

## 一种新的相位角编码量子进化算法

张磊, 方洋旺, 毛东辉, 杨鹏飞

(空军工程大学 航空航天工程学院, 西安 710038)

**摘要:** 针对具有连续解空间的数值函数优化问题, 基于量子算法和实数编码进化算法的思想, 提出一种新的相位角编码量子进化算法(PAQEA)。算法的概率表达特性使得量子染色体能够以一定概率表达优化问题的所有可行解, 结合动态量子旋转门实现染色体的进化, 实现了算法局部搜索与全局搜索的平衡。理论分析证明了算法的全局收敛性。仿真结果表明, 该算法适用于复杂数值函数优化问题, 具有收敛速度快、搜索能力强和稳定性高的特点。

**关键词:** 进化算法; 相位角编码; 量子进化算法; 概率表达; 全局收敛

**中图分类号:** TP18

**文献标志码:** A

## A new phase angle encoded quantum evolutionary algorithm

ZHANG Lei, FANG Yang-wang, MAO Dong-hui, YANG Peng-fei

(School of Aeronautics and Astronautics, Air Force Engineering University, Xi'an 710038, China. Correspondent: ZHANG Lei, E-mail: szl1985@163.com)

**Abstract:** In order to optimize the numerical functions with the continuous solution space, a new phase angle encoded quantum evolutionary algorithm(PAQEA) is proposed based on the quantum computing and real encoded evolutionary algorithm. In PAQEA, a quantum chromosome with probabilistic representation can represent all the feasible solution probabilistically, and the dynamic quantum rotation gate is used to update chromosomes. Thus, the population diversity and directional evolution realize a good balance between exploration and exploitation. Theoretical analysis shows that the PAQEA is a global convergence algorithm. Simulation results show that the algorithm is suitable for the optimization of complex numerical functions, and has the characteristics of rapider convergence, powerful global search capability and better stability.

**Keywords:** evolutionary algorithm; phase angle encoded; quantum evolutionary algorithm; probabilistic representation; global convergence

## 0 引言

量子算法是应用量子力学原理进行并行计算的一种新型计算模式, 其本质特征就是利用量子态的叠加性、相干性和量子比特的纠缠实现量子的并行计算。在量子算法中, 系统不再处于一个固定的状态, 而是以一定概率对应于各个可能状态<sup>[1]</sup>。进化算法是建立在达尔文进化理论基础上的—种群体智能优化算法, 它将优化问题的解用染色体表示, 通过选择、交叉和变异使染色体种群不断进化, 寻求问题的最优解<sup>[2]</sup>。量子进化算法(QEA)<sup>[3-6]</sup>将量子算法与进化算法相结合, 采用量子比特编码表示染色体, 其主要特征在于: 1) 概率幅表示的量子位使得一个量子染色体能够以概率表示所有状态; 2) 从量子染色体到二进制解的观测机制; 3) 通过量子旋转门使得整个种群趋向当前最

优解带来的快速收敛性。

与进化算法类似, 量子进化算法主要有二进制编码和实数编码两种编码方式。基本的量子进化算法采用二进制的量子态及其概率幅描述一个量子比特, 一组量子比特表示一个量子染色体, 经过观测的量子染色体代表问题的一个解<sup>[4]</sup>。采用这种二进制量子比特编码的量子进化算法, 在求解组合优化问题时表现出比传统进化算法更加优越的性能, 但对于具有连续搜索空间的数值优化问题, 算法会产生染色体编码长度灾和频繁编、解码问题, 导致算法搜索效率降低, 无法满足搜索精度的要求。由于实数编码在概念上更加接近问题空间, 在算子的执行上更加有效, 搜索效率更高, 许多学者将实数编码应用到量子进化算法中。Zhao等<sup>[7]</sup>提出了一种实数编码混沌量子进化

收稿日期: 2013-11-16; 修回日期: 2014-04-25。

作者简介: 张磊(1985—), 男, 博士生, 从事智能算法、巡航导弹航路规划与跟踪的研究; 方洋旺(1966—), 男, 教授, 博士生导师, 从事导弹制导与控制、随机最优控制、非线性控制等研究。

算法, 该算法采用混合二倍体编码, 使得问题的解在相空间表达, 通过交叉和混沌变异进行个体进化, 实现了神经网络权重值的调节和学习. 高辉等<sup>[8-9]</sup>基于三倍体编码提出了一种实数编码量子进化算法, 利用量子旋转门和互补双变异算子进化, 在保持解的多样性的同时具有较好的收敛速度. Li 等<sup>[10]</sup>提出了一种基于 Bloch 球面坐标的量子位编码方法, 该方法采用 Bloch 球面坐标表示优化问题的可行解, 可用于连续数值优化问题的求解, 提高搜索效率. 上述研究均采用实数编码染色体, 基于旋转门策略保证进化的方向性, 并设计相应的交叉和变异算子, 尽量维持群体多样性与收敛性之间的平衡. 然而, 由于缺少了问题可行解的概率表达和随机观测, 编码样本多样性极大降低, 量子旋转门策略使得所有染色体都向当前最优染色体快速演化, 算法容易陷入局部最优, 极易早熟.

在详细分析量子算法特点<sup>[11]</sup>的基础上, 本文提出一种新的相位角编码量子进化算法 (PAQEA). 该算法充分利用实数编码和量子染色体概率表达特性的优点, 使得每一条染色体均能以一定概率表达优化问题的所有可行解, 并结合动态量子旋转门有效地保证了种群的多样性和进化的方向性, 实现了算法局部搜索与全局搜索的平衡.

## 1 基于相位角编码的量子进化算法

考虑  $n$  维连续空间数值优化问题

$$\begin{cases} \min F(\mathbf{x}) = F(x_1, x_2, \dots, x_n); \\ \text{s.t. } a_i \leq x_i \leq b_i, i = 1, 2, \dots, n. \end{cases} \quad (1)$$

其中:  $F(\mathbf{x})$  为目标函数;  $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in \mathbf{R}^n$ ;  $a_i$  和  $b_i$  为第  $i$  个变量的上下限.

### 1.1 相位角编码染色体

在相位角编码染色体中, 染色体  $Q(t)$  的第  $i$  个基因位由变量  $x_i$  对应的相位角  $\theta_i$  表示, 长度由解空间的维数  $n$  决定, 则相位角编码染色体可以描述为

$$Q(t) = [\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_n]. \quad (2)$$

其中:  $\theta_i \in [-\pi/2, \pi/2]$ ,  $x_i$  与  $\theta_i$  之间的映射关系如下:

$$x_i = f(\theta_i) = \frac{1}{2} [(b_i - a_i) \sin \theta_i + a_i + b_i]. \quad (3)$$

在以往的研究中<sup>[7-10]</sup>, 染色体  $Q(t)$  中的基因位表示一个确定的相位角, 变量  $x_i$  与相位角  $\theta_i$  之间通过确定的映射关系一一映射. 对于任意基因位, 在解空间中有且仅有一个确定值与其相对应. 在这种机制下, 每一条相位角编码染色体只能表示极少的确定状态, 量子旋转门的作用使得所有染色体向当前最优染色体快速演化, 在搜索过程中染色体无法覆盖到整个可行解空间, 群体多样性极差. 而在 PAQEA 算法中, 假设进化系统是一个量子系统, 系统中所有染色体基因位的状态和行为都具有典型的量子特征, 称为量子位.

染色体  $Q(t)$  中的量子位  $\theta_i$  不再表示一个确定的角度值, 而是以一定的概率表现为区间  $[-\pi/2, \pi/2]$  上所有角度值; 同时, 由于叠加态特性, 染色体  $Q(t)$  映射到解空间后便能在概率上表达所有的可行解.

定义观测后量子位  $\theta_i$  的状态  $o(\theta_i)$  为

$$o(\theta_i) = \theta_i + r, \quad (4)$$

其中  $r$  为随机数, 使得  $o(\theta_i)$  的分布跟  $o(\theta_i)$  和  $\theta_i$  之间的距离成反比, 越远离  $\theta_i$ , 概率越小.

随机数  $r$  集中体现量子算法的概率表达特性, 决定染色体在解空间的映射的分布, 因此选择合适的分布函数至关重要. 本文选择指数分布和正态分布进行研究, 不同的分布函数和函数参数将产生不同的 PAQEA 算法. 服从指数分布的随机数为

$$r = \text{sgn}(\text{rand1})\text{rand2}. \quad (5)$$

其中:  $\text{rand1}$  为  $[-1, 1]$  上均匀分布随机数;  $\text{rand2}$  服从参数为  $\gamma$  的指数分布, 其概率密度函数为

$$u(\text{rand2}) = \frac{1}{\gamma} e^{-\text{rand2}/\gamma}, \quad (6)$$

服从正态分布的随机数的概率密度函数为

$$u(r) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma}} e^{-\frac{r^2}{2\sigma^2}}. \quad (7)$$

### 1.2 动态量子旋转门

染色体进化是量子进化算法搜索的核心, 是种群提高适应度的关键手段. 在量子进化算法中, 通过对量子旋转门的反复执行测量与更新操作, 可使种群最终收敛到最优解. 量子旋转门更新的实质是改变量子位的相位角, 则旋转门对量子位的操作由矩阵与向量相乘转换为相位角的加减.

在 PAQEA 中,  $t$  代种群中的某个染色体  $Q_i(t)$  的  $t+1$  代染色体  $Q_i(t+1)$  的第  $j$  个量子位为

$$\begin{aligned} \theta_{ij}(t+1) = \\ \theta_{ij}(t) + \text{sgn}(\theta_{jj}(t) - \theta_{ij}(t))\Delta\theta_{ij}(t). \end{aligned} \quad (8)$$

其中:  $\Delta\theta_{ij}(t)$  为量子旋转门的转角,  $\theta_{jj}(t)$  为  $t$  代最优染色体的第  $j$  个量子位.

要使算法既能利用历史信息搜索当前空间, 又能兼顾对未知空间的探索, 需要合理确定量子旋转门旋转角. 若搜索点的目标函数值较大, 则表明搜索点距离最优值点较远, 需要选择较大的转角来提高搜索效率; 反之, 若搜索点处的目标函数值较小, 则表明搜索点接近最优值点, 需要选择较小的转角, 防止算法越过全局最优解. 对于染色体  $Q_i(t)$ , 对应的解记为  $P_i(t)$ , 其动态旋转角为

$$\Delta\theta_{ij}(t) = \Delta\theta_0 \exp\left(-\lambda \frac{F_{\max} - F(P_i(t))}{F_{\max} - F(P_g(t))}\right). \quad (9)$$

其中:  $\Delta\theta_0$  为初始旋转角;  $\lambda$  为正常数, 用于调整转角的变化率;  $F_{\max}$  为当代染色体的最大目标函数值;

$F(P_i(t))$  为  $Q_i(t)$  对应的目标函数值;  $F(P_g(t))$  为当前最优解  $P_g(t)$  的目标函数值.

### 1.3 算法步骤

本文基于量子位的概率表达特性和叠加态特性, 提出一种采用相位角编码并具有量子算法典型特征的进化算法——PAQEA, 其具体步骤如下.

**Step 1:** 算法参数初始化. 确定种群大小  $m$ 、最大迭代次数  $NC_{\max}$ 、分布函数及其参数、初始旋转角  $\Delta\theta_0$  和转角变化率调整系数  $\lambda$ .

**Step 2:**  $t = 0$ , 种群初始化. 随机初始化得到  $m$  个相位角编码染色体  $\{Q_1(t), Q_2(t), \dots, Q_m(t)\}$ .

**Step 3:** 量子位的观测. 根据式 (4) 对染色体的部分量子位进行观测, 确定观测后的染色体  $O_i(t)$ .

**Step 4:** 种群评价. 分别将  $Q_i(t)$  和  $O_i(t)$  映射到解空间, 计算目标函数值, 保留其中函数值较小的染色体到  $Q_i(t)$ , 并确定最优解  $P_g(t)$  及其对应的染色体.

**Step 5:** 种群更新. 对种群中的染色体  $Q_i(t)$  执行动态量子旋转门操作.

**Step 6:**  $t = t + 1$ , 终止条件判断. 当满足条件时, 输出当前最优解  $P_g(t)$ , 算法结束, 否则转 Step 3.

## 2 算法收敛性分析

如前文所述, PAQEA 是一种保留最优染色体的基于相位角编码的进化算法. 由于染色体的取值是连续的, 理论上种群所在的状态空间是无限的, 但在实际运算过程中, 所有染色体都是精度有限的, 因此种群状态有限, PAQEA 的种群序列可以视为一个有限状态空间齐次马尔可夫链.

对于数值优化问题 (1), 其全局最优解记为  $\mathbf{x}_{\text{best}}$ , 对应的相位角向量为  $\theta_{\text{best}}$ , 则全局最优值为

$$F_{\text{best}} = F(\mathbf{x}_{\text{best}}) = F(f(\theta_{\text{best}})). \quad (10)$$

设在  $t$  代种群中,  $m$  个染色体分别用向量表示, 则

$$\Theta_t = \{\theta_1^t, \theta_2^t, \dots, \theta_m^t\}, \quad (11)$$

其中  $\theta_t$  为向量表示的  $t$  代种群.

由于 PAQEA 记录最优染色体, 保证了每一代最优解都不会出现退化, 即

$$F(f(\theta_{\text{best}}^t)) \leq F(f(\theta_{\text{best}}^{t-1})), \quad (12)$$

其中  $\theta_{\text{best}}^t$  为  $t$  代最优解对应的相位角向量.

**定义 1** 对于给定求解精度  $\varepsilon$ , 若  $t$  代种群  $\Theta_t$  中的任意一个向量  $\theta_i^t$  满足

$$|F(f(o(\theta_i^t))) - F_{\text{best}}| < \varepsilon, \quad (13)$$

则认为  $o(\theta_i^t) = \theta_{\text{best}}$ , 即  $t$  代种群  $\Theta_t$  包含全局最优解, 记为  $\theta_t \in S_1$ ; 若所有相位角向量均满足

$$|F(f(o(\theta_i^t))) - F_{\text{best}}| \geq \varepsilon, \quad (14)$$

则认为  $t$  代种群  $\Theta_t$  不包含全局最优解, 记为  $\theta_t \in S_2$ .

**定理 1** 在 PAQEA 算法中, 设  $p_{ij}$  为随机过程  $\Theta_t$  的转移概率, 有

$$p_{ij}(t) = p\{\Theta_{t+1} \in S_j | \Theta_t \in S_i\}, \quad (15)$$

算法 PAQEA 的一步转移概率  $p_{21}(t)$  满足

$$0 < p_{21}(t) < 1. \quad (16)$$

**证明** 由全概率公式可得

$$p_{21}(t) = 1 - \prod_{i=1}^m p\{o(\theta_i^{t+1}) \neq \theta_{\text{best}} | o(\theta_i^t) \neq \theta_{\text{best}}\}. \quad (17)$$

对于  $t$  代种群中的个体  $\theta_i^t$ , 其第  $j$  位转角记为  $\delta_j$ , 则执行旋转门操作后, 其下一代  $\theta_i^{t+1}$  的第  $j$  位即为

$$\theta_{ij}^{t+1} = \theta_{ij}^t + \delta_j, \quad (18)$$

其观测值为

$$o(\theta_{ij}^{t+1}) = \theta_{ij}^t + \delta_j + r_j^{t+1}, \quad (19)$$

其中  $r_j^{t+1}$  为由式 (5) 或 (7) 获得的随机数.

对于给定精度  $\varepsilon$ , 存在  $d > 0$ , 对所有  $j \in [1, n]$ , 当

$$|\theta_{ij}^t + \delta_j + r_j^{t+1} - \theta_{\text{best},j}| \leq d \quad (20)$$

成立时, 存在  $0 < \xi < \varepsilon$ , 满足

$$|F(f(o(\theta_i^{t+1}))) - F(f(\theta_{\text{best}}))| \leq \xi, \quad (21)$$

即  $o(\theta_i^{t+1}) = \theta_{\text{best}}$ , 有

$$\begin{aligned} p\{o(\theta_i^{t+1}) \neq \theta_{\text{best}} | o(\theta_i^t) \neq \theta_{\text{best}}\} &= \\ 1 - p\{o(\theta_i^{t+1}) = \theta_{\text{best}} | o(\theta_i^t) \neq \theta_{\text{best}}\} &= \\ 1 - \prod_{j=1}^n p\{|\theta_{ij}^t + \delta_j + r_j^{t+1} - \theta_{\text{best},j}| \leq d\}. \end{aligned} \quad (22)$$

假设  $r_j^{t+1}$  的概率分布函数已知, 为  $u(r_j^{t+1})$ , 有

$$\begin{aligned} p\{|\theta_{ij}^t + \delta_j + r_j^{t+1} - \theta_{\text{best},j}| \leq d\} &= \\ \int_{\theta_{\text{best},j} - \theta_{ij}^t - \delta_j - d}^{\theta_{\text{best},j} - \theta_{ij}^t - \delta_j + d} u(r) dr, \end{aligned} \quad (23)$$

则无论  $r_j^{t+1}$  的分布形式和参数, 都有

$$0 < \int_{\theta_{\text{best},j} - \theta_{ij}^t - \delta_j - d}^{\theta_{\text{best},j} - \theta_{ij}^t - \delta_j + d} u(r) dr < 1. \quad (24)$$

由式 (22) 和 (23) 可知

$$0 < p\{o(\theta_i^{t+1}) \neq \theta_{\text{best}} | o(\theta_i^t) \neq \theta_{\text{best}}\} < 1. \quad (25)$$

再由式 (17) 可得

$$0 < p_{21}(t) < 1. \quad (26)$$

由此定理得证.  $\square$

**定义 2** 设  $F_t$  为到  $t$  代搜索到的最优目标函数值, 在 PAQEA 算法中,  $F_t$  是一个随机序列. 当  $t \rightarrow \infty$  时, 有

$$\lim_{t \rightarrow \infty} p\{|F_t - F_{\text{best}}| < \varepsilon\} = 1, \quad (27)$$

则称 PAQEA 算法全局收敛, 即当算法迭代足够多的次数后, 群体中包含全局最优解的概率为 1.

**定理 2** PAQEA 算法是一种全局收敛算法.

证明 令  $p_i^t = p\{\Theta_t \in S_i\}$  ( $i = 1, 2$ ) 表示在  $t$  代群体处于状态  $S_i$  的概率, 由全概率公式可知

$$p_2^{t+1} = p_2^t p_{22}(t) + p_1^t p_{12}(t). \quad (28)$$

由于 PAQEA 保留了最优解, 显然  $p_{11}(t) = 1$ , 则

$$p_2^{t+1} = p_2^t (1 - p_{21}(t)). \quad (29)$$

由定理 1 可知,  $0 < p_{21}(t) < 1$ , 可得

$$p_2^{t+1} < p_2^t, \quad (30)$$

因此

$$\lim_{t \rightarrow \infty} p_2^t = 0, \quad (31)$$

进而可得

$$\lim_{t \rightarrow \infty} p\{|F_t - F_{\text{best}}| < \varepsilon\} = 1 - \lim_{t \rightarrow \infty} p_2^t = 1. \quad (32)$$

由此定理得证.  $\square$

### 3 仿真算例

通过在 Pentium Dual 2.2 GHz, 2G 内存的 PC 上进行仿真来分析算法参数对算法性能的影响, 并通过与粒子群算法 (PSO)、不具有概率表达特性的实数编码量子进化算法 (RQEA) 进行对比, 以验证算法的优越性.

#### 3.1 算法参数分析

PAQEA 算法主要是在实数编码的量子进化算法中引入了染色体的概率表达特性, 使得染色体能够在概率上表达所有的可行解, 丰富解的多样性. 随机数的分布极大地影响了算法的性能, 为测试不同的分布函数对算法性能的影响, 本文以 30 维 Rastrigin 函数为目标函数, 评估正态分布和指数分布的 PAQEA 算法的性能.

$$F(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^{30} [x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i) + 10]. \quad (33)$$

其中:  $x_i \in [-5.12, 5.12]$ , 全局最小值点为  $(0, 0, \dots, 0)$ , 全局最小值为 0.

最大迭代次数  $NC_{\max} = 2000$ , 种群大小  $m = 30$ , 初始旋转角  $\Delta\theta_0 = 1^\circ$ , 转角变化率调整系数  $\lambda = 6$ , 分布函数参数  $\sigma$  和  $\gamma$  均取 0, 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1.0 等 6 个不同的值, 算法对每个参数运行 100 次仿真, 统计优化成功率、平均值、最优值、最劣值和方差, 其中成功标准为最优解函数值与全局最优值之差小于 0.001.

表 1 分别列出了正态分布和指数分布的参数取不同值的情况下, PAQEA 算法求解 Rastrigin 函数的结果. 从表 1 中可以看出, 当参数值为 0 时, 染色体不具有概率表达特性, 算法容易陷入局部最优; 参数为 0.2 时, 两种分布形式的算法都取得最好的结果; 而随着参数值的继续增大, 染色体的概率表达使得观测后的解在整个空间更加分散, 减弱了动态量子旋转门演化的影响, 使得算法的成功次数降低.

表 1 参数分析仿真结果

	$\sigma$	成功率	平均值	最优值	最劣值	方差
	0	0	39.64	20.01	94.52	158.59
正态分布	0.2	0.96	$9.97 \times 10^{-3}$	$9.87 \times 10^{-5}$	0.41	$3.35 \times 10^{-3}$
	0.4	0.78	0.15	$1.24 \times 10^{-4}$	2.19	0.16
	0.6	0.71	0.26	$1.09 \times 10^{-4}$	3.37	0.42
	0.8	0.55	0.48	$1.24 \times 10^{-4}$	5.69	0.95
	1.0	0.45	0.87	$1.27 \times 10^{-4}$	7.20	2.02
	0	0	39.62	20.06	78.60	100.41
指数分布	0.2	0.87	$4.16 \times 10^{-2}$	$1.11 \times 10^{-4}$	1.46	$3.73 \times 10^{-2}$
	0.4	0.75	0.21	$1.15 \times 10^{-4}$	4.87	0.43
	0.6	0.64	0.29	$1.49 \times 10^{-4}$	6.47	0.76
	0.8	0.52	0.67	$1.51 \times 10^{-4}$	5.23	1.35
	1.0	0.44	1.00	$1.12 \times 10^{-4}$	5.96	1.99

#### 3.2 算法性能比较

为验证算法优越性, 采用 PAQEA 与 PSO 和 RQEA 分别对 5 个标准测试函数<sup>[12]</sup>进行求解.

##### 1) Sphere 函数

$$F_1(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n x_i^2. \quad (34)$$

其中:  $x_i \in [-100, 100]$ , 全局最小值点为  $(0, 0, \dots, 0)$ , 全局最小值为 0.

##### 2) Griewank 函数

$$F_2(\mathbf{x}) = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^n x_i^2 - \prod_{i=1}^n \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1. \quad (35)$$

其中:  $x_i \in [-600, 600]$ , 全局最小值点为  $(0, 0, \dots, 0)$ , 全局最小值为 0.

##### 3) Penalized 函数

$$F_3(\mathbf{x}) = \frac{\pi}{30} \left\{ 10 \sin^2(\pi y_1) + \sum_{i=1}^{n-1} (y_i - 1)^2 [1 + 10 \sin^2(\pi y_{i+1})] + (y_n - 1)^2 \right\}. \quad (36)$$

其中:  $y_i = 1 + 0.25(x_i + 1)$ ,  $x_i \in [-50, 50]$ , 全局最小值点为  $(-1, -1, \dots, -1)$ , 全局最小值为 0.

##### 4) Ackley 函数

$$F_4(\mathbf{x}) = -20 \exp\left(-0.2 \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i^2}\right) - \exp\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \cos 2\pi x_i\right) + 20 + e. \quad (37)$$

其中:  $x_i \in [-32, 32]$ , 全局最小值点为  $(0, 0, \dots, 0)$ , 全局最小值为 0.

##### 5) Rastrigin 函数 $F_5(\mathbf{x})$ , 表达式如式 (33) 所示.

5 个标准测试函数的优化维数均为  $n = 30$ , 3 种算法的种群大小均为  $m = 30$ , 最大迭代次数  $NC_{\max} = 2000$ , 分别设定算法参数如下.

1) PSO<sup>[13]</sup>: 惯性权重因子  $w = 0.729$ , 自身学习因子  $c_1 = 1.494$ , 社会学习因子  $c_2 = 1.494$ .

2) RQEA: 基于相位角编码, 采用动态量子门, 无

变异和交叉操作,  $\Delta\theta_0 = 1^\circ, \lambda = 6$ .

3) PAQEA: 采用  $\sigma = 0.2$  的正态分布函数,  $\Delta\theta_0 = 1^\circ, \lambda = 6$ .

不同的算法分别对5个函数进行50次仿真, 并对结果取平均值, 结果如表2所示.

表2 不同算法仿真结果

函数	算法	平均值	最优值	最劣值	方差
$F_1$	PSO	$6.13 \times 10^{-9}$	$3.48 \times 10^{-13}$	$2.73 \times 10^{-7}$	$1.49 \times 10^{-15}$
	RQEA	$4.67 \times 10^{-4}$	$3.29 \times 10^{-4}$	$6.99 \times 10^{-4}$	$6.76 \times 10^{-9}$
	PAQEA	$3.28 \times 10^{-4}$	$1.90 \times 10^{-4}$	$4.40 \times 10^{-4}$	$2.50 \times 10^{-9}$
$F_2$	PSO	$3.12 \times 10^{-2}$	$3.74 \times 10^{-13}$	0.32	$3.36 \times 10^{-3}$
	RQEA	$1.44 \times 10^{-2}$	$5.82 \times 10^{-4}$	$5.23 \times 10^{-2}$	$1.88 \times 10^{-4}$
	PAQEA	$0.88 \times 10^{-2}$	$4.79 \times 10^{-4}$	$3.01 \times 10^{-2}$	$8.25 \times 10^{-5}$
$F_3$	PSO	6.62	$1.19 \times 10^{-10}$	162.75	571.55
	RQEA	301.45	37.79	638.69	$1.84 \times 10^4$
	PAQEA	$4.02 \times 10^{-5}$	$1.55 \times 10^{-5}$	$5.13 \times 10^{-5}$	$8.71 \times 10^{-11}$
$F_4$	PSO	1.24	$2.15 \times 10^{-7}$	5.09	1.41
	RQEA	9.15	2.58	13.73	6.32
	PAQEA	$4.21 \times 10^{-3}$	$3.24 \times 10^{-3}$	$4.83 \times 10^{-3}$	$1.17 \times 10^{-7}$
$F_5$	PSO	54.56	31.84	80.59	106.77
	RQEA	37.15	11.94	57.71	93.64
	PAQEA	$2.66 \times 10^{-2}$	$1.21 \times 10^{-4}$	0.71	$1.35 \times 10^{-2}$

仿真结果表明, 对于寻优较为容易的函数  $F_1(\mathbf{x})$ , 3种算法都具有较好的优化效果, 而PAQEA的寻优精度低于PSO算法是由于  $\lambda = 6$  时, 转角步长的最小值为  $4.76 \times 10^{-5}$ . 由式(3)可知,  $F_1(\mathbf{x})$  的变量变化的最小步长为  $10^{-3}$  级, 因此寻优精度较低. 当增大  $\lambda$  时, 寻优精度提高, 然而若  $\lambda$  过大, 转角步长过小, 则会过度开发当前搜索区域, 影响算法对未知区域的探索, 从而造成寻优失败, 如表3所示.

表3 不同  $\lambda$  取值 Sphere 函数优化结果

$\lambda$	平均值	最优值	最劣值	方差
12	$2.34 \times 10^{-9}$	$1.73 \times 10^{-9}$	$3.51 \times 10^{-9}$	$1.41 \times 10^{-19}$
18	$1.57 \times 10^{-14}$	$1.01 \times 10^{-14}$	$2.24 \times 10^{-14}$	$6.45 \times 10^{-30}$
24	29.53	1.4	50.88	96.43

对于多峰函数  $F_2(\mathbf{x}) \sim F_5(\mathbf{x})$ , 从表2中可以看出, PSO算法虽然能够搜索出精度较高的最优值, 但是算法寻优结果极其不稳定, 容易陷入局部最优; 而RQEA算法对于高维Griewank函数表现较好, 这是由于Griewank函数随着维数的增加, 局部最优的范围越来越小, 忽略局部最小区域的可能性增大. 而对于具有大量局部最优点的  $F_3(\mathbf{x}) \sim F_5(\mathbf{x})$ , RQEA寻优结果极差; 而PAQEA算法, 无论是寻优精度还是算法的稳定性都优于PSO和RQEA算法.

图1~图5所示的是3种算法在50次独立仿真中函数值的平均值的变化曲线, 从图1~图5可以看出, 在求解高维复杂函数时, PAQEA算法在收敛速度和寻优结果上远远优于PSO和RQEA算法.

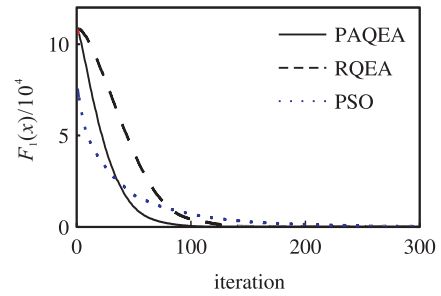


图1 Sphere 函数值变化曲线

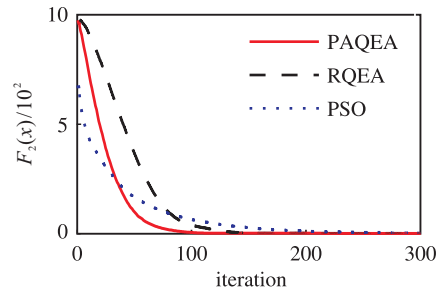


图2 Griewank 函数值变化曲线

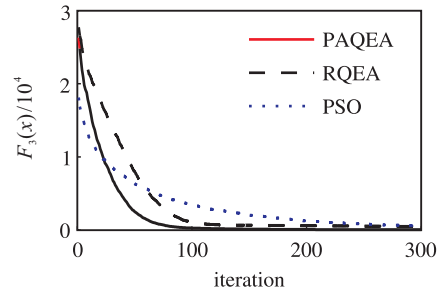


图3 Penalized 函数值变化曲线

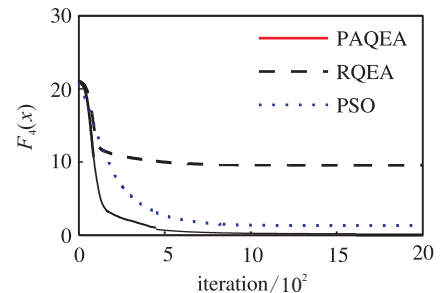


图4 Ackley 函数值变化曲线

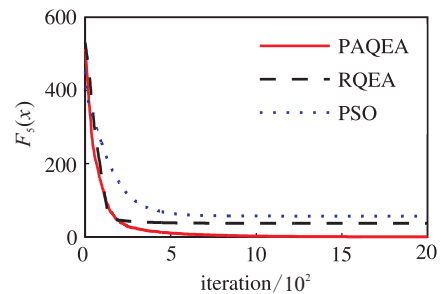


图5 Rastrigin 函数值变化曲线

## 4 结 论

本文基于量子算法的概率表达特性, 提出了一种新的相位角编码量子进化算法, 设计了具有概率表达特性的相位角编码量子染色体和根据目标函数值

动态调整的量子旋转门. 该算法充分利用相位角编码和量子染色体概率表达特性的优点, 克服传统的二进制量子比特编码在求解数值优化问题时编码效率低下、求解精度低的缺点, 使得每一条染色体均能以一定概率表达优化问题的所有可行解; 同时, 采用自适应变步长量子旋转门实现染色体进化, 有效保证了种群的多样性和进化的方向性, 实现了算法局部搜索和全局搜索的平衡. 通过算法的收敛性分析, 表明了 PAQEA 是一种全局收敛优化算法. 最后通过仿真分析了随机数的不同分布形式和参数对 PAQEA 算法性能的影响, 并基于 5 种标准测试函数, 通过与其他两种典型算法的仿真对比, 验证了算法的有效性和优越性.

### 参考文献(References)

- [1] 焦李成, 尚荣华, 马文萍, 等. 多目标优化免疫算法、理论和应用[M]. 北京: 科学出版社, 2010.  
(Jiao L C, Shang R H, Ma W P, et al. Immune algorithm, theory and application of multi-objective optimization [M]. Beijing: Science Press, 2010.)
- [2] Andries P E. 计算群体智能基础[M]. 北京: 清华大学出版社, 2009.  
(Andries P E. Fundamentals of computational swarm intelligence[M]. Beijing: Tsinghua University Press, 2009.)
- [3] Narayanan A, Moore M. Quantum-inspired genetic algorithms[C]. Proc of IEEE Int Conf on Evolutionary Computation. Nagoya, 1996: 61-66.
- [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,  $H_\epsilon$  Gate, and two-phase scheme[J]. IEEE Trans on Evolutionary Computation, 2004, 8(2): 156-169.
- [6] Kim Y, Kim J H, Han K H. Quantum-inspired multi objective evolutionary algorithm for multiobjective 0/1 knapsack problems[C]. IEEE Congress on Evolutionary Computation. Vancouver, 2006: 2601-2606.
- [7] Zhao S F, Xu G H, Tao T F, et al. Real-coded chaotic quantum-inspired genetic algorithm for training of fuzzy neural networks[J]. Computers and Mathematics with Applications, 2009, 57(11/12): 2009-2015.
- [8] 高辉, 徐光辉, 张锐, 等. 实数编码量子进化算法[J]. 控制与决策, 2008, 23(1): 87-90.  
(Gao H, Xu G H, Zhang R, et al. Real coded quantum evolutionary algorithm[J]. Control and Decision, 2008, 23(1): 87-90.)
- [9] 高辉, 张锐. 改进实数编码量子进化算法及其在参数估计中的应用[J]. 控制与决策, 2011, 26(3): 418-422.  
(Gao H, Zhang R. Improved real coded quantum evolutionary algorithms and its application on parameter estimation[J]. Control and Decision, 2011, 26(3): 418-422.)
- [10] Li P, Li S. Quantum-inspired evolutionary algorithm for continuous space optimization based on Bloch coordinates of qubits[J]. Neurocomputing, 2008, 72(1/2/3): 581-591.
- [11] Shor P W. Algorithms for quantum computation: Discrete logarithms and factoring[C]. Proc of the 35th Symposium: Foundation of Computer Science. Santa Fe, 1994: 20-22.
- [12] 纪震, 廖惠连, 吴青华. 粒子群算法及应用[M]. 北京: 科学出版社, 2009.  
(Ji Z, Liao H L, Wu Q H. Particle swarm optimization and its application[M]. Beijing: Science Press, 2009.)
- [13] 段海滨, 张祥银, 徐春芳. 仿生智能计算[M]. 北京: 科学出版社, 2011.  
(Duan H B, Zhang X Y, Xu C F. Bio-inspired computing[M]. Beijing: Science Press, 2011.)

(责任编辑: 孙艺红)