

基于遗传算法获取正则参数的一种新方法

A New Method of Choice Regularization Parameters Based on Genetic Algorithm

邹学文/ZOU Xue-wen,王宝娥/WANG Bao'e,寇 婷/KOU Ting,闵 涛/MIN Tao

西安理工大学,西安 710048

Xi'an University of Technology, Xi'an 710048, China

[摘要] 研究了正则化方法中正则参数的选择问题,提出了利用遗传算法获取正则参数的一种新方法。大量的数值模拟结果表明:该方法在处理大规模不适定问题时具有一定的优越性,是一种实用有效的方法。

[关键词] 反问题,正则化,正则参数,遗传算法 **[中图分类号]** O24

[文献标识码] A **[文章编号]** 1000-7857(2006)02-0046-04

Abstract: This paper deals with the parameter choice problems in the regularization method, give out a new method (genetic algorithms) for solving this question. Numerical result represents that this method is feasible and efficient.

Key Words: inverse problem, regularization, regularization parameter, genetic algorithms

CLC Number: O24

Document Code: A

Article ID: 1000-7857(2006)02-0046-04

1 引言

反问题是数学物理研究的一个热点问题,但是数学物理反问

题的求解面临的一个本质性困难是不适定性^[1]。多年来,人们对不适定问题的求解已发展了许多方法,诸如脉冲谱技术(PST)、广

收稿日期:2005-10-09

基金项目:国家 863 计划项目(2005AA113150),国家自然科学基金项目(50279041)

作者简介:邹学文,男,西安市金花南路5号西安理工大学,讲师,研究方向为数学物理反问题;E-mail: zouxw@xuat.edu.cn

- [4] GROSS M, CRAMTON S E, GOTZ F, et al. Key role of Teichoic acid net charge in staphylococcus aureus colonization of artificial Surface[J]. Infect Immun, 2001, 65: 3 423-3 426.
- [5] SARKA B, DOMINIC M D, MICHAEL J P. Structure of biologically active muramyl peptides from peptidoglycan of Streptococcus Sanguis[J]. J Mass Spectrom, 1998, 33: 1 182-1 191.
- [6] OUWEHAND A C, NIENI P, SALMINEN S J. The normal faecal microflora does not affect the adhesion of probiotic bacteria in vitro[J]. FEMS Microbiol Lett, 1999, 177: 35-38.
- [7] KIRJAVAINEN P V, TUOMOLA E M, CRITTENDEN R G, et al. *In vitro* adhesion and platelet aggregation properties of bacteremia-associated lactobacilli[J]. Infect Immun, 1999, 67: 2 653-2 655.
- [8] MAJAMAA H, ISOLAURI E, SAXELIN M, et al. Lactic acid bacteria in the treatment of acute rotavirus gastroenteritis [J]. J Pediatr Gastroenterol Nutr, 1995, 20: 333-338.
- [9] SHORNIKOVA A V, CASAS I A, ISOLAURI E, et al. *Lactobacillus reuteri* as a therapeutic agent in acute diarrhoea in young children[J]. J Pediatr Gastroenterol Nutr, 1997, 24: 399-404.
- [10] TUOMOLA E M, OUWEHAND A C, SALMINEN S J. Human ileostomy glycoproteins as a model for small intestinal mucus to investigate adhesion of probiotics [J]. Lett Appl Microbiol, 1999, 28: 159-163.
- [11] SCHIFFRIN E J, ROCHAT F, LINK-AMSTER H, et al. Im-

- munomodulation of human blood cells following the ingestion of lactic acid bacteria[J]. J Dairy Sci, 1994, 78: 491-497.
- [12] LAISSUE J A, CHAPPUIS B B, MUKLLER C, et al. The intestinal immune system and its relation to disease [J]. Dig Dis, 1993, 11: 298-312.
- [13] GIANNASCA P J, GIANNASCA K T, LEICHTNER AM, et al. Human intestinal M cells display the sialyl lewis a antigen [J]. Infect Immun, 1999, 67(2): 946-953.
- [14] LELOUARD H, REGGIO H, ROY C, et al. Glycocalyx on rabbit Intestinal M cells displays carbohydrate epitopes from muc2[J]. Infect Immun, 2001, 2001, 69(2): 1 061 - 1 071.
- [15] LINK-AMSTER H, ROCHAT F, SAUDAN K Y, et al. Modulation of a specific humoral immuneresponse and changes in intestinal flora mediated through fermented milk intake [J]. FEMS Immunol Med Microbiol, 1994, 10: 55-63.
- [16] BERG R D. Bacterial translocation from the gastrointestinal tract [J]. Trends Microbiol, 1995, 3: 149-154.
- [17] MARTIN L C. Immunoregulation by probiotic lactobacilli: pro-Th1 signals and their relevance to human health [J]. Clinical and Applied Immunology Reviews, 2002, 3: 115-125.
- [18] ZHANG G, GHOSH S. Negative regulation of toll-like receptor-mediated signaling by tollip[J]. J Biol Chem, 2002, 277: 7 059-7 065.

(责任编辑 王 芷)

义脉冲谱技术 (GPST)、最佳摄动量法、蒙特卡罗方法 (Monte Carlo method)、各种优化方法和正则化方法等。其中最具普适性、在理论上最完备而且行之有效的方法,就是由著名学者 Tikhonov 以第一类算子方程为基本数学框架,于 20 世纪 60 年代初创造性地提出并得到深入发展的正则化方法。其基本思想是使用一族与原问题相邻近的适定问题去逼近原问题的解。从而,如何构造与邻近问题而获得所谓的正则算子和正则解,如何控制原问题的邻近程度而决定与原始资料的误差水平相匹配的正则参数,以及上述工作的快速数值实现,就成为正则化理论和方法的三大核心问题^[2]。本文将注意力主要集中在正则参数的确定方面,利用目前在诸多领域有着广泛应用的遗传算法作为确定正则参数的一种新方法,并进行了大量的数值模拟,结果表明:利用遗传算法求解正则参数是一种高效可行的方法。

2 正则化方法

考虑如下形式的不适定算子方程:

$$Af=g \quad (1)$$

其中 $A: F \rightarrow G$ 为一个有界线性算子, F, G 为 Hilbert 空间,通常右端 g 为“观测数据”,因而不可避免地带有误差 δ ,即我们所得到的数据为 g_δ ,满足 $\|g - g_\delta\| \leq \delta$ 。有时即使 $A^{-1}: \text{Range}(A) \rightarrow F$ 存在,但也未必连续,因而数值求解相当不稳定。正则化方法就是用如下适定的算子方程 $(A^*A + \alpha I)f_\alpha = A^*g_\delta$ 去逼近原问题 $Af = g_\delta$,其中 A^* 表示的 A 伴随算子, $\alpha > 0$ 为正则参数。显然正则解 f_α 依赖于参数 α ,要想得到原不适定问题的有效近似解,选择合适的正则参数就尤为重要,正如 K.Kunisch(1998)所指出的那样,正则化方法的成功及其有效性,在很大程度上取决于正则参数的选择是否得当以及选择原则是否实际可行。

从现有的文献资料来看,关于正则参数的选择,通常有所谓先验的 (prior) 和后验的 (posterior) 两种策略,不少先验的策略具有理论分析价值,但在实际中常常难以验证其赖以施用的条件,因而关于确定正则参数的后验策略的研究颇为盛行,目前已发展了如下多种。

1) 策略 1: Morozov 偏差原理^[4,5]

按下式确定正则参数:

$$\phi(\alpha) = \|Af_\alpha - g_\delta\|^2 - \delta^2 = 0 \quad (2)$$

2) 策略 2: 广义偏差原理

当方程 (1) 的算子近似已知,即 $\|A - A_h\| \leq h$ 时,相应的最小模最小二乘解必须满足如下的广义偏差方程:

$$\psi(\alpha) = \|Af_\alpha - g_\delta\|^2 + (\delta + h \|f_\alpha\|)^2 = 0 \quad (3)$$

3) 策略 3: Arcangel 准则

Arcangel 于 1966 年与 Morozov 同时提出了确定正则参数的一个偏差方法,由公式

$$\|Af_\alpha - g_\delta\| - \frac{\delta}{\sqrt{\alpha}} = 0 \quad (4)$$

来确定正则参数。

在一般情况下,用上述几个方法确定正则参数时,正则解的精度约为 $O(\sqrt{\delta})$ 的量级。

4) 策略 4: 广义 Arcangel 准则

对于算子和右端项都带有扰动的情况 H.W.Engl 提出应满足下述方程

$$\rho(\alpha) = \|A_h^* A_h f_\alpha - A_h^* g_\delta\| = (\delta^p + h^r) \alpha^{-q} \quad (5)$$

此处 $p, q, r > 0$ 且假定 $A_h^* g_\delta \neq 0, A_h^* g_\delta \neq 0, A_h^* g_\delta \neq 0$

5) 策略 5: 拟最优准则^[4]

Tikhonov 还提出当原始数据的误差水平 η 未知时,确定参数

的拟最优准则:

$$\alpha_{opt} = \min_{\alpha > 0} \left\{ \left\| \alpha \frac{df_\alpha}{d\alpha} \right\| \right\} \quad (6)$$

其基本思想是:让参数以及正则解对该参数的变化率同时稳定在尽可能小的水平上。

6) 策略 6: 广义交叉检验准则^[9]

令:

$$V(\alpha) = \frac{1}{m} \|I - A(\alpha)g_\delta\|^2 \left[\frac{1}{m} \text{Trace}(I - A(\alpha)) \right] \quad (7)$$

此处取 α^* 满足 $A(\alpha^*) = \min V(\alpha)$, 此法源于选择最佳模型 PRESS 准则,但比前者更加稳定。

按照上述步骤得到的正则参数 $\alpha = \alpha(\delta)$ 或 $\alpha = \alpha(\eta)$ 将能保证 f_α 或 f_{η} 是真解 f_r 的稳定近似。显然,这是一个迭代过程,因而求解方程 (2) 及类似方程 (3)~(7) 是至关重要的。由于方程 (2) 及 (3)~(7) 的高度非线性,一般说来求解是比较困难的。一些研究者已经发展了某些理论和方法来决定 α , 一种典型的做法是用迭代搜索的方法寻找最优的 α 。按照这种做法,需要假定 α 的初值,计算 $\phi(\alpha)$ 的最小化解,检查误差 $\|Af_\alpha - g_\delta\| - \delta$, 然后修改 α 的值,迭代的重复计算过程,直到 $\|Af_\alpha - g_\delta\| - \delta$ 达到最小值。作者曾用二分法及牛顿迭代法进行求解,当所求解的规模很大时,其计算量非常浩大,以至于求解根本无法进行。

3 正则参数的遗传算法

遗传算法^[10]仿照生物进化和遗传的规律,利用复制、交换、突变等操作,使优胜者繁殖,败劣者淘汰,一代一代地重复同样的操作,最终找到最优解或接近最优解。遗传算法目前已成功地应用于机器学习、模式识别、经济预测、优化控制及各种复杂数据的分析和非线性计算等领域。

在进行遗传算法以前,首先需要建立一个适应值函数。适应值是衡量个体优劣的尺度,是决定个体被繁殖还是被淘汰的依据,因此它是遗传算法的驱动力。确定适应值函数后,需要对解空间的点进行编码,编码的方式有二进制和实数编码,如果采用二进制编码,会造成编码过长,且需要解码为实数,影响计算的精度。因此本文采用实数编码。其计算步骤如下。

1) 产生初始群体:由于正则参数 α 的范围为 $0 < \alpha < 1$, 因此可在区间 $(0, 1)$ 均匀随机产生采用实数编码方式表达的初始种群,种群数量为 N , 每个个体就对应一个待选的正则参数。

2) 计算适应值:本文主要以策略 1 利用 Morozov 偏差原理为依据决定正则参数,因此可将 $\phi(\alpha) = \|Af_\alpha - g_\delta\| - \delta$ 作为适应值函数。对于其它策略可以类似选定适应值函数。

3) 交叉:将选出的 N 个个体两两杂交,生成 N 个新的个体。文中杂交计算采用如下方式: $X' = rX + (1-r)Y, Y' = rY + (1-r)X$ 。

其中 X 和 Y 为父代个体, X' 和 Y' 为新产生的子代个体, r 为 $[0, 1]$ 上的均匀实数。

4) 选择:对③中得到的有代和父代共 $2N$ 个个体的适应值按从小到大的顺序进行排序,挑选出排在前面的 N 个个体作为新一代子代个体。

5) 对④中选出的 N 个个体按一定的变异率进行变异,变异的方式可以采用原个体上加上一个随机实数的方式。并计算变异后个体对应的新的适应值。

6) 判断新一代群体是否满足结束条件。结果满足则停止,否则转②进行计算。

4 算例分析

4.1 数值模拟 1

以 Hilbert 矩阵为系数矩阵的病态线性方程组为例进行数值试验,考虑下述方程组:

$H_n X=y, H_n=(h_{ij})_{n \times n}, h_{ij}=1/(i+j-1), i, j=1, 2 \wedge n$
选取 $x_{true}(s)=s \exp(-s), 0 \leq s \leq 2$, 其离散形式为 $x_{true}(s_i)=s_i \exp(-s_i)$,
其中 $s_i=i h, h=\frac{1}{n}$, 于是“真实的”右端项 y_{true} 可由 $H_n x_{true}$ 得到, 我们

对右端项做随机扰动为 $y_{true}+\delta \text{randn}(y_{true})$, 其中 $\text{rand}(\cdot)$ 为分布在 $[0, 1]$ 之间随机数。试验中, 取 $n=200, \delta$ 分别取为 $10^{-2}, 10^{-3}, 10^{-4}, 10^{-5}$; 遗传算法中参数取: 变量个数 $nvars=1$, 种群大小 $psize=20$, 最大进化代数 $maxgen=1\ 000$, 交叉概率 $pc=0.9$, 变异概率 $pm=0.2$ 。其结果由表 1 给出。

表 1 计算结果
Tbl. 1 Calculation results

误差 δ	遗传代数	正则化参数 α	适应值 $\varphi(\alpha)$	相对误差
10^{-2}	200	0.001 671 124 069 787 23	$1.592\ 937\ 682\ 039\ 91 \times 10^{-5}$	0.09 926 710 539 482 63
10^{-3}	200	0.000 118 104 888 926 83	$4.183\ 166\ 509\ 041\ 42 \times 10^{-9}$	0.046 693 484 599 081 1
10^{-4}	200	$9.532\ 773\ 956\ 140\ 75 \times 10^{-6}$	$3.603\ 935\ 709\ 296\ 75 \times 10^{-14}$	0.040 317 876 313 848 5
10^{-5}	200	$1.206\ 303\ 400\ 082\ 09 \times 10^{-7}$	$3.056\ 313\ 249\ 375\ 23 \times 10^{-18}$	0.021 345 273 995 047 9

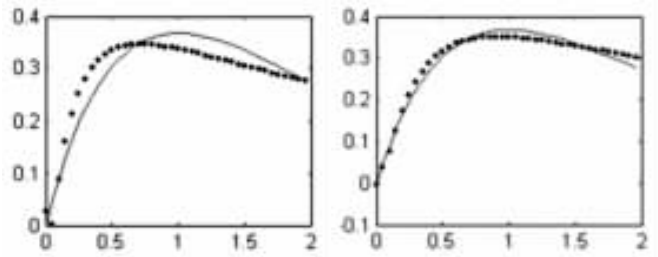


图 1 左: $\delta=10^{-2}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
右: $\delta=10^{-3}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
Fig. 1 Left: the comparison between exact solution(solid line) and approximate solution (dotted line) with $\delta=10^{-2}$
right: the comparison between exact solution (solid line) and approximate solution(dotted line) with $\delta=10^{-3}$

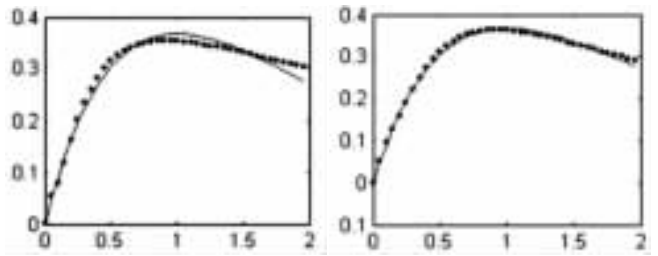


图 2 左: $\delta=10^{-4}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
右: $\delta=10^{-5}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
Fig. 2 Left: the comparison between exact solution(solid line) and approximate solution (dotted line) with $\delta=10^{-4}$
right: the comparison between exact solution (solid line) and approximate solution(dotted line) with $\delta=10^{-5}$

表 2 计算结果
Tbl. 2 Calculation results

代数	10	20	30	40	50
正则化参数	$8.393\ 44 \times 10^{-4}$	$1.007\ 04 \times 10^{-4}$	$1.181\ 218 \times 10^{-4}$	$1.181\ 53 \times 10^{-4}$	$1.181\ 538 \times 10^{-4}$
适应值 $\varphi(\alpha)$	$1.660\ 78 \times 10^{-4}$	$1.409\ 14 \times 10^{-6}$	$2.732\ 92 \times 10^{-9}$	$1.548\ 79 \times 10^{-12}$	$2.724\ 19 \times 10^{-15}$
相对误差	0.070 159 490 57	0.046 214 856 95	0.046 693 986 78	0.046 694 932 60	0.046 694 933 04

其图示结果由图 1、图 2 给出。
为了进一步探讨遗传算法求解正则参数的可靠性, 下面列出当 $\delta=10^{-3}$, 遗传代数为 50 代, 每隔 10 代的计算结果, 如表 2 所示。

可以看出, 即使对于严重病态的 Hilbert 矩阵($n=200$ 时, 其条件数约为 $8.254\ 081\ 334\ 434\ 97 \times 10^{-19}$), 通过遗传算法在不同误差水平下求出正则参数, 从而得到正则解, 都能给出令人满意的结果。

4.2 数值模拟 2

选取文献[11]中的积分方程 $\int_{-\frac{\pi}{2}}^{\frac{\pi}{2}} k(s, t) z(t) dt = u(s), s, t \in [-\frac{\pi}{2}, \frac{\pi}{2}]$

其中的核 $k(s, t) = (\cos s + \cos t) (\frac{\sin r}{r}), r = \pi(\sin s + \sin t)$, 对于上述方程的精确解, 我们取作下述的双峰函数: $z_T(t) = 2 \exp(-6(t-0.8)^2) + \exp(-2(t+0.5)^2)$, 于是得到精确的右端项 $u_T = \int_{-\frac{\pi}{2}}^{\frac{\pi}{2}} k(s, t) z_T(t) dt$, 对方程采用数值积分离散化, 其积分算子离散化为 $n \times n$ 矩阵, 并

表 3 计算结果
Tbl. 3 Calculation results

误差 δ	遗传代数	正则化参数 α	适应值 $\varphi(\alpha)$	相对误差
10^{-2}	200	0.000 195 972 186 816 334	$2.082\ 701\ 418\ 656\ 27 \times 10^{-6}$	0.059 643 023 586 382
10^{-3}	200	$3.157\ 920\ 404\ 724\ 11 \times 10^{-5}$	$2.138\ 986\ 747\ 842\ 13 \times 10^{-9}$	0.047 025 819 131 253 5
10^{-4}	200	$7.568\ 511\ 773\ 469\ 73 \times 10^{-5}$	$6.500\ 357\ 842\ 059\ 37 \times 10^{-15}$	0.029 096 224 525 099 9
10^{-5}	200	$1.746\ 985\ 074\ 050\ 53 \times 10^{-5}$	$6.500\ 035\ 784\ 205\ 937 \times 10^{-15}$	0.029 505 340 985 431 2

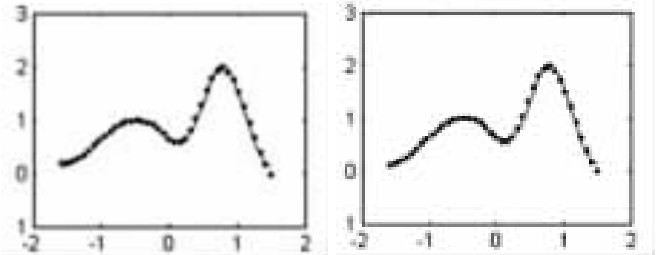


图 3 左: $\delta=10^{-2}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
右: $\delta=10^{-3}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
Fig. 3 Left: the comparison between exact solution(solid line) and approximate solution (dotted line) with $\delta=10^{-2}$
right: the comparison between exact solution (solid line) and approximate solution(dotted line) with $\delta=10^{-3}$

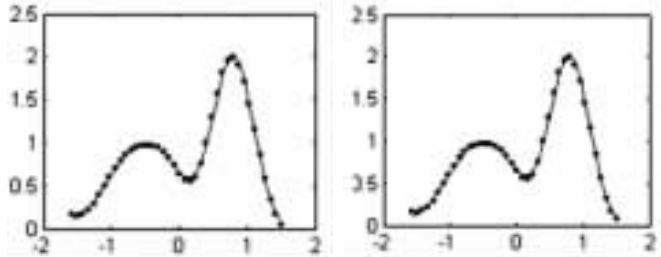


图 4 左: $\delta=10^{-4}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
右: $\delta=10^{-5}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
Fig. 4 Left: the comparison between exact solution (solid line) and approximate solution (dotted line) with $\delta=10^{-4}$
right: the comparison between exact solution(solid line) and approximate solution(dotted line) with $\delta=10^{-5}$

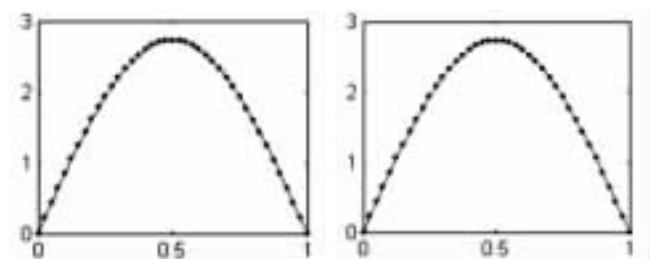


图 5 左: $\delta=10^{-2}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
右: $\delta=10^{-3}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比

Fig. 5 Left: the comparison between exact solution (solid line) and approximate solution (dotted line) with $\delta=10^{-2}$
right: the comparison between exact solution (solid line) and approximate solution (dotted line) with $\delta=10^{-3}$

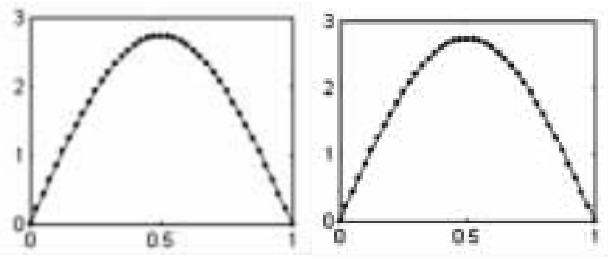


图 6 左: $\delta=10^{-4}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比
右: $\delta=10^{-5}$ 时真解(实线)与近似解(点号)的对比

Fig. 6 Left: the comparison between exact solution (solid line) and approximate solution (dotted line) with $\delta=10^{-4}$
right: the comparison between exact solution (solid line) and approximate solution (dotted line) with $\delta=10^{-5}$

用 A 表示, 用 z^h 表示 z_T 在离散节点上的值作成的向量, $u^h = Az^h$, u^h_b 分别表示精确的和近似的离散右端项, 后者按下述方式扰动 $u^h_b = u^h(1 + \delta \text{randn}(\text{size}(u^h)))$ 。

在数值试验中遗传算法中的参数同试验 1, A 离散化为 200×200 阶矩阵, 其条件数为 $5.589\ 244\ 228\ 162\ 35 \times 10^{19}$, 可见 A 也是严重病态矩阵。

其数值模拟结果由表 3 给出。

其图示结果由图 3、图 4 给出。

4.3 数值模拟 3

考虑下述抛物型方程初边值问题

$$\begin{cases} \frac{\partial u}{\partial t} = E \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} - ku, & 0 < x < 1, t > 0 \\ u(0, t) = u(1, t) = 0 \\ u(x, 0) = \varphi(x) \end{cases}$$

若 $u(x, T) = \varphi(x)$ 为已知 (其中 $T > 0$), 求初始条件 $u(x, 0)$, 即求 $\varphi(x)$, 就是一类典型的初始条件反问题。此类反问题很容易转化为下述第一类 Fredholm 积分方程:

$$u(x, T) = \int_0^1 k(x, y, T) \varphi(y) dy,$$

其中 $k(x, y, T) = \sum_{n=1}^{\infty} \exp[-(k + (n\pi)^2 E)T] \sin n\pi x \sin n\pi y$, 取 $T=1$,

$E=0.1, K=0.015$, 初始条件的真值取为 $\exp(0.015+0.1\pi^2)\sin\pi x$, 这时其精确解为 $u(x, y) = \exp\{(0.015+0.1\pi^2)(1-t)\}\sin\pi x$ 。在离散积分方程时, 其积分核用前 10 项逼近, 数值积分采用梯形公式, 取步长 $h=0.05$, 就可把积分方程转化成离散形式 $Ax=b$, 其中 A 为 41×41 阶已知矩阵, b 为 $u(x, t)$ 在 $t=1$ 时的 41 个已知观测数据, 计算 A 的条件数 $\text{cond}(A) = \infty$, 这也是一个高度严重的病态问题。用正则化方法求解, 同数值模拟 1 一样对右端进行类似的随机扰动。数值试验中取遗传算法中的参数同试验 1 及试验 2, 其数值模拟结果由下表 4 给出。

表 4 计算结果

Tbl. 4 Calculation results

误差 δ	遗传代数	正则化参数 α	适应值 $\varphi(\alpha)$	相对误差
10^{-2}	200	0.000 702 619 165 560 847	$7.331\ 452\ 142\ 426\ 9 \times 10^{-9}$	0.001 238 870 449 564 31
10^{-3}	200	$7.028\ 368\ 876\ 965\ 7 \times 10^{-5}$	$2.212\ 886\ 047\ 092\ 6 \times 10^{-11}$	0.000 340 838 771 211 95
10^{-4}	200	$7.031\ 446\ 279\ 507\ 64 \times 10^{-6}$	$7.411\ 538\ 288\ 475\ 1 \times 10^{-22}$	0.000 159 747 539 412 09
10^{-5}	200	$7.059\ 606\ 581\ 157\ 98 \times 10^{-5}$	$3.449\ 343\ 154\ 346\ 1 \times 10^{-22}$	0.000 151 576 361 167 21

其图示结果由图 5、图 6 给出。

5 结论

正则参数的选择始终是一个重要且具有魅力的研究课题。本文利用偏差原理将 $\phi(\alpha) = \|Af_\alpha - g_\delta\| - \delta$ 作为适应值函数, 利用遗传算法进行计算, 结果表明所得到的正则参数具有很高的精度。特别是对于大规模的不适定问题, 该方法显示出一定的优越性, 克服了传统的迭代法由于初值选取不当及规模很大时难以计算的不足。至于确定正则参数的其它策略, 也可以类似地选择相应的适应值函数利用遗传算法进行计算。

参考文献 (References)

- [1] VICTOR ISAKOV. Inverse problems for partial differential equations[M]. New York :Springer-Verlag ,2004.
- [2] ANDREAS KIRSCH. An introduction to the mathematical theory of inverse problems[M]. New York :Springer-Verlag, 1999.
- [3] 肖庭延, 于慎根, 王彦飞. 反问题的数值解法[M]. 北京: 科学出版社, 2003.
- [4] TIKHONOV A N. Arsenin. solution of Ill-posed problems[M]. New york: John Wiley and sons, 1977.
- [5] MOROZOV V A. Methods for solving incorrectly posed problems [M]. New York: Springer-Verlag, 1984.
- [6] TIKHONOV A N, GONCHARSKY A V, STEPANOV V V, et al. A G. Numerical methods for the solution of Ill-posed problems [M]. Kluwer: Dordrecht, 1995.
- [7] GROETSCH C W. The theory of tikhonov regularization for fredholm equations of The first kind[M] . London :Pitman, 1984.
- [8] ENGL H W. Discrepaney principles for tikhonov regularization of Ill-posed problems leadings to optimal convergence rates [J]. Optim Theory APPL, 1987, 52: 209-215.
- [9] VAINIKKO G. M. The discrepancy principle for a class of regularization methods [J]. USSA Comput Math And Phys, 1983, 23: 1-6.
- [10] 王小平, 曹立明. 遗传算法[M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2002.
- [11] KUNISCH KARL, ZOU JUN. Iterative choices of regularization parameter in linear inverse problems[J]. Inverse Problem 1998, 14: 1 247-1 264.

(责任编辑 胡春华)