求解 SAT 问题的量子免疫克隆算法

李阳阳 焦李成
(西安电子科技大学智能信息处理研究所 西安 710071)

摘 要 将量子计算应用于人工免疫系统中的克隆算子,提出了一种基于量子编码的免疫克隆算法(Quantum-Inspired Immune Clonal Algorithm, QICA)来求解 SAT 问题,并从理论上证明了算法的全局收敛性.算法中采用量子位的编码方式来表达种群中的抗体,针对这种编码方式采用量子旋转门和动态调整旋转角度策略对抗体进行演化,加速原有克隆算子的收敛;利用克隆算子的局部寻优能力强的特点,在各个子群体间采用量子交叉操作来增强信息交流,提高种群的多样性防止早熟.实验中,用标准 SATLIB 库中的 3700 个不同规模的标准 SAT 问题对 QICA 的性能作了全面的测试,并与单纯的量子遗传算法和简单免疫克隆算法以及著名的 WalkSAT 和 PFEA2 算法进行比较,仿真实验表明:QICA 具有更高的成功率和运算效率.对于具有 250 个变量、1065 个子句的 SAT 问题,QICA 也仅用了 1.357s,显示出了优越的性能.

关键词 量子编码;遗传算法;人工免疫系统;克隆算子;SAT 问题
中图法分类号 TP18

Quantum-Inspired Immune Clonal Algorithm for SAT Problem

LI Yang-Yang JIAO Li-Cheng
(*Institute of Intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an* 710071)

Abstract This paper proposes a new immune clonal algorithm, called a quantum-inspired immune clonal algorithm (QICA), which is based on the concept and principles of quantum computing, to deal with SAT problem, and proves its global convergence in theory. In the algorithm, individuals in a population are represented by quantum bits (qubits). In the individual's updating, the quantum rotation gate strategy and dynamic adjusting rotation angle mechanism are applied to accelerate convergence. By using clonal operator in artificial immune system (AIS), information among the subpopulation is exchanged by adopting the quantum crossover operation for improvement of diversity of the population and avoiding prematurity. In experiments, QICA is tested on SAT problem, and compared with other algorithms. The results indicated that QICA performs much better than the four other algorithms both in the quality of solution and in the computational cost.

Keywords quantum bit; genetic algorithm; artificial immune system; clonal operator; SAT problem

1 引 言

生物信息系统可以看成是一个分布式自治系统.由生物引发的信息处理系统可分为:脑神经系统(神经网络)、遗传系统(进化计算)和免疫系统(人工免疫系统).其中进化计算是一类模拟生物进化过程与机制来求解问题的自组织、自适应人工智能技术.

收稿日期:2005-12-04;修改稿收到日期:2006-09-15.本课题得到国家自然科学基金(60372045)、国家"九七三"重点基础研究发展规划项目基金(2001CB309403)和国家教育部博士点基金(20030701013)资助.**李阳阳**,女,1979 年生,博士研究生,研究方向为量子进化计算、人工免疫系统、数据挖掘、模式识别.E-mail: lyy_791@yahoo.com.cn; lyy_111@sina.com.**焦李成**,男,1959 年生,博士,教授,博士生导师,研究领域为进化计算、神经网络、子波理论、数据挖掘.

我们所熟悉的进化算法是一种更为宏观意义上的仿生算法. 理论上已经证明：它们均能从概率的意义上以随机的方式寻求到问题的最优解；但是将进化算法用于各种实际问题后，也出现了一些不尽人意的情况，主要表现在：容易产生早熟，收敛速度慢，局部寻优能力差等(即在全局收敛和局部搜索中很难达到很好的平衡). 因此，构造性能更加优良的智能算法是其进入实际工程应用的一个关键问题.

与进化计算一样，人工免疫系统借鉴脊椎动物免疫系统的作用机理，特别是高级脊椎动物(主要是人)免疫系统的信息处理模式，以免疫学术语和基本原理构造新的智能算法，为问题的求解提供新颖的方法.

物理学是现代科学技术的基础，它的发展使人类获得了对自然界前所未有的深刻理解. 人类在发掘生物进化机制，进行“仿生”研究的同时，也受其启发而萌发了“拟物”的思想. 二者相互渗透，取长补短，产生了许多成功的理论，模拟退火算法就是由物理学推动发展的动力系统得到生物进化思想的完善的产物[1]. 量子力学是 20 世纪物理学最惊心动魄的发现之一，以量子力学的基本原理为基础的量子信息学是物理学与信息学交叉融合产生的新兴学科，它为信息科学的发展提供了新的原理和方法.

本文借鉴量子计算的并行特性，采用量子编码构造抗体种群，这种表达方式使种群中的抗体携带了丰富的信息，并结合人工免疫系统中的克隆算子，提出了一种新颖的学习算法——基于量子编码的免疫克隆算法(QICA). 算法中利用量子编码的叠加性构造抗体，使得作用在量子编码抗体上的操作具有高效的并行性，为防止盲目的搜索，利用当前最优抗体的信息来控制变异，使种群以大概率向着优良模式演化来加速收敛. 从算法的总体框架上来说，克隆算子本身具有局部寻优能力强的特点[2]，但随着问题的复杂求解能力不尽人意，故在各个子群体间采用量子交叉操作增强信息交流，在各个子群体内部采用量子旋转门对抗体进行演化，并动态调整旋转角度，使算法在全局搜索的同时兼顾局部. 文献[3]中我们将算法 QICA 应用到数值优化问题上，取得了良好的效果. 本文我们将 QICA 应用于合取范式可满足性问题(atisfiability problem, SAT 问题)，并与三种改进的进化算法——量子遗传算法(QGA)[4]、简单免疫克隆算法(SICA)以及两种著名的求解 SAT 问题的有效算法——WalkSAT[5] 和 PFEA2[6] 相比较. 实验结果表明，QICA 性能优越，能够快速求解 SAT 问题，具有很高的实用价值. 第 2 节介绍 QICA 的基本理论；第 3 节给出 QICA 的详细流程；第 4 节从理论上证明 QICA 的收敛性；第 5 节给出比较仿真实验和结果分析；第 6 节给出结论和进一步的研究方向.

2　基本理论

2.1　量子位

在量子系统中，最小的信息单元用量子位来表示，量子位又称为量子比特[7]. 一个量子位的状态可以取值 0(记为$|0\rangle$)或 1(记为$|1\rangle$)，或者是两者的任意叠加. 即一个量子位可能处在$|0\rangle$或$|1\rangle$，或者处于两者之间的中间态，即$|0\rangle$和$|1\rangle$的不同叠加态，所以一个量子位记为$|\psi\rangle$，可以表示为

$$|\psi\rangle = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle \tag{1}$$

其中，α 和 β 分别是$|0\rangle$和$|1\rangle$出现的概率幅，且满足归一化条件：

$$|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1 \tag{2}$$

其中，$|\alpha|^2$ 和 $|\beta|^2$ 分别表示量子位处于状态 0 和状态 1 的概率. 因此，如果有一个具有 m 个量子位的量子系统，采用这种表达方式能同时表示 2^m 个状态. 所以对于上述具有 m 个量子位的量子系统的一次操作，就相当于对传统系统中的 2^m 个信息单元同时操作，这就是量子的并行计算.

2.2　量子编码

进化计算的常用编码方式有二进制、十进制和符号编码. 在本算法中，使用一种新颖的基于量子位的编码方式，即用一对满足式(1)和式(2)的实数(α, β)定义一个量子位来表示一个基因位. 一个具有 m 个量子位的抗体可以描述为

$$\begin{bmatrix} \alpha_1 & \alpha_2 & \cdots & \alpha_m \\ \beta_1 & \beta_2 & \cdots & \beta_m \end{bmatrix} \tag{3}$$

其中，$|\alpha_i|^2 + |\beta_i|^2 = 1, i = 1, 2, \cdots, m$. 在本文中. $|\alpha_i|^2$ 表示第 i 个基因位取值为 0 的概率，$|\beta_i|^2$ 表示第 i 个基因位取值为 1 的概率. 因此，这种表示方法可以表征任意的线性叠加态，例如一个具有如下概率幅的 3 个量子位抗体：

$$\begin{pmatrix} \frac{1}{\sqrt{2}} & \frac{1}{\sqrt{2}} & \frac{1}{2} \\ \frac{1}{\sqrt{2}} & -\frac{1}{\sqrt{2}} & \frac{\sqrt{3}}{2} \end{pmatrix} \tag{4}$$

进而抗体可以表示为

$$\frac{1}{4}|000\rangle+\frac{\sqrt{3}}{4}|001\rangle-\frac{1}{4}|010\rangle-\frac{\sqrt{3}}{4}|011\rangle+\frac{1}{4}|100\rangle+\frac{\sqrt{3}}{4}|101\rangle-\frac{1}{4}|110\rangle-\frac{\sqrt{3}}{4}|111\rangle \tag{5}$$

上面结构表示状态$|000\rangle$,$|001\rangle$,$|010\rangle$,$|011\rangle$,$|100\rangle$,$|101\rangle$,$|110\rangle$和$|111\rangle$出现的概率分别为$\frac{1}{16}$,$\frac{3}{16}$,$\frac{1}{16}$,$\frac{3}{16}$,$\frac{1}{16}$,$\frac{3}{16}$,$\frac{1}{16}$和$\frac{3}{16}$.因此,这个三量子位的抗体表示了8个状态叠加的信息,即它可以同时表示出8个状态的信息.

采用上述编码方式将其运用到进化计算当中,有人提出了量子遗传算法[4],但是这种算法具有如下缺点:(1)算法中的量子旋转门演化策略不具有通用性,(2)所有个体都朝着一个目标演化,如果没有交叉和变异操作,极有可能陷入局部最优.因此,本文采用通用的量子旋转门作用在量子编码个体上,加速收敛,并采用克隆算子,提高局部搜索能力.

2.3 人工免疫系统中的克隆算子

在人工免疫系统中完全套用生物学定义,照搬生物学过程,是不可能也不必要的.为了更好地描述算法,下面通过表1简要给出几个常用的免疫学术语在本文算法中的含义.

表1 对应关系

免疫学术语	克隆算子中的作用
克隆(无性繁殖)	克隆(复制)
抗体	候选解
抗原	问题的优化目标(目标函数)及其约束条件
抗体-抗原亲合度	候选解所对应的目标函数值 (候选解对问题的适应性度量)

克隆算子包括了3个步骤,即克隆操作、免疫基因操作和克隆选择操作,是由亲合度诱导的抗体随机映射,抗体种群的状态转移情况可以表示成如下的随机过程:

$$A(k)\xrightarrow{\text{clone}}A'(k)\xrightarrow{\text{immune genetic operator}}A''(k)\xrightarrow{\text{selection}}A(k+1).$$

设抗体种群规模为n,抗体种群$A=\{a_1,a_2,\cdots,a_n\}$,3个主要操作定义如下.

定义1. 克隆操作T_c^C.

$$T_c^C(A)=[T_c^C(a_1)\quad T_c^C(a_2)\quad\cdots\quad T_c^C(a_n)]^{\mathrm{T}} \tag{6}$$

其中,$T_c^C(a_i)=I_i\times a_i$, $i=1,2,\cdots,n$,I_i为元素值为1的q_i维行向量.q_i为抗体a_i的克隆规模,即抗体在抗原的刺激下,实现了生物倍增,表示为如下的函数形式:

$$q(k)=h(n_c,f(a(k))) \tag{7}$$

具体地,一般取q_i:

$$q_i(k)=\mathrm{Int}\left(n_c\times\frac{f(a_i(k))}{\sum_{j=1}^{n}f(a_j(k))}\right),\ i=1,2,\cdots,n \tag{8}$$

Int(•)为上取整函数,Int(x)表示大于等于x的最小整数,而n_c是与克隆规模有关的设定值且满足$n_c>n$.由此可见,对单一抗体而言,其克隆规模是依据抗体-抗原亲合度$f(a_i(k))$在整个抗体中的相对大小自适应地调整的,即当抗体受到抗原的刺激时根据影响的大小来决定克隆规模的多少.克隆操作生成了单一抗体的多个镜像,实现了个体空间自适应地扩张.克隆过后,种群变为

$$A'=\{A,A'_1,A'_2,\cdots,A'_n\} \tag{9}$$

其中,

$$A'_i=\{a_{i1},a_{i2},\cdots,a_{iq_i-1}\},\ a_{ij}=a_i,\ j=1,2,\cdots,q_i-1 \tag{10}$$

定义2. 免疫基因操作T_g^C.

免疫基因操作T_g^C主要包括克隆重组T_r^C和克隆变异T_m^C.值得注意的是为了保留父代种群信息,免疫基因操作不作用于$A\in A'$.

定义3. 免疫选择T_s^C.

与进化计算中的选择操作不同,免疫选择T_s^C是从经克隆免疫基因操作后的各自子代和相应父代中选择优秀的抗体,从而形成新的种群,即$A(k+1)=T_s^C(A(k)\cup A''(k))$,其中$A''(k)$为经过免疫基因操作后的抗体种群.具体地,根据亲合度,$\forall i=1,2,\cdots,n$,若有

$$b_i(k)=\{a''_{ij}(k)\mid\max f(a''_{ij}),j=1,2,\cdots,q_i-1\} \tag{11}$$

使得

$$f(a_i(k))<f(b_i(k)),\ i=1,2,\cdots,n \tag{12}$$

则

$$a_i(k+1)=b_i(k),\ i=1,2,\cdots,n \tag{13}$$

即用b_i代替原抗体a_i,否则保持不变.克隆选择完成后得到下一代抗体群$A(k+1)$.

由此我们发现免疫克隆算子是以在局部增加种群规模来换取局部寻优能力强的智能算法,但是当我们的问题规模增加或是实时要求较高时,此算法将无法满足需求,因此,我们利用量子计算的并行特性,也能提高原算子的收敛速度.

3　求解 SAT 问题的量子免疫克隆算法

3.1　问题描述

对于 SAT 问题，一个合取范式可以描述为

$$\begin{cases} f(U)=C_1\wedge C_2\wedge\cdots\wedge C_N \\ U=\{u_1,u_2,\cdots,u_m\} \\ C_i=u_{i_1}\vee u_{i_2}\vee\cdots\vee u_{i_k}\vee\bar{u}_{ri_1}\vee\bar{u}_{ri_2}\vee\cdots\vee\bar{u}_{ri_l} \\ i=1,2,\cdots,N;\ i_1,i_2,\cdots,i_k=1,2,\cdots,m; \\ ri_1,ri_2,\cdots,ri_l=1,2,\cdots,m \end{cases} \tag{14}$$

其中 U 是 m 个布尔变量的集合，$\bar{u}$ 表示变量 u 的非，C_i 是一个子句，u_i 和 $\bar{u}_i$ 称为子句 C_i 的文字. SAT 问题的目的就是找到 U 的一种取值，使得 $f(U)$ 为真. 这里我们定义抗原 $g=f(U)$；抗体采用形如式(3)的量子编码抗体来表示，其中当布尔变量 u 取值为真时，对应的普通抗体编码为“1”，反之为“0”；抗体与抗原的亲和度函数 $f(*)$ 为对应真子句的个数.

3.2　量子免疫克隆算子设计

我们基于克隆算子的基本框架，采用量子编码来表示抗体，设计了针对量子编码的量子旋转门变异策略，构造了具有量子特性的全干扰量子交叉策略. 在各个子群体内部采用量子旋转门变异加速收敛，向着真子句个数更多的状态演化；在各个子群体间的普通抗体采用量子交叉，使得各个子群体间增强了信息交流，防止早熟陷入局部最优.

定义 4.　量子旋转门变异.

在量子理论中，各个状态间的迁移是通过量子门的变换矩阵得以实现[8]，我们发现：用量子旋转门的旋转角度同样也可表征变异操作，进而方便地在变异中加入最优抗体的信息，加快算法收敛. 量子旋转门 $U(\theta)$ 的定义如下：

$$U(\theta)=\begin{bmatrix}\cos(\theta) & -\sin(\theta)\\ \sin(\theta) & \cos(\theta)\end{bmatrix} \tag{15}$$

其中，θ 为旋转变异的角度，经变异操作后的第 i 个量子位概率幅变为

$$\begin{bmatrix}\alpha'_i\\ \beta'_i\end{bmatrix}=U(\theta_i)\times\begin{bmatrix}\alpha_i\\ \beta_i\end{bmatrix} \tag{6}$$

针对文献[4]，本文提出了一种通用的旋转角度调整策略，如表 2 所示.

表 2 中 x_i 为当前抗体的第 i 位；$best_i$ 为当前的最优抗体的第 i 位；$f(x)$ 为亲合度函数；$s(\alpha_i\beta_i)$ 的作用是使算法向着最优解的方向搜索，在不同的象限内其角度的旋转方向是不同的，我们在图 1 中给出了详细的解释；$\theta_i=\delta$ 为旋转角度的大小，δ 为自适应动态步长，它影响算法的收敛速度，如果取值太大，算法搜索的步长就很大，容易出现早熟现象，算法易收敛于局部极值点，反之，如果取值太小，算法搜索的步长就很小，速度太慢，甚至会处于停滞状态. 由此，本文将 δ 视为一个变量并将它定义为一个与克隆规模有关的变量，以便自适应地调整搜索步长的大小. 这里我们定义 $\delta=10\times\exp(-q_i/n_c)$，很显然，对于克隆算子所特有的结构，我们在优胜抗体周围减小变异步长提高局部搜索能力，而在劣势抗体周围增加变异步长进行全面快速搜索.

表 2　旋转角选择策略

x_i	$best_i$	$f(x)$ 优于 $f(best)$	θ_i	$s(\alpha_i\beta_i)$			
				$\alpha_i\beta_i>0$	$\alpha_i\beta_i<0$	$\alpha_i=0$	$\beta_i=0$
0	0	假	0	0	0	0	0
0	0	真	0	0	0	0	0
0	1	假	0	0	0	0	0
0	1	真	δ	-1	$+1$	±1	0
1	0	假	δ	-1	$+1$	±1	0
1	0	真	δ	$+1$	-1	0	±1
1	1	假	δ	$+1$	-1	0	±1
1	1	真	δ	$+1$	-1	0	±1

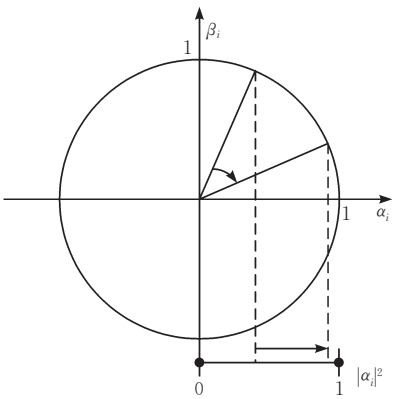

图 1　旋转量子门示意图

为什么这种旋转量子门能够保证算法很快收敛到具有更高亲合度的抗体呢？下面我们画一个直观的图来说明旋转量子门的构造.

如当 $x_i=0$，$best_i=1$，$f(x)\geq f(best)$ 时，为使当前解收敛到一个具有更高适应度的抗体，应增大当前解取 0 的概率，即要使 $|\alpha_i|^2$ 变大，那么如果 (α_i,β_i) 在第一、三象限，θ 应向顺时针方向旋转；如果 (α_i,β_i) 在第二、四象限，θ 应向逆时针方向旋转，如图 1 所示. 上面所述的旋转变换仅是量子变换中的一种，我们针对不同的问题可以采用不同的量子变换. 而对于非二进制编码问题，则要构造不同的观测方式，而变异角度的产生与此相类似，这里不再详

细讨论.

定义 5. 量子交叉.

交叉是进化计算中的另一种搜索最优解的手段,通常采用的交叉操作如单点交叉、多点交叉、均匀交叉、算术交叉等,它们的共同点是限制在两个个体之间,当交叉的两个个体相同时,它们都不再奏效.在这里,我们使用量子的相干特性构造一种新的交叉操作——"全干扰交叉".在这种交叉操作中,种群中的所有抗体均参与交叉.若种群数为 5,抗体长为 8,具体操作如表 3、4 所示.

表 3 全干扰交叉前的抗体

编号	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)

经过全干扰交叉操作后,种群中的抗体变为如表 4 所示的形式.

表 4 全干扰交叉后的抗体

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

表 4 中所示的是一种按对角线重新排列组合的交叉方式,我们称这样的交叉方式为"全干扰交叉"[9].表中仅给出一种方式,我们还可以采用不同的方法产生"交叉基因位"来实施交叉.这种量子交叉可以充分利用种群中的尽可能多的抗体的信息,改进普通交叉的局部性与片面性,在种群进化出现早熟时,它能够产生新的抗体,给进化过程注入新的动力.这种交叉操作借鉴的是量子的相干特性,可以克服普通个体在进化后期的早熟现象.下面我们给出本文算法的具体步骤.

3.3 算法描述

算法(QICA).

1. $k=0$,初始化量子编码种群 $A(0)$,设定算法参数,计算初始种群的亲和度;

2. 依据亲和度和设定的抗体克隆规模,按照式(6)进行克隆操作,生成 $A'(k)$;

3. 对克隆后的子群体内部进行量子变异策略操作,生成种群 $A''(k)$;

4. 对种群 $A''(k)$进行免疫选择,形成新的种群;

5. $k=k+1$,计算新种群的亲和度函数,若满足终止条件,终止计算;否则,如果满足条件,则对种群进行一次量子交叉操作并回到步 2.

需要指出的是,在此算法中初始化时我们产生 n 个 m 对的$[-1,1]$的随机数作为我们的初始量子种群(n 为抗体种群规模,m 为单个抗体的长度即 SAT 问题中布尔变量的个数);对于二进制编码,采用如下观测方式将一个量子抗体生成一个二进制编码的普通抗体,设 $A(k)$为第 k 代的量子种群,$P(k)$为二进制种群,在第 k 代中 $P(t)=\{x_1^k,x_2^k,\cdots,x_n^k\}$,每个二进制解 $x_j^k(j=1,2,\cdots,n)$是长度为 m 的二进制串,它是以$|\alpha_i^k|^2$或$|\beta_i^k|^2(i=1,2,\cdots,m)$为概率选择得到的,具体操作如下:产生一个$[0,1]$的随机数,若它大于$|\alpha_i^k|^2$,普通抗体的相应位取值 1,否则取值 0.当通过观测将量子抗体生成为普通抗体后,我们就可以计算该抗体对应的亲和度,这里抗体的亲和度表征为对应的真子句的个数,显然当抗体的亲和度等于 N(N 表示合取范式包含的所有子句的个数)时,该抗体为最优解.

实际应用中一般采用限定进化(运行)代数或在连续若干次进化(运行)中群体的最优解都没有改善,以及二者的混合形式作为终止条件.本文综合考虑最大运行代数和达到最优解作为本文算法的终止条件.

4 算法的收敛性

定理 1. 算法 QICA 的种群序列$\{X_k,k\geq 0\}$是有限齐次马尔可夫链.

证明. 由于 QICA 采用量子位抗体 A,对于进化算法中,个体的取值是离散的 0、1,假设个体长度为 m,种群规模为 n,种群所在的状态空间大小是 2^{nm}.由于 A 的取值是连续的,所以理论上种群所在的状态空间是无限的,但另一方面,实际运算中 A 是有限精度的,设其维数为 v,则种群所在的状态空间大小为 v^{nm},因此种群是有限的,而算法中采用的克隆、免疫基因操作、免疫选择保证 X_{k+1}仅与 X_k有关(由定义 1~3 保证),即$\{X_k,k\geq 0\}$是有限齐次马尔可夫链. 证毕.

设 $X_k=\{x_1,x_2,\cdots,x_n\}$,下标 k 表示进化的代数,X_k表示在第 k 代时的一个种群,x_i表示第 i 个抗体.设 f 是 X_k上的亲合度函数,令

$$s^* = \{x \mid \max_{x\in X_k} f(x) = f^*\} \tag{17}$$

称 s^* 为最优解集，其中 f^* 为全局最佳值，则有如下定义.

定义 6.　设 $f_k=\max\limits_{x_i\in X_k}\{f(x_i):i=1,2,\cdots,n\}$ 是一个随机变量序列，序列中的变量代表在时间步 k 状态中的最佳的亲合度. 如果当且仅当

$$\lim_{k\to\infty}P\{f_k=f^*\}=1 \tag{18}$$

则称算法收敛. 即表明当算法迭代到足够多的代数后，群体中包含全局最优解的概率接近 1.

定理 2.　对于算法 QICA 的马尔可夫链序列的种群满意值序列是单调不减的，即对于任意的 $k\geq 0$，有 $f(X_{k+1})\geq f(X_k)$，即种群中的任何一个抗体都不会退化.

证明.　显然，由于在本算法中采用保留最优抗体来进行克隆选择，因此保证了每一代抗体都不会退化.　　证毕.

定理 3.　算法 QICA 是以概率 1 收敛的.

证明.　由上所述，本算法的状态转移由马尔可夫链来描述. 我们将规模为 n 的群体认为是状态空间 S 中的某个点，用 $s_i\in S$ 表示 s_i 是 S 中的第 i 个状态，相应本算法 $s_i=\{x_1,x_2,\cdots,x_n\}$，显然 X_k^i 表示在第 k 代时种群 X_k 处于状态 s_i，其中随机过程 $\{X_k\}$ 的转移概率为 $p_{ij}(k)$，则

$$p_{ij}(k)=p\{X_{k+1}^j/X_k^i\} \tag{19}$$

下面给出 $p_{ij}(k)$ 两种特殊情况：设 $I=\{i\mid s_i\cap s^*\neq\varnothing\}$

I. 当 $i\in I,j\notin I$ 时：由于式(19)和定理 2 使得

$$p_{ij}(k)=0 \tag{20}$$

即当父代中出现最优解时不论经历多少代的进化最优解都不会退化.

II. 当 $i\notin I,j\in I$ 时：由定理 2 可知：$f(X_{k+1}^j)>f(X_k^i)$，所以

$$p_{ij}(k)>0 \tag{21}$$

在讨论了转移概率的两种特殊情况后，我们来证明式(18). 设 $p_i(k)$ 为种群 X_k 处在状态 s_i 的概率，$p_k=\sum\limits_{i\notin I}p_i(k)$，则由马尔科夫链的性质可知：

$$p_{k+1}=\sum_{s_i\in S}\sum_{j\notin I}p_i(k)p_{ij}(k)=\sum_{i\in I}\sum_{j\notin I}p_i(k)p_{ij}(k)+\sum_{i\notin I}\sum_{j\notin I}p_i(k)p_{ij}(k) \tag{22}$$

由于 $\sum\limits_{i\notin I}\sum\limits_{j\in I}p_i(k)p_{ij}(k)+\sum\limits_{i\notin I}\sum\limits_{j\notin I}p_i(k)p_{ij}(k)=\sum\limits_{i\notin I}p_i(k)=p_k$　(23)

因此

$$\sum_{i\notin I}\sum_{j\notin I}p_i(k)p_{ij}(k)=p_k-\sum_{i\notin I}\sum_{j\in I}p_i(k)p_{ij}(k) \tag{24}$$

把式(24)代入式(22)，再利用式(20)和式(21)，则：

$$0\leq p_{k+1}<\sum_{i\in I}\sum_{j\notin I}p_i(k)p_{ij}(k)+p_k=p_k$$

因此：

$$\lim_{k\to\infty}p_k=0 \tag{25}$$

又由 $\lim\limits_{k\to\infty}P\{f_k=f^*\}=1-\lim\limits_{k\to\infty}\sum\limits_{i\notin I}p_i(k)=1-\lim\limits_{k\to\infty}p_k$ 和式(25)可知：

$$\lim_{k\to\infty}P\{f_k=f^*\}=1 \tag{26}$$

即所有包含在非全局最优状态中的概率收敛于 0. 则包含在全局最优状态中的概率收敛为 1.　证毕.

5　比较仿真实验

5.1　实验算法的参数设置

为了说明 QICA 改进原有算法在求解 SAT 问题的性能，我们分别实验，与没有采用克隆算子和量子交叉的 QGA[4] 和没有采用量子机制的克隆算子(我们称之为简单免疫克隆算法(SICA))相比较. 算法实验时的参数设置如下：

(1) 本文算法 QICA：初始种群规模为 10，克隆规模 n_c 为 20. 由于量子抗体携带了多个个体的信息，对量子抗体进行免疫基因操作，具有高效并行性，程序的额外开销少，使得在较小种群规模下，能达到满意解，所以我们这里采用较小的种群；取 $p_c=1$ 的概率当满足如下条件时采用量子交叉：在连续 20 代中最优解无改变且小于 N(N 为合取范式中子句的个数)，作用于子群体间的普通抗体上；变异算子采用量子旋转门策略以概率 $p_m=0.5$ 作用在子群体内部的量子抗体上，最大运行代数为 10^6.

(2) 量子遗传算法 QGA：初始种群规模为 200，变异算子以概率 1 采用量子旋转门策略(具体的旋转角度选取参见文献[4])，不采用交叉算子，最大运行代数为 10^6.

(3) 简单免疫克隆算法 SICA：初始种群规模为 10，采用普通抗体表达，克隆规模 $n_c=200$，交叉概率 $p_c=0.88$，采用量子交叉，变异概率 p_m 取为变量个数的倒数，采用高斯变异，最大运行代数为 10^6.

另外文献[10]中对几种典型的基于进化算法求解 SAT 问题的方法的性能进行了综合测试，结果表明文献[6]提出的 PFEA2 的性能优于其它算法. 而 WalkSAT[5] 是一种非常有效的利用局部搜索求解 SAT 问题的方法，因此我们也将 QICA 的性能与

WalkSAT 和 PFEA2 的作比较，其中 WalkSAT 和 PFEA2 的最大变量改变次数为 10^7.

5.2 SAT 问题的实验结果

这里采用 SATLIB 库①中的标准问题来测试算法性能. SATLIB 库中的问题已被广泛地用来测试求解 SAT 问题算法的性能，这里采用“Uniform Random-3-SAT”问题集. 该问题集共有SAT问题3700 个，这些问题的子句个数与变量个数的比均为 4.3 左右，文献[11]表明此时 SAT 问题的约束既不会过少，也不会过多，它们属于可满足和不可满足的概率是相等的，因而这些问题是比较难解的. 根据变量个数可将这 3700 个问题分成 10 个集合，以下分别记为 $URSAT_1$，$URSAT_2$，…，$URSAT_{10}$. 这 10 个集合所包含的问题和相应的参数在表 5 中给出.

表 5 实验中所用的 SAT 问题

问题集	问题个数	文件名	每个问题的变量个数	每个问题的子句数
$URSAT_1$	1000	uf20－01，uf20－02，…，uf20－01000	20	91
$URSAT_2$	1000	uf50－01，uf50－02，…，uf50－01000	50	218
$URSAT_3$	100	uf75－01，uf75－02，…，uf75－0100	75	325
$URSAT_4$	1000	uf100－01，uf100－02，…，uf100－01000	100	430
$URSAT_5$	100	uf125－01，uf125－02，…，uf125－0100	125	538
$URSAT_6$	100	uf150－01，uf150－02，…，uf150－0100	150	645
$URSAT_7$	100	uf1750－01，uf175－02，…，uf175－0100	175	753
$URSAT_8$	100	uf200－01，uf200－02，…，uf200－0100	200	860
$URSAT_9$	100	uf225－01，uf225－02，…，uf225－0100	225	960
$URSAT_{10}$	100	uf250－01，uf250－02，…，uf250－0100	250	1065

本文对着 10 个问题集进行独立 50 实验，统计结果如下表 6，7 和 8 所示，如果一次运行在规定的运算量内找到问题的解，则说明此次运行是成功的. 成功的运行次数与总的运行次数的比即为成功率. 所有实验的运行环境均为 IBM IntelliStation Z Pro Type 6221 工作站.

表 6 QICA 的实验结果

问题集	平均成功率	平均运行时间	平均迭代次数
	QICA	QICA	QICA
$URSAT_1$	1.00	0.001	76
$URSAT_2$	1.00	0.009	281
$URSAT_3$	1.00	0.025	412
$URSAT_4$	1.00	0.069	823
$URSAT_5$	1.00	0.179	1491
$URSAT_6$	1.00	0.195	1821
$URSAT_7$	0.98	0.578	3371
$URSAT_8$	0.95	0.831	4110
$URSAT_9$	0.93	1.038	5302
$URSAT_{10}$	0.94	1.357	5728

表 7 QICA 与 QGA 和 SICA 的性能比较

问题集	平均成功率			平均运行时间		
	QICA	QGA	SICA	**QICA**	QGA	SICA
$URSAT_1$	**1.00**	1.00	1.00	**0.001**	0.002	0.153
$URSAT_2$	**1.00**	1.00	1.00	**0.009**	0.196	0.582
$URSAT_3$	**1.00**	1.00	1.00	**0.025**	0.857	1.279
$URSAT_4$	**1.00**	0.92	1.00	**0.069**	1.491	2.346
$URSAT_5$	**1.00**	0.90	1.00	**0.179**	4.765	6.561
$URSAT_6$	**1.00**	0.82	0.91	**0.195**	7.921	11.712
$URSAT_7$	**0.98**	0.87	0.77	**0.578**	12.951	18.527
$URSAT_8$	**0.95**	0.73	0.81	**0.831**	21.893	31.438
$URSAT_9$	**0.93**	0.61	0.71	**1.038**	30.876	45.346
$URSAT_{10}$	**0.94**	0.45	0.72	**1.357**	40.451	90.123

表 8 QICA 与 WalkSAT 和 PFEA2 的性能比较

问题集	平均成功率			平均运行时间		
	QICA	WalkSAT	PFEA2	**QICA**	WalkSAT	PFEA2
$URSAT_1$	**1.00**	1.00	1.00	**0.001**	0	0.002
$URSAT_2$	**1.00**	1.00	1.00	**0.009**	0.019	0.196
$URSAT_3$	**1.00**	1.00	1.00	**0.025**	0.267	0.766
$URSAT_4$	**1.00**	1.00	0.92	**0.069**	0.628	1.351
$URSAT_5$	**1.00**	1.00	0.97	**0.179**	2.688	2.236
$URSAT_6$	**1.00**	0.98	0.95	**0.195**	3.076	3.509
$URSAT_7$	**0.98**	0.86	0.89	**0.578**	6.929	8.210
$URSAT_8$	**0.95**	0.88	0.75	**0.831**	11.555	13.729
$URSAT_9$	**0.93**	0.93	0.84	**1.038**	14.047	18.928
$URSAT_{10}$	**0.94**	0.87	0.81	**1.357**	20.900	26.451

表 6 给出了本文算法的实验结果，我们从三个方面考察算法，说明本文算法能够在较短的时间内花费较少的迭代次数获得满意的成功率. 为了说明本文算法当中所设计的算子的性能，我们在表中和其他方法进行比较.

从表 7 可见，本文算法在原有 SICA 的基础上引入量子抗体的编码方式，针对量子编码的变异策略大大加快了算法的收敛速度，在求解问题逐步复杂的情况下，无论在解的质量还是时间上都明显优于简单免疫克隆算法，而与 QGA 的比较也说明，QICA 采用克隆算子以及作用在其上的量子交叉都够克服早熟，在问题越为复杂的情况下，其性能优势越明显.

从表 8 可见，对这 10 个问题集，本文算法 QICA 的成功率均在 90% 以上，其性能也优于这两种有效的方法——WalkSAT和PFEA2. 正是由于量

① http://www.satlib.org

子计算的特性，使得在小种群规模下也能获得满意解，所以随着问题规模的增加，而 QICA 的计算时间的增加也相对较小，对于具有 250 个变量、1065 个子句的 $URSAT_{10}$ 也仅用了 1.357s，显示出了优越的性能.

6 结　论

本文提出了一种基于量子编码的免疫克隆算法，并从理论上证明其全局收敛性. 通过仿真实验表明：该算法与单纯的量子遗传算法和简单免疫克隆算法以及两种有效的求解 SAT 问题的方法——WalkSAT 和 PFEA2 相比，收敛速度快且算法的稳定性好，求解精度高，因此将量子计算智能引入人工免疫系统是成功可取的. 接下来我们的研究将致力于本文算法的实际应用，如多用户检测问题和多目标优化问题.

参　考　文　献

[1] Kang Li-Shan, Xie Yun, You Shi-Yong, Luo Zu-Hua. Non-Numeric Parallel Algorithm (Vol. 1). Beijing: Science Press, 1997(in Chinese)
(康立山，谢　云，尤矢勇，罗祖华. 非数值并行算法(第一册)：模拟退火算法. 北京：科学出版社，1997)

[2] De Castro L N, Von Zuben F J. Learning and optimization using the clonal selection principle. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2002, 6(3): 239-251

[3] Li Yang-Yang, Jiao Li-Cheng. Quantum-inspired immune clonal algorithm//Proceedings of the 4th International Conference on Artificial Immune Systems, Lecture Notes in Computer Science 1917. Berlin, Germany: Springer, 2005: 304-317

[4] Han K-H, Park K-H, Lee C-H, Kim J-H. Parallel quantum inspired genetic algorithm for combinatorial optimization problem//Proceedings of the IEEE 2001 Congress on Evolutionary Computation. Seoul, Korea, 2001: 1422-1429

[5] Selman B, Kautz H A, Cohen B. Noise strategies for improving local search//Proceedings of the 12th National Conference on Artificial Intelligence, American Association for Artificial Intelligence. Seattle, Washington, 1994: 337-343

[6] Gottlieb J, Voss N. Adaptive fitness functions for the satisfiability problem//Proceeding of the 6th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature, Lecture Notes in Computer Science 1917. Berlin, Germany: Springer, 2000: 621-630

[7] Hey T. Quantum computing: An introduction. Computing & Control Engineering Journal, 1999, 10(3): 105-112

[8] Grover L K. A fast quantum mechanical algorithm for database search//Proceeding of the 28th ACM Symposium on Theory of Computing, 1996: 212-219

[9] Narayanan A, Moore M. Quantum-inspired genetic algorithms//Proceedings of the IEEE 1996 International Conference on Evolutionary Computation. Nogaya, Japan, 1996: 61-66

[10] Gottlieb J, Marchiori E, Rossi C. Evolutionary algorithms for the satisfiability problem. Evolutionary Computation, 2002, 10(1): 35-50

[11] Mitchell D, Selman B, Levesque H. Hard and easy distributions of SAT problems//Proceeding of the 10th National Conference on Artificial Intelligence, American Association for Artificial Intelligence, 1992: 459-465

LI Yang-Yang, born in 1979, Ph. D. candidate. Her current research interests include quantum-inspired evolutionary computation, artificial immune system, data mining, and pattern recognition.

JIAO Li-Cheng, born in 1959, Ph. D., professor and Ph. D. supervisor. His current research interests include evolutionary computation, neural network, wavelet theory, and data mining.

Background

This work is supported by the National Natural Science Foundation of China with the title "The Theories and Applications of Immune Clonal Evolutionary Computation", the National Basic Research Program (973 Program) of China with the title "The Theories and Applications of Multi-Information Fusion Algorithms" and a grant from the Ph. D. Programs Foundation of Ministry of Education of China with the title "Quantum Clonal Evolutionary Algorithms".

Authors have made researches on many fields of the evolutionary computation, such as immune clonal evolutionary algorithms, quantum-inspired evolutionary algorithms and quantum-inspired immune clonal algorithms and so on, and have applied these methods to the field of engineering optimization, such as numerical optimization, multiobjective optimization and multiuser detection. This paper belongs to the part of evolutionary computation and focuses on proposing a new method for satisfiability problem, so as to provide new tools for practical applications.