一种改进的混合量子遗传算法*)

王宝伟 王洪国 刘 乐 王 鑫
(山东师范大学信息科学与工程学院 济南 250014)

摘 要 提出了一种改进的混合量子遗传算法(IHQGA),该算法首先在量子个体上实施量子交叉,这一操作有利于保留相对较好的基因段;其次,采用量子比特相位法更新量子门和自适应调整搜索网格的策略;最后,引入拟 Newton 算法进行局部搜索操作,使得种群的多样性强,解得的收敛精度高,收敛速度快;通过复杂函数测试标明此算法的优化质量和效率都强于传统遗传算法和量子遗传算法;另外,从理论上也证明了该算法以概率 1 收敛于全局最优解。

关键词 量子遗传算法,量子杂交,拟 Newton 算法,旋转量子门

Improved Hybrid Quantum Genetic Algorithm

WANG Bao-wei WANG Hong-guo LIU Le WANG Xi
(School of Information Science and Engineering, Shandong Normal University, Jinan 250014, China)

Abstract This paper proposes an Improved Hybrid Quantum Genetic Algorithm (IHQGA). First, the quantum crossover is used which can maintain the relatively good gene blocks. Second, the strategies of updating quantum gate using qubit phase approach and adjusting search grid adaptively are introduced. Third, the similar Newton method is introduced as a local searching scheme, which is characterized by rapid convergence, good global searching capability and short computing time. Test results of complex functions and application example demonstrate that the algorithm is superior to conventional genetic algorithms and quantum genetic algorithm in quality and efficiency.

Keywords Quantum genetic algorithm, Quantum crossover, Similar newton method, Quantum gate

1 引言

量子遗传算法是 20 世纪 90 年代新兴起的一个研究领域,主要是基于量子计算原理的一种概率优化方法。它以量子计算的概念和理论为基础,用量子位编码来表示染色体,从而一条染色体可以表达多个态的叠加,缩小了种群的规模,增加了种群的多样性;用量子门作用和量子门更新来进行进化搜索,而量子的相纠缠特性突破了传统遗传算法几个个体交叉产生后代的概念;利用量子纠缠设计的量子交叉可以在整个种群中进行信息交流,使得种群易于发现优秀演化个体。文献[2-4]分别提出了量子遗传算法、遗传量子算法和并行量子遗传算法,并用来求解优化问题。结果表明 QGA 的性能大大优于传统遗传算法。

为了能将量子计算应用到实际的优化问题中,探索新的量子算法是非常有必要的。因此,本文提出了一种改进的混合量子遗传算法。该算法是在量子个体上实施量子交叉,采用量子比特相位法更新量子门和自适应调整搜索范围的策略,并且引入拟 Newton 算法进行局部搜索操作,使得种群的多样性强,解得的收敛精度高,收敛速度快;另外,从理论上也证明了该算法以概率 1 收敛于全局最优解。

2 量子遗传算法简介

2.1 量子比特编码

量子比特是一个充当信息储存单元的双态量子系统,是定义在二维复向量空间中的一个单位向量。该空间由一对特定的标准正交基{$|0\rangle$,$|1\rangle$}组成。因此它可以同时处于两个量子态的叠加态中,定为:$|\Phi\rangle=\alpha|0\rangle+\beta|1\rangle|$,其中 0,1 在量子力学中分别表示自旋向下态和自旋向上态,α,β 是两个复数概率幅对,$|\alpha|^2+|\beta|^2=1$,“$|\ \rangle$”是一种量子态的表示方式,$|\alpha|^2$ 可看成量子处于自旋向下态的概率,$|\beta|^2$ 可看成量子处于自旋向上态的概率,所以一个量子比特可同时包含 0 和 1 的信息,即相当于二进制编码中的二进制符号 0 或 1,在量子遗传算法中,采用量子比特表达一个基因。当 $|\alpha|^2=1$ 时,该基因可具有“0 态”,当 $|\beta|^2=1$ 时,该基因可具有“1 态”,$\alpha|^2\neq 0$,$|\beta|^2\neq 0$ 时,该基因可具有任意叠加态。因此,对多态问题可采用量子比特编码如下:

$$q_j^t=\begin{pmatrix}\alpha_{11}^t\cdots\alpha_{1k}^t\cdots\alpha_{ij}^t\cdots\alpha_{n1}^t\cdots\alpha_{nk}^t\\ \beta_{11}^t\cdots\beta_{1k}^t\cdots\beta_{ij}^t\cdots\beta_{n1}^t\cdots\beta_{nk}^t\end{pmatrix}\tag{1}$$

其中 q_j^t 为第 t 代第 j 个量子个体,k 为每个量子基因编码所用的量子比特数。n 为染色体的量子基因个数,其中 $|\alpha_{ij}^t|^2$ 为第 i 个自变量在用长度为 k 的二进制编码时第 j 个基因取 0 的概率,而 $|\beta_{ij}^t|^2$ 为第 i 个自变量在用长度为 k 的二进制编码时第 j 个基因取 1 的概率。q_j^t 产生的所有可能二进制串的个体为 2^{nk} 个,量子编码 q_j^t 对应长为 $n\times k$ 的二进制字符串可通过测量来确定。所谓一次测量,简单地说是根据量子比特概率幅 $|\alpha_{ij}^t|^2$ 来确定二进制串相应基因位第 $((i-1)(k+j))$ 位上的 0 或 1。具体方法为:随机产生一个[0,1]数,若它≤概率幅 $|\alpha_{ij}^t|^2$ 的值,则测量第 $((i-1)(k+j))$ 位取 1,否则取 0。

显然,此种量子编码方式使个体拥有更好的多样性,且随着 $|\alpha|^2|$ 和 $|\beta|^2$ 趋于 0 或 1,染色体将收敛到一个单一态。

*)基金项目:山东省自然科学基金(Q2006003)。**王宝伟** 硕士研究生,主要研究方向为遗传算法、最优化理论;**王洪国** 教授,博士后,主要研究方向为组合优化算法、数据挖掘、电子政务;**刘 乐** 硕士研究生,主要研究方向为人工神经网络、最优化理论;**王 鑫** 硕士研究生,主要研究方向为数据挖掘、知识发现。

3 改进的混合量子遗传算法

考虑如下的全局优化问题：

$\min f(x)\ s.t\ x\in R^n$

其中 x 为 n 维变量；R^n 为有界可行域；$f(x)$ 为 R^n 上有界函数。

3.1 量子交叉

利用量子力学的纠缠、干涉特征设计量子交叉，具体做法如下：

(1) 在规模为 N 种群 $Q(t)$ 中，$q_j^t=\left(\begin{array}{c|c|c|c|c|c|c|c|c|c}\alpha_{11}^t & \alpha_{12}^t & \alpha_{1k}^t & \cdots\cdots & \alpha_{ij}^t & \cdots\cdots & \alpha_{n1}^t & \alpha_{n2}^t & \cdots & \alpha_{nk}^t \\ \beta_{11} & \beta_{12} & \beta_{1k} & & \beta_{ij} & & \beta_{n1} & \beta_{n2} & & \beta_{nk}\end{array}\right) i=1,\cdots,n$；$j=1,\cdots,k$，$n$ 为自变量的个数，k 为基因段长度。

(2) 交叉后代 C_1 的第 i 个基因段第一对概率副值为：$C_1(\alpha_{i1})=[(q_1(\alpha_{i1}))+(q_2(\alpha_{i1}))/2]$，$C_1(\beta_1)=\sqrt{1-C_1(\alpha_{i1})^2}$，第 j 对概率副值为：$C_1(\alpha_{ij})=[(q_j(\alpha_{i1}))+(q_{j+1}(\alpha_{i1}))/2]$，$C_1(\beta_j)=\sqrt{1-C_1(\alpha_{ij})^2}$，最后一对概率副值为：$C_1(\alpha_{1k})=[(q_N(\alpha_{1k}))+(q_1(\alpha_{1k}))/2]$，$C_1(\beta_k)$ 的求法同上，在 $j<k$ 的情况下，循环操作，对于 C_2 的第 i 个基因段第一对概率副值为 $C_2(\alpha_{i2})=[(q_2(\alpha_{i2}))+(q_3(\alpha_{i2}))/2]$，其他概率副值类似上面操作。

(3) 用(2)的方法重复操作，直到取得 N 个交叉后代为止。

从整个量子交叉的过程来看，量子交叉的作用就是在整个种群内部进行信息传递，而且个体中出现频率高的基因值得以保留，有利于算法收敛。

3.2 旋转量子门操作

定义 1 角度 θ 定义为一个量子位的相位，即 $\theta=\arctan(\beta/\alpha)$，用符号 d 表示 α 和 β 的乘积，即 $d=\alpha\times\beta$，其中 d 的正负值代表此量子位的相位 θ 在平面坐标中所处的象限，如果 d 的值为正，则表示 θ 处于第一、三象限，否则处于第二、四象限。设种群的大小为 N，其染色体用量子位表示为 $Q(t)=\{q_1,q_2,\cdots\}$，如(1)式，旋转量子门

$$G(t)=\begin{pmatrix}\cos\theta & -\sin\theta\\ \sin\theta & \cos\theta\end{pmatrix} \tag{2}$$

其中，θ 为量子门的旋转角，取值为 $\theta=k\times f(\alpha_{i,j},\beta_{i,j})$，其中 k 是一个与算法收敛速度有关的系数，k 的取值必须合理选取，如果 k 的值取得太大，算法搜索的范围就很大，容易出现早熟现象，算法易收敛于局部极值点；反之，如果 k 的值取得太小，算法搜索的范围就很小，速度太慢，甚至会处于停滞状态。由此，本文将 k 视为一个变量，将 k 定义为一个与进化代数有关的变量，以便自适应地调整搜索范围的大小，如 $k=\frac{\pi}{15}e^{(\frac{-t}{\max t})}$，其中 t 为进化代数，max$t$ 是一个根据优化问题复杂性而定的一个常数。函数 $f(\alpha_{i,j},\beta_{i,j})$ 的作用是使算法朝着最优解的方向搜索。本文采用如表 1 所示的搜索策略，其原理是使当前解逐渐逼近搜索的最佳解，从而确定量子门的旋转方向。在表 1 中，当 $d1$ 和 $d2$ 同时大于 0 时，意味着当前解和搜索到的最佳解均处于第一或第三象限，当 $\theta_1|\geq|\theta_2|$ 时，表明当前解应朝着逆时针方向旋转，其值为 $+1$，反之应为 -1。同理，可推出其他三种情况。这样，量子门的更新过程可描述为

$q_j^{t+1}=G(t)\times q_j^t$

表 1 函数 $f(\alpha_{i,j},\beta_{i,j})$ 的查询表

$d_1>0$	$d_2>0$	$f(\alpha_{i,j},\beta_{i,j})$	
		$\lvert\theta_1\rvert\geq\lvert\theta_2\rvert$	$\lvert\theta_1\rvert<\lvert\theta_2\rvert$
True	True	+1	−1
True	False	+1	+1
False	True	−1	−1
False	False	−1	+1

3.3 实施局部搜索的拟 Newton 算法

局部搜索的主要作用是优化个体，加速个体的进化，进一步加快量子遗传算法的收敛，它可使搜索过程收敛到某个局部最优解或直到满足停止条件，是一种高效的局部搜索策略。此搜索作用在译码后的个体上，即先把量子编码的个体转化为二进制个体，然后再转化为问题空间上个体，在此个体上进行拟 Newton 算法局部搜索。

算法流程如下：

给定控制误差 $\varepsilon(\varepsilon=1.0\times10^{-5})$

1 给定出始点 x_0，初始矩阵 H_0（取单位矩阵）计算 g_0，令 $k=0$；

2 令 $P_k=-H_kg_k$；

3 由精确一维搜索确定步长 α_k；

$f(x_k+a_kp_k)=\min\limits_{a>0}f(x_k+ap_k)$；

4 令 $x_{k+1}=x_k+a_kp_k$

5 若 $\|g_{k+1}\|<\varepsilon$，则 $x^*=x_{k+1}$，停；否则令 $s_k=x_{k+1}-x_k$；$y_k=g_{k+1}=g_k$；

6 计算 $H_{k+1}=H_k+\frac{H_ky_ky_k^TH_k}{y_k^THy_k}+\frac{s_ks_k^T}{y_k^Ts_k}$，令 $k=k+1$；转第二步。

注：g_k 是导数向量，p_k 表示搜索方向。

3.4 变异算子

为了减少算法陷入局部最优解的次数，对局部搜索得到的每个点进行高斯变异，即若 $x\in R^n$ 为一个要变异的点，则其变异后代为：$x=x+\Delta x$，其中，$\Delta x=(\Delta x_1,\Delta x_2,\cdots,\Delta x_n)$，而 Δx_i 是服从均值为 0，方差为 σ^2 的正态分布的随机变量，且 $\Delta x_1,\Delta x_2,\cdots,\Delta x_n$ 互相独立。

3.5 量子遗传算法流程

1 令 $t=0$，初始化种群 $Q(t)$，种群规模为 N；

2 对种群 $Q(t)$ 实施量子交叉，得交叉后的种群 $Q_1(t)$；

3 对种群 $Q_1(t)$ 中每个量子个体实施 N_1（N_1 是小于 N 的偶数）次测量，得到局部群体（译码后的个体集合）$p(t,j)$（$j=1\sim N$）；

4 计算局部种群 $p(t,j)$ 中每个个体的适应度，令 $p(t,j)$ 中的最好个体代表 $Q_1(t)$ 中第 j 个量子个体（$j=1\sim N$）；

5 while（不满足终止条件）

5.1 $t=t+1$；

5.2 对种群 $Q(t)$ 实施量子交叉，得交叉后的种群 $Q_1(t)$；

5.3 若 $t=1$，转 5.4；否则，对种群 $Q_1(t)$ 中每个量子个体实施 $N_1/2$ 次测量，得到局部群体 $p(t,j)$ 的 $N_1/2$ 个元素（$j=1\sim N$），对局部群体 $p(t,j)$ 中每个个体计算适应度，令 $p(t,j)$ 中的最好个体代表 $Q_1(t)$ 中第 j 个量子个体（$j=1\sim N$）；

5.4 对局部群体 $p(t,j)$ 进行拟 Newton 局部搜索，得到局部群体的更新 $p_1(t,j)$（$j=1\sim N$）再对局部群体 $p(t,j)$ 中每个个体进行变异操作，得到变异后局部群体 $p_2(t,j)$（$j=1\sim N$）；

5.5 在 $\{p_1(t,j)\cup p_2(t,j)\}$ 中选出最好的 $N_1/2$ 个个体作为 $p(t+1,j)$ 中的 $N_1/2$ 个元素（$j=1\sim N$）；

5.6 利用旋转量子门操作对种群 $Q_1(t)$ 中个体进行更新

得下一代种群 $Q(t+1)$

随着算法循环的深入，种群逐渐收敛于最优解，此算法包含的模式多，使得搜索空间较大，又不是盲目搜索，利用拟 Newton 局部策略的强方向性，加快收敛到最优解。

4 全局收敛性证明

定义 2 设 $\{\eta_n\}(n=0,1\cdots\infty)$ 为概率空间上定义的随机序列，若存在随机变量 η，使对 $\forall\varepsilon>0$，有 $\lim\limits_{n\to\infty}p\{|\eta_n-\eta|<\varepsilon\}=1$，则称 $\{\eta_n\}$ 收敛到 η。

定义 3 对上述 $\{\eta_n\}$，$P\{\lim\limits_{x\to\infty}|\eta_n-\eta|=0\}=1$ 则称此 $\{\eta_n\}$ 以概率 1 收敛到 η。

引理 1(Borel-Cantelli) 若 $A_1,A_2,\cdots,A_n$ 是概率空间上一相互独立事件序列，记 $p(A_n)$ 为其概率，则有如下结论：

(1)若 $\sum\limits_{n=1}^{\infty}p(A_n)<\infty$，则 $p(\bigcap_{n=1}^{\infty}\bigcup_{k=n}^{\infty}A_k)=0$；

(2)若 $\sum\limits_{n=1}^{\infty}p(A_n)=\infty$，且 A_n 各相互独立，则 $p(\bigcap_{n=1}^{\infty}\bigcup_{k=n}^{\infty}A_k)=1$。

引理的证明可参考文献[5]。

为了证明该算法的收敛性，我们做以下假设

(1) 所求解的可行域 $\Omega=[L,U]=\{x\in R^n\,|\,L_i\leqslant x_i\leqslant U_i,i\in(1\sim n)\}$ 为 R^n 中的有界闭集，其中 x_i 为 x 的第 i 个分量。显然，对于 $\forall x\in\Omega$，x 的任何邻域与 Ω 交的 Lebesgue 测度大于零；

(2) 目标函数 $f(x)$ 在 Ω 上连续，则由闭区域上的连续函数必有最值，即：$t=\{x\,|\,\min\limits_{x\in\Omega}f(x)\}\neq\phi$ 对 $\forall\varepsilon>0$，

令 $D_0=\{x\in\Omega\,|\,|f(x)-f^*|<\varepsilon\}$，$D_1=\Omega/D_0$

定理 1 在上面的假设下，若 $p_{ij}(i,j=0,1)$ 为 $Q(t)$ 处于状态 s_i 时，$Q(t+1)$ 处于的 s_j 概率，则有：

1) 对任意处于 s_0 的种群 $Q(t)$，都有 $p_{10}=1$

2) 对任意处于 s_1 的种群 $Q(t)$，存在常数 $c\in(0,1)$ 使 $p_{11}\leqslant c<1$。

证明：(1) 由算法知，$Q(t+1)$ 中最好的代表个体不会劣于 $Q(t)$ 中最好的代表个体，因此，若种群 $Q(t)$ 处于状态 s_0 时，其下一代 $Q(t+1)$ 中的最好个体至少不比 $Q(t)$ 中的最好个体差，所以 $Q(t+1)$ 不会属于状态 $s1$ 的种群，即 $p_{10}=1$。

(2) 对满足假设下的 $f(x)$ 因为 $f(x)$ 在 Ω 上有界连续，所以 $f(x)$ 存在最优解向量 x^*，对于 $\forall x^*\in\Omega=\{x\,|\,f(x)=\min f(x)\}$，则：$\exists\varepsilon>0$，$x\in\Omega\cap\{x\,|\,\|x-x^*\|<\varepsilon\}$ 时，有

$$|f(x)-f(x^*)|<\varepsilon/2 \tag{3}$$

记：$I_\varepsilon(x^*)=\{x\in R^n\,|\,\|x-x^*\|<\varepsilon\}$，则

$$I_\varepsilon(x^*)\cap\Omega\subset D_0 \tag{4}$$

当种群 $Q(t)$ 处于状态 $s1$ 时，对 $Q(t)$ 中对应的任一个局部群体 $p(t,i)$ 中的任一个个体 x 经过拟 Newton 局部搜索后得到的个体记为 x_1，而 x_1 经变异产生的后代记为 x_2，即 $x_2=x_1+\Delta x$，其中 Δx 是服从均值向量为 $0=(0,0,\cdots,0)^T$，方差向量为 $\sigma^2=(\sigma_1^2,\sigma_2^2,\cdots,\sigma_n^2)^T$ 的 n 维标准正态分布，且其各分量互相独立。于是 $x_2\in I_\varepsilon(x^*)\cap\Omega$ 的概率为：

$$p\{x_2\in I_\varepsilon(x^*)\cap\Omega\}=p\{(x_1+\Delta x)\in I_\varepsilon(x^*)\cap\Omega\}=$$

$$(2\pi)^{-n/2}\int\cdots\int\exp^{-\frac{1}{2}(U-x_1)^T\Lambda(U-x))}=\mathrm{d}u_1\mathrm{d}u_2\cdots\mathrm{d}u_n \tag{5}$$

其中 $U=(u_1,u_2,\cdots,u_n)^T=x_1+\Delta x$ 为服从均值向量为 x_1，方差向量为 $\sigma^2=(\sigma_1^2,\sigma_2^2,\cdots,\sigma_n^2)^T$ n 维正态分布，

$\Lambda=(1/\sigma_1^2,1/\sigma_2^2,\cdots,1/\sigma_n^2)^T$ 为对角阵；记 $p\{x_2\in I_\varepsilon(x^*)\cap\Omega\}$，即：

$$p\{(x_1+\Delta x)\in I_\varepsilon(x^*)\cap\Omega\},x_1\in[L,U] \tag{6}$$

因为 $I_\varepsilon(x^*)\cap\Omega$ 是非空有界闭区域，且其 Lebesgue 测度大于零，由式(5)，(6)知：$0<p_1(x_1)<1x2\in[L,U]$。从式(5) 知，$p_1(x_2$ 在$[L,U]$上连续，且$[L,U]$为有界闭集，$z\in[L,U]$使

$$p_1(z)=\min\{p_1(x_1)\,|\,x_1\in[L,U]\}\text{且 }0<p_1(z)<1 \tag{7}$$

由于 p_{10} 表示种群 $Q(t)$ 处于 s_1 状态，而种群 $Q(t+1)$ 处于 s_0 状态的概率，由式(4)及(7)知：

$$p_1(z)\leqslant p_1(x_1)\leqslant p_{10} \tag{8}$$

记 $c=1-p_1(z)$，由式(7) 知，$0<c<1$。由 $p_{10}+p_{11}=1$ 及式和 c 的定义知：

$$p_{11}=1-p_{10}\leqslant 1-p_1(z)=c \tag{9}$$

因此，定理 1 中(2) 的结论成立。

定理 2 算法 HQIGA 以概率 1 收敛到全局最优解。

证明：对 $\forall\varepsilon>0$，$p_t=p\{|f(x^*(t))|\geqslant\varepsilon\}$，其中 $x^*(t)$ 为第 t 代种群 $Q(t)$ 中所有局部群体的最好个体

$$p_t=\begin{cases}0,\ \exists n_1\in\{0,1,2\cdots t\},\text{使 }x^*(n_1)\in D_0\\ p_t',\ \forall n\in\{0,1,2\cdots t\},\text{有 }x^*(n)\in D_1\end{cases} \tag{10}$$

由定理 1

$$p_t'=p\{x^*(n)\in D_1,n=0\sim t\}=p_{11}^t\leqslant c^t\quad 0<c<1 \tag{11}$$

所以 $\sum\limits_1^{\infty}p_t'\leqslant\sum\limits_1^{\infty}c^t$，令：$S_t=\sum\limits_1^{\infty}c^t$，则 $\lim\limits_{t\to\infty}S_t=\dfrac{c}{1-c}$

$$\text{所以}\sum_1^{\infty}p_t'\leqslant\sum_1^{\infty}c^t=\frac{c}{1-c}\leqslant 0 \tag{12}$$

由 Borel-Cantelli 引理知：

$$p\{\bigcap_{t=1}^{\infty}\bigcup_{n=1}\{f(x^*(n)-f^*)\geqslant\varepsilon\}\}=0 \tag{13}$$

由定义 3 知：

$$p\{\lim_{t\to\infty}f(x^*(n))=f^*\}=1$$

即算法 IQIGA 以概率 1 收敛于全局最优解。

5 算法性能测试

为了验证算法的可行性和有效性，用 5 个典型复杂函数进行验证，并与遗传算法（GA）、量子遗传算法（QGA）进行对照比较，如下：

(1)简单平方函数

$f_1=\sum\limits_{i=1}^{n}x_i^2$，$-100\leqslant x_i\leqslant 100$，$i=(0,1,\cdots,30)$ 该函数只有一个极小点 $f_1(0)=0$；

(2) De Jong 函数

$$f_2=100(x_1^2-x_2^2)+(1-x_1)^2-2.048\leqslant x_i\leqslant 0.2048$$

这是一个二维函数，它在整个解域中只有一个全局最小点 $f(1,1)=0$，该函数虽然是单峰值函数，但它确是病态的，难以进行全局优化；

(3)Schaffer 函数

$$f_3=0.5+\frac{\sin^2\sqrt{x_1^2+x_2^2}-0.5}{[1.0+0.001(x_1^2+x_2^2)]^2}-100\leqslant x_i\leqslant 100$$

该函数在其定义域内只有一个全局最小点 $f(0,0)=0$

(4)六峰值驼背函数

$$f_4=(4-2.1x_1^2+\frac{1}{3}x_1^4)x_1^2+x_1x_2+(-4+4x_2^2)x_2^2$$

$-3\leqslant x_i\leqslant 3$，该函数共有六个局部极小点，两个全局最小点 $f(-0.0898,0.7126)=f(0.0898,-0.7129)=-1.031628$

(5)Griewank 函数

$f_5=\frac{1}{4000}\sum_{i=1}^{n}x_i^2-\prod_{i=1}^{n}\cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right)+1,-600\leqslant x_i\leqslant 600,i=(0,1\cdots 30)$，该函数有多个全局极小点。

计算结果和比较内容如表 2 所示，每个函数用 IHQGA，QGA，GA 计算 100 次，算法性能从平均运行次数 t，最好解的平均值 a，未收敛次数 w 等方面分别与 QGA，GA 进行比较。

表 2　测试函数与比较结果

函数	IHQGA			QGA			GA		
名	a	t	w	a	t	w	a	t	w
f_1	0	421.6	0	1.2×10^{-5}	826.3	1	1.3×10^{-4}	962.7	2
f_2	0	625.3	0	1.1×10^{-5}	943.2	2	1.4×10^{-5}	1235.2	8
f_3	1.02×10^{-5}	612.4	2	3.14×10^{-2}	1005.4	5	2.68×10^{-2}	1401.2	13
f_4	−1.009328	604.5	4	1.916143	1262.7	7	12.305423	2461.5	12
f_5	2.68×10^{-4}	2643.7	5	12.62	3215.2	9	103.4	5264.2	15

结束语　本文提出了一种新的混合量子遗传算法，并描述了基因表达结构和相应的算法，提出了旋转量子门的自适应操作；另外，量子交叉和拟 Newton 局部搜索的引入，不仅增强了种群的多样性，也加快了种群的收敛速度，使得算法性能得以较大提高；从理论上证明了算法以概率 1 收敛到全局最优解，并与传统量子遗传算法、遗传算法作了比较。试验也表明该算法在收敛速度和收敛精度上都优于传统量子遗传算法和遗传算法；继续以下几个方面的工作：

(1)将该算法的思想应用多目标优化和组合优化问题中。

(2)改进算法的终止条件，使其具有自适应性，摆脱人为设定；进一步改进旋转量子门，使得算法更好地逃离局部最优。

参 考 文 献

[1] Shor P W. Algorithms for quantum Computation: Discrete Algorithms and factoring[C]//Proceedings of the Annual Sympium Foundations Computer Science Sante Fe. NM, 1994: 124-134

[2] Narayanan A . Moore M Quantum inspired genetic algorithm [A]// Proc. of IEEE International Conference on Evolutionary Computation[C]. Piscataway: IEEE Press, 1996: 61-66

[3] Han K H, Kim J H. Genetic quantum algorithm and its application to combinational optimization problems [A] // Proc. of IEEE Conference on Evolutionary Computation [C]. Piscataway: IEEE Press, 2000: 1354-1360

[4] Han K H, Park K H, et al. Parallel quantum-inspired genetic algorithm for combinatorial optimization problems[A]// Proc. of IEEE Conference on Evolutionary Computation [C]. Piscataway: IEEE Press, 2001: 1429-1442

[5] Zhang Weixiu, Liang Yi. Mathematical Foundation of Genetic Algorithms[M]. Xi'an Jiantong University Press, 2000: 152-155

[6] 王宇平，李英华. 求解 TSP 的量子遗传法. 计算机学报，2007，30(5)：748-755

[7] 张葛祥，金炜东. 基于量子遗传算法的特征选择算法. 2005，22(5)：1000-8152

[8] 王小平，曹立明. 遗传算法——理论、应用于软件实现. 西安交通大学出版社，2002

(上接第 103 页)

对于 DOM1，我们可以得到上面程序逻辑{R1，R2，R3}的回答集：Anset1＝{Prohibition(Peter，read，3＃)，Permission(Peter，read，3＃)，A-Permission(Peter，read，3＃)} 和 Anset2＝{Prohibition(Peter，read，3＃)，Permission(Peter，read，3＃)，¬A-Permission(Peter，read，3＃)，A-Prohibition(Peter，read，3＃)}。根据 LPOD 的偏好回答的选择标准，我们挑选 Anset1 作为该程序的回答集。因此得到：A-Permission(Peter，read，3＃)。

对于 DOM2，我们只得到上面程序逻辑{R1，R2，R3}的一个回答集：Anset＝{Prohibition(Peter，read，3＃)}，所以我们得到 A-Permission(Peter，read，3＃)。

上面的冲突决策中，在回答集中选取授权时，我们规定实际授权 A-总是优于 prima facie 授权，如果没有实际授权，则 prima facie 授权就是实际授权。

下面是对一般情形的异常冲突解决的严格推导分析：

R1：Prohibition(s,a,o) ← condition1 ∧ condition2

R2：Permission(s,a,o) ← condition1 ∧ condition3

R3：A-Permission(s,a,o) × A-Prohibition(s,a,o) ← condition2 ∧ condition3

R2 是 R1 的异常冲突，我们假设 condition3 → condition2。如果域规则满足 condition1 和 condition3，我们得到偏好回答集：{Prohibition(s,a,o)，Permission(s,a,o)，A-Permission(s,a,o)}，这样就获得 A-Permission(s,a,o)。如果域规则满足 ondition1 和 condition2，但不满足 condition3，我们得到{Prohibition(s,a,o)}，因此得相应的实际授权。

由上可知所提出的方法对于异常冲突解决是完备的，并且与第 4 节中的方法的效果是一样的，但其更具灵活性。

结束语　在本文中，我们提出了一种使用 LPOD 逻辑来解决异常冲突的一种方法，这种方法是基于文字和上下文信赖的。与其它方法相比较(如本文所提及的方法)，我们所提出的方法更具灵活性和更适用于实际问题。本文的主要贡献是提出了一种解决访问授权冲突的思想和方法，在下一步研究工作中，我们将用它来处理潜在冲突，并且考虑授权系统中主体、行为和客体的层次和继承等。我们也认为在文献[9,10]中的框架下作相应的探索研究工作是十分有意义的。

参 考 文 献

[1] Brewka G, Niemelä I, Syrjänen T. Logic programs with ordered disjunction. Computational Intelligence, 2004, 20 (2): 335-357

[2] Cuppens F, Cuppens-Boulahia N, Ben Ghorbel M. High Level Conflict Management Strategies in Advanced Access Control Models // Electronic Notes in Theoretical Computer Science (ENTCS), July 2007, 186: 3-26

[3] Benferhat S, El Baida R, Cuppens F. A Stratification-Based Approach for Handling Conflicts in Access Control // 8th ACM Symposium on Access Control Models and Technologies (SACMAT'03). Lake Come, Italy, June 2003

[4] Cuppens F, Cholvy L, Saurel C, et al. Merging regulations: analysis of a practical example. International Journal of Intelligent Systems, 2001, 16(11)

[5] Chomicki J, Lobo J, Naqvi S. A Logical Programming Approach to Conflict Resolution in Policy Management // Proceedings of International Conference on Principles of Knowledge Representation and Reasoning. 2000: 121-132

[6] Jajodia S, Samarati P, Sapino M, et al. Flexible support for multiple access control policies. ACM TODS 26, 2001(2): 214-260

[7] Bertino E, Catania B, Ferrari E, et al. A Logical Framework for Reasoning about Access Control Models. ACM Transactions on Information and System Security, 2003, 6(1)

[8] Bertino E, Catania B, Ferrari E, et al. On comparing the Expressing Power of Access Control Model. In Foundations of Computer Security (FCS'04), Turku, Finland, July 2004

[9] Barker S, Stuckey P. Flexible access control policy specification with constraint logic programming. ACM Trans. on Information and System Security, 2003, 6(4): 501-546

[10] Barker S. Action-status access control // Symposium on Access Control Models and Technologies. SACMAT'07, June 20-22, 2007, Sophia Antipolis, France. Proceedings of the 12th ACM symposium on Access control models and technologies, 2007