

## 基于相位编码的混沌量子免疫算法

李盼池<sup>1,2</sup>, 宋考平<sup>1</sup>, 杨二龙<sup>1</sup>

(1. 东北石油大学 石油与天然气工程博士后科研流动站, 黑龙江 大庆 163318;

2. 东北石油大学 计算机与信息技术学院, 黑龙江 大庆 163318)

**摘要:** 目前量子群智能优化算法的个体均采用基于量子比特测量的二进制编码方式, 在用于连续问题优化时, 由于频繁的解码运算, 严重降低了优化效率. 针对这一问题, 本文提出一种混沌量子免疫算法. 该方法直接采用量子比特的相位对抗体进行编码; 用量子旋转门实现优良抗体的克隆扩增, 通过在量子旋转门中引入混沌变量动态改变转角大小实现局部搜索; 用基于Pauli-Z门的较差抗体的变异, 实现全局优化. 证明了算法的收敛性. 由于优化过程统一在空间 $[0, 2\pi]^n$ 进行, 而与具体问题无关, 因此, 对不同尺度空间的优化问题具有良好的适应性. 实验结果表明该算法能有效改善普通免疫算法的搜索能力和优化效率.

**关键词:** 量子算法; 免疫算法; 量子免疫算法; 相位编码; 混沌优化

**中图分类号:** TP183      **文献标识码:** A

## Chaos quantum immune algorithm based on phase encoding

LI Pan-chi<sup>1,2</sup>, SONG Kao-ping<sup>1</sup>, YANG Er-long<sup>1</sup>

(1. Post-Doctoral Research Center of Oil and Gas Engineering, Daqing Petroleum Institute, Daqing Heilongjiang 163318, China;

2. School of Computer and Information Technology, Daqing Petroleum Institute, Daqing Heilongjiang 163318, China)

**Abstract:** The binary encoding is commonly used based on qubit measures in the current quantum swarm intelligent optimization algorithms. Due to the frequent decoding operations, the efficiency of optimization is greatly reduced when the binary quantum algorithm is applied to continuous optimizations. To deal with this problem, a chaos quantum immune algorithm is proposed, in which individual antibodies are directly encoded by the phase of qubits. The excellent individuals are cloned by quantum rotation gates; and the local search is achieved by employing the chaos variables in the rotation angles of quantum rotation gates. The global search is achieved by the mutations of the inferior individuals based on the quantum Pauli-Z gates. Because the optimization process is performed in  $[0, 2\pi]^n$  which has nothing to do with the specific issues, the proposed method has good adaptability for a variety of optimization problems. The experimental results indicate that the proposed algorithm effectively improves the search capabilities and optimizes the efficiency of the general immune optimization algorithm.

**Key words:** quantum algorithm; immune algorithm; quantum immune algorithm; phase encoding; chaos optimization

### 1 引言(Introduction)

免疫进化算法是借鉴生命科学中免疫概念和理论而发展起来的一种新兴算法. 该算法具有抗原自动辨识、特征抽取、抗体多样化、分布式检测、学习和记忆、自我规划等特征, 是智能计算应用中具有巨大潜力的并行分布式自适应系统<sup>[1,2]</sup>. 由于它有效地利用了求解问题中的一些有用信息, 从而可以抑制优化过程中产生的退化现象, 迅速把问题的最优解限制在一个较小的空间范围内, 但其在小空间里的搜索效率并不能令人满意<sup>[3]</sup>. 混沌是自然界中一种较为普遍的现象, 它看似混乱, 却有着精致的内在结构, 具有随机性、遍历性及规律性等特点, 在一定范围内能按其自身的“规律”不重复地遍历所有状态. 混沌优化方法在搜索空间小时效果显著, 但搜索空

间大时其效果却不理想<sup>[4]</sup>. 量子进化算法(QEA)<sup>[5]</sup>是新近发展起来的一种概率进化算法, 它以量子计算的一些概念和理论, 诸如量子比特和量子叠加态为基础, 同经典的进化算法(EA)相比, QEA具有许多优点, 例如更好的种群多样性和全局寻优能力; 种群规模较小但不影响算法的性能等. 但是在QEA中, 通过观察量子染色体的状态来生成所需要的二进制解, 这是一个概率操作过程, 具有很大的随机性和盲目性, 因此个体在进化的同时, 将不可避免地产生退化的可能. 针对这一问题, 笔者曾经分别提出基于量子比特概率幅和量子比特Bloch坐标的个体编码方法<sup>[6,7]</sup>, 在一定程度上提高了算法的优化效率. 而在本文中, 直接采用量子比特的相位表示优化问题的解, 这样既避免了由观察带来的随机性, 也避免了从

二进制到十进制的解码过程.

本文融合混沌优化和免疫优化各自的空间搜索优势及量子优化的高效性,提出一种基于相位编码的混沌量子免疫算法(phase-based chaos quantum immune algorithm, PCQIA).该算法直接采用量子比特的相位初始化种群,采用量子旋转门并结合混沌变量实现优良抗体的克隆扩增,采用Pauli-Z门实现较差抗体的突变.实验结果表明,该算法在较好保持种群多样性的同时,具有收敛速度快,搜索能力强的特点.

## 2 PCQIA基本原理(The principle of PCQIA)

### 2.1 混沌系统(The chaos system)

混沌是自然界中普遍存在的一种非线性现象,其行为复杂,类似随机,存在精制的内在规律性<sup>[8]</sup>.混沌优化中用于产生混沌变量的混沌系统一般为虫口模型.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变化的简单数学模型,也称为Logistic映射,如式(1)所示:

$$\delta^{j+1} = u\delta^j(1 - \delta^j), \quad (1)$$

其中:  $u$ 是混沌吸引子,当 $u = 4$ 时,系统进入混沌状态,产生混沌变量 $\delta^j$ ( $j = 1, 2, \dots$ ),其值在 $[0, 1]$ 区间内,特点是对初始条件有很强的敏感性.

### 2.2 量子比特与量子优化算法(The quantum bits and quantum optimization algorithm)

在量子计算中,采用 $|0\rangle$ 和 $|1\rangle$ 表示单量子比特(quantum bit, qubit)的基态,单量子比特的任意状态都可以表示为这两个基态的线性组合.比特和量子比特的区别在于,量子比特的状态除为 $|0\rangle$ 和 $|1\rangle$ 之外,还可以是基态的线性组合,通常称其为叠加态(superposition).例如

$$|\phi\rangle = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle, \quad (2)$$

其中:  $\alpha, \beta$ 是复数,称为量子态的概率幅,即量子态 $|\phi\rangle$ 因测量导致或者以 $|\alpha|^2$ 的概率坍缩(collapsing)到 $|0\rangle$ ,或者以 $|\beta|^2$ 的概率坍缩到 $|1\rangle$ ,且满足

$$|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1. \quad (3)$$

在量子优化算法中,量子比特相位的改变可以通过单比特量子旋转门来实现,其定义见式(4):

$$R(\Delta\theta) = \begin{bmatrix} \cos(\Delta\theta) & -\sin(\Delta\theta) \\ \sin(\Delta\theta) & \cos(\Delta\theta) \end{bmatrix}. \quad (4)$$

该门具有良好的酉性,由如下简单推导可知,该门的作用是改变量子比特的相位:

$$R(\Delta\theta) \begin{bmatrix} \cos \phi \\ \sin \phi \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(\phi + \Delta\theta) \\ \sin(\phi + \Delta\theta) \end{bmatrix}. \quad (5)$$

### 2.3 免疫克隆选择算法(The immune clone select algorithm)

免疫算法是基于生物机体免疫系统的特点并结合工程应用而提出的一种计算模型.它模仿生物的免疫过程,具有良好的全局搜索能力和记忆功能.其中抗原对应于优化问题的目标函数,抗体对应于优化问题的解.通过抗原和抗体的亲和力来描述可行解与最优解的逼近程度.对外界抗原的侵入,系统自动产生相应的抗体,通过抗体之间的促进与抑制反应,实现系统对环境的自适应.

设 $A_i$ 为抗体种群中的第 $i$ 个抗体,  $A = [A_1, A_2, \dots, A_N]$ 为抗体种群.  $A(k)$ 在免疫算子作用下的演化过程可描述为:  $T_c^C(A(k)) \rightarrow T_g^C(Y(k)) \rightarrow T_s^C(Z(k) \cup A(k)) \rightarrow A(k+1)$ .其中:  $T_c^C$ 为克隆操作;  $T_g^C$ 为免疫基因操作,主要包括交叉和变异;  $T_s^C$ 为克隆选择操作.经免疫算子作用后的新抗体种群 $A(k+1)$ 等价于生物克隆选择后的记忆细胞和浆细胞<sup>[9]</sup>.

### 2.4 混沌量子免疫算法(The chaos quantum immune algorithm)

#### 2.4.1 产生初始种群(Colony initialization)

利用以下 $n$ 个Logistic映射产生 $n$ 个混沌变量

$$\delta_i^{j+1} = u_i \delta_i^j (1 - \delta_i^j), \quad (6)$$

其中:  $u_i = 4$ ,  $i$ 是混沌变量的序列号.令 $j = 0$ ,分别给定 $n$ 个混沌变量不同的初始值,利用方程(6)产生 $n$ 个混沌变量 $\delta_i^1$ ( $i = 1, 2, \dots, n$ ).利用这 $n$ 个混沌变量初始化种群中第一个抗体上的量子比特;令 $j = 1, 2, \dots, N-1$ ,按上述方法产生另外 $N-1$ 个抗体.这 $N$ 个抗体组成初始种群.以第 $j$ 个抗体 $p_j$ 为例,初始化结果为

$$p_j = [\theta_{j1}, \theta_{j2}, \dots, \theta_{jn}], \quad (7)$$

其中 $\theta_{ji} = 2\pi\delta_i^j$ .由式(7)可知,这种编码方式使优化过程统一在 $[0, 2\pi]^n$ 空间进行,与具体优化问题无关,从而在种群初始化时可不考虑解变量的初始范围,因此便于设计统一的优化策略.

#### 2.4.2 解空间变换(Solution space transformation)

记优化问题的第 $j$ 个解变量 $X_j \in [a_j, b_j]$ ,抗体 $p_i$ 上第 $j$ 个量子比特的相位为 $\theta_{ij}$ ,则由 $\theta_{ij}$ 得到 $X_{ij}$ 的解空间变换式为

$$X_{ij} = a_j + \frac{(b_j - a_j)\theta_{ij}}{2\pi}, \quad (8)$$

其中:  $i = 1, 2, \dots, N, j = 1, 2, \dots, n$ .

对于任何连续优化问题,首先在 $[0, 2\pi]^n$ 空间得到最优解,然后利用式(8)通过线性变换即可得到待优化问题的解,因此该方法对于各种尺度空间的优化问题均具有良好的适应性.

### 2.4.3 优良抗体的克隆扩增(Clone of superior antibody)

根据由具体问题设计的目标函数计算每个抗体的亲和力. 从种群中选出 $M$  ( $M < N$ )个亲和力最高的抗体进行克隆, 并利用选出的抗体和克隆生成的新抗体组成新种群. 设选出的 $M$ 个抗体按亲和力降序排列为 $p_1, p_2, \dots, p_M$ . 抗体亲和力越高, 其克隆产生的抗体数目应越多. 根据这种思想, 本文给出的抗体 $p_k$ 克隆数目的计算式为

$$N_k = \left\lceil \frac{\rho N}{k} \right\rceil, \quad (9)$$

其中:  $\lceil \cdot \rceil$ 为按四舍五入取整算符,  $\rho$ 为给定的控制参数. 为保持种群规模稳定, 若 $\sum_{i=1}^M N_i < N - M$ , 用式(7)产生新抗体补充; 否则取前 $N - M$ 个抗体.

克隆扩增具体可由量子旋转门改变抗体上量子比特的相位实现. 为使遍历呈现双向性, 首先定义一个克隆幅值 $\lambda_k$ , 然后按下式确定转角 $\Delta\theta_i^k$ :

$$\Delta\theta_i^k = \lambda_k(2\delta_i^{j+1} - 1), \quad (10)$$

其中混沌变量 $\delta_i^{j+1}$ 按下式确定:

$$\delta_i^{j+1} = 4\delta_i^j(1 - \delta_i^j). \quad (11)$$

此时 $\Delta\theta_i^k$ 的遍历范围为 $[-\lambda_k, \lambda_k]$ . 对于需要扩增的母体, 亲和力越高, 扩增时所迭加的混沌扰动应越小, 因此 $\lambda_k$ 可按式选取:

$$\lambda_k = \lambda_0 \exp((k - M)/M), \quad (12)$$

其中 $\lambda_0$ 为控制参数, 用以控制对抗体所附加的混沌扰动的大小.

记第 $k$ 个克隆母体为 $p_k = [\theta_{k1}, \theta_{k2}, \dots, \theta_{kn}]$ , 由该母体经量子旋转门克隆出的抗体为

$$p_{ks} = [\theta_{k1} + \Delta\theta_{1s}^k, \theta_{k2} + \Delta\theta_{2s}^k, \dots, \theta_{kn} + \Delta\theta_{ns}^k], \quad (13)$$

其中 $s = 1, 2, \dots, N_k$ .

从上述克隆过程可以看出, 选出的优良抗体本身具有优化路标的作用; 在小区域内混沌变量的引入使量子旋转门转角大小及方向均具有随机性, 从而增强了局部搜索的遍历性.

### 2.4.4 较差抗体的变异(Mutation of inferior antibody)

对克隆扩增后的种群实施解空间变换, 计算每个抗体的亲和力. 选择亲和力最低的 $m$  ( $m < N$ )个抗体实施变异操作. 在普通量子优化算法中, 变异操作几乎都采用非门实现, 该门的作用是使量子比特的两个概率幅兑换, 从而可使量子比特的观测效果发生0, 1之间的翻转. 在PCQIA中, 由于抗体仅取决于量子比特的相位而与概率幅的观测效果无关, 因此本文采用一种新的单比特量子门, 即Pauli-Z门来引

导抗体的变异. 该门在单量子比特 $|\phi\rangle$ 上的作用效果为

$$Z|\phi\rangle = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \cos\theta \\ \sin\theta \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(2\pi - \theta) \\ \sin(2\pi - \theta) \end{bmatrix}. \quad (14)$$

其实, 这种变异的实质还是进行量子比特的相位旋转. 设某量子比特当前相位为 $\theta$ , 则变异后的相位为 $2\pi - \theta$ , 即正向旋转了 $2\pi - 2\theta$ . 由于这种旋转不与当前最佳抗体比较, 一律正向旋转且幅度较大, 所以有助于突破早熟收敛, 增加种群的多样性.

### 2.4.5 加入新抗体操作(Increase of new antibody)

对经过克隆扩增和变异后的种群按亲和力排序, 对其中 $d$ 个亲和力最低的抗体, 用式(7)生成新抗体替换, 其中 $d < N$ . 这一过程相当于在整个解空间内进行混沌搜索, 以在全局范围内搜索亲和力更高的抗体, 避免陷入局部最优解.

## 3 PCQIA 实施方案 (The implementation scheme of PCQIA)

综上, PCQIA的实施步骤如下.

**Step 1** 产生初始种群. 按式(7)产生 $N$ 个抗体组成初始种群.

**Step 2** 选择操作. 从种群中选出 $M$ 个亲和力最高的抗体.

**Step 3** 克隆扩增操作. 对选出的抗体分别确定扩增数目, 用基于混沌遍历的量子旋转门实现克隆扩增.

**Step 4** 变异操作. 从种群中选出 $m$ 个亲和力最低的抗体, 用Pauli-Z门实现抗体变异.

**Step 5** 替换操作. 从克隆扩增和变异后的抗体中选出 $d$ 个亲和力最低的抗体, 用式(7)生成新抗体替换.

**Step 6** 保留最优抗体. 若当前世代种群中最好个体的亲和力低于上一世代, 则用上一世代的最好抗体替换当前世代的最差抗体.

**Step 7** 返回Step 2循环计算, 直到满足收敛条件或代数达到最大限制.

## 4 PCQIA的收敛性(The convergence of PCQIA)

设连续优化问题的解空间为 $S = \prod_{i=1}^n [a_i, b_i]$ , 则连续优化一般可描述为

$$\max_{X \in S} f(X) : S \rightarrow R, \quad (15)$$

其中 $f$ 为评价函数. 关于PCQIA的收敛性, 有如下定理.

**定理 1** 对于连续优化问题(15), PCQIA是完全收敛的, 并且收敛性与初始种群无关.

证 记  $\tilde{S} = [0, 2\pi]^n$ ,  $\tilde{X} \in \tilde{S}$ ,  $X \in S$ . 根据式(8),  $X$ 与 $\tilde{X}$ 之间存在一一映射关系 $X = F(\tilde{X})$ . 记

$$f^* = \max_{\tilde{X} \in \tilde{S}} f(F(\tilde{X})),$$

$$M\varepsilon = \{\tilde{X} \in \tilde{S} | f(F(\tilde{X})) \geq f^* - \varepsilon\}.$$

考虑PCQIA对第 $k$ 代种群中 $d$ 个最差抗体的替换操作. 记抗体 $\tilde{X}$ 被替换为 $\tilde{S}$ 中的随机抗体 $\tilde{X}^*$ ,  $\tilde{X}^*$ 的各分量独立服从均匀分布 $U(0, 2\pi)$ , 其概率密度函数为

$$P(\tilde{X}^*) = \begin{cases} 1, & \tilde{X}^* \in \tilde{S}, \\ 0, & \tilde{X}^* \notin \tilde{S}. \end{cases} \quad (16)$$

对 $\forall \varepsilon > 0$ , 有 $M\varepsilon \in \tilde{S}$ , 故

$$P(\tilde{X}^* \in M\varepsilon) = \int_{M\varepsilon} P(\tilde{X}^*) dt = \delta > 0.$$

因此,  $d$ 个最差抗体经替换后均未产生 $M\varepsilon$ 内抗体的概率为 $\bar{P}_k = (1 - \delta)^d < 1 - \delta$ . 经过全部 $k$ 代替换操作, 仍未产生 $M\varepsilon$ 内抗体的概率为

$$\bar{P}(k) = \prod_{l=1}^k \bar{P}_l < (1 - \delta)^k. \quad (17)$$

由于在前 $k$ 代循环中, 通过克隆扩增和变异操作, 可能产生进入 $M\varepsilon$ 且未被替换并被最优个体保留策略所保留的优良抗体, 故 $P(f^* - f_k > \varepsilon) \leq \bar{P}(k)$ . 其中 $f_k$ 为第 $k$ 代种群中最优抗体的评价值. 由于 $0 < \delta < 1$ , 幂级数 $\sum_{k=1}^{\infty} (1 - \delta)^k$ 收敛, 故

$$\sum_{k=1}^{\infty} P(f^* - f_k > \varepsilon) \leq \sum_{k=1}^{\infty} (1 - \delta)^k = 0.$$

所以, PCQIA完全收敛. 由证明过程可以看出, 算法的收敛性与初始种群无关.

### 5 对比实验(Comparative experiment)

#### 5.1 函数极值优化(Optimization of function extremum)

为验证本文提出算法的有效性, 本实验采用如下2个典型函数作为仿真对象, 并与免疫克隆选择算法(immune clone select algorithm, IC-SA)、标准遗传算法(standard genetic algorithm, SGA)对比.

##### 1) Multi-peak函数:

$$f_1(x, y) = 1 + x \sin(4\pi x) - y \sin(4\pi y) + \frac{\sin(6\sqrt{x^2 + y^2})}{6\sqrt{x^2 + y^2 + 10^{-15}}}, \quad x, y \in [-1, 1]. \quad (18)$$

该函数有4个全局最大值点 $(+0.64, +0.64)$ ,  $(-0.64, -0.64)$ ,  $(+0.64, -0.64)$ ,  $(-0.64, +0.64)$ , 全局最大值为2.11876. 存在大量局部极大值, 尤其是在中间区域有一取值与全局最大值很接近的局部极大值(2.077)凸台, 空间特征如图1. 当优化结果大于2.118时认为算法收敛.

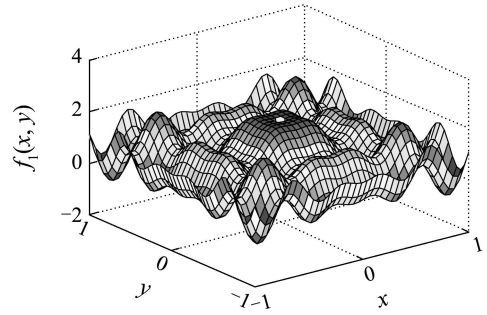


图1  $f_1(x, y)$ 的空间特征  
Fig. 1 Space feature of the  $f_1(x, y)$

##### 2) Needle-in-haystack函数:

$$f_2(x, y) = \left(\frac{3}{0.05 + x^2 + y^2}\right)^2 + (x^2 + y^2)^2, \quad (19)$$

其中 $x, y \in [-5.12, 5.12]$ .

该函数全局最大值点为 $(0,0)$ , 全局最大值为3600, 4个局部极大值点对称分布于

$$(5.12, 5.12), (-5.12, -5.12),$$

$$(+5.12, -5.12), (-5.12, +5.12),$$

空间特征如图2. 当优化结果大于3599时认为算法收敛.

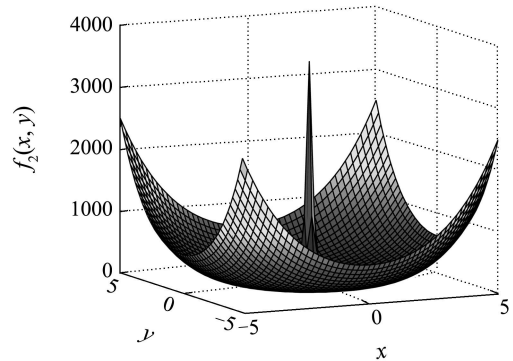


图2  $f_2(x, y)$ 的空间特征  
Fig. 2 Space feature of the  $f_2(x, y)$

对上述两个函数, 分别用PCQIA, IC-SA, SGA各优化50次. 3种算法种群均取50, 限定代数500. PCQIA和IC-SA参数:

$$M = 10, \rho = 0.3, \lambda_0 = 1.0, m = 10, d = 5.$$

SGA参数: 交叉概率 $p_c = 0.8$ , 变异概率 $p_m = 0.05$ . 优化结果如表1和表2所示.

表1 函数 $f_1(x, y)$ 优化结果对比

Table 1 The optimization results of  $f_1(x, y)$

算法	最优结果	平均结果	收敛次数	平均步数	平均时间/s
PCQIA	2.1188	2.1184	49	128.56	0.3617
ICSA	2.1187	2.1182	43	220.50	0.3559
SGA	2.1187	2.1170	40	270.96	0.4968

表2 函数 $f_2(x, y)$ 优化结果对比

Table 2 The optimization results of  $f_2(x, y)$

算法	最优结果	平均结果	收敛次数	平均步数	平均时间/s
PCQIA	3600.0	3597.7	46	173.56	0.3126
ICSA	3599.8	3595.7	35	309.84	0.3087
SGA	3600.0	3377.5	31	361.68	0.4235

由表1可知, PCQIA的收敛次数是最多的, 同时不仅平均步数最少, 而且优化结果也是最好的. 其次是ICSA, 收敛次数最少且平均步数最多的是SGA. 对上述结果, 可作如下分析.

首先, PCQIA和ICSA在收敛次数和平均时间两方面均优于SGA. 这是因为在PCQIA和ICSA中:

1) 克隆操作一方面通过抗体-抗原亲合度实现个体间的竞争, 另一方面利用抗体-抗体间的亲和力调节, 抑制过度竞争, 以保持抗体种群的多样性, 而SGA仅仅强调自然选择中的个体竞争;

2) 免疫基因操作在单一抗体周围产生一个变异的群体, 利用局部搜索增加了提高抗体与抗原亲合度的可能性, 而SGA是缺乏这一机理的;

3) 克隆选择操作通过局部择优, 实现了种群的压缩, 同时保证了抗体种群中的最优解不会变差. 因此, 二者在上述3种操作下, 使得当前最优个体的信息能够很容易地扩大到下一代来引导进化, 具有高效的局部寻优能力, 使得种群以大概率向着优良模式进化, 从而使优化性能优于SGA.

其次, PCQIA平均时间略高于ICSA, 这是因为在PCQIA中, 增加了解空间变换操作, 由于该操作仅是一种线性变换, 所以运行时间差别不大. PCQIA的收敛次数明显多于ICSA, 这主要有两方面的原因:

1) 在PCQIA中引入了混沌变量. 依靠混沌系统的特性, 使抗体种群在初始化和优化过程中, 增强了对解空间的遍历性;

2) 在PCQIA中引入了相位编码机制. 在这种编码机制中, 抗体直接用量子比特相位编码, 量子旋转门直接对相位实施调整, 从而避免了概率幅编码方式中由非线性三角函数映射带来的优良抗体的信息遗失.

3) 在PCQIA中引入了量子克隆和量子变异操作. 这两种操作依靠量子旋转门和Pauli-Z门的作用, 通过改变抗体上量子比特的相位, 达到更新抗体本身的目的, 因此增强了抗体的微调作用.

5.2 聚类优化(Clustering optimization)

本实验的聚类样本采用IRIS数据集. 该数据集包含3类四维样本: setosa; versicolor; virginica. 其中每类样本数目为50, 以第2,3,4维数据为例, 3类样本的空间分布如图3所示.

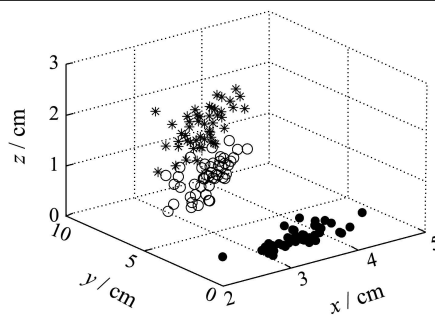


图3 IRIS样本的空间分布

Fig. 3 IRIS samples distributing in space

聚类方案为: 每个抗体描述一组聚类中心, 通过抗体免疫应答操作优化各类中心, 最终使样本到各自类中心的平均距离最小. 令样本共有 $N_c$ 类, 第 $i$ 个抗体 $x_i = (m_{i1}, m_{i2}, \dots, m_{iN_c})$ ,  $m_{ij}$ 为第 $j$ 类样本 $C_{ij}$ 的中心向量. 目标函数定义为

$$Je = \sum_{j=1}^{N_c} (\sum_{\forall Zp \in C_{ij}} \| Zp - m_{ij} \|^2), \quad (20)$$

抗体评价函数定义为

$$fit = \frac{b}{a + Je}, \quad (21)$$

其中:  $a = 10^{-2}$ 为一小常数, 以保证分母不为0,  $b = 10^3$ 以使抗体评价价值不至于太小.

分别用PCQIA, ICSA, SGA聚类, 3种算法种群均取50, 空间维数为12, 其他参数设置同前. 3种算法的指标进化曲线见图4, 聚类结果见表3.

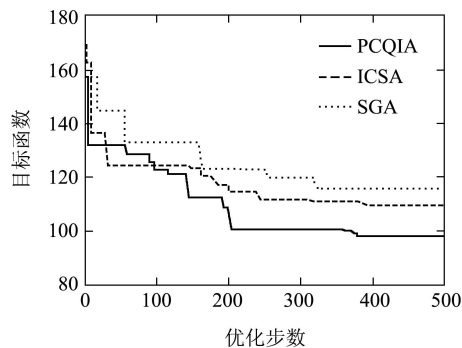


图4 3种算法的聚类指标曲线

Fig. 4 Clustering index curves of three algorithms

表3 3种算法的聚类结果

Table 1 The clustering results of three algorithms

算法	各类样本数	目标函数值
PCQIA	50 49 51	97.7157
ICSA	50 60 40	109.9162
SGA	37 51 62	115.8392

其中PCQIA的聚类中心是:  
第1类: (5.02, 3.46, 1.48, 0.27);

第2类: (5.78, 2.72, 4.22, 1.33);

第3类: (6.63, 3.00, 5.46, 1.95).

ICSA的聚类中心是:

第1类: (5.02, 3.55, 1.48, 0.32);

第2类: (5.91, 2.75, 4.43, 1.49);

第3类: (6.19, 2.86, 5.78, 1.69).

SGA的聚类中心是:

第1类: (6.77, 2.94, 5.69, 1.77);

第2类: (5.33, 3.04, 1.46, 0.44);

第3类: (6.16, 2.77, 4.64, 1.65).

实验结果表明, 对于聚类问题PCQIA的优化能力同样优于ICSA和SGA.

## 6 结论(Conclusion)

量子仿生智能优化是量子计算与进化计算相结合的产物, 目前作为一个新兴的研究方向, 倍受国内外学者关注. 本文提出了一种新颖的量子免疫算法, 直接采用量子比特的相位作为量子抗体的编码. 与免疫克隆选择算法和标准遗传算法相比, 不仅可显著提高优化性能, 而且可将不同尺度空间的优化问题统一划归为 $[0, 2\pi]^n$ 内的优化问题, 从而提高了算法对不同尺度空间优化问题的适应能力. 实验结果表明, 该方法是有有一定潜力值得推荐的优化方法.

## 参考文献(References):

- [1] OLFA N, FABIO G, DIPANKAR D. The fuzzy artificial immune system: motivations, basic concepts and application to clustering and web profiling[J]. *Fuzzy System*, 2002, 1(2): 711 – 716.
- [2] CAO X B, QIAO H, XU Y W. Negative selection based immune optimization[J]. *Advances in Engineering Software*, 2007, 38(10): 649 – 656.
- [3] CHUN J S, JUNG H K, HAHN S Y. A study on comparison of optimization performance between immune algorithm and other heuristic algorithms[J]. *IEEE Transactions on Magnetic*, 1998, 34(5): 2972 – 2975.
- [4] LIU B, WANG L, JIN Y H, et al. Improved particle swarm optimization combined with chaos[J]. *Chaos Solitons & Fractals*, 2005, 25(5): 1261 – 1271.
- [5] HUN K H, KIM J H. Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinational optimization[J]. *IEEE Transactions on Evolutionary Computing*, 2002, 6(6): 580 – 593.
- [6] 李盼池, 李士勇. 求解连续空间优化问题的量子蚁群算法[J]. 控制理论与应用, 2008, 25(2): 237 – 241.  
(LI Panchi, LI Shiyong. Quantum ant colony algorithm for continuous space optimization[J]. *Control Theory & Applications*, 2008, 25(2): 237 – 241.)
- [7] 李盼池. 基于量子位Bloch球面坐标的量子遗传算法及其应用[J]. 控制理论与应用, 2008, 25(6): 985 – 989.  
(LI Panchi. Quantum genetic algorithm based on Bloch coordinates of qubits and its application[J]. *Control Theory & Applications*, 2008, 25(6): 985 – 989.)
- [8] 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.  
(LI Bing, JIANG Weisun. Chaos optimization method and its application[J]. *Control Theory & Applications*, 1997, 14 (4): 613 – 615.)
- [9] 焦李成, 杜海峰, 刘芳, 等. 免疫优化计算、学习与识别[M]. 北京: 科学出版社, 2006: 92 – 95.  
(JIAO Licheng, DU Haifeng, LIU Fang, et al. *Immune Optimization Computation, Learning and Recognition*[M]. Beijing: Science Press, 2006: 92 – 95.)

## 作者简介:

- 李盼池 (1969 –), 男, 博士, 副教授, 研究领域为量子优化算法, E-mail: lipanchi@vip.sina.com;
- 宋考平 (1962 –), 男, 博士, 教授, 博士生导师, 研究领域为油气田开发工程;
- 杨二龙 (1976 –), 男, 博士, 副教授, 研究领域为油气田开发工程.