

文章编号: 1001-0920(2007)07-0749-06

## 基于免疫原理的量子进化算法及收敛性研究

游晓明<sup>1,2</sup>, 帅典勋<sup>1</sup>, 刘升<sup>1,2</sup>

(1. 上海工程技术大学 电子电气工程学院, 上海 200065; 2. 华东理工大学 计算机科学与技术系, 上海 200237)

**摘要:** 分析量子进化算法的特点及免疫进化的机理, 提出一种基于免疫算子的量子进化算法. 该算法通过免疫克隆选择、免疫细胞交叉变异、记忆细胞产生、抗体相似性抑制等进化机制, 可以最终找出最优解, 比传统的量子进化算法具有更好的种群多样性, 更快的收敛速度和全局寻优能力. 不仅从理论上证明了所提出算法的收敛性, 而且通过仿真实验表明了该算法的优越性.

**关键词:** 量子进化算法; 免疫算子; 亲和力成熟; 交叉变异; 马尔可夫链

**中图分类号:** TP301.6 **文献标识码:** A

## Research on quantum evolutionary algorithm based on immune theory and its convergence

YOU Xiaoming<sup>1,2</sup>, SHUAI Dianxun<sup>1</sup>, LIU Sheng<sup>1,2</sup>

(1. College of Electronic and Electrical Engineering, Shanghai University of Engineering Science, Shanghai 200065, China; 2. Department of Computer Science and Technology, East China University of Science and Technology, Shanghai 200237, China. Correspondent: YOU Xiaoming, E-mail: yxm6301@163.com)

**Abstract:** A quantum evolutionary algorithm based on immune operator is proposed. Optimal solution is obtained by the mechanism in which antibodies are clonally selected, immune cells accomplish cross-mutation, memory cells are produced and similar antibodies are suppressed. It not only maintains better population diversity than the classical quantum evolutionary algorithm, but also converges to the global optimal solution rapidly. Simulation experiments show the convergence and the superiority of the MQEA.

**Key words:** Quantum evolutionary algorithm; Immune operator; Affinity maturation; Cross-mutation; Markov chain

### 1 引言

进化计算是一类模拟生物进化过程与机制, 求解问题的自组织、自适应人工智能技术. 进化算法是模拟自然进化过程而产生的一类随机搜索技术, 已在人工智能等应用领域显示出解决复杂问题的独特能力. 近年来, 一种被称为量子计算的新型搜索方法引起了人们的广泛关注. 量子计算是信息科学与量子力学相结合的新兴交叉学科, 它以量子力学的基本原理为基础来演化解, 而量子进化算法则是量子计算与进化算法相结合的产物. 理论研究表明, 量子计算机比经典计算机的效率高得多.

本文以求解 NP 问题为例, 分析了量子进化算法的特点, 研究了免疫进化机制的特性. 结合免疫系统的动力学模型以及免疫细胞在自我进化中的克隆选择和亲和力成熟机理, 提出了一种基于免疫算子

的量子进化算法. 通过抗体的克隆选择、记忆细胞产生、免疫细胞交叉变异、抗体的促进与抑制和抗体相似性抑制等进化机制, 最终可找出最优解. 本文不仅用 Markov 随机过程理论证明了该进化算法的收敛性, 而且用仿真实验说明了该进化算法的优越性.

### 2 量子进化算法背景

经典计算机的存储单元是比特, 它只有两种状态, 或为 0, 或为 1. 而量子计算机最基本的存储单元是量子比特 (qubit)<sup>[1]</sup>, 量子比特的两个可能状态是  $|0\rangle$  和  $|1\rangle$ . 量子比特的特征是可以表示为任意叠加的态:  $\alpha|0\rangle + \beta|1\rangle$ ,  $|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1$  的任意复数, 称之为概率幅. 在测量量子比特时, 得到 0 的概率为  $|\alpha|^2$ , 得到 1 的概率为  $|\beta|^2$ . 由此可见, 如果有  $n$  位的量子比特系统, 则可同时表示  $2^n$  种状态

收稿日期: 2006-04-02; 修回日期: 2006-08-03.

基金项目: 国家自然科学基金项目 (60575040).

作者简介: 游晓明 (1963—), 女, 湖南隆回人, 副教授, 博士生, 从事人工智能、分布并行计算的研究; 帅典勋 (1941—), 男, 湖南湘潭人, 教授, 博士生导师, 从事人工智能、分布并行计算等研究.

(即  $2^n$  种基态),且量子状态由  $2^n$  个幅度所确定.因而在对量子比特计算时,一次运算相当于对  $2^n$  种状态同时操作,这就是量子并行性的由来.所以一个量子比特所包含的信息要比经典的比特多.

量子算法是相对于经典算法而言的,其本质特征是充分利用了量子态的叠加性和相干性,以及量子比特之间的纠缠性<sup>[1]</sup>,它是量子力学直接进入算法理论的产物.而量子算法与经典算法最主要的区别是它具有量子并行性,如果知道初始量子态的概率幅和状态迁移矩阵,则可以通过状态概率幅矢量和状态转移矩阵相乘来得到任何时刻的概率幅矢量.状态转移矩阵可用 Walsh-hadamard 变换、旋转相位操作等酉正变换实现.量子算法作为控制量子计算机运行的程序,显示出高效的运算能力.

量子进化算法(Quantum evolutionary algorithm, QEA)是一种基于量子计算原理<sup>[2,3]</sup>的优化方法.它以量子计算的一些概念和理论为基础,用量子位编码表示染色体,用量子门变异来实现进化搜索.由于量子计算的并行性特点,QEA 具有种群规模小而不影响算法性能,迭代次数少且收敛速度快以及全局寻优能力强的特点.

量子计算与进化算法的结合从 20 世纪 90 年代后期开始.Narayanan 将量子多宇宙理论引入遗传算法,提出了多宇宙量子衍生遗传算法<sup>[2]</sup>.Han 等提出量子衍生演化算法<sup>[3]</sup>(QEA),它首次将量子的概率幅表达引入遗传算法.后来许多研究者在算法上进行了相应改进<sup>[4-6]</sup>,并用实验结果证明其性能更加良好.但进化算法的随机性不好把握,收敛方向无法有效控制,容易陷入局部最优等问题还是不易克服.

面对进化算法的各种问题,学者们开始探索并构建新的算法模型<sup>[7]</sup>.近年来,随着免疫计算的兴起,学者们提出了许多免疫进化算法,如文献[7]提出了基于免疫记忆和免疫响应的免疫进化算法,并证明了其收敛特性.

免疫算法<sup>[8,9]</sup>是基于人工免疫的基本理论发展而来的,其核心思想是免疫算子的构造.免疫机理是由记忆细胞导致亲和度成熟,通过抗体克隆选择、记忆细胞产生、细胞交叉变异以及抗体的促进与抑制使抗体对抗原的亲和度不断增加,直至达到亲和度成熟.免疫算法不仅继承了遗传算法的遗传算子,使得免疫算法具有更强的全局搜索能力,而且增加了免疫算子,使得免疫算法有效地防止了遗传算法后期的退化现象,并加快了收敛速度.

### 3 基于免疫算子的量子进化算法

#### 3.1 免疫进化机理分析

免疫系统<sup>[8]</sup>是一个分布式、自组织和具有动态

平衡能力的自适应复杂系统.亲和度成熟和克隆选择可以解释免疫系统如何提高免疫响应的能力.

1) 促使亲和度成熟的免疫响应:高亲和度抗体的免疫有向选择和亲和度激活的免疫细胞变异的反复循环过程,导致抗体对抗原的亲和度不断增加,直至达到亲和度成熟.

2) 克隆选择的免疫记忆:免疫系统通过学习抗原来产生优秀抗体,并对有优良特性的抗体给予促进,利用克隆选择机制产生记忆细胞.

免疫响应<sup>[8]</sup>是免疫系统与外来物质(抗原)发生作用的关键环节.在该响应过程中,克隆选择、细胞交叉变异、抗体的促进与抑制等机理发挥关键作用.其作用机理简单描述如下:当抗原入侵机体时,选择亲和度较高的抗体进行克隆,进而通过亲和度激活的细胞交叉变异来导致亲和度成熟,然后免疫系统将高亲和度抗体作为记忆细胞生成,对低亲和度抗体和相似性抗体进行抑制,这种作用机制不断重复,直至清除抗原.

#### 3.2 算法描述

传统量子进化算法(QEA)的基本结构如下:

```

QEA()
{
    t = 0;
    初始 Q(0);
    由 Q(t) 生成 P(0);
    评价 P(0);
    保存 P(0) 中的最优解;
    while(not termination-condition) do
        {
            t = t + 1;
            由 U(t - 1) 更新 Q(t - 1);
            由 Q(t) 生成 P(t);
            评价 P(t);
            保存 P(t) 中的最优解;}
}

```

其中: $Q(t)$  为第  $t$  代量子染色体的群体, $P(t)$  为第  $t$  代二进制解的集合.在“初始化群体  $Q(0)$ ”中,所有的量子染色体都被初始化为相同的常数( $= 1/\sqrt{2}$ ,  $= 1/\sqrt{2}$ ),这意味着一个量子染色体以相同的概率表示了所有可能的线性叠加态.在下一步中,通过观察  $Q(0)$  的状态产生一个二进制串解的集合  $P(0)$ ,其中每一位为 0 或 1,则根据测量量子比特结果的出现概率( $| \psi_j |^2$  或  $| \bar{\psi}_j |^2$ ,  $j=1,2, \dots, m$ ) 选择得到,即产生  $[0,1]$  随机数  $R$ .若  $R$  大于  $| \psi_j |^2$ ,则取值为 1,否则取值为 0.接下来评价每个解,得到其亲和度值,然后在初始的二进制解集  $P(0)$  中选择最优解 best,并保存下来.

在 while 循环中,步骤“更新  $Q(t)$ ”的目的是使量子染色体通过变异产生亲和度更高的态.对量子染色体群  $Q(t)$  进行更新时,其中的量子门  $U(t)$  是通过利用当前二进制解  $P(t)$  和所保存的最优解 best 形成的.一般情况下,量子门都根据实际问题进行设计,常用的有旋转门更新,即

$$\begin{bmatrix} i^{t+1} \\ i'^{t+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(\theta) & -\sin(\theta) \\ \sin(\theta) & \cos(\theta) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} i^t \\ i'^t \end{bmatrix}$$

式中  $\theta$  为旋转角度,其取值可确定如下:

$$\theta = kf(i, i') \text{sign}(i - i')$$

其中  $k$  为一个与算法收敛速度有关的系数,一般将  $k$  定义为一个与进化代数有关的自适应调节变量,如  $k = \exp(1 - t/C)$ ,  $t$  为进化代数,  $C$  为根据优化问题复杂性而定的一个常数,通常可取为最大的进化代数;  $\text{sign}(x)$  为符号函数,若  $x > 0$ ,则  $\text{sign}(x) = 1$ ,否则  $\text{sign}(x) = -1$ ,它和  $f(i, i')$  共同决定旋转角方向.  $f(i, i')$  的构造如表 1 所示.

表 1 函数  $f(i, i')$  的查询表

$i^t$	$i'^t$	$i > i'$	$f(i, i')$
$> 0$	$> 0$	1	+1
$> 0$	$> 0$	0	-1
$> 0$	$< 0$	1	-1
$> 0$	$< 0$	0	+1
$< 0$	$> 0$	1	-1
$< 0$	$> 0$	0	+1
$< 0$	$< 0$	1	+1
$< 0$	$< 0$	0	-1

概率幅  $i$  和  $i'$  为复数,在本算法中取为实数.  $i$  和  $i'$  为当前解第  $i$  位的概率幅,  $\alpha_i$  和  $\beta_i$  为当前最优解第  $i$  位的概率幅.  $\alpha = \arctan(i/i')$ ,  $\beta = \arctan(i'/i)$ , 若  $\alpha > \beta$ , 则  $\theta = \alpha - \beta$ ; 若  $\alpha < \beta$ , 则  $\theta = \beta - \alpha$ .  $\theta$  的值确定  $(i, i')$  所在的象限,  $i/i'$  的值确定  $(i, i')$  和  $(i', i)$  所在的相对象限,如图 1 所示.

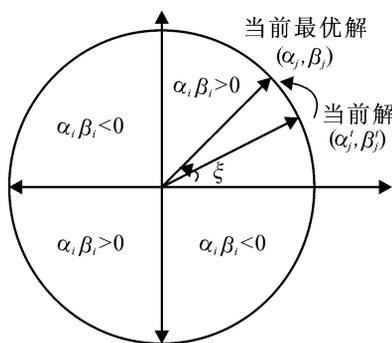


图 1 基于当前解和局部最优解的旋转角方向

在下一步中选择  $P(t)$  中的最优解,如果此解比所保存的最优解 best 好,则用它取代所保存的最优

解.循环结束后,保存下来的最优解 best 就是最后希望得到的解.

从上述量子进化算法的基本结构可以看出,量子进化算法采用量子门变异来进化种群,通过观察量子染色体的状态来生成所需要的二进制解.尽管量子门  $U(t)$  的选取是基于局部最优解的,但它依然是一个概率操作过程,具有很大的随机性.因此,个体在进化的同时,也不可避免地产生了退化的可能.

量子进化算法显然忽视了先验知识对求解问题的帮助作用.因此本文在量子进化算法原有基本结构的基础上,引入一个免疫算子对  $Q(t)$  和  $P(t)$  进行操作,并对算法进行改进,提出一种基于免疫算子的量子进化算法(MQEA),其结构可描述如下:

MQEA()

```

{
  t = 0;
  初始 Q(0);
  由 Q(0) 生成 P(0);
  评价 P(0);
  保存 P(0) 中的最优解;
  While (not termination-condition) do
  {
    t = t + 1;
    由 U(t-1) 更新 Q(t-1);
    由 Q(t) 生成 P(t);
    评价 P(t);
    保存 P(t) 中的最优解;
    对 Q(t) 和 P(t) 实施免疫算子:
    { 免疫克隆;
      交叉变异;
      抗体的促进与抑制;
      记忆抗体产生; }
  }
}

```

### 3.3 免疫算子

免疫操作算子包括免疫克隆、细胞交叉变异、抗体的促进与抑制以及记忆抗体产生.其中记忆抗体产生算子的作用在于保证免疫系统中抗体进化进程的方向性,它充分利用了局部最优解,进而生成亲和度更高的抗体.交叉变异算子属于全局搜索算子,其作用在于保持多样性的抗体群体,从而扩大搜索范围,原则上可扩大到整个搜索空间.

定义 1 细胞交叉变异操作是指在基于量子表示的细胞中的随机位置,交换  $|0\rangle$  态和  $|1\rangle$  态的概率幅,使得原先倾向于“0”的状态转变为倾向于“1”的状态,反之亦然.

例如

$$q = \left[ \begin{array}{c|c|c|c} 1 & 2 & \dots & m \\ \hline 1 & 2 & \dots & m \end{array} \right],$$

产生  $[1, n]$  的随机数  $j$ , 则

$$q = \left[ \begin{array}{c|c|c|c} 1 & 2 & \dots & j \dots \\ \hline 1 & 2 & \dots & j \dots \end{array} \right]$$

变异为

$$q' = \left[ \begin{array}{c|c|c|c} 1 & 2 & \dots & j \dots \\ \hline 1 & 2 & \dots & j \dots \end{array} \right]$$

算法中的细胞交叉变异率大小可由抗体的亲和度高低来调节, 具体分为两类, 即高亲和度抗体和低亲和度抗体, 变异率依次为  $P_l, P_h$ , 且  $P_l < P_h$ . 这样, 使得高亲和度的抗体作为记忆抗体能够在小范围内继续搜索, 以提高亲和度; 而低亲和度的抗体作为保持多样性抗体能够扩大搜索范围. 这种变异方式体现了负反馈机理, 即变异后, 若提高或降低了抗体的亲和度, 则在下一轮变异时, 亲和度将反作用于变异率. 它符合免疫进化过程中免疫细胞的亲和度成熟机理, 同时具有自适应变异的特征.

抗体的促进和抑制是指对高亲和度抗体给予奖励, 利用克隆选择机制产生记忆细胞. 当有亲和度更高的抗体产生时, 则必须替换掉低的抗体. 这与免疫模型中低亲和度抗体的消亡机理相一致. 为保持种群的多样性, 还必须对相似性抗体进行抑制, 相似性抗体是指抗体之间的亲和度之差小于给定的抑制阈值. 本文随机生成新抗体替换掉一些相似性抗体, 尽管这些抗体的亲和度比较高.

### 4 改进量子进化算法的收敛性

**定理 1** 基于免疫算子的量子进化算法 MQEA 的种群序列  $\{A(n), n \geq 0\}$  是有限齐次马尔可夫链.

证明 MQEA 是由亲和度诱导的抗体随机映射, 抗体群的状态转移情况可表示成如下随机过程:

$$A(K) \xrightarrow{\text{mutation}} A^1(K) \xrightarrow{\text{clone}} A^2(K) \xrightarrow{\text{crossmut}} A^3(K) \xrightarrow{\text{select}} A(K+1).$$

MQEA 采用量子比特染色体

$$q = \left[ \begin{array}{c|c|c|c} 1 & 2 & \dots & m \\ \hline 1 & 2 & \dots & m \end{array} \right],$$

因为  $i$  的取值是连续的, 所以理论上种群所在的状态空间是无限的. 但另一方面, 实际运算中  $i$  是有限精度的, 设  $i$  的精度为  $\epsilon$  (例如  $\epsilon$  可为  $10^{-5}$  或  $10^{-6}$ ), 则其维数为  $V = (O_h - O_l) / \epsilon$ .  $O_h$  是  $i$  取值的上限,  $O_l$  是  $i$  取值的下限, 在量子比特表示中,  $O_h = 1, O_l = -1$ , 所以  $V = 2/\epsilon$ . 假设染色体长度为  $M$ , 种群规模为  $N$ , 则种群所在的状态空间大小为  $NV^M$ , 因此种群序列是有限的.

$$A(K+1) = T(A(K)) = T_s \circ T_{cm} \circ T_c \circ T_m(A(K)).$$

其中:  $T_s, T_{cm}, T_c, T_m$  分别表示选择算子、交叉变异算子、免疫克隆算子和量子门变异算子的转移矩阵, 它们均与进化代数  $K$  无关. 因此  $A(K+1)$  仅与  $A(K)$  有关, 故  $\{A(n), n \geq 0\}$  是有限齐次马尔可夫链.

设  $S$  为状态空间, 设  $f^*$  是  $S$  中优化问题的最优解, 令  $A^* = \{A \mid \max(f(A)) = f^*, A \in S\}$ .

**定义 2**  $\{A(n), n \geq 0\}$  是种群序列, 如果对于任意的初始分布  $S_0 \in S$  均有

$$\lim_k P\{A(k) \in A^* \mid A(0) = S_0\} = 1,$$

则称算法收敛<sup>[10]</sup>.

定义 2 表明, 算法收敛是指当算法迭代到足够多的次数后, 种群中包含全局最优个体的概率几乎为 1. 这种定义即为通常所说的概率 1 收敛.

记  $P\{A(k) \in A^* \mid A(0) = S_0\}$  为  $P_k$ , 则

$$P_k = \sum_{i \in A^*} P\{A(k) = i \mid A(0) = S_0\};$$

记  $P\{A(k) = i \mid A(0) = S_0\}$  为  $P_i(k)$ , 则

$$P_k = \sum_{i \in A^*} P_i(k). \tag{1}$$

算法采用了精英保留策略 (记忆抗体产生算子), 所以转移概率  $P_{ij}(k) = P\{A(k) = j \mid A(0) = i\}$  有以下两种特殊情况:

当  $i \in A^*, j \notin A^*$  时, 有

$$P_{ij}(k) = 0; \tag{2}$$

当  $i \in A^*, j \in A^*$  时, 有

$$P_{ij}(k) = 1. \tag{3}$$

**定理 2** MQEA 是概率 1 收敛的.

证明 由式 (1)  $P_k = \sum_{i \in A^*} P_i(k)$ , 有

$$P_{k+1} = \sum_{i \in A^*} \sum_{j \in A^*} P_i(k) P_{ij}(1) + \sum_{i \in A^*} \sum_{j \notin A^*} P_i(k) P_{ij}(1).$$

由转移概率的性质, 有

$$\sum_{j \in A^*} P_{ij}(1) + \sum_{j \notin A^*} P_{ij}(1) = 1,$$

故

$$P_k = \sum_{i \in A^*} P_i(k) = \sum_{i \in A^*} P_i(k) \left( \sum_{j \in A^*} P_{ij}(1) + \sum_{j \notin A^*} P_{ij}(1) \right) = \sum_{i \in A^*} \sum_{j \in A^*} P_i(k) P_{ij}(1) + \sum_{i \in A^*} \sum_{j \notin A^*} P_i(k) P_{ij}(1).$$

由式 (2), 有  $\sum_{i \in A^*} \sum_{j \notin A^*} P_i(k) P_{ij}(1) = 0$ , 故

$$P_k = \sum_{i \in A^*} \sum_{j \in A^*} P_i(k) P_{ij}(1),$$



$$P_{k+1} = P_k + \sum_{i \in A^*} \sum_{j \in A^*} P_i(k) P_{ij}(1) > P_k,$$

所以  $1 = P_{k+1} > P_k > P_{k-1} > P_{k-2} > \dots > 0$ . 因此  $\lim_k P_k = 1$ . 由定义 2, MQEA 是概率 1 收敛的.

### 5 仿真实验

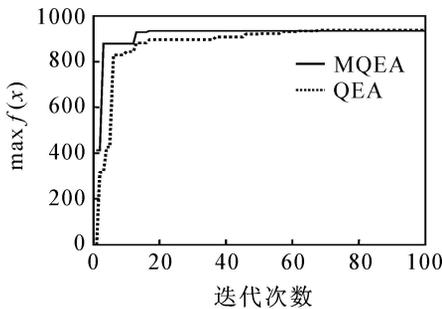
以 0/1 背包问题为例, 验证该算法的效率. 0/1 背包问题 (0/1 knapsack problem) 是一类经典的组合优化 NP 难问题. 背包问题给出一套实体及其价值和尺寸, 选择一个或多个互不相干的子集, 使每个子集的尺寸不超过给定边界, 而被选择的价值总和最大. 具体地, 给定  $m$  种资源 (如空间、容积、载量等), 各种资源的最大提供数量为  $C_i, i = 1, 2, \dots, m$ , 现将  $n$  种物资装入背包, 第  $j$  项物资占用第  $i$  种资源的数量为  $w_{ij}, j = 1, 2, \dots, n$ , 受益量为  $P_j$ , 求一个二进制的向量  $X = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ , 使总受益最大. 本质上这是一个整数规划问题, 即

$$\begin{aligned} \max f(X) &= \sum_{j=1}^n x_j \times p_j. \\ \text{s. t.} \quad &\sum_{j=1}^n x_j \times w_{ij} \leq c_i, \quad i = 1, 2, \dots, m; \\ &x_j \in \{0, 1\}, \quad j = 1, 2, \dots, n. \end{aligned}$$

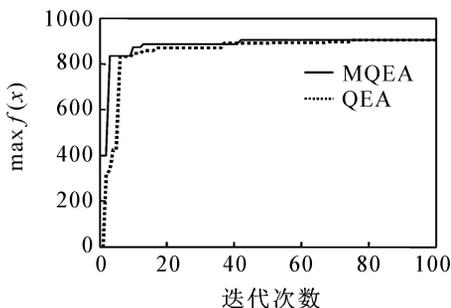
本文采用文献 [3] 中对问题参数的设定, 即

$$\begin{aligned} w_{ij} &= \text{uniformly random}[1, 10]; \\ p_j &= w_{ij} + 5; \end{aligned}$$

背包容积取  $c_i = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^n w_{ij}$ .



(a) 25 个个体迭代 100 次的结果 (运行 20 次的平均值)

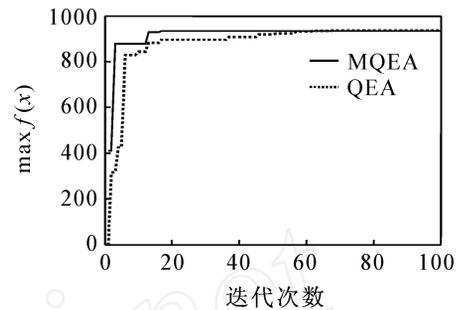


(b) 5 个个体迭代 100 次的结果 (运行 20 次的平均值)

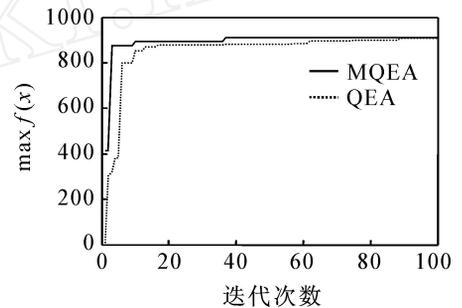
图 2 MQEA 和 QEA 算法在不同个体数下的对比实验

对 MQEA 和 QEA 算法进行对比实验, 结果如图 2 所示. 实验结果表明, 由于免疫算子的作用, MQEA 具有更好的种群多样性, 更广泛的搜索空间, 更快的收敛速度. 同时, 保留父代中的优良个体, 并让它们参与生成子代的竞争, 可有效地改善算法的性能. 给出的种群越多, 则加入记忆库的优秀个体越多, 免疫能力越强, 搜索效果越好.

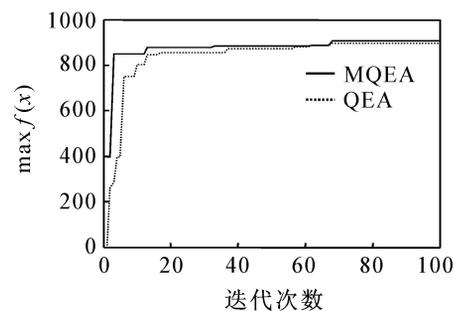
为了进一步体现免疫算子中变异率  $P_h$  和  $P_l$  对实验结果的影响, 本文选择了一组不同的参数  $P_h$  和  $P_l$  进行同一实验, 结果如图 3 所示.



(a) 25 个个体,  $P_l = 0.01, P_h = 0.1$



(b) 25 个个体,  $P_l = 0.05, P_h = 0.1$



(c) 25 个个体,  $P_l = 0.1, P_h = 0.1$

图 3 MQEA 和 QEA 算法在不同参数值下的对比实验

实验结果表明, 免疫算子中的参数选择对算法的性能也有很大的影响, 对  $P_h$  和  $P_l$  的不同选择, 会导致最终结果的差异. 高亲和度的抗体作为记忆抗体能够在小范围内继续搜索, 以提高亲和度, 因而变异率 ( $P_l$ ) 要求尽量低; 而低亲和度的抗体作为保持多样性能够扩大搜索范围, 从而变异率 ( $P_h$ ) 可以相对高. 本算法中由  $U(t)$  更新  $Q(t)$  就是变异. 此变异是基于当前解和局部最优解的, 目的是生成亲和度更高的抗体, 对抗体的生成有一定的诱导作用. 本文

还定义了抗体的交叉变异. 自适应的交叉变异的目的是增加种群的多样性, 扩大算法的搜索空间.

实验数据与问题有关, 本次实验的最好效果参数值不一定是其他问题的最优参数, 因而寻求普适的最佳参数模型是下一步努力的方向.

## 6 结 语

本文分析了进化算法的机制, 对量子进化算法进行了改进. No Free Lunch 定理表明, 没有哪一种方法能够最有效地解决所有问题, 这也是目前混合算法受到重视的一个原因. 理论分析和实验数据均表明, 本文提出的基于免疫算子的量子进化算法是有效可行的. 下一步的工作是进一步利用量子的其他优秀性能(如量子的纠缠性、相干性等), 充分挖掘量子的并行机制, 探索更高效合理的进化模型.

## 参考文献(References)

- [1] Narayanan A. An introductory tutorial to quantum computing[C]. Proc of IEEE Colloquium on Quantum Computing: Theory, Applications and Implications. London: IEEE Press, 1997, 1: 1-3.
- [2] Narayanan A, Moore M. Quantum-inspired genetic algorithm[C]. Proc of IEEE Int Conf on Evolutionary Computation. Nogyo, 1996: 61-66.
- [3] Han K H, Kim J H. Genetic quantum algorithm and its application to combinatorial optimization problems[C]. Proc of IEEE Int Conf on Evolutionary Computation. Lajolla, 2000: 1354-1360.
- [4] 李斌, 谭立湘, 邹谊. 量子概率编码遗传算法及其应用[J]. 电子与信息学报, 2005, 27(5): 805-810.  
(Li Bin, Tan Li-xiang, Zou Yi. Quantum probability coding genetic algorithm and its applications[J]. J of Electronics & Information Technology, 2005, 27(5): 805-810.)
- [5] 张葛祥, 李娜. 一种新量子遗传算法及其应用[J]. 电子学报, 2004, 32(3): 476-479.  
(Zhang Ge-xiang, Li Na. A novel quantum genetic algorithm and its application [J]. Acta Electronica Sinica, 2004, 32(3): 476-479.)
- [6] 马淑霞. 基于下降搜索的量子进化算法[J]. 西南交通大学学报, 2004, 39(3): 390-393.  
(Ma Shu-xia. Quantum evolutionary algorithm based on descending search [J]. J of Southwest Jiaotong University, 2004, 39(3): 390-393.)
- [7] 杨孔雨, 王秀峰. 自适应多模态免疫进化算法的研究与实现[J]. 控制与决策, 2005, 20(6): 717-720.  
(Yang Kong-yu, Wang Xiu-feng. Research and implement of adaptive multi-modal immune evolution algorithm[J]. Control and Decision, 2005, 20(6): 717-720.)
- [8] 王磊, 潘进, 焦李成. 免疫算法[J]. 电子学报, 2000, 28(7): 74-78.  
(Wang Lei, Pan Jin, Jiao Li-cheng. The immune algorithm[J]. Acta Electronica Sinica, 2000, 28(7): 74-78.)
- [9] 张著洪, 黄席樾. 一种新的免疫算法及其在多模态函数优化中的应用[J]. 控制理论与应用, 2004, 21(1): 17-21.  
(Zhang Zhu-hong, Huang Xi-yue. Novel immune algorithm and its application to multi-modal function optimization[J]. Control Theory and Application, 2004, 21(1): 17-21.)
- [10] 潘正君, 康立山, 陈毓屏. 演化计算[M]. 北京: 清华大学出版社, 1998.  
(Pan Zheng-jun, Kang Li-shan, Chen Yurping. Evolutionary computation [M]. Beijing: Tsinghua University Press, 1998.)
- [8] Misra V, Gong B W, Towsley D. Fluid-based analysis of a network of AQM routers supporting TCP flows with an application to RED [C]. Proc ACM/SIGCOMM. Stockholm, 2000: 151-160.
- [9] Holot C, Misra V, Towsley D, et al. A control theoretic analysis of RED[C]. Proc IEEE INFOCOM. Alaska, 2001: 1510-1519.
- [10] 陈佐, 李仁发, 徐成, 等. RED 的队列稳态误差分析[J]. 计算机研究与发展, 2004, 41(11): 1874-1878.  
(Chen Zuo, Li Ren-fa, Xu Cheng, et al. Steady state error analysis of RED queue [J]. J of Computer Research and Development, 2004, 41(11): 1874-1878.)
- [11] Hong Y, Cao Y, Sun H, et al. RED parameters and performance of TCP connections[J]. IEEE Electronics Letters, 2001, 37(24): 1489-1491.
- [12] Vint. The network simulator ns-2[EB/OL]. (2003-06-10). <http://www.isi.edu/nsnam/ns/>.
- [13] Floyd S, Jacobson V. Random early detection gate ways for congestion avoidance[J]. IEEE/ACM Trans on Networking, 1993, 1(4): 397-413.

(上接第 748 页)