

基于改进遗传算法的棉花异性纤维目标特征选择*

杨文柱^{1,2} 李道亮² 魏新华³ 康玉国⁴ 李付堂⁴

(1. 河北大学数学与计算机学院, 保定 071002; 2. 中国农业大学信息与电气工程学院, 北京 100083; 3. 江苏大学现代农业装备与技术省部共建教育部重点实验室, 镇江 212013; 4. 北京中棉机械成套设备有限公司, 北京 100089)

【摘要】 为提高基于机器视觉的棉花异性纤维在线分类的精度和速度,提出了一种基于改进遗传算法的特征选择方法。采用分段式染色体管理方案实现对多质特征空间局部化管理;利用分段交叉和变异算子避免出现无效染色体,提高搜索效率;通过自适应调整交叉和变异概率实现强搜索能力和快收敛速度的动态平衡。实验结果表明,该方法比基本遗传算法搜索能力更强、收敛速度更快,所得最优特征子集较小,更适用于棉花异性纤维在线分类。

关键词: 棉花 异性纤维 特征选择 改进遗传算法

中图分类号: TP391.41 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-1298(2010)04-0173-06

Feature Selection for Cotton Foreign Fiber Objects Based on Improved Genetic Algorithm

Yang Wenzhu^{1,2} Li Daoliang² Wei Xinhua³ Kang Yuguo⁴ Li Futang⁴

(1. College of Mathematics & Computer Science, Hebei University, Baoding 071002, China

2. College of Information and Electrical Engineering, China Agricultural University, Beijing 100083, China

3. Key Laboratory of Modern Agricultural Equipment and Technology, Ministry of Education & Jiangsu Province, Jiangsu University, Zhenjiang 212013, China

4. China Cotton Machinery & Equipment Co., Ltd., Beijing 100089, China)

Abstract

An optimal feature subset selection method based on improved genetic algorithm (IGA) was presented. A novel scheme named segmented chromosome management was adopted in IGA. This scheme encodes the chromosome in binary as a whole while separates it logically into three segments for local management. These three segments are segment *C* for color feature, segment *S* for shape feature and segment *T* for texture feature separately. A segmented crossover operator and a segmented mutation operator are designed to operate on these segments to generate new chromosomes. These two operators avoid invalid chromosomes, thus improve the search efficiency extremely. The probabilities of crossover and mutation are adjusted automatically according to the generation number and the fitness value. By this way, the IGA could obtain strong search ability at the beginning of the evolution and achieve accelerated convergence along evolution. The experiment results indicate that IGA has stronger search ability and faster convergence speed than the simple genetic algorithm (SGA). The optimal feature subset that the IGA obtained has much smaller size than that of the SGA did, so it is more suitable for the online classification of foreign fibers.

Key words Cotton, Foreign fiber, Feature selection, Improved genetic algorithm

收稿日期: 2009-06-15 修回日期: 2009-06-26

* 国家自然科学基金资助项目(30971693)和“十一五”国家科技支撑计划资助项目(2006BAD11A14-1)

作者简介: 杨文柱, 副教授, 中国农业大学博士生, 主要从事机器视觉和数据库研究, E-mail: wenzhuang@163.com

通讯作者: 李道亮, 教授, 博士生导师, 主要从事智能系统研究, E-mail: dliangl@cau.edu.cn

引言

棉花中的异性纤维含量虽少,但对棉纺织品的质量影响严重。解决异性纤维问题主要有异性纤维剔除^[1]和异性纤维防范^[2]2种途径。通过自动视觉检测技术在籽棉收购或交易环节快速准确地分析籽棉中的异性纤维含量,据此给销售的籽棉分等定级,并按等级定价,可以促使棉花销售者自觉防范异性纤维混入^[3-5]。异性纤维分类是异性纤维含量计量的基础和关键,而从原始特征集合中选择出分类能力最强的最小特征子集则是异性纤维在线分类的前提和保障。

特征选择是指从一组原始特征中挑选出最有效的特征子集,以达到降低特征空间维数、简化分类器设计、提高分类速度的目的。特征选择主要涉及2个关键技术:搜索策略和评价函数^[6]。搜索策略主要有穷举搜索、顺序搜索和随机搜索3种。理论上只有穷举搜索可以保证所得结果是最优的,但对高维特征空间,由于计算量巨大而无法完成。当评价函数具有单调性时,某些非穷举搜索,如分支定界等,也可以获得最优解;但在很多情况下,评价函数并不具有单调性^[7]。

遗传算法是一种随机搜索算法,适合对较大特征空间进行搜索,不要求评价函数具有单调性,因此在特征选择、参数寻优、系统控制等多个领域都有成功应用^[8-11]。遗传算法具有天然的并行结构,但本质上其运行仍是串行的。为了提高遗传算法运行速度,并行遗传算法受到了广泛关注^[12-13]。但是目前的遗传算法还存在一些不足之处,如早熟收敛等,尤其是没有考虑对由多种不同性质的特征组成的多质特征空间进行局部化管理的合理性和必要性。

为解决上述问题,受“段式内存管理”和“子集划分”^[14]思想的启发,本文提出了一种改进的遗传算法(improved genetic algorithm,简称IGA),该算法通过分段式染色体管理方案实现对棉花异性纤维多质特征空间的局部化管理,通过分段交叉和分段变异算子避免产生无效染色体,提高搜索效率;通过自适应调整交叉和变异概率,实现算法搜索能力与收敛速度的动态调整。

1 棉花异性纤维目标特征提取

棉花异性纤维种类很多,在可见光波段成像可以较容易地识别深色异性纤维,但却无法检测白色和无色异性纤维。部分含荧光物质的白色异性纤维经过紫外线照射可以发出荧光,因此也可以实现视觉检测^[4-5]。对于其余异性纤维,理论上可以通过

多光谱成像进行检测,但由于目前的实验条件所限,还无法展开研究,故本文只涉及在可见光波段能够识别的异性纤维。

对图像分割得到的异性纤维目标,单独使用某种特征几乎无法对其进行准确分类;通过组合使用颜色、形状和纹理特征,则可以提高异性纤维分类的准确率。

1.1 颜色特征提取

颜色是区分棉花异性纤维类别的一种重要特征。采用不同的彩色空间,可以得到不同的颜色特征表示。棉花异性纤维图像采用RGB彩色空间,考虑到将RGB彩色空间转换到其他彩色空间会影响系统的实时性,故直接在RGB彩色空间对异性纤维目标进行颜色特征提取,包括:红色均值、绿色均值、蓝色均值、红绿蓝总均值以及红绿蓝3个分量的标准差,记为 $C_1 \sim C_5$ 。

1.2 形状特征提取

不同种类的异性纤维经过开松后,在棉层中呈现不同的形状,典型的是片状、绒状和线状^[3]。异性纤维目标的形状特征可以由其几何属性(如长短、面积、凹凸等)和拓扑属性(如连通性、欧拉数等)进行描述。提取的形状特征包括:形状因子、外观比、扩展比例、充实度、偏心率、球状性和欧拉数,记为 $S_1 \sim S_7$ 。

1.3 纹理特征提取

纹理反映了图像亮度的空间变化情况。描述纹理的参量包括纹理的强度、密度、方向、粗糙度等。纹理分析方法包括统计纹理分析法和结构纹理分析法^[15],其中统计纹理更适合描述含有异性纤维的棉层纹理。提取的纹理特征包括:基于灰度直方图的平均亮度、平均对比度、平滑度、三阶矩、一致性和熵,以及基于灰度共生矩阵的角二阶矩、熵和对比度,记为 $T_1 \sim T_9$ 。

1.4 特征数据描述

从采集的异性纤维图像中选择有代表性的图像79幅,其中头发17幅,黑色塑料布14幅,红色布条12幅,麻绳12幅,红色丙纶丝12幅,鸡毛12幅。对这些图像进行手工处理,去掉图像中棉花叶、棉花籽屑等伪异性纤维,保证图像中异性纤维的单一性以简化图像处理过程。经过图像分割,得到356个异性纤维目标,其中头发30个,黑色塑料布77个,红色布条55个,麻绳118个,红色丙纶丝27个,鸡毛49个。

对356个异性纤维目标逐个进行特征提取,得到每个异性纤维目标的5个颜色特征 $C_1 \sim C_5$,7个形状特征 $S_1 \sim S_7$,9个纹理特征 $T_1 \sim T_9$,组成21维

的特征向量。将此 356 个特征向量分成参考集和测试集,其中参考集包含 206 个异性纤维目标,分别是:头发 15 个,黑色塑料布 47 个,红色布条 30 个,麻绳 68 个,红色丙纶丝 17 个,鸡毛 29 个。测试集包含 150 个异性纤维目标,分别是:头发 15 个,黑色塑料布 30 个,红色布条 25 个,麻绳 50 个,红色丙纶丝 10 个,鸡毛 20 个。为消除由于不同特征取值范围不同造成的影响,所有特征数据都进行了归一化。

2 基于改进遗传算法的特征选择

基本遗传算法 (simple genetic algorithm, 简称 SGA) 由于采用固定的交叉和变异概率,因此容易出现种群早熟现象而无法得到最优解。棉花异性纤维目标的特征空间由颜色、形状和纹理 3 种完全不同性质的特征组成,且 3 种特征在棉花异性纤维分类中都不可或缺。目前的遗传算法没有考虑对多质特征空间进行局部化管理的合理性和必要性,也没有考虑利用进化代数来动态调整交叉和变异概率。因此,无法满足棉花异性纤维目标的特征选择需要。

本文提出的改进遗传算法通过分段式染色体管理方案,实现对棉花异性纤维目标多质特征空间的局部化管理;通过分段交叉和分段变异算子避免产生无效染色体,进而提高搜索效率;通过自适应调整交叉和变异概率,避免产生早熟收敛。算法流程如图 1 所示。

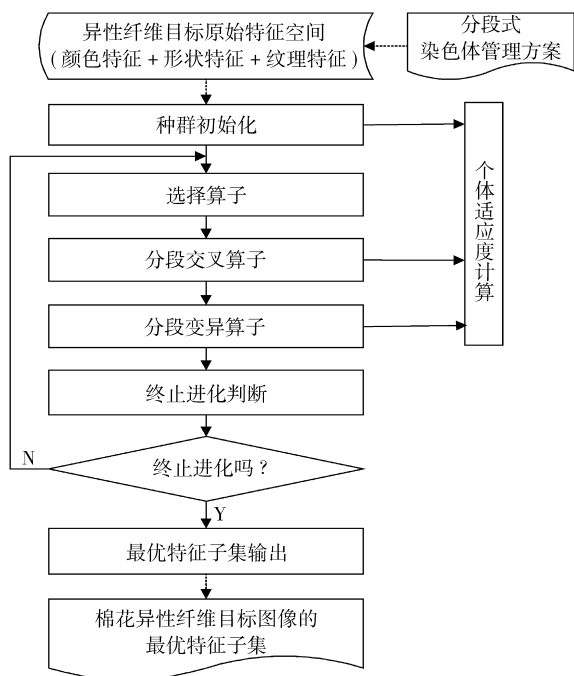


图 1 改进遗传算法流程图

Fig. 1 Flow chart of IGA

2.1 分段式染色体管理方案

采用分段式染色体管理的目的是为了实现对多

质特征空间进行局部化管理,避免产生无效染色体,提高搜索效率。该方案包含分段式二进制编码和分段式染色体管理两部分内容。

如图 2a 所示,根据棉花异性纤维目标的特征空间组成,分段式二进制编码方案将整个染色体在逻辑上分为 3 个子段,其中第 1 个子段实现对颜色特征的基因编码,表示为 $C_1 \sim C_K$, K 为颜色特征的个数。 C_i 为 1 或 0 表示第 i 个颜色特征被选中或落选。第 2 个子段实现对形状特征的基因编码,表示为 $S_1 \sim S_M$, M 为形状特征的个数。 S_j 为 1 或 0 表示第 j 个形状特征被选中或落选。第 3 个子段实现对纹理特征的基因编码,表示为 $T_1 \sim T_N$, N 为纹理特征的个数。 T_k 为 1 或 0 表示第 k 个纹理特征被选中或落选。整个染色体的长度等于 3 个染色体子段的长度之和,亦等于原始特征空间的维数。

分段式染色体管理包括 2 部分内容:①通过限制每个染色体分段上的基因不能全部为零来保证整个染色体能够同时涵盖颜色、形状和纹理 3 种特征。约束条件表示为

$$\left(\sum_{i=1}^K C_i \right) \neq 0 \wedge \left(\sum_{j=1}^M S_j \right) \neq 0 \wedge \left(\sum_{k=1}^N T_k \right) \neq 0 \quad (1)$$

该约束条件不但对种群初始化操作产生的初始个体进行约束,也同样对分段交叉和分段变异操作产生的新个体进行约束。②对交叉和变异操作过程进行约束,如图 2b 和 2c 所示。在进行交叉时,3 个子段分别进行单点交叉操作,交叉结果应满足分段基因不全为零的约束条件;在进行变异操作时,3 个子段依次进行基本位变异操作,变异结果也须满足分段基因不全为零的约束条件。

2.2 初始种群生成

初始种群通过随机方式产生。初始种群中的个体相当于解空间中的候选解,其规模可以根据实际情况进行设置,一般取 20 ~ 100;要求初始种群具有单一性,即初始种群中没有完全相同的个体;每个个体应该满足染色体分段管理的约束条件,即 3 个染色体分段上的基因都不全为零,以便保证选择出的特征子集同时涵盖棉花异性纤维目标的颜色、形状和纹理 3 种特征。

2.3 个体适应度计算

适应度是衡量个体优劣的唯一指标,是关乎遗传算法成败的关键因素。特征选择的目的是找出分类能力最强的特征子集,因此分类正确率是计算个体适应度时首先要考虑的因素。另外,用于分类的特征项越多,与之对应的分类器就越复杂,分类速度也就越慢,所以在实时分类系统中总是希望使用满

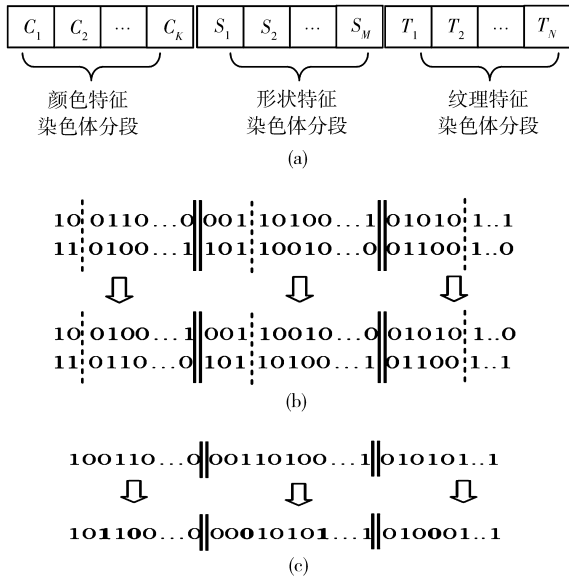


图2 分段式染色体管理

Fig.2 Segmented chromosome management

(a) 分段式染色体编码 (b) 分段式交叉操作
(c) 分段式变异操作

足一定分类精度的最小特征子集。这样,个体适应度应是分类正确率和特征子集大小的函数,且分类正确率越高、特征子集越小则适应度越高;反之,分类正确率越低、特征子集越大则适应度越低。

个体适应度定义为

$$f(X_i) = J(X_i) - w |X_i| \quad (2)$$

式中 X_i ——个体 i 所表示的特征子集

$J(X_i)$ ——根据 X_i 构造的分类器分类正确率

$|X_i|$ ——个体 i 所表示的特征子集大小(等于染色体串上“1”的个数)

w ——惩罚系数,取 0.000 1,以保证 $J(X_i)$ 在适应度计算中占主导地位

2.4 选择算子

选择操作也称为复制操作,是根据个体的优劣程度决定它在下一代是被遗传还是被淘汰。适应能力强的物种遗传到下一代的机会相对大一些,而适应能力弱的物种则将逐渐被淘汰。常用的选择方法有轮盘赌法、精英保存策略、排序选择等^[12]。本文采用精英策略和轮盘赌相结合的选择算子。精英策略用于将适应度最高的最优个体直接保留到下一代,这样可以保证算法收敛于全局最优解^[16];轮盘赌法则是根据个体的适应度按比例进行选择,适应度高的个体能以较高的概率被选中而保留到下一代,以体现优胜劣汰的进化法则。个体的选择概率定义为

$$P_s(X_i) = f(X_i) / \sum_{j=1}^{N_1} f(X_j) \quad (3)$$

式中 $f(X_i)$ ——个体 i 的适应度

N_1 ——当前种群的大小

2.5 分段交叉算子

交叉操作是遗传算法区别于其他所有优化算法的根本所在^[16]。通过交叉操作,使两个父代染色体进行重组,从而产生两个新的个体。常用的交叉算子包括单点交叉、两点交叉和多点交叉等^[12]。传统交叉算子是将染色体当作一个整体进行处理,没有考虑染色体上相关基因应该满足的约束条件,因此无法避免无效染色体的产生。设计的分段交叉算子用于分别从棉花异性纤维目标的颜色、形状和纹理特征中产生候选特征,将候选特征组合得到最终特征子集。

分段交叉算子对 2 个父代染色体 X_i 、 X_j 的 3 个染色体分段分别进行单点交叉运算,形成新的染色体分段,并对其进行约束。如果新分段上的染色体不全为零,则分段交叉成功,否则随机将此染色体分段上的某个基因置为“1”。这样可以保证产生的特征子集至少包含每种特征中的 1 个特征。

2.6 分段变异算子

基因突变出现在交叉之后,可以增加群体的多样性,并可以提高遗传算法的局部搜索能力。分段变异通过对父代染色体 X_i 的 3 个染色体分段分别进行基本位变异运算得到新的染色体分段,并对其进行约束。如果其上的染色体不全为零,则分段变异成功;否则重新进行分段变异,直到满足约束。

2.7 自适应交叉与变异概率

交叉概率 P_c 和变异概率 P_m 对遗传算法的搜索能力和收敛速度有很大影响^[12]。 P_c 和 P_m 越大,算法的搜索能力越强,但优良模式更容易被破坏,从而不利于算法收敛;反之,算法的搜索能力变弱,但保持优良模式的能力提高,使算法容易收敛。SGA 由于采用固定的 P_c 和 P_m 而容易出现早熟收敛。为避免早熟收敛,IGA 采用自适应的 P_c 和 P_m ,即在进化初期保持较大的 P_c 和 P_m ,以提高算法的搜索能力;随着进化的进行, P_c 和 P_m 逐渐变小,使算法保持优良模式的能力不断增强,从而加快算法收敛。

自适应交叉概率 P_c 定义为

$$P_c = \begin{cases} P_{c0} / \text{lb}(g + 1) & (f_{\max} \geq \bar{f}) \\ P_{c0} & (f_{\max} < \bar{f}) \end{cases} \quad (4)$$

$$f_{\max} = \max(f(X_i), f(X_j)) \quad (5)$$

$$\bar{f} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N f(X_i) \quad (6)$$

式中 P_{c0} ——初始设置的交叉概率,取 0.4 ~ 0.9

g ——当前进化代数

X_i 、 X_j ——进行交叉操作的 2 个父代个体

f_{max} ——2 个父代个体中的较大适应度

\bar{f} ——父代种群的平均适应度

自适应变异概率 P_m 定义为

$$P_m = \begin{cases} P_{m0}/\ln(g+1) & (f \geq \bar{f}) \\ P_{m0} & (f < \bar{f}) \end{cases} \quad (7)$$

式中 P_{m0} ——初始设置的变异概率,一般取 0.1 ~ 0.25

f ——将要进行变异操作的父代个体适应度

2.8 终止条件

可设置 2 个终止条件:①已达到指定的最大进化代数 G_m 。②最优特征子集连续 n 代都没有发生变化。 G_m 和 n 为经验常数。

3 结果与讨论

算法利用 VC++ 6.0 编程实现,其中的分类器采用最近邻分类器,距离标准采用欧氏距离。通过个体上的基因值决定特征向量中的某个分量是否参与距离计算。比如,颜色分段的第 i 位基因为“1”,则第 i 个颜色特征 C_i 参与距离计算,否则不参与距离计算。形状分段和纹理分段与此类似。

分类正确率 $J(X_i)$ 的计算方法为:逐个从测试集中取特征向量 V'_i ,根据当前个体上的基因值计算 V'_i 到每个参考集特征向量 V_k 的距离,将距离 V'_i 最近的 V_k 的类别作为 V'_i 的类别。由于测试集中的每个特征向量的类别都是已知的,因此可以判断此分类结果是否正确。用分类正确的个数除以测试集向量总数即得此个体对应的分类正确率。

设置相同的算法参数分别利用 SGA 和 IGA 对 1.4 节描述的棉花异性纤维目标的 21 维原始特征空间进行特征选择。算法参数设置为:种群大小 $N_1 = 50$,最大进化代数 $G_m = 200$,初始交叉概率 $P_{c0} = 0.8$,初始变异概率 $P_{m0} = 0.15$ 。运行结果如图 3 和表 1 所示。

图 3 是 SGA 和 IGA 某次运行时棉花异性纤维分类精度随进化代数变化的曲线。尽管由于遗传算法的随机性使得每次运行的结果都不尽相同,但图 3 所示曲线具有典型性。从曲线容易看出,IGA 比 SGA 更快地收敛于全局最优解。上述结果是在只设置最大进化代数 1 个终止条件的情况下得出的,如果同时使用 2 个终止条件且将 n 设置为 20 代时,可以发现,SGA 将收敛于局部最优解。

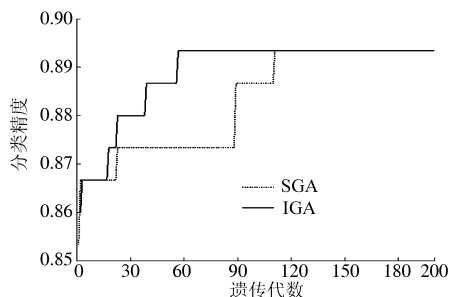


图 3 分类精度曲线

Fig.3 Curve of the classification accuracy

果。结果表明,由于 IGA 使用分段交叉和分段变异算子,且采用了自适应交叉和变异概率,因此其搜索效率更高,收敛速度更快。SGA 平均需要进化 75 代才能得到最优特征子集,而 IGA 平均只需要 31 代,效率提高了一倍多。从特征选择结果可看出,在具有相同分类能力情况下,IGA 得到的特征子集更小。

表 1 特征选择结果

Tab.1 Feature selection results

名称	SGA	IGA
最优特征子集	$C_5, S_3, S_4, S_5, S_6, T_2, T_3, T_4, T_5, T_8, T_9$	$C_5, S_3, S_4, T_2, T_4, T_8, T_9$
平均进化代数	75	31
平均交叉次数	4 026	1 496
平均变异次数	31 898	17 803

4 结论

(1)通过基于改进遗传算法的特征选择可以从棉花异性纤维目标的原始特征空间中挑选出分类能力最强的特征子集,从而可降低特征空间维数、简化分类器设计、提高棉花异性纤维在线分类速度。

(2)改进遗传算法,通过分段式染色体管理方案,实现了对棉花异性纤维目标多质特征空间的局部化管理;通过分段交叉和变异算子避免了无效染色体产生,提高了搜索效率;通过自适应交叉和变异概率,实现了算法搜索能力与收敛速度动态平衡。

(3)实验结果表明,改进遗传算法较之基本遗传算法搜索效率更高,收敛速度更快。在具有相同分类能力的情况下,改进遗传算法得到的特征子集更小,更适用于棉花异性纤维的在线分类。

由于没有提取更多的特征,本实验所得特征选择结果还有一定的片面性,在后续的工作中还将进行深入研究。

表 1 是 SGA 和 IGA 分别运行 10 次后的统计结

参 考 文 献

- 1 郭俊先,应义斌. 皮棉中杂质检测技术与检出装备的研究进展[J]. 农业机械学报,2008,39(7):107~113,106.
Guo Junxian, Ying Yibin. Progress on detecting technique and sorter of raw cotton foreign matters [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2008, 39(7): 107~113, 106. (in Chinese)
- 2 朱仲堂. 解决棉花中异性纤维的建议[J]. 中国纤检,2007(6):42~43.
Zhu Zhongtang. A suggestion of resolving the problem of foreign fibers in lint [J]. China Fiber Inspection, 2007(6): 42~43. (in Chinese)
- 3 杨文柱,李道亮,魏新华,等. 棉花异性纤维图像分割方法[J]. 农业机械学报,2009,40(3):156~160,171.
Yang Wenzhu, Li Daoliang, Wei Xinhua, et al. Toward image segmentation of foreign fibers in lint [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2009, 40(3): 156~160,171. (in Chinese)
- 4 杨文柱,李道亮,魏新华,等. 基于自动视觉检测的棉花异性纤维分类系统[J]. 农业机械学报,2009,40(12):177~181,227.
Yang Wenzhu, Li Daoliang, Wei Xinhua, et al. An AVI system for classification of foreign fibers in cotton [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2009, 40(12): 177~181,227. (in Chinese)
- 5 Yang Wenzhu, Li Daoliang, Wei Xinhua, et al. An automated visual inspection system for foreign fiber detection in lint [C] // Proceedings of the WRI Global Congress on Intelligent Systems (GCIS 2009), Xiamen, China, 2009: 364~368.
- 6 Uncu Özge, Türksen I B. A novel feature selection approach: combining feature wrappers and filters [J]. Information Sciences, 2007, 177(2): 449~466.
- 7 Mineichi Kudo, Jack Sklansky. Comparison of algorithms that select features for pattern classifiers [J]. Pattern Recognition, 2000, 33(1): 25~41.
- 8 Bir Bhanu, Yingqiang Lin. Genetic algorithm based feature selection for target detection in SAR images [J]. Image and Vision Computing, 2003, 21(7): 591~608.
- 9 毛罕平,徐贵力,李萍萍. 基于遗传算法的蔬菜缺素叶片图像特征选择研究[J]. 江苏大学学报:自然科学版,2003, 24(2):1~5.
Mao Hanping, Xu Guili, Li Pingping. Study on application of genetic algorithm to feature selection of leaves image for diagnosing vegetable disease of nutrient deficiency [J]. Journal of Jiangsu University: Natural Science Edition, 2003, 24(2): 1~5. (in Chinese)
- 10 唐传茵,李华,周炜,等. 基于遗传算法和神经网络的车辆主动悬架控制技术[J]. 农业机械学报,2009,40(2):6~11.
Tang Chuanyin, Li Hua, Zhou Wei, et al. Control technology of vehicle active suspension based on genetic algorithm and neural network [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2009, 40(2): 6~11. (in Chinese)
- 11 Cho Hyun-Woo, Kim Seoung Bum, Jeong, Myong K, et al. Genetic algorithm-based feature selection in high-resolution NMR spectra [J]. Expert Systems with Applications, 2008, 35(3): 967~975.
- 12 周明,孙树栋. 遗传算法原理及应用[M]. 北京:国防工业出版社,1999.
- 13 张智,于建华,邱清水. 基于自适应并行遗传算法的结构模糊动力优化[J]. 四川大学学报:工程科学版,2009, 41(1):68~73.
Zhang Zhi, Yu Jianhua, Qiu Qingshui. The fuzzy dynamic optimization of structure based on adaptive parallel genetic algorithm [J]. Journal of Sichuan University: Engineering Science Edition, 2009, 41(1): 68~73. (in Chinese)
- 14 Lior Rokach. Genetic algorithm-based feature set partitioning for classification problems [J]. Pattern Recognition, 2008, 41(5): 1676~1700.
- 15 章毓晋. 图像工程(中册)-图像分析[M]. 北京:清华大学出版社,2005.
- 16 蔡自兴,徐光祐. 人工智能及其应用[M]. 北京:清华大学出版社,2004.