

文章编号: 1001-9014(2004)02-0113-06

## 全结构遗传优化径向基概率神经网络

赵温波<sup>1,2</sup>, 黄德双<sup>2</sup>

(1. 中国科学院合肥智能机械研究所, 安徽 合肥 230031;

2. 解放军炮兵学院, 安徽 合肥 230031)

**摘要:** 使用遗传算法来实现径向基概率神经网络(RBPNN)的全结构遗传优化, 包括优选网络第一隐层节点数和求取匹配的核函数控制参数. 提出了适用于RBPNN的染色体编码方式, 不仅使得所选隐中心矢量充分体现了模式样本的空间分布特征, 同时还能够获得隐中心矢量的最佳数目及匹配的核函数控制参数. 新构造的适应度函数能够有效地控制网络输出的误差精度. 实验结果表明, 该算法有效地简化了RBPNN模型的结构.

**关键词:** 径向基概率神经网络; 遗传算法; 全结构优化; 隐中心矢量

中图分类号: TP183 文献标识码: A

## RADIAL BASIS PROBABILISTIC NEURAL NETWORKS OF GENETIC OPTIMIZATION OF FULL STRUCTURE

ZHAO Wen-Bo<sup>1,2</sup>, HUANG De-Shuang<sup>2</sup>

(1. Institute of Intelligent Machines, Chinese Academy of Sciences, Hefei 230031, China;

2. Artillery Academy of People Liberation Army, Hefei 230031, China)

**Abstract:** The genetic algorithm was used to optimize the full structure radial basis probabilistic neural networks(RBPNN), including selecting the hidden centers vectors of the first hidden layer and determining the matching controlling parameters of kernel function of RBPNN. The proposed genetic encoding method not only completely embodies the space distribution characterizes of pattern samples, but also simultaneously achieves the optimum number of the selected hidden centers vectors and the matching controlling parameters of the kernel function. The novelly constructed fitting function can efficiently control the error accuracy of the RBPNN output. The experimental results show that the algorithm effectively simplifies the structure of RBPNN.

**Key words:** radial basis probabilistic neural networks; genetic algorithms; full structure optimization; hidden centers vectors

## 引言

径向基概率神经网络(RBPNN)<sup>[1]</sup>是在径向基函数神经网络(RBFNN)<sup>[2]</sup>和概率神经网络(PNN)<sup>[3]</sup>的基础之上发展而来的. 与RBFNN和PNN相比, RBPNN的主要优点是: 训练和测试速度比RBFNN要快得多; 与PNN相比, 考虑了模式类别间的交错影响. RBPNN的网络结构包括四层<sup>[1]</sup>: 第一层为输入层, 最后一层为输出层, 中间两层为隐层. 其中, 第一隐层是非线性处理层, 它实现输入的

非线性变换, 或输入样本的非线性划分; 第二隐层对第一隐层的输出进行有选择性的求和与聚类. 假定RBPNN第二隐层和输出层各有 $M$ 个结点, 即输出有 $M$ 个模式, 共有 $N$ 个训练样本参与训练, 则RBPNN的映射方程为

$$Y = HW. \quad (1)$$

其中,  $Y = [y_j]_{N \times M}$ ,  $H = [h_{ij}]_{N \times M}$ ,  $W = [w_{ij}]_{M \times M}$ 分别为实际输出矩阵, 第二隐层输出矩阵和第二隐层与输出层间的连接权重矩阵. 对应于输入样本 $x_i$ , 第二隐层的第 $j$ 个单元输出可以表示为

收稿日期: 2003-01-08, 修回日期: 2003-12-24

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60173050)

作者简介: 赵温波(1972-), 男, 满族, 吉林省吉林市人, 博士研究生, 主要从事人工神经网络、模式识别、数据融合等研究

Received date: 2003-01-18, revised date: 2003-12-24

$$h_j(x_j) = \sum_{j=1}^{n_i} \phi_j(\|x_i - c_{ij}\|_2, \sigma). \quad (2)$$

其中,  $n_i$  为网络第一隐层第  $i$  个类别的隐中心矢量数;  $c_{ij}$  是第一隐层第  $i$  个类别第  $j$  个隐中心矢量;  $\|\cdot\|_2$  为 2-范数,  $\sigma$  为核函数控制参数;  $\phi(\cdot)$  为第一隐层的非线性映射函数(核函数), 通常取高斯形式, 即

$$\phi_j(\|x - c_j\|_2, \sigma) = \exp(-\|x - c_j\|_2^2 / 2\sigma^2). \quad (3)$$

隐中心矢量和核函数控制参数是 PBPNN 的主要结构参数, 是其性能发挥的关键. 如果把所有训练样本都作为隐中心矢量, 尽管有可能使得 RBPNN 收敛到满意的精度, 但这会使得网络结构过于庞大, 造成训练和测试时间过长. 核函数控制参数的作用机理与人类视神经系统的感受极为相似, 取值过大, 则只能观察到目标的“概貌”, 很难分辨其细微特征, 反之, 得到的只是目标的局部信息, 而无法了解整体情况. 因此, 如何找到合适的核函数控制参数, 使得 RBPNN 在不损失网络性能的条件下, 得到最小的网络规模是本文研究的重点.

遗传算法(Genetic Algorithm, 简称 GA) 是一种模拟自然选择和遗传机制, 在计算机上实现的概率性全局寻优搜索算法. 同其它的传统优化方法相比, GA 不仅具有搜索区域宽、效率高等优点, 重要的是 GA 无需计算梯度等启发信息, 因而对求解的目标函数也没有严格的限制, 不要求目标函数具有连续、可微等数学条件. 对于 RBPNN 来说, 由于结构中必需的隐中心矢量和核函数控制参数受多种因素所制约, 属于多目标优化问题, 很难用精确的数学模型来求解, 即使能把模型解析式表达出来, 也无法满足可微、连续等严格的数学条件, 从而不能采用传统的最优化方法来解决. 而 GA 在这方面却没有严格的限制, 它只要求被求解问题具有可比性就可以了. 因此, 本文讨论使用 GA 来实现 RBPNN 的全结构优化.

## 1 遗传算法的构造

通常, 设计遗传算法时需要遵循以下几个步骤, 即确定编码方式、构造适应度函数、选择(繁殖)策略的确定、设计遗传算子等. 下面我们来详细讨论针对 RBPNN 全结构优化时 GA 的设计.

### 1.1 染色体编码

如何选择 RBPNN 第一隐层必需的隐中心矢量及核函数控制参数是设计的关键. 隐中心矢量的选择不

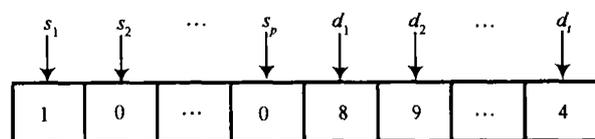


图1 染色体编码结构

Fig. 1 The decoding scheme of the individual

仅与数目有关, 还与其空间分布有关. 一般希望, 在不损失网络收敛精度的条件下, 选择的隐中心矢量在数目上要尽可能少. 因为较少的隐中心矢量不仅能简化网络的训练和测试过程, 而且还可以改善推广能力. 核函数控制参数取值与隐中心矢量的数目及分布密切相关, 二者共同作用于 RBPNN 的第一隐层, 相互依存, 互为补充. 有鉴于此, 在确定染色体编码方式时, 应该同时考虑隐中心矢量及核函数控制参数, 期望满足网络精度且得到隐中心矢量数目最少这一优化目标时, 找出最佳的隐中心矢量数目及空间分布以及最佳匹配的核函数控制参数取值.

为此, 本文提出一种如图 1 所示的新编码方式. 考虑到隐中心矢量与控制参数的优化目标不同, 采用二进制与实数混合编码来构造染色体. 图中前  $p$  个二进制编码代表备选的隐中心矢量, “1”表示样本被选择, 而“0”表示不被选择, 染色体中二进制基因位中的“1”的个数即表示选择的隐中心矢量的数目. 后  $t$  个实数编码代表与隐中心矢量相匹配的核函数控制参数. 对于实数基因, 我们采用十进制数编码, 用  $t$  个十进制数代表核函数控制参数. 采用十进制数编码主要是为了提高对核函数控制参数的求解精度, 使其与选取的隐中心矢量精确匹配. 但固定长度的十进制数编码还是只能代表有限范围的核函数控制参数, 从算法的通用性方面来考虑, 需要对该编码所代表的实数进行变换, 使其对所有问题具有普遍的适用性, 为此, 我们增加了量程系数对编码实数进行扩展或压缩, 使其所代表的核函数控制参数能够覆盖整个正实数空间. 假定  $t$  个十进制数编码只代表为取值介于 0 与 1 之间的实数  $R$ , 令量程系数为  $k$ , 则求解的核函数控制参数实际取值为

$$\sigma = k \cdot R. \quad (4)$$

其中, 量程系数  $k$  可能取值为 1, 10, 100, ... 针对不同的求解问题, 量程系数可能取值不同. 为了实现算法的可操作性, 本文给出如下的启发性表达式来求取量程系数  $k$ , 即

$$k = 10^m, \quad m = \text{ceil}\left[\log_{10}\left(\frac{D^*}{\sqrt{N}}\right)\right]. \quad (5)$$

其中,  $\text{ceil}[\cdot]$  为取整算子, 即取括号内实数的上限整数, 如,  $\text{ceil}(0.4) = 1$ ,  $\text{ceil}(1.4) = 2$  等.  $D^*$  训练样本间的最大欧拉距离,  $N$  为训练样本数.

## 1.2 适应度函数构造

RBPNN 结构优化的目标是, 在满足网络收敛误差的条件下, 尽可能少选隐中心矢量, 同时查找最匹配的核函数控制参数. 所以在适应度函数构造的过程中, 隐中心矢量的数目、给定的误差精度及每个个体的实际误差都必须同时考虑. 根据适应度函数最大化原则, 在满足给定的误差标准时, 个体的适应度值应该随着选择的隐中心矢量数目的增加而减少. 但是, 当某一个体对应的网络实际误差超过给定的误差标准时, 说明该个体的隐中心矢量的选取不合适或者相应的核函数控制参数的取值不当, 这时该个体的适应度值应该取 0, 不必再去探讨隐中心矢量分布及相应的控制参数取值. 所以本文的适应度函数定义如下

$$f(e, X_i) = \frac{C(S+1)}{2 \sum_{k=1}^p X_i(k)}, \quad S = \text{sign}(\varepsilon - e) \quad (6)$$

其中,  $e$  为个体对应的实际输出误差,  $X_i$  表示当前个体,  $C$  为常数,  $S$  为判别当前个体是否满足给定误差标准的开关量,  $p$  为备选的隐中心矢量数目,  $\varepsilon$  是给定的误差标准,  $X_i(k)$  表示个体  $X_i$  中第  $k$  个基因值.

在适应度函数中, 个体的实际输出误差  $e$  是未知参数, 下面我们来分析这一参数的求解过程. 同大多数外监督学习的神经网络相类似, RBPNN 模型的误差代价函数也使用均方误差准则, 即,

$$J(W) = \frac{1}{2} \|D - HW\|_F^2 \\ = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^M \sum_{i=1}^N (d_{ij} - \sum_{k=1}^M h_{ik} w_{kj})^2 \quad (7)$$

其中,  $D$  指外监督信号(期望信号)矩阵,  $\|\cdot\|_F$  是 Frobenius 范数(即  $F$ -范数).  $J(W)$  关于权重矩阵  $W$

的偏导可以进一步表示为  $\frac{\partial J(W)}{\partial W} = \left( \frac{\partial J}{\partial w_{uv}} \right)_{M \times M}$ .

$$\frac{\partial J}{\partial w_{uv}} = - \sum_{i=1}^N (d_{iv} - \sum_{k=1}^M h_{ik} w_{kj}) h_{iu}, \quad (8)$$

因为  $h_{ui}^T = h_{iu}$ , 所以

$$\frac{\partial J}{\partial w_{uv}} = - \sum_{i=1}^N h_{ui}^T (d_{iv} - \sum_{k=1}^M h_{ik} w_{kj}), \quad (9)$$

由于  $h_{ui}^T$  为矩阵  $H^T$  的第  $u$  行、第  $i$  列元素, 而  $(d_{iv} - \sum_{k=1}^M h_{ik} w_{kj})$  为矩阵  $D - HW$  的第  $i$  行、第  $v$  列元素, 所以有

$$\frac{\partial J(W)}{\partial W} = \left( \frac{\partial J}{\partial w_{uv}} \right)_{M \times M} = -H^T(D - HW), \quad (10)$$

如果希望  $J(W)$  取得最小值, 令

$$\frac{\partial J(W)}{\partial W} = 0, \quad (11)$$

即

$$-H^T D + H^T H W = 0, \quad (12)$$

则权重的最优解  $W^*$  为

$$W^* = (H^T H)^{-1} H^T D = H^+ D. \quad (13)$$

$H^+$  为第二隐层输出矩阵  $H$  的 Moore-Penrose 伪逆<sup>[4]</sup>. 由文献[4]可知,  $H^+$  存在且唯一, 而且  $W^*$  是满足方程(12)式的所有最小二乘解中的最佳逼近解.

根据权重的最优解, 我们就可以求得 RBPNN 的输出误差,

$$e = \|D - HW^*\|_F^2. \quad (14)$$

## 1.3 选择策略(繁殖策略)

通常的选择策略有基于适应度比例选择、基于排名选择及基于局部竞争机制选择等<sup>[5]</sup>. 本文采用基于适应度比例选择及最佳个体保持(elitist strategy)的选择(繁殖)策略<sup>[6]</sup>.

## 1.4 遗传算子的设计

本文采用多点(随机)交叉方式. 由于本文染色体采用混合编码, 将该实数基因位与二进制基因位的分界点作为一个固定的交叉点, 然后在二进制基因和实数基因位中各选择一个交叉点, 这样, 固定交叉混合随机交叉共同实现求解 RBPNN 的最佳网络结构的多点随机交叉操作.

本文采用的是实数与二进制混合编码, 由于这 2 种编码方式在变异操作上有很大的差异, 所以我们加以区别对待, 对于二进制编码, 以变异概率对该基因位进行逻辑取反; 而对于实数编码, 以变异概率对该基因取其十进制数补码. 具体的变异方法如下,

$$\begin{cases} s'_i = \text{not}(s_i), & \text{二值基因} \\ d'_i = 9 - d_i, & \text{实数基因} \end{cases} \quad (15)$$

$s_i, s'_i$  分别为染色体中二值基因位变异前后的取值,  $\text{not}(\cdot)$  为逻辑取反算子,  $d_i, d'_i$  分别为染色体中实数基因位变异前后的取值. 变异概率在  $[0.001, 0.01]$  之间取值.

## 2 模拟与讨论

为了验证本文算法的有效性, 这里给出(1)双螺旋分类问题和(2)IRIS 分类问题以及(3)人脸识

别问题等三个例子来进行验证. 算法的有关控制参数为:(1)种群规模为 64;(2)交叉概率 0.8;(3)变异概率为 0.005.

由于本文的目标是在给定的收敛误差标准条件下得到最少隐中心矢量数目及其最优的核函数控制参数. 对于模式识别问题,给定的收敛误差标准还可以理解为,只要没有或很少错误划分训练样本,就应该认为所构造的 RBPNN 满足性能要求. 因此,(14)式可以改写为

$$e = \|D - \text{round}(HW^*)\|_F^2 \quad (16)$$

$\text{round}(\cdot)$  为四舍五入算子,可以理解为,对于给定的输入样本  $x_i$  (属于第  $k$  类),期望信号为向量  $[0, \dots, \underset{k}{1}, \dots, 0]^T$ ,则在 RBPNN 的实际输出中,只有当输出向量  $[o_1, \dots, o_k, \dots, o_M]^T$  满足第  $k$  个分量  $o_k \geq 0.5$  且  $o_i < 0.5$   $i=1, 2, \dots, k-1, k+1, \dots, M$  时,才能认为已经对输入样本  $x_i$  进行了正确分类. 这就是本算法对于网络输出正确分类的判别准则. 对于例 2.1 与例 2.2,分类误差标准为 0,即对于所有的训练样本,网络全部正确识别;对于例 2.3,分类误差标准为 8.

### 2.1 双螺旋分类问题

双螺旋分类问题是由 Lang 和 Witbrock 于 1989 提出来的<sup>[8]</sup>,它是测试分类器分类能力的标准例子. 有关双螺旋数据的产生,可以参考文献[9]. 在双螺旋的每个旋向上各采样 100 个点作为训练样本,所以共有 200 个样本点参与训练.

算法所选取的隐中心矢量数目最少值为 28 个,相应的核函数控制参数值为 0.055 3,隐中心矢量数目( $N_c$ )随着进化代数( $G$ )的变化如图 2 所示. 可以看出,算法选择的隐中心矢量数目(28)仅占总训练样本(200)的 14%,因此该网络结构已被大大简化. 相应的核函数控制参数( $\sigma$ )随遗传迭代( $G$ )的进化情况如图 3 所示,在算法迭代过程中,选取的隐中心矢量所对应的核函数控制参数的取值并不唯一,而是一个取值范围,并且不同数目的隐中心矢量对应的核函数控制参数的取值也不同. 控制参数取值范围规律为网络的设计和训练提供了更多的灵活性.

同样地,我们用 RBFNN 来分类双螺旋问题,隐中心矢量及核函数控制参数的选择也使用本文的算法. 算法所选取的 RBFNN 隐中心矢量数目最少值为 34,相应的核函数控制参数为 0.215 4. 实验表明,尽管本文的 GA 的 RBFNN 也有很好的压缩效率,但与 RBPNN 相比,所得到最优解计算复杂度要

远远大于 RBPNN,而且优化后的 RBFNN 的规模与 RBPNN 相比仍较为复杂.

此外,我们用带有不同噪声电平的测试样本来测试收敛后的网络,并进一步比较优化后的 RBPNN 和 RBFNN 的推广能力. 测试样本集生成如下:对双螺旋数据进行采样,采样的范围同训练样本集  $n \in [0, 100]$ ,采样步长  $\Delta n$  由 1 缩小至 0.1,这样共产生 1982 个样本组成标准测试样本集. 我们在这些标准测试样本中混合不同方差的高斯白噪声(零均值),产生不同噪声电平的测试样本,使用这些带噪声的测试样本来测试 2 个网络,正确识别率的对比结果如图 4 所示. 可以看出,具有 28 个隐中心矢量的 RBPNN 在推广能力方面不但不逊于反而稍好于具有 34 个隐中心矢量的 RBFNN.

### 2.2 IRIS 分类问题

IRIS 是一个经典的模式识别问题<sup>[10]</sup>,它有 3 种花型,即 *setosa*、*versicolor* 和 *virginica*,每个花型按花瓣长、宽,及花萼长、宽采样,形成了 4 维样本. 假设 3 类花型共有 150 个样本,这里我们讨论用 RBPNN 来识别这 3 种花型. 将样本集分为两部分,即训练样本集与测试样本集,每个样本集包括 75 个样本. 用 GA 给合训练样本集训练和优化 RBPNN,然后,用测试样本集来检测优化后的网络性能. 算法选择的隐中心矢量数为 6 个(如图 5 所示),约 92% 隐中心矢量被压缩. 算法选取的核函数控制参数为 0.327 7.

我们也讨论使用 RBFNN 来解决 IRIS 分类问题,并使用本文算法来优化 RBFNN 结构,算法得到的隐中心矢量数为 14 个. 因此,从网络规模上来看,优化后的 RBPNN 对比 RBFNN 更为精简.

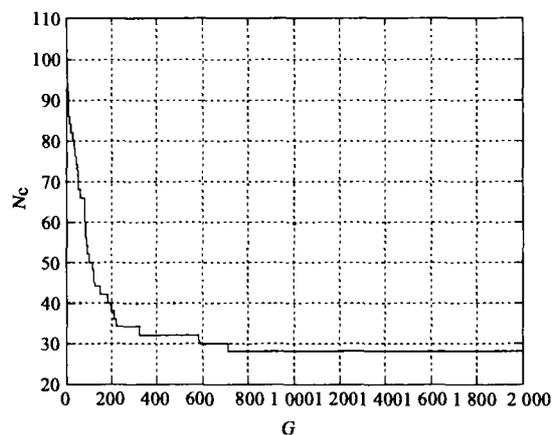


图 2 RBPNN 解决双螺旋分类问题时被选中的隐中心矢量数目( $N_c$ )随遗传迭代( $G$ )的进化曲线

Fig. 2 The genetic optimization curves of number of the selected hidden centers versus genetic algorithms iterations for two spirals discrimination problem

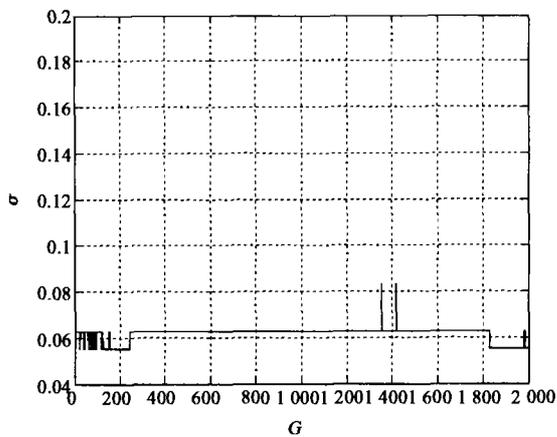


图3 RBPNN 解决双螺旋分类问题时其核函数控制参数( $\sigma$ )的进化曲线

Fig. 3 The genetic curves of the controlling parameters of the kernel function for two spirals discrimination problem by RBPNN

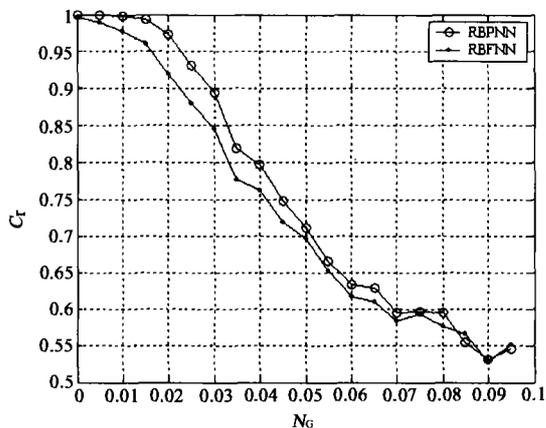


图4 优化后的 RBPNN 与 RBFNN 对噪声污染( $N_c$ )的双螺旋测试集的正确识别率( $C_t$ )比较

Fig. 4 The compare of correct recognition rates by the optimized RBPNN and RBFNN for the noised two spirals testing sets

同样地,我们用由零均值不同方差的高斯白噪声来“污染”标准测试样本集,生成带噪声的测试样本集来测试优化后的 RBPNN 及 RBFNN,正确识别率( $C_t$ )随噪声( $N_c$ )变化的对比结果见图 6.从测试结果来看,在网络的推广能力方面,优化后的 RBPNN 明显优于优化后的 RBFNN.

### 2.3 人脸图像识别

我们选用 ORL(The Olivetti and Oracle Research Lab's Face Image Database)的人脸图像来验证本文算法的性能.在 ORL 中 40 个人的人脸图像,每人 10 幅.这些人脸图像是在不同时间、不同光照、不同头部角度、不同人脸表情(睁/闭眼,笑/严肃)和不同人脸细节(有无眼镜)条件下拍摄得到的. ORL 库中原始图像为 256 级灰度图,尺寸为  $92 \times 112$ (宽  $\times$

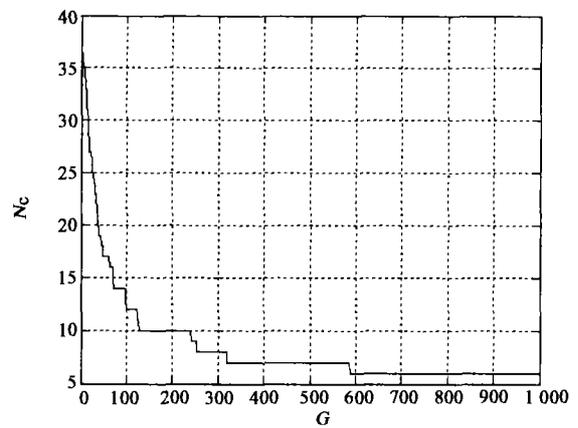


图5 RBPNN 求解 IRIS 分类问题时被选中的隐中心矢量数目( $N_c$ )随遗传迭代( $G$ )的进化曲线

Fig. 5 The genetic optimization curves of number of the selected hidden centers versus genetic algorithms iterations for IRIS classification problem

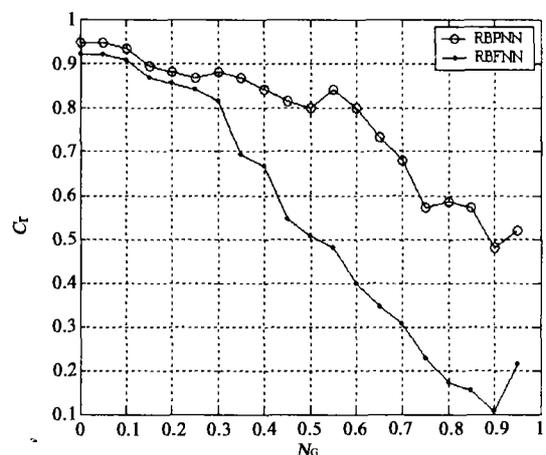


图6 优化后的 RBPNN 及 RBFNN 对不同噪声( $N_c$ )污染后的 IRIS 测试样本集的正确识别率( $C_t$ )比较

Fig. 7 The compare of correct recognition rates by the optimized RBPNN and RBFNN for the noised IRIS testing sets

高)像素大小.我们将 400 幅人脸图像平均划分为 200 幅的训练集和 200 幅的测试集,即每个人的 10 幅图像中选择 5 幅用于训练,而其余 5 幅用于测试.

使用 2 次小波变换进行特征制取,原始图像压缩后的有效维数为 644,使用遗传算法对 RBPNN 进行结构优化,分类误差标准为 8,优化后的隐中心矢量数为 62,隐中心矢量数目的进化过程如图 9 所示,从图中可以看出,算法在 726 步趋于收敛.核函数控制参数稳定在 833.859 6.

同样,我们也使用遗传算法来优化用于人脸图像识别的 RBFNN,算法选取 77 个隐中心矢量,相应的核函数控制参数为 8 645.8.可以看出,本文算法对 RBPNN 与 RBFNN 都有很好的压缩效率,相比之

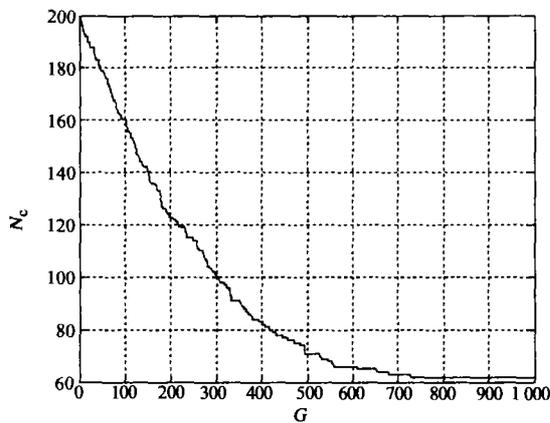


图7 RBPNN用于人脸图像识别时所选中的隐中心矢量数目( $N_c$ )随遗传迭代( $G$ )的进化曲线

Fig. 8 The genetic optimization curves of number of the selected hidden centers versus genetic algorithms iterations for face images recognition

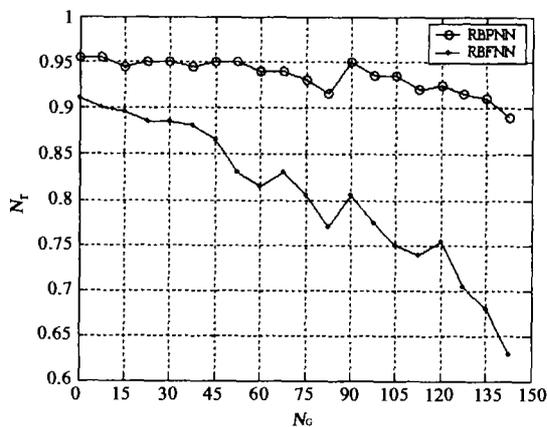


图8 RBPNN及RBFNN对不同噪声( $N_c$ )污染后的人脸图像测试样本集的正确识别率( $C_r$ )比较

Fig. 10 The compare of correct recognition rate by the optimized RBPNN and RBFNN for noised face images testing sets

下,对RBPNN的优化性能最好.优化后的RBPNN与RBFNN对噪声化200个测试样本集的正确识别率如图8所示,从图中可以看出,RBPNN的推广能力要明显好于RBFNN.因此,不论在优化效率,还是优化后的网络的推广能力方面,本文算法对RBPNN具有更好的适用性.

上述实验表明,由RBFNN和PNN演化而来的RBPNN,确实在计算复杂度(包括训练和测试时间)、推广能力等性能方面优于RBFNN,因此,RBPNN是外监督学习前馈网络模式识别器的一个较好的选择.

### 3 结语

本文使用遗传算法来全结构优化径向基概率神经网络(RBPNN)的结构,即优化第一隐层节点数目和对应的隐中心矢量在空间的分布,并求取最优的核函数控制参数.优势在于能够充分利用遗传算法的全局搜索能力,使得在网络分类精度不损失的情况下,得到尽可能简化的RBPNN结构.本文新颖之处在于提出了一种新的染色体编码方式和适应度函数构建方法,来优化RBPNN结构.所提出的染色体编码不仅考虑了初始隐中心的数目,还考虑了所选隐中心在样本空间的分布信息,同时所构造的适应度函数还将网络精度控制充分考虑在内.最后验证了本文所提算法在优化RBPNN结构方面的优越性.另外,本文提供的算法对于径向基函数神经网络等一类核函数分类器同样适用.

### REFERENCES

- [1] Huang D S. Radial basis probabilistic neural networks: Model and application[J]. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, 1999, 13 (7): 1083—1101
- [2] Lowe D. Adaptive radial basis function nonlinearities and the problem of generalization[A]. London: *In proceeding of First International Conference on Artificial Neural Networks*, 1989, 171—175
- [3] Specht D E. Probabilistic neural networks[J]. *Neural Networks*, 1990, 109—118
- [4] WANG Guo-Ling. *Matrix and Pseudoinverse*[M]. Beijing: Science Publishing House(王国荣.矩阵与算子广义逆.北京:科学出版社), 1994
- [5] CHEN Guo-Liang, WANG Xun-Fa, ZHUANG Zhen-Quan, et al. *The Genetic Algorithms and Application*[M]. Beijing: People's Post & Telecommunication Publishing House(陈国良,王煦法,庄镇泉,等.遗传算法及其应用.北京:人民邮电出版社), 1996
- [6] ZHANG Wen-Xiu, Liang Yi. *The Mathematical Foundation of the Genetic Algorithms*[M]. Xian: Xi'an Jiaotong University Publishing House(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
- [7] Zhou Z H, Chen S F, Chen Z Q. A Fast Adaptive Neural Network Classifier[J]. *FANNC: Knowledge and Information Systems*, 2000, 115—129
- [8] Zhao W B, Huang D S. The structure optimization of radial basis probabilistic neural networks based on genetic algorithms[A]. Hawaii: *In proceeding of International Joint conference on Neural Networks 2002*, 1086—1091
- [9] Fisher R A. The use of multiple measurements in taxonomic problems[J]. *Annals of Eugenics*, 1936, 7: 179—188