKOMNIKA: Journal of Electrical Engineering, 2013, 11(1): 123-129.
- [15] Chen T S, He J, Sun G, et al. A new approach for analyzing average time complexity of population-based evolutionary algorithms on unimodal problems[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, Cybernetics, Part B: Cybernetics, 2009, 39(5): 1092-1106.

(上接第 119 页)

- [5] 郑纬民, 胡进锋, 代亚非, 等. 对等计算研究概论[J]. 中国计算机学会通讯, 2005, 7(2): 38-51.
- [6] 张景伟, 田馨铭. 利用 BT 技术设计视频点播系统[J]. 电脑知识与技术, 2009, 5(12): 3262-3264.
- [7] 王裕邦, 卢显良, 段翰聪, 等. BT 流量控制系统的设计与实现[J]. 计算机应用研究, 2007, 24(9): 214-216.
- [8] 夏辉宇, 孟令奎, 娄书荣. BitTorrent 的影像流式传输模型研究[J]. 测绘学报, 2013, 42(2): 225-232.
- [9] Cohen B. Incentives build robustness in BitTorrent[C]//Proc of workshop on economics of peer-to-peer systems. [s. l.]: [s. n.], 2003: 68-72.
- [10] Wang H, Liu J, Xu K. Measurement and enhancement of BitTorrent-based video file swarming[J]. Peer-to-Peer Networking and Applications, 2010, 3(3): 237-253.
- [11] Qiu D, Srikant R. Modeling and performance analysis of BitTorrent-like peer-to-peer networks[J]. ACM SIGCOMM Computer Communication Review, 2004, 34(4): 367-378.
- [12] Xu D, Hefeeda M, Hambrusch S, et al. On peer-to-peer media streaming[C]//Proceedings of 22nd international conference on distributed computing systems. [s. l.]: IEEE, 2002: 363-371.
- [13] 苗文健, 杨雅辉. 面向视频播放的 BT 协议下载算法的改进[J]. 计算机工程与应用, 2010, 46(18): 68-70.
- [14] 刘宏亮. BitTorrent 核心算法研究与改进[D]. 北京: 北京交通大学, 2008.

# 新型紧致遗传算法及其性能分析

作者：[彭军](#)，[刘振](#)，[徐学文](#)，[PENG Jun](#)，[LIU Zhen](#)，[XU Xue-wen](#)  
作者单位：[海军航空工程学院 接改装训练大队, 山东 烟台, 264001](#)  
刊名：[计算机技术与发展](#)[ISTIC](#)  
英文刊名：[Computer Technology and Development](#)  
年，卷(期)：2015, 25(11)

引用本文格式：[彭军](#). [刘振](#). [徐学文](#). [PENG Jun](#). [LIU Zhen](#). [XU Xue-wen](#) [新型紧致遗传算法及其性能分析](#)[期刊论文]-  
[计算机技术与发展](#) 2015(11)