

一种基于实数编码的量子免疫克隆算法

王 娟^a, 李 飞^b

(南京邮电大学 a. 通信与信息工程学院; b. 信号处理与传输研究院, 南京 210003)

摘 要: 传统量子位编码方案需要频繁的解码运算, 降低算法效率。为此, 提出一种基于实数编码的量子免疫克隆选择算法。该算法采用实数编码方式, 应用 Logistic 映射产生混沌变量作为量子旋转门旋转角。实验结果表明, 该算法适用于解决复杂多极值连续函数的寻优问题, 编码简单, 收敛速度快, 寻优能力强。

关键词: 量子计算; 量子免疫克隆算法; 实数编码; 量子旋转门; Logistic 映射

A Quantum-inspired Immune Clonal Algorithm Based on Real-encoding

WANG Juan^a, LI Fei^b

(a. College of Communication and Information Engineering; b. Institute of Signal Processing and Transmission, Nanjing University of Posts and Telecommunications, Nanjing 210003, China)

【Abstract】 Since the decode operation is frequent, which makes the efficiency of algorithms not so outstanding, a novel Quantum-inspired Immune Clonal Algorithm Based on Real Encoding (RQICA) is proposed. This algorithm exploits real-coded method and introduces chaos variables that are produced by logistic mapping into quantum rotation gates to improve searching capability. Experimental results demonstrate that when solving continuous optimization problems, this novel algorithm has a strong ability of global optimization and improves optimization efficiency of common quantum-inspired immune clonal algorithm remarkably.

【Key words】 quantum computing; Quantum-inspired Immune Clonal Algorithm (QICA); real-encoding; quantum rotation gate; Logistic mapping

DOI: 10.3969/j.issn.1000-3428.2012.18.036

1 概述

免疫克隆算法是从 Burnet 等提出的克隆选择学说发展起来的, 近年来得到了飞速发展与广泛应用。文献[1]将免疫克隆选择算法应用于神经网络规则抽取, 文献[2]将免疫克隆算法应用到逆变器的非线性补偿中, 均取得了良好的效果。文献[3-4]将量子搜索机制与免疫克隆原理相融合, 提出量子免疫克隆算法 (Quantum-inspired Immune Clonal Algorithm, QICA), 该算法利用量子编码的叠加性构造抗体, 采用克隆操作产生原种群的克隆子群实现了种群扩展, 使搜索空间扩大, 提高局部搜索能力。对于克隆子群, 文献[3-4]利用最优抗体控制变异; 文献[5]采用量子旋转门进行演进, 同时, 借助全干扰交叉操作, 避免陷入局部最优。量子免疫克隆算法在组合优化问题中有良好表现。

在 QICA 算法中仍采用观测量子位状态进行二进制编码, 这种编码方式虽能有效地保证种群多样性和进化的方向性, 但具有随机性和盲目性; 并且, 其编码复杂, 计算精度受编码位数限制, 需要进行频繁的编解码操作, 增加

了不必要的计算量, 降低了算法效率和寻优速度, 不适合多极值函数的优化问题。

本文在量子免疫克隆算法的基础上提出了一种基于实数编码的量子免疫克隆算法 (Quantum-inspired Immune Clonal Algorithm Based on Real Encoding, RQICA)。该算法利用量子位的概率幅直接编码, 避免了解码操作, 使搜索加速; 采用量子旋转门更新种群, 在确定旋转角的方向时, 借鉴文献[6]提出的一种简单实用的确定规则, 而旋转角大小则由 Logistic 映射产生混沌变量确定, 在简单易行的基础上充分考虑了收敛速度与效率, 适用于解决复杂多极值连续函数的寻优问题。

2 量子免疫克隆算法

2.1 编码方案

同其他量子进化算法一样, QICA 是基于量子位和量子叠加态的概念提出的, 采用量子位的编码方式。量子位是量子计算机中的最小信息单位。一个量子位可以处于 $|0\rangle$ 态、 $|1\rangle$ 态、 $|0\rangle$ 和 $|1\rangle$ 态之间的任意叠加态。一个具有 m 个量子位的抗体可以描述为:

作者简介: 王 娟(1985—), 女, 硕士研究生, 主研方向: 智能信号处理; 李 飞, 教授

收稿日期: 2011-12-12 **修回日期:** 2012-01-16 **E-mail:** flywitha@163.com

$$\begin{pmatrix} \alpha_1 \alpha_2 \cdots \alpha_m \\ \beta_1 \beta_2 \cdots \beta_m \end{pmatrix} \quad (1)$$

其中, α_i 和 β_i ($i=1,2,\dots,m$) 是称为量子位对应态概率幅的复数, 满足归一化条件:

$$|\alpha_i|^2 + |\beta_i|^2 = 1 \quad (2)$$

因此, QICA 是一种概率搜索算法, 一个抗体可以定义为:

$$q'_i = \begin{bmatrix} \alpha'_1 & \alpha'_2 & \cdots & \alpha'_m \\ \beta'_1 & \beta'_2 & \cdots & \beta'_m \end{bmatrix} \quad (3)$$

其中, m 是量子位数; t 表示种群代数。

2.2 观测操作

对一个量子态进行观测, 将坍塌到一个确定态(即确定的某一个二进制表示)。对二进制编码问题, 观测 $Q(t)$ 获得二进制串 $P(t) = \{x'_1, x'_2, \dots, x'_m\}$ 的过程是: 生成一个随机数 $p \in [0, 1]$, 如果 p 大于概率幅 $|\alpha'_i|^2$ (或 $|\beta'_i|^2$) ($i=1,2,\dots,m$), $P(t)$ 对应二进制位取 “1”; 否则取 “0”。

2.3 克隆操作

假设克隆前种群为 $Q(t) = \{q'_1, q'_2, \dots, q'_n\}$ (其中, q'_i 按照式(1)定义, $i=1,2,\dots,n$; t 为当前种群代数), 则进行克隆操作后的种群为 $Q'(t) = \{Q(t), C(t)\}$, 其中, $C(t)$ 为克隆产生的子群, $C(t) = \{q'_1, q'_2, \dots, q'_n\}$, $q'_i = I_i q'_i$ ($i=1,2,\dots,n$); I_i 是 D_i 维单位向量。 D_i 定义为:

$$D_i = \left\lfloor N_c \times \frac{F(q_i)}{\sum_{i=1}^n F(q_i)} \right\rfloor \quad (4)$$

其中, $F(\cdot)$ 为亲和度函数; N_c ($N_c > n$) 是与克隆规模相关的常量; $\lfloor \cdot \rfloor$ 是向下取整符号; $\lfloor x \rfloor$ 是小于 x 的最大整数。

由此可知, 子群 $C(t)$ 中 $q'_i = \{q'_{i1}, q'_{i2}, \dots, q'_{iD_i}\}$, $q'_{ij} = q'_i$ ($j=1,2,\dots,D_i$)。

2.4 免疫遗传操作

免疫遗传操作由变异操作和交叉操作组成。

2.4.1 变异操作

文献[5]中使用的量子旋转门如下:

$$U(\theta) = \begin{bmatrix} \cos(\theta) & -\sin(\theta) \\ \sin(\theta) & \cos(\theta) \end{bmatrix} \quad (5)$$

其中, 旋转角 θ 控制收敛速度, θ 定义如下:

$$\theta = k \times f(\alpha_i, \beta_i) \quad (6)$$

系数 k 决定收敛速度, 定义为与克隆规模相关的变量:

$$k = 10 \times \exp(-C_i/N_c) \quad (7)$$

其中, C_i 是克隆规模; N_c 是与克隆规模相关的常量。函数 $f(\alpha_i, \beta_i)$ 决定收敛方向, 本文采用通用方式查表确定。Lookup Table 见文献[5]。

2.4.2 交叉操作

为构造更加健壮的交叉操作, 本文引入全干扰交叉操作。假设一个种群包含 5 个长度为 8 的抗体, 表 1 展现了全干扰交叉操作, 其中, A(n) 表示抗体 A 的第 n 个等位

基因。

表 1 交叉操作

序号	抗体							
1	A(1)	E(2)	D(3)	C(4)	B(5)	A(6)	E(7)	D(8)
2	B(1)	A(2)	E(3)	D(4)	C(5)	B(6)	A(7)	E(8)
3	C(1)	B(2)	A(3)	E(4)	D(5)	C(6)	B(7)	A(8)
4	D(1)	C(2)	B(3)	A(4)	E(5)	D(6)	C(7)	B(8)
5	E(1)	D(2)	C(3)	B(4)	A(5)	E(6)	D(7)	C(8)

2.5 选择操作

如果搜索目标函数的最大值, 且变异观察到的二进制抗体 b_i ($\forall i=1,2,\dots,n$) 符合 $D(b_i) = \max\{D(x_{ij}) | j=2,3,\dots,C_i\}$, 即 $D(b_i) > D(x'_i)$, 那么在原种群中用 b_i 取代 x'_i 。同时记录相应的量子比特作为下一代种群 $Q(t+1)$ 。

3 基于实数编码的量子免疫克隆算法

本文的量子免疫克隆算法采用实数编码方案, 并采用一种改进的量子旋转门策略进行变异操作。

3.1 实数编码方案

在本文提出的实数编码量子免疫克隆算法中, 直接用量子位对应态的概率幅编码。考虑概率幅的约束条件式(2), 可以采用以下方式编码:

$$q_i = \begin{bmatrix} \cos(\omega_{i1}) & \cos(\omega_{i2}) & \cdots & \cos(\omega_{im}) \\ \sin(\omega_{i1}) & \sin(\omega_{i2}) & \cdots & \sin(\omega_{im}) \end{bmatrix} \quad (8)$$

其中, $\omega_{ij} = 2\pi \times rnd$, rnd 为 (0, 1) 内的随机数; $i=1,2,\dots,n$; $j=1,2,\dots,m$; n 为种群规模; m 为量子位数。在初始化时, 将 n 个抗体的 ω_{ij} 都初始化为 $\pi/4$, 这样每一个抗体都以相同概率处于所有可能状态的线性叠加态中。

3.2 改进的 QICA 变异操作

抗体的变异操作能够提高算法的全局搜索能力, 通常变异策略多种多样。文献[1]采用在指导量子染色体的周围随机散布量子染色体的方式达到变异目的; 文献[5]采用了最常见的量子旋转门操作, 量子旋转门转角方向通过查表完成。通常转角 $\theta \in (0.005\pi, 0.1\pi)$ [6]。常用量子旋转门如式(5)所示, 其中, 转角 θ 的大小直接影响算法的收敛速度, θ 的方向将影响算法的收敛效率。

本文算法用到 2 种变异操作: 基于量子旋转门策略的克隆分化变异和种群抗体突变变异。

(1) 克隆分化变异

RQICA 算法同样采用量子旋转门实现克隆抗体的分化变异目的, 但摒弃了繁琐的传统查表方式。

本文利用混沌系统原理确定转角大小。混沌是一种自然界中普遍存在的非线性现象, 行为复杂, 类似随机, 但是存在精致的内在规律 [7]。混沌优化中用于产生混沌变量的混沌系统一般选为虫口模型。虫口模型是在一定地域范围内, 统计昆虫数目时得到的昆虫数目随时间变化的一种数学模型, 亦称 Logistic 映射:

$$A_{n+1} = \mu A_n (1 - A_n) \quad (9)$$

其中, μ 是混沌吸引子, 当 $\mu=4$ 时, 系统进入混沌状态,

产生混沌变量 $\Delta_n (n=1,2,\dots)$, 其值在 $[0,1]$ 区间内。一般, 混沌系统用于优化问题主要利用的是对初始条件的敏感依赖和对搜索空间的便利性。

在此定义转角大小为:

$$\theta = k \times \Delta \times e^{(-1/G)} \quad (10)$$

其中, k 为调节因子, $k \in [0.01\pi, 0.15\pi]$; Δ 由式(9)获得; t 为当前进化代数。

每次变异操作将由式(10)产生一系列 θ 值, 需进行变异的抗体对应的亲和度与最优抗体对应亲和度相差越大, 对应的转角 θ 也将越大; 同时, 随着搜索的进行, 转角 θ 范围缩小。式(10)方法简单高效。

本文算法采用文献[8]中提出的方案确定转角方向, 转角 θ 的方向确定规则如下:

$$A = \begin{bmatrix} \alpha_0 & \alpha_1 \\ \beta_0 & \beta_1 \end{bmatrix} \quad (11)$$

当 $A \neq 0$ 时, 方向为 $-\text{sgn}(A)$; 当 $A = 0$ 时, 方向取正负均可。

在式(11)中, $[\alpha_0, \beta_0]^T$ 是当前全局最优解对应的量子位的概率幅, $[\alpha_1, \beta_1]^T$ 是当前解量子位的概率幅。

(2) 突变变异

抗体种群中部分抗体会在免疫过程中参数突变, 这也是一种保持种群多样性的策略。本文算法采用简单替换操作实现。具体操作过程如下:

1) 确定突变规模。将替换概率 p_r 取不定值, $p_r \in (0,1)$, $n' = [p_r \times n]$ 。其中, $[\cdot]$ 为取整操作。

2) 将经过克隆和变异操作的群体按亲和力大小排序, 选取亲和力最差的 n' 个抗体。

3) 根据式(8)产生 n' 个新抗体, 将这些新抗体与克隆操作中选取的抗体按照亲和力大小排序, 选取亲和力较好的 n' 个抗体替换原种群中的抗体, 作为突变后的抗体。

3.3 算法实施步骤

以上过程可以归纳为 7 个实施步骤:

Step1 产生初始种群 $Q(t)$, $t=0$ 。按式(8)产生 n 个抗体组成初始种群。

Step2 克隆操作。按式(4)进行克隆操作, 产生种群 $Q'(t) = \{Q(t), C(t)\}$ 。

Step3 克隆分化变异操作。对克隆生成的种群用本文量子旋转门策略进行变异。

Step4 突变变异操作, 生成种群 $Q''(t)$ 。

Step5 选择操作。将种群 $Q''(t)$ 按亲和力优劣排序, 选取较优的 N 个抗体组成下一代种群 $Q(t+1)$ 。

Step6 保存最优解。若当前最优解比上代最优解差, 则用上一代最优解替换。

Step7 判断是否满足终止条件。如满足, 输出最优解; 否则, 返回 Step2。

4 算法性能测试

为了验证该算法的有效性, 下面选取 2 个常用测试函

数进行测试, 并将测试结果与普通量子免疫克隆算法^[5]、量子遗传算法^[9]进行比较。

4.1 测试函数

测试函数有 Shaffer's F6 函数和多峰函数。

(1) Shaffer's F6 函数

$$f2(x, y) = 0.5 - \frac{\sin^2 \sqrt{x^2 + y^2} - 0.5}{(1 + 0.01 \times (x^2 + y^2))^2}$$

$$x, y \in (-100, 100)$$

Shaffer's F6 函数具有无数个局部极大值点, 全局最大值为 1, 最大值点为 $(0, 0)$ 。一般当优化结果大于 0.995 时, 认为算法收敛, 见图 1。

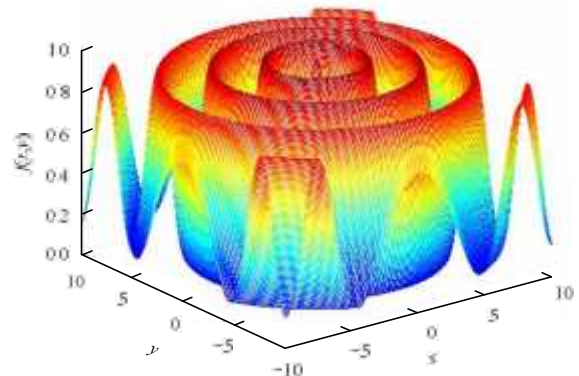


图1 Shaffer's F6 函数

(2) 多峰函数

$$f3(x, y) = -(x^2 + y^2)^{0.25} \left(\sin^2 \left(50(x^2 + y^2)^{0.1} \right) + 1.0 \right)$$

$$x, y \in [-5.12, 5.12]$$

多峰函数存在大量局部极大值, 其中只有一个 $(0, 0)$ 为全局极大, 全局极大值为 0, 见图 2。一般当优化结果大于 -0.05 时, 认为算法收敛。

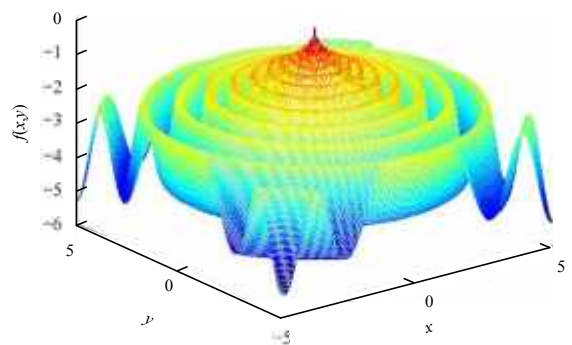


图2 多峰函数

4.2 测试结果及分析

对以上 2 个测试函数分别用本文算法和量子免疫克隆算法、普通量子遗传算法各优化 10 次, 种群规模均取 20, 限定优化代数为 300 代。QICA 和 QGA 中每个变量用 16 个二进制位描述, 且采用全干扰量子交叉操作, QGA 变异概率 $p_m = 0.15$ 。

(1) Shaffer's F6 函数

3 种算法对该函数极值问题的优化结果如表 2 所示(收

敛次数表示运行 10 次收敛次数), 图 3 为该函数优化算法的收敛曲线。

表 2 Shaffer's F6 函数下 3 种算法优化结果

算法	最优结果	最差结果	平均结果	300 代内收敛次数	平均步数
RQICA	1.000 0	0.996 9	0.999 1	9	18
QICA	1.000 0	0.984 7	0.995 3	5	72
QGA	1.000 0	0.987 6	0.996 4	7	71

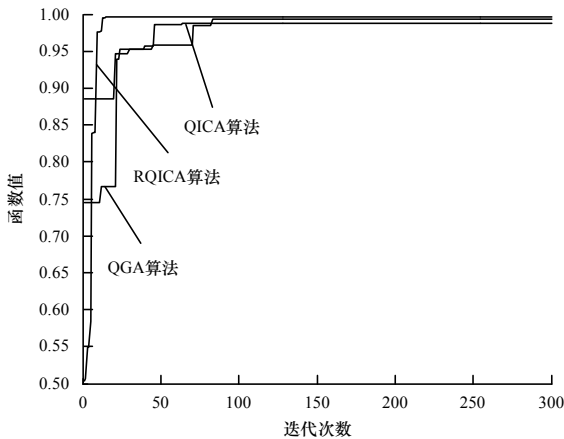


图 3 Shaffer's F6 函数的收敛曲线

(2)多峰函数

3 种算法对多峰函数优化结果如表 3 所示, 图 4 为 3 种算法的收敛曲线。

表 3 多峰函数下 3 种算法优化结果

算法	最优结果	最差结果	平均结果	300 代内收敛次数	平均步数
RQICA	-0.001 6	-0.015 2	-0.008 9	9	66
QICA	-0.015 8	-0.240 0	-0.092 9	3	150
QGA	-0.015 8	-0.250 0	-0.096 9	3	67

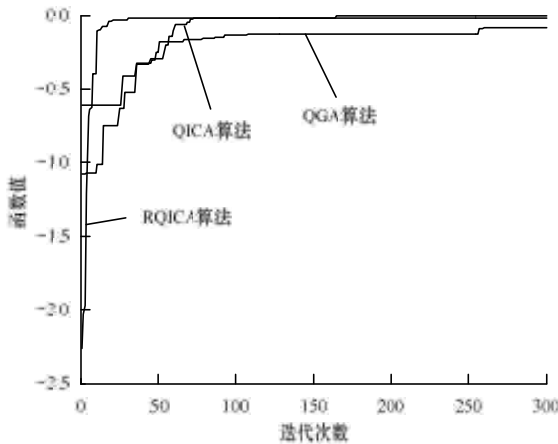


图 4 多峰函数的收敛曲线

以上仿真曲线以及结果是基于式(10)中的调整因子 $k = 0.07$ 获得的, 这是一个经验值。经多次调整 k 值进行仿真, 发现如果 k 值取得过大或过小, 算法的收敛速度会略

有下降, 但大多数情况下, 依旧比 QICA 和 QGA 更快。

由表 2、表 3 及图 3、图 4 可知, 本文 RQICA 算法收敛次数最多, 收敛最快, 优化结果最好; QICA 与 QGA 算法效率相当。此外, 从运行时间上看, RQICA 耗时最短; 而 QICA 除了频繁的解码操作外还增加了克隆与选择操作, 耗时最长; QGA 算法明显比 QICA 节约时间, 但仍旧不如 RQICA 高效。

5 结束语

本文提出了一种基于实数编码的量子免疫克隆算法, 采用实数编码, 既避免了测量操作带来的随机性, 又避免了频繁的二进制到十进制的解码过程带来的时间浪费。在运用量子旋转门更新过程中选择一种简单高效的转角确定方案。从性能测试结果来看, 与普通量子免疫克隆算法、普通量子遗传算法相比较, 该算法更适用于解决复杂多极值连续函数的寻优问题, 并且编码简单, 收敛速度快, 寻优能力强, 程序运行时间与 QICA 相比, 耗时大大缩短。

参考文献

[1] 於时才, 马 宁, 亢军贤. 基于免疫克隆选择算法的神经网络规则抽取[J]. 计算机工程, 2009, 35(1): 173-175.

[2] 周柏雄, 章 兢, 刘 侃. 基于免疫克隆算法的逆变器非线性补偿[J]. 计算机工程, 2011, 37(3): 238-240.

[3] Jiao Licheng, Li Yangyang. Quantum-inspired Immune Clonal Optimization[C]//Proc. of International Conference on Neural Networks and Brain. Beijing, China: [s. n.], 2005: 461-466.

[4] Li Yangyang, Jiao Licheng. Quantum-inspired Immune Clonal Algorithm and Its Application[C]//Proc. of 2007 International Symposium on Intelligent Signal Processing and Communication Systems. [S. l.]: IEEE Press, 2007: 670-673.

[5] Jiao Licheng, Li Yangyang, Gong Maoguo, et al. Quantum-inspired Immune Clonal Algorithm for Global Optimization[J]. IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics, Part B: Cybernetics, 2008, 38(10): 1234-1253.

[6] Narayanan A, Moore M. Quantum-inspired Genetic Algorithms[C]//Proc. of IEEE International Conference on Evolutionary Computation. Nagoya, Japan: IEEE Press, 1996: 61-66.

[7] 李 兵, 蒋慰孙. 混沌优化方法及其应用[J]. 控制理论与应用, 1997, 14(4): 613-615.

[8] 李士勇, 李盼池. 基于实数编码和目标函数梯度的量子遗传算法[J]. 哈尔滨工业大学学报, 2006, 38(8): 1216-1223.

[9] Han Kuk-Hyun, Kim Jong-Hwan. Genetic Quantum Algorithm and Its Application to Combinatorial Optimization Problem[C]//Proc. of International Congress on Evolutionary Computation. Piscataway, USA: IEEE Press, 2000: 1354-1360.

编辑 张正兴