

多宇宙并行量子遗传算法

杨俊安, 庄镇泉, 史 亮

(中国科学技术大学电子科学与技术系, 安徽合肥 230026)

摘 要: 提出了一种多宇宙并行量子遗传算法, 并从理论上证明了算法的全局收敛性. 算法中将所有的个体按照一定的拓扑结构分成一个个独立的子群体, 称为宇宙; 采用多状态基因量子比特编码方式来表达宇宙中的个体; 采用通用的量子旋转门策略和动态调整旋转角机制对个体进行演化; 采用量子非门实现量子变异以阻止早熟收敛; 各宇宙独立演化, 宇宙之间采用最佳移民和量子交叉操作来交换信息, 提高算法的执行效率. 将该算法与独立分量分析算法相结合, 提出一种盲源分离新方法. 仿真结果表明: 新方法比采用常规遗传算法和量子遗传算法的盲源分离方法具有明显的高效性.

关键词: 量子计算; 遗传算法; 量子遗传算法; 多宇宙并行量子遗传算法; 盲源分离

中图分类号: TN957; TN911.7 **文献标识码:** A **文章编号:** 0372-2112 (2004) 06-0923-06

Multi-Universe Parallel Quantum Genetic Algorithm

YANG Jun-an, ZHUANG Zhen-quan, SHI Liang

(Department of Electronic Science & Technology, USTC, Hefei, Anhui 230026, China)

Abstract: This paper first proposes a novel Multi-Universe Parallel Quantum Genetic Algorithm (MPQGA) and proves its global convergence in theory. In the algorithm, all individuals are divided into some independent subcolonies, called universes, according to their definite topological structure. Individuals in a universe are represented by multi-state gene qubits. In the individual's updating, the general quantum rotation gate strategy and dynamic adjusting rotation angle mechanism are applied to accelerate convergence. Quantum NOT gate is used to realize quantum mutation to avoid premature convergence. Each universe evolving independently enlarges the search space. Information among the universes is exchanged by adopting the best emigration and the quantum crossover operation for the improvement of search efficiency. Then it puts forward a new Blind Source Separation (BSS) method based on the combination of MPQGA and Independent Component Analysis (ICA). The simulation results show that the efficiency of the new BSS method is obviously higher than that of the Conventional Genetic Algorithm (CGA) and the Quantum Genetic Algorithm (QGA).

Key words: quantum computation; genetic algorithm; quantum genetic algorithm; multi-universe parallel quantum genetic algorithm; blind source separation

1 引言

量子计算是信息科学和量子力学相结合的新兴交叉学科. 自从1994年Shor提出第一个求解大数质因子分解的量子算法^[1]和1996年Glover提出随机数据库搜索的量子算法^[2]之后, 量子计算以其独特的计算性能引起了广泛瞩目, 迅速成为研究热点.

量子遗传算法(Quantum Genetic Algorithm, QGA)是量子计算与遗传算法相结合的产物. 目前, 这一领域的研究主要集中在两类模型上: 一类是基于量子多宇宙特征的多宇宙量子衍生遗传算法^[3], 另一类是基于量子比特和量子态叠加特性的遗传量子算法^[4] (Genetic Quantum Algorithm, GQA). 前者的贡献在于将量子多宇宙的概念引入遗传算法, 利用多个宇宙的

并行搜索, 增大搜索范围, 利用宇宙之间的联合交叉, 实现信息的交流, 从而整体上提高了算法的搜索效率. 但算法中没有利用量子态表述, 因而仍属于常规遗传算法. 后者将量子的态矢量表述引入遗传编码, 利用量子旋转门实现染色体的演化, 实现了比常规遗传算法更好的效果. 但该算法的编码方案和量子旋转门演化策略不具有通用性, 尤其是由于所有个体都朝一个目标演化, 如果没有交叉和变异操作, 极有可能陷入局部最优. 文献[5]对QGA进行了改进, 提出量子遗传算法. 算法中采用多状态基因量子比特编码方式和通用的量子旋转门操作, 引入动态调整旋转角机制和量子交叉, 比文献[4]的方法更具有通用性. 但该方法仍是一个群体独自演化, 没有利用量子信息的多宇宙和宇宙间的纠缠特性, 效率有待进一步提高.

收稿日期: 2002-11-29; 修回日期: 2003-05-26

基金项目: 国家自然科学基金(No. 60171029)

本文提出一种多宇宙并行量子遗传算法 (Multi-Universe Parallel Quantum Genetic Algorithm, MPQGA). 算法中将所有的个体按照一定的拓扑结构分成一个个独立的子群体, 称为宇宙; 采用多状态基因量子比特编码方式来表达宇宙中的个体; 采用通用的量子旋转门策略和动态调整旋转角机制对个体进行演化; 采用量子变异阻止早熟收敛; 各宇宙独立演化, 这样可扩大搜索空间, 宇宙之间采用最佳移民和量子交叉操作来交换信息, 使算法的适应性更强, 效率更高. 同时将它与独立分量分析 (Independent Component Analysis, ICA) 相结合, 提出一种盲源分离新算法. 与采用常规遗传算法^[6] (Conventional Genetic Algorithm, CGA) 和 QGA^[5] 的盲源分离方法相比, MPQGA 的运算效率明显优于 CGA 和 QGA.

2 量子遗传算法

量子遗传算法建立在量子的态矢量表述基础上, 将量子比特的几率幅表示应用于染色体的编码, 使得一条染色体可以表达多个态的叠加, 并利用量子旋转门实现染色体的更新操作, 从而实现了目标的优化求解.

2.1 量子比特编码

量子计算机中, 充当信息存储单元的物理介质是一个双态量子系统, 称为量子比特 (qubit). 在量子遗传算法中, 采用量子比特存储和表达一个基因. 该基因可以为“0”态或“1”态, 或它们的任意叠加态. 即该基因所表达的不再是某一确定的信息, 而是包含所有可能的信息, 对该基因的任一操作也会同时作用于所有可能的信息.

本文采用多量子比特来编码多状态基因, 如下所示.

$$q_j^t = \begin{pmatrix} \begin{matrix} | & | & \dots & | & | & | & \dots & | & | \\ \hline \begin{matrix} t_{11} & t_{12} & \dots & t_{1k} & t_{21} & t_{22} & \dots & t_{2k} \\ t_{m1} & t_{m2} & \dots & t_{mk} \end{matrix} \end{matrix} \end{pmatrix} \quad (1)$$

其中, q_j^t 代表第 t 代、第 j 个个体的染色体, k 为编码每一个基因的量子比特数, m 为染色体的基因个数.

采用量子比特编码使得一个染色体可以同时表达多个态的叠加, 使得量子遗传算法比经典遗传算法拥有更好的多样性特征.

2.2 量子遗传算法流程

量子遗传算法的算法流程如下:

- (1) 初始化种群 $Q(t_0)$;
- (2) 对初始种群中的各个体实施一次测量, 得到一组状态 $P(t_0)$;
- (3) 对各状态进行适应度评估;
- (4) 记录下最佳个体状态及其适应度值;
- (5) While 非结束状态 do
 - begin
 - $t = t + 1$;
 - 对种群 $Q(t)$ 实施一次测量, 得到一组状态 $P(t)$;
 - 对各状态进行适应度评估;
 - 依据一定的调整策略, 利用量子旋转门 $U(t)$ 和量子非门对种群进行更新, 得到子代种群 $Q(t+1)$;

记录下最佳个体状态及其适应度值.

End

算法的第一步是初始化种群 $Q(t_0)$, 种群中全部染色体的所有基因 (i, j) 都被初始化为 $(\frac{1}{\sqrt{2}}, \frac{1}{\sqrt{2}})$, 这意味着一个染色体所表达的是其全部可能状态的等概率叠加.

算法的第二步是对初始种群中的个体进行一次测量, 以获得一组确定的解 $P(t) = \{p_1^t, p_2^t, \dots, p_n^t\}$, 其中, p_j^t 为第 t 代种群中第 j 个解 (第 j 个个体的测量值), 表现形式为长度为 m 的二进制串, 其中每一位为 0 或 1 是根据量子比特的概率 $(|t_{ij}|^2 \text{ 或 } |t_{ij}'|^2, i=1, 2, \dots, m)$ 选择得到的. 测量过程为: 随机产生一个 $[0, 1]$ 数, 若它大于概率幅的平方, 则测量结果取值 1, 否则, 取值 0. 然后, 对这一组解进行适应度评估, 记录下最佳适应度个体作为下一步演化的目标值.

随后, 算法进入循环迭代阶段, 随着迭代的进行, 种群的解逐渐向最优解收敛. 在每一次迭代中, 首先对种群 $Q(t)$ 进行测量, 以获得一组确定解 $P(t)$, 然后计算每个解的适应度值, 再根据当前的演化目标和事先确定的调整策略, 利用量子旋转门和量子非门对种群中的个体进行调整, 获得更新后的种群 $Q(t+1)$, 记录下当前的最优解并与当前的目标值进行比较, 如果大于当前目标值, 则以新的最优解作为下一次迭代的目标值, 否则, 保持当前的目标值不变.

2.3 量子旋转门调整策略

作为演化操作的执行机构, 根据量子遗传算法的计算特点, 量子旋转门较为合适. 量子旋转门 $U(t)$ 的调整操作如下式所示:

$$\begin{pmatrix} i \\ j \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos(\theta_i) & -\sin(\theta_i) \\ \sin(\theta_i) & \cos(\theta_i) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} i \\ j \end{pmatrix} \quad (2)$$

其中, (i, j) 为染色体中的第 i 个量子比特, θ_i 为旋转角, 其大小和方向根据一个事先设计的调整策略而确定. 本文提出了一种通用的、与问题无关的调整策略, 如表 1 所示.

表 1 旋转角选择策略

x_i	b_i	$f(x_i) > f(b_i)$	i	$s(\theta_i, \theta_i)$			
				$i \cdot i > 0$	$i \cdot i < 0$	$i = 0$	$i = 0$
0	0	False	0	-	-	-	-
0	0	True	0	-	-	-	-
0	1	False		+1	-1	0	± 1
0	1	True		-1	+1	± 1	0
1	0	False		-1	+1	± 1	0
1	0	True		+1	-1	0	± 1
1	1	False	0	-	-	-	-
1	1	True	0	-	-	-	-

旋转角 $\theta_i = s(\theta_i, \theta_i) \cdot \theta_i$, $s(\theta_i, \theta_i)$ 和 θ_i 分别代表旋转的方向和角度, 其值根据表 1 的选择策略确定. 该调整策略是将个体 q_j^t 当前的测量值的适应度 $f(x_i)$ 与该个体当前的目标值 $f(b_i)$ 进行比较, 如果 $f(x_i) > f(b_i)$, 则调整 q_j^t 中相应位量子

比特 (x_i, b_i),使得几率幅对 (i, i) 向着有利于 x_i 出现的方向演化;反之,如果 $f(x_i) < f(b_i)$,则调整 q_i 中相应位置量子比特 (x_i, b_i),使得几率幅对 (i, i) 向着有利于 b_i 出现的方向演化。

表 1 中, 为每次调整的角步长。的值太小将影响收敛速度;太大可能会使结果发散,或早熟收敛到局部最优解。本文采用动态调整旋转角的策略,即根据遗传代数的不同,将值的大小在 0.1 和 0.005 之间动态调整。

2.4 量子变异

变异的作用主要在于阻止未成熟收敛和提高算法局部搜索能力。在 QGA 中,我们通过量子非门设计了一种量子变异操作。具体方法如下:

- (1) 以确定的概率 P_m 从种群中选取若干个个体;
- (2) 对选中的个体按确定的概率确定一个或多个变异位;
- (3) 对选中位量子比特的几率幅执行量子非门操作,即完成该量子比特的变异操作。

量子变异操作实际上是更改了该量子比特态叠加的状态,使得原来倾向于坍缩到状态“1”的变为倾向于坍缩到状态“0”,或者相反。

3 多宇宙并行量子遗传算法

QGA 引入了量子比特的概率描述和量子旋转门演化机制,能有效地提高算法的运算效率,但从整体上看,QGA 并没有利用生物界物种演化的混沌和并行特点。本文提出了多宇宙并行量子遗传算法。MPQGA 采用多宇宙并行结构,不同的宇宙向着各自的目标演化,宇宙之间采用移民和量子交叉的策略交换信息,具有比 QGA 更快的收敛速度。

3.1 多宇宙并行拓扑结构

并行算法的实现途径有:主从式并行化方法、粗粒度模型和细粒度模型。QGA 的内在并行性使得它特别适合粗粒度的并行计算^[7]。

在并行模型确定后,网络的拓扑结构直接影响着算法的性能,包括宇宙之间信息交互的路径和交互方式。本研究根据宇宙数目的多少选取不同的网络拓扑结构。当宇宙数目较少时采用星形结构,如图 1 所示;当宇宙数目较多时采用超星形结构,即首先进行分组,组内采用星形结构,组与组之间再采用星形结构,如图 2 所示。图中, U 代表一个宇宙, U 后的数据代表宇宙号。

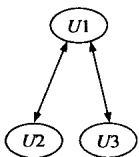


图 1 星形结构

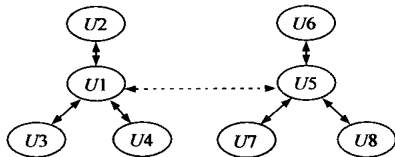


图 2 超星形结构

3.2 多宇宙之间信息的交换

本研究采用移民和量子交叉两种策略来实现多宇宙之间信息的交换。通过各宇宙之间的移民和量子交叉,体现了宇宙之间的相互纠缠,即一个宇宙内的信息发生变化,通过信息的交互,迅速引起其他宇宙的信息发生变化。

3.2.1 移民操作 移民操作是粗粒度模型中普遍采用的信息交互方式,一般采用最佳移民和最差删除方法。实现的关键是移民策略、移民规模和移民周期的选择。

移民策略包括“一对多”和“一对一”^[7]。本文中采用“一对一”的移民策略。

大规模的移民有利于优良个体在多个宇宙中传播和收敛速度的提高,但同样会增大通信开销,并导致宇宙中个体多样性下降,失去并行算法在多个方向上同时搜索的特点。典型的移民规模是宇宙中个体数目的 10% ~ 20%。

移民周期小有利于各宇宙之间的融合,使得优良个体能及时传播到其他宇宙,但同时会增大通信开销,而且某些优良个体在宇宙中的统治地位会降低宇宙中个体的多样性。一般的移民周期可选择每隔几代移民一次。

3.2.2 量子交叉 在遗传算法中,交叉的作用是实现两个个体间结构信息的互换,通过这种互换使得具有低阶、短距、高平均适应度的模式能够合并而产生高阶、高适应度的个体。量子交叉也应具有这种能力。在 MPQGA 中最能体现各宇宙结构信息的是各宇宙的演化目标。

基于上述考虑,我们提出了一种满足上述要求的量子交叉操作。其基本思想是,通过在两宇宙之间暂时交换各自的演化目标,使得本宇宙的结构信息有效地传递给另一参加交叉的宇宙,并对对方宇宙的演化方向产生影响,同时本宇宙也从对方宇宙的演化目标中获得对方的演化信息。

具体实现如下:

- (1) 按确定的选择概率从宇宙中选取一个或若干个个体;
- (2) 对它们分别进行一次测量,得到一组确定解 p_{Ai} 和 p_{Bi} , 计算它们的适应度值;
- (3) 随机选取一个或若干个其他宇宙,以各宇宙的演化目标作为个体当前的演化目标,对个体进行一次量子旋转门演化操作;
- (4) 重复 (1) ~ (3) 操作,直至全部宇宙都进行量子交叉操作。

移民操作和量子交叉操作都可实现宇宙间信息的交互,但两者侧重点不同。前者是将最佳个体按确定的拓扑结构和移民策略,在各宇宙中传递;后者是将各宇宙的演化目标通过量子交叉的方式进行交互。两者相辅相成,使得整个系统的收敛速度加快,运算效率提高,且能有效地避免早熟收敛。

3.3 多宇宙并行量子遗传算法的全局收敛性

定义 1 设 Z_t 为 t 时刻宇宙中所包含的个体的适应度最大值, f^* 为适应度函数 $f(x)$ 在所有可能的个体所组成的集合 X 中所取的最大值,若 Z_t 满足:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} P\{Z_t = f^*\} = 1 \quad (3)$$

则称算法收敛到最优解。

接下来我们将建立 MPQGA 的有限 Markov 链模型:

首先需要确定有限 Markov 链的状态空间。对于具有 m 个宇宙,每个宇宙有 n 个个体,串长为 l 的 MPQGA,可以将整个宇宙中的每个个体连成长度为 $l \cdot m \cdot n$ 的量子比特串,显然,这个量子比特串能完全描述 MPQGA 的状态。其有限 Markov

链的状态空间 $S = IB^{l \cdot m \cdot n} = IB^N$, S 中的每一个量子比特串 i 都可以被视为一个整数. 定义如下函数 $k: S \rightarrow B^l$, 使得 $k(i) = b_k$, 也就是说, $k(i)$ 从状态 i 中提取第 k 个个体.

有限 Markov 链的转移矩阵 P 可以分解成五个随机矩阵的乘积: $P = M \cdot E \cdot I \cdot C \cdot U$, 其中矩阵 M 、 E 、 I 、 C 和 U 分别代表测量、量子旋转门演化、量子交叉、量子变异和更新五种算子的转移矩阵. 量子比特的概率幅表述特性通过测量算子得到诠释; 其他算子分别表征宇宙中个体向目标的演化、宇宙之间的移民和交叉、以及目标解的更新等操作. 移民操作只能加速收敛速度, 对收敛性能不产生影响.

定理 1 MPQGA 能收敛于全局最优解.

证明 对于保留最佳个体的 MPQGA, 其宇宙为 b_i 的 $n+1$ 元组. 将最初测量的最佳个体, 即演化目标称为超级个体, 并将它设为宇宙中的第一个个体, 那么, 其 Markov 链的状态空间为 $S = IB^{l \cdot (n+1) \cdot m}$, $0(i)$ 代表超级个体. MPQGA 的算子有: 测量、量子旋转门演化、量子交叉、量子变异和更新, 分别记为 M^+ 、 E^+ 、 I^+ 、 C^+ 和 U , 其中更新算子只作用于超级个体, 而其他算子不作用于超级个体. 所以可以将 M^+ 、 E^+ 、 I^+ 、 C^+ 记为分块矩阵.

$$M^+ = \begin{bmatrix} M & & 0 \\ & M & \\ 0 & & M \end{bmatrix}, E^+ = \begin{bmatrix} E & & 0 \\ & E & \\ 0 & & E \end{bmatrix},$$

$$I^+ = \begin{bmatrix} I & & 0 \\ & I & \\ 0 & & I \end{bmatrix}, C^+ = \begin{bmatrix} C & & 0 \\ & C & \\ 0 & & C \end{bmatrix},$$

有

$$M^+ E^+ I^+ C^+ = \begin{bmatrix} MEIC & & 0 \\ & MEIC & \\ 0 & & MEIC \end{bmatrix} > 0 \quad (4)$$

当各宇宙中最佳个体超过演化目标时, 就执行更新操作, 即更新演化目标, 用最佳个体取代超级个体; 否则, 不执行更新操作. 也就是说, 对于状态 i , 若 $b = \max\{f(k(i)) \mid k=1, 2, \dots, n\}$ B^l 满足 $f(b) > f(0(i))$ 时, $U_{ij} = 1$ (实施更新), 其中, $j = (b, \dots, 1(i), \dots, 2(i), \dots, n(i)) B^{l \cdot (n+1) \cdot m}$, 否则, $U_{ij} = 1$ (不实施更新). 由此可见, 转移矩阵 U 中每一行只有一个元素不为 0. 若在状态空间中, 我们将各状态按其超级个体的适应度值从大到小进行排序, 记 S_i 为具有同一超级个体且其超级个体的适应度值排在第 i 位的状态空间的集合, 那么, U 可以记为:

$$U = \begin{bmatrix} U_{11} & & 0 \\ U_{21} & U_{22} & \\ \dots & \dots & \ddots \\ U_{2^l \cdot 1, 1} & U_{2^l \cdot 2, 2} & \dots & U_{2^l \cdot 2, 2} \end{bmatrix}$$

其中 U_{ij} 为一 $2^{l \cdot m \cdot n} * 2^{l \cdot m \cdot n}$ 维矩阵, 是由状态空间集合 S_i 到状态空间集合 S_j 的转移矩阵.

假定适应度函数 $f(x)$ 只含有一个全局最优解. 显然, 由于 S_1 中各状态所包含的超级个体是全局最优解, 所以 U_{11} 是一个单位矩阵. 而 $U_{aa}(a=2)$ 为对角矩阵, 其对角线上的元素为“0”或“1”.

MPQGA 的状态转移矩阵 P^+ 为:

$$P^+ = \begin{bmatrix} P & & 0 \\ & P & \\ 0 & & P \end{bmatrix} \begin{bmatrix} U_{11} & & 0 \\ U_{21} & U_{22} & \\ \dots & \dots & \ddots \\ U_{2^l \cdot 1, 1} & U_{2^l \cdot 2, 2} & \dots & U_{2^l \cdot 2, 2} \end{bmatrix}$$

$$= \begin{bmatrix} PU_{11} & & 0 \\ PU_{21} & PU_{22} & \\ \dots & \dots & \ddots \\ PU_{2^l \cdot 1, 1} & PU_{2^l \cdot 2, 2} & \dots & PU_{2^l \cdot 2, 2} \end{bmatrix} = \begin{pmatrix} P & 0 \\ R & T \end{pmatrix} \quad (5)$$

$$\text{其中, } R = \begin{bmatrix} PU_{21} \\ \dots \\ PU_{2^l \cdot 1, 1} \end{bmatrix}, T = \begin{bmatrix} PU_{22} & & 0 \\ \dots & \ddots & \\ PU_{2^l \cdot 2, 2} & \dots & PU_{2^l \cdot 2, 2} \end{bmatrix} \quad 0$$

于是

$$P = \lim_k P^k = \begin{pmatrix} P & 0 \\ R & 0 \end{pmatrix} \quad (6)$$

由此可见, 当 $t \rightarrow \infty$ 时, 系统停留在 S_1 所包含的状态内, 即系统是各态遍历的, 且最佳个体得以保留, 所以 $\lim_t P(Z_t = f^*) = 1$, 满足定义 1 的条件, 算法能收敛到全局最优解.

4 基于多宇宙并行量子遗传算法的盲源分离算法

盲源分离是指在不知接收信号瞬时混叠参数的情况下, 仅仅根据输入源信号的一些基本统计特征 (统计独立和非高斯分布), 由观测信号恢复出源信号. 目前, 盲源分离普遍采用独立分量分析 (ICA) 技术. 本文提出一种基于 MPQGA 和 ICA 的盲源分离算法.

4.1 盲源分离的基本原理

ICA 的基本目标就是要找到一个线性变换, 使变换后的各信号之间尽可能统计独立. 设 x 为观测值, 对应于一个 m 维信号 $x = [x_1, x_2, \dots, x_m]^T$, 是源信号 $s = [s_1, s_2, \dots, s_n]^T$ 的线性组合.

$$x = As \quad (7)$$

ICA 的任务就是找到一个矩阵 W , 使得

$$y = Wx \quad (8)$$

要求 y 中各分量之间尽可能统计独立. 那么 $y = [y_1, y_2, \dots, y_n]^T$ 就是 s 的近似解.

与文献[5、6]相同, 本文采用峭度作为输出信号统计独立的判据.

4.2 基于多宇宙并行量子遗传算法的盲源分离算法研究

采用 MPQGA 实现盲源分离的关键是: (1) 多宇宙并行拓扑结构设计; (2) 解空间染色体的量子比特编码方式; (3) 适应度函数的选取; (4) 采用量子旋转门和量子非门的染色体演化变异机制; (5) 宇宙之间信息交互形式. 下面介绍具体的盲源分离算法.

4.2.1 多宇宙并行拓扑结构设计 多宇宙并行的拓扑结构直接影响着算法的性能,包括宇宙之间信息交互的路径和交互方式。本研究中,按照宇宙数目的多少分别采用图 1 和图 2 所示的拓扑结构。

4.2.2 适应度函数的选取 $K-L$ 散度、互信息和负熵等多种参数都可以作为信号非高斯性的判据。本研究选用峭度的绝对值作为适应度函数。即

$$J(y) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |kurt(y_i)| = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |E\{y_i^4\} - 3(E\{y_i^2\})^2| \quad (9)$$

在 $E\{yy^T\} = I$ 的约束下,对于某一分离矩阵 w , $J(y)$ 越大表明 y_i 之间的独立性越强。

4.2.3 初始群体的形成 各宇宙内部通过量子比特方式产生由若干个分离矩阵构成的初始群体。本研究中为了与文献[6]和[5]的 CGA 和 QGA 进行比较,将 MPQGA 的初始群体设为 24 个矩阵,但分别分成 3 个宇宙(每个宇宙 8 个个体)和 8 个宇宙(每个宇宙 3 个个体)。前者采用图 1 所示的星形拓扑结构,后者采用图 2 所示超星形拓扑结构。

4.2.4 染色体的量子比特编码方式 对分离矩阵 w 进行量子比特编码。例如对四路源信号进行分离,分离矩阵为 4×4 的方阵。采用多量子比特来编码多状态基因,矩阵中每一个数值用 16bit 二进制数表示,则染色体为 $16 \times 16 = 256$ 位置量子比特编码,如图 3 所示。

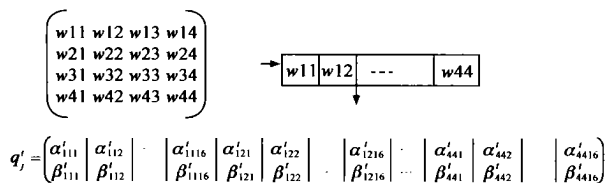


图 3 染色体多量子比特编码方式

4.2.5 旋转门演化机制和信息交换策略 MPQGA 中,在宇宙内部采用量子旋转门搜索最优解,执行量子变异操作避免出现早熟收敛,在宇宙之间执行移民和量子交叉,以充分利用所有染色体的信息。

本文中星形结构的移民规模取宇宙中个体数目的 10%,移民周期取每隔 5 代移民一次;超星形结构的移民规模取宇宙中个体数目的 20%,移民周期为组内每隔 5 代移民一次,组与组之间为每隔 10 代移民一次。量子交叉的选择概率为 30%。量子变异的概率为 10%。

4.2.6 初始化及约束条件的满足 峭度作为非高斯性度量的前提条件是零均值,且满足 $E\{yy^T\} = I$ 的约束条件。因此在遗传操作的每一代都要进行零均值和白化处理,以满足约束条件^[5,6]。

基于 MPQGA 和 ICA 的盲源分离算法的具体步骤如下:

- (1) 读取源信号,本文中选取的是两路图像和两路声音信号。
- (2) 对信号进行中心化和白化处理。
- (3) 按照并行的拓扑结构,在各宇宙内产生所需数量的分离矩阵作为初始个体,对个体进行量子比特编码。
- (4) 对各宇宙内的初始群体分别测量一次。过程为:

测量 q ——得到解 p ——获取分离矩阵 ——得到分离后信号 ——中心化、白化处理 ——计算适应度函数 ——找出最佳个体和最佳解,作为下一阶段各宇宙的演化目标。

(5) 进入循环阶段。在各宇宙内部进行下列操作:对群体再测量 q ——得到解 p ——获取分离矩阵 ——得到分离后信号 ——中心化、白化处理 ——计算适应度函数 ——量子旋转门和量子非门演化 ——找出最佳个体和最佳解,作为下一阶段各宇宙的演化目标; 在各宇宙之间执行移民和量子交叉; 重新循环,直至规定的遗传代数或演化目标。

(6) 由最佳个体的最佳解获取分离矩阵,分离信号,中心化和白化,画图,结束。

5 实验结果及分析

已做了大量实验验证本文算法的有效性。为了与文献[6]和[5]中的 CGA 和 QGA 进行比较,实验中选用与之相同的信号,运行环境都是 P 1.13GHz,256MB SDRAM,编程软件为 Matlab 5.3。

表 2 提供的是三种算法的运行时间和适应度的比较。遗传代数统一设定为 200 代,CGA 选用 50 个个体,QGA 选用 24 个个体,MPQGA 也是 24 个个体,分成 3 个宇宙和 8 个宇宙。表中提供了经过 20 次运算后最佳适应度、平均适应度、最差适应度的平均值以及每代运算所耗费的时间。

表 2 CGA、QGA 和 MPQGA 运算结果比较表

	常规遗传算法	量子遗传算法	多宇宙并行量子遗传算法	
群体规模	50	24	3 个宇宙	8 个宇宙
最佳适应度	8.2172	8.2178	8.2178	8.4509
平均适应度	8.2084	8.2105	8.2170	8.2400
最差适应度	8.1395	8.1915	8.2153	8.2162
每代耗费时间(s)	72.2	17.7	18.1	18.2

从表中可以看到:在 24 个个体的情况下,QGA 的最佳适应度、平均适应度和最差适应度都超过 CGA,但运行时间仅为后者的不足 1/4;MPQGA 中,无论是分成 3 个宇宙还是 8 个宇宙,其性能明显超过 QGA 和 CGA。在单机仿真的时间开销来看,MPQGA 耗时略多于 QGA。但按照通行的评估方法,将单机运行时间除以处理器数量,近似得到多处理器情况下的运行时间,则 MPQGA 的耗时远小于 QGA。

同样是 MPQGA,同样的群体规模下,由于网络拓扑结构的不同,多宇宙的性能优于少宇宙。这与粗粒度并行遗传算法中结论是一致的^[8]。

图 4 为 MPQGA、QGA 和 CGA 平均适应度曲线。纵坐标为适应

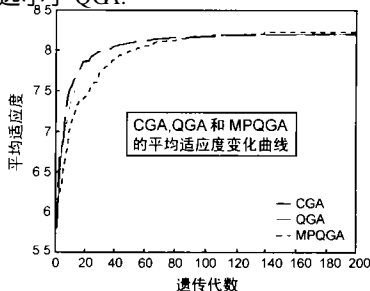


图 4 MPQGA、QGA 和 CGA 适应度变化曲线

度值,横坐标为遗传代数.从曲线中可以看出,30代遗传操作后,QGA的适应度一直优于CGA;在大约90代后,MPQGA的适应度超过CGA,大约130代后,超过QGA.图5为MPQGA中不同拓扑结构的性能比较,从图中可以看出,多宇宙的性能优于少宇宙.图6为算法中采用静态旋转角和动态旋转角平均适应度曲线.从曲线中可看到动态调整旋转角的优越性.图7为MPQGA采用量子交叉和不采用量子交叉的平均适应度曲线.从曲线中可看到量子交叉对算法的贡献.

6 结论

本文提出一种多宇宙并行量子遗传算法,并从理论上证明其全局收敛性.同时提出了一种基于MPQGA和ICA的盲源分离新算法.与采用CGA和QGA的盲源分离方法相比^[5,6],MPQGA的运算效率明显优于CGA和QGA.后续的研究可从动力学模型上研究算法的收敛速度,同时进一步扩大算法的应用领域.

参考文献:

- [1] Shor P W. Algorithms for quantum computation: Discrete logarithms and factoring[A]. Proc of the 35th Annual Symposium on the Foundation of

Computer Sciences[C]. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 1994. 20 - 22.

- [2] Grover L K. A fast quantum mechanical algorithm for database search [A]. Proc of 28th Annual ACM Symposium on the Theory of Computing [C]. Philadelphia: ACM Press, 1996. 212 - 221.
- [3] Narayanan A, Moore M. Quantum inspired genetic algorithms [A]. Proc of the 1996 IEEE International Conference on Evolutionary Computation (ICEC96) [C]. Nagaya: IEEE Press, 1996. 41 - 46.
- [4] Han K-H. Genetic quantum algorithm and its application to combinatorial optimization problem [A]. IEEE Proc of the 2000 Congress on Evolutionary Computation [C]. San Diego: IEEE Press, 2000. 1354 - 1360.
- [5] Yang Jun'an, et al. Research of quantum genetic algorithm and its application in blind source separation [J]. Journal of Electronics (China), 2003, 20(1): 62 - 68.
- [6] Yang Jun'an, et al. Research & realization of image separation method based on independent component analysis & genetic algorithm [A]. International Congress on Image and Graph 2002 [C]. Hefei: SPIE Press, 2002. 575 - 582.
- [7] 陈国良, 王煦法, 庄镇泉, 王东生. 遗传算法及其应用 [M]. 北京: 人民邮电出版社, 1999.
- [8] Grosso P B. Computer Simulation of Genetic Algorithm Adaptation: Parallel Subcomponent Interaction in a Multi-Locals Model [D]. The University of Michigan, 1985.

作者简介:



杨俊安 男, 1965 年出生于安徽巢湖, 1986 年毕业于东南大学无线电系, 现为中国科学技术大学副教授, 在职博士生, 研究兴趣包括盲信号处理、量子计算、遗传算法等, 已发表论文 20 余篇.



庄镇泉 男, 1938 年出生于福建泉州, 1960 年毕业于浙江大学电机系, 现任中国科学技术大学教授, 博士生导师, 智能信息处理研究所所长. 主要研究兴趣: 智能信息处理、信息安全和电子设计自动化, 已出版著作七部, 发表论文 120 多篇.

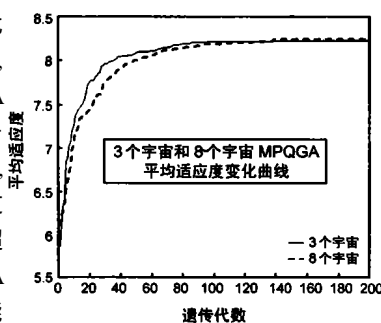


图5 MPQGA 中不同拓扑结构的性能比较

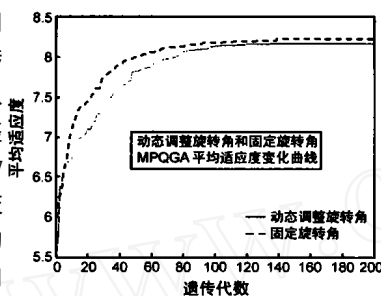


图6 MPQGA 中固定和动态旋转角的性能比较

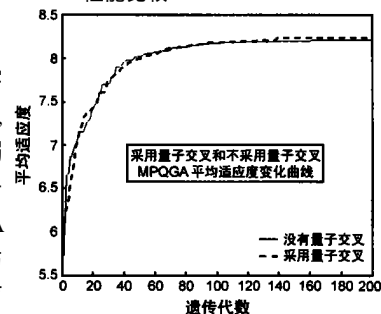


图7 MPQGA 中有量子交叉没有量子交叉的性能比较