

基于球面多区域划分的并行量子遗传算法

张亮* 陆余良 杨国正 张旻

(解放军电子工程学院网络工程系 合肥 230037)

摘要: 论文提出一种基于球面解空间划分的量子遗传算法, 引入多区域并行搜索的机制, 制定了群间的染色体置换策略, 设计了新的量子变异操作, 并以种群退化的程度来确定变异的概率。通过理论分析证明了该算法能够以概率 1 收敛到全局最优解。在组合优化和连续优化问题的实验中, 该算法能够以较快的速率收敛到目标值, 收敛过程相对平稳, 降低了早熟现象产生的概率, 表现出了良好的性能。

关键词: 量子遗传算法; 多区域划分; 并行搜索; 染色体置换; 量子变异

中图分类号: TP391

文献标识码: A

文章编号: 1009-5896(2011)05-1035-07

DOI: 10.3724/SP.J.1146.2010.01024

Parallel Quantum Genetic Algorithm Using Sphere Multi-region Division

Zhang Liang Lu Yu-liang Yang Guo-zheng Zhang Min

(Network Engineering Department, Electronic Engineering Institute of PLA, Hefei 230037, China)

Abstract: This paper proposes a quantum genetic algorithm based on spherical solution space multi-region division. It introduces multi-region parallel searching mechanism with a permutation policy among sub-swarms, designs a novel quantum mutation operator using a variable probability decided by the extend of devolution. It is proved that this algorithm can converge to a global optimal solution with probability 1. The experiments of combinatorial and continuous optimization issue show that the proposed algorithm accelerates the convergence to the expected value smoothly, reducing the probability of premature. It performs well comparatively.

Key words: Quantum Genetic Algorithm (QGA); Multi-region division; Parallel search; Chromosome permutation; Quantum mutation

1 引言

遗传算法是一种模拟生物不断进化、适者生存的过程, 通过种群中染色体的不断复制、交叉和变异, 最终得到代表问题最优解的最优染色体。量子计算与遗传算法的结合开辟了智能优化算法的新领域, 其最大的特点是以量子比特概率幅的形式对染色体进行编码, 利用量子多态的特点扩展解空间, 依据量子旋转门在解空间中搜索最优染色体, 并通过量子坍缩原理实现最优解从量子态到实数态的映射。

目前, 国内外研究人员已经对量子遗传算法展开了大量的研究。一部分文献侧重于算法本身进化机制的研究, 如文献[1]提出了一种改进的混合量子遗传算法 IHQGA, 采用自适应调整搜索网格策略和 Newton 算法进行局部搜索。文献[2]所提出的基于精英保留的量子遗传算法考虑了函数自变量与最优解自变量的关系, 使其具备了很好的寻优能力。文献

[3]引入三角常数因子、单比特量子 Hadamard 变异策略和转角步长函数对双链量子遗传算法进行了改进。文献[4]为了解决无法撤销每代已选最优染色体的问题, 取消了精英机制, 利用第 t 代的最优解来寻找第 $t+1$ 代的最优解。文献[5]提出一种基于 Bloch 坐标的量子遗传算法 BQGA, 将并行搜索的基因链扩展到了 3 条。另一部分文献则对量子遗传算法的应用进行了研究, 如利用 QGA 选择 Web 服务^[6]、选择 Reed-Muller 逻辑电路的最佳极性^[7]、优化机组组合问题^[8]、抽取 Web 信息^[9]、实时无功电力调度问题^[10]等。

本文依据文献[5]中的球面坐标系, 提出一种基于球面多区域划分的并行量子遗传算法 SMD-PQGA, 将问题解空间映射为球面解空间, 引入子群划分、染色体置换、量子变异等操作, 通过等分球面解空间, 得到了两个旋转角之间的关系, 并将其应用于三链旋转门中, 并根据子群退化的程度来确定量子变异的概率。通过理论分析证明了 SMD-PQGA 的收敛性, 并在仿真实验中验证了该算法的有效性。

2010-09-21 收到, 2011-03-09 改回

国家自然科学基金(60972161)和国家 242 信息安全计划(2005C62)资助课题

*通信作者: 张亮 liviocheung@sina.com

2 SMD-PQGA 的基本原理

QGA 将量子计算理论中的量子位和量子态叠加引入到遗传算法的染色体编码中, 一个量子位串对应一条染色体。在染色体进化过程中, 使用量子门完成交叉和变异的操作, 利用量子坍缩原理对量子态基因链进行观测以评估染色体的适应度。QGA 使用单条基因链, 在种群规模一定的情况下, 其遍历解空间的能力有限。为增加 QGA 在解空间中的搜索能力, 对染色体基因进行编码时, 可以考虑将解空间从低维向高维映射, 扩展多维的量子基因链数量。另外, 对解空间分区域划分后, 各区域(或子群)采用并行的方式来搜索最优解可以进一步提高寻优速度, 不同区域之间通过个体交换实现遗传信息交换。基于以上两个思路, 本节提出一种球面解空间多区域划分的量子遗传算法, 利用区域并行搜索机制来加速普通 QGA 的优化过程。

2.1 SMD-PQGA 的基因链编码

QGA 单一的基因链不利于提高进化进程, 因此, 将问题的解空间映射到单位半径的 3 维球面上(如图 1 所示), 球面上的任意一点 P 的坐标 (x_i, y_i, z_i) 都对应着原始解空间中某条染色体中的一个基因位。如果球面上所有点的坐标使用量子比特编码, 则存在如下关系: $x_i = r \sin \theta \cos \phi$, $y_i = r \sin \theta \sin \phi$, $z_i = r \cos \theta$ 。其中 $\phi \in [0, 2\pi]$, $\theta \in [0, \pi]$ 。

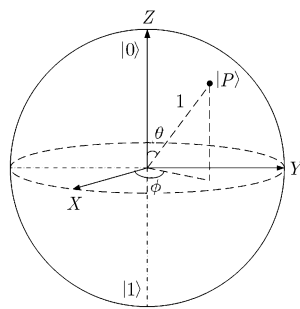


图 1 球面解空间的量子态表示

对于一个规模为 n 的种群而言, 基因位的球面映射意味着每个染色体将同时出现 3 条基因链, 在种群中的总数将达到 $3n$ 条。而在进化的过程中, 所有基因链都是同步更新的, 相当于将搜索解空间的频率提高了 3 倍。在球面坐标下, 点 P 的量子态坐标为: $|P\rangle = [\sin \theta \cos \phi \quad \sin \theta \sin \phi \quad \cos \theta]^T$, 则具有 m 个基因位的染色体 c_i 的编码形式具有图 2 的形式。

由球面坐标的三角形式描述可知, $|P\rangle = \cos(\theta/2)|0\rangle + e^{i\phi} \sin(\theta/2)|1\rangle$, 球体半径为 1, 上下旋概率幅满足归一化: $|\cos(\theta/2)|^2 + |e^{i\phi} \sin(\theta/2)|^2 = 1$, 所有量子态解被映射到空间 $S = [-1, 1]^m$ 中。在量子

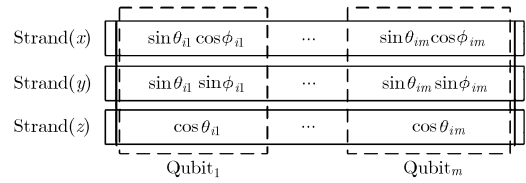


图 2 染色体的球面坐标编码形式

旋转门的作用下, 染色体的基因位将球心为轴心, 以一定方向和速度在球面上移动, 逐渐逼近最优基因位所在的位置。

2.2 球面多区域并行搜索机制

QGA 利用量子编码和量子旋转门对染色体进行进化, 较普通遗传算法而言, 它有效地提高了搜索最优解的效率。但从整个种群来看, QGA 并没有考虑生物界中物种进化中异域性或邻域性物种的生成, 而是仅仅将所有可能进化的后代都看作同域性物种, 忽视了分化种群和地理隔离的影响。受物种进化方式的启发, 本文将球面解空间划分成相对隔离的区域, 即将种群分为若干子群, 子群内部独立、同时进化。

球面的区域划分方式包括球面多边形覆盖、经纬线栅格覆盖和任意形状覆盖等。本文采用球面多边形覆盖的方法, 球面解空间被球面多边形等分为若干区域, 每一个区域对应一个子群。图 3 显示了多边形覆盖球面的例子。

经过划分后, 球面分成多个区域, 即种群分成多个地理隔离的子群, 子群内部按照一定的进化策略进化染色体。由于染色体采用量子编码形式, 通过 θ 和 ϕ 的改变使量子态基因沿球面旋转达到染色体进化的目的。任意的旋转会产生跨子群搜索, 这意味着在寻找最优解时可能重复搜索相同的解空间, 削弱并行进化的效率, 因此有必要对各个子群的进化行为进行限定, 即限制 θ 和 ϕ 的取值。

由共球多等边面体在球面拼接问题中的结论可知, 共存在 19 种顶点类型特征相同的拼接方式和 21 种顶点类型特征不同的拼接方式^[1]。本文利用球面三角形来等分球面解空间, 首先使用经过球心的

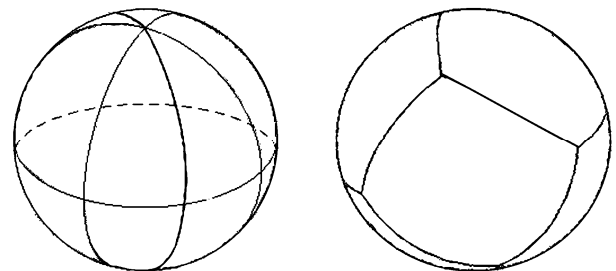


图 3 球面多边形覆盖示例

平面将球体等分成两个半球, 然后再利用垂直且过球心的平面以等角度旋转将两个半球体等分, 形成若干等面积的球面三角形(如图3左图)。下面给出子群进化中基因位旋转角的约束条件及其证明。

定理1 子群内部基因所对应的 $\Delta\phi$ 和 $\Delta\theta$ 满足以下约束关系: 当 $\Delta\theta \rightarrow 0$ 时, $\Delta\phi$ 与 $\Delta\theta$ 的平方成反比。

证明 若球面解空间被 k 个子群覆盖, 则每个子群在球体中对应的体积为 $\pi r^3/k$, 由球体积公式可得

$$\iiint_{\Omega} r^2 \sin\theta dr d\theta d\phi = \frac{4\pi r^3}{3k} \quad (1)$$

其中 Ω 表示球面三角形各顶点与球心连线构成的区域。展开式(1)左边式子得

$$\int_{\theta_0}^{\theta_1} \sin\theta d\theta \int_{\phi_0}^{\phi_1} d\phi \int_0^r r^2 dr \quad (2)$$

因 $\lim_{\theta \rightarrow 0} \sin\theta = \theta$, 令 $\Delta\theta = \theta_1 - \theta_0 = \pi/l$, 则式(2)近似等于

$$\int_{\theta_0}^{\theta_1} \theta d\theta \int_{\phi_0}^{\phi_1} d\phi \int_0^r r^2 dr = \frac{1}{6} r^3 \Delta\phi \cdot (\Delta\theta)^2 \quad (3)$$

由式(1), 式(3)可得

$$\Delta\phi \approx \frac{8\pi}{k} (\Delta\theta)^{-2} = \frac{8l^2}{k\pi} \quad (4)$$

式(4)表明, 在 Ω 区域体积一定的条件下, $\Delta\phi$ 和 $\Delta\theta$ 的平方成反比, 并且与 k 成反比, 因此, 当 $\Delta\theta$ 为常量且 k 足够大时, $\Delta\phi$ 将被限定在较小范围以内。当然, 为使 $\Delta\theta \rightarrow 0$, l 应该赋予较大的值, 例如当 $l = 36$ 时, 则近似误差为 $1.107e^{-4}$ 。证毕

划分后的子群相对独立地进化, 各自保存最优染色体。当进化完成或达到理想最优适应度时, 结束并行搜索, 从各子群保留的最优染色体中选择适应度最强的个体作为全局最优个体(或最强染色体)。

定理2 被球面三边三角形所覆盖的球面连续解空间 S 中, 最优染色体并不唯一。

证明 记子群为 $s_k, S = \bigcup_k s_k$ 。取球面一点

$|P_j\rangle$, 表示子群 s_k 中某条染色体上的一个基因位 g_j , $|P_j\rangle \in s_k$ 。 q_x, q_y, q_z 分别表示 $|P_j\rangle$ 在轴 X, Y, Z 上的投影点。

由图2可知, 点 $|P_j\rangle$ 的3维坐标分别对应了 g_j 在3条基因链上的取值。对于 $|q_x| = \sin\theta_j \cos\phi_j$ 而言, 当 $\phi_j = 0$ 时, $\exists \theta_j = \pi/2 - \theta'_j$, 使 $|q_x| = \cos\theta'_j$ 。过 q_x 作 $\odot(x)$, $\odot(x) \perp X$ 。记 $\odot(x)$ 与球面相交的圆周为 C_x , 则 C_x 上的所有点在 X 上的投影点均为 q_x , 由此可知, g_j 的 strand(x) 链第 j 个分量有无数的等效

位与之对应。同理, $|P_j\rangle$ 在 Y, Z 的投影垂直截面与球面的相交圆周 C_y, C_z 上的点也分别与 q_y, q_z 对应, 表明球面上的任意一个量子态基因位都有无数的点与之对应, 染色体 c_i 的3条基因链存在无数种取值组合, 这些取值散布整个球面。因此, 最优染色体可能存在于多个子群中, 即最优染色体并不是唯一的。证毕

定理2说明在连续的球面解空间中, 最强染色体的数量是无穷的, 且分布在许多子群中。SMD-PQGA 的并行搜索机制将大大提高寻找到全局最优解的效率和概率。

2.3 群间染色体置换

SMD-PQGA 在并行搜索最优解的过程中各个子群并非始终处于隔离状态, 而是在一定条件下周期性地信息进行交互, 这种信息交互体现在群间的染色体置换操作, 即进行“一对一”的交换。进行置换操作的目的在于提高各个子群中个体的多样性和收敛效率, 但如果不加条件地随意置换群间的染色体, 不但不能达到提高收敛效率的目的, 还可能破坏群内染色体向最优染色体的进化。本文采用如下策略进行染色体置换:

(1) 每隔3代测量一次各子群的染色体, 计算群内个体的平均适应度 $\overline{\text{fit}(s_k)}$; 计算全局平均适应度 $\overline{\text{fit}(S)}$;

(2) 选择满足条件 $\overline{\text{fit}(s_k)} < \overline{\text{fit}(S)}$ 的所有子群 $\{s_k | k = 1, \dots, l\}$;

(3) 对每一个 s_k , 按照 10%~15% 的比例从中选择适应度最低的染色体与其他合适的子群染色体进行置换。这里, “合适”的标准为: s_k 不能与低于自身平均适应度的子群进行置换。

SMD-PQGA 在满足“合适”标准的前提下, 按照以下策略选择子群: 地理相邻的子群(即与球面三角形有相邻边的区域)、对称子群(即 s_k 所对应的三边三角形质心与球心延长线相交的子群)、随机子群。也即是说, 在选择置换的子群时, 首先考虑与 s_k 相邻的子群, 若这些子群的平均适应度均小于 $\overline{\text{fit}(s_k)}$, 则选择 s_k 的对称子群, 若仍不能满足“合适”标准, 则随机选择符合条件的子群进行置换。

以上策略可以避免早熟现象的产生, 帮助种群朝着最优解的方向进化。事实上, 策略中的3种选择子群置换对象的方式综合考虑了算法的时间复杂度和置换操作的有效性。

2.4 量子变异

量子变异属于子群内部染色体基因的隔代信息传递, 通过改变染色体基因位的性状来达到向最优

染色体进化的目的,是量子遗传算法的重要操作之一。量子变异操作不同于传统的遗传算法,后者是以一定的概率选择染色体中的一个或几个基因位,随机改变基因取值来进行变异。而量子变异操作则包括两个步骤,首先利用量子旋转门改变父代的基因编码,其次再对基因位进行突变(交换量子位的概率幅),由此来影响子代的染色体构成。对子群的每一次进化而言,第1个步骤以当代最优染色体为依据来确定子代的进化,因此能够确保子群中的染色体都朝着最优染色体逐步进化。第2个步骤保证了种群的多样性,同样也有利于减少早熟出现的概率。下面给出本文采用的量子变异操作的具体实施方法。

$$\mathbf{M} = \begin{bmatrix} -\sin \Delta\theta \sin \Delta\phi & -\sin \Delta\theta \cos \Delta\phi & \cos \Delta\theta \sin(\phi + \Delta\phi) \\ -\sin \Delta\theta \cos \Delta\phi & \sin \Delta\theta \sin \Delta\phi & \cos \Delta\theta \cos(\phi + \Delta\phi) \\ \cos \Delta\theta & \frac{\sin \phi \cos \Delta\theta}{1 + \cos \phi} & \sin \Delta\phi \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} -\sin \Delta\theta \sin b(\Delta\theta)^{-2} & -\sin \Delta\theta \cos b(\Delta\theta)^{-2} & \cos \Delta\theta \sin(\phi + b(\Delta\theta)^{-2}) \\ -\sin \Delta\theta \cos b(\Delta\theta)^{-2} & \sin \Delta\theta \sin b(\Delta\theta)^{-2} & \cos \Delta\theta \cos(\phi + b(\Delta\theta)^{-2}) \\ \cos \Delta\theta & \frac{\sin \phi \cos \Delta\theta}{1 + \cos \phi} & \sin b(\Delta\theta)^{-2} \end{bmatrix} \quad (7)$$

不需要突变的基因则直接采用量子旋转门 \mathbf{R} 进化, \mathbf{R} 的定义如式(8)所示。

$$\mathbf{R} = \begin{bmatrix} \cos \Delta\theta \cos b(\Delta\theta)^{-2} & -\cos \Delta\theta \sin b(\Delta\theta)^{-2} & \sin \Delta\theta \cos(\phi + b(\Delta\theta)^{-2}) \\ \cos \Delta\theta \sin b(\Delta\theta)^{-2} & \cos \Delta\theta \cos b(\Delta\theta)^{-2} & \sin \Delta\theta \sin(\phi + b(\Delta\theta)^{-2}) \\ -\sin \Delta\theta & -\frac{\sin \Delta\theta \sin \phi}{1 + \cos \phi} & \cos \Delta\theta \end{bmatrix} \quad (8)$$

两个转角的方向决定了种群进化的方向,大小决定了进化的速度。式(7),式(8)中, $\Delta\phi$ 的取值由 $\Delta\theta$ 确定,但需要分别确定两者的方向。文献[5]提出了一种利用目标函数在搜索点的适应度最大变化率来确定 $\Delta\theta$, $\Delta\phi$ 方向,本文采用相同的方法,选择适应度在某一坐标点的梯度方向作为转角旋转的方向。

在 SMD-PQGA 中,量子变异出现的概率不是固定不变的,而是根据种群进化的效果来确定的。因此,不同子群中染色体发生变异的概率并非一致,当子群发生退化现象时,就适当提高量子变异的概率。下面给出本文对“退化”的定义。

定义 1 记子群 s_k 在第 $t+1$ 代的适应度为 $\text{fit}_k(t+1)$, 令 $\overline{\text{fit}}_k^{1:t} = (1/t) \cdot \sum_{i=1}^t \text{fit}_k(i)$, 若 $\text{fit}_k(t+1) < \overline{\text{fit}}_k^{1:t}$ (“ $<$ ”表示不优于),则称子群 s_k 在第 $t+1$

图 2 中 3 条基因链上同一位置的 3 个取值分别代表了球面一点的 3 维坐标,量子变异的实质是通过量子旋转门改变坐标值中的 θ_i 和 ϕ_i ,从而得到子代新的基因链。记父代某一基因位 j 为 $g_j(\theta, \phi)$, 令矩阵 \mathbf{M} 表示旋转突变算子,则需要对突变子代基因可以表示为

$$g'_j(\theta + \Delta\theta, \phi + \Delta\phi) = \mathbf{M}(g_j(\theta, \phi)) \quad (5)$$

用矩阵形式可以表示为

$$\mathbf{M} \begin{bmatrix} \sin \theta \cos \phi \\ \sin \theta \sin \phi \\ \cos \theta \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(\theta + \Delta\theta) \sin(\phi + \Delta\phi) \\ \cos(\theta + \Delta\theta) \cos(\phi + \Delta\phi) \\ \sin(\theta + \Delta\theta) \end{bmatrix} \quad (6)$$

结合定理 1 中 $\Delta\theta$, $\Delta\phi$ 的关系,令 $b = 8\pi/k$, 则解得

代出现退化, $\text{fit}_k(t+1)$ 越小于 $\overline{\text{fit}}_k^{1:t}$, 则退化的程度越大。

退化的子群以大概率进行量子变异,未退化的子群以小概率进行量子变异,变异概率与退化程度具有以下关系:

$$p_k(t+1) = \begin{cases} 10(1 + e^{-d})^{-1} p_0, & s_k \text{退化} \\ p_0, & s_k \text{未退化} \end{cases} \quad (9)$$

其中 $d = |\text{fit}_k(t+1) - \overline{\text{fit}}_k^{1:t}|$, p_0 为基本变异概率,设为 0.01。据式(9)易知,当 s_k 退化时, $p_k(t+1) \in [0.05, 0.1]$ 。

2.5 算法描述

SMD-PQGA 的进化过程可以用表 1 的算法进行描述。

表1 SMD-PQGA 的算法

输入: 问题的实数编码
输出: 最优适应度、最强染色体
(1) 设置最大 G_{\max} 、种群数量、基本变异概率、初始 $\Delta\theta$ 和 $\Delta\phi$ 值、目标适应度 $\text{fit}_{\text{target}}$;
(2) 依据实数编码随机产生量子态染色体, 并划分子群;
(3) $t=0$;
(4) while($t < G_{\max}$) {
(5) 观测子群 s_k 中的每个染色体 c_j , 求 $\text{fit}_k^j(t)$;
(6) $\text{fit}_{\text{best}}(t) = \max_{k,j} \text{fit}_k^j(t)$; //全局最优适应度
(7) $c_{\text{best}}(t) = (c_j \text{fit}_k^j(t) = \text{fit}_{\text{best}}(t))$; // 最强染色体
(8) if ($\text{fit}_{\text{best}}(t) > \text{fit}_{\text{target}}$)
(9) break; //达到理想最优适应度
(10) else
(11) 计算并保存子群平均适应度 $\text{fit}_k(t+1)$, $\text{fit}_{\text{best}}(t)$ 和 $c_{\text{best}}(t)$;
(12) if ($t \bmod 3 == 0$ && $t != 0$)
(13) 子群间进行个体置换;
(14) foreach c_j in every s_k {
(15) 对 c_j 进行量子变异;
(16) }
(17) $t = t + 1$;
(18) }
(19) return $\text{fit}_{\text{best}}(t)$, $c_{\text{best}}(t)$

表中算法主要分为以下步骤: 首先, 初始化算法参数; 其次, 依据 2.2 小节的方法对球面解空间进行子群划分; 再次, 对于每一个子群, 按照一定概率从中选适应度最低的染色体, 在置换策略的指导下与其他子群的染色体进行置换; 最后, 对出现退化现象的子群进行大概率量子变异, 其余子群进行小概率变异。进化过程中, 算法保存了每代子群各自的平均适应度和全局最优适应度, 从中选择最优值作为算法的输出。因此, 算法能够保证结果的最优性。

3 算法收敛性分析

SMD-PQGA 的收敛性由定理 3 给出。

定理 3 SMD-PQGA 以概率 1 收敛到全局最优解。

证明 球面解空间 Ω 是封闭连续的空间, 对于任意点 $|P\rangle \in \Omega$, 其 3 维坐标分量取值必然存在上界和下界。对于连续问题而言, 适应度函数在连续闭区域中必有最值, 即 $\exists o \in \{\text{Extrem fit}(c)\}_{|P\rangle \in \Omega}$ 。算法在执

行过程中, 种群规模是一定的, 各子群每次进化都对应了一个状态 $E_i(t+1)$, 且该状态仅与其父代染色体的状态 $E_i(t)$ 相关, 整个进化过程的时间(代数)和状态都是离散的, 因此, 状态序列 $\{E(t) | t \in$

$[0, G_{\max}]\}$ 是有限齐次 Markov 链。由于算法保存了每一代的最优染色体, 因此, 各子群子代中的最优染色体不劣于父代中的最优染色体: $\text{fit}_k^j(t+1) \geq \text{fit}_k^j(t)$, 即适应度序列单调递增。

假设子群数目为 k , 种群规模为 n , 染色体基因个数为 m , 记全局最优适应度为 fit_{best} , $C_{\text{best}} = \{c_i | \text{fit}(c_i) = \text{fit}_{\text{best}}\}$, 在第 t 次进化后, 子群从状态 i 变为状态 j 的转移概率为 $p_{i,j}(t)$, 子群处于状态 i 的概率为 $p_i(t)$ 。对于 $\forall \varepsilon > 0$, 令 $B = \{i | (\text{fit}(c_{bi}) - \text{fit}_{\text{best}}) < \varepsilon\}$ 。对某一子群 s_k 而言, 最优适应度为 $\text{fit}_{\text{best}}^k$, 根据全概率公式有

$$p_{i \notin B}^k(t) = p_{i \notin B, j \in B}^k(t) \cdot p_{j \in B}^k(t) + p_{i \notin B, j \notin B}^k(t) \cdot p_{j \notin B}^k(t) \quad (10)$$

由 Markov 链的性质可知:

$$p_{i \notin B}^k(t+1) = p_{i \in B, j \notin B}^k(t) \cdot p_{j \in B}^k(t) + p_{i \notin B, j \notin B}^k(t) \cdot p_{j \notin B}^k(t) \quad (11)$$

将式(11), 式(10)后移项可得

$$p_{i \notin B}^k(t+1) = p_{i \notin B}^k(t) - p_{i \notin B, j \in B}^k(t) \cdot p_{j \in B}^k(t) + p_{i \in B, j \notin B}^k(t) \cdot p_{j \in B}^k(t) \quad (12)$$

因 $\text{fit}_k^j(t+1) > \text{fit}_k^j(t)$, 故 $p_{i \notin B, j \notin B}^k(t) = 0$, 则式(12)变为

$$p_{i \notin B}^k(t+1) = p_{i \notin B}^k(t) - p_{i \notin B, j \in B}^k(t) \cdot p_{j \in B}^k(t) \leq p_{i \notin B}^k(t) \quad (13)$$

又因 $p_{i \notin B}^k(t+1) \geq 0$, 故 $\{p_{i \notin B}^k(t) | t \in [0, G_{\max}]\}$ 单调递减, 即 $\lim_{t \rightarrow \infty} p_{i \notin B}^k(t) = 0$ 。根据收敛性定义,

$$p \left(\lim_{t \rightarrow \infty} \text{fit}^k(c_{bi}) = \text{fit}_{\text{best}}^k \right) = 1 - \lim_{t \rightarrow \infty} p_{i \notin B}^k(t) = 1, \text{ 故在子群 } s_k \text{ 内, 算法以 1 的概率收敛到最优解。而最终全局最优解的选择不会影响算法的收敛概率, 因此, SMD-PQGA 以 1 的概率收敛到全局最优解。证毕}$$

4 实验结果及分析

本节分别设计了一个组合优化实验(OneMax 问题)和一个连续优化实验(六峰驼背函数最值逼近)来测试 SMD-PQGA 的性能, 并将实验结果与 BQGA^[5]的结果进行了对比。

4.1 OneMax 问题

OneMax 问题是一种计数求和最大化的问题, 常被用于测试各种遗传算法的性能。该问题可以描述为 $X = \max_X \sum_{i=1}^N x_i, X = \{x_i | x_i \in \{0,1\}, i \in [1, N]\}$, 即寻找一组比特串, 使串位之和达到最大。实验中设置 $N = 40$, 即理想的最优适应度为 40, SMD-PQGA 和 BQGA 的种群规模均为 50, SMD-PQGA 的子群数量为 20, 最大进化代数为 100。

图 4 所示显示了两种算法每代所获得的最优适应度的变化曲线。图中, SMD-PQGA 在进化到第 11 代时就已经取得了最优适应度, 达到理想目标值, 并一直保持到了进化结束。而 BQGA 在第 47 代时

才第 1 次达到了取得目标值。但在随后的进化过程中，BQGA 的适应度出现了较为明显的波动。

图 5，图 6 分别显示了 SMD-PQGA 和 BQGA 最优染色体的基因链上基因位的平均值变化曲线。从图 5 可知，SMD-PQGA 在进化过程中，各条链

上基因位均值相对平稳，尤其是最优基因链 3，除在第 7 代出现了明显退化以外，链 3 基本上将最优编码保持到了进化结束。相比之下，BQGA 的第 2，第 3 两条基因链的波动都较大，出现退化的次数相对较多，链 1 虽较为平稳，但其并非最优基因链。

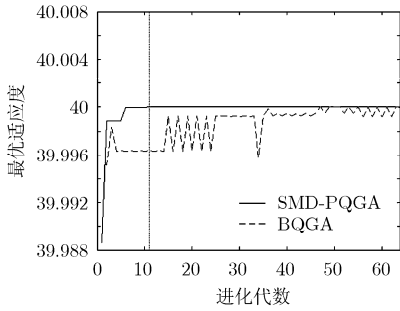


图 4 最优适应度变化曲线

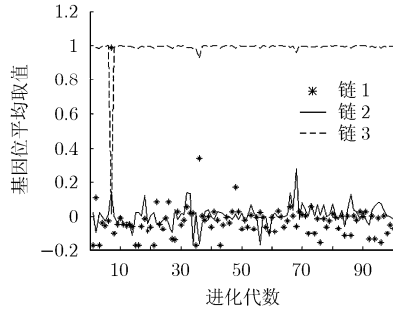


图 5 SMD-PQGA 的最优染色体基因位均值

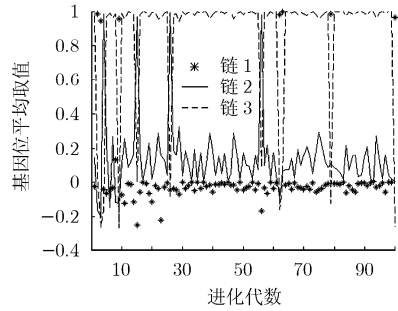


图 6 BQGA 最优染色体基因位均值

综合以上实验结果可以看出，SMD-PQGA 的量子置换、变异操作在最优染色体信息遗传方面发挥了积极的作用；合理的退化处理机制提高了种群的进化质量，降低了早熟现象发生的概率。

4.2 连续函数最值逼近

本小节使用 SMD-PQGA 对六峰驼背函数进行最小值逼近，以此来评估划分子群个数对算法收敛性、收敛速度的影响。六峰驼背函数的定义为 $f = (4 - 2.1x_1^2 + x_1^4/3)x_1^2 + x_1x_2 + (-4 + 4x_2^2)x_2^2$, $-3 \leq x_1, x_2 \leq 3$ 。该函数共有 6 个极小点，其中两个为全局最小点，最小值为 -1.031628。

实验中，种群规模为 100，最大进化代数为 100。图 7 显示了不同的子群划分数量 k 对六峰驼背函数最小值逼近的影响。当 $k = 20$ 时，算法在第 23 代收敛到最小值 -1.0316；当 $k = 8$ 时，算法在第 5 代收敛到 -1.0300，出现早熟现象；当 $k = 32$ 时，算法在第 57 代收敛到 -1.0311。由此可见， k 的取值对 SMD-PQGA 影响较为显著。

下面对 SMD-PQGA 和 BQGA 的收敛速度和 3 种适应度进行比较。SMD-PQGA 的子群数量为 20，

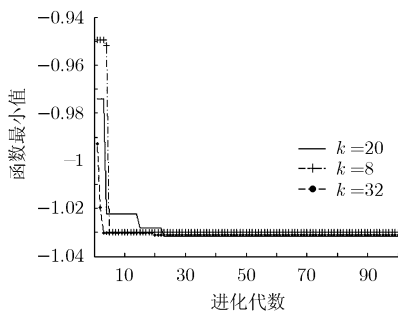


图 7 子群数量对函数最小值逼近的影响

其余参数不变。表 2 列举了两种算法运行 100 次以后，所取得的适应度、收敛代数、耗时的平均值。

表 2 SMD-PQGA 和 BQGA 的性能比较

	SMD-PQGA	BQGA
染色体数量	100	100
子群数量	20	/
最优适应度	-1.0316	-1.0316
平均适应度	-1.0166	-1.0167
最差适应度	-0.6363	-0.4833
平均耗时(s)	0.0439	0.0614

从表 2 数据可知，尽管两个算法都取得了最优适应度，但 SMD-PQGA 的平均适应度、最差适应度较 BQGA 而言更加靠近理想最优值。SMD-PQGA 的平均消耗时间比 BQGA 降低了 0.0175 s，这只是在单处理器的仿真环境下的时间开销，若在多处理器并行处理多个子群，则 SMD-PQGA 的时间消耗还将大幅缩短。

5 结论

SMD-PQGA 利用球面解空间划分将种群分为多个子群并行搜索最优解，制定了新的染色体置换策略和量子变异策略。在 OneMax 和六峰驼背函数最值逼近问题上，SMD-PQGA 具有较高的稳定性，并能够以较快的速度收敛于理想最优值，表现出其在解决组合优化问题和连续优化问题上的良好性能。

参考文献

[1] 王宝伟, 王洪国, 刘乐, 王鑫. 一种改进的混合量子遗传算法[J]. 计算机科学, 2008, 35(8): 112-115.
Wang Bao-wei, Wang Hong-guo, Liu Le, and Wang Xin.

- Improved hybrid quantum genetic algorithm[J]. *Computer Science*, 2008, 35(8): 112-115.
- [2] 王胜兵, 张鹏飞. 一种利用精英保留改进的量子遗传算法[J]. 海军工程大学学报, 2010, 22(1): 5-7.
Wang Sheng-bing and Zhang Peng-fei. An improved quantum genetic arithmetic using elite reserving[J]. *Journal of Naval University of Engineering*, 2010, 22(1): 5-7.
- [3] 许少华, 许辰, 郝兴, 王颖, 李盼池. 一种改进的双链量子遗传算法及其应用[J]. 计算机应用研究, 2010, 27(6): 2090-2092.
Xu Shao-hua, Xu Chen, Hao Xing, Wang Ying, and Li Pan-chi. Improved quantum genetic algorithm with double chains and its application[J]. *Application Research of Computers*, 2010, 27(6): 2090-2092.
- [4] Michael D P, Stefan S, and Nikola K. A versatile quantum-inspired evolutionary algorithm[C]. IEEE Congress on Evolutionary Computation, Singapore, 2007: 423-430.
- [5] Li Pan-chi and Li Shi-yong. Quantum-inspired evolutionary algorithm for continuous spaces optimization based on bloch coordinates of qubits[J]. *Neurocomputing*, 2008, 72(1-3): 581-591.
- [6] 黄伯虎, 段振华. 量子遗传算法在 Web 服务选择中的应用[J]. 西安电子科技大学学报(自然科学版), 2010, 37(1): 56-61.
Huang Bo-hu and Duan Zhen-hua. Application of the quantum genetic algorithm in web services selection[J]. *Journal of Xidian University*, 2010, 37(1): 56-61.
- [7] 汪鹏军, 李辉, 吴文晋, 王伶俐, 张小颖, 戴静. 量子遗传算法在多输出 Reed-Muller 逻辑电路最佳极性搜索中的应用[J]. 电子学报, 2010, 38(5): 1058-1063.
Wang Peng-jun, Li Hui, Wu Wen-jin, Wang Ling-li, Zhang Xiao-ying, and Dai Jing. Application of quantum genetic algorithm in searching for best polarity of multi-output reed-muller logic circuits[J]. *Acta Electronica Sinica*, 2010, 38(5): 1058-1063.
- [8] Lau T W, Chung C Y, and Wong K P, *et al.* Quantum inspired evolutionary algorithm approach for unit commitment[J]. *IEEE Transactions on Power Systems*, 2009, 24(3): 1503-1512.
- [9] Yan Li-li, Chen He-nian, and Ji Wen-tian, *et al.* Optimal VSM model and multi-object quantum-inspired genetic algorithm for web information retrieval[C]. Computer Network and Multimedia Technology, Wuhan, 2009: 1-4.
- [10] Vlachogiannis J G and Lee K Y. Quantum-inspired evolutionary algorithm for real and reactive power dispatch[J]. *IEEE Transactions on Power Systems*, 2008, 23(4): 1627-1636.
- [11] 单继宏, 孙毅, 潘本峰, 楼敏. 心射球面投射在球面多边形拼接中的应用研究[J]. 工程图学学报, 2008, (1): 117-121.
Shan Ji-hong, Sun Yi, Pan Ben-feng, and Lou Min. A study on the gnomonic projection application to spherical polygons joint[J]. *Journal of Engineering Graphics*, 2008, (1): 117-121.
- 张亮: 男, 1982年生, 博士生, 研究方向为 Web 信息处理、计算机网络安全.
- 陆余良: 男, 1964年生, 教授, 博士生导师, 研究方向为 Web 信息处理、计算机网络安全.
- 杨国正: 男, 1982年生, 博士, 讲师, 研究方向为网络拓扑探测、计算机网络安全.
- 张旻: 男, 1966年生, 教授, 硕士生导师, 研究方向为信号处理、计算智能.