

文章编号: 1001-0920(2009)10-1535-05

遗传交叉和变异对种群多样性的影响

刘 胜, 赵 红

(哈尔滨工程大学 自动化学院, 哈尔滨 150001)

摘 要: 首先, 定义了群体的算术交叉扩展子空间、寻优空间和基因位直方图概念, 并分析了交叉在解空间的扩展性. 然后, 证明了在二进制编码中, 交叉不能改变基因层次上的多样性; 而在实数编码中, 在一定条件下, 算术交叉可改变基因层次上的多样性, 但以扩大寻优空间、产生无用解为代价. 随后, 证明了交叉可改变个体层次上的多样性, 而变异可改变以上两个层次上的多样性. 最后, 分析了所得结论对遗传算法的改进和应用具有的指导意义, 并通过仿真加以验证.

关键词: 交叉; 变异; 扩展性; 影响; 基因层次多样性; 个体层次多样性

中图分类号: O229

文献标识码: A

Effect of genetic crossover and mutation on population diversity

LIU Sheng, ZHAO Hong

(School of Automation, Harbin Engineering University, Harbin 150001, China. Correspondent: ZHAO Hong, E-mail: zhaohong4977 @163.com)

Abstract: The arithmetic crossover extended subspace of population, the space for searching optimum solution and gene bit bar chart are defined, and the extensibility of crossover in solution space is analyzed. It is proved that crossover can't effect the diversity in gene level in binary code, but arithmetic crossover can effect the diversity in gene level in real number code under a certain condition, the cost for which is extending the searching space and producing the void solution. Crossover can effect the diversity in individual level, and mutation can not only effect the diversity in gene level but also in individual level. Finally, the instruction significance of all study results above to genetic algorithm in improvement and application are analyzed and validated by simulation.

Key words: Crossover; Mutation; Extensibility; Effect; Diversity in gene level; Diversity in individual level

1 引 言

早熟收敛是遗传算法(GA)中最广受关注的问题之一, 其本质为种群多样性的迅速下降^[1,2]. 目前, 对基本 GA 的主要改进方向之一为提高群体多样性. 交叉和变异是 GA 两个主要的遗传算子, 在 GA 进化过程中, 势必会对其多样性产生影响. 因此, 弄清交叉和变异的搜索性能, 以及与种群多样性的影响关系并加以利用, 将对解决 GA 早熟收敛有所裨益. 对于常见的单点交叉、双点交叉和一致交叉算子, 已有研究者分别对其搜索性能进行了分析. Syswerda 等^[3]利用函数优化实验, 分析了均匀交叉算子和单点、双点交叉算子的搜索性能; 张军英等^[4]从算子可达性的角度, 分析了一致交叉算子、单点交叉算子的搜索范围; 文献^[5]分析了交叉和变异对 GA 种群熵和方差的影响; ^[6]证明了交叉不会改变

种群的多样性测度和方差, 而变异会对其有影响; ^[7]证明了变异可改变基因位多样性; ^[8]阐述了交叉将引起子代与父代的差异. 以上研究或基于某一种多样性定义, 或基于某一层面的多样性展开.

本文从 GA 微观和宏观两个层次上的多样性出发, 从算数生成空间的角度, 以二进制编码和实数编码的常用交叉算子为例, 分析了其在解空间的扩展能力, 并证明了交叉和变异对 GA 两个层次多样性的影响. 以算数空间的角度统一了 GA 二进制编码和实数编码中交叉搜索能力的分析方法, 从而为利用改变交叉和变异率大小来改变种群多样性的方法提供了理论基础.

2 交叉在解空间的扩展性

首先, 给出种群多样性的度量方式. 纵观现有文献中关于多样性的定义方式, 概括起来主要是从微

收稿日期: 2008-12-08; 修回日期: 2009-03-30.

基金项目: 国家自然科学基金项目(60704004).

作者简介: 刘胜(1957—), 男, 吉林白城人, 教授, 博士生导师, 从事船舶航行与姿态控制、自动控制系统设计与实现等研究; 赵红(1982—), 女, 哈尔滨人, 博士生, 从事智能控制、船舶航行与姿态控制的研究.

观(基因层次)和宏观(个体层次)两个角度考虑.从微观角度定义的多样性主要包括:基因内部多样性^[9]、信息熵^[10]等;而从宏观角度定义的多样性主要有:群体平均海明距离^[8]、欧式距离^[11]等.

如前所述,早熟收敛的本质为种群多样性的迅速下降,而种群多样性是以基因和个体两个层次全面描述的.以基因为基本单元定义的多样性,描述的是 p (p 代表群体规模) 个个体在 n 位的每一位上的值不同程度的总和,从遗传操作的角度衡量种群的进化能力;以个体为基本单元定义的多样性,其目的是度量种群中所有个体分散程度的总和,是衡量种群中所有个体对整个搜索空间覆盖范围的重要标志.二者不必然具有一致性,它们的大小可能正好相反^[5],因此,不能用任何一方来代替另一方.它们是从结构和空间两个角度全面衡量种群多样性.例如:在 GA 进化初期,要使种群对整个搜索空间有较好的覆盖程度,以尽快发现最优解存在的区域,在进化过程中,除了考虑群体对搜索空间的覆盖程度外,还要重点考虑种群中个体基因位的差异程度,以使群体有较强的进化能力.因此,在 GA 进化的不同时期全面合理地考虑以上两个层次多样性,对抑制 GA 早熟收敛有重要意义.

在运用 GA 进行寻优之前,通常是将问题的可行域进行编码,设码长为 n ,若采用二值编码形式,则问题的可行空间(也称为解空间)为 $B^n = \{0,1\}^n$,即为 n 维超立方体的所有顶点,每个顶点 $v \in B^n$ 都是解空间中的一个个体^[5];若采用实值编码形式,则问题的可行空间为 $B_1^n = \{R\}^n$,即为 n 维超立方体内的所有点,每一点 $u \in B_1^n$ 都是解空间中的一个个体.

定义 1 设群体为 $V = \{v_i, i = 1, 2, \dots, p\}$, 称
$$B(V) = \begin{cases} (x_1 x_2 \dots x_n): x_j = v_{ij}, \bigoplus_{i=1}^p v_{ij} = 1; \\ x_j \in B, \bigotimes_{i=1}^p v_{ij} = 1; \\ j = 1, 2, \dots, n \end{cases} \quad (1)$$

为由 V 组成的子空间 B^d , 其维数为: $d = |\bigotimes_{i=1}^p v_i|$, $B(V)$ 记作 $B(v_1, v_2, \dots, v_p)$. 其中: \bigoplus, \bigotimes 分别表示同或运算和异或运算.

定义 2 设群体为 $U = \{u_i, i = 1, 2, \dots, p\}$, 称
$$B_1(U) = \begin{cases} (x_{ij}): x_{ij} = u_{ij}, u_{ij} = \bigoplus_{i=2}^p u_{ij}; \\ x_{ij} \in au_{qj} + (1-\alpha)u_{ij}, u_{ij} \neq \bigoplus_{i=2}^p u_{ij}; \\ q = 1, 2, \dots, i-1, i+1, \dots, p, \\ j = 1, 2, \dots, n \end{cases} \quad (2)$$

为 U 的交叉扩展子空间 B_1^R , 其维数 $R = p - s, s = |u_i|_{i=1}^p = u_r, |_{i=r+1}^p|, \alpha$ 为交叉系数,为某一区间均匀分布的随机数, $B_1(U)$ 记作 $B_1(u_1, u_2, \dots, u_p)$.

定义 3(以三维为例) 设某一遗传寻优问题含

3 个决策变量,分别为 x, y, z , 其取值范围分别为 $[4, 8], [5, 7], [5, 10]$, 称界定范围并除去空间 Q 的 R^3 空间 $\{k_1[1\ 0\ 0] + k_2[0\ 1\ 0] + k_3[0\ 0\ 1] - Q\}$. 其中: $k_1 \in [4, 8], k_2 \in [5, 7], k_3 \in [5, 10]$ 为寻优空间, 记为 \mathcal{D}^3 ; Q 为由于寻优空间的不连续性而扣除的空间.

定理 1 设群体 $U = \{u_i, i = 1, 2, \dots, p\}$, 寻优空间为 \mathcal{D}^3 , 则有: 1) 当 $\alpha \in [0, 1]$ 时, $B_1(U)$ 为 \mathcal{D}^3 (设 \mathcal{D}^3 连续) 的子空间; 2) 当 α 的取值分别向区间的左右延伸时, $B_1(U)$ 将可能不再是 \mathcal{D}^3 的子空间, 即群体 U 经算术交叉运算后所得解将可能超出寻优空间.

证明 1) 以 (u_1, u_2) 配对交叉为例进行分析, 根据定义 2, 有

$$\begin{cases} x_{ij} = u_{1j}, u_{1j} = u_{2j}; \\ x_{ij} \in \alpha u_{1j} + (1-\alpha)u_{2j}, u_{1j} \neq u_{2j}; \\ i = 1, 2, j = 1, 2, \dots, n. \end{cases}$$

下面分析 x_{ij} 的取值范围:

由以上可知, 当 $u_{1j} = u_{2j}$ 时, $x_{ij} = u_{1j}$, 而 $u_{1j} \neq u_{2j}$ 时, 令

$f(\alpha) = \alpha u_{1j} + (1-\alpha)u_{2j} = u_{2j} + \alpha(u_{1j} - u_{2j})$, 若 $u_{1j} > u_{2j}$, 则当 $\alpha = 1$ 时, $f(\alpha)$ 取最大值为 u_{1j} , $\alpha = 0$ 时 $f(\alpha)$ 取最小值为 u_{2j} ; 而 $u_{1j} < u_{2j}$ 时情况相反, 即有 $f(\alpha) \in [\min(u_{1j}, u_{2j}), \max(u_{1j}, u_{2j})]$, 由定义 3 可知 $B_1(U) \subset \mathcal{D}^3$.

2) 当 α 的取值分别向区间的左右延伸时, 如 $\alpha \in [-0.1, 1.1]$ 时, 情况与 1) 类似, 当 $u_{1j} = u_{2j}$ 时, $x_{ij} = u_{1j}$; 若 $u_{1j} > u_{2j}$, 则当 $\alpha = 1.1$ 时, $f(\alpha)$ 取最大值, 有 $f(\alpha) = (1.1u_{1j} - 0.1u_{2j}) > (1.1u_{1j} - 0.1u_{1j}) = u_{1j}$, 当 $\alpha = 0.1$ 时, $f(\alpha)$ 取最小值, $f(\alpha) = (1.1u_{2j} - 0.1u_{1j}) < (1.1u_{2j} - 0.1u_{2j}) = u_{2j}$; 而当 $u_{1j} < u_{2j}$ 时情况相反, 即 $f(\alpha)$ 的范围将可能小于 $\min(u_{1j}, u_{2j})$ 或大于 $\max(u_{1j}, u_{2j})$, 由定义 3 可知 $B_1(U)$ 将可能超出 \mathcal{D}^3 . \square

3 交叉、变异对 GA 两个层次多样性的影响

对于交叉、变异对 GA 两个层次上的多样性如何发挥作用, 有如下定理.

定理 2 交叉通常不能改变基因层次上的多样性, 当以产生无用解、扩大不必要的搜索空间为代价时, 某种交叉可改变基因层次上的多样性.

证明 1) 以二进制编码的单点交叉、一致交叉为例, 设 $V = \{v_{ij}\} (i = 1, 2, \dots, p, j = 1, 2, \dots, n)$, 满足 $v_{i1} = 1$. 令 $p = 4, n = 5$, 对 V 进行随机配对交叉, 交叉后的个体统一用 $(x_1 x_2 x_3 x_4 x_5)$ 表示. 由定义 1 可知: V 满足 $\bigotimes_{i=1}^4 v_{i1} = 1$, 则有 $x_1 = v_{11} = 1$, 即 $B(V) = \{(1x_2 x_3 x_4 x_5)\}$. 文献[9]指出, 对 V 进行单点交叉是在 $B(V)$ 的边缘上搜索, 而一致交叉是在

$B(V)$ 的全空间搜索, 尽管二者的扩展空间的大小不同, 但其分别为 $B(V)$ 的真子集和子集, 均不能超出 $B(V)$ 的范围. 因此, 以上 5 个个体无论如何配对交叉, 所获子代个体的第 1 个基因位上均为 1, 而经交叉无论如何不会变成 0. 其他各基因位同样如此, 即交叉不会引进新的基因材料, 对 $B^c(v_i, v_j) = B^b(v_i, v_j) - B^d(v_i, v_j)$ 空间无法搜索.

2) 以实数编码的算术交叉为例. 由定理 1 及其证明过程可知, 当 $\alpha \in [0, 1]$ 时, 有 $B_1(U) \subset \mathcal{D}^3$, 其中 $B_1(U)$ 为 \mathcal{D}^3 的子空间. 此时, $B_1(U)$ 的范围为由群体所构成的超立方体的边缘及其内部, 不会超出, 如图 1 所示. 本文将其理解为不能带来此超立方体与 \mathcal{D}^3 之间的新基因信息. 然而, 当 α 的取值分别向 $[0, 1]$ 区间的左右延伸时, $B_1(U)$ 将可能超出其父代群体所构成的超立方体的边缘向外延伸, 将其理解为为现有群体带来了新基因信息, 但这往往也可能产生超出寻优空间 \mathcal{D}^3 的无用解. \square

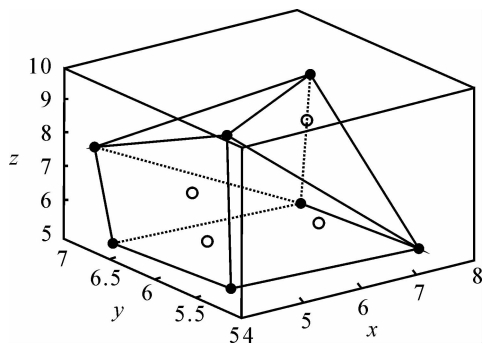


图 1 寻优空间 \mathcal{D}^3 及交叉扩展子空间 M

定理 3 交叉均能改变个体层次上的多样性; 而变异既能改变基因层次上的多样性又能改变个体层次上的多样性.

证明 个体层次上的多样性描述的是个体在解空间分散程度的总和. 由定理 1 和定理 2 的证明过程可知, 交叉将引起个体在一定范围内的转移, 产生不同与父代的个体, 即改变了个体层次上的多样性. 然而, 变异是以一定的概率使个体中某些基因位发生突变. 因此, 对定理 2 证明 1) 中的二进制编码将可能使某个 $v_{i1} = 0$, 并将新的基因引入到个体中来, 从而也能使个体在解空间的位置发生转移.

对于实数编码而言, 当 $\alpha \in [0, 1]$ 时, 也可能由于某个个体在某基因位的突变使其延伸到当前群体所构成的超立方体边缘之外, 达到与 α 取值超出 $[0, 1]$ 区间时相同的结果. 然而, 这种个体在解空间位置的转移和延伸同样改变了个体层次上的多样性. \square

定理 4 $B_1(U)$ 带来新基因信息的概率与 α 向 $[0, 1]$ 外延伸的大小成正比.

证明 当 α 向 $[0, 1]$ 外延伸越大时, 因为其在

区间内是均匀分布的, 则 $\alpha < 0$ 或 $\alpha > 1$ 概率越大, 生成的 R 维空间内两子代个体位于其父代个体空间连线延长线上的可能性越大, 即 $B_1(U)$ 超出父代群体构成的超立方体边缘的概率也越大, 即带来新基因信息的概率越大, 但对寻优空间 \mathcal{D}^3 的扩展也会越大, 无用解越多. \square

以上的证明分析过程以及所得结论对于今后 GA 的改进与应用具有一定的指导作用. 例如, 文献 [9, 10, 12, 13] 通过设计模糊控制器 (FLC) 动态调整交叉和变异率的大小, 从而使 GA 达到全局收敛. 但它们或通过设计 FLC 来动态改变交叉率大小, 以改变基因层次上多样性, 或仅以适应度变化量来指导交叉和变异率的变化, 没有考虑到种群多样性才是群体进化的动力, 因此存在一定的问题. 并且 GA 种群多样性是以基因层次和个体层次上的多样性为全面描述的. 因此, 在设计此类模糊 GA 时, 应使用以上两个层次多样性, 在 GA 进化的不同阶段对其有所侧重. 例如, 在 GA 进化初期, 应加大交叉率来增强种群个体层次上的多样性, 使种群对整个搜索空间有较好的覆盖程度, 以尽快发现最优解存在的区域; 在进化中期, 除了要考虑群体对搜索空间的覆盖程度外, 还要重点考虑加大种群的变异率, 使种群有足够的基因层次上的多样性, 保证种群的进化能力; 在进化的后期, 应使交叉和变异率都减小, 以使算法能够收敛. 有关这方面的进一步设计验证将在以后的工作中完成.

实数编码 GA 用于问题优化时, 若算法收敛速度很慢, 则可能是由于通常变异率取的很小, 不能有效地带来收敛所需要的新基因信息. 此时, 可考虑适当扩展 α 的值, 使其尽快搜索新的空间来加速算法收敛. 在遗传进化初期也应如此, 以带来更多的新基因信息, 使 GA 尽快获得包含算法全局收敛的基因, 从而保证算法快速全局收敛. 本文将采用这种策略的 GA 称为 NGA, 下面将用实例加以验证.

4 实验结果与分析

采用二维 De Jong 函数进行以下仿真实验验证:

$$f(x) = \sum_{i=1}^2 x_i^2, \quad -512 \leq x_i \leq 512, \quad i = 1, 2.$$

下面定义基因位直方图的概念: 设 $V = \{v_{ij}, j = 1, 2, \dots, n, i = 1, 2, \dots, p\}$ 为由 p 个个体, 每个个体由 n 个二进制数编码, 令 $m_j = \sum_{i=1}^p v_{ij}$, 则将 (j, m_j) 绘成的直方图称为基因位直方图, 它可用以衡量群体每个基因位总和的变化.

由于交叉和变异可改变个体层次上的多样性, 比较直观, 在此省略对其的验证.

图2为初始群体与经过10次交叉后群体的基因位直方图对比情况;图3为初始群体与经过10次变异后群体的基因位直方图对比情况.从两图可以看出,经交叉后的群体在各个基因位上基因值的总和不变,而经变异后的群体在各个基因位上基因值的总和发生了变化,从而说明了二进制编码中交叉不能带来基因层次的变化,而变异可以.

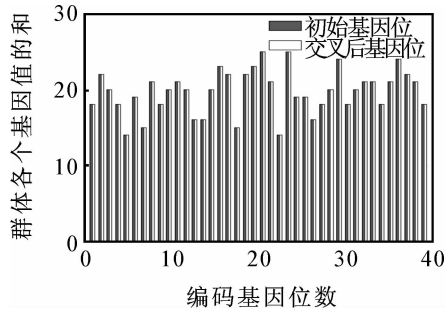


图2 初始群体与交叉后群体基因位直方图

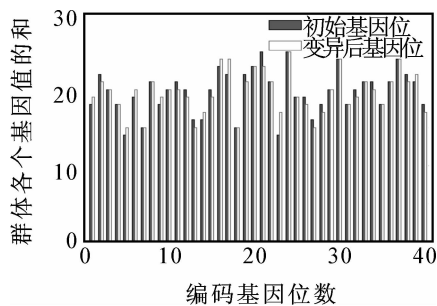


图3 初始群体与变异后群体基因位直方图

图4和图5分别给出了在实数编码的算数交叉中,分别交叉10次后, $\alpha \in [0,1]$ 和 $\alpha \in [-1.25, 1.25]$ 时对初始解空间的扩展情况.从图中可以看出,当 $\alpha \in [0,1]$ 时,算术交叉的结果均没有超出初始群体所限定的空间,而当 $\alpha \in [-1.25, 1.25]$ 时,产生了初始群体限定空间之外的解,即带来新基因的同时产生了无用解,从而进一步证明了前面的结论.

表1给出基本GA(SGA)与本文NGA分别寻优Schaffer函数F6,重复运行50次后得到的统计结果.从中可看出,NGA在找到全局最优解概率上优于SGA.

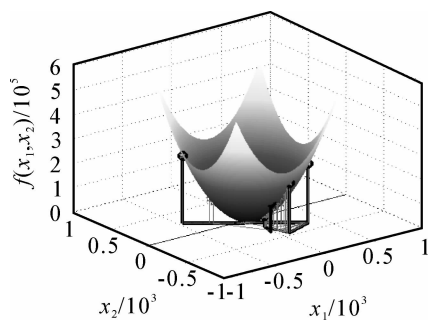


图4 $\alpha \in [0,1]$ 时算数交叉扩展子空间

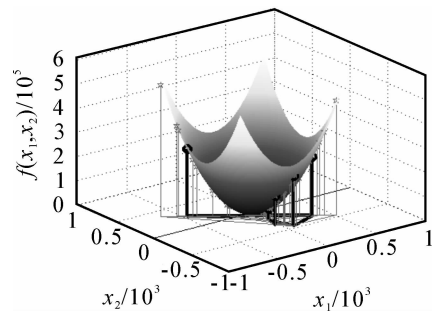


图5 $\alpha \in [-1.25, 1.25]$ 时算数交叉扩展子空间

表1 NGA和SGA的性能对比

算法	最大运行代数	最小目标均值	陷入极值次数
SGA	200	0.1205e-002	30
NGA	80	7.5342e-007	9

5 结论

本文首先从算数生成空间的角度,对常用的二进制编码的单点交叉、一致交叉和实数编码的算数交叉在解空间的扩展能力进行了研究,完善了GA的数学模型,以算数空间的角度统一了GA二进制编码和实数编码中交叉搜索能力的分析方法;然后分析证明了交叉和变异对GA两个层次多样性的影响,并总结了以上研究对今后GA改进和应用的指导作用;最后,通过仿真实例进行了验证.

参考文献(References)

- [1] Yee L, Gao Y. Degree of population diversity — A perspective on premature convergence in gas and it's Markov chain analysis[J]. IEEE Trans on NNs, 1997, 8(5): 1132-1140.
- [2] 刘峰, 刘贵忠. 遗传算法的 Markov 链分析与收敛速度估计[J]. 系统工程学报, 1998, 13(4): 79-85. (Liu F, Liu G Z. Global convergence and convergence rate for genetic algorithms [J]. J of Systems Engineering, 1998, 13(4): 79-85.)
- [3] Syswerda G. Uniform crossover in genetic algorithms [C]. Proc of the 3rd ICGA. San Mateo: Morgan Kaufman, 1989: 2-9.
- [4] 张军英, 许进, 保铮. 遗传交叉运算的可达性研究[J]. 自动化学报, 2002, 28(1): 120-125. (Zhang J Y, Xu J, Bao Z. Attainability of genetic crossover operator[J]. Acta Automatica Sinica, 2002, 28(1): 120-125.)
- [5] 张晓绩, 戴冠中, 徐乃平. 遗传算法种群多样性的分析研究[J]. 控制理论与应用, 1998, 15(1): 17-22. (Zhang X H, Dai G Z, Xu N P. Study on diversity of population in genetic algorithms[J]. Control Theory and Application, 1998, 15(1): 17-22.)
- [6] 林锐浩, 陈晓龙. 基于种群多样性指导的遗传算法[J]. 计算机工程与设计, 2005, 26(11): 3100-3102. (Lin R H, Chen X L. Genetic algorithm based on

- instructing by population diversity [J]. *Computer Engineering and Design*, 2005, 26(11): 3100-3102.)
- [7] 刘智明, 周激流, 陈莉, 等. 一种维持种群多样性的遗传算法变异算子的研究[J]. *小型微型计算机系统*, 2003, 24(5): 902-904.
(Liu Z M, Zhou J L, Chen L, et al. A novel genetic mutation operator for maintaining diversity[J]. *Mini-Micro System*, 2003, 24(5): 902-904.)
- [8] 田力汉, 陈震, 田夫汉. 遗传算法中交叉算子对群体多样性的影响[J]. *计算机工程与科学*. 2000, 22(4): 46-49.
(Tian L H, Chen Z, Tian F H. Influence of crossover operators on the diversity in genetic algorithms [J]. *Computer Engineering and Science*, 2000, 22(4): 46-49.)
- [9] Wang K J. A new fuzzy genetic algorithm based on population diversity [C]. *IEEE Int Symposium on Computational Intelligence in Robotics and Automation*, Alberta, 2001: 108-112.
- [10] Liao G C, Tsao T P. Application embedded chaos search immune genetic algorithm for short-term Unit commitment[J]. *Electric Power Systems Research*, 2004, 71: 135-144.
- [11] Liu H D, Ma Z L, Liu S. A new solution to economic emission load dispatch using immune genetic algorithm [C]. *2006 IEEE Conf on Cybernetics and Intelligent Systems*. Harbin, 2006: 1-6.
- [12] 邓莉, 鲁瑞华. 一种改进的抑制早熟收敛的模糊遗传算法[J]. *计算机科学*, 2007, 34(11): 150-153.
(Deng L, Lu R H. An improved fuzzy genetic algorithm to suppress the premature convergence[J]. *Computer Science*, 2007, 34(11): 150-153.)
- [13] 李擎, 郑德玲, 唐勇, 等. 一种新的模糊遗传算法[J]. *北京科技大学学报*, 2001, 23(1): 85-89.
(Li Q, Zheng D L, Tang Y, et al. A new kind of fuzzy genetic algorithm[J]. *J of University of Science and Technology Beijing*, 2001, 23(1): 85-89.)

~~~~~  
(上接第 1534 页)

- [4] Shiu Y C, Ahmad S. Calibration of wrist mounted robotic sensors by solving homogeneous transform equations of the form  $AX = XB$  [J]. *IEEE Trans on Robotics and Automation*, 1989, 5(1): 16-27.
- [5] Tsai R Y, Lenz R K. A new technique for fully autonomous and efficient 3-D robotics hand/eye calibration [J]. *IEEE Trans on Robotics and Automation*, 1989, 5(3): 345-358.
- [6] Horaud R, Dornaika F. Hand-eye calibration[J]. *J of Robotics Research*, 1995, 3(14): 195-210.
- [7] Zhuang H, Roth Z, Sudhakar R. Simultaneous robot/world and tool/flange calibration by solving homogeneous transformation of the form  $AX = YB$  [J]. *IEEE Trans on Robotics and Automation*, 1994, 4(10): 549-554.
- [8] Dornaika F. Simultaneous robot-world and hand-eye calibration [J]. *IEEE Trans on Robotics and Automation*, 1998, 4(14): 617-622.
- [9] Kennedy J, Eberhart R. Particle swarm optimization [C]. *Proc IEEE Int Conf on Neural Networks*. Piscataway: IEEE, 1995: 1942-1948.
- [10] Shi Y, Eberhart R C. A modified particle swarm optimizer [C]. *Proc IEEE World Congress on Computational Intelligence*. Anchorage: IEEE, 1998: 69-73.
- [11] Eberhart R C, Simpson P, Dobbins R. *Computational intelligence PC tools*[M]: San Diego: Academic Press Professional, 1996: 212-226.
- [12] Shi Y, Eberhart R C. Empirical study of particle swarm optimization [C]. *Proc of the Congress on Evolutionary Computation*. Washington DC, 1999: 1945-1950.
- [13] Golub G H, Van Loan C F. An analysis of the total least squares problem [J]. *SIAM J Numeric Anal*, 1998, 17(6): 883-893.
- [14] Chou K. Quaternion kinematic and dynamic differential equations [J]. *IEEE Trans on Robotics and Automation*, 1992, 8(2): 53-64.
- [15] Craig J J. *Introduction to robotics: Mechanics and control*[M]. Reading Massachusetts: Addison-Wesley Publishing Company, 1986.
- [16] 任永杰, 郝继贵, 杨学友, 等. 利用激光跟踪仪对机器人进行标定的方法[J]. *机械工程学报*, 2007, 43(9): 195-200.  
(Ren Y J, Zhu J G, Yang X Y, et al. Method of robot calibration based on laser tracker [J]. *Chinese J of Mechanical Engineering*, 2007, 43(9): 195-200.)