

文章编号: 1006-4710(2012)02-0145-07

一种改进的量子遗传算法研究

王竹荣, 杨波, 吕兴朝, 崔杜武

(西安理工大学 计算机科学与工程学院, 陕西 西安 710048)

摘要: 提出一种改进的量子遗传算法(IQGA)。在编码方面提出了一种根据所求问题精度动态确定量子染色体基因长度的编码方法, 考虑了计算解的精度和搜索效率的平衡关系。探讨了量子旋转角度的动态调整及策略, 使算子在不同的情形下实现粗搜索和细搜索的结合。通过对量子变异操作的组合实现异后在一个更大的邻域范围内进行搜索, 确保算法在合理的计算代价内有潜能搜索到高精度的解。最后, 用 IQGA 对选取的若干基准测试函数进行测试。测试结果表明, 相对于已有文献算法数据来说由 IQGA 得到的最好解、最好解的平均值以及收敛代数等均更具优势。

关键词: 量子遗传算法; Pauli 变异; 量子旋转门

中图分类号: TP18

文献标志码: A

An Improved Quantum Genetic Algorithm

WANG Zhurong, YANG Bo, LÜ Xingchao, CUI Duwu

(Faculty of Computer Science and Engineering, Xi'an University of Technology, Xi'an 710048, China)

Abstract: This paper suggests an improved quantum genetic algorithm(IQGA). In encoding, a kind of encoding method to determine the quantum chromosome gene length is advanced in terms of accurate dynamics of the problem to be found out. This encoding method takes the equilibrium relations between the calculation solution accuracy and seeking for efficiency into consideration. Also, this paper discusses the dynamic adjustment and tactics of quantum rotation angle, whereby making operator realize the combination of a kind of rough searching with the fine searching under the different cases. The combination of quantum mutation operation can render the postmutation to be able to carry out searching in a larger neighborhood range in such a way that the algorithm is ensured to search for a solution with high accuracy within a rational calculation cost. In the end, IQGA is used to test several selected standard base functions. The tested results indicate that IQGA can obtain the best solution, the best average value and convergence algebra as against the existing algorithm data cited in literature, and with a certain advantage.

Key words: quantum genetic algorithm; paulimutation; quantum rotation gates

量子遗传算法 (quantum genetic algorithm, QGA) 是结合量子计算原理和遗传算法而产生的一种概率优化法。它以量子计算的概念和理论为基础, 用量子位编码表示染色体, 一条染色体可以表达多个态的叠加, 利用当前最优染色体信息, 使用量子旋转门更新量子染色体, 确保量子进化的方向。Shor 等分别提出了遗传量子算法、并行量子遗传算法和量子遗传算法^[1-3], 并应用于组合优化问题, 结果表明其性能大大优于传统遗传算法。焦李成等结合量子计算理论与免疫克隆算法提出了量子免疫克

隆算法 (quantum inspired immune clonal algorithm)^[4], 并且通过理论以及实验证明了该算法的计算优势。Abs A V 等将量子计算与进化算法相结合形成一种基于量子启发的进化算法, 他们采用实数编码对一些高维函数进行测试取得了较好的结果^[5]。张葛祥对近年来量子遗传算法的发展历程做了详细的综述概括了最新进展^[6]。文献[7]提出了一种改进的混合量子遗传算法, 该算法对量子个体实施量子交叉, 更新量子门, 最后引入了拟 Newton 算法进行局部搜索操作。文献[8]提出了用量

收稿日期: 2012-02-23

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(60873035); 陕西省教育厅自然科学专项研究基金资助项目(2010JK713)。

作者简介: 王竹荣(1966-), 男, 湖南衡阳人, 博士, 副教授, 研究方向为智能计算、并行计算及优化应用等。

E-mail: wangzhurong@xaut.edu.cn。

子比特相位比较法更新量子门和自适应调整搜索网格的策略。文献[9]通过优体交叉策略等改进了量子遗传算法。这些算法均从不同方面取得了较好的效果。然而,不可否认的是对一些复杂的测试问题,已有的 QGA 法存在收敛速度慢,当陷入局部最优时不易跳出的缺点。

如何对量子遗传算法的不同方面进行分析,使算法在一个合理的计算代价内进行更有效的搜索,从而找到更高精度的解是本发明的动机。通过对染色体基因长度的计算和选取,量子旋转角度的动态调整,以及 Pauli 组合变异算子来提高量子遗传算法的性能是本研究的主要内容。

1 量子遗传算法简介

1.1 量子比特编码及量子测量

在 QGA 中最小的信息单元用量子位来表示,量子位又称为量子比特,一个量子位不仅可以表示 0 和 1 两种状态,而且可以同时表示这两种状态之间的任意叠加态,即一个量子位可能处于 $1>$ 或 $0>$, 或者处于两者之间的中间态,即 $1>$ 和 $0>$ 的不同叠加态,因此一个量子位的状态可表示为:

$$|\psi> = \alpha|0> + \beta|1>$$

其中, α 和 β 分别是 $0>$ 和 $1>$ 的概率幅,且满足归一化条件,即:

$$|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1$$

其中, $|\alpha|^2$ 表示量子态的观测值为 0 的概率, $|\beta|^2$ 表示量子态的观测值为 1 的概率。 m 个量子位的概率幅可表示为:

$$P = \begin{bmatrix} \alpha_1 & \alpha_2 & \cdots & \alpha_m \\ \beta_1 & \beta_2 & \cdots & \beta_m \end{bmatrix} \tag{1}$$

设种群的大小为 n ,表示为 $P = \{P_1P_2\cdots P_n\}$,其中 $P_j(j=1,2,\cdots,n)$ 。对种群中的个体进行测量,使得每个个体从不确定的概率状态转化为确定状态,个体 $P_j(j=1,2,\cdots,n)$ 是长度为 m 的二进制串 $(X_1X_2\cdots X_m)$,它根据概率幅的取值情况构造,即随机产生 $[0,1]$ 之间的一个数 R ,若 $R \geq |\alpha|^2$, X_i 取 1,否则取 0。

1.2 量子旋转角度

量子遗传算法中通过选用量子旋转门来更新种群,量子旋转门为:

$$G = \begin{bmatrix} \cos\theta & -\sin\theta \\ \sin\theta & \cos\theta \end{bmatrix} \tag{2}$$

其中, θ 为量子旋转角,取值为:

$$\theta = k \times s(\alpha_i, \beta_i) \tag{3}$$

具体数值见表 1, k 为介于 $[0,1]$ 之间的一个系数。 $f(x_i)$ 为当前解, $f(b_i)$ 为当前最优解。

表 1 量子旋转角度
Tab. 1 Quantum rotation angle

x_i	b_i	$f(x_i) > f(b_i)$	$\Delta\theta$	$s(\alpha_i, \beta_i)$			
				$\alpha_i \cdot \beta_i > 0$	$\alpha_i \cdot \beta_i < 0$	$\alpha_i = 0$	$\beta_i = 0$
0	0	False	0				
0	0	True	0				
0	1	False	θ	1	-1	0	± 1
0	1	True	θ	-1	1	± 1	0
1	0	False	θ	-1	1	± 1	0
1	0	True	θ	1	1	0	± 1
1	1	False	0				
1	1	True	0				

2 一种改进的量子遗传算法 IQGA

在求解多峰值连续函数优化问题时,现有的基于二进制编码的 QGA 算法一般采用固定编码长度,如何确定编码长度目前没有一个统一的标准,其中存在的问题为,如果量子染色体基因长度过短,则在二进制解码中解的精度受到制约,可能无法找到

最优解,而如果等位基因长度过长,在进化中则会消耗过多的时间,且经过很多代进化后很难收敛到最优解。并且,虽然有的基因长度可以达到搜索精度,但是由于多峰值连续函数中染色体基因微小的变化可能导致适应度值较大的变化,从而导致只有经过很多代的进化后才能达到较好的解。所以只有选择合适的基因长度才能保证搜索精度和搜索效率。在

IQGA 中笔者结合对适应度的计算精度来计算染色体基因长度,在文献[7]中作者采用一个递减的量子旋转角度,(即随着进化代数的进行量子旋转角度不断减小)实现了一种细搜索。由于在一般进化中算子很可能陷入局部搜索,如果仅仅只从进化代数的角度考虑搜索网格点之间的大小,在复杂问题求解中往往会陷入搜索停滞状态,可能需要经过许多代进化才能跳出搜索区域,在 IQGA 中结合搜索到的解与当前最优解的汉明距离来确定搜索网格点之间的大小,可以不受进化代数的影响,实现精搜索与粗搜索的结合。最后 IQGA 算法在量子噪声污染机理的启发下,提出了一种 Pauli 组合变异算子来克服进化过程中算法陷入局部搜索区域不能跳出的问题。

2.1 染色体基因长度的自适应计算

通过上述分析可知,根据对种群适应度值计算精度的要求计算基因长度,能更好地保证在进化中染色体基因的长度以满足计算精度的要求,并能同时兼顾计算效率。

自变量的计算精度可以表示为:

$$X_{Accuracy} = (Max - Min) / 2^N$$

其中, $X_{Accuracy}$ 为自变量的计算精度, Max, Min 为值域范围最大值和最小值, N 为染色体基因长度,即二进制编码中的基因长度。

在 IQGA 中计算染色体等位基因长度的步骤为:

- 1) 初始化染色体基因长度 len 为一个较小的整数,计算自变量的计算精度;
- 2) 随机选择若干个体计算这些个体的适应度值;
- 3) 对选择的随机个体进行扰动(范围为 $\pm$ 自变量的计算精度),计算扰动前后个体适应度的变化值;
- 4) 对扰动后适应度的变化值进行排序并找到最大值;
- 5) 判断扰动后种群适应度的最大变化值是否满足种群适应度值的计算精度。如果不满足,增加染色体基因长度并返回 3) 重新计算;
- 6) 最终得到染色体基因编码长度 len 。

对不同的求解问题采取固定的基因长度,很难综合考虑搜索精度和搜索效率。本研究根据所求问题对求解精度的要求,按以上方式对染色体基因编码长度进行计算。以所求的染色体基因编码长度 len 的值作为本算法中编码的位数,以解决按固定长度取值中收敛速度慢或者求解精度低的问题,使算

法能够根据问题的复杂性自适应地对编码长度进行选取,从而兼顾计算代价和求解精度两方面的要求。

2.2 动态调整旋转角度及采用的策略

由 2.1 中 3) 计算量子旋转角度,其中 k 是一个与算法收敛速度有关的系数。当 k 值很大时算法的搜索范围很大,可搜索到的点之间的网格变大会导致算法的搜索精度降低;反之,如果 k 值取得太小,算法的搜索范围就小,搜索到的点之间的网格则较为密集,算法的收敛速度变慢。当问题的最优解偏离搜索区域时无法寻找问题的最优解,则算法陷入局部最优解且处于停滞状态。

本研究在量子旋转角度的调整策略中,根据当前解的位置与当前最好解的距离度量,采用一种变步长调整搜索策略。该策略的基本思想是实现粗搜索和细搜索的结合。粗搜索是在当前个体与当前最优个体相差较远的情况下,算法以粗粒度的方式更快地搜索到当前最优解以减少进化代数。细搜索是当前个体与最优个体的距离在某一范围内时使算法达到一种精确搜索。粗搜索与细搜索的结合可确保算法在不同情形下兼顾计算代价与解的精度,使算法在一个合理的计算代价内获取较高精度的解。本研究中量子旋转角度 k 的值为:

$$k = \theta_{\min} + f \times \theta_{\max} - \theta_{\min} \quad (4)$$

其中, $\theta_{\min}$ 为搜索角度范围区间的最小值 0.001π , $\theta_{\max}$ 为搜索角度范围区间的最大值 0.05π , f 表示为:

$$f = HamD(A, B) / ChromLens$$

其中, $ChromLens$ 为染色体基因长度, A 为当前个体观测向量, B 为当前最优个体观测向量。 $HamD(A, B)$ 为个体 A 与个体 B 的汉明距离,即两个向量中相应位置不同个体的个数。例如 $A(0110), B(1110)$, 则 $HamD(A, B) = 1$ 。

在旋转角度的动态调整中,如果当前个体与当前最优个体汉明距离值较大则 k 较大,此时将搜索网格的长度加大,可以加快搜索速度;当前个体与当前最优个体的汉明距离值较小时, k 的值就比较小,将搜索网格减小就可以实现精细搜索,从而提高算法的收敛速度以及算法的搜索精度。

2.3 Pauli 组合变异算子

Pauli 矩阵分为三种:

$$X_1 = \begin{bmatrix} 0 & 1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix}; Z_1 = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -1 \end{bmatrix}; X_1 Z_1 = \begin{bmatrix} 0 & -1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix}$$

在量子计算中当量子信道受到噪声污染后会出现传输差错^[11]。一个单独的量子比特在信道传输中受到噪声污染后可以展开为单位矩阵 I , 比特翻转矩阵 X_1 , 相位翻转矩阵 Z_1 , 以及组合位与相位翻

转 $X_1 Z_1$ 的线性组合,即:

$$E_i = e_{i0}I + e_{i1}X_1 + e_{i2}Z_1 + e_{i3}X_1 Z_1$$

量子状态 $E_i|\psi\rangle$ 可以写成 $|\psi\rangle, X_1|\psi\rangle, Z_1|\psi\rangle, X_1 Z_1|\psi\rangle$ 的叠加。在此理论的启发下本研究提出了 Pauli 组合变异算子,并通过此算子来增强种群的多样性。

在量子遗传算法中当种群中的个体进化到一定程度(即整个种群趋于一致)时,需要对种群进行变异以增强种群的多样性。现有的量子遗传算法在种群变异中,关键算子通常是采用量子非门来对量子比特进行变异,即只执行了 X_1 算子变换。其操作过程为:

① 假设种群中当前个体的一个基因位向量为 t_1 ,角度为 θ_1 ,且在第一象限中。当采用 X_1 算子变换后个体基因位向量改变为 t_2 ,角度只是改变了 $\theta_2 \sim \theta_1$,则搜索范围仍然在第一象限。假设此基因位向量通过逆时针旋转一周进行搜索,则此基因位向量变异前旋转一周时 x 分量的绝对值变化符合余弦规律,即 $\searrow \nearrow \searrow \nearrow$ 。变异后的基因位向量逆时针搜索一周的变化规律依然是 $\searrow \nearrow \searrow \nearrow$,如此则变异的功能只是将搜索起点改变了 $\theta_2 \sim \theta_1$ 。

② 假设当前个体的基因位向量在第二象限,并且标记为 t_3 ,角度为 θ_3 ,经过 X_1 算子变异后,基因位向量变为 t_4 ,假设变异前基因位向量 t_3 通过逆时针旋转一周进行搜索,则基因位向量旋转一周时 x 分量的绝对值变化符合余弦规律,即 $\nearrow \searrow \nearrow \searrow$ 。经过变异后的基因位向量 t_4 通过逆时针旋转一周进行搜索, x 分量的绝对值变化规律依然是 $\searrow \nearrow \searrow \nearrow$ 。此时的变异和没有变异的搜索轨迹相同,并且起点相同。

③ 当个体的一个基因位向量处于第三象限时标记为 t_5 ,变异后的基因位向量为 t_6 ,基因位向量变异前后逆时针搜索轨迹方式与①类同,只是改变了起始搜索角度,较原起始角度增加了 $\theta_6 \sim \theta_5$;当个体的一个基因位向量在第四象限时标记为 t_4 ,变异后的基因位向量为 t_3 ,基因位向量变异前后逆时针搜索轨迹与②相同。

对 X_1 变异操作过程进行分析,在变异搜索过程中搜索范围比变异前的搜索范围有可能增加一个较小的区域,或者搜索范围不变。当算法陷入局部最优状态时变异操作很难使算法跳出局部最优点。本算法采用 Pauli 组合变异。首先以一定的变异概率从种群中随机选取若干个体,对选中的个体随机确定变异位,以 $1/3$ 的概率随机选择 Pauli 算子中的一种,对选中量子比特执行变异算子操作。假定个体

基因位向量处于第一象限表示为 t_7 ,此基因位向量通过逆时针旋转一周进行搜索,基因位向量旋转一周时 x 分量的绝对值变化规律为 $\searrow \nearrow \searrow \nearrow$ 。变异后基因位向量变为 t_8, t_9, t_{10} 中的一种,则搜索轨迹中 x 分量的绝对值变化规律变为 $\searrow \nearrow \searrow \nearrow, \searrow \nearrow \searrow \nearrow +$,相位变化为 $\theta_8 \sim \theta_7$ 。当种群中的个体趋于一致时通过此种组合变异,不同个体中的相同基因位向量比 X_1 算子变异的结果丰富的多。从搜索方向看,整个种群中不同个体相同基因位的搜索方向呈现出一种双向的搜索方式,因为从变化规律 $\searrow \nearrow \searrow \nearrow$ 和 $\nearrow \searrow \nearrow \searrow$ 可以看出,Pauli 组合变异算子操作对个体中染色体基因位双向搜索,算子能对更多的模式进行搜索,从而使算法有更大的潜能搜索到问题的更好解。

2.4 IQGA 的算法流程

QGA 的算法描述可以参阅文献[10]。通过对 QGA 中涉及的上述问题机理的分析,笔者提出了一种改进的量子遗传算法(IQGA)。IQGA 的流程概括为:

- 1) 计算合理的染色体基因长度 len ;
- 2) 初始化种群,即:

$$Q(m) = \{q_1^m, q_2^m, \dots, q_n^m\}$$

其中, q_j^m 为第 m 代中第 j 个染色体,即:

$$q_j^m = \begin{bmatrix} \alpha_{j1}^m & \alpha_{j2}^m & \dots & \alpha_{jlen}^m \\ \beta_{j1}^m & \beta_{j2}^m & \dots & \beta_{jlen}^m \end{bmatrix}$$

$j = 1, 2, \dots, n$,将种群中每个个体的基因位概率幅 $\alpha_{ji}^m, \beta_{ji}^m$ 置为 $1/\sqrt{2}$ 。

3) 对种群进行一次测量得到群体状态,对种群的测量需要将每个染色体个体的基因位由不定态转化为定态,按照 2.1 的量子观测方式将 q_j^m 转化为二进制串($X_1, X_2, \dots, X_m$);

4) 对种群中每个染色体个体进行解码并计算目标函数值以及适应度函数值。记录种群当前最佳个体及其适应度值;

5) 对种群中每个染色体个体的基因位进行观测得到一组状态,计算种群中每个个体的适应度值;

6) 依照表 1 中的规则按照(3)式计算每个染色体个体基因位的旋转方向及旋转角度, k 值由(4)式得到。利用量子旋转门对种群进行更新得到下一代种群,对每个染色体个体的基因位进行(2)式的矩阵变换,得到新的种群个体 $q_j^{m'}$,即:

$$q_j^{m'} = G \times \begin{bmatrix} \alpha_{j1}^m & \alpha_{j2}^m & \dots & \alpha_{jlen}^m \\ \beta_{j1}^m & \beta_{j2}^m & \dots & \beta_{jlen}^m \end{bmatrix}$$

7) 按照变异概率对更新的种群进行 Pauli 算子组合变异;

8) 判断进化条件,若满足结束条件则停止计算,输出最好结果,否则转向5)。

3 算法分析

3.1 IQGA 算法收敛性分析

定义 1 如果 $\lim_{n \rightarrow \infty} P\{\vec{X}(n) \cap B \neq \emptyset\} = 1$, 则称 $\{\vec{X}(n)\}$ 概率弱收敛到全局最优解^[12]。

定义 2 如果对于任意 $X \in B, Y \notin B$, 有 $f(x) > f(y)$, 则称 $B \subset S$ 为满意解集^[12]。记为:

$$\alpha_n^B = P\{\vec{X}(n+1) \cap B = \emptyset / \vec{X}(n) \cap B \neq \emptyset\}$$

$$\beta_n^B = P\{\vec{X}(n+1) \cap B \neq \emptyset / \vec{X}(n) \cap B \neq \emptyset\}$$

定理 1 如果 $\{\alpha_n^B\}, \{\beta_n^B\}$ 满足:

$$\textcircled{1} \sum_{n=1}^{\infty} (1 - \beta_n^B) = \infty;$$

$$\textcircled{2} \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{\alpha_n^B}{1 - \beta_n^B} = 0$$

则 $\{\vec{X}(n)\}$ 概率弱收敛到满意解集 B , 即:

$\lim_{n \rightarrow \infty} P\{\vec{X}(n) \cap B \neq \emptyset\} = 1$, 如对于任意 B 概率弱收敛, 则 $\{\vec{X}(n)\}$ 概率弱收敛到全局最优解集 M ^[12]。

定理 2 IQGA 概率弱收敛到全局最优解。

由 IQGA 算法流程可见, 当算法进化到 n 代时 $\exists N > n$, 当 $n \rightarrow \infty$ 时若 $\beta_n^B = 0$, 即算法进化中找到的当前最优解为空, 显然满足定理 1, 且 $\alpha_n^B = 0$, 也满足定理 1 中(2)式, 则 $\{\vec{X}(n)\}$ 概率弱收敛到满意解集 B 。若 $\beta_n^B = 1$, $\exists N > n$, 由 IQGA 算法组合变异规则可以得到, 变异算子扩大了算法的搜索范围, 当 $n \rightarrow \infty$ 时, $\exists r > 0, r < 1, \forall \varepsilon > 0, 0 < \beta < r - \varepsilon$, 则满足定理 1。当时可得 IQGA 满足定理 1。所以 IQGA 算法概率弱收敛到全局最优解。

3.2 IQGA 算法时间复杂度分析

该算法的操作主要由染色体基因长度计算、量子旋转角度计算、Pauli 组合变异操作、量子比特的观测及解码组成。假设进化代数 t , 种群规模为 N , 种群个体的自变量为 n , 个体自变量染色体基因位长度为 len , 计算染色体基因长度时间 T_1 , $\exists T$, 使 $T_1 < T$ 得, 其中 T 为常量。计算量子旋转角度时间 $T_2, T_2 = O(N \times n \times len)$ 。计算 Pauli 组合变异时间 $T_3, T_3 \leq P_m \times O(N \times n \times len)$ 。量子比特的观测及解码时间 $T_4, T_4 = O(N \times n \times len)$ 。第 t 代的计算总时间为 O_t :

$$T_1 + t(T_2 + T_4) < O_t \leq T_1 + t(T_2 + T_3 + T_4)$$

在本算法中 len 为通过计算得到的一个常量。通过化简操作该算法进化每一代的时间复杂度为 $T(t) =$

$$O(N \times n)。$$

4 算法测试

为了评价本研究提出的改进型量子遗传算法的有效性 & 算法的性能。选择 4 个典型的低维标准测试函数与文献[7]的改进混合量子遗传算法(IHQGA), 及文献[8]新量子遗传算法(NQGA)的测试结果进行比较; 选择 3 个 CEC2005 中的标准测试集函数与文献[5]中 QIEA-R 算法的测试结果进行比较。

4.1 测试函数及特性

本研究选取的测试函数及描述为:

① F_1 : De Jong 函数:

$$F_1 = 100(x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2$$

其中, $-2.048 \leq x_i \leq 2.048, i = 1, 2$ 。该函数有一个极小值 $F_1(1, 1) = 0$, 是一个难以收敛的单峰病态函数。

② F_2 : Goldstein-Price 函数:

$$F_2 = [1 + (x_1 + x_2 + 1)^2(19 - 14x_1 + 3x_1^2 - 14x_2 + 6x_1x_2) + 3x_2^2][30 + (2x_1 - 3x_2)^2(18 - 32x_1 + 12x_1^2 + 48x_2 - 36x_1x_2 + 27x_2^2)]$$

其中 $-100 \leq x_i \leq 100, i = 1, 2$ 。该函数在定义域中有一个全局极小值点 $F_2(0, -1) = 0$ 。

③ F_3 : Schaffer 函数:

$$F_3 = 0.5 + \frac{\sin^2 \sqrt{x_1^2 + x_2^2} - 0.5}{[1.0 + 0.001(x_1^2 + x_2^2)]^2}$$

其中, $-100 \leq x_i \leq 100, i = 1, 2$ 。该函数在其定义域内有一个全局极小点 $F_3(0, 0) = 0$ 。

④ F_4 : 六峰驼背函数:

$F_4 = (4 - 2.1x_1^2 + 1/3x_1^4)x_1^2 + x_1x_2 + (-4 + 4x_2^2)x_2^2$ 其中, $-3 \leq x_i \leq 3, i = 1, 2$ 。该函数共有 6 个局部极小点, $(-0.0898, 0.7126)$ 和 $(0.0898, -0.7126)$ 为全局最小点, 最小值为 $F_4(-0.0898, 0.7126) = F_4(0.0898, -0.7126) = -1.031628$ 。

⑤ F_5 : Shifted Sphere 函数:

$$F_5(x) = \sum_{i=1}^D z_i^2 + f_bias$$

其中, $x \in [-100, 100]^D, D = 30, F_5(x^*) = f_bias = -450$

⑥ F_6 : Shifted Rotated Ackley's Function with Global Optimum on Bounds 函数:

$$F_6(x) = -20 \exp(-0.2 \sqrt{\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D z_i^2}) - \exp(\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D \cos(2\pi z_i)) + 20 + e + f_bias$$

其中, $x \in [-32, 32]^D, D = 30, F_6(x^*) = f_bias = -140$

⑦ F_7 : Shifted Expanded Griewank's plus Rosenbrock's 函数:

$$F_7(x) = F_8(F_2(z_1, z_2)) + F_8(F_2(z_2, z_3)) + \cdots$$
$$F_8(F_2(z_{D-1}, z_D)) + F_8(F_2(z_D, z_1)) + f_bias$$

其中, $x \in [-3, 1]^D, F_8, F_2$ 为 CEC2005 标准测试集中函数, $D = 30$ 。

4.2 测试参数设置

本研究对函数 F_1, F_2, F_3, F_4 测试参数设置为种群规模 100、变异概率 $P_m = 0.01$ 、最大迭代次数 1000、测试轮数 100。对每一个测试函数, 当算法搜索到的最好解与函数全局最优解的精度误差小于

10^{-5} 时, 计算停止并输出得到的最好解。对函数 F_5, F_6, F_7 , 其最大进化代数为 300 000, 测试轮数为 25, 其他参数与上述保持一致。

4.3 测试结果与分析

将本研究改进的量子遗传算法 (IQGA) 对上述 4 个标准函数进行测试, 将计算结果与文献 [7-8] 提供的数据进行对比。表 2 为 IQGA 与 NQGA、IHQGA 测试结果比较, 表 3 为 IQGA 与 QIEA-R^[5] 测试结果比较 (其中包括 DE, Particle Swarm)。其中列小标题 *best*、*Avg*、*t*、*stdev* 分别表示最好解、平均解、平均收敛代数、标准方差。

图 1 和图 2 分别为 IQGA 求解 F_3 及 F_4 的目标值随进化代数的变化曲线。

表 2 IQGA 与 NQGA, IHQGA 测试结果对比
Tab. 2 A comparison between IQGA, NQGA and IHQGA

函数	IHQGA				NQGA				IQGA			
	<i>best</i>	<i>Avg</i>	<i>t</i>	<i>stdev</i>	<i>best</i>	<i>Avg</i>	<i>t</i>	<i>stdev</i>	<i>best</i>	<i>Avg</i>	<i>t</i>	<i>stdev</i>
F_1	-	0	625	-	3.54E-5	4.337E-4	67.88	-	3.1E-7	5.56E-6	256.76	2.73E-6
F_2	-	-	-	-	3.000 12	3.000 58	190.13	-	3.000 0001	3.000 0524	138.19	2.92E-5
F_3	-	1.02E-5	612.4	-	1.86E-5	2.42E-4	329.12	-	2E-7	4.81E-5	305.59	2.74E-5
F_4	-	-1.009 328	604.5	-	-1.031 58	-1.031 38	79.81	-	-1.0316 27	-1.031 5716	55.13	3.09E-5

表 3 IQGA 与 DE, Particle Swarm 和 QIEA-R 测试结果对比
Tab. 3 A comparison between IQGA, DE, particle swarm and QIEA-R

函数	DE		Particle Swarm		QIEA-R		IQGA	
	<i>Avg</i>	<i>stdev</i>	<i>Avg</i>	<i>stdev</i>	<i>Avg</i>	<i>stdev</i>	<i>Avg</i>	<i>stdev</i>
F_5	1.279E+04	2.628E+03	1.025E+03	6.393E+02	1.232E+01	7.060E+00	1.069E+02	2.627E+01
F_6	2.109E+01	5.957E+02	2.106E+01	5.543E+02	2.107E+01	6.080E+02	2.100E+01	4.790E-02
F_7	4.005E+03	1.868E+03	2.492E+01	5.348E+00	1.026E+01	1.137E+00	1.996E+00	2.320E-01

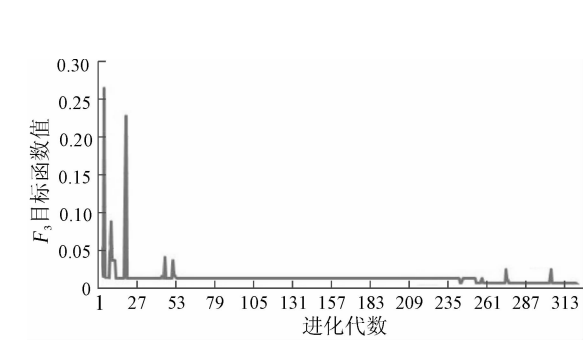


图 1 F_3 目标函数的进化曲线图
Fig. 1 Evolution process for function F_3

由表 2 可见, 从对函数 F_1 的测试数据看, IQGA 得到的最好解和平均最好解均要优于 NQGA; 而 IQGA 的平均最好解不如 IHQGA, 原因为: ①综合解的

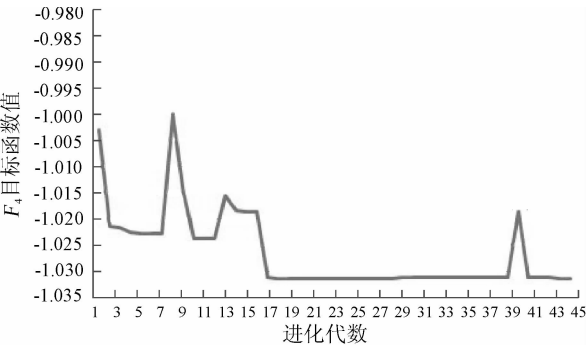


图 2 F_4 目标函数的进化曲线图
Fig. 2 Evolution process for function F_4

精度和计算代价, 本算法设置的结束条件为得到的最好解与问题的最优解的误差在 10^{-5} 以内, 因此本算法在最好解的精度满足上述结束条件时就停止计

算;②IHQGA 中作者运用了拟牛顿局部搜索法,此方法对函数 F_1 具有一定的优势。对于函数 F_2 ,由 IQGA 得到的搜索精度要高于 NQGA,且具有较少的收敛代数。对于函数 F_3 、 F_4 ,IQGA 的平均最好解均优于 NQGA 与 IHQGA,且 IQGA 的最好解也优于 NQGA。IQGA 均比 NQGA 及 IHQGA 的搜索精度高,并且收敛代数均比二者少。从表 3 可以看出,对于函数 F_5 ,IQGA 较 QIEA-R 算法略差,这是由于在 IQGA 中采用二进制编解码,二进制编解码没有实数编码求解精度高,且当求解问题较为复杂时变异等操作对当前最优解的改善较小。对于函数 F_6 ,IQGA 略好于其他算法。对于函数 F_7 ,IQGA 的平均解均比其他算法好。综合上述 7 个函数的测试数据可以看出,本算法 IQGA 得到最好解的精度,平均最好解的精度及平均收敛代数相

由图 1、图 2 可以看到当函数 F_3 和 F_4 进化到曲线中间部位时,算法陷入到某个局部最优而处于一种停滞状态,由于采用了 Pauli 组合变异算子,算法具有跳出局部最优,并能搜索到更好解的能力。

从上述测试结果来看,IQGA 具有较好的全局搜索能力和较高的搜索效率。本算法采用了根据求解问题的搜索精度来确定基因编码长度的编码方式,具有搜索精度高以及搜索效率高的特点。同时,IQGA 采用了动态调整旋转角度的策略可以提高搜索效率。对陷入局部解的进化函数采用了 Pauli 组合变异,使得算子有较好的鲁棒性和自适应能力去搜索到较好的全局最优解。

5 结 论

本研究对 QGA 的算法机理进行了分析,对算法采用的编码方法及算子操作等方面存在的问题提出改进措施以进一步影响算法性能。通过选取已有的几个典型标准测试函数对改进算法的改进方法进行了测试,测试结果表明,本研究提出的对 QGA 改进的若干措施对算法的整体性能有较大的提高。下一步的研究重点是对组合变异算子的内在机理及影响因素进行更深入的研究,并考虑 local search 的作用使算法能适应离散问题的求解。

参考文献:

[1] Shor P W. Algorithms for quantum computation: discrete algorithms and factoring: proceedings of the annual symposium foundations computer science sant Fe [C]. Murray Hill, USA,1994: 124-134.

[2] Narayanan A, Moore M. Quantum-inspired genetic algorithm: proceedings of IEEE international conference on evolutionary computation [C]. Piscataway, 1996:61-66.

[3] Han K H, Kim J H. Genetic quantum algorithm and its application to combinational optimization problems: proceedings of IEEE conference on evolutionary computation [C]. Piscataway,2000:1354-1360.

[4] Jiao L C, Li Y Y, Gong M G. Quantum-inspired immune clonal algorithm for global optimization: IEEE transactions on system, man, and cybernetics, part B [C]. Xi'an, China,2008: 1234-1253.

[5] Abs A V, Cruz M B R, Vellasco M A C. Pacheco, quantum-inspired evolutionary algorithm applied to numerical optimization problems, evolutionary: computation (CEC) [C]. Rio de Janeiro, Brazil,2010:1-6.

[6] Zhang G X. Quantum-inspired evolutionary algorithms: a survey and empirical study [J]. Journal of Heuristics, 2011, 17(3): 303-351.

[7] 王宝伟,王洪国,刘乐,等. 一种改进的混合量子遗传算法[J]. 计算机科学,2008,35(18):112-115.

Wang Baowei, Wang Hongguo, Liu Le, et al. Improved hybrid quantum genetic algorithm [J]. Computer Science, 2008,35(18):112-115.

[8] 张葛祥,李娜,金炜东,等. 一种新量子遗传算法及其应用[J]. 电子学报,2004, 32(3):477-479.

Zhang Gexiang, Li Na, Jin Weidong, et al. A Novel quantum genetic algorithm and its application [J]. Chinese Journal of Quantum Electronics, 2004,32(3):477-479.

[9] 张宗飞. 一种改进型量子遗传算法[J]. 计算机工程, 2010,36(6):181-183.

Zhang Zongfei. Novel improved quantum genetic algorithm [J]. Computer Engineering, 2010,36(6):181-183.

[10] 杨俊安,庄镇泉. 量子遗传算法研究现状[J]. 计算机科学,2003,30(11): 13-15.

Yang Junan, Zhuang Zhenquan. Actuality of research on quantum genetic algorithm [J]. Computer Science, 2003, 30(11):13-15.

[11] Michael A N. Chang I L. 量子计算和量子信息(二)量子信息部分[M]. 北京:清华大学出版社,2005.

[12] 张文修,梁怡. 遗传算法的数学基础[M]. 西安:西安交通大学出版社,2003.

(责任编辑 李虹燕)