

免疫优势克隆算法¹

杜海峰 焦李成 刘若辰

(西安电子科技大学智能信息处理研究所 雷达信号处理重点实验室 西安 710071)

摘要: 借鉴生物免疫学的有关理论, 该文阐述了用于人工免疫系统的免疫优势概念, 包括抗体免疫优势和抗原免疫优势. 进一步地, 构造了不同的免疫优势算子, 并结合抗体克隆选择机理, 提出了一种新的混合人工免疫系统算法——免疫优势克隆算法. 0-1 背包问题和复杂函数优化问题的仿真试验表明, 新算法具有处理类似复杂问题的能力, 且性能要优于相应的遗传算法.

关键词: 克隆, 免疫优势, 人工免疫系统, 遗传算法

中图分类号: O224 **文献标识码:** A **文章编号:** 1009-5896(2004)12-1918-07

Immunodominance Clone Algorithms

Du Hai-feng Jiao Li-cheng Liu Ruo-chen

(*Institute of Intelligent Information Processing, Key Laboratory of Radar Signal Processing, Xidian University, Xi'an 710071, China*)

Abstract Inspired by the biology immune system, the concept of Immunodominance in immunology is introduced to Artificial Immune System (AIS) in this paper. In AIS, the concept includes two parts, antibody-immunodominance and antigen-immunodominance. Based on the clonal selection theory, a new hybrid AIS algorithm, namely Immunodominance Clone Algorithm (IDCA), with antibody-immunodominance is put forward. Compared with gene algorithms, IDCA is shown to be an evolutionary strategy capable of solving complex machine learning tasks, like 0-1 knapsack problem.

Key words Clone, Immunodominance, Artificial immune system, Genetic algorithms

1 引言

人工免疫系统是模仿自然免疫系统功能的一种新的智能方法, 提供噪声忍耐、无教师学习、自组织、记忆等进化学习机理, 其研究成果涉及到控制、数据处理、优化学习和故障诊断等许多领域, 已经成为继神经网络、模糊逻辑和进化计算后人工智能的又一研究热点^[1,2]。但是, 人工智能对神经系统的借鉴和模拟的成果很丰富, 已经有比较成熟的方法和模型以资利用, 相对而言, 对免疫系统和内分泌系统的相应研究还处于初级阶段, 还没有形成一个统一的框架^[3]。克隆选择是生物免疫系统理论的重要学说。克隆意为无性繁殖系, 即通过无性繁殖(如细胞丝分裂)可连续传代并形成群体, 常用于细胞水平的描述。这一概念已经被广泛用于计算机编程、系统控制、交互式并行仿真等领域; 其学习、记忆等特性同样也引起了人工免疫系统研究者的兴趣^[4-6]。但是, 相关研究还处在初始阶段, 采用克隆机理的免疫算法还不多见, 而进一步结合其它免疫机理的混合免疫算法就更少。

本文受生物免疫学有关理论的启发, 阐述免疫优势的概念, 构造相应的算子, 提出免疫优势克隆算法。本质上, 免疫优势克隆是利用有关问题的先验知识动态、自适应地改变抗体本身及其与抗原亲合度关系, 从而达到改善算法性能的目的。相关实验表明, 该算法能成功解决类

¹ 2003-06-08 收到, 2004-01-12 改回
国家自然科学基金(60133010 和 60372045)资助项目

似 0-1 背包问题这样的组合优化问题以及复杂函数的优化问题, 具有一定的通用性, 而且性能优于相应的进化算法。

2 免疫优势

2.1 定义^[7]

免疫学认为, 虽然一个抗原分子上可以有多个表位, 但在诱导宿主免疫应答时可能只有一种或一个表位起主要作用, 使宿主产生以该特异性为主的免疫应答; 这种现象称为免疫显性或免疫优势 (Immunodominance), 起关键作用的表位称为显性表位。免疫优势是在抗体与抗原相互作用中产生的, 其产生和作用都是一个动态的过程。免疫优势位点决定了在自然选择中哪一种抗原将面临更大的压力。

在人工免疫系统中, 抗原、抗体、抗原和抗体之间的亲和性分别对应于优化问题的目标函数和各种约束条件、优化解、解与目标函数的匹配程度。人工免疫系统借鉴免疫学的相关机理, 通过抗体自身的不断改变以适应抗原的刺激, 达到解决问题的目的。为了叙述问题方便, 一般记 $f: R^m \rightarrow R$ 为被优化的目标函数, 亲合力函数 φ 一般是目标函数 f 的函数, 不失一般性, 考虑函数的最大化问题。对于二进制编码, 抗体 $a \in B^l, B^l = \{0, 1\}^l$ 代表所有长度为 l 的二进制串组成的集合, 抗体群 $A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$ 为抗体 a 的 n 元组。

在人工免疫系统中, 本文提出两种免疫优势的概念:

2.1.1 抗原免疫优势 这里称能够影响抗体编码的直接基于问题的先验知识和有利于问题解决的抗体亲合力函数性态改变为抗原免疫优势。目标函数的性态对求解问题有显著影响, 之所以不直接利用目标函数来替代抗体 - 抗原亲合力函数, 就是期望通过亲合力函数的适当变换来改变目标函数的性态以利于问题的求解。以式 (1) 函数的优化为例:

$$f(x) = 10 + [\sin(1/x)]/[x - 0.16]^2 + 0.1], \quad x \in (0, 1) \tag{1}$$

亲合力函数 $\varphi = g(f)$ 采用以下迭代变换:

$$\varphi = g(f) = \begin{cases} f(k) = f(k) \times (-1)^k \times f^2(k) \\ f(k+1) = f(k) / \sqrt{\Sigma(f^2(k))} \end{cases} \tag{2}$$

当 $k = 3$ 时, 有如图 1 所示的变换结果。对比图 1(a), 图 1(b) 可以看出, 上述变换并没有改变最优点的位置, 只是更加突出了全局最优值与局部最优值的区别, 因而使得亲合度函数的性态更有利于问题的求解。

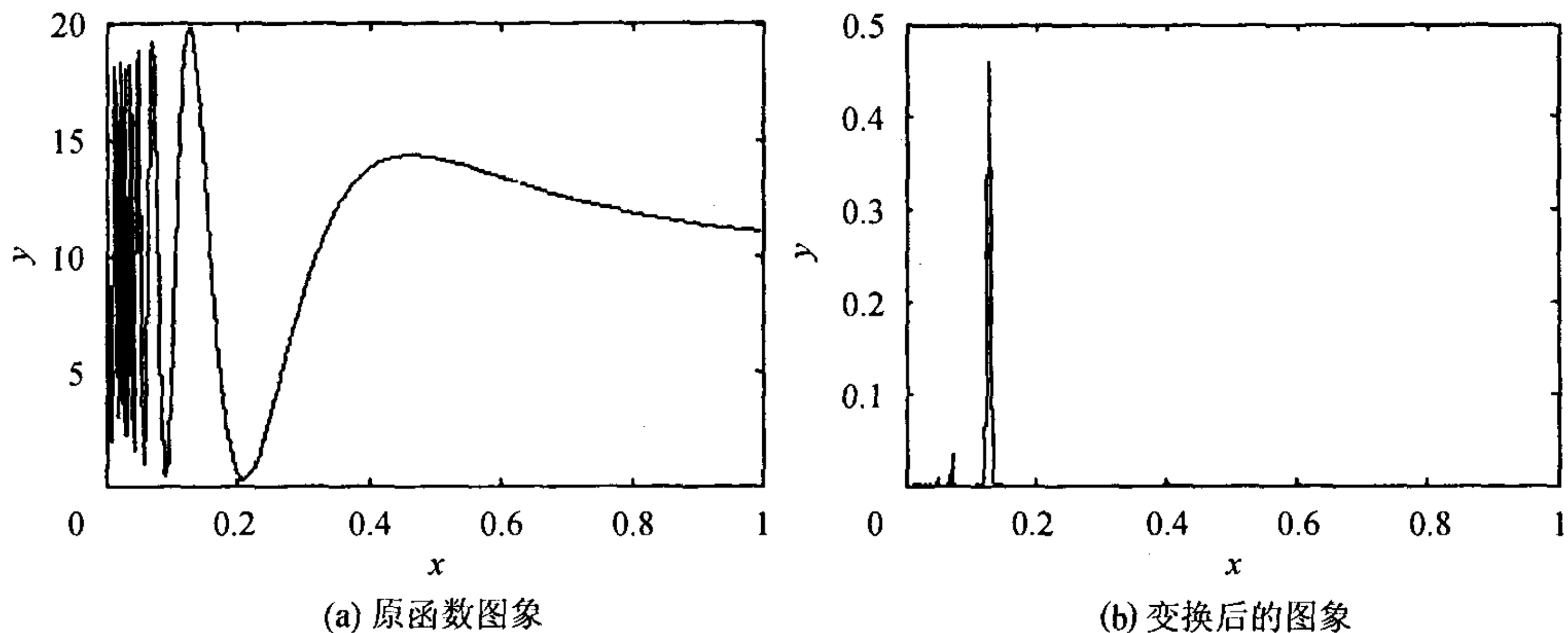


图 1 函数的变换结果

对于非函数优化问题,对目标函数进行变换是困难的;而且,对于复杂问题,往往很难获得有益的先验知识,因此,本文进一步提出在人工免疫系统中更一般的抗体免疫优势概念。

2.1.2 抗体免疫优势 本文用抗体免疫优势的概念来表示抗体编码每一位对抗原的不同重要程度。这里没有完全遵循免疫优势的生物学定义,一方面是因为依据独特型调节网络理论,抗体也具有抗原特性,因此将这一概念用于抗体是有生物学基础的;另一方面,在人工免疫系统中主要操作是针对抗体,而非抗原。

对于抗体 $\mathbf{a} = (a_1, a_2, \dots, a_l)$, 如果对于任意的 $a_k \in \{0, 1\}$, $k \neq i$ 有

$$f(\mathbf{a}) = f((a_1, a_2, \dots, a_{i-1}, 1, a_{i+1}, a_l)) \geq f((a_1, a_2, \dots, a_{i-1}, 0, a_{i+1}, a_l)) \quad (3)$$

或

$$f(\mathbf{a}) = f((a_1, a_2, \dots, a_{i-1}, 0, a_{i+1}, a_l)) \geq f((a_1, a_2, \dots, a_{i-1}, 1, a_{i+1}, a_l)) \quad (4)$$

则称抗体编码的第 i 位具有免疫优势或免疫优势点(显性表位),该位的取值称为优势值。抗原或抗体具有免疫优势的过程统称为获得免疫优势。

由此可见,不论是抗原还是抗体免疫优势,本质上都是将先验知识引入算法,从而改善算法性能。所不同的是,抗原免疫优势更加强调抗原与抗体的关系以及问题本身的先验知识;而抗体免疫优势着眼于抗体本身,对问题本身的依赖程度较低。与进化算法一样,人工免疫系统算法同样是依靠编码来实现与问题本身无关的搜索算法,因此,对抗体免疫优势的研究更加具有普遍性。本文主要讨论抗体免疫优势,显然,实践中有机结合两种免疫优势,将更加有利于问题的解决。

2.2 抗体免疫优势的获得

一方面,对求解问题可能一时难以形成可以利用的先验知识;另一方面,按照定义确定抗体免疫优势的代价太大,计算量约为 $O(2^{l-1})$,从而使寻找抗体免疫优势的工作失去意义。一个显而易见的事实是,抗体群落中的最优抗体与其它抗体相比,更适应抗原的刺激,广义地讲,它具有免疫优势。因此,分析每次迭代中最优抗体,从而获得免疫优势,可以使算法更具通用性以及应用的便利性,由于没有依赖与问题有关的先验知识,因此,也保持了算法作为弱方法适应性强的特点。基于这一思路,可以构造很多获得免疫优势的方法。针对采用二进制编码的抗体群落,本文提出了如下的抗体免疫优势算子。

记抗体群 $\mathbf{A} = [a_1 \ a_2 \ \dots \ a_n]$ 为

$$\mathbf{A} = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & \dots & a_{1l} \\ a_{21} & a_{22} & \dots & a_{2l} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \dots & a_{nl} \end{bmatrix} \quad (5)$$

定义参考抗体 $\mathbf{m} = [m_1 \ m_2 \ \dots \ m_l]$, 其中

$$m_i = \begin{cases} 1, & \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n a_{ji} \geq \sigma \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (6)$$

其中 σ 是一阈值,本文取为 0.5。

设 $\mathbf{a}_i \in \mathbf{A}$ 是抗体群中的最好抗体,如果 $f(\mathbf{m}) > f(\mathbf{a}_i)$, 则互换。

以一定的概率 $p_{i,d}$, 使 $\mathbf{a}_j \in \mathbf{A}$, $j = 1, 2, \dots, l$ and $j \neq i$ 获得免疫优势。具体地,令

$$\mathbf{a}'_j = H(\mathbf{a}_j + \mathbf{a}_i - \mathbf{m} - 1) \quad (7)$$

$H(\bullet)$ 是一门限函数:

$$H(x) = \begin{cases} 1, & x > 0 \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (8)$$

$p_{i,d}$ 是一个自适应调节的参数, 如果 $f(a'_j) > f(a_j)$ 或 $f(m) > f(a_i)$, 表明免疫优势的作用是有有效的, 则增大 $p_{i,d}$, 否则减小.

3 免疫优势克隆算法

参照遗传算法的一般框架, 免疫优势克隆算法 (Immunodominance Clone Algorithm, IDCA) 的主要流程可描述如下:

免疫优势克隆算法

- 步骤 1 $k = 0$, 初始化抗体群落 $A(0) = \{a_1(0), a_2(0), \dots, a_n(0)\} \in I^n$, 设定算法参数;
- 步骤 2 计算亲合度: $A(k) : \{f(\varphi(A(k)))\} = \{f(\varphi(a_1(k))), f(\varphi(a_2(k))), \dots, f(\varphi(a_n(k)))\}$;
- 步骤 3 停止条件满足则算法停止, 否则继续;
- 步骤 4 获得免疫优势;
- 步骤 5 依据亲合度和设定的抗体克隆规模, 进行克隆和克隆变异操作;
- 步骤 6 计算亲合度;
- 步骤 7 克隆选择, 获得新的抗体群落 $A(k + 1)$;
- 步骤 8 $k = k + 1$; 回到步骤 2.

克隆 定义

$$\Theta(A(k)) = [\Theta(a_1(k)) \quad \Theta(a_2(k)) \quad \dots \quad \Theta(a_n(k))]^T \tag{9}$$

其中 $\Theta(a_i(k)) = I_i \times a_i(k)$, $i = 1, 2, \dots, n$, I_i 为 q_i 维行向量, 称抗体 a_i 的 q_i 克隆.

$$q_i = g(N_c, f(a_i(k))) \tag{10}$$

一般取

$$q_i = \text{Int} \left[N_c \times \left(\frac{f(a_i(k))}{\sum_{j=1}^n f(a_j(k))} \right) \right], \quad i = 1, 2, \dots, n \tag{11}$$

$N_c > n$ 是与克隆规模有关的设定值; $\text{Int}(\bullet)$ 为上取整函数, $\text{Int}(x)$ 表示大于 x 的最小整数. 由此可见, 对单一抗体而言, 其克隆规模是自适应调整的. 克隆过后, 种群变为

$$A'(k) = \{A(k), A'_1(k), A'_2(k), \dots, A'_n(k)\} \tag{12}$$

其中

$$A'_i(k) = \{a_{i1}(k), a_{i2}(k), \dots, a_{iq_i-1}(k)\}, \quad a_{ij}(k) = a_i(k), \quad j = 1, 2, \dots, q_i - 1 \tag{13}$$

克隆变异 依据概率 p_m^i 对克隆后的群体进行变异操作, $A''(k) = T_m^C(A'(k))$; 为了保留抗体原始种群的信息, 变异算子并不作用到 $A \in A'$, 即

$$p(a_{ij} \rightarrow a'_{ij}) = (p_m^i)^{H(a_{ij}, a'_{ij})} (1 - p_m^i)^{l-H(a_{ij}, a'_{ij})} \tag{14}$$

克隆选择 $\forall i = 1, 2, \dots, n$, 若存在变异后抗体 $b = \max\{f(a_{ij}) | j = 1, 2, \dots, q_i - 1\}$, 使得

$$f(a_i) < f(b), \quad a_i \in A(k) \tag{15}$$

则用 b 取代原抗体 a_i , 从而更新抗体群, 实现信息交换.

实际应用中一般采用限定迭代次数或特定的停止准则, 以及二者的混合形式作为终止条件. 本文结合设定迭代次数和停止准则作为上述算法的终止条件. 停止准则定义为

$$|f^* - f^{\text{best}}| < \varepsilon \tag{16}$$

式中 f^* 是目标函数 f 的最优值, f^{best} 是当前演化代的最好目标函数值. 当 $0 < |f^*| < 1$ 时, 取

$$|f^* - f^{\text{best}}| < \epsilon |f^*| \tag{17}$$

上述克隆、克隆变异和克隆选择的实质是在一代进化中, 在候选解的附近, 根据亲合度的大小, 产生一个变异解的群体, 扩大了搜索范围, 而且由于克隆选择的局部择优作用, 从而在候选解的附近实现了局部搜索. 由此可见, 免疫优势克隆算法不但将全局搜索和局部搜索有机地结合起来, 而且引入了先验知识和在线自适应动态获得先验知识的机制, 并实现了个体间的信息交换 (不同于遗传算法的交叉操作), 因此, 更好地保证了抗体种群的多样性, 进一步提高了算法的效率. 算法的收敛性证明类似文献 [6].

4 仿真实验

4.1 0-1 背包问题 (0-1 knapsack problem)

0-1 背包问题是一类经典的组合优化 NP 完全难题. 对该问题求解方法的研究无论是在理论上, 还是在实践中都具有一定的意义, 如资源分配、投资决策、装载问题、网络资源分配等均可建模为背包问题 [8]. 背包问题给出一套实体及它们的价值和尺寸, 选择一个或多个互不相干的子集, 使每个子集的尺寸不超过给定边界, 而被选择的价值总和最大. 具体地, 给定 m 种资源 (如空间、容积、载量等), 各种资源的最大提供数量是 c_i (capacity), $i = 1, 2, \dots, m$, 现将 n 种物资装入背包, 第 j 项物资占用第 i 种资源的数量是 a_{ij} , $j = 1, 2, \dots, n$, 受益量 (Profits) 是 p_j , 求一个二进制的向量 $\mathbf{X} = (x_1, x_2, \dots, x_n)$, 使总受益最大. 本质上, 这是一个整数规划:

$$\max f(\mathbf{X}) = \sum_{j=1}^n x_j \times p_j, \text{ s.t. } \sum_{j=1}^n x_j \times a_{ij} \leq c_i, i = 1, 2, \dots, m; x_j \in \{0, 1\}, j = 1, 2, \dots, n \tag{18}$$

采用文献 [9] 提供的标准测试数据, 对 IDCA 进行 20 次独立试验的部分统计结果如表 1 所示 (表中没有列出那些 IDCA 几乎次次都能获得最优解的问题). 表中, O_n 表示达到最优值的次数, \bar{f} 表示获得最优解的平均值, $T_{\text{ave}}, T_{\text{min}}, T_{\text{max}}$ 分别表示目标函数值的平均计算次数、最少次数和最大次数, 其中, $T_{\text{ave}}, T_{\text{max}}$ 仅对达到最优解的情况进行了统计. IDCA 的抗体群规模为 40, 克隆规模为 200, 停止准则为找到最优值或达到最大函数计算次数 t (这里 $t = 10^5$), 实验中, p_{i_d} 取为 0.1, 变异概率取为编码长度的倒数, 对抗体的修补策略采用贪婪修补. 抗原免疫优势的获得是根据利益和价值比大小确定编码的形式, 即以较大的概率装入利益 / 价值比大的项, 并移走比值小的项. 表 2 所示的是与文献 [10] 遗传算法对比结果. 除了函数计算次数 t 按表中取值以及克隆规模为 400 外, IDCA 的试验条件不变. 表 2 中给出的是 100 次独立实验的统计值. 图 2 所示的是一次试验中, Weing7-150 和 Weing8-150 目标函数变化的情况.

表 1 多维 0-1 背包问题的试验结果 I

测试数据				O_n	\bar{f}	T_{ave}	T_{max}	T_{min}
名称	n	m	最优值					
HP2	35	4	3186	2	3150.5	38627	29963	8664
Knap39	39	5	10618	14	10613	29229	81795	4546
PB2	34	4	3186	3	3154.9	48254	70756	6498
PB5	20	10	2139	5	2123.3	51334	94582	722
PB7	37	30	1035	2	1029.8	54331	87723	20938
WEING7	105	2	1095445	6	1095382.1	42477.7	76171	26714
WEISH06	40	5	5557	13	5552	27269	5415	99636
WEISH23	80	5	8344	6	8341.9	18110	34656	12274
WEISH25	80	5	9939	12	9937.4	45456	91333	13357

表 2 多维 0-1 背包问题的试验结果 II

测试函数	属性				IDCA		GA	
	n	m	最优值	t	f	O_n	f	O_n
Knap15	15	10	4015	5×10^3	4015	100	4012.7	83
Knap20	20	10	6120	10^4	6119.9	99	6102.3	33
Knap28	28	10	12400	5×10^4	12399.7	97	12374.7	33
Knap39	39	5	10618	10^5	10613.5	75	10536.9	4
Weing7-150	105	2	1095445	2×10^5	1095412.5	63	1093897	-
Weing8-150	105	2	624319	2×10^5	624306.8	94	613383	6

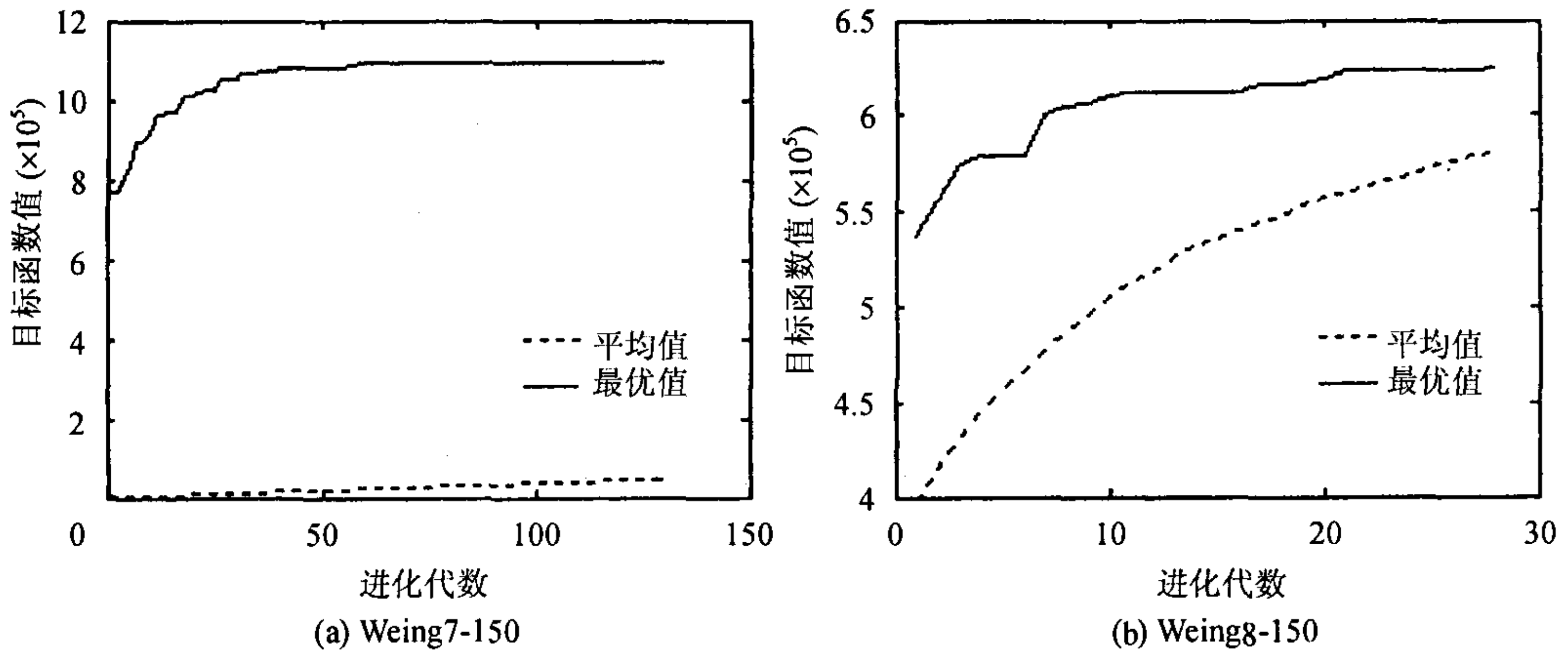


图 2 目标函数变化情况

上述试验表明, 免疫优势克隆算法解决 0-1 背包问题是有效的。与相应的进化算法相比, 该算法有效克服了早熟问题、改善了陷入局部极小值的情形, 而且寻优的效果明显, 收敛速度快。之所以, IDCA 对表 1 中所示的少数问题不能次次都获得最优解, 是因为, 就问题本身而言, c_i 的取值特征对算法性能的影响要大于问题规模的增加 (即 n, m 的增大), c_i 的取值大大限制了可行解的范围, 使得搜索效率下降, 但是表 1 的统计结果也表明 IDCA 依旧能获得令人满意的解。图 3 表明了 IDCA 更好地保持了抗体群的多样性。实验中还发现, 如果减少抗体群规模, 只要保持适当的克隆规模, 算法的性能改变不大。

4.2 函数优化 (Function optimization)

为了对算法优化函数性能进行测试, 同时考虑到编码问题, 因此本文采用了以下常用的二维测试函数。这些函数都只有 1 个全局最优解, 而局部最优值很多, 一般的进化算法很难获得问题的最优解。

$$f_1(x, y) = 20 + x^2 - 10 \cos(2\pi x) + y^2 - 10 \cos(2\pi y), \quad x, y \in [-5.12, 5.12] \quad (19)$$

$$f_2(x, y) = 100 \times (y - x^2)^2 + (1 - x)^2, \quad x, y \in [-2.408, 2.408] \quad (20)$$

$$f_3(x, y) = 0.5 - (\sin^2 \sqrt{x^2 + y^2} - 0.5) / [1 + 0.001 \times (x^2 + y^2)^2], \quad x, y \in [-5.12, 5.12] \quad (21)$$

表 3 对比了 IDCA 与 MGA 对不同测试函数优化性能。MGA 是一种改进的遗传算法, 主要是利用选择代替了轮赌选择, 保留最优个体。IDCA 随机选取 40 个初始抗体, 克隆规模为 60, 变异概率取为编码长度的倒数, p_{id} 取为 0.1; 除了交叉概率取为 0.85 外, MGA 的其它参数与 IDCA 相同。表 3 所示的是不同函数 20 次独立运行的统计结果。可以看出, 虽然与常规的遗传算法相比, MGA 具有脱离局部最优值的能力 (如函数 f_2), 但是却比 IDCA 差很多, 而且 IDCA 还进一步提高了收敛速度。

上述试验采用 Matlab 语言在 PIII800、256MRAM 的 PC 上完成。

表 3 IDCA 算法与 MGA 算法的性能比较

测试函数和条件			函数计算次数平均		陷入局部极小值次数	
函数	n	ε	IDCA	MGA	IDCA	MGA
f_1	(40)	0.01	718.55	4662	0	0
f_2	(40)	0.001	3568.5	36494*	0	5
f_3	(40)	0.005	1371.5	—	0	20

* 仅对未陷入局部极小值的情况进行统计。

5 结论

本文阐述了用于人工免疫系统的免疫优势概念,着重探讨了抗体免疫优势的获得,并结合克隆选择机理构造了免疫优势克隆算法。针对 0-1 背包和有关函数优化问题的试验表明,由于该算法将全局搜索和局部搜索结合起来,并引入先验知识,不但有效地避免了陷入局部极小值的问题,而且提高了收敛速度。具体地,可以得到以下结论:

(1) 抗体免疫优势着眼于抗体本身的性能,抗原免疫优势更加强调抗原与抗体的关系以及问题本身的先验知识;但是本质上都强调获得和应用先验知识以改善算法性能。

(2) 免疫优势克隆算法将全局搜索和局部搜索结合起来,并自适应动态地从抗体群落本身获得先验知识以提高算法性能,从而有效地避免了陷入局部极小值的问题,提高了收敛速度。

(3) 免疫优势克隆算法具有解决 0-1 背包问题和函数优化等复杂问题的潜力,并在试验中表现出一定的通用性。

参 考 文 献

- [1] Dasgupta D, Forrest S. Artificial immune systems in industrial applications[C]. Proceedings of the Second International Conference on Intelligent Processing and Manufacturing of Materials (IPMM '99), Honolulu, 1999, 1: 257-267.
- [2] 丁永生,任立红. 人工免疫系统:理论与应用[J]. 模式识别与人工智能, 2000, 13(1): 52-59.
- [3] Gasper A, Collard P. From GAs to artificial immune systems: improving adaptation in time dependent optimization[A]. Proceedings of the Congress on Evolutionary Computation (CEC 99)[C], Washington: IEEE press, 1999: 1859-1866.
- [4] De Castro L N, Von Zuben F J. The clonal selection algorithm with engineering applications[C]. Proc. of GECCO'00, Workshop on Artificial Immune Systems and Their Applications, Nevada, 2000: 36-37.
- [5] Kim J, Bentley P J. Towards an artificial immune system for network intrusion detection: an investigation of clonal selection with a negative selection operator[C]. Proceedings of the 2001 Congress on Evolutionary Computation, Seoul, 2001, 2: 1244-1252.
- [6] Du Haifeng, Jiao Licheng, Wang Sun'an. Clonal operator and antibody clone algorithms. Proceedings of the First International Conference on Machine Learning and Cybernetics, Beijing, 4-5 November, 2002: 506-510.
- [7] 周光炎. 免疫学原理 (Principles of Immunology)[M]. 上海: 上海科学技术文献出版社, 2000: 4-5.
- [8] Silvano M, David P, Paolo T. New trends in exact algorithms for the 0-1 knapsack problem[J]. *European Journal of Operational Research*, 2000, 13(2): 325-332.
- [9] Georg S. Mp-testdata. <http://elib.zib.de/pub/Packages/mp-testdata/ip/sac94-suite/index.html>
- [10] Hoff A, Lokketangen A, Mittet I. Genetic Algorithms for 0/1 Multidimensional Knapsack Problems. Working Paper, Molde College Britveien Molde, Norway, 1996.

杜海峰: 男, 1972 年生, 博士后, 主要研究领域包括: 模糊系统、人工神经网络、进化算法、人工免疫系统以及智能控制和故障诊断等。

焦李成: 男, 1959 年生, 教授, 主要研究领域包括: 非线性理论、人工神经网络、子波理论、进化算法、数据挖掘、多用户检测以及人工免疫系统等。

刘若辰: 女, 1974 年生, 博士生, 主要研究领域为进化计算及神经网络等。