

文章编号: 1001-0920(2009)06-0854-05

一种实数编码量子进化算法及其收敛性

覃朝勇^{1,2}, 郑建国², 朱佳俊²

(1. 广西大学 数学与信息科学学院, 南宁 530004; 2. 东华大学 工商管理学院, 上海 200051)

摘要: 基于量子计算理论和进化理论, 提出一种新的量子进化算法——基于实数编码的量子进化算法(RQEA)。不同于传统进化算法的单点编码和量子进化算法的量子比特编码, 该算法以实数矩形区域表示基因, 一条染色体携带多个个体信息。利用量子态叠加和相干机理, 通过叠加、变异及自学习来完成进化过程。理论分析证明了算法具有全局收敛性。实验结果表明, 该算法在函数优化上具有优异的性能。

关键词: 量子计算; 进化算法; 量子染色体; 实数编码

中图分类号: TP181

文献标识码: A

Real-coded quantum inspired evolutionary algorithm and its convergence

QIN Chaoyong^{1,2}, ZHENG Jianguo², ZHU Jiajun²

(1. School of Mathematics and Information Science, Guangxi University, Nanning 530004, China; 2. School of Business and Management, Donghua University, Shanghai 200051, China. Correspondent: QIN Chaoyong, E-mail: qcy@mail.dhu.edu.cn)

Abstract: A novel algorithm, real-coded quantum-inspired evolutionary algorithm (RQEA), is proposed based on evolution theory and quantum computation. Different from the representation of single point coding and quantum-bits coding, rectangle region is employed in RQEA to represent gene, and a chromosome takes several individuals information. By using quantum computation mechanics, interference operator, mutation operator and self-learning operator are proposed to accelerate evolution process. Theoretical analysis shows that RQEA converges to the global optimum. Experiment results show that RQEA has a strong ability of global optimization and high convergence speed.

Key words: Quantum computation; Evolutionary algorithm; Quantum-bit chromosome; Rreal-coded

1 引言

量子计算在近十几年的时间里取得了很大的发展,它是应用量子力学原理来进行有效计算的新颖计算模式。量子计算利用量子叠加性、纠缠性和量子的相干性实现量子的并行计算,从本质上改变了传统的计算理念。目前已提出的量子算法主要包括基于 Fourier 变换的 Shor 因子分解算法^[1]和 Grover 的量子搜索算法^[2]。前者提供了对最好经典算法的指数加速,并极大地促进了量子计算的发展;后者提供了对经典算法的根方加速。近几年量子智能计算引起了众多学者的兴趣,它有效利用了量子理论原理并结合了传统智能计算的优势。Narayanan^[1]首先将遗传算法与量子理论相结合,提出了量子遗传

算法(QGA)的概念。文献[2,3]分别提出了遗传量子算法和并行量子遗传算法,并取得了比传统遗传算法更优异的性能。文献[4,5]将量子理论与进化理论相结合,分别提出了用于组合优化的量子进化算法(QEA)和用于函数优化的量子进化规划(QEP)。

基于量子门更新的量子遗传算法和量子进化算法,在旋转角查找计算时复杂度较高,更适合于解决组合优化问题。对于多参数优化和高精度计算问题,通过量子位编码观察得到二进编码的方式会使解的精度受编码位的影响。对此,国内外学者陆续提出了一些改进的量子算法,如文献[6,7]。文献[8]介绍了一种新的编码方式,以概率密度函数模拟量子的概率观测,在发现新的量子进化算法上进行了有益的

收稿日期: 2008-05-27; 修回日期: 2008-08-26.

基金项目: 国家自然科学基金项目(60372072); 上海市自然科学基金项目(06ZR14004); 广西大学科研基金项目(X081054).

作者简介: 覃朝勇(1975—),男,广西河池人,讲师,博士,从事智能计算和数据挖掘的研究; 郑建国(1962—),男,福州人,教授,博士生导师,从事智能决策与数据挖掘、智能信息处理等研究。

探索. 受其启发, 本文提出了一种新的实数编码量子进化算法 (RQEA). 该算法利用量子态叠加和相干等特性, 构造了一种新的量子染色体, 实数编码直接反映在染色体中, 无需编码解码过程. 算法在执行叠加、变异及自学习算子进化后, 能快速收敛到全局最优.

2 实数编码量子进化算法

假设所要求解的目标问题模型为

$$\min f(x), x = (x_1, x_2, \dots, x_n) \quad S, \quad (1)$$

其中: $f(x)$ 为目标函数, $S \subseteq R^n$ 表示边界为 $x_i \leq x_i \leq \bar{x}_i (i = 1, 2, \dots, n)$ 的 n 维搜索空间.

2.1 实数编码

量子算法的核心是利用量子态的叠加性和相干性所带来的内在并行性来加速求解速度, 与其他经典算法最本质的区别在于它具有量子并行性. 文献 [8] 利用概率密度函数反映个体之间的态叠加和态相干, 但在叠加时并没有考虑每个个体的适应度情况.

为了利用量子叠加性和相干性带来的优点, 本文采用一种新的编码表示方法——量子实数编码. 该编码方式以一个矩形区域来表示一个基因, 该矩形区域由中心位置和半径唯一确定, 并以个体相对势能大小作为矩形区域的高度, 具体表示见如下定义:

定义 1 一个量子染色体 q 表示优化问题的一个可能解, 即

$$q_i = [v_1, v_2, \dots, v_n] = [(c_1, r_1), (c_2, r_2), \dots, (c_n, r_n)], \quad i = 1, 2, \dots, m. \quad (2)$$

其中: n 为染色体长度; m 为量子种群规模; c_j 表示第 j 个基因矩形区域的中心值; r_j 为第 j 个基因矩形区域的半径, 称之为基因半径, 一般统一取 $r = \frac{\bar{x} - x}{2m}$, 控制基因的半径 (在 4.1 节中将对对其进行详细分析).

以 $E(q_i) = M - f(q_i)$ 表示个体 q_i 的适应度, M 为某个大常数, 以保证 $E(q) > 0$. 为了表示基因矩形的高度, 引入相对势能概念.

定义 2 相对势能 h_i 表示个体 q_i 的适应度在同一种群所有个体适应度中的相对值, 即

$$h_i = E(q_i) / \sum_{k=1}^m E(q_k), \quad (3)$$

显然 $\sum_i h_i = 1$.

根据定义 1 和定义 2, 基因 v_j 表示的矩形区域包含了以 c_j 为中心, 以 r_j 为半径内的所有可能值. 单

个个体以概率形式存在于矩形区域中, 对应于观测量子态时发生坍塌得到二进制编码, 可在该区域内观测或测量出具体的某个单点值. 矩形 v_j 的高度为个体的相对势能 h_i , 在同一个量子种群中, 所有个体的高度之和为 1. 以这种方式表达的一个染色体可携带多个个体的信息.

2.2 叠 加

在 RQEA 中, 通过下式对种群中所有量子染色体中等位基因进行叠加, 以实现态相干和态叠加:

$$\phi_i = \sum_{j=1}^m (c_j, r_j), \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad (4)$$

其中 ϕ_i 为第 i 个等位基因的叠加状态. 图 1 显示了个体 $q_1 = [(2, 1), (7, 1)]$ 和 $q_2 = [(3, 1), (6, 1)]$ 进行叠加的结果.

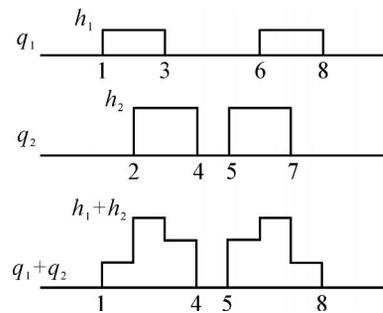


图 1 叠加结果

量子种群完成叠加后, 所有个体均处于纠缠状态, 个体之间相互影响, 任何个体的改变都将使处于叠加状态中的系统发生改变. 叠加后某个区域的 h 值越高, 说明该区域中的个体相对势能越大, 越接近问题的最优解. 由于已进行了归一化处理, $0 \leq h \leq 1$, 可将 h 视为最优解出现的概率, 即最优解以较高的概率出现在 h 值高的区域, 在测量时被观测到的机会也越大. 式 (3) 的叠加过程实质上是增加更优解或更优个体被观测到的概率, 对目标问题的寻优过程就是系统状态的转移过程, 即从适应度低的区域转移到适应度高的区域并最终求得满意解.

2.3 变 异

RQEA 变异操作中, 采用 pt 控制变异策略, p 为变异概率, v_j 为当前个体第 j 个基因, v_j 为变异后的新基因. 产生 $0 \sim 1$ 之间的随机数 U , 若 $U < p$, 则发生变异

$$\begin{cases} v_j = v_{new}, & U(0, 1) \geq pt; \\ v_j = v_{mj} + r_j U(-1, 1), & U(0, 1) < pt. \end{cases} \quad (5)$$

其中: $U(0, 1)$ 表示 $0 \sim 1$ 间均匀分布的随机数; $U(-1, 1)$ 表示 $-1 \sim 1$ 间均匀分布的随机数; r_j 为常数, 控制变异程度.

当产生的均匀随机数大于等于 pt 时, 采取策略

1,即随机产生一个新基因代替旧基因;否则采用策略 2.策略 1 着重于开发新的未知空间,而策略 2 着重于利用已有信息.开发新的未知空间能给进化过程带来新的个体并注入新的动力.策略 2 在利用已有的信息时,既可以利用变异个体本身的信息,也可以利用当代最优个体的信息来指导变异,本文采取后者.RQEA 中同时采用两种策略,相互协调.

2.4 自学习

自然界中的生物个体,除了具有自适应等能力外,还具有从局部环境进行自学习的能力.对于函数优化问题,将局部搜索方法和进化算法相结合能更好地求解问题.在 RQEA 中,利用自学习算子实现局部搜索,该算子类似于一个小规模的 RQEA.假设进化到第 t 代时最优个体为 q_{max}^t ,将自学习算子作用于 q_{max}^t 上,即通过小规模的 RQEA 在个体 q_{max}^t 的邻域内进行搜索.若找到比 q_{max}^t 适应度更好的个体,则用来替代当前最优解.

2.5 量子进化算法

基于实数编码的量子进化算法可描述如下:

- Step1: 产生初始量子种群 $Q(t), t = 0$.
- Step2: 由 $Q(t)$ 产生传统经典种群 $P(t)$.
- Step3: 计算 $P(t)$ 中每个个体的适应度,计算个体的相对势能.
- Step4: 对种群进行叠加.
- Step5: 从叠加后相对势能高的区域中生成新个体,按适应度大小从原种群和新个体中选择 m 个个体组成新种群 $Q(t)$.
- Step6: 对 $Q(t)$ 执行变异算子,更新得到 $Q(t)$.
- Step7: 测量 $Q(t)$,取 $Q(t)$ 和 $Q(t)$ 中适应度最优的一半替换种群 $Q(t)$.
- Step8: 对当代最优个体执行自学习算子.
- Step9: 若满足停止准则,则停止;否则, $t = t + 1$,转 Step2.

经典种群的产生就是在个体表示的矩形区域内观测出某个单点值,既可以用矩形中的点表示,也可以在矩形区域内随机选取某个点.

3 收敛性分析

RQEA 利用了量子态叠加和相干机理,是一种保留最优个体的实数进化算法.对于所要求解的目标问题 $\min f(x), x \in S$,假设全局最优解为 x_{best} ,对应函数值为 f_{best} .给定求解精度 ϵ ,则 RQEA 可以视为一个有限状态空间的马氏链,其状态空间为 $S = \{S_1, S_2, \dots, S_{max_s}\}$.

$$\max s = \prod_{i=1}^n \left(\frac{\bar{x}_i - x_i}{\dots} \right). \quad (6)$$

其中: n 为搜索空间维度, \bar{x} 和 x 分别表示搜索空间的上域和下域.进一步,状态空间可分为两种:

- 1) $C_1 = \{S_i \mid f_{S_i} - f_{best} / < \epsilon\}$;
- 2) $C_2 = \{S_i \mid f_{S_i} - f_{best} / > \epsilon\}$.

一步转移概率 $p_{i \rightarrow j}$ 表示由状态 C_i 转移到 C_j 的概率.RQEA 中采用保留最优个体策略,显然 $p_{1 \rightarrow 1} = 1$.

引理 1^[9] 设 A_1, A_2, \dots 是概率空间上的一事件序列,令 $p_k = p\{A_k\}$,若 $\prod_{k=1}^n p_k < \epsilon$,则 $p\{ \bigcap_{i=1}^n A_i \} = 0$;若 $\prod_{k=1}^n p_k = 1$,且各 A_k 相互独立,则 $p\{ \bigcap_{i=1}^n A_i \} = 1$.

定理 1 对于算法 RQEA,存在常数 $\epsilon > 0$,使得一步转移概率 $p_{2 \rightarrow 2} < 1 - \epsilon$.

证明 给定精度 $\epsilon > 0, \exists d > 0$,使得 $|x - x_{best}| < d$ 时, $|f(x) - f(x_{best})| < \epsilon$,其中 $0 < \epsilon < \epsilon$.记 $C_1 = \{x \mid |x - x_{best}| < d\}$,显然 $C_1 \subset C_1$.

算法 RQEA 中,Step6 的变异操作本质上是高斯变异.假设对 C_2 中个体 x 执行变异,其后代为 $x + \Delta x$,则

$$p\{(x + \Delta x) \in C_1\} < p\{(x + \Delta x) \in C_1\} = p_2. \quad (7)$$

随机变量 Δx 服从高斯分布 $N(0, \sigma^2)$,其概率密度函数为

$$f(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \cdot e^{-\frac{x^2}{2\sigma^2}},$$

故

$$\begin{aligned} p\{(x + \Delta x) \in C_1\} &= \int_{x_{best}-d}^{x_{best}+d} f(y) dy \\ &= \int_{x_{best}-d}^{x_{best}+d} \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} \cdot e^{-\frac{y^2}{2\sigma^2}} dy \\ &< \int_{x_{best}-d}^{x_{best}+d} f(y) dy < 1 \Rightarrow \\ &0 < p\{(x + \Delta x) \in C_1\} < 1. \end{aligned} \quad (8)$$

因 Δx 服从高斯分布,故 $p\{(x + \Delta x) \in C_1\}$ 关于 x 连续, $\exists x \in S$,使得

$$p\{(x + \Delta x) \in C_1\} = \min\{p\{(x + \Delta x) \in C_1\}\}. \quad (9)$$

令 $\tilde{p} = 1 - p\{(x + \Delta x) \in C_1\}$,由式(7)和(9)得 $p_{2 \rightarrow 1} = 1 - p_2 \geq \tilde{p}$, $p_{2 \rightarrow 2} < 1 - p\{(x + \Delta x) \in C_1\} \Rightarrow$

$$p_{2-2} < \dots$$

定理 2 算法 RQEA 具有全局收敛性.

证明 给定精度 $\epsilon > 0$, t 代个体 x_t 进化后不满足解的精度要求的概率为 $p = p_{2-2} = p\{ |f(x_t) - f(x_{best})| \geq \epsilon \}$, 即从状态空间 C_2 转移到 C_2 的概率. 于是有

$$p_{t=1} < \dots$$

因 $0 < \dots < 1$, 故 $\dots = \frac{\dots}{1 - \dots}$, $p_t < \frac{\dots}{1 - \dots}$ $< \dots$. 由引理 1 可知

$$p\{ \dots (|f(x_t) - f(x_{best})| \geq \epsilon) \} = 0,$$

即 $\lim_{t \rightarrow \infty} (f(x_t)) = f(x_{best})$. 算法 RQEA 以概率 1 收敛到全局最优解.

4 参数分析与数值实验

4.1 参数分析

RQEA 的主要思想是引入矩形区域来表示基因, 通过个体等位基因的叠加使种群处于相干状态, 并通过进化算子增加最优解被观测到的概率. 其中, 基因的矩形表示是关键, 控制基因的半径, 从而影响系统的叠加结果. 为了测试 α 对算法性能的影响, 本文采用平均成功率 R_{AS} 和平均函数值计算次数 C_{AVE} 对算法进行评估, 它们的定义详见文献 [10]. 本文采用如下 Rastrigin 函数进行测试:

$$R(x) = \sum_{i=1}^n [x_i^2 - A \cos(2\pi x_i) + A],$$

$$S = [-5.12, 5.12]^n, f_{min} = 0. \quad (10)$$

$R(x)$ 是一个多峰函数, 它在 $x_i = 0 (i = 1, 2, \dots, n)$ 时达到全局极小值 0, 而在定义域内大约有 $10n$ 个局部极小值点. 选定 $A = 1.0, n = 20$. F_{best} 为算法运行到第 t 代所找到的最优解, 运行停止准则为 $|F_{best}| < 0.001$ 且迭代次数不超过 200. 令 α 在区间 $[0, 3]$ 以内以步长 0.2 变化, 在每组参数下进行 500 次独立实验, 并求 R_{AS} 和 C_{AVE} . 算法中变异策略参数 $pt > 0.5$ 时, 变异着重于利用已有信息; $pt < 0.5$ 时, 则着重于探索新的空间. 自学习算子种群规模 $sm < m$, 一般在 5 ~ 7 之间. RQEA 中参数设置如下: $m = 10, sm = 5, p = 0.2, pt = 0.3$. 图 2 和图 3 给出了 R_{AS} 和 C_{AVE} 随 α 的变化关系.

由图 2 可知, 当 $\alpha = 0$ 算法退化到单点进化算法时, 算法成功率很低, 这表明等位基因叠加产生的相干性能加快了算法的收敛性. 取值在 0.2 ~ 2 范围内时算法成功率较高, 之后算法成功率趋于下降, 这是因为 α 取值太大会导致不相关个体也产生叠加, 使得搜索效率降低, 不易收敛. 由图 3 可知, α 取值在

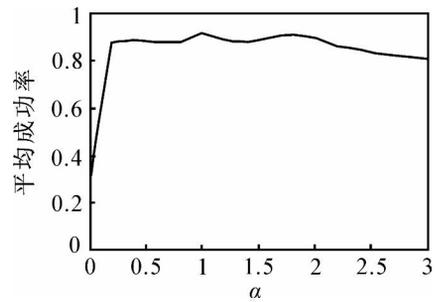


图 2 R_{AS} 随 α 的变化关系

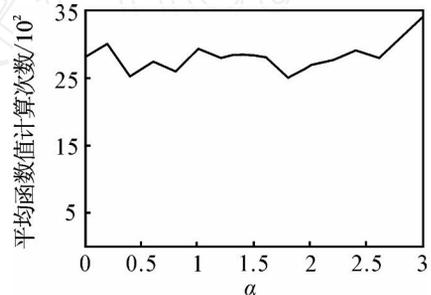


图 3 C_{AVE} 随 α 的变化关系

0.4 ~ 2.2 时平均函数计算次数较少, 而大于 2.6 时平均函数计算次数急剧增加. 可见, α 的理想取值范围为 0.4 ~ 2, 在该范围内 α 的变化对算法性能的影响不明显.

4.2 与其他算法的比较

为测试算法的性能, 本文将 RQEA 与如下两个著名的算法进行了比较: 1) 快速进化算法 (FEP) [11]; 2) 随机遗传算法 (St GA) [12]. 这两个算法都是近几年提出来的, 在函数优化问题上有着出色的表现.

本文采用如下 10 个标准函数进行实验:

$$f_1(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2,$$

$$S = [-100, 100]^n, f_{min} = 0;$$

$$f_2(x) = \sum_{i=1}^n |x_i| + \prod_{i=1}^n |x_i|,$$

$$S = [-10, 10]^n, f_{min} = 0;$$

$$f_3(x) = \sum_{i=1}^n \left(\sum_{j=1}^i x_j \right)^2,$$

$$S = [-100, 100]^n, f_{min} = 0;$$

$$f_4(x) = \max(x_i / |x_i|, 1 \quad i = 1, \dots, n),$$

$$S = [-100, 100]^n, f_{min} = 0;$$

$$f_5(x) = \sum_{i=1}^n [100(x_i - x_{i+1})^2 + (x_i - 1)^2],$$

$$S = [-30, 30]^n, f_{min} = 0;$$

$$f_6(x) = \sum_{i=1}^n (x_i + 0.5)^2,$$

$$S = [-100, 100]^n, f_{min} = 0;$$

表1 对30维函数优化结果的比较

测试函数	平均函数评价次数			平均优化结果(方差)		
	RQEA	St GA	FEP	RQEA	St GA	FEP
f_1	29500	30000	150000	$6.42 \times 10^{-19} (2.12 \times 10^{-18})$	$2.45 \times 10^{-15} (5.25 \times 10^{-16})$	$5.7 \times 10^{-4} (1.3 \times 10^{-4})$
f_2	18000	17600	200000	$4.73 \times 10^{-12} (5.15 \times 10^{-12})$	$2.03 \times 10^{-7} (2.95 \times 10^{-8})$	$8.1 \times 10^{-3} (7.7 \times 10^{-4})$
f_3	21000	23000	500000	$7.78 \times 10^{-18} (4.91 \times 10^{-16})$	$9.98 \times 10^{-29} (6.9 \times 10^{-29})$	$1.6 \times 10^{-2} (1.4 \times 10^{-2})$
f_4	32000	32000	500000	$8.2 \times 10^{-18} (3.42 \times 10^{-15})$	$2.01 \times 10^{-8} (3.42 \times 10^{-9})$	0.30(0.50)
f_5	43000	45000	2000000	$3.62 \times 10^{-10} (2.73 \times 10^{-8})$	0.04435(0)	5.06(5.87)
f_6	1500	1500	150000	0.0(0.0)	0.0(0.0)	0.0(0.0)
f_7	1900	1500	900000	-12569.5(0.0)	-12569.5(0.0)	-12569.5(0.0)
f_8	28300	28500	500000	$4.51 \times 10^{-15} (3.28 \times 10^{-14})$	$4.42 \times 10^{-13} (1.14 \times 10^{-13})$	$4.6 \times 10^{-2} (1.2 \times 10^{-2})$
f_9	10000	10000	150000	$6.23 \times 10^{-9} (2.19 \times 10^{-9})$	$3.52 \times 10^{-8} (3.51 \times 10^{-9})$	$1.8 \times 10^{-2} (2.1 \times 10^{-3})$
f_{10}	52500	52500	200000	$4.26 \times 10^{-20} (6.79 \times 10^{-18})$	$2.44 \times 10^{-17} (4.54 \times 10^{-17})$	$1.6 \times 10^{-2} (2.2 \times 10^{-2})$

$$f_7(x) = \sum_{i=1}^n (-x_i \sin \sqrt{|x_i|}),$$

$$S = [-500, 500]^n, f_{\min} = -418.983n;$$

$$f_8(x) = \sum_{i=1}^n [x_i^2 - 10 \cos(2x_i) + 10],$$

$$S = [-5.12, 5.12]^n, f_{\min} = 0;$$

$$f_9(x) = -20 \exp\left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i^2}\right) \exp\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \cos(2x_i)\right),$$

$$S = [-32, 32]^n, f_{\min} = 0;$$

$$f_{10}(x) = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \sum_{i=1}^n \cos(x_i/\sqrt{i}) + 1,$$

$$S = [-600, 600]^n, f_{\min} = 0.$$

以上10个函数已被广泛地用于测试算法的性能。其中： $f_1 \sim f_6$ 是单峰函数，相对容易优化，但随着优化维度的提高，优化会变得越来越困难； $f_7 \sim f_{10}$ 是多峰函数，其局部极值的个数随着函数维数的增高而增多，被当作许多优化算法中最典型的优化难题。

为了便于比较，需要设定参数以取得与St GA大致相同的函数评价次数，并在此基础上比较不同算法解的情况。对每个函数运行50次，表1给出了运行结果。算法参数设置如下： $m = 10, sm = 5, = 0.6, sr = 0.01r, p = 0.2, pt = 0.6$ 。

由表1可知，在30维函数优化问题上，无论是评价次数还是优化结果的精度，RQEA都显著优于FEP。对于 f_3 ，RQEA的精度不如St GA。对于 f_7 ，RQEA取得了与St GA相同的精度，所用评价次数比St GA略多。对于其余测试函数，在解的精度及方差上，RQEA均取得了比St GA更优的结果。

5 结论

本文基于量子态叠加和态相干原理，提出了实数编码量子进化算法，设计了叠加算子、变异算子和自学习算子。算法中采用了一种新颖的量子染色体编码，该编码以矩形区域替代了传统编码中的单点编码，使得一个量子染色体携带多个个体信息。同时考虑了个体的适应度，将个体的相对势能作为矩形区域的高度，适应度越高，相对势能也越高，最优解出现在该区域的概率也就越大。量子染色体执行变异操作时，将当代最优个体信息加入以引导变异过程，能避免陷入局部最优解。自学习算子利用一个小规模的RQEA算法来实现个体的自学习过程，对当代最优个体在给定的搜索半径内进行学习，以获得更优解。实验结果表明了RQEA在函数优化上具有优越的性能。

参考文献(References)

- [1] Narayanan A, Moore M. Quantum-inspired genetic algorithm[C]. Proc of IEEE Int Conf on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE Press, 1996: 61-66.
- [2] Han K H, Kim J H. Genetic quantum algorithm and its application to combinatorial optimization problems[C]. Proc of IEEE Conf on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE Press, 2000: 1354-1360.
- [3] Han K H, Park K H, Lee C H, et al. Parallel quantum-inspired genetic algorithm for combinatorial optimization problems[C]. Proc of the IEEE Conf on Evolutionary Computation. Piscataway: IEEE Press, 2001: 1442-1429.
- [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.

(下转第863页)

APSO-II 是将有序(标准 PSO)和无序(自适应寻优)进行适当分离,充分发挥各自的优势.在自适应寻优阶段,通过在最优粒子邻域空间探寻更优化的解.一旦新的优化解被发掘,便利用标准 PSO 快速寻优.通过对 4 个 Benchmark 函数的测试表明,APSO-II 在收敛快速性和收敛深度上均优于 DPSO, HPSO, AEPSO 以及 APSO, 从而证明了算法的有效性.

参考文献(References)

- [1] Kennedy J, Eberhart R. Particle swarm optimization, neural networks[C]. Proc of IEEE Int Conf on Neural Networks. Perth, 1995: 1942-1948.
- [2] Xie X F, Zhang W J, Yang Z L. A dissipative particle swarm optimization [C]. Proc of the Congress on Evolutionary Computation. Honolulu, 2002: 1456-1461.
- [3] Ratnaweera A, Halgamuge S K, Watson H C. Self-organizing hierarchical particle swarm optimizer with time-varying acceleration coefficients [J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2004, 8(3): 240-255.
- [4] 赫然, 王永吉, 王青, 等. 一种改进的自适应逃逸微粒群算法及实验分析[J]. 软件学报, 2005, 16(12): 2036-2044.
(He R, Wang Y J, Wang Q, et al. An improved particle swarm optimization based on self-adaptive escape velocity[J]. J of Software 2005, 16(12): 2036-2044.)
- [5] 孟红记, 郑鹏, 梅国辉, 等. 基于混沌序列的粒子群优化算法[J]. 控制与决策, 2006, 21(3): 263-266.
(Meng H J, Zheng P, Mei G H, et al. Particle swarm optimization algorithm based on chaotic series [J]. Control and Decision, 2006, 21(3): 263-266.)
- [6] 陈如清, 俞金寿. 混沌粒子群混合优化算法的研究与应用[J]. 系统仿真学报, 2008, 20(3): 685-688.
(Chen R Q, Yu J S. Study and application of chaos particle swarm optimization-based hybrid optimization algorithm[J]. J of System Simulation, 2008, 20(3): 685-688.)
- [7] Millonas M M. Swarms, phase transitions, and collective intelligence [M]. Massachusetts: Addison Wesley Reading, 1994: 417-445.
- [8] 罗辞勇, 陈民铀. 适应性粒子群优化算法[J]. 控制与决策, 2008, 23(10): 1135-1138.
(Luo C Y, Chen M Y. Adaptive particle swarm optimization[J]. Control and Decision, 2008, 23(10): 1135-1138.)
- [9] Shi Y, Eberhart R. A modified particle swarm optimizer [C]. IEEE World Congress on Computational Intelligence. Anchorage, 1998: 69-73.
- [10] 谢晓锋, 张文俊, 杨之廉. 微粒群算法综述[J]. 控制与决策, 2003, 18(2): 129-134.
(Xie X F, Zhang W J, Yang Z L. Overview of particle swarm optimization[J]. Control and Decision, 2003, 18(2): 129-134.)
- [5] Yang S Y, Jiao L C. The quantum evolutionary programming [C]. Proc of the 5th Int Conf on Computational Intelligence and Multimedia Applications. Xi'an: IEEE, 2003: 362-367.
- [6] 陈辉, 张家树, 张超. 实数编码混沌量子遗传算法[J]. 控制与决策, 2005, 20(11): 1300-1303.
(Chen H, Zhang J S, Zhang C. Real-coded chaotic quantum-inspired genetic algorithm [J]. Control and Decision, 2005, 20(11): 1300-1303.)
- [7] 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 G X, Li N, Jin W D, et al. A novel quantum genetic algorithm and its application [J]. Acta Electronica Sinic, 2004, 32(3): 476-479.)
- [8] Cruz A V A, Vellasco M B R, Pacheco M A C. Quantum-inspired evolutionary algorithm for numerical optimization [C]. IEEE Congress on Evolutionary Computation. Vancouver, 2006: 2630-2637.
- [9] 盛骤, 谢式千, 潘承毅. 概率论与数理统计[M]. 北京: 高等教育出版社, 2002.
(Sheng Z, Xie S Q, Pang C Y. Probability and statistics [M]. Beijing: China Higher Education Press, 2002.)
- [10] 江瑞, 罗予频, 胡东成, 等. 一种协调勘探和开采的遗传算法: 收敛性及性能分析[J]. 计算机学报, 2001, 24(12): 1233-1241.
(Jiang R, Luo Y P, Hu D C, et al. A genetic algorithm by coordinating exploration and exploitation: Convergence properties and performance analyse [J]. Chinese J of Computers, 2001, 24(12): 1233-1241.)
- [11] Yao X, Liu Y, Lin G. Evolutionary programming made faster[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 1999, 3(2): 82-102.
- [12] Tu Z, Lu Y. A robust stochastic genetic algorithm (STGA) for global numerical optimization[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2004, 8(5): 456-470.

(上接第 858 页)