

协同进化扩展紧致量子进化算法

刘 振, 胡云安, 彭 军

(海军航空工程学院 a. 控制工程系, b. 接改装训练大队, 山东 烟台 264001)

摘要: 为了提高量子进化算法的全局收敛性能, 基于协同进化的思想, 并结合扩展紧致遗传算法, 提出了协同进化扩展紧致量子进化算法 (CECQEA). 该算法利用多粒度机制进行量子染色体的旋转, 并依据边缘积模块 (MPM) 进行交叉和变异以避免优良模式的破坏; 在每一个子种群内对个体依据 MPM 进行自调整操作, 同时进行种群的分裂、合并及优良个体的迁移操作. 通过对算法收敛性的分析可看出, CECQEA 能够收敛到满意解集; 经基准函数以及背包问题的仿真测试分析可看出, 算法收敛效果更加明显.

关键词: 量子进化算法; 分布估计; 扩展紧致; 协同进化

中图分类号: TP15

文献标志码: A

Coevolutionary quantum evolutionary algorithm based on extended compact

LIU Zhen, HU Yun-an, PENG Jun

(a. Department of Control Engineering, b. Training Brigade of Equipment Acceptance and Modification, Naval Aeronautical and Astronautical University, Yantai 264001, China. Correspondent: LIU Zhen, E-mail: hylz1008@126.com)

Abstract: In order to promote the convergence performance of the quantum evolutionary algorithm, a coevolutionary extended compact quantum evolutionary algorithm is proposed. Quantum chromosome can be rotated according to the multi-granularity mechanism. Chromosome crossover and mutation are based on the MPM in order to avoid loss of better pattern, and the self-adjust operation is performed in the subpopulation. Spilt and merge operation are also executed in the subpopulation and some superior individuals migrate between subpopulation, and the trait of convergence is analyzed in the paper. The proposed algorithm can reach the satisfactory solution set. Simulation results of benchmark functions and the knapsack problems show that the proposed algorithm performs well than other algorithms.

Key words: quantum evolutionary algorithm; estimation of distribution; extended compact; coevolutionary

0 引言

量子进化算法 (QEA) 是基于量子计算原理的一种概率优化方法. 文献 [1] 提出了量子进化算法的概念, 并用来求解优化问题, 结果表明 QEA 的性能优于传统遗传算法. 量子进化算法经过十多年的发展, 已被广泛应用于组合优化、神经网络和故障诊断等众多领域中. 分布估计算法 (EDA) 旨在克服传统进化算法容易陷入极值以及过早收敛问题而提出的. 扩展紧致遗传算法 (ECGA) 由 Harik^[2] 提出, 属于一种典型的分布估计算法. 该算法并没有传统的交叉和变异操作, 而是将染色体中的基因位根据其连接强度, 划分为一系列的边缘积模块 (MPM) 进行进化, 保证了优良模

式的良性增长.

文献 [3] 注意到量子进化算法与分布估计算法之间的关联, 指出量子进化算法是一种特殊形式的低阶分布估计算法. 文献 [4] 采用一种全面学习的思想提高量子进化算法的全局收敛性能, 使得每个量子位能够自主地向不同的优良解进行学习. 采用这种学习在本质上是将 QEA 作为一种低阶的单变量 EDA 进行进化. 因此, 为提高 QEA 的全局收敛性, 可将 ECGA 引入 QEA 的进化过程中, 将量子染色体中的基因位划分为 MPM, 并以 MPM 为基本单位进行进化.

无论是量子进化算法还是分布估计算法, 一般都

收稿日期: 2012-10-31; 修回日期: 2013-04-01.

基金项目: 国家自然科学基金项目 (61174031, 60674090).

作者简介: 刘振 (1983—), 男, 博士, 从事智能优化理论及应用的研究; 胡云安 (1966—), 男, 教授, 博士生导师, 从事非线性控制、智能系统等研究.

只是考虑单一种群的进化, 很少考虑种群与种群之间以及种群与环境之间的相互作用, 但是在自然界的生物进化机制中, 协同进化现象是自然界普遍存在的现象. 因此, 本文在量子进化算法中融合分布估计的思想, 同时基于协同进化机制, 提出了一种协同进化扩展紧致量子进化算法 (CECQEA). 采用量子染色体多粒度的旋转, 引入 MPM 交叉及 MPM 变异, 同时对个体进行局部自调整操作, 并采用种群的分裂、合并操作以及种群间的个体交流方法, 使得种群的多样性增强. 通过仿真实验验证, 所得到的解精度高, 能够提高算法收敛效果.

1 协同进化扩展紧致量子进化算法

1.1 多粒度量子染色体更新

传统的量子进化算法都采用固定的旋转角策略, 即对所有个体在每一代种群的进化过程中都采用相同的旋转角, 这会导致整个种群的进化缓慢, 可采用多粒度机制进行量子染色体的更新^[5], 即为种群个体赋予不同的旋转角, 增加进化过程的种群多样性. 多粒度旋转的旋转角大小设置为

$$\theta_i = \begin{cases} \frac{c(f_i - f_{\min})}{\bar{f} - f_{\min}}, & f_{\min} \neq \bar{f}; \\ c, & f_{\min} = \bar{f}. \end{cases} \quad (1)$$

其中: $c \in [0.01\pi, 0.05\pi]$ 为固定常数, \bar{f} 为整个种群的平均适应度, f_{\min} 为适应度最小值. 令 $H_0 = [\alpha_0 \beta_0]^T$ 为当前最优解中某一位的概率幅, $H_1 = [\alpha_1 \beta_1]^T$ 为当前解中某一位的概率幅. 记 $A = (H_0 \ H_1)$, 旋转角确定方法为: 当 $|A| \neq 0$ 时, 方向与 $-\text{sgn}(|A|)$ 相同; 当 $|A| = 0$ 时, 若 $\beta_0 = \beta_1$, 则不用旋转, 其他情形下不限制旋转方向. 记 H_0 和 H_1 的相位角度分别为 θ_0 和 θ_1 , 分 4 种情形进行证明.

1) 当 $\alpha_0 \neq 0, \alpha_1 \neq 0$ 时: 如果 $|A| \geq 0$, 则 $\beta_1/\alpha_1 \geq \beta_0/\alpha_0$, H_1 需要顺时针旋转, 旋转角为负, 方向为 $-\text{sgn}(|A|)$; 如果 $|A| \leq 0$, 则 $\beta_1/\alpha_1 \leq \beta_0/\alpha_0$, H_1 需要逆时针旋转, 旋转角为正, 方向为 $-\text{sgn}(|A|)$.

2) 当 $\alpha_0 \neq 0, \alpha_1 = 0$ 时, $|A| = \alpha_0\beta_1$, 此时 $\beta_1 = \pm 1$, 分为两种情况进行分析: 当 $\alpha_0 > 0, \beta_1 = 1$ 时, $|A| > 0$, 此时 $-\pi/2 < \theta_0 < \pi/2, \theta_1 = \pi/2$, 旋转方向为负; 当 $\alpha_0 > 0, \beta_1 = -1$ 时, $|A| < 0$, 此时 $-\pi/2 < \theta_0 < \pi/2, \theta_1 = -\pi/2$, 旋转方向为正, 即 $-\text{sgn}(|A|)$. 同理可得 $\alpha_0 < 0$ 时的情形.

3) 当 $\alpha_0 = 0, \alpha_1 \neq 0$ 时, 此种情形下的证明过程与第 2 种情形相似.

4) 当 $\alpha_0 = 0, \alpha_1 = 0$ 时, 此时 $|A| = 0, \beta_0 = \pm 1, \beta_1 = \pm 1$, 分为两种情况说明: 当 $\beta_0 = \beta_1$ 时, $H_0 = H_1$,

此时不用旋转; 当 $\beta_0 = -\beta_1$ 时, $|\theta_0 - \theta_1| = \pi$, 方向取正负均可.

当量子概率幅 $|\alpha_i^t|^2$ 或 $|\beta_i^t|^2$ 到达 1 或 0 后, 所有观测状态都将为 1 或 0, 这可能会使算法陷入局部极值. H_ε 门可以有效克服该问题^[1], 即当 $|\alpha_i^t|^2 \leq \varepsilon$ 时, 将量子基因位设置为

$$[\alpha_i^t, \beta_i^t]^T = [\sqrt{\varepsilon}, \sqrt{1-\varepsilon}]^T;$$

当 $|\alpha_i^t|^2 \geq 1 - \varepsilon$ 时, 将量子基因位设置为

$$[\alpha_i^t, \beta_i^t]^T = [\sqrt{1-\varepsilon}, \sqrt{\varepsilon}]^T.$$

1.2 基于 MPM 的交叉和变异方法

以往诸多文献所采用的量子交叉操作^[6-7]与遗传算法的交叉策略接近, 势必会破坏原有量子染色体中的优良位置, 使算法陷入局部极值. 因此本文提出了 MPM 交叉的概念.

定义 1 将每个 MPM 视为一个整体, 依据量子染色体中的 MPM 进行交叉, 交叉过程只针对 MPM, 称之为 MPM 交叉.

MPM 交叉的具体过程可以表示为: 以一定的交叉概率 p_c 选择一个 MPM 进行交叉. MPM 交叉只针对 MPM, 保持了优良个体之间的连接关系, 采用 MPM 交叉后, 可以保证原有个体的良性增长.

举例说明 MPM 的交叉方法. 对于两个有 6 个基因位的量子染色体 q_i 和 q_j , 假设被划分为 3 个 MPM, 若选择了 MPM 1, 则交叉方式如图 1 所示.

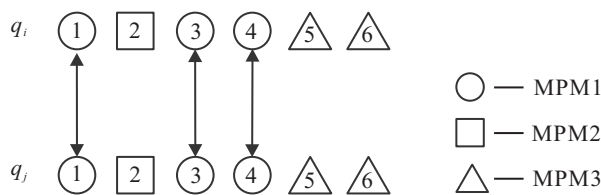


图 1 MPM 交叉示意图

在量子进化算法中采用变异方式能有效地防止早熟, 但随机地选择变异位会破坏种群的优良模式, 导致收敛速度减慢并容易陷入局部极值, 因此本文提出基于 MPM 的变异方式, 阐述如下:

定义 2 以一定概率选择某一个 MPM, 对该 MPM 中的每个基因位以变异概率 p_m 互换概率幅.

1.3 优良个体自调整操作

量子个体根据当前子种群内感知到的局部最优解进行自学习和调整, 从而使个体趋向于全局最优解. 当算法进化到后期, 个体逐步趋向于最优解, 子种群内部的个体相似性逐步增强, 因此单纯地采用交叉和变异方法无法有效地改变种群内部个体的进化情况. 为了有效地进行个体的局部调整, 提出一种 MPM 自

交叉与大变异相结合的方法对优良个体实行自调整操作, 执行自调整的个体集合为

$$\chi = \{X \mid |f(X_{\text{best}}) - f(X)| \leq \mu\}.$$

其中: $f(X_{\text{best}})$ 为最优个体适应度值, μ 为预设阈值.

1.3.1 MPM 自交叉的实现

MPM 自交叉分为两种方式: 当 MPM 只有一个基因位时, 对量子染色体进行单点交叉操作; 当 MPM 包含不止一个基因位时, 例如选择 MPM 1 时, q_i 自交叉前后如图 2 所示.

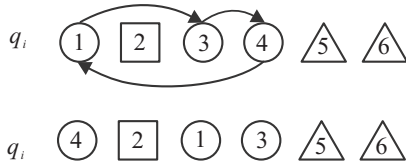


图 2 MPM 自交叉示意图

1.3.2 MPM 大变异操作的实现

在种群进化过程中, 变异概率都设置的较小, 这样可以使种群保持一定的多样性, 不至于使算法变为一种随机搜索方法. 但当种群进化到后期, 仍然采用较小的变异概率则对进化过程作用不大, 因此在某一代的进化过程中, 对个体设定一个较大的变异概率, 将能有效地提高进化效率. 设定第 i 个子种群的规模为 n_i , 则 MPM 大变异操作步骤如下.

Step 1: 当第 i 个子种群的最大适应度 f_{max} 和平均适应度 f_{avg} 满足

$$\alpha \cdot f_{\text{max}} < f_{\text{avg}}, \quad 0.5 \leq \alpha < 1 \quad (2)$$

时, 执行大变异操作;

Step 2: 产生随机数 β ($0 < \beta \leq 0.2$), 选出适应度最差的 $\lfloor \beta n_i \rfloor$ 个个体进行大变异操作, $\lfloor \cdot \rfloor$ 表示向下取整操作;

Step 3: 对所选中的个体执行 MPM 大变异操作, 大变异概率设置为 $p_m^{\text{big}} = 5p_m$.

1.4 种群协同进化机制的实现

1.4.1 分裂操作

当子种群规模较大时, 协同进化的意义不大, 因此必须保证分群的均匀性, 使得种群规模不至于过大. 当满足下式时, 对子种群规模进行调整:

$$(n_i \geq sp_{\text{max}}) \vee (\text{rand}(0, 1) < n_i/N, n_i \leq sp_{\text{max}}), \quad (3)$$

其中 sp_{max} 表示设定的子种群的最大规模. 为保证分裂的均匀性, 对某一个子种群的具体调整方法是把所有个体的适应度进行排列, 将个体按奇偶数均匀分配为两个种群.

1.4.2 合并操作

对量子染色体进行观测后, 按照

$$E[sp_k^i] = \sum_{j=1}^{n_i} (-p_{jk}^i \log p_{jk}^i), \quad k = 1, 2, \dots, l, \quad (4)$$

$$\bar{E}[sp^i] = \frac{\sum_{k=1}^l \sum_{j=1}^{n_i} (-p_{jk}^i \lg p_{jk}^i)}{l} = \frac{\sum_{k=1}^l E[sp_k^i]}{l} \quad (5)$$

计算第 i 个子种群第 k 位的信息熵 $E[sp_k^i]$ 及子种群的平均信息熵 $\bar{E}[sp^i]$. 其中 p_{jk}^i 表示第 i 个子种群中第 j 个个体的第 k 个基因位为 0 或 1 的概率, 由平均信息熵可以度量量子种群的相似性, 因此定义子种群 i 和 j 的相似度为

$$RE_{ij} = |\bar{E}[sp^i] - \bar{E}[sp^j]|. \quad (6)$$

sp_{min} 表示子种群最小规模, RE_{min} 表示相似度最小值. 当满足下式时, 执行合并算子.

$$(n_i \leq sp_{\text{min}}) \vee (RE_{ij} < RE_{\text{min}}). \quad (7)$$

1.4.3 种群交流操作

在子种群之间进行个体的交流. 选择当前的两个子种群, 令 $\lambda = (\bar{f}_1/\bar{f}_2)e^{-(t/t_{\text{max}})}$, \bar{f}_1 和 \bar{f}_2 为两个种群的平均适应度, t 为当前运行的代数, t_{max} 为最大迭代次数. 种群交流的比例为 $\psi = \min\{1, \lambda\}$, 种群间交流的个体数目为 $n_{\text{ex}} = \lceil \psi \cdot n_{\text{max}} \rceil$, n_{max} 为种群交流的最大值, 其值不超过子种群的最大数目, $\lceil \cdot \rceil$ 表示向上取整.

通过上述的描述, 可以总结协同进化扩展紧致量子进化算法的具体流程如下.

Step 1: 确定种群规模 N , 量子染色体的编码长度 l , H_ϵ , 循环迭代次数 t_{max} 和子种群规模等参数信息, 初始化种群 $Q(0) = \{q_1^0, q_2^0, \dots, q_N^0\}$;

Step 2: 将种群分为 n 个子种群, 依据式 (1) 确定旋转角大小, 按照 1.1 节的方法确定旋转角方向, 进行多粒度量子染色体旋转, 并对个体依据 H_ϵ 门进行调整;

Step 3: 对 $Q(t)$ 中的所有个体进行一次测量, 得到观测种群 $P(t)$;

Step 4: 将 $P(t)$ 中的所有个体按照基因位划分为 $m(t)$ 个 MPM, 并依据交叉概率 p_c 和变异概率 p_m 对量子染色体进行 MPM 交叉和变异, 并判断 MPM 交叉和变异后个体适应度, 如果适应度更优则保留操作, 否则撤销该操作;

Step 5: 对每个子种群中的优良个体进行自调整操作, 进行MPM自交叉以及MPM大变异的操作, 判断自调整前后最优个体的进化情况, 如果适应度更优, 则保留该操作, 否则撤销;

Step 6: 当满足式(3)和(7)时, 进行种群的分裂和合并, 并进行个体迁移;

Step 7: 判断是否满足循环终止条件, 满足则结束, 输出最优解, 否则转入Step 2.

协同进化扩展紧致量子进化算法流程如图3所示.

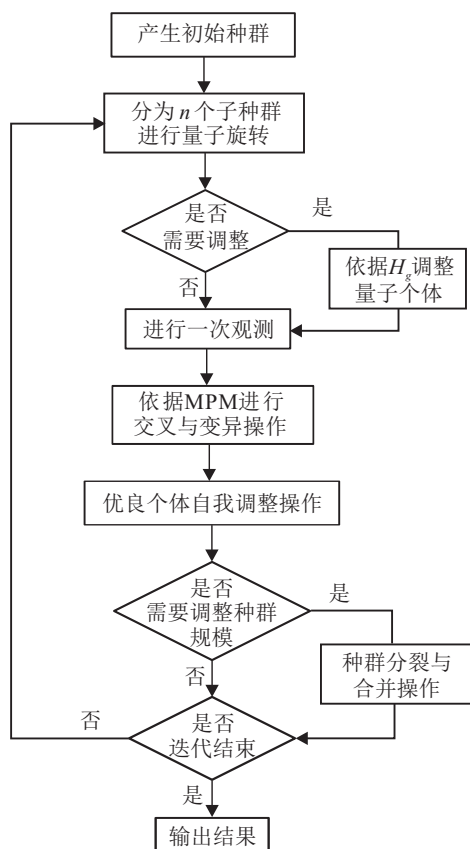


图3 协同进化扩展紧致量子进化算法流程

2 收敛性分析

定理1 协同进化扩展紧致量子进化算法的种群序列 $\{X(t), t \geq 0\}$ 是有限齐次马尔科夫过程.

证明 假定以 r 进制进行编码, 则个体的变化范围为 $(0, 0, \dots, 0)$ 到 $(r-1, r-1, \dots, r-1)$, 整个状态空间为 $\Omega = r^{N \cdot l}$, 因此状态空间是有限的. 又由于 $X(t+1) = T_u \cdot T_d(X(t))$. 其中: T_u 为种群间的协同进化算子, 包括分裂算子、合并算子、子种群交流算子; T_d 包括量子染色体旋转算子、MPM交叉和MPM变异算子、自调整算子. 可以看到, T_u 和 T_d 均与 t 无关, 因此 $X(t+1)$ 仅与 $X(t)$ 有关, 即 $\{X(t), t \geq 1\}$ 是有限齐次马尔科夫过程. \square

引理1 $\{X(t), t \geq 0\}$ 为马尔科夫序列, B 为任

意满意解集, B^c 为满意解集的补集, 令

$$\alpha_t^B = P(X(t+1) \cap B^c \neq \emptyset / X(t) \cap B^c = \emptyset),$$

$$\beta_t^B = P(X(t+1) \cap B^c \neq \emptyset / X(t) \cap B^c \neq \emptyset),$$

若 α_t^B 和 β_t^B 满足^[8]:

$$1) \sum_{t=1}^{\infty} (1 - \beta_t^B) = \infty;$$

$$2) \alpha_t^B / (1 - \beta_t^B) = 0.$$

则 $\{X(t), t \geq 0\}$ 概率强收敛到满意解集 B , 即

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P(X(t) \subset B) = 1.$$

定理2 协同进化扩展紧致量子进化算法的种群马尔科夫序列 $\{X(t), t \geq 0\}$, 概率强收敛到满意解集 B .

证明 由算法的流程可以得到, 当 t 时刻的种群包含满意解集时, 下一时刻必将包含满意解集, 因此

$$P(X(t+1) \cap B^c \neq \emptyset / X(t) \cap B^c = \emptyset) = 0,$$

故 $\alpha_t^B = 0$, 从而条件2)得证. 条件1)等价于 $\lambda = \sup(\beta_t^B) < 1$. 因为

$$P(X(t+1) \cap B^c \neq \emptyset / X(t) \cap B^c \neq \emptyset) + P(X(t+1) \cap B^c = \emptyset / X(t) \cap B^c \neq \emptyset) = 1,$$

故可推出

$$\beta_t^B = 1 - P(X(t+1) \cap B^c \neq \emptyset / X(t) \cap B^c \neq \emptyset).$$

由于

$$P(X(t+1) \cap B^c = \emptyset / X(t) \cap B^c \neq \emptyset) > 0,$$

此时, 当 $P(X(t) \subset B) < 1$ 时, 满足

$$P(X(t+1) \subset B) = 1,$$

可以得到 $\lambda = \sup(\beta_t^B) < 1$, 因而条件1)满足, 从而协同进化扩展紧致量子进化算法概率强收敛到满意解集 B . \square

3 仿真分析

3.1 选用基准函数进行仿真分析

选用基准函数进行仿真分析, 在 Matlab 7.0 语言环境进行编程, 计算机配置为: Intel(R) Pentium 4 CPU 3.00 GHz. 从文献[2-7]中选择了8个经典的基准函数, 其中: $f_1 \sim f_3$ 为单峰函数, $f_4 \sim f_8$ 为多峰函数. f_1 的最小值为 -1.031628 , 其余函数的最小值均为0, 下面详细给出函数的表达形式和变量的取值范围.

$$f_1(x) = \left(4 - 2.1x_1^2 + \frac{x_1^4}{3}\right)x_1^2 + x_1x_2 + (-4 + 4x_1^2)x_2^2, \quad x_i \in [-3, 3];$$

$$f_2(x) = 100(x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2,$$

$$x_i \in [-2.048, 2.048];$$

$$f_3(x) = \sum_{i=1}^n x_i^2, \quad n = 2, \quad x_i \in [-5.12, 5.12];$$

$$f_4(x) = \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)x_1 + i] \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)x_2 + i],$$

$$x_i \in [-10, 10];$$

$$f_5(x) = 418.9829n - \sum_{i=1}^n x_i \sin(\sqrt{|x_i|}),$$

$$n = 30, \quad x_i \in [-500, 500];$$

$$f_6(x) = 10n + \sum_{i=1}^n [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i)],$$

$$n = 30, \quad x_i \in [-5.12, 5.12];$$

$$f_7(x) = 1 + \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right),$$

$$n = 30, \quad x_i \in [-600, 600];$$

$$f_8(x) = -20 \left(-0.02 \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i^2} - \exp\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \cos(2\pi x_i)\right) + 20 + e, \right.$$

$$n = 30, \quad x_i \in [-30, 30].$$

对算法的初始参数进行设置, 将种群规模 N 设置为 200, 假定此时初始子种群数目为 4, 基本交叉概率 $p_c = 0.7$, 基本变异概率 $p_m = 0.05$, 子种群最大规模 $sp_{\max} = 100$, 最小 $sp_{\min} = 20$, $t_{\max} = 100$, $n_{\max} = 20$, $\alpha = 0.5$.

1) H_ε 收敛门对算法运行结果的比较分析.

以 f_1 和 f_2 为例进行分析, 表 1 给出了当 ε 取不同值时的对比结果, 各进行 30 次实验.

表 1 H_ε 收敛门对算法的影响对比

H_ε	指标	f_1	f_2
0.005	均值	-1.03	5.42×10^{-6}
	标准差	1.58×10^{-3}	7.92×10^{-6}
	运行时间/s	4.6	6.1
0.01	均值	-1.03	5.73×10^{-6}
	标准差	2.33×10^{-3}	6.05×10^{-6}
	运行时间/s	3.2	3.9
0.02	均值	-1.02	2.97×10^{-3}
	标准差	3.01×10^{-3}	5.76×10^{-3}
	运行时间/s	2.4	2.6

从表 1 中可以看出: 当 ε 取较小的值 (例如 ε 取为 0.005) 时, 能保证较高的收敛精度, 但算法运行时间偏

长; 当 $\varepsilon = 0.02$ 时, 收敛精度不高, 不能保证得到全局最优解. 综合考虑后发现, 当 $\varepsilon = 0.01$ 时得到的收敛效果最好, 能保证收敛精度, 运行时间也适中, 此时算法稳定性也较高. 在以下的仿真中都设定 $\varepsilon = 0.01$.

2) 协同进化机制对算法的影响分析.

为了验证协同机制对算法的影响, 以 f_3 和 f_4 为例分别将扩展紧致量子进化算法 (ECQEA) 与协同进化扩展紧致量子进化算法 (CECQEA) 进行对比分析. 对 CECQEA 和 ECQEA 独立运行 30 次后, 统计结果如表 2 所示, 其中 f_3 运行 30 次的最优解平均值的迭代结果如图 4 所示.

表 2 协同进化对算法的影响对比

函数	算法	均值	标准差	运行时间/s
f_3	ECQEA	4.34×10^{-3}	2.87×10^{-3}	3.7
	CECQEA	3.57×10^{-3}	1.93×10^{-3}	3.9
f_4	ECQEA	-1.69×10^2	3.44×10^{-3}	5.2
	CECQEA	-1.85×10^2	7.25×10^{-4}	5.8

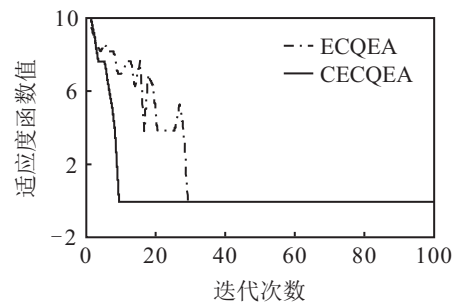


图 4 f_3 函数的仿真对比结果

从表 2 可以看出, 本文算法的平均值优于未采用协同的方法, 采用协同后所得到解的标准差也更小, 这表明算法更加稳定. CECQEA 算法需要维护多个子种群, 并进行各子种群之间的交流和合作, 因此增加了系统的开销, 导致每一次迭代过程需要更长的时间, 平均运行时间有所增加.

由图 4 的仿真对比结果可以看出, 采用协同进化后的算法在较少的迭代次数后就能跟踪最优解, 并收敛到全局最优值. 这主要是因为采用协同后, 种群能够进行分裂以及合并操作, 从而创造了更优的小生境寻优环境; 同时, 种群间采用个体的交流机制极大地提高了种群进化的多样性.

3) 算法对比分析.

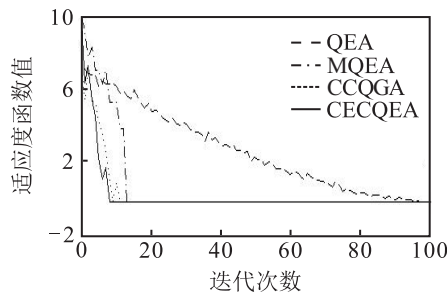
选取 $f_5 \sim f_8$ 分别对基本量子进化算法 (QEA)、多粒度量子进化算法 (MQEA)^[5]、协同竞争量子遗传算法 (CCQGA)^[9] 和本文提出的协同进化扩展紧致量子进化算法 (CECQEA) 进行仿真对比分析.

每次仿真独立运行30次, 迭代次数为100, 将均值和标准差进行对比分析, 统计结果如表3所示. 对比数据表明, 所提出的算法具有较快的收敛速度和较好的收敛精度, 这主要是由于本文引入了多粒度量子旋转门和 H_c 门, 利用MPM交叉和MPM变异的方法, 使得染色体的优良模式不被破坏, 同时采用协同进化机制和个体自调整操作, 使算法在较少的代数内收敛到高精度的解.

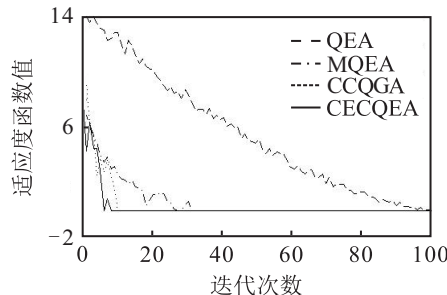
表3 4种算法的仿真对比

函数	算法	均值	标准差
f_5	QEA	6.31×10^{-1}	3.48×10^{-1}
	MQEA	1.39×10^{-1}	5.74×10^{-2}
	CCQGA	3.45×10^{-2}	3.71×10^{-2}
	CECQEA	5.56×10^{-4}	8.53×10^{-4}
f_6	QEA	4.03×10^{-1}	7.91×10^{-2}
	MQEA	1.28×10^{-2}	2.54×10^{-2}
	CCQGA	6.32×10^{-4}	7.67×10^{-5}
	CECQEA	4.78×10^{-4}	3.79×10^{-5}
f_7	QEA	3.79×10^{-1}	7.12×10^{-1}
	MQEA	3.87×10^{-2}	9.21×10^{-4}
	CCQGA	8.01×10^{-4}	3.30×10^{-5}
	CECQEA	5.31×10^{-4}	2.01×10^{-5}
f_8	QEA	5.49×10^{-1}	1.36×10^{-2}
	MQEA	1.87×10^{-2}	6.52×10^{-3}
	CCQGA	1.08×10^{-2}	5.08×10^{-3}
	CECQEA	2.33×10^{-4}	3.94×10^{-4}

f_7 和 f_8 独立运行30次的最优解平均值对比结果如图5所示. 可以看出, CECQEA收敛速度较快, 尤其在函数维数较高时, 优势较为明显, 能够较早地收敛并稳定在最优解附近.



(a) f_7 函数仿真结果比较



(b) f_8 函数仿真结果比较

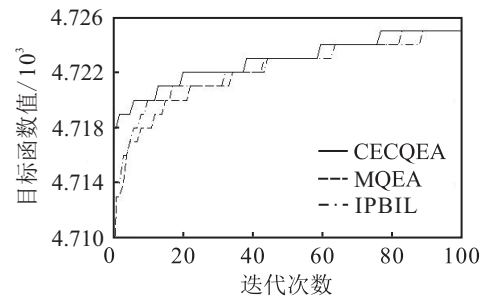
图5 4种算法的仿真对比

3.2 背包问题仿真分析

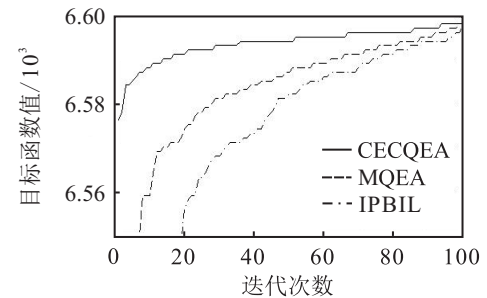
分别对二维背包问题和三维背包问题利用提出的CECQEA、MQEA^[5]和改进的种群增量学习算法(IPBIL)^[10]进行仿真分析, 仿真数据来自文献[11], 其中二维和三维背包问题已知最优值分别为4725和6598. 算法独立运行10次, 统计结果如表4所示, 平均最优值的寻优迭代过程如图6所示.

表4 背包问题的仿真对比

方法	二维背包问题			三维背包问题		
	最优	均值	收敛次数	最优	均值	收敛次数
IPBIL	4725	4723.6	4	6596	6593.7	2
MQEA	4725	4724.3	7	6598	6597.5	6
CECQEA	4725	4725	10	6598	6598	10



(a) 二维背包问题仿真结果对比



(b) 三维背包问题仿真结果对比

图6 背包问题的仿真对比

从仿真结果可以看出, 本文提出的CECQEA收敛速度快, 所得到的解也更好. 对于二维背包问题, 3种算法都能找到最优解, 收敛迭代结果也接近. 但本文的运行结果更稳定, 每次都能找到最优解. 对于三维背包问题, 本文算法能够迅速寻找到最优解, 收敛效果和收敛速度都优于其余两种算法.

4 结论

本文提出了一种协同进化扩展紧致量子进化算法, 采用多粒度机制进行量子染色体的旋转, 保证了优良染色体的寻优速度, 并利用MPM进行交叉和变异操作, 确保了优良模式的累积, 避免了连锁关系的破坏; 对子种群之间采用个体交流机制, 对种群内个体进行局部自调整操作; 对算法进行了收敛性分析, 利用函数仿真对比实验, 验证了算法的有效性和正确

性. 利用分布估计算法中的 MPM 虽然能识别出优良的模式, 但求解速度还有待提高, 因此从基因位角度进化、从染色体局部子结构出发加快算法运行速度的新型算法是下一步需要研究的方向.

参考文献(References)

- [1] 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.
- [2] Harik G. Linkage learning via probabilistic modeling in the ECGA[R]. Illigal Report No. 99010, Illinois Genetic Algorithms Laboratory, University of Illinois, Urbana-Champaign, Illinois, 1999.
- [3] Platel M D, Schliebns S, Kasabov N. Quantum-inspired evolutionary algorithm: a multimodel EDA[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2009, 13(6): 1218-1232.
- [4] 谭立湘, 郭立. 基于全面学习的量子分布估计算法[J]. 模式识别与人工智能, 2010, 23(3): 314-319.
(Tan L X, Guo L. Quantum-inspired estimation of distribution algorithm based on comprehensive learning[J]. Pattern Recognition and Artificial Intelligence, 2010, 23(3): 314-319.)
- [5] Xing H L, Liu X, Jin X, et al. A multi-granularity evolution based quantum genetic algorithm for QoS multicast routing problem in WDM networks[J]. Computer Communications, 2009, 32(2): 386-393.
- [6] Jiao L C, Li Y Y, Gong M G, et al. Quantum-inspired immune clonal algorithm for global optimization[J]. Trans Systems, Man, Cybernetics, Part B, 2008, 38(5): 1234-1253.
- [7] Wang L, Li L. An effective hybrid quantum-inspired evolutionary algorithm for parameter estimation of chaotic systems[J]. Expert Systems with Applications, 2010, 37(2): 1279-1285.
- [8] 张文修, 梁怡. 遗传算法的数学基础[M]. 第2版. 西安: 西安交通大学出版社, 2003.
(Zhang W X, Liang Y. Foundation of genetic algorithm[M]. The 2nd ed. Xi'an: Xi'an Jiaotong University Press, 2003.)
- [9] Gu J W, Gu M Z, Cao C W, et al. A novel competitive co-evolutionary quantum genetic algorithm for stochastic job shop scheduling problem[J]. Computers and Operations Research, 2010, 37(5): 927-937.
- [10] Zhang Q B, Wu T H, Liu B. An improved population-based incremental learning algorithm[C]. Proc of the 26th Chinese Control Conf. Zhangjiajie, 2007: 741-744.
- [11] 熊伟清, 魏平. 二进制蚁群优化算法[J]. 自动化学报, 2007, 33(3): 259-264.
(Xiong W Q, Wei P. Binary ant colony evolutionary algorithm[J]. Acta Automatica Sinica, 2007, 33(3): 259-264.)

(责任编辑: 孙艺红)