

文章编号: 1001-0920(2008)01-0087-04

## 实数编码量子进化算法

高 辉<sup>1</sup>, 徐光辉<sup>1</sup>, 张 锐<sup>2</sup>, 王哲人<sup>1</sup>

(1. 哈尔滨工业大学 交通科学与工程学院, 哈尔滨 150090; 2. 哈尔滨理工大学 自动化学院, 哈尔滨 150080)

**摘 要:** 为求解复杂函数优化问题, 基于量子计算的相关概念和原理, 提出一种实数编码量子进化算法. 首先构造了由自变量向量的一个分量和量子比特的一对概率幅为等位基因的三倍体染色体, 增加了解的多样性; 然后利用量子旋转门和依据量子比特概率幅满足归一化条件设计的互补双变异算子进化染色体, 实现局部搜索和全局搜索的平衡. 标准函数仿真表明, 该算法适合求解复杂函数优化问题, 具有收敛速度快、全局搜索能力强和稳定性好的优点.

**关键词:** 量子计算; 量子进化算法; 实数编码量子进化算法; 函数优化

中图分类号: TP18

文献标识码: A

### Real-coded quantum evolutionary algorithm

GAO Hui<sup>1</sup>, XU Guang-hui<sup>1</sup>, ZHANG Rui<sup>2</sup>, WANG Zhe-ren<sup>1</sup>

(1. School of Communication Science and Engineering, Harbin Institute of Technology, Harbin 150090, China; 2. School of Automation, Harbin University of Science and Technology, Harbin 150080, China. Correspondent: GAO Hui, E-mail: zr\_gh@sina.com)

**Abstract:** In order to optimize the complex functions, a real-coded quantum evolutionary algorithm is proposed based on the relational concepts and principles of quantum computing. Real-coded triploid chromosomes, whose alleles are composed of a component of the independent variable vector and a pair of probability amplitudes of the corresponding states of a qubit, are constructed to keep the population diversity. The complementary double mutation operator, which is designed according to the probability amplitudes of a qubit fulfilling the normalization conditions, and the quantum rotation gate are used to update chromosomes and realize a good balance between exploration and exploitation. Simulation results on benchmark functions show that the algorithm is well suitable for the complex function optimization, and has the characteristics of rapider convergence, more powerful global search capability and better stability.

**Key words:** Quantum computing; Quantum evolutionary algorithm; Real-coded quantum evolutionary algorithm; Function optimization

### 1 引 言

进化算法在求解复杂函数优化和组合优化问题中得到广泛应用, 但仍存在“早熟”和“停滞”现象. 为解决这些问题, 借鉴量子计算的概念和原理, 人们提出了量子进化算法(QEA)<sup>[1-3]</sup>. QEA 采用基于量子比特概念构造的量子染色体, 增加解的多样性, 以克服“早熟”现象; 并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, 确保进化的方向性, 以避免“停滞”现象. 然而大量研究表明<sup>[4-6]</sup>, 尽管 QEA 在求解组合优化问题时比传统进化算法表现出更优良的性能, 但不适合求解复杂函数优化问题. 为此,

本文提出一种实数编码量子进化算法(RCQEA). RCQEA 利用待求解复杂函数自变量向量的一个分量和量子比特的一对概率幅组成染色体的等位基因, 进而构造实数编码三倍体染色体, 以增加解的多样性, 并利用量子旋转门和依据量子比特概率幅满足归一化条件而设计的基于高斯变异的互补双变异算子一起进化染色体, 实现算法局部搜索和全局搜索的平衡. 标准函数仿真表明, RCQEA 求解复杂函数优化问题具有很好的性能.

### 2 量子进化算法(QEA)

在 QEA 中<sup>[5]</sup>, 用一个具有  $n$  个量子比特的量子

收稿日期: 2006-10-11; 修回日期: 2007-01-24.

基金项目: 交通部西部交通建设科技项目(200431882053).

作者简介: 高辉(1969—), 男, 吉林松源人, 博士生, 从事智能控制、智能交通系统等研究; 徐光辉(1964—), 男, 辽宁锦州人, 副教授, 博士, 从事城市轨道交通和交通系统动力学研究.

寄存器来表达长度为  $n$  的量子染色体,即

$$\begin{bmatrix} 1 & \dots & i & \dots & n \\ 1 & \dots & i & \dots & n \end{bmatrix} \quad (1)$$

式中  $i$  和  $i$  分别为量子比特 / 0 态和 / 1 态的概率幅,且满足归一化条件  $|i|^2 + |i|^2 = 1, i = 1, 2, \dots, n$ . 一个量子染色体可表征解空间中任意解的叠加态,叠加性是量子染色体增加解的多样性的根本原因. 通过随机测量,一个量子染色体以概率的形式坍塌到一个二进制形式的解. QEA 采用量子旋转门作为进化策略,使当前解逐渐逼近搜索到的最优解,并将需要的结果以概率的形式增加,不需要的结果则以概率的形式减弱. 量子旋转门可描述为

$$R(\theta) = \begin{bmatrix} \cos \theta & -\sin \theta \\ \sin \theta & \cos \theta \end{bmatrix} \quad (2)$$

式中  $\theta$  为旋转角. 通过量子旋转门可实现任意叠加态之间的转换,具有高度并行性.

QEA 在求解组合优化问题(如背包问题)时,表现出优良的性能,但不适合于求解复杂函数优化问题. 原因在于 QEA 对解空间终归是以二进制形式表示,这就决定了 QEA 包含以往任何以二进制形式表示解空间的进化算法在求解复杂函数优化问题时具有的诸如繁琐的编、解码过程,以及随着函数维数的增加和求解精度的提高,引起染色体编码“长度灾”,并导致搜索效率低下等缺点.

### 3 实数编码量子进化算法(RCQEA)

RCQEA 算法的基本思路是:首先构造实数编码三倍体染色体;然后,利用量子旋转门和根据实数编码三倍体染色体的具体形式设计的基于高斯变异的互补双变异算子一起进化染色体,并通过离散交叉实现染色体之间的信息交流,扩大算法搜索范围;最后,通过进化操作产生新的染色体,采用“爬山”选择,加快算法收敛速度. RCQEA 算法的基本模型如图 1 所示. 图中:  $p_u^t (u = 1, 2, \dots, N)$  和  $p_v^t (v = u)$  均为实数编码三倍体染色体,  $b^t$  为当代最优染色体.

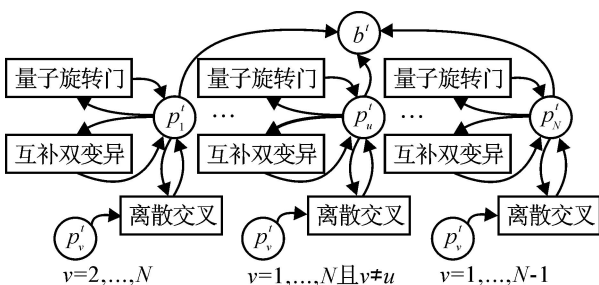


图 1 实数编码量子进化算法基本模型

#### 3.1 实数编码三倍体染色体

复杂函数优化问题可描述为

$$J = \min(f(x)),$$

$$x = (x_1, \dots, x_i, \dots, x_n) \in R^n, \quad x_i \in [x_{i,\min}, x_{i,\max}], i = 1, 2, \dots, n. \quad (3)$$

式中:  $x_{i,\min}$  和  $x_{i,\max}$  分别为自变量向量  $x$  的分量  $x_i$  的下界和上界,  $n$  为复杂函数的维数. 实数编码三倍体染色体的等位基因由复杂函数自变量向量  $x$  的一个分量  $x_i$  和量子比特的一对概率幅  $[i \ i]^T$  组成,即  $[x_i \ i \ i]^T$ ; 染色体长度由复杂函数的维数决定. 则实数编码三倍体染色体可描述为

$$\begin{bmatrix} x_1 & \dots & x_i & \dots & x_n \\ 1 & \dots & i & \dots & n \\ 1 & \dots & i & \dots & n \end{bmatrix} \quad (4)$$

式中  $i$  和  $i$  满足归一化条件.

#### 3.2 互补双变异算子和离散交叉

RCQEA 算法对群体中的每一个染色体实施单基因变异,即每次仅对染色体的一个基因位进行变异,其余基因位则保持不变,从而构成新染色体. 文献[7]已证明,单基因变异比全基因变异具有更高的搜索效率. 设第  $t$  代时的群体为  $P(t) = \{p^1, \dots, p^j, \dots, p^N\}$ , 对于染色体  $p^j$ , 随机选择第  $i$  基因位  $[x_{j,i}^t \ i_{j,i}^t \ i_{j,i}^t]^T$ , 对变量  $x_{j,i}^t$  按下式进行高斯变异:

$$x_{j,i}^{t+1,k} = x_{j,i}^t + (x_{i,\max} - x_{i,\min}) N(0, (\sigma_{j,i}^k)^2). \quad (5)$$

式中:  $k \in \{1, 2, 3\}$ ;  $(\sigma_{j,i}^k)^2$  为高斯变异的方差,取值为

$$(\sigma_{j,i}^k)^2 = \begin{cases} |i_{j,i}^t|^2, & k = 1; \\ |i_{j,i}^t|^2/5, & k = 2, 3. \end{cases} \quad (6)$$

由式(5)可知,当  $(\sigma_{j,i}^k)^2$  较大时,  $x_{j,i}^{t+1,k}$  可能超出可行解空间的范围,为此作如下处理:

$$\text{if } x_{j,i}^{t+1,k} > x_{i,\max}, \quad \text{then } x_{j,i}^{t+1,k} = 2x_{i,\max} - x_{j,i}^{t+1,k}; \quad (7)$$

$$\text{if } x_{j,i}^{t+1,k} < x_{i,\min}, \quad \text{then } x_{j,i}^{t+1,k} = 2x_{i,\min} - x_{j,i}^{t+1,k}. \quad (8)$$

重复式(7)或(8),直到使  $x_{j,i}^{t+1,k}$  位于可行解空间.

若由式(5)生成的新染色体优于原染色体,则为有效进化,此时  $i_{j,i}^{t+1} = i_{j,i}^t, i_{j,i}^{t+1} = i_{j,i}^t$ ; 否则为无效进化,并由形如式(2)的量子旋转门更新  $i_{j,i}^t$  和  $i_{j,i}^t$ , 即

$$\begin{bmatrix} i_{j,i}^{t+1} \\ i_{j,i}^{t+1} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(\theta_{j,i}^t) & -\sin(\theta_{j,i}^t) \\ \sin(\theta_{j,i}^t) & \cos(\theta_{j,i}^t) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} i_{j,i}^t \\ i_{j,i}^t \end{bmatrix}. \quad (9)$$

式中  $\theta_{j,i}^t$  为量子旋转门的旋转角,且  $\theta_{j,i}^t$  设计为

$$\theta_{j,i}^t = \text{sgn}(i_{j,i}^t \ i_{j,i}^t) \circ \exp\left(\frac{-|\theta_{j,i}^0|}{|\theta_{j,i}^t| + 1}\right). \quad (10)$$

其中:  $\theta_{j,i}^0$  为初始旋转角,  $\theta_{j,i}^t$  为进化尺度,  $\theta_{j,i}^0$  和  $\theta_{j,i}^t$  控制旋转角的大小,进而控制算法的收敛速度;符号函数  $\text{sgn}(\cdot)$  控制旋转角的方向,以确保算法收敛.

若染色体同一基因位连续发生多次无效进化,除采用式(9)和(10)更新  $i_{j,i}^t$  和  $i_{j,i}^t$  外,还辅以式

(11) 以加大  $t_{j,i}$  和  $t_{j,i}$  更新的尺度,进而达到由算法的进化状态自适应调整进化过程的目的.

$$\begin{cases} t_{j,i}^{t+1} = t_{j,i}^{t+1} / (\text{fix}(c_i/5) + 1), \\ t_{j,i}^{t+1} = \sqrt{1 - (t_{j,i}^{t+1})^2}. \end{cases} \quad (11)$$

式中:fix(·)为取整函数, $c_i$ 为第*i*基因位发生连续无效进化次数.由式(9)~(11)可以看出, $|t_{j,i}^{t+1}|^2$ 随着进化代数的增加将逐渐减小,实现了对当前解邻域的“求精”搜索;而 $|t_{j,i}^{t+1}|^2$ 随着进化代数的增加而逐渐增加,实现了对解空间大范围的“求泛”搜索,互补双变异算子即由此而来.设“求精”搜索和“求泛”搜索次数分别为  $m_1$  和  $m_2$ ,一般  $m_1 > m_2$ .

RCQEA 每隔一定的进化代数 实施离散交叉,即对于指定的染色体  $p_u^t$ ,在群体中随机选择另一染色体  $p_v^t(u \neq v)$ ,以 1/2 的概率交换 2 个父本的基因位,生成 2 个新染色体  $c_1^t$  和  $c_2^t$ .离散交叉可描述为

$$[x_{c,i}^t \quad t_{c,i}^t \quad t_{c,i}^t]^T = \begin{cases} [x_{u,i}^t \quad t_{u,i}^t \quad t_{u,i}^t]^T, & r < 0.5; \\ [x_{v,i}^t \quad t_{v,i}^t \quad t_{v,i}^t]^T, & r \geq 0.5. \end{cases} \quad (12)$$

式中: $[x_{c,i}^t \quad t_{c,i}^t \quad t_{c,i}^t]^T$ ,  $[x_{u,i}^t \quad t_{u,i}^t \quad t_{u,i}^t]^T$  和  $[x_{v,i}^t \quad t_{v,i}^t \quad t_{v,i}^t]^T$  分别为染色体  $c_1^t$  或  $c_2^t$ ,  $p_u^t$  和  $p_v^t$  的第*i*基因位; $r$ 为[0,1]区间随机数.当待求解复杂函数自变量向量的各分量有较强相关性时,离散交叉对于避免陷入局部极值点非常重要.

### 3.3 算法流程

Step1: 参数初始化.

Step2: 群体初始化.生成形如式(4)的三倍体染色体群体  $P(t) = \{p_j^t\}, j = 1, 2, \dots, N, N$  为群体规模.

Step3: 评价种群.对群体中的每个染色体进行评价,选出最优染色体  $b^t$ .

Step4: 算法停止判断.当满足停止条件时,输出最优解  $b^t$ ,算法结束;否则,继续下一步.

Step5: 进化染色体.

Step5.1: “求精”或“求泛”搜索.

Step5.1.1: 对于选定的染色体,以等概率随机选择染色体第*i*基因位,由式(5)对基因位中表示自变量向量分量的变量实施高斯变异,生成新染色体.

Step5.1.2: 对新染色体进行评价,并采用“爬山”选择.即如果是有效进化,则用新染色体替换原染色体,并清除连续无效进化次数  $c_i$ ;否则,原染色体保持不变,并累加连续无效进化次数  $c_i$ .

Step5.1.3: 若“求精”或“求泛”搜索次数未达到设定次数,转 Step5.1.1;否则,更新  $b^t$ ,继续.

Step5.2: 对于选定的染色体,以等概率随机选择染色体第*i*基因位,如果该基因位存在无效变异,

则由式(9)~(11)更新基因位中的概率幅.

群体中全部染色体均进行 Step5.1 ~ Step5.2 操作.

Step5.3: 离散交叉.如果满足交叉条件,依适应值顺序选  $k(k \leq N)$  个优秀个体按式(12)分别进行  $m_3$  次交叉,生成新染色体,并采用“爬山”选择.同时,清除染色体各基因位连续无效进化次数,更新  $b^t$ .

Step6:  $t = t + 1$ ,转 Step4.

## 4 仿真算例

用 QEA, M-ES<sup>[7]</sup> 和 RCQEA 三种算法同时求解复杂函数优化问题,以考察 RCQEA 性能.

标准测试函数表达式分别为

$$\min F_1 = \sum_{i=1}^D x_i^2, \quad (13)$$

式中:自变量  $x_i \in [-100, 100]$ ,维数  $D = 30$ .

$$\min F_2 = -20 \exp\left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D x_i^2}\right) - \exp\left(\frac{1}{D} \sum_{i=1}^D \cos(2 \pi x_i)\right) + 20 + e, \quad (14)$$

式中:自变量  $x_i \in [-32, 32]$ ,维数  $D = 30$ .

$$\min F_3 = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^D x_i^2 - \sum_{i=1}^D \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1, \quad (15)$$

式中:自变量  $x_i \in [-600, 600]$ ,维数  $D = 30$ .

$$\min F_4 = 10D + \sum_{i=1}^D (x_i^2 - 10 \cos(2 \pi x_i)), \quad (16)$$

式中:自变量  $x_i \in [-5.12, 5.12]$ ,维数  $D = 30$ .

测试函数均在  $x = (0, \dots, 0)$  处存在全局最小值 0.

1) QEA: 群体规模  $N = 10$ ,自变量分量均采用 18 位二进制数表示,则量子染色体长度为 540,  $\sigma = 0.05$ ,  $\mu = 0.01$ ,局部迁移间隔为 600 代.

2) M-ES:  $\mu = 1$ ,  $\sigma = 6$ ,  $k = 2$ ,  $\sigma = 2$ .

3) RCQEA01: RCQEA 的群体规模  $N = 1$ ,初始旋转角  $\theta_0 = 0.4$ ,进化尺度  $\delta = 0.05$ ,连续“求精”搜索次数  $m_1 = 6$ ,连续“求泛”搜索次数  $m_2 = 2$ .

4) RCQEA10: RCQEA 的群体规模  $N = 10$ ,交叉间隔  $\delta = 500$ ,选择优秀个体数  $k = 2$ ,每个个体连续交叉次数  $m_3 = 6$ ,其他参数与 RCQEA01 相同.

算法均以最大运行代数为终止条件,最大终止代数取为 5 000,各种算法分别独立运行 30 次.

运算结果见表 1.数据表明,尽管 RCQEA01 和 M-ES 有大致相同的计算复杂度,但 RCQEA01 的性能优于 M-ES,原因在于 RCQEA01 使用实数编码三

倍体染色体,增加了了解的多样性,并利用量子旋转门和互补双变异算子进化染色体,实现了全局搜索和局部搜索的平衡.而 RCQEA10 的性能又明显优于 RCQEA01,原因不仅在于染色体个数的增加,更重要的是使用离散交叉扩大了搜索空间.算法 QEA 则不适合复杂函数优化问题.数据分析表明,RCQEA 求解复杂函数优化问题时表现出更强的全局搜索能力、更好的稳定性和鲁棒性.

表 1 各种算法求解复杂函数优化问题的统计结果

函数	算法	平均值	最优值	最劣值	方差值
$F_1$	QEA	2.948 9	1.809 4	4.183 9	0.886 1
	M-ES	7.4e-12	3.5e-13	3.3e-11	8.2e-12
	RCQEA01	1.6e-16	4.1e-20	1.3e-15	4.2e-16
	RCQEA10	4.4e-21	7.0e-24	4.9e-20	9.6e-21
$F_2$	QEA	0.853 2	0.335 5	1.251 6	0.3403
	M-ES	1.3e-6	1.3e-7	3.0e-6	6.7e-7
	RCQEA01	5.3e-10	2.0e-11	1.4e-9	4.4e-10
	RCQEA10	9.5e-12	1.5e-12	2.5e-12	6.3e-13
$F_3$	QEA	0.985 2	0.921 6	1.045 9	0.051 9
	M-ES	0.157 2	0.056 3	0.370 9	0.087 5
	RCQEA01	0.032 4	0	0.076 2	0.028 6
	RCQEA10	0	0	0	0
$F_4$	QEA	45.51	28.02	58.30	11.735 2
	M-ES	0.094 3	1.0e-12	0.995 0	0.286 2
	RCQEA01	5.2e-4	5.6e-14	5.2e-3	1.6e-3
	RCQEA10	2.8e-14	0	5.6e-14	2.8e-14

图 2 给出了各算法在 30 次独立运行中最优值的平均值随代数变化的情况,从求解质量和收敛速

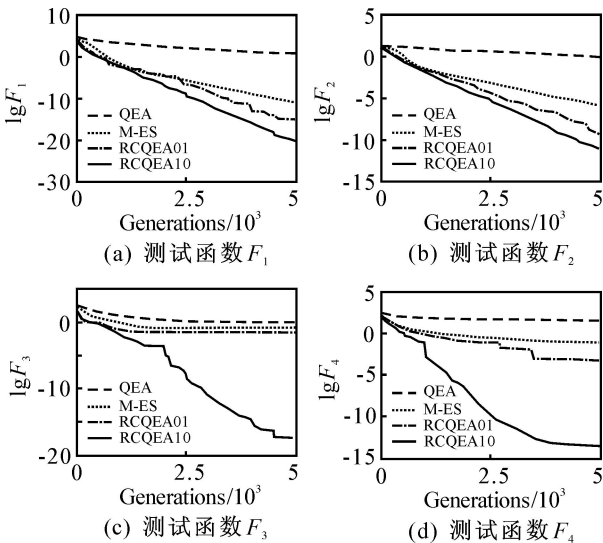


图 2 各种算法求解复杂函数优化问题性能比较

度两个方面再次表明了 RCQEA 的优良性能.一方面,在整个进化过程中,RCQEA01 和 RCQEA10 优于 QEA 和 M-ES,而 RCQEA10 优于 RCQEA01;另一方面,RCQEA01 求解  $F_1$  和  $F_2$  时,收敛速度优于 QEA 和 M-ES,而求解  $F_3$  和  $F_4$  时,与 QEA 和 M-ES 一样出现了“早熟”和“停滞”现象,而 RCQEA10 却始终保持良好的收敛速度.

### 5 结 语

本文提出的实数编码量子进化算法,其核心在于采用构造的实数编码三倍体染色体表示个体,利用量子旋转门和设计的互补双变异算子进化个体,并通过离散交叉扩大搜索范围,加快收敛速度.仿真结果表明,RCQEA 适合于求解复杂函数优化问题.关于进一步提高 RCQEA 的性能,扩大 RCQEA 的应用范围则是需要进一步研究和解决的问题.

### 参考文献(References)

- [1] Hey T. Quantum computing: An introduction [J]. Computing and Control Engineering Journal, 1996, 10(3): 105-112.
- [2] Narayanan A, Moore M. Quantum-inspired genetic algorithms[C]. Proc of IEEE Int Conf on Evolutionary Computation. Nagoya: IEEE Press, 1996: 61-66.
- [3] Han K H, Kim J H. Genetic quantum algorithm and its application to combinatorial optimization problems [C]. Proc of the 2000 IEEE Congress on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE Press, 2000, 7: 1354-1360.
- [4] Han K H, Kim J H. Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization [J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2002, 6(6): 580-593.
- [5] Han K H, Kim J H. Quantum-inspired evolutionary algorithms with a new termination criterion, H gate, and two-phase scheme [J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2004, 8(2): 156-169.
- [6] Zhang G X, Jin W D, Hu L Z. Quantum evolutionary algorithm for multiobjective optimization problems [C]. Proc of the 2003 IEEE, Int Symposium on Intelligent Control. Houston: IEEE Press, 2003, 10: 703-708.
- [7] 王湘中, 喻寿益. 适用于高维优化问题的改进进化策略 [J]. 控制理论与应用, 2006, 23(1): 148-151. (Wang Xiang-zhong, Yu Shou-yi. Improved evolution strategies for high-dimensional optimization [J]. Control Theory and Applications, 2006, 23(1): 148-151.)