

# 基于改进双链量子遗传算法的投影寻踪调亏灌溉综合评价

王 柏<sup>1,2</sup>, 张忠学<sup>1\*</sup>, 李芳花<sup>2</sup>, 孙艳玲<sup>2</sup>, 丁 红<sup>2</sup>

(1. 东北农业大学水利与建筑学院, 哈尔滨 150030; 2. 黑龙江省水利科学研究院, 哈尔滨 150080)

**摘 要:** 针对调亏灌溉方案优选过程中存在单项指标的灌溉优劣评估结果单一和难以客观评价灌溉综合效益等问题, 该文提出了基于双链量子遗传算法的投影寻踪综合评价模型。该模型利用双链量子遗传算法优化投影指标函数寻求最佳投影方向, 同时通过矢量距浓度筛选进入搜索空间的量子染色体, 以及在进化过程中逐步优化、压缩搜索空间对双链量子遗传算法进行改进。将改进双链量子遗传算法的投影寻踪模型对玉米各调亏灌溉方案进行综合评价, 评价结果表明苗期水分亏缺程度为田间持水量 50%~60%的处理是最佳调亏灌溉方案, 产量与水分利用效率比正常灌溉处理分别提高了 6.4%、10.8%。改进后的模型全局搜索能力与优化效率得到了显著提高。

**关键词:** 灌溉, 模型, 算法, 实数编码, 量子遗传算法, 投影寻踪, 调亏灌溉

doi: 10.3969/j.issn.1002-6819.2012.01.016

中图分类号: S275; TP183

文献标志码: A

文章编号: 1002-6819(2012)-02-0084-06

王 柏, 张忠学, 李芳花, 等. 基于改进双链量子遗传算法的投影寻踪调亏灌溉综合评价[J]. 农业工程学报, 2012, 28(2): 84-89.

Wang Bai, Zhang Zhongxue, Li Fanghua, et al. Comprehensive evaluation of regulated deficit irrigation using projection pursuit model based on improved double chains quantum genetic algorithm[J]. Transactions of the CSAE, 2012, 28(1): 84-89. (in Chinese with English abstract)

## 0 引 言

调亏灌溉 (regulated deficit irrigation) 是 20 世纪 70 年代中后期出现的一种新的节水灌溉技术。大量研究表明, 调亏灌溉不仅适宜于果树, 也适宜于玉米、小麦、棉花、烟草等大田作物, 与充分灌溉相比, 调亏灌溉具有一定的节水增产功效<sup>[1]</sup>。东北春玉米区玉米播种面积占全国的 24.66%, 玉米产量占全国的 30.78%<sup>[2]</sup>, 黑龙江位于东北春玉米区的北部, 是国家重要的商品粮基地, 承担着保障国家粮食安全的重要使命, 而降水与水资源时空分布不均形成的缺水以及春旱频发都直接影响玉米的稳产、高产。因此, 解决水资源供需矛盾, 探索寒地黑土区玉米调亏灌溉模式对发展高效节水农业具有重要意义。

投影寻踪<sup>[3-5]</sup> (projection pursuit, PP) 是处理和分析高维数据, 尤其是高维非正态数据的一种新兴的统计方法, 具有稳健性、抗干扰性和准确度高等优点, 可以有效地解决“维数祸根”的问题。该方法能充分利用高维数据中的所有信息, 将高维数据指标(样本评价指标)投影到低维子空间上, 寻找出能反映原高维数据的结构或特征的投影, 以达到分析和研究高维数据的目的。PP 模型中

的投影指标函数优化问题是应用 PP 方法的关键, 近年来, 国内外学者将人工智能方法逐渐应用到 PP 模型优化投影方向中, 并且取得了较好效果。本文在文献<sup>[6]</sup>研究工作的基础上, 通过改变量子染色体量子位在单位圆中幅角的取值范围, 逐步调整、优化、压缩量子染色体幅角的搜索空间, 提出了一种改进的加速双链量子遗传算法 (accelerating double chains quantum genetic algorithm, ADCQGA)。将改进的加速双链量子遗传算法与投影寻踪分类模型 (projection pursuit classification model, PPC) 相结合并引入调亏灌溉评价中, 通过 ADCQGA 优化 PPC 模型中的投影方向参数, 使反映调亏程度的多个指标通过线性投影成为一个综合性指标, 然后按投影值进行排序, 定量对调亏程度进行评价, 以期实现对寒地黑土区玉米调亏灌溉模式的综合分析。

## 1 基于改进双链量子遗传算法的投影寻踪模型

### 1.1 双链量子遗传算法

量子计算和量子计算机的概念是由著名物理学家 Feynman 在 1982 年研究物理系统的计算机模拟时提出的<sup>[7]</sup>。自从 1994 年 Peter Shor 提出了分解大数质因子的量子算法<sup>[8]</sup>和 Grover 在 1996 年提出量子搜索算法<sup>[9]</sup>之后, 量子计算以其独特的计算性能引起了广泛关注, 迅速成为国际上研究的热点。量子遗传算法<sup>[10-11]</sup> (quantum genetic algorithm, QGA) 是一种基于量子计算原理的概率优化算法, 具有种群规模小、收敛速度快、全局搜索能力强、较好的种群多样性等优点, 主要应用于组合优化问题。近几年来国内许多学者对量子遗传算法进行了研究与改进, 相应提高了算法的性能<sup>[12-15]</sup>。在双链基因染色体量子遗传算法 (double chains quantum genetic algorithm,

收稿日期: 2011-01-06 修订日期: 2011-11-14

基金项目: 国家科技支撑计划 (2009BADB3B04, 2007BAD88B01); 黑龙江省科技攻关 (GA09B105-1)

作者简介: 王 柏 (1980-), 男, 黑龙江哈尔滨人, 工程师, 博士, 主要从事农业节水技术, 水资源可持续利用。哈尔滨 东北农业大学水利与建筑学院, 150030。Email: wangbai100121@sohu.com

\*通信作者: 张忠学 (1967-), 男, 黑龙江呼兰人, 教授, 博士生导师, 主要从事农业节水研究。哈尔滨 东北农业大学水利与建筑学院, 150030。Email: zhangzhongxue@163.com

DCQGA) 中, 量子位的概率幅  $[\cos\theta_{ij}, \sin\theta_{ij}]^T$  在单位圆中幅角 (相位)  $\theta_{ij}$  的初始值在  $(0, 2\pi)$  中随机产生,  $i=1,2,\dots,n, j=1,2,\dots,m, n$  是种群规模 (样本容量),  $m$  是向量空间位数 (单个量子染色体上的量子位数), 通过量子旋转门来更新量子比特的相位, 然后采用量子非门实现染色体变异, 量子位的概率幅  $[\cos\theta_{ij}, \sin\theta_{ij}]^T$  为周期函数, 每条量子染色体的量子位的概率幅  $[\cos\theta_{ij}, \sin\theta_{ij}]^T$  在进化更新过程中, 其幅角  $\theta_{ij}$  重复落于单位圆中, 这样的量子染色体的搜索空间范围大, 不利于算法的快速收敛。本文针对上述的 DCQGA 进行改进, 将量子位幅角  $\theta_{ij}$  的初始值在  $(0, \pi/2)$  中随机产生, 保证了量子种群适应值与相应幅角排序的单调性, 缩小了量子染色体的搜索空间, 基于相似矢量距<sup>[16-18]</sup>计算搜索空间内量子染色体的选择概率与期望繁殖率, 优化搜索空间中量子染色体的多样性, 在进化过程中逐步压缩幅角  $\theta_{ij}$  的搜索空间, 提出了一种改进的加速双链量子遗传算法 (ADCQGA)。

## 1.2 调亏灌溉评价的投影寻踪模型

将 PPC 模型中的投影指标函数作为 ADCQGA 优化的目标函数, 各指标的投影作为优化变量, 利用 PPC 模型进行 ADCQGA 操作, 确定最佳投影方向及相应的最大指标函数值或最小指标函数值, 从而求得分类与排序结果, 使评价过程能够较好地保留原始信息, 评价结果更加客观。基于改进的加速双链量子遗传算法的投影寻踪 (ADCQGA-PPC) 调亏灌溉评价模型构成过程如下:

步骤 1: 样本评价指标集的归一化处理。设各指标值的样本集为  $\{x(i, j) | i=1 \sim n, j=1 \sim m\}$ , 其中  $x(i, j)$  为第  $i$  个样本第  $j$  指标值, 即第  $i$  个量子染色体上的第  $j$  个量子位,  $n$  是种群规模 (样本容量),  $m$  是单个量子染色体上的量子位数, 即评价指标的个数。为消除各指标值的量纲和统一各指标值的变化范围, 采用下式进行极值归一化处理

越大越优的指标

$$X'_{ij} = \frac{X_{ij} - \min X_j}{\max X_j - \min X_j} \quad (1)$$

越小越优的指标

$$X'_{ij} = \frac{\max X_j - X_{ij}}{\max X_j - \min X_j} \quad (2)$$

其中,  $X_{ij}$  为归一化之前的变量,  $X'_{ij}$  为归一化之后的变量,  $\max X_j$  表示第  $j$  个指标的最大值,  $\min X_j$  表示第  $j$  个指标的最小值。

步骤 2: 构造投影指标函数  $F(a)$ 。PPC 方法就是把  $m$  维数据  $\{x(i, j) | i=1 \sim n, j=1 \sim m\}$  合成以  $a = \{a(1), a(2), a(3), \dots, a(m)\}$  为投影方向的一维投影值  $z(i)$ , 即

$$z(i) = \sum_{j=1}^m a(j)x(i, j) \quad (i=1 \sim n) \quad (3)$$

式中,  $a$  为单位长度向量。投影指标函数可以表达成  $F(a) = S_v D_v$ , 其中,  $S_v$  为投影值  $z(i)$  的标准差,  $D_v$  为投影值  $z(i)$  的局部密度。

步骤 3: 优化投影指标函数。可以通过求解投影指标函数最大化问题来估计最佳投影方向, 即最大化目标函数

$$\max F(a) = S_v D_v \quad (4)$$

约束条件

$$\text{s.t.} \sum_{j=1}^m a^2(j) = 1 \quad (5)$$

这是一个以投影方向  $\{a(j) | j=1, 2, \dots, m\}$  为优化变量的复杂非线性优化问题, 本文应用改进的加速双链量子遗传算法解决其高维全局优化问题, 目标函数达到极值时得到最佳投影方向。

步骤 4: 改进的加速双链量子遗传算法步骤如下:

1) 量子种群初始化: 在  $(0, \pi/2)$  中随机生成  $m$  个指标数目的  $n$  个量子染色体, 形成初始量子种群  $X = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$ , 量子染色体的适应度值为投影指标函数值, 设定转角步长初值为  $\theta_0$ , 变异概率为  $p_m$ 。直接采用量子比特的概率幅作为编码, 每条量子染色体包含两条并列的基因链, 同时代表搜索空间中的“余弦”和“正弦”两个优化解。

$$a_i = \begin{bmatrix} |\cos(\theta_{i1})| \cos(\theta_{i2}) \cdots |\cos(\theta_{im})| \\ |\sin(\theta_{i1})| \sin(\theta_{i2}) \cdots |\sin(\theta_{im})| \end{bmatrix} \quad (6)$$

其中,  $\theta_{ij} = (\pi/2) \times Rnd$ ,  $Rnd$  为  $(0, 1)$  之间的随机数。

2) 解空间变换: 群体中每条量子染色体包含  $2m$  个量子比特的概率幅, 利用线性变换, 将  $2m$  个概率幅由  $m$  维空间  $(0, \pi/2)^m$  映射到  $\max F(a)$  的解空间  $\Omega$ 。记量子染色体  $a_i$  上第  $j$  个量子位为  $[a_j^i, \beta_j^i]^T$ , 相应实际解空间的变量为

$$X_{jc}^i = d_j + \alpha_j^i (u_j - d_j) \quad (7)$$

$$X_{js}^i = d_j + \beta_j^i (u_j - d_j) \quad (8)$$

$$d_j \leq a_j(j) \leq u_j \quad (9)$$

式中,  $X_{jc}^i$  为第  $i$  个量子染色体上第  $j$  个量子位的余弦解,  $X_{js}^i$  为第  $i$  个量子染色体上第  $j$  个量子位的正弦解,  $\alpha_j^i$  为  $X_{jc}^i$  对应量子态  $|0\rangle$  的概率幅,  $\beta_j^i$  为  $X_{js}^i$  对应量子态  $|1\rangle$  的概率幅,  $u_j, d_j$  分别为第  $j$  个指标取值范围的上限、下限。

3) 计算种群  $X$  中各染色体的矢量距、基于矢量距浓度的选择概率、期望繁殖率。 $n$  条量子染色体构成了一个非空种群  $X$ , 若规定量子染色体  $a_i$  在种群  $X$  上的矢量距为

$$\rho(a_i) = \sum_{k=1}^n |F(a_i) - F(a_k)| \quad (10)$$

量子染色体的浓度为

$$C(a_i) = 1/\rho(a_i) = 1/\sum_{k=1}^n |F(a_i) - F(a_k)| \quad (11)$$

量子染色体浓度的概率选择公式

$$P_s(a_i) = \frac{\rho(a_i)}{\sum_{i=1}^n \rho(a_i)} = \frac{\sum_{k=1}^n |F(a_i) - F(a_k)|}{\sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^n |F(a_i) - F(a_k)|} \quad (12)$$

量子染色体的期望繁殖率  $e(a_i)$  为

$$e(a_i) = F(a_i)/C(a_i) = \frac{F(a_i)}{\sum_{k=1}^n |F(a_i) - F(a_k)|} \quad (13)$$

式中,  $P_s(a_i)$  为量子染色体  $a_i$  的选择概率值,  $k=1,2,\dots,n$ 。

4) 将初始种群  $X$  分别按期望繁殖率  $e$  和选择概率  $P_s$  进行降序排列。使前 10 个期望繁殖率高的量子染色体进入新种群  $X_{new}$ ; 使选择概率大于某一设定值  $P_r$  的  $h$  个量子染色体进入新种群  $X_{new}$ ; 在  $(0, \pi/2)$  中随机生成  $m$  个指标数目的  $(n-10-h)$  个量子染色体进入新种群  $X_{new}$ 。

5) 对新多样化种群  $X_{new}$  中的每条量子染色体进行 DCQGA 算法<sup>[6]</sup>的量子旋转门来更新量子相位, 依变异概率  $P_m$  实施 Hadamard 门变异操作。

6) 用投影指标函数  $F(a)$  对多样化种群  $X_{new}$  进行适应度值评价, 记录最佳量子染色体的适应度值, 及其对应的量子位编码染色体。

7) 优化和压缩量子位幅角的搜索空间: 将多样化量子群体  $X_{new}(a)$  中所有量子染色体的量子位幅角  $\theta_{ij}$  进行角度值排序, 记录最大值  $\theta_{ijmax}$  和最小值  $\theta_{ijmin}$ 。为了进一步提高算法的灵活性与鲁棒性, 当  $|\theta_{ijmax} - \theta_{ijmin}| < 10^{-4}$  的时候, 幅角  $\theta_{ij}$  的搜索区间重新置为  $(0, \pi/2)$ 。

8) 加速运行, 演化迭代: 如果满足收敛条件或代数达到最大限制时算法终止, 否则将优化和压缩操作后的量子位幅角  $\theta_{ij}$  的多样化区间  $(\theta_{ijmin}, \theta_{ijmax})$  作为新量子染色体的初始变化区间, 随机产生种群为  $n$ 、量子位数为  $m$  的新种群  $X(a)$ , 并转向步骤 2)。

步骤 5: 将求得最佳投影方向  $a^*$  的取值按大小排列, 可以得到指标贡献或敏感程度的大小, 把  $a^*$  代入式 (3), 计算各样本点的投影值  $z^*(i)$ , 若按  $z^*(i)$  值从大到小排序, 则可以将样本从优到劣进行排序。

## 2 应用实例

### 2.1 试验区概况与试验设计

2008~2009 年在黑龙江省水利科学研究院综合试验基地 (45°43'09"N, 126°36'35"E) 自动感应式遮雨棚下进行玉米调亏灌溉模式试验研究。本试验区多年平均气温 3.1℃, 无霜期为 130~140 d, 多年平均降雨量为 619 mm, 7~9 月份的降雨量占全年的 70%, 多年平均蒸发量 727 mm, 土壤质地为壤土。土壤基本性质为: N 元素质量分数为 154.4 mg/kg,  $P_2O_5$  质量分数为 40.1 mg/kg,  $K_2O$  质量分数为 376.8 mg/kg, pH 值为 7.27。1 m 土层内的平均田间持水率为 28.4% 和土壤体积质量为 1.22 g/cm<sup>3</sup>。

试验在 5 月初开始至 9 月末结束。供试材料为玉米久龙 5 号。采用筒测法, 测筒为圆形有底, 与外部无水分交换, 筒内径 50 cm, 深度 95 cm, 分层 (每层土壤深度 10 cm) 回填原状土, 测筒土壤表面与田间地面齐平, 每筒定植 1 株玉米。试验采用正交设计  $L_8(2^7)$ , 玉米设置 3 个水分调亏阶段: 苗期—拔节期、拔节期—抽雄期、抽雄期—灌浆期; 每个调亏阶段设置水分中度调亏, 土壤

相对含水率 (占田间持水量的百分数) 为 50%~60%, 其它非调亏阶段正常灌溉, 土壤相对含水率为 70%~90%, 共 8 个水分调亏处理, 每个处理 3 次重复 (见表 1)。缓苗后开始水分处理, 用电子吊秤称质量法测定土壤含水率, 用水量平衡法确定玉米蒸发蒸腾量, 每隔 1 天称质量 1 次, 秤的测量精度为 0.05 kg。当各测筒土壤相对含水率低于设计控制下限水平时, 用量杯补充加水到设计控制上限水平, 记录各测筒每次加水量。

表 1 调亏灌溉试验处理方案

序号	处理	苗期	拔节期	抽雄期
		(06-14—06-30)	(07-01—07-21)	(07-22—08-20)
1	KKK	中度调亏	中度调亏	中度调亏
2	KKZ	中度调亏	中度调亏	正常
3	KZK	中度调亏	正常	中度调亏
4	KZZ	中度调亏	正常	正常
5	ZKK	正常	中度调亏	中度调亏
6	ZKZ	正常	中度调亏	正常
7	ZZK	正常	正常	中度调亏
8	ZZZ	正常	正常	正常

注: “K”表示中度亏水, “Z”表示正常灌溉。字母位置表示在此生育阶段实行该灌水量; 中度调亏时土壤相对含水率为 50%~60%; 正常时土壤相对含水率为 70%~90%; 用带“-”格式的数字来表示月-日。

### 2.2 ADCQGA-PPC 模型应用

在调亏灌溉方案评价与指标分析中, 经济产量和水分利用效率 (water use efficiency, WUE) 是生物节水技术的核心内容。株高和根干质量是作物生理生化过程的重要指标, 也是水分亏缺对作物地上部分、地下部分影响的体现。百粒质量反映种子的饱满程度, 是种子质量的指标之一。秃尖既能反映调亏灌溉对玉米是否产生缺粒的影响, 又能体现生殖生长的饱满程度。研究选定单株产量、WUE、株高、根干质量、百粒质量、秃尖等 6 个评价指标对 8 个调亏灌溉处理方案进行综合指标排序, 具体指标内容见表 2, 指标中除秃尖长为越小越优, 其余指标均为越大越优。根据表 2 中的数据分别建立基于改进加速双链量子遗传算法的投影寻踪 ADCQGA-PPC 模型和基于双链量子遗传算法的投影寻踪 DCQGA-PPC 模型, 模型对样本进行了归一化处理。采用 MATLAB7.0 编程处理, ADCQGA-PPC 与 DCQGA-PPC 的模型参数: 种群规模  $n=100$ , 量子位  $m=9$ , 选择概率  $P_r=0.01$ , 变异概率  $P_m=0.05$ , 转角步长初值  $\theta_0=0.05\pi$ , 限定代数  $L_{max}=20$ 。为消除模型计算随机性的影响, 两种模型均优化计算 10 次, 优化结果对比见表 3。

由表 3 可知, 在 10 次实验中, 在给定优化迭代次数均为 20 的情况下, ADCQGA-PPC 模型计算得出的最优函数值、平均函数值分别为 0.5643、0.5594, 明显大于 DCQGA-PPC 模型计算得出的最优函数值 0.5159、平均函数值 0.4812, 说明 ADCQGA-PPC 模型的质量优于 DCQGA-PPC 模型; ADCQGA-PPC 模型的平均计算时间为 4.68 s, 显著小于 DCQGA-PPC 模型的平均计算时间 5.96 s, 说明 ADCQGA-PPC 模型具有较高的优化效率;

可见 ADCQGA-PPC 模型的优化性能明显地优于 DCQGA-PPC 模型,表明本文提出的 ADCQGA-PPC 模型是有效可行的。ADCQGA-PPC 模型在 10 次实验中得出最大投影指标值为 0.5643,最佳投影方向  $a^*=(0.6540,0.1475,0.4983,0.5617,0.2477,0.1538)$  见表 4,综合评价的投影值  $z^*(i)$  见表 5。

表 2 不同调亏灌溉处理下的评价指标

Table 2 Evaluation indexes of different deficit irrigation treatments

序号	处理	单株产量 /g	水分利用效率 WUE/(kg·m <sup>-3</sup> )	根干质量 /g	株高/cm	百粒质量 /g	秃尖 /cm
1	KKK	246	2.07	49.0	220.0	38.33	3.3
2	KKZ	287	2.21	68.0	224.2	43.27	2.5
3	KZK	291	2.22	62.0	239.2	40.50	4.9
4	KZZ	333	2.36	84.0	250.5	42.08	3.8
5	ZKK	267	2.13	53.7	227.7	38.01	3.9
6	ZKZ	311	2.21	86.3	233.3	46.50	2.1
7	ZZK	294	2.18	58.0	243.0	39.70	5.4
8	ZZZ	313	2.13	78.0	254.6	38.17	1.2

表 3 优化结果对比 (10 次实验)

Table 3 Comparison of optimization results (10 experiments)

模型	优化代数	最优函数值	最差结果	平均函数值	平均时间/s
DCQGA-PPC	20	0.5159	0.4352	0.4812	5.96
ADCQGA-PPC	20	0.5643	0.5473	0.5594	4.68

表 4 最佳投影方向

Table 4 The optimal projection direction

投影指标	投影方向的分量值
单株产量	0.6540
水分利用效率 WUE	0.1475
根干质量	0.4983
株高	0.5617
百粒质量	0.2477
秃尖	0.1538

表 5 不同调亏灌溉处理的投影值

Table 5 Projection values of different deficit irrigation treatments

优劣顺序	处理	投影值
1	KZZ	1.9416
2	ZKZ	1.6426
3	ZZZ	1.6418
4	KZK	0.9909
5	KKZ	0.9611
6	ZZK	0.9597
7	ZKK	0.4311
8	KKK	0.0863

注：优劣顺序是综合评价投影值从大到小的排序。

## 2.1 模型评价结果分析

最佳投影方向各分量值的大小反映了各评价指标对调亏灌溉综合评价贡献率的大小和影响程度,根据表 4 中 ADCQGA-PPC 模型计算得出的  $a^*$  可以看出:玉米单株产量对整体评价结果的影响最大,其次是株高、根干质量、百粒质量、秃尖、WUE。这与调亏灌溉注重作物产量、改善作物品质、提高水分利用效率、促进作物生

殖生长、减低营养器官的生长冗余等思想相符合,具有实际意义。

不同调亏灌溉方案优劣顺序为:  $KZZ>ZKZ>ZZZ>KZK>KKZ>ZZK>ZKK>KKK$ 。

在单生育阶段亏水处理中,  $KZZ > ZKZ > ZZK$ ,表明不同生育阶段的水分胁迫对调亏灌溉方案的优劣存在明显差异,抽雄期水分亏缺对玉米综合指标影响较大,这与抽雄期是玉米需水临界期、对水分亏缺比较敏感相符合;拔节期是玉米营养生长的旺盛时期,对水分亏缺较为敏感,但敏感性低于抽雄期;而苗期水分亏缺对玉米综合指标影响较小,苗期亏水比拔节亏水、抽雄亏水的产量分别提高了 7.1%和 13.2%,水分利用效率分别提高了 6.8%和 8.3%;水分胁迫对玉米影响程度由大到小依次为抽雄、拔节、苗期。

在两个生育阶段亏水处理中,  $KZK > KKZ > ZKK$ ,连续两个生育阶段水分亏缺对玉米综合指标影响大于不相邻的两个生育阶段水分亏缺,表明生育阶段连续水分胁迫在玉米复水后产生的补偿效应小,对玉米健康生长造成的影响大;拔节、抽雄连续亏水的玉米生理指标和产量低于苗期、拔节连续亏水,表明在生育阶段连续水分亏缺时,包含玉米水分敏感期时产生的影响更大。

根据各调亏灌溉处理综合评价的投影值可以得出苗期中度调亏方案  $KZZ$  明显优于 3 个生育期均正常灌溉方案  $ZZZ$ ,以及其它单生育阶段调亏或者连续生育阶段调亏的灌溉方案。 $KZZ$  方案与  $ZZZ$  方案比较可知,苗期调亏灌溉的产量提高了 6.4%、水分利用效率提高了 10.8%、株高减小、根干质量增加; $ZKZ$  方案与  $ZZZ$  方案比较可知,虽然拔节期调亏灌溉的产量减少了 1.0%、但是水分利用效率提高了 4.0%、株高减小、根干质量和百粒质量增加;说明水分亏缺并不总是降低产量,调亏灌溉适合应用于玉米生长早期阶段,影响作物的生理、生化和产量形成过程,对作物进行适当的干旱锻炼,使根系深扎,以便协调作物地上与地下部分的关系,增加根的吸收能力和合成能力,起到了增产和提高水分利用效率的作用。

## 3 结 论

1) 本文提出了一种基于改进的加速双链量子遗传算法的投影寻踪模型 (ADCQGA-PPC),该模型从指标数据特征出发,最大程度地避免人为因素的干扰,通过优化、压缩量子染色体的搜索空间可避免后续 ADCQGA-PPC 模型仍在整个解空间中重复搜索,保证了量子种群的多样性,使种群加速逼近全局最优解。ADCQGA-PPC 模型计算得出的最优函数值、平均函数值分别为 0.5643、0.5594,明显大于双链量子遗传算法的投影寻踪模型 (DCQGA-PPC) 计算得出的最优函数值 0.5159、平均函数值 0.4812;ADCQGA-PPC 模型的平均计算时间为 4.6855 s,显著小于 DCQGA-PPC 模型的平均计算时间 5.9667 s,说明 ADCQGA-PPC 模型在质量和效率方面的优化性能明显地优于 DCQGA-PPC 模型。

2) ADCQGA-PPC 模型在调亏灌溉方案评价中的应

用, 不仅得出各调亏灌溉方案的优劣顺序, 而且各指标的最佳投影方向反映出各指标对整体评价的贡献率大小, 该模型能客观、准确、有效地对调亏灌溉方案进行综合评价。评价结果表明: 调亏灌溉适合应用于玉米早期单生育阶段, 不适合应用于玉米多生育阶段, 苗期水分亏缺程度为田间持水量 50%~60% 的处理 KZZ 为本次试验 8 种处理中最佳调亏灌溉方案, 比正常灌溉处理 ZZZ 产量提高了 6.4%、水分利用效率提高了 10.8%。

#### [参 考 文 献]

- [1] 刘小刚, 张富仓, 杨启良, 等. 调亏灌溉与氮营养对玉米根区土壤水氮有效性的影响[J]. 农业工程学报, 2010, 26(2): 135—140. (in Chinese with English abstract)  
Liu Xiaogang, Zhang Fucang, Yang Qiliang, et al. Effects of regulated deficit irrigation and nitrogen nutrition on validity of water and nitrogen in maize rootzone soil[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2010, 26(2): 135—140. (in Chinese with English abstract)
- [2] 段爱旺, 黄修桥, 倪文进, 等. 中国粮食安全与农业高农用水研究[M]. 郑州: 黄河水利出版社, 2009: 242—246.
- [3] 杨晓华, 杨志峰, 沈珍瑶, 等. 水资源可再生能力评价的遗传投影寻踪方法[J]. 水科学进展, 2004, 15(1): 73—74.  
Yang Xiaohua, Yang Zhifeng, Shen Zhenyao, et al. Genetic projection pursuit method for evaluating water resources reproducible ability[J]. Advances In Water Science, 2004, 15(1): 73—74. (in Chinese with English abstract)
- [4] 原君静, 李洪文. 基于投影寻踪技术的保护性耕作效益评价[J]. 农业工程学报, 2010, 26(4): 175—176.  
Yuan Junjing, Li Hongwen. Benefit evaluation of conservation tillage based on projection pursuit[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2010, 26(4): 175—176. (in Chinese with English abstract)
- [5] 封志明, 郑海霞, 刘宝勤. 基于遗传投影寻踪模型的农业水资源利用效率综合评价[J]. 农业工程学报, 2005, 21(3): 66—68. (in Chinese with English abstract)  
Feng Zhiming, Zheng Haixia, Liu Baoqin. Comprehensive evaluation of agricultural water use efficiency based on genetic projection pursuit model[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2005, 21(3): 66—68. (in Chinese with English abstract)
- [6] 李士勇, 李盼池. 量子计算与量子优化算法[M]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学出版社, 2009: 69—84.
- [7] Feynman R P. Simulating physics with computers[J]. International Journal of Theoretical Physics, 1982, 21(6/7): 467—488.
- [8] Shor P W. Algorithms for quantum computation: Discrete logarithms and factoring[C]//Proc of the 35<sup>th</sup> Annual Symp on Foundations of Computer Science. New York, USA: IEEE Computer Society Press, 1994: 124—134.
- [9] Grover L K. A fast quantum mechanical algorithm for database search[C]// Proc of the 28<sup>th</sup> Annual ACM Symp on Theory of Computation, New York, USA: 1996: 212—215.
- [10] Han K H, Kim J H. Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinational optimization[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computing, 2002, 6(6): 580—593.
- [11] 李欣, 程春田, 曾筠. 基于改进量子遗传算法的过程神经网络训练[J]. 控制与决策, 2009, 24(3): 347—349.  
Li Xin, Cheng Chuntian, Zeng Yun. Training of process neural networks based on improved quantum genetic algorithm[J]. Control and Decision, 2009, 24(3): 347—349. (in Chinese with English abstract)
- [12] 高颖慧, 沈振. 角度编码染色体量子遗传算法[J]. 计算机工程与科学, 2009, 31(3): 75—76.  
Gao Yinghui, Shen Zhenkang. An angle-coding chromosome quantum genetic algorithm[J]. Computer Engineering and Science, 2009, 31(3): 75—76. (in Chinese with English abstract)
- [13] 杨俊安, 庄镇泉, 史亮. 多宇宙并行量子遗传算法[J]. 电子学报, 2004, 32(6): 923—927.
- [14] Yang Junan, Zhuang Zhenquan, Shi Liang. Multi-universe parallel quantum genetic algorithm[J]. Acta Electronica Sinica, 2004, 32(6): 923—927. (in Chinese with English abstract)
- [15] 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): 476—479.  
Zhang Gexiang, Li Na, Jin Weidong, et al. A novel quantum genetic algorithm and its application[J]. Acta Electronica Sinica, 2004, 32(3): 476—479. (in Chinese with English abstract)
- [16] 李映, 张艳宁, 赵荣椿, 等. 免疫量子进化算法[J]. 西北工业大学学报, 2005, 23(4): 543—547.  
Li Ying, Zhang Yanning, Zhao Rongchun, et al. Quantum-inspired evolutionary algorithm based on immunity[J]. Journal of Northwestern Polytechnical University, 2005, 23(4): 543—547. (in Chinese with English abstract)
- [17] 孙梦娴, 陈小平. 矢量矩浓度的免疫算法在函数优化中的应用[J]. 苏州大学学报, 2010, 30(3): 56—57.  
Sun Mengxian, Chen Xiaoping. A immune algorithm based on the vector distance applied to function optimization[J]. Journal of Suzhou University Engineering Science Edition, 2010, 30(3): 56—57. (in Chinese with English abstract)
- [18] 段玉波, 任伟建, 霍凤财, 等. 一种新的免疫遗传算法及其应用[J]. 控制与决策, 2005, 20(10): 1185—1186.  
Duan Yubo, Ren Weijian, Huo Fengcai. A kind of new immune genetic algorithm and its application[J]. Control and Decision, 2005, 20(10): 1185—1186. (in Chinese with English abstract)
- [19] 葛红, 毛宗源. 免疫算法的实现[J]. 计算机工程, 2003, 29(5): 62—63.  
Ge Hong, Mao Zongyuan. Realization of immune algorithm[J]. Computer Engineering, 2003, 29(5): 62—63. (in Chinese with English abstract)

## Comprehensive evaluation of regulated deficit irrigation using projection pursuit model based on improved double chains quantum genetic algorithm

Wang Bai<sup>1,2</sup>, Zhang Zhongxue<sup>1\*</sup>, Li Fanghua<sup>2</sup>, Sun Yanling<sup>2</sup>, Ding Hong<sup>2</sup>

(1. College of Water Conservancy and Architecture, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; 2. Heilongjiang Water Conservancy Institute, Harbin 150080, China)

**Abstract:** Due to the incompatibility of irrigation results for single evaluation index and difficulty in evaluating the comprehensive benefit objectively during the process of optimization choice of irrigation schemes, the project pursuit model based on improved double chains quantum genetic algorithm was proposed and applied to the comprehensive evaluation of regulated deficit irrigation. Double chains quantum genetic algorithm was introduced to optimize the projection index function and seek the optimum projection vector, and it was improved by selecting out quantum chromosomes in the search space through the vector distance concentration, gradually optimizing and compressing the search space during the process of evolution. The improved projection pursuit model was applied to comprehensively evaluate deficit irrigation schemes for maize. The results showed that maintaining the level of water deficit 50%-60% of the field capacity at the seedling stage of maize was the best irrigation scheme. Compared with the normal irrigation treatment, the yield was increased by 6.4% and the water use efficiency was increased by 10.8%. Both the global search capability and optimization efficiency of the improved projection pursuit model were significantly improved.

**Key words:** irrigation, model, algorithm, real coding, quantum genetic algorithm, projection pursuit, regulated deficit irrigation