

文章编号:1001-9081(2007)04-0956-04

基于多层染色体基因表达式程序设计的混合遗传进化算法

杜欣^{1,2},刘坤起^{1,2},康立山^{2,3},谢大同²,李悦乔²

(1. 石家庄经济学院信息工程学院,河北石家庄 050031;

2. 中国地质大学计算机科学与技术系,湖北武汉 430074;

3. 武汉大学软件工程国家重点实验室,湖北武汉 430072)

(xindu79@126.com)

摘要:提出了一种新的基于多层染色体基因表达式程序设计的混合遗传进化算法:M-GEP-GA。该算法在基因表达式程序设计的基础上引入了多层染色体,并采用与遗传算法相嵌套的二级演化方法。利用染色体构建的层次调用模型对个体进行表达,用基因表达式程序设计方法优化模型结构,遗传算法优化模型参数。通过对三组数据测试,与用单基因 GEP、多基因 GEP 的结果进行对比,实验表明改进的算法具有更强的寻优能力和更高的稳定性。

关键词:多层染色体;基因表达式程序设计方法;遗传算法

中图分类号: TP183 **文献标识码:** A

New hybrid evolution algorithm based on multi-layer chromosomes gene expression programming

DU Xin^{1,2}, LIU Kun-qi^{1,2}, KANG Li-shan^{1,3}, XIE Da-tong¹, LI Yue-qiao¹

(1. College of Information and Engineering, Shijiazhuang University of Economics, Shijiazhuang Hebei 050031, China;

2. Department of Computer Science and Technology, China University of Geosciences, Wuhan Hubei 430074, China;

3. State Key Laboratory of Software Engineering, Wuhan University, Wuhan Hubei 430072, China)

Abstract: A new hybrid evolution algorithm named M-GEP-GA was proposed. It is based on the new concept of the multi-layer chromosomes in gene expression programming (GEP) and uses two-level evolution method, whose main idea is to embed Genetic Algorithm (GA) in GEP where GEP is employed to optimize the structure of a model, and GA is employed to optimize the parameters of a model. The results of experiments show that the algorithm has better search ability and higher stability than the traditional single gene and multi-genes GEP and GP-GA method.

Key words: multi-layer chromosome; Gene Expression Programming (GEP); Genetic Algorithm (GA)

0 引言

回归分析(曲线拟合)是工程计算中一个重要方面。传统的解决方法都是首先确定方程 $\varphi(x)$ 的结构,然后采用最小二乘方法求解模型参数。采用传统方法求解时在很大程度上取决于人为的因素,比如估计方程 $\varphi(x)$ 合适的结构;而且传统方法通常只适合求解结构较为简单的函数,多数情况下是多项式函数。如果 $\varphi(x)$ 的结构过于复杂,求解 $\varphi(x)$ 待定系数法的方程组就会变得很复杂。这些缺点的存在可能导致传统方法难于找到适合的函数,也就是难于建模成功,从而限制了其使用范围。

近年来,演化计算领域的研究者采用树形结构编码的遗传程序设计(Genetic Programming)进行符号回归的研究^[1],并在此基础上根据问题的特点设计出了许多算法来提高回归效率,这些方法在很多经典问题上取得了很好的效果。2000年 Ferreira 提出了一种新的遗传算法—基因表达式编程(Gene Expression Programming, GEP)^[2],并将其应用于回归分析的研究^[2-5]。虽然基本的 GEP 可以得到较好的结果,但是

仍然存在进化代数过大或无法取得最优结果的情况,本文在基本 GEP 的基础上,提出了 M-GEP-GA 算法,算法有如下特点:1)引入了多层染色体调用的思想^[6],种群中每个个体由多个染色体组成,不同的染色体有不同字符集和长度,多个染色体分为多个层次,上层染色体可以调用下层染色体基因的计算结果;2)采用与遗传算法相嵌套的二级演化方法^[7],用 GEP 技术优化模型结构的同时嵌套以 GA 优化模型参数。

1 M-GEP-GA 算法

1.1 基因结构

M-GEP-GA 的基因结构为“头(head) + 身(body) + 尾(tail)”,头部只能取运算符中的元素,身部可以取运算符和终端集中的元素,尾部取终端集中的元素,这时 $\text{tail} = (\text{head} + \text{body}) \times (n - 1) + 1$,其中 n 是基因含有的函数最大参数个数(例如,对于三角函数, n 为 1;对于加法等算术运算, n 取 2)。

1.2 多层调用结构

为提高个体表达空间的范围,这里引入了多层染色体,上层染色体对下级染色体基因具有重复调用的功能。调用结构

收稿日期:2006-10-12;修订日期:2006-12-15 基金项目:国家自然科学基金资助项目(60473081;60473037);河北省教育厅自然科学基金资助项目(2004454;2005338);河北省高科技研究资助项目(05213567;06213562)

作者简介:杜欣(1979-),女,新疆石河子人,讲师,硕士,主要研究方向:演化计算;刘坤起(1967-),男,河北无极人,副教授,博士研究生,主要研究方向:演化计算;康立山(1934-),男,湖南人,教授,博士生导师,主要研究方向:计算机科学理论、演化计算和并行计算;谢大同(1977-),男,湖南娄底人,硕士,主要研究方向:演化计算;李悦乔(1979-),男,广东江门人,硕士,主要研究方向:演化计算。

如下:将个体 I 中的染色体 $I(\Sigma)$ 设计为层次结构,按从下到上持续,记为 $C1, C2, \dots, Ck$,其中 $k = \text{length}(I(\Sigma))$,即染色体个数。设 $C1(\Sigma) = (G(1,1), G(1,2), \dots, G(1, N_1))$, $N_1 = \text{length}(C1(\Sigma))$,即第1个染色体的基因个数, $C1(T), C1(F)$ 为第1个染色体的终端集和函数集,则可定义第2个染色体 $C2$ 的终端字符集: $C2(T) = (C1(T), G(1,1), G(1,2), \dots, G(1, N_1))$ 。一般的有第 i 个染色体 C_i 的终端字符集: $C_i(T) = (C_{i-1}(T), G(i-1,1), G(i-1,2), \dots, G(i-1, N_{i-1}), G(i-2,1), G(i-2,2), \dots, G(i-2, N_{i-2}), \dots, G(1,1), G(1,2), \dots, G(1, N_1))$, $i > 1$,即将所有的非第1个染色体的终端字符集设置为所有下一级染色体的基因和下一级染色体终端字符集,如图1所示。

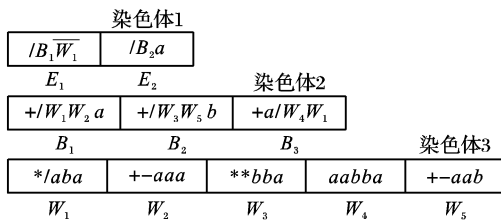


图1 染色体调用模型

在图1中共定义3个染色体,从上到下分为3层。最下层染色体有5个基因,分别记为 W_1, W_2, \dots, W_5 ,染色体的终端字符集为 (a, b) 。第2个染色体有3个基因,记为 B_1, B_2, B_3 ,染色体的终端字符集为 $(W_1, W_2, \dots, W_5, a, b)$ 。第1个染色体有2个基因,其终端字符集为 $(B_1, B_2, B_3, W_1, W_2, \dots, W_5, a, b)$,表示对第1,2个染色体基因的调用。每一层的函数集可以不同。

1.3 二级演化建模方法

采用传统的基因表达式程序设计方法来实现函数建模,虽然模型的结构较传统方法有更大的灵活性,但同时也存在着一个问题,即在种群进化过程中,一些结构较好的模型有很大概率会因其随机产生的参数不合适致使其适应值低而被淘汰出种群,使得最终搜索到的模型精确度不高,并且演化速度慢,还会出现“过早收敛”的现象。为此在用基因表达式程序设计演化建模的基础上嵌入模型的参数优化过程,使得进化过程明显加快并且所得模型更优。由于传统的一些非线性参数估计的算法,如直接搜索法、Hooke-Jeeves法、Nelder-Mead法、梯度法和变尺度法^[8]等,通常只对某一类特定问题才有效,而且对模型的限制条件较强,如要求模型具有连续、可导、单峰等特性,而演化建模算法产生的模型复杂多样,包含多组参数且参数的维数也不固定,用这些方法根本无法获得其参数估计。为此采用的是一种基于群体搜索技术、多父体杂交的演化算法(郭涛算法^[9])。

算法的基本结构如下:

PROCEDURE M-GEP-GA 算法

begin

随机初始化种群 $P(0)$;

计算 $P(0)$ 中个体的适应值;

从 $P(0)$ 中选出最好个体 $Best$;

$t := 0$; $unchange := 0$;

repeat

执行变异操作;

执行重组、转移操作来重组 $P(t)$;

计算 $P(t)$ 中个体的适应值;

根据选择策略从 $P(t)$ 中选择生成下一代的父体 $P(t+1)$;

从 $P(t+1)$ 中选出最好个体 $Best'$;

If ($Best$ 优于 $Best'$)

Unchange + +;

else

$Best = Best'$;

If ($unchange == \text{max_unchang}$)

begin

分离个体 $p(i)$ 中所包含的参数;

随机初始化参数种群 $Q(0)$;

计算 $Q(0)$ 中个体的适应值;

$s := 0$;

采用基于群体搜索技术、多父体杂交的演化算法(郭涛算法)对参数进行优化;

用 $Q(s)$ 中的最好个体替换 p_i 中的对应参数项;

end;

$t := t + 1$;

until $t \geq \text{Maxgenerations}$;

用 $P(t)$ 中的最好个体作为系统的预测;

end

这里,Maxgenerations为最大演化代数。其中,进行参数优化的GA算法见2.4节。

1.4 基于群体搜索技术的演化算法

在M-GEP-GA算法中,使用文献[9]提出的一种基于群体搜索技术、多父体杂交的演化算法,即郭涛算法。不等式约束下函数最小化问题描述为:

$$\min f(X) \quad (X \in D), \text{ 其中 } X = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in R^n$$

$D = \{X \in R^n \mid l_i \leq x_i \leq u_i, i = 1, 2, \dots, n\}$,记 D 中 M 个点为 $X_j' = (x_{1j}', x_{2j}', \dots, x_{nj}')$, $j = 1, 2, \dots, M$ 。记它们所张成的子空间为:

$V = \{X \in D \mid X = \sum_{j=1}^M \alpha_j x_j'\}$,其中 α_j 满足条件:

$$\sum_{j=1}^M \alpha_j = 1, \quad -0.5 \leq \alpha_j \leq 1.5$$

郭涛算法描述如下:

Begin

initialize $P = \{X_1, X_2, \dots, X_n\}; X_i \in D$

$t := 0$;

$X_{best} = \arg \min_{1 \leq i \leq n} f(X_i); X_{worst} = \arg \max_{1 \leq i \leq n} f(X_i)$;

While $\text{abs}(f(X_{best}) - f(X_{worst})) > \epsilon$ do

Begin

Select M points X_1', X_2', \dots, X_m' from P randomly;

Select one point X' from V randomly;

If $f(X') < f(X_{worst})$ then $X_{worst} = X'$;

$t := t + 1$

$X_{best} = \arg \min_{1 \leq i \leq n} f(X_i); X_{worst} = \arg \max_{1 \leq i \leq n} f(X_i)$;

end;

Print t, p ;

End

1.5 遗传操作和适应度函数

本文算法所采用的遗传操作为:

(1)基因随机重组算子(Pr):随机选择两个需要重组的个体,对两个重组个体的所有基因随机选择是否交换。

(2)基因转移算子(Pgt):随机选择一个染色体,对选中的染色体,随机选择两个基因是否交换。

(3)变异:在基因头部,只能变异成函数符号;在基因尾部,任何符号都可以变异成函数符号或者终端符号;在基因的尾部,终端符号只能变异成终端符号。

一点重组和两点重组同传统的GEP算法。

本文算法所采用的适应度函数为基于相对误差的适应度函数(1)。在针对特定训练集计算个体适应度中,采用逐级方式求得染色体每个基因表达式得分,代入作为下一条染色

体的终端字符集. 最终个体的适应度得分根据最后一条染色体每个基因表达式得分求出, 适应度公式如下:

$$f_i = \max\left(M - \sum_{j=1}^n \left| \frac{C_{ij} - T_j}{T_j} \right| \cdot factor, 0\right) \quad (1)$$

其中 M 为适应度规范因子, n 是要计算的实例数, C_{ij} 表示个体 i 的第 j 个实例的计算结果, T_j 是第 j 个实例的目标结果, $factor$ 为比例因子, 为一常数, 此处我们将 $factor$ 设为 $1000/$ 记录数。显然, 如果适应值越大, 则表示个体越好。

2 实验和结果

实验对单基因的 GEP 方法、多基因的 GEP 方法和 M-GEP-GA 方法进行了比较。其参数设置如表 1。实验一中, 单基因和多基因的 GEP 方法的函数集均为 $F = \{+, -, *, /, \}$, M-GEP-GA 方法采用三层调用, 第一、第二层函数集为 $F = \{+, -, *, /, \}$, 第三层函数集为 $F = \{+\}$ 。实验二和实验三中, 单基因和多基因的 GEP 方法的函数集均为 $F = \{+, -, *, /, \sin, \cos, \ln, \text{sqrt}, \exp\}$, M-GEP-GA 方法采用三层调用, 第一、第二层函数集为 $F = \{+, -, *, /, \sin, \cos, \ln, \text{sqrt}, \exp\}$, 第三层函数集为 $F = \{+, -, *, /, \}$ 。实验一和实验二的数据均来自文献[5], 实验三的数据来源于文献[10]。种群中最好个体的适应值连续 10 代无变化时对该模型进行参数优化。三组实验均在 100 次独立运行的基础上, 通过平均最优

适应度、成功率和平均拟合误差比较算法的性能。其中适应度函数为公式(1), $M = 1000$, 其最大适应度为 1000, 拟合误差

$$FE = \sqrt{\sum_{i=1}^n (\bar{y}_i - y_i)^2}$$

其中 y_i 为实际数据, \bar{y}_i 为拟合值。

实验一 序列推理

N 的取值根据序列公式得到:

$$N = 5a^{4n} + 4a^{3n} + 3a^{2n} + 2a_n + 1 \quad (2)$$

其中 a_n 为非负整数, 采用 10 组测试数据 ($a_n = 1, 2, \dots, 10$), 根据给定的序列推理数据以上算法可以找到吻合的方程。

实验二 函数发现

已知的曲线形状为“V”的函数表达式为:

$$y = 4.251 * a^2 + \ln(a^2) + 7.243 * e^a \quad (3)$$

其中 a 是 $[-1, 1]$ 之间的浮点数, 随机得到 20 组测试数据, 算法能得到吻合的方程。

实验三 函数建模

数据见表 3 的实际数据一栏。根据甘肃省天水市 1979 年 ~ 1991 年的小麦锈病发病因素建立合适的数学模型并预测 1996 年的流行等级。其中 x 表示感病品种种植面积占小麦播种面积的百分比, y 表示去年秋苗全市普遍率, z 表示冬季积雪的天数, T 表示实际流行等级。

表 1 参数设置

	最长运行代数	种群大小	头长	身长	同源基因头长	同源基因身长	基因数	基因总长	变异率	单点重组率	两点重组率	基因重组率	基因位移率	根位移率	位移率
GEP	3000	80	30	110	0	0	1	281	0.044	0.3	0.2	0.1	0.1	0.1	0.1
多基因 GEP	3000	80	2	13	2	14	8	281	0.044	0.4	0.2	0.1	0.1	0.1	0.1
M-GEP-GA	3000	80	(1, 4, 4)	(5, 9, 16)	0	0	(6, 6, 1)	281	0.044	0.4	0.2	0.1	0.1	0	0

表 2 对比结果

	第一个实验			第二个实验			第三个实验		
	成功率 (%)	平均最优适应值	平均拟合误差	成功率 (%)	平均最优适应值	平均拟合误差	成功率 (%)	平均最优适应值	平均拟合误差
GEP	100%	515.76	2629320	36%	342.23	123.458	96%	729.462	4.249144
多基因 GEP	100%	735.6	444925	60%	631.947	63.4551	97%	782.619	3.86276
M-GEP-GA	100%	983.068	29615	85%	809.409	34.7577	99%	897.686	2.963051

表 3 预测模型的样本集及预测结果比较

样本	年份	实际数据				预测值				相对误差 (%)			
		x	y	z	T	GP-GA ^[7]	单基因 GEP	多基因 GEP	M-GEP-GA	GP-GA	单基因 GEP	多基因 GEP	M-GEP-GA
1	1979	61.0	0.405	12	3	2.9342	2.9986	2.3294	2.7753	2.2	0.046	0.22353	7.48928
2	1980	64.8	0.397	16	3	2.9342	3.0882	2.8365	3.0019	2.2	2.939	0.0545	0.064006
3	1981	50.8	0.002	10	1	0.9552	1.0153	1.0484	0.9871	4.5	1.53	0.04844	1.28672
4	1982	52.9	0.317	18	2	2.0061	1.9016	2.2768	2.0018	0.3	4.92	0.13841	0.091689
5	1983	61.2	0.111	18	3	3.0099	2.1065	3.0277	3.1006	0.3	29.78	0.00923	3.35151
6	1984	76.0	0.521	22	4	3.9258	3.5895	4.3340	4.0543	1.8	10.26	0.08350	1.35844
7	1985	80.4	0.887	39	5	5.0203	4.6987	4.7433	4.2927	0.4	6.025	0.05135	14.1457
8	1986	50.9	0.391	6	1	0.9679	0.9688	1.0051	0.9948	3.2	3.12	0.00513	0.521443
9	1987	50.4	0.082	10	1	1.0696	1.0762	1.0943	1.0069	6.9	7.62	0.09430	0.91965
10	1988	41.2	0.081	9	1	0.9869	1.0714	0.7029	1.0046	1.3	7.14	0.29713	0.456952
11	1989	60.0	0.900	25	3	3.0714	3.5512	3.3763	3.0023	2.4	18.37	0.12543	0.075226
12	1990	80.0	1.910	27	5	4.8946	4.6082	5.0820	4.8195	2.1	7.84	0.01641	3.61051
13	1991	70.0	0.750	9	3	3.0253	2.7332	2.9134	2.9984	0.84	8.89	0.02887	0.051931
14	1996	80.0	1.020	36	5	4.9152	4.9362	4.9006	4.9622	1.7	1.28	0.01987	0.755491

为体现算法的寻优能力, 通过表 2 的三组数据的比较, 从成功概率、平均最优适应值和平均拟合误差分析 (这里成功

概率和平均最优适应值越高越好, 拟合误差值越低越好), 可看出 M-GEP-GA 算法的成功概率和平均最优适应度值均高

于单基因和多基因 GEP 方法,而拟合误差均低于单基因和多基因 GEP 方法。从表 3 可看出,对于四种方法的 100 次最优运行结果的比较可看出, M-GEP-GA 方法大部分数据的相对误差低于单基因 GEP、多基因 GEP 和 GP-GA 方法。对于实验三,在 100 次运行中采用单基因 GEP 方法最好的适应值为 921.602,其拟合误差为 1.2726668,对应的方程为:

$$T = (\text{Ln}(\text{Ln}(\text{Sqrt}(\text{Exp}(z)) - 1)) - \text{Cos}((\text{Sin}(y - z)/((x/y) - (\text{Cos}(x) * (x - (x + ((y + z)/(2.92825 * y)))))))/(\text{Sqrt}(x) * (x + z)))) + \text{Exp}(\text{Sin}((\text{Sin}(\text{Sin}(z2)) * \text{Ln}((y + z))))))$$

采用多基因 GEP 方法最好的适应值为 944.564,其拟合误差为 0.99827,对应的方程为:

$$T = \text{Exp}((\text{Exp}(-6.43056) + (\text{Sin}(\text{Ln}((x * (\text{Sin}(\text{Exp}(y)) + (z + ((y * z)/(z - y))))))) * \text{Sqrt}(\text{Exp}(\text{Cos}(\text{Sin}((x - (\text{Exp}(y) - y))))))))))$$

采用 M-GEP-GA 方法最好的适应值为 975.749,其拟合误差为 0.598089,对应的方程为:

$$T = (2 * \exp(\cos \sqrt{z/y} + \ln(x - z)/x) + \sqrt{\exp(\sin y)} + 2 * y + z / \cos z + \ln \sqrt{\exp(\sin y)} / \sin z - z) / (\sqrt{\sin(\exp(\sin y))} * \ln \sqrt{\exp(\sin y)} / (\cos x + \sin x (\sin(\cos(\sin(z/\exp(\sin y))) + y) - x)) + (\sqrt{\exp(\sin y)} + 2 * y + z / \cos z + \ln \sqrt{\exp(\sin y)} / \sin z) / y) - (\cos x + \sin x (\sin(\cos(\sin(z/\exp(\sin y))) + y) - x)) - x) / (x + (\cos x + \sin x (\sin(\cos(\sin(z/\exp(\sin y))) + y) - x)) / (\cos(y/2 / (y + z / \cos z + \sin(y + z / \cos z))) * \exp(y + z / \cos z)))) * (y + \exp \sqrt{z/y} + \ln(x - z)/x)$$

从最后一个实验的实验结果来看, M-GEP-GA 方法的拟合误差均低于单基因和多基因 GEP 方法,其最好适应度值高于单基因和多基因方法。从以上实验可看出, M-GEP-GA 方法优于单基因和多基因 GEP 方法。

3 结语

新的遗传进化算法 M-GEP-GA 在原有基因表达式程序设计基础上引入了多层染色体的概念,上级染色体对下级染色体基因具有重复调用的功能,使得个体具有更大的表达空间,同时有利于软件重用,使得问题的关键部分能以基因的形式

得以继承;采用与遗传算法相嵌套的二级演化方法:用基因表达式程序设计方法优化模型结构,遗传算法优化模型参数使得具有较好结构的模型保存下来,解决了“任意常数”的问题。数值实验表明:采用这种算法能在较短的运行时间和较小的演化代数内搜索到多个较优的模型,而且应用所建模型得到的预测结果与已知的精确解能很好地吻合。

下一步的研究工作:在 M-GEP-GA 算法中引入 EDA 算法,使其能更好的学习;实现 M-GEP-GA 算法的并行化,加快其演化精度和速度。

参考文献:

- [1] KANG LS, LI Y, CHEN YP. A Tentative Research on Complexity of Automatic Programming[J]. Wuhan University Journal of Natural Science, 2001, 6(1-2): 59-62.
- [2] FERREIRA C. Gene expression programming: A new adaptive algorithm for solving problems[J]. Complex Systems, 2001, 13(2): 87-129.
- [3] FERREIRA C. Gene expression programming in problem solving [A]. invited tutorial of the 6th Online World Conference on Soft Computing in Industrial Applications[C]. Berlin, 2001, 9: 10-24.
- [4] FERREIRA C. 2002. Genetic representation and genetic neutrality in gene expression programming[J]. Advances in Complex Systems, 2002, 5(4): 389-408.
- [5] FERREIRA C. Function finding and the creation of numerical constants in gene expression programming[A]. the 7th Online World Conference on Soft Computing in Industrial Applications[C]. England, 2002.
- [6] 彭京,唐常杰,李川,等. M-GEP: 基于多层染色体基因表达式编程的遗传进化算法[J]. 计算机学报, 2005, 9(28): 1459-1466.
- [7] 曹宏庆,康立山,陈毓屏. 动态系统的演化建模[J]. 计算机研究与发展, 1999, 36(8): 923-931.
- [8] NASH JC, WALKER - SMITH M. No - linear Parameter Estimation [M]. Marcel Dekker, Inc., New York, Basel, 1987.
- [9] 郭涛,康立山,李艳. 一种求解不等式约束下函数优化问题的新算法[J]. 武汉大学学报(自然科学版), 1999, 45(5): 771-775.
- [10] 唐丽瑛,李森,张建. 混合 GP-GA 用于信息系统建模预测的研究[J]. 计算机工程与应用, 2004, 40(25).

2007 年全国软件与应用学术会议 (NASAC '07) 征文

第六届全国软件与应用学术会议 NASAC2007 将由西安交通大学计算机系承办,于 2007 年 9 月 20 日至 22 日在陕西西安举行。此次会议将由国内核心期刊(《计算机科学》)以增刊形式出版会议论文集,还将选择部分优秀论文推荐到核心学术刊物(EI 检索源)发表,并将评选优秀学生论文。欢迎踊跃投稿。

征文范围(但不限于下列内容):

- | | | |
|-----------------|----------------|-------------------|
| (1) 需求工程; | (2) 构件技术与软件复用 | (3) 面向对象与软件 Agent |
| (4) 软件体系结构与设计模式 | (5) 软件开发方法及自动化 | (6) 软件过程管理与改进 |
| (7) 软件质量、测试与验证 | (8) 软件再工程 | (9) 软件工具与环境 |
| (10) 软件理论与形式化方法 | (11) 操作系统 | (12) 软件中间件与应用集成 |
| (13) 分布式系统及应用 | (14) 软件语言与编译 | (15) 软件标准与规范 |
| (16) 软件技术教育 | (17) 计算机应用软件 | |

论文必须未在杂志和会议上发表或录用;篇幅限定 6 页(A4 纸)内;且会议只接受电子文档 PDF 或 PS 格式提交论文。排版格式请访问会议网址 <http://nasac07.xjtu.edu.cn>,将采用“NASAC2007 在线投稿系统”(<http://nasac07.xjtu.edu.cn>) 投稿(待建)。

论文投稿截止日期:2007 年 5 月 31 日

论文录用通知日期:2007 年 6 月 30 日

学术会议及活动日期:2007 年 9 月 20 日至 22 日

联系人:王换招,张 华(西安交通大学计算机科学与技术系)

电话:029-82668971 E-mail: csed@mail.xjtu.edu.cn

更详细的内容请访问 NASAC 2007 网址:<http://nasac07.xjtu.edu.cn>