

# 量子免疫克隆多目标优化算法

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:** 该文基于免疫系统的免疫优势概念和抗体克隆选择学说,采用量子位编码,提出了一种量子免疫克隆多目标优化算法,并对算法进行了理论分析;与RWGA、SPEA和MISA等算法的比较表明,该算法对低维多目标优化问题更有效。

**关键词:** 人工免疫系统;量子位编码;多目标优化

中图分类号: TP301.6, O224

文献标识码: A

文章编号: 1009-5896(2008)06-1367-05

## Quantum-Inspired Immune Clonal Multiobjective Optimization Algorithm

Li Yang-yang Jiao Li-cheng

(Institute of Intelligent Information Processing, Xidian University, Xi'an 710071, China)

**Abstract:** Based on the concept of immunodominance, antibody clonal selection theory and quantum bit strategy, a Quantum-inspired Immune Clonal Multiobjective Optimization Algorithm (QICMOA) is proposed. The QICMOA is compared with RWGA, SPEA and MISA in solving low-dimensional problems. The statistical results show that QICMOA has a good performance in converging to true Pareto-optimal fronts with a good distribution.

**Key words:** Artificial immune system; Quantum bit; Multiobjective optimization

### 1 引言

自上世纪80年代开始进化算法逐步发展成为有效解决多目标优化问题的重要技术。早在1967年, Rosenberg在其博士学位论文中曾提到可用遗传算法来求解多目标的优化问题<sup>[1]</sup>,但直到1985年才出现基于向量评估的VEGA算法<sup>[2]</sup>,这是第一个多目标进化算法,但VEGA算法本质上仍然是加权和的方法。真正引起足够重视的是1990年后,相继提出了不同的多目标演化算法,例如,1992年, Hajela和Lin提出了HLGA算法<sup>[3]</sup>,1993年, Fonseca和Fleming提出了FFGA算法<sup>[4]</sup>,1994年, Srinivas和Deb提出了NSGA算法<sup>[5]</sup>,同年Horn和Nafpliotis也提出了NPGA算法<sup>[6]</sup>。1999年, Zitzler和Thiele提出了SPEA算法<sup>[7]</sup>。与此同时, Carlos A.C.等人也对仿生算法在多目标优化上的应用寄予厚望,提出了自己的多目标进化算法<sup>[8]</sup>,并且首开先河,将人工免疫系统算法应用于多目标优化<sup>[9]</sup>,提出了多目标免疫系统算法(Multiobjective Immune System Algorithm, MISA)。

本文结合免疫系统的免疫优势概念和抗体克隆选择学说,提出了量子免疫克隆多目标优化算法(Quantum-inspired Immune Clonal Multiobjective Optimization Algorithm, QICMOA),算法中采用量子位对优势种群抗体进行编码,并针对这种编码方式,设计了量子重组算子和量子非门更新

算子,对拥挤密度较小的优势抗体,即拥挤距离较大者,进行克隆、重组和更新。算法只对优势抗体进行演化,而采用拥挤距离作为该优势抗体的亲合度,这里的拥挤距离采用文献[10]给出的描述形式。理论分析和数值仿真表明,QICMOA算法能够很好地解决多目标优化问题,具有较强的全局搜索能力。

### 2 数学描述

**定义1** 一个多目标优化问题包含一个 $n$ 个参数(决策变量)的集合、一个包含 $p$ 个目标的集合和一个有 $m$ 个约束条件的集合。其中目标函数和约束条件是决策变量的函数。多目标优化问题的数学模型可以描述为

$$\begin{cases} \max & y = F(\mathbf{x}) = (f_1(\mathbf{x}), f_2(\mathbf{x}), \dots, f_p(\mathbf{x})) \\ \text{s.t.} & e(\mathbf{x}) = g_i(\mathbf{x}) \leq 0, \quad i = 1, 2, \dots, m \end{cases} \quad (1)$$

其中 $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n) \in X$ 是变量向量, $\mathbf{y} = (y_1, y_2, \dots, y_p) \in Y$ 为目标向量, $X$ 和 $Y$ 分别表示决策空间和目标空间。约束条件 $e(\mathbf{x})$ 确定了可行解集,那么我们用 $S$ 来表示决策空间的可行区域,如下所示:

$$S = \{\mathbf{x} \in X \mid g_i(\mathbf{x}) \leq 0, i = 1, 2, \dots, m\} \quad (2)$$

### 3 量子免疫克隆多目标函数优化算法

#### 3.1 问题表示

(1)量子编码 在本文算法中,使用一种基于量子位的编码方式<sup>[11]</sup>,一个具有 $m$ 个量子位的抗体可以描述如下:

$$\begin{pmatrix} \alpha_1 & \alpha_2 & \dots & \alpha_m \\ \beta_1 & \beta_2 & \dots & \beta_m \end{pmatrix} \quad (3)$$

2006-11-02 收到, 2007-05-15 改回

国家自然科学基金(60703108), 国家“863”计划(2006AA01Z107), 国家“973”项目(2006CB705700)和陕西省自然科学基金(2007F32)资助课题

其中  $|\alpha_i|^2 + |\beta_i|^2 = 1$ ,  $i = 1, 2, \dots, m$ 。  $|\alpha_i|^2$  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。

(2) 抗体 一个抗体,  $a$ , 表示待优化函数的一个候选解, 它的亲合度函数值即适应性的度量等于该个体按每个目标排序后其前后相邻两点间的平均距离<sup>[10]</sup>, 即为拥挤距离。

(3) 免疫优势 对最大化问题, 称抗体  $a_i$  在抗体种群  $A = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$  中具有免疫优势当且仅当以下条件成立:

在抗体种群  $A$  中不存在其它抗体  $a_j$  ( $j = 1, 2, \dots, n \wedge j \neq i$ ), 使得

$$\begin{aligned} & (\forall k \in \{1, 2, \dots, p\} f_k(e^{-1}(a_j)) \geq f_k(e^{-1}(a_i))) \wedge \\ & (\exists l \in \{1, 2, \dots, p\} f_l(e^{-1}(a_j)) > f_l(e^{-1}(a_i))) \end{aligned} \quad (4)$$

从上式可以看出, 具有免疫优势的抗体即为当前抗体种群中的有效解或非劣最优解。

### 3.2 量子免疫克隆算子设计

设  $D_t$  为免疫优势种群,  $A_t$  为优势克隆种群,  $C_t$  为克隆后的种群, 其前缀  $Q$  表示采用量子位编码, 无前缀的为普通编码。

克隆操作  $T^C$ : 本文算法中只对优势种群中拥挤密度较小者, 即存放在  $A_t$  中, 采用克隆操作作用于  $A_t$  上, 生成克隆后的种群  $C_t$ , 定义如下:

$$T^C(A_t) = \{T^C(a_1), T^C(a_2), \dots, T^C(a_{|A_t|})\} \quad (5)$$

其中  $T^C(a_i) = \mathbf{I}_i \times a_i$ ,  $i = 1, 2, \dots, |A_t|$ ,  $\mathbf{I}_i$  为元素值为 1 的  $q_i$  维行向量,  $q_i$  为抗体  $a_i$  的克隆后的规模, 即抗体在抗原的刺激下, 实现了生物倍增, 本文设定为

$$q_i = \left\lfloor N_C * \frac{i_{\text{distance}}}{\sum_{i=1}^{|A_t|} i_{\text{distance}}} \right\rfloor, \quad i = 1, 2, \dots, |A_t| \quad (6)$$

$N_C$  是与克隆后的规模有关的设定值且满足  $N_C > N_A$ , 且  $N_A = |A_t|$ ,  $i_{\text{distance}}$  为拥挤距离, 两个边界点的拥挤距离定义为除这两点外的其余优势抗体的最大拥挤距离的 2 倍。由此可见, 对单一抗体而言, 其克隆规模是依据拥挤距离来自适应的调整, 也就是拥挤距离越大者, 克隆规模就越大, 被搜索的机会越多。克隆过后, 种群变为

$$C_t = \left\{ \{c_1^1, c_1^2, \dots, c_1^{q_1}\}, \{c_2^1, c_2^2, \dots, c_2^{q_2}\}, \dots, \{c_{|A_t|}^1, c_{|A_t|}^2, \dots, c_{|A_t|}^{q_{|A_t|}}\} \right\} \quad (7)$$

其中  $c_i^j = a_i$ ,  $j = 1, 2, \dots, q_i$ 。

量子重组算子  $T^R$ : 本文算法采用量子位对优势种群中的抗体进行编码, 提出了针对该编码形式的量子重组算子  $T^R$ , 定义如下:

$$QC_t^R = \{T^R(qc_1^R, A_t), T^R(qc_2^R, A_t), \dots, T^R(qc_{N_C}^R, A_t)\} \quad (8)$$

其中  $T^R(qc_i^R, A_t)$  表示经优势父代种群  $A_t$  反推一个量子编码抗体, 并经过量子混沌更新操作产生新抗体。混沌是非线性系统的本质特性, 具有随机性, 遍历性及规律性等一系列特殊性质。量子位在演化过程中也呈现出混沌现象<sup>[12]</sup>, 将一个简单的典型的 Logistic 映射<sup>[13]</sup>下的混沌序列用于量子抗体的搜索中, 下面给出用于量子位编码的混沌更新操作:

$$qc_i^j = \begin{cases} b \times a_i + (1-b) \times (1-a_i) + v \times \text{Logistic}(j), & \text{rand} > 0.5, \\ b \times a_i + (1-b) \times (1-a_i) - v \times \text{Logistic}(j), & \text{rand} \leq 0.5, \end{cases} \quad (9)$$

$(i = 1, 2, \dots, |A_t|, j = 1, 2, \dots, q_i)$

其中  $a_i \in A_t$  和  $\text{Logistic}(j)$  分别为免疫优势抗体和 Logistic 映射的第  $j$  个序列值, 那么经更新后的量子位编码为  $qc_i^j$ , 这一操作相当于在较好的免疫优势抗体周围进行混沌搜索, 其中  $b$  为优势抗体的影响因子, 设置  $b$  的范围为  $[0.1, 0.4]$ ,  $v$  为混沌收缩因子, 设置  $v$  的取值范围为  $[0.1, 0.3]$ 。

量子非门更新操作: 对于经上述量子重组算子的抗体, 以变异概率  $p_m$  随机选择一位或若干位, 将其概率幅实施如下操作, 设  $Q$  为概率幅:

$$Q = \sqrt{1 - |Q|^2} \quad (10)$$

量子非门更新操作实现了量子位概率幅的对换, 使得原来取状态 1 的概率变为取状态 0 的概率, 或者相反。

### 3.3 算法描述

量子免疫克隆多目标优化算法的整体流程见算法 1。

**算法 1** 量子免疫克隆多目标优化算法 设有 3 个种群分别是免疫优势种群  $D_t$ 、优势克隆种群  $A_t$  和克隆后的种群  $C_t$ , 其大小分别为  $N_D$ 、 $N_A$  和  $N_C$ 。

步骤 1  $t=0$ , 初始化大小为  $N_D$  的种群  $B_0$ , 设定参数;

步骤 2 计算  $B_t$  种群的目标函数值;

步骤 3 根据式(5)获得免疫优势种群  $D_t$ , 如果  $|D_t| > N_D$ , 那么根据拥挤距离进行降序排列, 从中选择出前  $N_D$  个抗体, 构成免疫优势种群  $D_{t+1}$ 。

步骤 4 如果停止准则满足, 输出  $D_{t+1}$ , 停止; 否则  $t=t+1$ ;

步骤 5 从  $D_t$  中获得优势克隆种群  $A_t$ : 如果  $|D_t| \leq N_A$ , 直接令  $D_t = A_t$ ; 否则根据拥挤距离进行降序排列, 从中选择前  $N_A$  个抗体, 构成优势克隆种群  $A_t$ ;

步骤 6 克隆操作种群  $A_t$ , 生成种群  $C_t$ ;

步骤 7 量子重组和量子非门更新操作, 生成种群  $QC_t^R$ ; 观测量子编码种群  $QC_t^R$ , 生成  $C_t^R$ ;

步骤 8 合并两个抗体群  $D_t$  和  $C_t^R$  生成  $B_{t+1}$ , 转步骤 2。

在此算法中需要指出的是, 初始化时产生  $n1$  个  $m1$  对的  $[0, 1]$  的随机数作为初始量子种群 ( $n1$  为抗体种群规模,  $m1$  为单个抗体的长度); 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  $Q(t)$  为第  $t$  代的量子种群,  $P(t)$  为二进制种群, 在第  $t$  代中  $P(t) = \{x_1^t, x_2^t, \dots, x_{n1}^t\}$ , 每个二进制解  $x_j^t$  ( $j=1, 2, \dots, n1$ ) 是长度为  $m1$  的二进制串, 它是以  $|\alpha_i^t|^2$  或  $|\beta_i^t|^2$  ( $i=1, 2, \dots, m1$ ) 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  $|\alpha_i^t|^2$ , 普通抗体的相应位取值 1, 否则取值 0。

## 4 算法的复杂度分析

设免疫优势抗体群规模为  $N_D$ 、优势克隆抗体群规模为  $N_A$ 、克隆规模  $N_C$  以及编码长度为  $l$ , 则算法每迭代一次的

时间复杂性可按以下计算:

观测算子的时间复杂度为  $O(N_C \times l)$ ; 构造免疫优势抗体群的时间复杂度为  $O((N_D + N_C)^2)$ ; 更新免疫优势抗体群的时间复杂度最差为  $O((N_D + N_C) \log(N_D + N_C))$ ; 构造优势克隆抗体群的时间复杂度最差为  $O(N_D \log(N_D))$ ; 克隆操作的时间复杂度为  $O(N_C \times l)$ ; 重组更新操作的时间复杂度为  $O(N_C \times l)$ 。

因此总的的时间复杂度最差为

$$O(N_C \times l) + O((N_D + N_C)^2) + O((N_D + N_C) \log(N_D + N_C)) + O(N_D \log(N_D)) + O(N_C \times l) + O(N_C \times l)$$

根据符号  $O$  的运算规则并化简, 多目标优化算法每迭代一次的时间复杂度最差为

$$O((N_D + N_C)^2)$$

### 5 仿真实验比较研究

#### 5.1 参数设置

为了说明算法的优越性, 将其与其它 3 种多目标算法进行比较, 分别是随机权重和遗传算法(RWGA)<sup>[14]</sup>、Pareto 强度进化算法(SPEA)<sup>[7]</sup>以及多目标免疫系统算法(MISA)<sup>[9]</sup>。参数设置如下:

对 QICMOA 算法, 设定最大迭代次数  $G_{\max} = 150$ , 免疫优势抗体群规模  $N_D = 100$ 、优势克隆抗体群规模  $N_A = 20$ 、克隆规模  $N_C = 100$ 、变异概率为  $2/l$ , 编码长度  $l = 8 \times n$ ,  $n$  为变量个数。在设定上述参数后, 得到相应测试结果所要评价的函数次数  $\text{fiteval} = 18020$ 。

对 RWGA 算法, 设定最大迭代次数 150, 种群规模 300, 优秀种群规模 10, 交叉概率 0.9, 变异概率 0.6, 编码长度  $l = 8 \times n$ ,  $n$  为变量个数。在设定上述参数后, 得到相应测试结果所要评价的函数次数  $\text{fiteval} = 45600$ 。

对于 SPEA 算法, 设定最大迭代次数 150, 种群规模为 200, 优秀种群规模 100, 交叉概率 0.9, 变异概率 0.6, 编码长度  $l = 8 \times n$ ,  $n$  为变量个数。在设定上述参数后, 得到相应测试结果所要评价函数次数  $\text{fiteval} = 45500$ 。

对所有算法只选择最终得到的非支配解进行结果统计, 每个算法针对每个问题独立运行 30 次。QICMOA 算法与 MISA 算法的比较直接采用文献[9]中的比较方式, 只与其已

有的测试结果进行比较。按照文献[9]的描述, MISA 算法得到其测试结果需要评价函数的次数为  $\text{fiteval} = 138000$ , 远远大于上述 3 种算法。目前, 多目标进化算法还没有统一的性能评价准则, 因此本文采用两种评价标准—— $\varsigma$  测度 (coverage of two sets) 和 S 测度 (Spacing)。

#### 5.2 实验结果比较

测试实例 1 第 1 个测试函数描述如下:

$$\begin{aligned} \min F(x, y) &= (f_1(x), f_2(x)) \\ f_1(x) &= \begin{cases} -x, & x \leq 1 \\ -2 + x, & 1 < x < 3 \\ 4 - x, & 3 < x \leq 4 \\ -4 + x, & x > 4 \end{cases} \\ f_2(x) &= (x - 5)^2 \\ \text{s.t.} & \quad -5 \leq x \leq 10 \end{aligned} \quad (11)$$

在这个问题中, 理想最优解集分布在两个区间  $x \in \{[1, 2] \cup [4, 5]\}$  并且 Pareto 前沿面也是非连续的。图 1 为 Pareto 前沿面及 QICMOA 一次执行得到的最优解在两目标空间的分布情况。

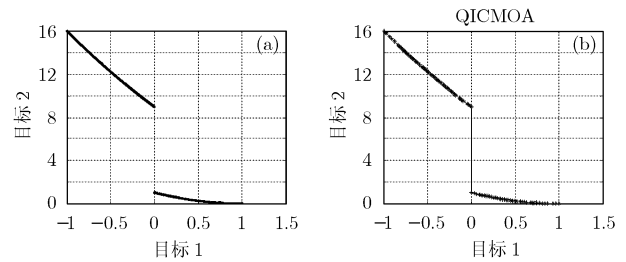


图 1 问题(1)Pareto 前沿面及 QICMOA 得到的最优解的分布情况

由表 1 中指标 1 可以看出, QICMOA 得到的最优解集的质量要好于 RWGA 和 SPEA 得到的解。除了表 2 中指标 2 的最小值 QICMOA 要比 MISA 差之外, 无论是平均值还是最大值, 前者都要远远好于后者。RWGA 在 4 种算法中效果最不理想。从图 1 可以看出, QICMOA 能很好的收敛到 Pareto 前沿面上, 表 1、表 2 中可以得出: 从解的数量和分布情况看, QICMOA 要好于其它 3 种算法。

表 1 性能评价指标  $\varsigma$  测度的测试结果

指标 1 $\varsigma$	$\varsigma(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^S)$	$\varsigma(\mathbf{X}^S, \mathbf{X}^Q)$	$\varsigma(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^R)$	$\varsigma(\mathbf{X}^R, \mathbf{X}^Q)$	$\varsigma(\mathbf{X}^S, \mathbf{X}^R)$	$\varsigma(\mathbf{X}^R, \mathbf{X}^S)$
Min	0.568179	0.380111	0.589112	0.250033	0.570056	0.229901
Mean	0.727513	0.466007	0.722800	0.299011	0.609112	0.347701
Max	0.871431	0.550006	0.840799	0.367911	0.670331	0.475641

测试实例2 第2个测试函数描述如下:

$$\left. \begin{aligned} \min F(x,y) &= (f_1(x,y), f_2(x,y), f_3(x,y)) \\ f_1(x,y) &= \frac{(x-2)^2}{2} + \frac{(y+1)^2}{13} + 3 \\ f_2(x,y) &= \frac{(x+y-3)^2}{36} + \frac{(-x+y+2)^2}{8} - 17 \\ f_3(x,y) &= \frac{(x+2y-1)^2}{175} + \frac{(2y-x)^2}{17} - 13 \\ \text{s.t.} \quad & -4 \leq x, y \leq 4 \end{aligned} \right\} \quad (12)$$

该问题是2维3目标问题,图2为理想 Pareto 前沿面及 QICMOA 一次执行得到的最优解在两目标空间的分布情况。

对于该3目标问题,无论从各方面评价, QICMOA 算法都具有明显的优势。具体的,从图2直观上反应了 QICMOA 算法求得解的分布理想;表3中比较指标1发现,  $\zeta(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^S)$  和  $\zeta(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^R)$  要明显大于  $\zeta(\mathbf{X}^S, \mathbf{X}^Q)$  和  $\zeta(\mathbf{X}^R, \mathbf{X}^Q)$ , 这说明 QICMOA 算法找到的最优解在很大程度上支配着其它两种算法找到的最优解。而表4中指标2的比较结果也说明了 QICMOA 算法解的分布最为均匀。

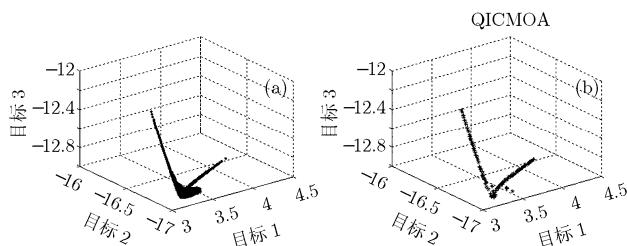


图2 问题(2)Pareto 前沿面及 QICMOA 得到的最优解的分布情况

测试实例3 第3个测试函数描述如下

$$\left. \begin{aligned} \min F(\bar{x}) &= (f_1(\bar{x}), f_2(\bar{x})) \\ f_1(\bar{x}) &= \sum_{i=1}^{n-1} \left( -10e^{(-0.2)\sqrt{x_i^2+x_{i+1}^2}} \right) \\ f_2(\bar{x}) &= \sum_{i=1}^n \left( |x_i|^{0.8} + 5 \sin(x_i)^3 \right) \\ \text{s.t.} \quad & -5 \leq x_i \leq 5, i = 1, 2, 3, n = 3 \end{aligned} \right\} \quad (13)$$

该问题是一个3维2个目标的最小化问题,其 Pareto 最优前沿面是不连续的,图3为理想 Pareto 前沿面及 QICMOA 一次执行得到的最优解在两目标空间的分布情况。

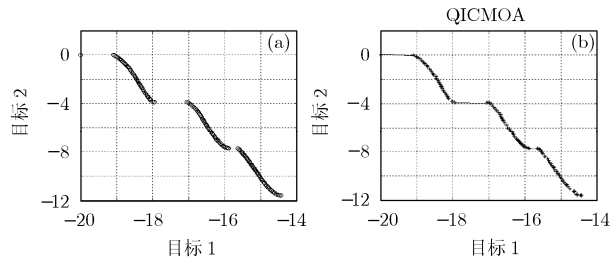


图3 问题(3)Pareto 前沿面及 QICMOA 得到的最优解的分布情况

对于该3变量的最小化问题, QICMOA 算法具有更加明显的优势。从表5中得到  $\zeta(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^S)$  和  $\zeta(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^R)$  要远大于  $\zeta(\mathbf{X}^S, \mathbf{X}^Q)$  和  $\zeta(\mathbf{X}^R, \mathbf{X}^Q)$ , 证明 QICMOA 算法找到的最优解支配着其它两种算法找到的最优解。表6中指标2的比较结果也说明了 QICMOA 算法解的分布最为均匀。另外,注意到在目标空间  $f_2 = 0$  孤立的最优点,在30次运行中, SPEA 算法和 RWGA 算法无法找到该点,而 QICMOA 算法全都能较好的找到该点,这充分说明了 QICMOA 算法较强的全局搜索能力。

### 6 结束语

本文结合人工免疫系统和量子位编码,提出了量子免疫克隆多目标优化算法,根据多目标优化问题的特性,设计了

表2 性能评价指标 Spacing 的测试结果

算法	QICMOA	MISA	SPEA	RWGA
Min	0.045777	0.008853	0.043400	0.065671
指标2 Mean	0.057891	0.107427	0.051789	0.127089
S Max	0.08646	0.209062	0.063077	0.234223
Std	0.008034	0.054843	0.004557	0.039678

表3 性能评价指标  $\zeta$  测度的测试结果

指标1 $\zeta$	$\zeta(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^S)$	$\zeta(\mathbf{X}^S, \mathbf{X}^Q)$	$\zeta(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^R)$	$\zeta(\mathbf{X}^R, \mathbf{X}^Q)$	$\zeta(\mathbf{X}^S, \mathbf{X}^R)$	$\zeta(\mathbf{X}^R, \mathbf{X}^S)$
Min	0.249998	0.000000	0.185333	0.000000	0.073996	0.049991
Mean	0.430012	0.036998	0.399991	0.037999	0.161555	0.163351
Max	0.700015	0.080001	0.555671	0.070022	0.296300	0.474991

表 4 性能评价指标 Spacing 的测试结果

算法	QICMOA	SPEA	RWGA	
Min	0.013400	0.029986	0.033272	
指标 2	Mean	0.033000	0.076555	0.127399
S	Max	0.055487	0.274799	0.248446
	Std	0.011701	0.055300	0.046579

表 6 性能评价指标 Spacing 的测试结果

算法	QICMOA	SPEA	RWGA	
Min	0.096077	0.300000	0.400000	
指标 2	Mean	0.134666	0.500001	0.800000
S	Max	0.205111	0.778891	1.478011
	Std	0.021059	0.117811	0.345711

表 5 性能评价指标  $\varsigma$  测度的测试结果

指标 1 $\varsigma$	$\varsigma(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^S)$	$\varsigma(\mathbf{X}^S, \mathbf{X}^Q)$	$\varsigma(\mathbf{X}^Q, \mathbf{X}^R)$	$\varsigma(\mathbf{X}^R, \mathbf{X}^Q)$	$\varsigma(\mathbf{X}^S, \mathbf{X}^R)$	$\varsigma(\mathbf{X}^R, \mathbf{X}^S)$
Min	0.333285	0.000000	0.583329	0.000000	0.166655	0.000000
Mean	0.788798	0.015999	0.905558	0.004239	0.441777	0.099999
Max	1.000000	0.059998	1.000000	0.029887	0.749998	0.288227

克隆操作、量子重组算子、量子非门更新算子和采用拥挤距离来保持种群的多样性和加速搜索。经理论分析, 本文算法的复杂度为  $O((N_D + N_C)^2)$ 。通过 3 个多目标函数优化问题来测试本文算法, 仿真结果表明: 本文算法能够很好地解决多目标优化问题, 具有较强的全局搜索能力。

### 参考文献

- [1] Rosenberg R S. Simulation of genetic populations with biochemical properties. [Ph.D. dissertation], University of Michigan, 1967.
- [2] Schaffer J D. Multiple objective optimization with vector evaluated genetic algorithms. In the Proceedings of the International Conference on Genetic Algorithms and Their Applications, Pittsburgh, PA, 1985: 93-100.
- [3] Hajela P and Lin C Y. Genetic search strategies in multicriterion optimal design. *Structural Optimization*, 1992, 4(2): 99-107.
- [4] Fonseca C M and Fleming P J. Multiobjective optimization and multiple constraint handling with evolutionary algorithms-part I: A unified formulation. *IEEE Trans. on Systems, Man, and Cybernetics*, 1998, 28(1): 26-37.
- [5] Srinivas N and Deb K. Multiobjective optimization using nondominated sorting in genetic algorithms. *Evol. Comput.*, 1994, 2(3): 221-248.
- [6] Horn J, Nafpliotis N, and Goldberg D E. A niched pareto genetic algorithm for multiobjective optimization. In Proc. 1st IEEE Conf Evolutionary Computation, IEEE World Congr. Computational Computation, Piscataway, NJ, 1994, 1: 82-87.
- [7] Zitzler E and Thiele L. Multiobjective evolutionary algorithms: A comparative case study and the strength pareto approach. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 1999, 3(4): 257-271.
- [8] Coello C A C. A comprehensive survey of evolutionary-based multiobjective optimization techniques. *Knowledge and Information Systems*, 1999, 1(3): 269-308.
- [9] Coello C A C and Cortes N C. An approach to solve multiobjective optimization problems based on an artificial immune system. First Int. Conf on Artificial Immune Systems, Inglaterra, 2002: 212-221.
- [10] Deb K, Pratap A, Agarwal S, and Meyarivan T. A fast and elitist multiobjective genetic algorithm: NSGA-II. *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, 2002, 6(2): 182-197.
- [11] Li Y Y and Jiao L C. Quantum-inspired immune clonal algorithm. In Proceedings of the 4th International Conference on Artificial Immune Systems, Banff, Alberta, Canada, 2005: 304-317.
- [12] Jordan A N. Topics in quantum chaos. [Ph.D. dissertation], University of California Santa Barbara, 2002.
- [13] 吕金虎, 鲁君安, 陈士华. 混沌时间序列分析及其应用. 武汉: 武汉大学出版社, 2002.
- [14] Ishibuchi H and Murata T. A multiobjective genetic local search algorithm and its application to flowshop scheduling. *IEEE Trans. on System, Man and Cybernetics*, 1998, 28(3): 392-403.

李阳阳: 女, 1979年生, 博士, 讲师, 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。

焦李成: 男, 1959年生, 博士, 教授, 博士生导师, 研究方向为进化计算、神经网络、子波理论、数据挖掘。