

基于多链拓展编码方案的量子遗传算法*

王之腾, 张宏军, 张睿, 邢英, 何健

(解放军理工大学, 南京 210007)

摘要: 为了提高量子遗传算法的性能,提出了一种基于多链拓展编码方案的量子遗传算法。根据编码方案,将每个量子位分解为多个并列的基因,有效地拓展了搜索空间;结合编码方案提出量子更新策略,并引入了动态调整旋转角机制对个体进行更新,使用量子非门变异策略实现量子变异。仿真实验中,分析了使用不同变异概率 $[0, 0.1, \dots, 0.9, 1]$ 时对算法性能的影响,对比了分别使用普通量子遗传算法、双链编码方案、三链编码方案以及四链编码方案的量子遗传算法在优化函数极值问题时算法的性能。实验结果证明,通过增加基因链可以显著提高算法的性能,多链拓展编码方案可以提高量子遗传算法的性能,是有效的。

关键词: 多链拓展编码; 量子遗传算法; 基因链; 量子旋转门; 量子非门

中图分类号: TP183 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-3695(2012)06-2061-04

doi:10.3969/j.issn.1001-3695.2012.06.014

Quantum genetic algorithm based on multi-chain coding scheme

WANG Zhi-teng, ZHANG Hong-jun, ZHANG Rui, XING Ying, HE Jian

(PLA University Science & Technology, Nanjing 210007, China)

Abstract: In order to improve the efficiency of the quantum genetic algorithm, this paper proposed a quantum genetic algorithm based on an expanded multi-chain coding scheme. The algorithm took qubit as chromosome. Each chromosome generated multiple and parallel gene chains which were mapping to multiple optimized solutions by separating qubit into multiple and parallel genes. The expanded genes chains expanded the searching space effectively and increased evolutionary rate for quantum genetic algorithm. It introduced the dynamic adjusting rotation angle mechanism to quantum rotation gate to guide individual evolution and used quantum not-gate to prevent algorithm occurring premature convergence. The method further improved searching efficiency. In the simulation experiment, analysed the influence for the algorithm with different variation probability ($[0, 0.1, \dots, 0.9, 1]$) and used different code schemes to optimize extremal function. The simulation experiment result shows that it can obviously improve the efficiency of quantum genetic algorithm by adding gene chain, and the quantum genetic algorithm based on an expanded multi-chain coding scheme is efficient.

Key words: expansion of multi-chain coding; quantum genetic algorithm; gene chain; quantum rotation gate; quantum not-gate

0 引言

量子计算是信息科学与量子力学相结合的新兴交叉学科。目前,量子计算与遗传算法的融合已呈现出众多模式。李士勇等人^[1]提出了双链量子遗传算法,将量子染色体中两条概率幅链看成描述最优解的基因链,形成了双基因链。Li等人^[2]提出了基于量子染色体三链编码方案的量子进化算法,将量子位的三个 Bloch 球面坐标均视为基因位,使每条染色体具有三条基因链。仿真实验都证明了基因链的增加显著地提高了算法的搜索空间,加快了量子遗传算法的进化速度。能否进一步增加基因链,如采取四链编码使每条染色体有四条基因链,增加基因链会对算法性能产生怎样的影响?为了解决这些问题,进一步研究基因链的多链拓展编码方案很有意义。本文根据量子位的性质,结合双链编码方案及三链编码方案特点,提出了多链拓展编码方案,按照一定规律将每个量子位描述成多个并列基因从而形成多条基因链,通

过仿真实验,探讨了增加基因链对算法性能的影响。

1 多链拓展编码方案量子遗传算法的原理阐述

1.1 多链拓展编码方案的推导

在量子计算中,最小的信息单位用量子比特表示,其状态可表示为

$$|\varphi\rangle = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle \quad (1)$$

其中: α 和 β 满足下列归一化条件:

$$|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1 \quad (2)$$

把满足式(1)(2)的一对复数 α 和 β 称为一个量子比特的概率幅,量子比特也可以用概率幅表示为 $[\alpha, \beta]^T$ 。根据概率幅性质,一个量子比特 $|\varphi\rangle$ 可以用图1中的方式来表示。显而易见的是 $\alpha = \cos \theta, \beta = \sin \theta$,因此,量子比特可以表示为

$$[\cos \theta, \sin \theta]^T \quad (3)$$

以式(3)为编码方案可得^[3]

$$P_i = \begin{vmatrix} \cos \theta_{i1} & \cos \theta_{i2} & \dots & \cos \theta_{ij} \\ \sin \theta_{i1} & \sin \theta_{i2} & \dots & \sin \theta_{ij} \end{vmatrix} \quad (4)$$

收稿日期: 2011-11-06; 修回日期: 2011-12-08 基金项目: 国家自然科学基金资助项目(70791137)

作者简介: 王之腾(1982-),男,黑龙江依兰人,博士研究生,主要研究方向为作战模拟与仿真、量子优化(wangzhiteng168@163.com);张宏军(1963-),男,教授,博导,主要研究方向为军事运筹、系统分析。

其中: $\theta_{ij} = 2\pi \times \text{rand}$, rand 为 $[0, 1]$ 的随机数; $i = 1, 2, 3, \dots, m; j = 1, 2, \dots, n; m$ 是种群规模; n 是量子位数。

图 2 为量子比特概率幅分解示意图。

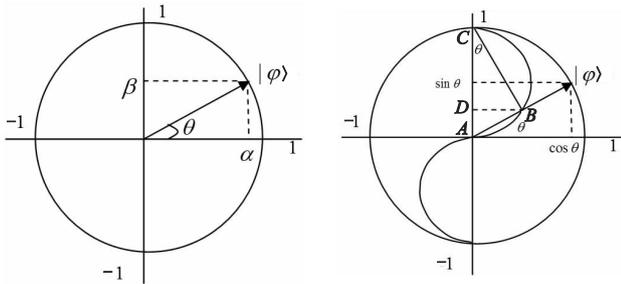


图1 量子比特概率幅示意图 图2 量子比特概率幅分解示意图

由图 2 可知,以 AC 为直径作一个半圆,则会与 $|\varphi\rangle$ 相交于点 B ,由圆的性质可得 $\angle ABC$ 为直角,所以 $\angle ACB$ 的大小为 θ ,那么 BC 的长度就为 $\cos \theta$ 。 BD 为直角三角形 ABC 的由 B 到 AC 边作的垂线,因此,在直角三角形 CDB 中可得

$$\begin{cases} BD = \cos \theta \times \sin \theta \\ CD = \cos \theta \times \cos \theta \end{cases} \quad (5)$$

可以看出,直角三角形的斜边 BC ($BC = \cos \theta$) 可以用 BD 和 CD 方向的两个分量式(4)来表示。

同理,可得

$$\begin{cases} AD = \sin \theta \times \sin \theta \\ BD = \sin \theta \times \cos \theta \end{cases} \quad (6)$$

因此,结合式(3)(6),量子比特也可以表示为

$$[\cos \theta \times \sin \theta, \sin \theta \times \sin \theta, \cos \theta]^T \quad (7)$$

式(7)是把式(3)中的 $\sin \theta$ 分解为两个变量,所以也满足式(2)的条件;但这是从二维空间的角度描述其特性,只有一个角度变量 θ 不利于更加客观、全面、生动地描述其量子的动态行为,根据式(4)(5)的特点可以把斜边的描述分量用一个配角 φ ($0 < \varphi < \pi$) 代替,将式(7)转换成

$$[\cos \varphi \times \sin \theta, \sin \varphi \times \sin \theta, \cos \theta]^T \quad (8)$$

相当于把式(1)中的 $\sin \theta$ 赋予了配角变量形成式(8)的量子比特表示形式,即二维空间转换到三维空间,就形成了两个角变量的三维空间的三链基因编码方案:

$$p_i = \begin{bmatrix} \cos \varphi_{i1} \sin \theta_{i1} & \dots & \cos \varphi_{in} \sin \theta_{ij} \\ \sin \varphi_{i1} \sin \theta_{i1} & \dots & \sin \varphi_{in} \sin \theta_{ij} \\ \cos \theta_{i1} & \dots & \cos \theta_{ij} \end{bmatrix} \quad (9)$$

同理,可以再次增加配角 β 来拓展 $\sin \varphi \sin \theta$,形成四维空间的四链基因编码方案:

$$p_i = \begin{bmatrix} \cos \beta_{i1} \sin \varphi_{i1} \sin \theta_{i1} & \dots & \cos \beta_{ij} \sin \varphi_{ij} \sin \theta_{ij} \\ \sin \beta_{i1} \sin \varphi_{i1} \sin \theta_{i1} & \dots & \sin \beta_{ij} \sin \varphi_{ij} \sin \theta_{ij} \\ \cos \varphi_{i1} \sin \theta_{i1} & \dots & \cos \varphi_{ij} \sin \theta_{ij} \\ \cos \theta_{i1} & \dots & \cos \theta_{ij} \end{bmatrix} \quad (10)$$

按照这样的模式不断地增加配角,可以推导出 $N + 1$ 维空间的 $N + 1$ 链基因编码方案 (N 为多链编码中角度变量的个数):

$$|\varphi\rangle = \begin{bmatrix} \sin \theta_1 \\ \cos \theta_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \sin \theta_2 \sin \theta_1 \\ \cos \theta_2 \sin \theta_1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \sin \theta_3 \sin \theta_2 \sin \theta_1 \\ \cos \theta_3 \sin \theta_2 \sin \theta_1 \end{bmatrix}$$

可以对 $\sin \theta_3 \sin \theta_2 \sin \theta_1$ 进行进一步拓展至 $N + 2$ 链:

$$\sin \theta_3 \sin \theta_2 \sin \theta_1 \begin{cases} \sin \theta_n \sin \theta_{n-1} \dots \sin \theta_2 \sin \theta_1 \\ \cos \theta_n \sin \theta_{n-1} \dots \sin \theta_2 \sin \theta_1 \end{cases}$$

由上可得出 $N + 1$ 链编码方案为

$$p_i = \begin{bmatrix} (\sin \theta_n)_{i1} (\sin \theta_{n-1})_{i1} \dots (\sin \theta_2)_{i1} (\sin \theta_1)_{i1} \\ (\cos \theta_n)_{i1} (\sin \theta_{n-1})_{i1} \dots (\sin \theta_2)_{i1} (\sin \theta_1)_{i1} \\ \dots \\ (\cos \theta_3)_{i1} (\sin \theta_2)_{i1} (\sin \theta_1)_{i1} \\ (\cos \theta_2)_{i1} (\sin \theta_1)_{i1} \\ (\cos \theta_1)_{i1} \\ \dots \\ (\sin \theta_n)_{ij} (\sin \theta_{n-1})_{ij} \dots (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_n)_{ij} (\sin \theta_{n-1})_{ij} \dots (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ \dots \\ (\cos \theta_3)_{ij} (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_1)_{ij} \end{bmatrix} \quad (11)$$

1.2 解空间变换

多链编码的量子遗传优化过程中限定在单位空间 $I^n = [-1, 1]^n$ 内,因此,需要进行单位空间与优化问题解空间之间的变换。设优化问题的第 j 个解变量 $X_j \in [a_j, b_j]$,记第 i 条染色体 p_i 上第 j 个量子位数值为 $[x_{ij}^{n+1}, x_{ij}^n, \dots, x_{ij}^2, x_{ij}^1]$ (n 为多链编码中角度变量的个数),则相应的解空间变换式为

$$\begin{aligned} X_{i1}^j &= 1/2 [b_j(1 + x_{ij}^1) + a_j(1 - x_{ij}^1)] \\ X_{i2}^j &= 1/2 [b_j(1 + x_{ij}^2) + a_j(1 - x_{ij}^2)] \\ &\dots \\ X_{in}^j &= 1/2 [b_j(1 + x_{ij}^n) + a_j(1 - x_{ij}^n)] \\ X_{i(n+1)}^j &= 1/2 [b_j(1 + x_{ij}^{n+1}) + a_j(1 - x_{ij}^{n+1})] \end{aligned} \quad (12)$$

1.3 量子染色体的更新

通过更新量子旋转门 U ,使当前种群中的每个染色体逼近当代最优染色体,在这个过程中有可能存在更优染色体,从而使种群不断得到进化(进化过程中保存好最优值,以防止退化的产生,从而确保算法能够逐步向最优解逼近)。但是需要根据不同的编码方案提供相应的量子旋转门,使量子相位转动相应的角度。

$$U = \begin{bmatrix} (\sin \theta_n)_{ij} (\sin \theta_{n-1})_{ij} \dots (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_n)_{ij} (\sin \theta_{n-1})_{ij} \dots (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ \dots \\ (\cos \theta_3)_{ij} (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_1)_{ij} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} (\sin(\theta_n + \Delta\theta_n))_{ij} (\sin(\theta_{n-1} + \Delta\theta_{n-1}))_{ij} \dots (\sin(\theta_1 + \Delta\theta_1))_{ij} \\ (\cos(\theta_n + \Delta\theta_n))_{ij} (\sin(\theta_{n-1} + \Delta\theta_{n-1}))_{ij} \dots (\sin(\theta_1 + \Delta\theta_1))_{ij} \\ \dots \\ (\cos(\theta_3 + \Delta\theta_3))_{ij} (\sin(\theta_2 + \Delta\theta_2))_{ij} (\sin(\theta_1 + \Delta\theta_1))_{ij} \\ (\cos(\theta_2 + \Delta\theta_2))_{ij} (\sin(\theta_1 + \Delta\theta_1))_{ij} \\ (\cos(\theta_1 + \Delta\theta_1))_{ij} \end{bmatrix} \quad (13)$$

通过待定系数的方法,可得出相应的量子旋转门的表达式。由于篇幅限制,这里不再赘述。

关于转角的方向和大小请参见文献[4]中关于转角方向规则。

令 $q_{0j}(x_{0j}^{n+1}, x_{0j}^n, \dots, x_{0j}^2, x_{0j}^1)$ 是当代最优染色体的第 j 个量子位数值, $q_{ij}(x_{ij}^{n+1}, x_{ij}^n, \dots, x_{ij}^2, x_{ij}^1)$ 为当代种群第 i 条染色体中第 j 个量子位数值, 记

$$S_n = \begin{vmatrix} x_{0j}^{n+1} & x_{ij}^{n+1} \\ x_{0j}^n & x_{ij}^n \end{vmatrix} \quad (14)$$

$$S_{n-1} = \begin{vmatrix} x_{0j}^{n-1} & x_{ij}^{n-1} \end{vmatrix} \quad (15)$$

a) 确定转角 $\Delta\theta_n$ 的规则: 当 $S_n \neq 0$ 时, 方向为 $\text{sgn}(\Delta\theta_n) = -\text{sgn}(S_n)$; 当 $S_n = 0$ 时, 方向取正负均可。

b) 确定转角 $\Delta\theta_{n-1}$ 的规则: 当 $S_{n-1} \neq 0$ 时, 方向为 $\text{sgn}(\Delta\theta_{n-1}) = -\text{sgn}(S_{n-1})$; 当 $S_{n-1} = 0$ 时, 方向取正负均可。

设定最大的进化代数 G , 第 t 代的第 n 个量子旋转门转角大小为 $\Delta\theta_n = \Delta\theta \times (1.01 - t/G)$ (注: $\Delta\theta$ 为最大旋转角), 确保随着代数的增加转角逐渐减小, 以更精确的角度向最优解附近旋转。

1.4 量子染色体的变异

通过量子非门 V 实现量子比特相位的旋转, 设某一量子位幅角为 θ_n , 通过量子非门作用后, 幅角变为 $\pi/2 - \theta_n$ 。

$$V \begin{bmatrix} (\sin \theta_n)_{ij} (\sin \theta_{n-1})_{ij} \cdots (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_n)_{ij} (\sin \theta_{n-1})_{ij} \cdots (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ \cdots \\ (\cos \theta_3)_{ij} (\sin \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_2)_{ij} (\sin \theta_1)_{ij} \\ (\cos \theta_1)_{ij} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sin(\pi/2 - \theta_n)_{ij} \sin(\pi/2 - \theta_{n-1})_{ij} \cdots \sin(\pi/2 - \theta_2)_{ij} \sin(\pi/2 - \theta_1)_{ij} \\ \cos(\pi/2 - \theta_n)_{ij} \sin(\pi/2 - \theta_{n-1})_{ij} \cdots \sin(\pi/2 - \theta_2)_{ij} \sin(\pi/2 - \theta_1)_{ij} \\ \cdots \\ \cos(\pi/2 - \theta_3)_{ij} \sin(\pi/2 - \theta_2)_{ij} \sin(\pi/2 - \theta_1)_{ij} \\ \cos(\pi/2 - \theta_2)_{ij} \sin(\pi/2 - \theta_1)_{ij} \\ \cos(\pi/2 - \theta_1)_{ij} \end{bmatrix} \quad (16)$$

通过待定系数法, 可以确定 V 的具体形式, 通过量子非门作用, 使量子相位大幅旋转, 可以增加种群的多样性, 防止出现局部收敛, 避免进化过程中的早熟现象。

2 算法描述

多链量子遗传算法的主要实现步骤描述如下:

a) 初始化种群。令当前代数 $t = 1$, 按照式(11)随机地生成 m 个初始个体组成一个种群 $Q(t) = \{q_1^t, q_2^t, \dots, q_m^t\}$ 。

b) 解空间变换。将每条染色体的多个近似解由单位空间 $I^n = [-1, 1]^n$ 映射到优化问题的解空间 Ω , 得到解集 $X(t)$ 。

c) 计算适应度。通过 $X(t)$ 计算的适应度, 根据最优适应度得到当代最优解 $\text{best}X$ 和当代最优染色体 $\text{best}C$; 并将 $\text{best}X$ 作为全局最优解 GX , 将 $\text{best}C$ 作为全局最优染色体 GC 。

d) 种群更新。进行迭代循环, $t = t + 1$, 结合 GC 采取量子旋转门的旋转策略对种群进行更新, 再通过量子非门对种群进行变异得到新种群 $Q(t)$ 。

e) 再次进行解空间变换。同步步骤 b), 将 $Q(t)$ 进行解空间

变换, 得到优化问题的解 $X(t)$ 。

f) 再次计算适应度。同步步骤 c), 获取当代最优解 $\text{best}X$ 和最优染色体 $\text{best}C$ 。将当代最优染色体得到的适应度和全局最优染色体得到的适应度进行比较, 如果 $\text{fit}(\text{best}X) < \text{fit}(GX)$, 更新当代最优解 $\text{best}X = GX$, 同时更新当代最优的染色体 $\text{best}C = GC$, 以防止种群退化; 否则, $GX = \text{best}X$, $GC = \text{best}C$ 。通过以上约束确保算法向最优值收敛。

g) 结束条件判断。如果未满足结束条件, 返回步骤 d); 否则程序结束。

3 仿真实验与机理分析

为了检验多链编码量子遗传算法的优化性能, 通过解决优化典型函数 Goldstein-Price 和 Shubert 的极值问题进行仿真。

1) Goldstein-Price 函数

$$f(x, y) = [1 + (x + y + 1)^2 (19 - 14 + 3x^2 - 14y + 6xy + 3y^2)] \times [30 + (2x - 3y)^2 (18 - 32x + 12x^2 + 48y - 36xy + 27y^2)] \quad (17)$$

其中: $|x| \leq 2, |y| \leq 2$ 。该函数有四个极小值点: $(1.2, 0.8)$ 、 $(1.2, 0.2)$ 、 $(-0.6, -0.4)$ 、 $(0, -1)$, 全局极小值为 $(0, -1)$, 全局极小值为 3。当优化结果小于 3.005 时, 可认为算法收敛。函数图像如图 3 所示。

2) Shubert 函数

$$f(x, y) = 10 \cos(2\pi x) + 10 \sin(2\pi y) - x^2 - y^2 - 10 \quad (18)$$

式中 $x, y \in (-5.12, 5.12)$, 它是一个典型的多峰函数, 有很多的局部极值点, 其中最大的极值点为 $(0, 0)$, 对应的全局极大值为 10。当函数达到 9.995 时, 可认为算法收敛。函数图像如图 4 所示。

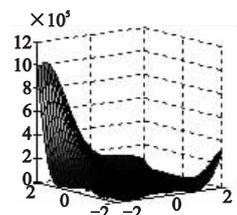


图3 Goldstein-Price函数图像

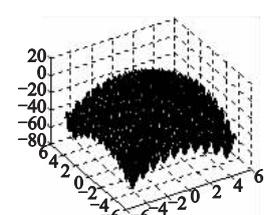


图4 Shubert函数图像

$\Delta\theta$ 的大小需要结合不同的问题进行确定, 过小或过大都会影响算法的优化效率, 这里参照文献[4]中提供的转角范围: $0.005\pi < \Delta\theta < 0.05\pi$, $\Delta\theta$ 在这个范围内选取时算法优化效果好, 波动范围稳定。因此, 这里主要研究旋转角 $\Delta\theta$ 与变异概率之间的关系对算法效率的影响。使用基于四链编码方案的量子遗传算法时, 选取 20 条染色体, 最大优化代数为 100, 转角 $\Delta\theta$ 与变异概率 P_m 分别取值如下:

$$\Delta\theta = \{0.005\pi, 0.01\pi, 0.015\pi, 0.02\pi, 0.025\pi, 0.03\pi,$$

$$0.035\pi, 0.04\pi, 0.045\pi, 0.05\pi\}$$

$$P_m = \{0, 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9, 1\}$$

为了正确地找到变异概率与函数优化性能之间的关系, 避免随机因素的影响, 采取了每个概率在不同的旋转角度之下分别进行 10 次计算, 最终求取的平均值作为此变异概率下的优化结果, 得出优化结果如图 5、6 所示。表 1 为变异概率对函数极值问题的影响。

分别使用普通量子遗传算法 (common quantum genetic algorithm, CQGA)、基于双链编码方案的量子遗传算法 (double chain quantum genetic algorithm, DCQGA)、基于三链编码方案的

量子遗传算法 (three chains quantum genetic algorithm, TCQGA)、基于四链编码方案的量子遗传算法 (four chains quantum genetic algorithm, FCQGA) 优化 Goldstein-Price 和 Shubert 函数的极值,最大旋转角为 $\Delta\theta = 0.04\pi$,变异概率为 0.4,染色体为 20 条,进行 10 次仿真实验,其优化结果的对比如表 2 和图 7、8 所示。

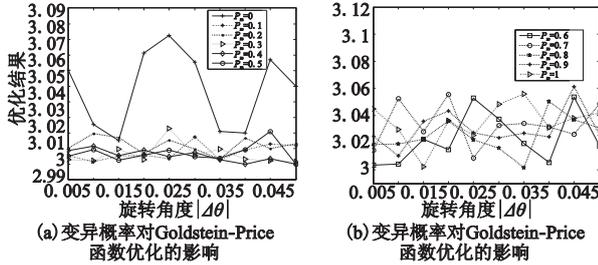


图5 变异概率对函数极值问题的影响

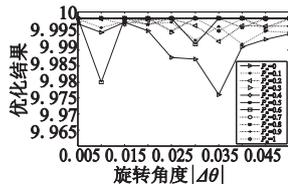


图6 变异概率对Shubert函数优化的影响

表 1 变异概率对函数极值问题的影响

结果	Goldstein-Price	Shubert
较优结果时变异概率	0.1,0.2,0.3,0.4,0.5	0.2,0.3,0.4,0.5,0.7
较差结果时变异概率	0,0.6,0.8,0.9,1	0,0.1,0.6,0.8,0.9
取得稳定结果变异概率	0.2,0.3,0.4	0.4,0.5,0.7

表 2 函数极值问题优化结果对比

算法	Goldstein-Price 函数					Shubert 函数				
	最优结果	最差结果	平均结果	收敛次数	平均时间/s	最优结果	最差结果	平均结果	收敛次数	平均时间/s
CQGA	3.1312	3.2852	3.2142	0	5.0205	9.9828	9.8937	9.9270	0	4.8763
DCQGA	3.0047	3.1360	3.0418	4	1.3126	9.9980	9.9378	9.9739	1	0.7487
TCQGA	3.0070	3.0152	3.0070	10	2.2693	9.9997	9.9643	9.9916	6	1.0335
FCQGA	3.0000	3.0059	3.0016	10	2.4042	10	10	10	10	1.1191

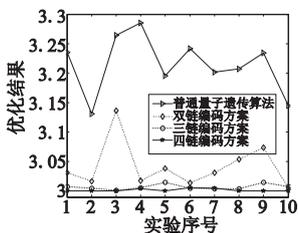


图7 Goldstein-Price函数优化结果

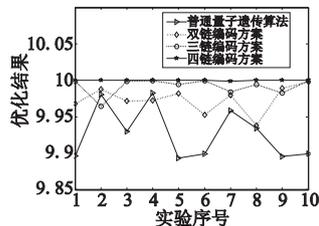


图8 Shubert函数优化结果

通过对运行时间和优化结果的对比可以看出,双链编码量子遗传算法的效率要高于普通量子遗传算法,是因为每条染色体较普通量子遗传算法多了一条基因链,使搜索空间增加了一倍。由于普通量子遗传算法采用二进制编码方式,需进行频繁的二进制解码、编码,增加了计算时间。同理,通过增加基因链,基于三链编码的量子遗传算法较双链编码量子遗传算法优化的平均结果更好,而四链编码优于三链编码,四链编码的平均结果达到算法的最优值,但是计算时间要少量地增加。通过分析结果可以看出,通过增加基因链可以有效改进算法效能,使算法逐渐逼近最优值,能有效改进量子遗传算法的性能。

4 结束语

本文提出了一种基于多链拓展编码方案的量子进化算法,提供了一种拓展基因链的编码方案,研究了增加基因链对量子遗传算法性能的影响,以及多链拓展编码方案中变异概率与旋转角的关系。通过仿真实验,使用不同的基因链编码方案解决优化函数极值问题,发现随着基因链数的增加,优化效果不断地得到提高,说明根据多链拓展方案拓展基因链可以提高量子遗传算法的效能,该方案是有效的。同时,仿真实验通过研究变异概率与旋转角的关系,确定了变异概率的选择范围,为正确使用变异概率、避免算法早熟提供了依据。下一步还需研究的是不同基因链的旋转角关系对提高算法性能的影响,通过找到使得算法性能最优时旋转角之间的关系来确定旋转角的角速度,以进一步提高量子遗传算法性能。

参考文献:

- [1] 李士勇,李盼池. 基于实数编码和目标函数梯度的量子遗传算法[J]. 哈尔滨工业大学学报, 2006,38(8):1216-1218, 1223.
- [2] LI Pan-chi, 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.
- [3] 许少华, 许辰, 郝兴, 等. 一种改进的双链量子遗传算法及其在应用[J]. 计算机应用研究, 2010, 27(6): 2090-2092.
- [4] 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.
- [5] NICOLAU A D S, SCHIRRU R, De MOURA M A A. Quantum evolutionary algorithm applied to transient identification of a nuclear power plant[J]. Progress in Nuclear Energy, 2011, 53(1): 86-91.
- [6] NETO J X V, De ANDRADE B D L, COELHO L D S. Improved quantum-inspired evolutionary algorithm with diversity information applied to economic dispatch problem with prohibited operating zones [J]. Energy Conversion and Management, 2011, 52(1): 8-14.
- [7] XIAO Jian-hua, XU Jin, CHEN Zhi-hua, et al. A hybrid quantum chaotic swarm evolutionary algorithm for DNA encoding[J]. Computers and Mathematics with Applications, 2009, 57(11-12): 1949-1958.
- [8] GU Jin-wei, GU Man-zhan, CAO Cui-wen, et al. A novel competitive co-evolutionary quantum genetic algorithm for stochastic job shop scheduling problem [J]. Computers & Operations Research, 2010, 37(5): 927-937.
- [9] ARPAIA P, MAISTO D, MANNA C. A quantum-inspired evolutionary algorithm with a competitive variation operator for multiple-fault diagnosis[J]. Applied Soft Computing, 2011, 11(8): 4655-4666.
- [10] GRIGORENKO I, GARCIA M E. An evolutionary algorithm to calculate the ground state of a quantum system[J]. Physica A: Statistical Mechanics and its Applications, 2000, 284(1): 131-139.
- [11] DEUTSCH D. Quantum theory, the church-turing principle and the universal quantum computer[J]. Proceeding of Royal Society of London Series A: Machemational and Physical Sciences, 1985, 400(1818): 97-117.
- [12] HAN K H, KIM J H. Quantum-inspired evolutionary algorithm for aclass of combinatorial optimization[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2002, 6(6): 580-593.