

文章编号:1673-5005(2007)06-0120-07

基于过程神经网络和量子遗传算法的油藏采收率参量逆向求解

许增福^{1,2}, 王宏伟³, 吴贵生¹

(1. 清华大学 经济管理学院, 北京 100084; 2. 大庆石油学院, 黑龙江 大庆 163318;
3. 大庆油田公司 第六采油厂, 黑龙江 大庆 163300)

摘要:对于多输入多输出系统, 针对如何根据系统模型和期望输出反求系统输入的问题, 提出了一种基于过程神经网络和量子遗传算法相结合的方法, 并给出了具体的实现方法。首先根据实际系统的领域知识和学习样本集, 建立满足系统实际输入输出映射关系的正向过程神经网络; 然后按照系统在过程区间的某一期望输出, 用过程神经网络的输出误差构造适应度函数, 用量子遗传算法逆向确定系统的过程输入信号, 使该输入信号满足已建立的正向过程映射关系, 从而完成系统的逆向过程控制。油藏采收率参量的逆向求解结果证明了该方法的有效性。

关键词:过程神经网络; 量子遗传算法; 油藏采收率; 逆向求解

中图分类号:TP 183

文献标识码:A

Converse solution of oil recovery ratio based on process neural network and quantum genetic algorithm

XU Zeng-fu^{1,2}, WANG Hong-wei³, WU Gui-sheng¹

(1. School of Economics & Management, Tsinghua University, Beijing 100084, China;

2. Daqing Petroleum Institute, Daqing 163318, Heilongjiang Province, China;

3. The Sixth Oil Production Plant, Daqing Oilfield Limited Company, Daqing 163300, Heilongjiang Province, China)

Abstract: An optimization algorithm of process neural networks and quantum genetic algorithm (PNN-QGA) was proposed to ascertain the input of multiple-input and multiple-output (MIMO) system from both system model and hope output. And the general realization approach was presented. Firstly, the process neural network (PNN) that represents the mapping relation between input and output of system is founded according to system field knowledge and training samples sets. Secondly, the fitness function of quantum genetic algorithm (QGA) is constructed by using PNN output error based on the hope output of process interval. The system input information is ascertained by QGA according to a certain hope output of system, and it accords with the PNN mapping relation that is founded. Hence, the converse process solution of the system is accomplished. Finally, a converse-solving example of oil recovery ratio was given to illustrate the availability of the approach.

Key words: process neural network; quantum genetic algorithm; oil recovery ratio; converse solution

在系统结构设计中, 经常遇到系统的逆向过程求解问题, 即事先给定系统的输出, 根据已建立的过程映射关系, 反求系统的输入, 其中系统的输入输出都可为依赖于过程或时间的函数。随着系统输入输出维数的增加, 求解的过程趋于复杂。近年来, 神经网络开始用于系统过程的逆向求解, 但网络的输入仅限于实值向量, 而对于系统的过程式输入是无能

为力的。何新贵等^[1-2]提出了过程神经网络模型, 并给出了该模型基于权函数基展开的学习算法。该模型的输入和权值都可是时变的, 较好地解决了系统的过程式输入输出映射问题。但当系统的正向映射关系不可逆时, 逆向网络是不收敛的。量子遗传算法是近年来量子计算与遗传算法相融合的产物, 由于使用了量子计算机制, 使其具有很好的鲁棒性

收稿日期: 2007-03-22

基金项目: 国家自然科学基金重点项目(50643020)

作者简介: 许增福(1961-), 男(汉族), 黑龙江齐齐哈尔人, 教授, 博士, 主要从事技术经济研究。

和全局搜索能力,目前在人工智能领域已有不少成功的应用。针对系统过程的逆向寻优问题,笔者提出一种基于过程神经网络和量子遗传算法相融合的求解方案。

1 逆向求解网络模型

1.1 过程神经网络

过程神经网络是由若干过程神经元和一般非时变神经元按一定拓扑结构组成的网络。一个多输入多输出系统的前向过程神经网络拓扑结构见文献[1]。设输入层有 n 个节点,中间层(过程神经元隐层)有 m 个节点,激励函数为 f ,输出层有 p 个节点,激励为线性函数。网络输入输出之间的映射关系为^[1]

$$y_k = \sum_{j=1}^m v_{jk} f \left(\sum_{i=1}^n \int_0^T w_{ij}(t) x_i(t) dt - \theta_j \right), k = 1, 2, \dots, p. \quad (1)$$

式中, $w_{ij}(t)$ 为输入层节点 i 到过程神经元隐层节点 j 的连接权函数; v_{jk} 为隐层节点 j 到输出层节点 k 的连接权值; θ_j 为隐层节点 j 的阈值; y_k 为网络实际输出。

1.2 逆向过程神经网络模型

逆向过程神经网络模型(图1)可在正向模型前端加一新隐层,其输入为一维函数向量 $X_0(t) \equiv 1$,在根据误差信号调整网络的权函数时,只需调整新隐层权函数 $W_0(t) = [w_{01}(t), w_{02}(t), \dots, w_{0n}(t)]^T$,而原正向模型的网络权值保持不变^[3]。由图1知,当新隐层采用线性转移函数时,输出为

$$U_1(t) = [w_{01}(t), w_{02}(t), \dots, w_{0n}(t)]^T,$$

这表明,新隐层权函数向量等于原模型的输入函数向量。注意到原模型的输入为逆向求解的目标,当调整权函数 $W_0(t)$ 且网络训练收敛时,相应的权函数 $W_0(t)$ 便是系统期望输出对应的逆向求解目标,从而实现了系统逆向过程的求解。

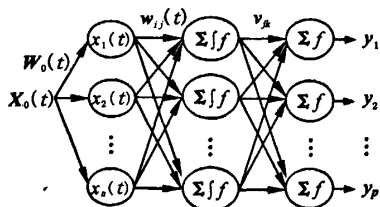


图1 逆向求解过程神经网络模型

如上所述,图1中第一隐层权值其实对应着逆向求解的目标,而由于求解的目标仍然需要满足系统的正向映射关系,所以求解过程中原系统的正向网络权值是不能改变的,因此若用梯度下降法将导致收敛困难。对于新隐层权值的调整,本文中采用量

子遗传算法。

2 量子遗传算法

量子遗传算法(QGA)是一种基于量子计算原理的概率优化算法,它以量子计算的一些概念和理论为基础,用量子位编码来表示染色体,用量子门更新染色体来完成进化搜索,具有种群规模小、收敛速度快、全局搜索能力强的优点,因此在一些连续及离散变量的优化设计领域显示出良好的应用前景^[46]。但是考察目前各种量子遗传算法,关于编码方式都是采用基于量子位测量的二进制编码,由于这种测量本身具有很大的随机性,因此会不可避免地造成个体退化;关于进化采用的量子旋转门的转角方向的确定,目前几乎都是基于查询表,由于涉及到多路条件判断,影响了算法的效率;对于转角大小,目前文献中对全部种群一视同仁,没有考虑各染色体之间的差异。本文中在分析目前量子遗传算法存在问题的基础上提出了一种新的基于实数编码的双链基因染色体量子遗传算法(double chains quantum genetic algorithm, DCQGA)。该算法在进化过程中,充分利用了目标函数的梯度信息,并将量子比特的两个概率幅值都看作基因位,因此每条染色体带有两条基因链,这样可明显加速优化进程,提高获得全局最优解的概率,尤其适用于高维优化问题。

2.1 连续优化问题一般描述

若将 n 维连续空间优化问题的解看作 n 维空间中的点或向量,则连续优化问题可表述为

$$\begin{cases} \min f(x) = f(x_1, x_2, \dots, x_n), \\ \text{s. t. } a_i \leq x_i \leq b_i; i = 1, 2, \dots, n. \end{cases} \quad (2)$$

若将约束条件看作 n 维连续空间中的有界闭集 Ω ,将 Ω 中每个点都看作优化问题的近似解,可定义如下评价函数来反映这些近似解的优劣程度:

$$fit(x) = C_{\max} - f(x). \quad (3)$$

式中, $fit(x)$ 类似于遗传算法中的适应度函数,对于连续优化问题(2), $f(x)$ 越小,则适应度 $fit(x)$ 越大; $C_{\max}$ 可以是一个合适的输入值,或者是到目前为止优化过程中 $f(x)$ 的最大值。

2.2 量子染色体的双链基因编码方案

在量子计算中,最小的信息单位用量子位表示。量子位又称量子比特,一个量子比特的状态可表示为^[7]

$$|\phi_i\rangle \geq \alpha_i |0\rangle + \beta_i |1\rangle, i = 1, 2, \dots, n. \quad (4)$$

其中 α_i 和 β_i 满足下列归一化条件:

$$|\alpha_i|^2 + |\beta_i|^2 = 1, i = 1, 2, \dots, n. \quad (5)$$

把满足式(4)和(5)的一对复数 α_i 和 β_i 称为一个量子比特的概率幅,因此量子比特也可以用概率幅表示为 $[\alpha_i, \beta_i]^T$ 。

在DCQGA中,直接采用概率幅作为编码,考虑到式(5)的约束性,编码方案如下^[9]:

$$p_i = \begin{bmatrix} \cos t_{i1} & \cos t_{i2} & \cdots & \cos t_{in} \\ \sin t_{i1} & \cos t_{i2} & \sin t_{i2} & \cdots \sin t_{in} \end{bmatrix}, \quad (6)$$

其中

$$t_{ij} = 2\pi \times n_i, \quad i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots, n.$$

式中, n_i 为(0,1)之间的随机数; m 为种群规模; n 为量子位数。在DCQGA中,将每一量子位的概率幅看作上下两个并列的基因,每条染色体包含两条并列的基因链,每条基因链代表一个优化解。因此,每条染色体同时代表搜索空间中的两个优化解。

这样既避免了测量带来的随机性,也避免了从二进制到十进制频繁的解码过程。因每次迭代,两个解同步更新,故在种群规模不变的情况下,能扩展对搜索空间的遍历性,加速优化进程,具体表述为如下定理。

定理1 对于 n 维空间连续优化问题的每个全局最优解,用DCQGA优化时,存在 2^{n+1} 组量子比特,其中任何一组(含 n 个量子比特)都与该全局最优解对应。

便于证明,给出如下定义:对于染色体 p_i 上携带的两条基因链,称 $p_{ic} = (\cos t_{i1}, \cos t_{i2}, \dots, \cos t_{in})$ 为余弦解,称 $p_{is} = (\sin t_{i1}, \sin t_{i2}, \dots, \sin t_{in})$ 为正弦解。

证明 设连续优化问题的全局最优解由解空间 Ω 映射到单位空间 $\Gamma^n = [-1, 1]^n$ 后为

$$P = (x_1, x_2, \dots, x_n).$$

对于 $x_i (i = 1, 2, \dots, n)$,存在如下4个量子比特与之对应:

$$r_{c+}^i = [\cos(\arccos x_i), \sin(\arccos x_i)]^T,$$

$$r_{c-}^i = [\cos(-\arccos x_i), \sin(-\arccos x_i)]^T,$$

$$r_{s+}^i = \left[\cos\left(\frac{\pi}{2} - \arccos x_i\right), \sin\left(\frac{\pi}{2} - \arccos x_i\right) \right]^T,$$

$$r_{s-}^i = \left[\cos\left(\frac{\pi}{2} + \arccos x_i\right), \sin\left(\frac{\pi}{2} + \arccos x_i\right) \right]^T,$$

其在单位圆中的位置见图2。

记

$$r_{c0}^i = \cos(\arccos x_i),$$

$$r_{c1}^i = \cos(-\arccos x_i),$$

$$r_{s0}^i = \sin\left(\frac{\pi}{2} - \arccos x_i\right),$$

$$r_{s1}^i = \sin\left(\frac{\pi}{2} + \arccos x_i\right),$$

应用 r_{c+}^i, r_{c-}^i ,可以构造 2^n 个余弦解:

$$p_c = (r_{c1}^1, r_{c2}^2, \dots, r_{cn}^n), j = 0, 1;$$

应用 r_{s+}^i, r_{s-}^i ,可以构造 2^n 个正弦解:

$$p_s = (r_{s1}^1, r_{s2}^2, \dots, r_{sn}^n), j = 0, 1.$$

因此,对于 $P = (x_1, x_2, \dots, x_n)$,存在 2^{n+1} 个解与之对应,因为每个解对应一组量子比特,所以存在 2^{n+1} 组量子比特与之对应。定理1得证。

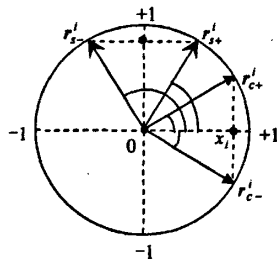


图2 最优解中第 i 个量子位在单位圆中的位置

由定理1可知,若优化问题有 M 个全局最优解,应用DCQGA,这 M 个解可以扩展为 $\Gamma^n = [-1, 1]^n$ 中的 $2^{n+1}M$ 个解,使全局最优解的数量得到了指数级扩充,从而可显著提高获得全局最优解的概率。

2.3 解空间变换

群体中的每条染色体包含 $2n$ 个量子比特的概率幅,利用线性变换,可将这 $2n$ 个概率幅由 n 维单位空间 $\Gamma^n = [-1, 1]^n$ 映射到优化问题(2)的解空间 Ω 。每个概率幅对应解空间的一个优化变量。记染色体 p_j 上第 i 个量子位为 $[\alpha_i^j, \beta_i^j]^T$,则相应解空间变量为

$$X_{ic}^j = [b_i(1 + \alpha_i^j) + a_i(1 - \alpha_i^j)]/2, \quad (7)$$

$$X_{is}^j = [b_i(1 + \beta_i^j) + a_i(1 - \beta_i^j)]/2,$$

$$i = 1, 2, \dots, n; j = 1, 2, \dots, m. \quad (8)$$

因此,每条染色体对应优化问题的两个解。其中量子态 $|0\rangle$ 的概率幅 α_i^j 对应 X_{ic}^j ,量子态 $|1\rangle$ 的概率幅 β_i^j 对应 X_{is}^j 。

2.4 量子旋转门的转角方向

使用如下旋转门更新量子位相位:

$$U(\Delta\theta) = \begin{bmatrix} \cos(\Delta\theta) & -\sin(\Delta\theta) \\ \sin(\Delta\theta) & \cos(\Delta\theta) \end{bmatrix}. \quad (9)$$

关于 $\Delta\theta$ 的方向,通常的做法都是构造一个查询表,列出各种可能情况,作为辅助决策的工具,非常烦琐。其实旋转的目的是使当前解逼近当前全局最优解,仔细考察这两个解中量子位的相位关系不难得出如下结论:

定理2 令 α_0 和 β_0 是当前搜索到的全局最优解中某量子位的概率幅, α_1 和 β_1 是当前解中相应量子位的概率幅, 记

$$A = \begin{vmatrix} \alpha_0 & \alpha_1 \\ \beta_0 & \beta_1 \end{vmatrix}, \quad (10)$$

则转角 $\Delta\theta$ 的方向按如下规则选取: 当 $A \neq 0$ 时, $\text{sgn}(\Delta\theta) = -\text{sgn}(A)$; 当 $A = 0$ 时, $\text{sgn}(\Delta\theta)$ 取正负均可。

证明 记量子位 $[\alpha_0, \beta_0]^T$ 和 $[\alpha_1, \beta_1]^T$ 在单位圆中的幅角分别为 θ_0 和 θ_1 , 则

$$A = \begin{vmatrix} \cos \theta_0 & \cos \theta_1 \\ \sin \theta_0 & \sin \theta_1 \end{vmatrix} = \sin(\theta_1 - \theta_0)$$

① 当 $A \neq 0$ 时,

若 $0 < |\theta_1 - \theta_0| < \pi$, 则

$$\text{sgn}(\Delta\theta) = -\text{sgn}(\theta_1 - \theta_0) = -\text{sgn}(\sin(\theta_1 - \theta_0)) = -\text{sgn}(A);$$

若 $\pi < |\theta_1 - \theta_0| < 2\pi$, 则

$$\text{sgn}(\Delta\theta) = \text{sgn}(\theta_1 - \theta_0) = \text{sgn}(\sin(2\pi - (\theta_1 - \theta_0))) = -\text{sgn}(\sin(\theta_1 - \theta_0)) = -\text{sgn}(A).$$

② 当 $A = 0$ 时, 由 $\sin(\theta_1 - \theta_0) = 0$, 得

$$\theta_1 = \theta_0 \text{ 或 } |\theta_1 - \theta_0| = \pi.$$

此时, 正向旋转与反向旋转效果相同, 故 $\text{sgn}(\Delta\theta)$ 取正负均可。

2.5 量子旋转门的转角大小

关于转角大小的确定, 文献[5]中虽然给出了一个范围 $(0.005\pi, 0.1\pi)$, 但没有给出具体选择的依据。文献[10]中给出的策略是依据一个自变量为进化代数的负指数函数自适应调整, 实际上是一种转角随迭代步长单调下降的调整策略。现有文献没有考虑种群中各染色体的差异, 也没有充分利用目标函数的变化趋势。本文中重点考虑目标函数在搜索点(单个基因链)处的变化趋势, 并把该信息加入到转角步长函数的设计中。当搜索点处目标函数变化率较大时, 适当减小转角步长, 反之适当加大转角步长。转角步长函数定义为

$$\Delta\theta = -\text{sgn}(A)\theta_0 \frac{\|\nabla f_{\max} - \nabla f_{\min}\|}{\|\nabla f(X) - \nabla f_{\min}\|}. \quad (11)$$

其中 θ_0 为迭代初值, $\nabla f(X)$ 为评价函数 $f(X)$ 在点 X 处的梯度或差分, $\nabla f_{\max}$ 和 $\nabla f_{\min}$ 分别定义为

$$\begin{aligned} \nabla f_{\max} &= \left[\max \left\{ \frac{\partial f(X_1)}{\partial X_1^1}, \dots, \frac{\partial f(X_m)}{\partial X_m^1} \right\}, \dots, \right. \\ &\quad \left. \max \left\{ \frac{\partial f(X_1)}{\partial X_1^n}, \dots, \frac{\partial f(X_m)}{\partial X_m^n} \right\} \right], \end{aligned} \quad (12)$$

$$\begin{aligned} \nabla f_{\min} &= \left[\min \left\{ \frac{\partial f(X_1)}{\partial X_1^1}, \dots, \frac{\partial f(X_m)}{\partial X_m^1} \right\}, \dots, \right. \\ &\quad \left. \min \left\{ \frac{\partial f(X_1)}{\partial X_1^n}, \dots, \frac{\partial f(X_m)}{\partial X_m^n} \right\} \right]. \end{aligned} \quad (13)$$

其中 $X_i^j (i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots, n)$ 为解空间中变量, 可根据当前全局最优解的类型取 X_{ic} 或 X_{is} 之一, X_{ic} 和 X_{is} 按式(7), (8) 计算。

2.6 变异处理

采用量子非门实现染色体变异。首先依变异概率随机选择一条染色体, 然后随机选择若干个量子位, 对选中的量子位施加量子非门变换, 使该量子位的两个概率幅互换。这样可使两条基因链同时得到变异。这种变异的实质还是进行量子位幅角的旋转。设某一量子位幅角为 t , 则变异后的幅角为 $\pi/2 - t$, 幅角正向旋转了 $\pi/2 - 2t$ 。由于这种旋转不与当前最佳染色体比较, 一律正向旋转, 所以有助于突破早熟收敛, 增加种群的多样性。

3 逆向求解的 PNN-QGA 算法

3.1 正向映射关系的 PNN 算法

设系统输入函数空间为 $(C[0, T])^n$, 输出为反映系统阶段累积效应的一组有序离散值。 $b_1(t)$, $b_2(t)$, $\dots$, $b_n(t)$ 为 $C[0, T]$ 中一组标准正交基函数, 则输入函数和网络权函数在该组基函数下的展开式可表示为

$$x_i(t) = \sum_{l=1}^L a_{il} b_l(t), \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad (14)$$

$$w_{ij}(t) = \sum_{l=1}^L w_{ij}^{(l)} b_l(t), \quad i = 1, \dots, n; j = 1, \dots, m. \quad (15)$$

式中, a_{il} 和 $w_{ij}^{(l)}$ 分别为 $x_i(t)$ 和 $w_{ij}(t)$ 相对于 $b_l(t)$ 的展开式系数; L 为满足展开精度要求的自然数。将式(14)和(15)带入式(1)中, 则网络输入输出关系可表述为

$$\begin{aligned} y_k &= \sum_{j=1}^m v_{jk} f \left(\sum_{i=1}^n \int_0^T \left(\sum_{l=1}^L w_{ij}^{(l)} b_l(t) \right) \times \right. \\ &\quad \left. \left(\sum_{l=1}^L a_{il} b_l(t) \right) dt - \theta_j \right). \end{aligned} \quad (16)$$

由基函数的正交性, 上式可化简为

$$y_k = \sum_{j=1}^m v_{jk} f \left(\sum_{i=1}^n \sum_{l=1}^L a_{il} w_{ij}^{(l)} - \theta_j \right), \quad k = 1, \dots, p. \quad (17)$$

给定学习样本集, 按照梯度下降算法, 可确定出正向网络权值, 即可确定满足系统输入输出正向映射关系的过程神经网络。

3.2 逆向求解的 QGA 算法

将 $W_0(t)$ 用与式(15) 相同的正交基展开得

$$w_{0i}(t) = \sum_{l=1}^L w_{0i}^{(l)} b_l(t), i = 1, 2, \dots, n,$$

由基函数的确定性易知, $w_{0i}(t)$ 与一组基函数展开式的系数 $w_{0i}^{(l)} (l = 1, 2, \dots, L)$ 存在一一对应关系, 即可由一组 $w_{0i}^{(l)}$ 惟一确定, 因此只需优化求解 $w_{0i}^{(l)}$ 即可。求解这些 $w_{0i}^{(l)}$ 的量子遗传算法实施方案如下:

① 种群初始化。按式(6) 随机产生 m 条染色体组成初始群体, 设定转角步长初值 θ_0 和变异概率 p_m 。

② 解空间变换。将每条染色体代表的近似解, 由单位空间 $[-1, 1]^n$ 映射到参数优化问题的解空间 Ω 。

③ 计算适应度。每条染色体对应二组网络权值, 其适应度函数可结合图 2 过程神经网络的输出误差函数构造, 考虑到适应度的实际意义具体可取为误差函数的倒数^[11]。按适应度函数计算各染色体的适应值。记当代最优解为 $\bar{X}_0$, 对应染色体 $\bar{p}_0$, 到目前为止历代得到的最优解为 X_0 , 对应染色体 p_0 。若 $fit(\bar{X}_0) > fit(X_0)$, 则 $p_0 = \bar{p}_0$ 。

④ 对种群中每条染色体, 以 p_0 中各量子位为目标, 按定理 2 确定转角方向, 按式(11) 确定转角大小, 应用量子旋转门更新其量子位。

⑤ 对种群中每条染色体, 按变异概率应用量子非门变异其量子位。

⑥ 返回步骤 ② 循环计算, 直到满足收敛条件或代数达到最大限制。

4 实际应用

已知油藏区块采收率与各参量变化情况的 38 组对应数据(表 1 中只给出 1 组), 要求以这些数据建立过程映射关系, 然后根据相同环境下测得的一组新数据的期望输出(表 2 中末行) 和已经建立好的映射关系, 反求各参量的一组变化趋势。这是石油开采中经常遇到的重要问题。

表 1 渗流实验记录的一组训练用的样本数据

时间 t/h	产水量 V_w/mL	产油量 V_o/mL	孔隙体积 倍数 P_v	含水率 $f_w/\%$	压强 p/Pa
1	6.30	0.40	0.6481	97.08	0.51
2	6.30	0.40	0.7058	97.08	0.52
3	6.30	0.35	0.7632	97.08	0.51
4	6.50	0.35	0.8227	97.70	0.51
5	6.60	0.35	0.8821	97.73	0.50
...	...	...	...	...	...
20	7.50	0.20	1.5283	98.05	0.49

注: $V = 585.6985 \text{ mL}$, $V_p = 123.5 \text{ mL}$, $R = 21.38\%$ 。

表 1 中最后一行给出了作为过程神经网络输出的 3 个测试参数。

表 2 渗流实验记录的一组反求用的样本数据

时间 t/h	产水量 V_w/mL	产油量 V_o/mL	孔隙体积 倍数 P_v	含水率 $f_w/\%$	压强 p/Pa
1	6.18	0.36	0.6238	97.15	0.51
2	6.18	0.36	0.6316	97.18	0.51
3	6.20	0.35	0.6895	97.30	0.51
4	6.30	0.33	0.7693	97.55	0.50
5	6.35	0.31	0.8365	97.68	0.50
...	...	...	...	...	...
20	7.38	0.15	1.5016	98.13	0.49

注: $V = 579.3298 \text{ mL}$, $V_p = 128.9 \text{ mL}$, $R = 21.85\%$ 。

4.1 应用 PNN 建立系统正向映射关系

应用上述 38 组数据可以得到过程神经网络的 38 个学习样本, 用来构建正向过程的映射关系。网络输入及权函数采用 walsh 基函数展开。本例中过程神经网络的训练参数见表 3。

表 3 建立正向映射关系的过程神经网络参数

输入 节点	基函数 个数	隐层 节点	输出 节点	学习 速率	惯性 系数	误差 精度	限定 次数
5	8	50	3	0.5	0.3	0.01	5000

按梯度下降法训练网络, 图 3 中给出了网络误差的动态收敛曲线(收敛次数为 3 296, 收敛误差为 9.3×10^{-4})。收敛后的网络将正向过程的映射关系存储在网络权值中。此时, 网络对全部 38 个样本数据均能较好地逼近。图 4 为逼近结果曲线。

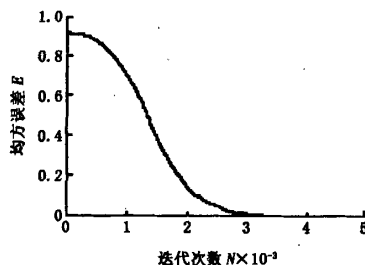


图 3 网络误差动态收敛曲线

4.2 应用 PNN-QGA 逆向反求系统输入

采用表 2 中最后一行数据作为期望输出, 用量子遗传算法根据前面建立的正向映射关系反求各参量的一组输入。实验中用到的各参数为: 种群规模 $P_s = 50$, 权值上界 $w^u = 15$, 权值下界 $w^l = -5$, 变异率 $P_m = 0.01$, 最大遗传代数为 4 000, 限定适应度值 $g = 3.5 \times 10^3$ 。根据逆向求解网络模型(图 2), 算法的优化目标为与 $W_0(t)$ 对应的一组基展开系数 $w_{0i}^{(l)} (i = 1, 2, \dots, n; l = 1, 2, \dots, L)$ 。本例中, $n = 5, L = 8$ 。将全部 $w_{0i}^{(l)}$ 按序排列成 40 维向量 $W = [w_{01}^{(1)}, \dots, w_{05}^{(8)}]$ 。

$w_{01}^{(2)}, \dots, w_{05}^{(8)}$],按式(6)生成50条量子染色体完成种群初始化。适应度函数采用网络误差函数的倒数

$$g(W) = \left(\sum_{k=1}^3 (d_k - y_k)^2 \right)^{-1}, \quad (18)$$

式中, d_k 为表2中样本数据第 k 维的期望输出; y_k 为与 d_k 对应的实际输出,具体如式(17)。

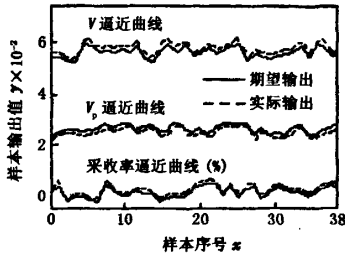


图4 收敛后的网络输出逼近曲线

首先对种群染色体实施量子遗传操作(量子位旋转、量子非门变异)产生新一代种群;将新种群各染色体解码还原为网络权值 $w_{0i}^{(l)}$ ($i=1,2,\dots,5;l=1,2,\dots,8$),应用已建立的正向映射关系求得网络输出,按式(18)分别计算各量子染色体的适应度,若当代种群中最高染色体适应度值达到或超过系统给定的限定适应度值 g ,则对该量子染色体解码可得最终反向寻优的结果;否则,继续遗传操作,直到寻优成功或遗传代数达到限定值。图5中给出了两次求解的适应度曲线。图6以输入参数 V_w 为例给出了两次求解得到的输入曲线与真实输入曲线对比(其中,粗虚线为迭代3290次后的求解结果,细虚线为迭代3861次后的求解结果)。

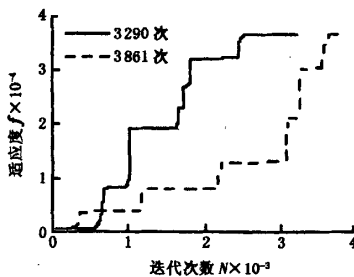


图5 量子遗传算法逆向求解的适应度曲线

实验中发现应用本文中提出的PNN-QGA算法求得的系统输入,虽然能够保证系统在该输入下,使实际输出较好地逼近期望输出,但在一般情况下却不能保证这样求得的输入也能够较好地逼近真实输入,并且求得的结果也不是惟一的。图6示意了一个输入特征,其他4个特征与之类似。这反映出在给定期望输出的情况下,满足系统正向映射关系的输入具有多样性;也反映了PNN-QGA算法解空间的多样性。因此,

该算法具有较好的柔韧性和可行性。关于如何保证该算法求解的惟一性,融入样本先验知识可能是一条可行的途径。目前这方面的研究正在进行中。

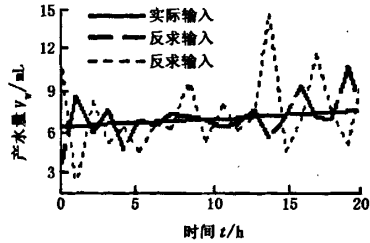


图6 计算值与真实值的对比

5 结束语

针对输入为过程而输出为实值向量的系统逆向求解问题,提出了一种基于过程神经网络和遗传算法相结合的PNN-QGA方法,该方法融合了过程神经网络能够处理过程式输入而方便对时变系统建模和量子遗传算法能够进行全局搜索并且收敛速度快的优点。应用实例结果表明,该模型和算法对油藏采收率参量的逆向求解问题具有较好的适应性。

参考文献:

- [1] 何新贵,梁久祯. 过程神经网络的若干理论问题[J]. 中国工程科学,2000,2(12):40-41.
HE Xin-gui, LIANG Jiu-zhen. Some theoretical issues on procedure neural networks[J]. Engineering Science, 2000,2(12):40-41.
- [2] 何新贵,梁久祯,许少华. 过程神经网络的训练及其应用[J]. 中国工程科学,2001,3(4):31-32.
HE Xin-gui, LIANG Jiu-zhen, XU Shao-hua. Learning and application of procedure neural networks[J]. Engineering Science, 2001,3(4):31-32.
- [3] 谢庆生,尹健,罗延科. 机械工程中的神经网络方法[M]. 北京:机械工业出版社,2003:153-155.
- [4] HAN K H, KIM J H. Genetic quantum algorithm and its application to combinatorial optimization problem[C]. IEEE Proceedings of the 2000 Congress on Evolutionary Computation San Diego, USA, IEEE Press, 2000:1354-1360.
- [5] HAN K H, KIM J H. Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization[J]. IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2002,6(6):580-593.
- [6] 王凌,吴昊,唐芳,等. 混合量子遗传算法及其性能分析[J]. 控制与决策,2005,20(2):156-160.
WANG Ling, WU Hao, TANG Fang, et al. Hybrid

- quantum genetic algorithms and performance analysis [J]. Control and Decision, 2005, 20(2): 156-160.
- [7] NIELSEN M, CHUANG I. Quantum computation and quantum information [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2000: 13-17.
- [8] 杨俊安, 庄镇泉, 史亮. 多宇宙并行量子遗传算法[J]. 电子学报, 2004, 32(6): 923-928.
- YANG Jun-an, ZHUANG Zhen-quan, SHI Liang. Multi-universe parallel quantum genetic algorithm [J]. Acta Electronica Sinica, 2004, 32(6): 923-928.
- [9] 李盼池, 李士勇. 基于量子遗传算法的正规模糊神经网络控制器设计[J]. 系统仿真学报, 2007, 19(16): 3710-3714.
- LI Pan-chi, LI Shi-yong. Optimal design of normalized fuzzy neural network controller based on quantum genetic algorithm [J]. Journal of System Simulation, 2007, 19(16): 3710-3714.
- [10] 张葛祥, 李娜, 金炜东, 等. 一种新量子遗传算法及其应用[J]. 电子学报, 2004, 32(3): 476-479.
- ZHANG Ge-xiang, LI Na, JIN Wei-dong, et al. A novel quantum genetic algorithm and its application [J]. Acta Electronica Sinica, 2004, 32(3): 476-479.
- [11] 王小平, 曹立明. 遗传算法——理论应用与软件实现 [M]. 西安: 西安交通大学出版社, 2002: 25-50.
- (编辑 修荣荣)

(上接第119页)

从表1可以看出, 相同码率下, 本文算法具有比 EZW 和 SPIHT 更高的峰值信噪比, 即使在较低码率时, 峰值信噪比仍较高。

4 结 论

(1) 本文算法利用小波变换后带间系数的相关性, 对重要系数的位置信息进行联合编码, 有效去除了带间相关性, 同时增强了重要系数位置信息的聚类特性。

(2) 利用形态膨胀算法能够捕捉小波系数的空间聚类特性, 对高频联合编码的重要系数的位置信息进行编码, 满足了去除非线性相关的要求。

(3) 利用一种高效的游程编码算法记录种子系数的位置, 不必对系数的重要性逐个进行编码, 提高了编码效率。

(4) 对不同分辨率下的高频子带分别进行编码, 可使图像信息的关联性减少, 方便网络环境下快速解码出不同分辨率下的图像。

参考文献:

- [1] 张军华, 全兆岐. 用小波变换法定量压缩地震数据 [J]. 石油大学学报: 自然科学版, 2003, 27(5): 28-35.
- ZHANG Jun-hua, TONG Zhao-qi. Quantitative compression of seismic data with wavelet transformation method [J]. Journal of the University of Petroleum, China (Edition of Natural Science), 2003, 27(5): 28-35.
- [2] SHAPRIO J M. Embedded image coding using zerotree of wavelet coefficients [J]. IEEE Trans on Signal Processing, 1993, 41(12): 3445-3462.
- [3] SAID A, PEARLMAN W A. A new, fast, and efficient image codec based on set partitioning in hierarchical trees [J]. IEEE Trans on Circuits Syst Video Technol, 1996, 6(3): 243-250.
- [4] SERVETTO S D, RAMCHANDRAN K, ORCHARD M T. Image coding based on a morphological representation of wavelet data [J]. IEEE Trans on Image Processing, 1999, 8(9): 1161-1174.
- [5] CHAI B, VASS J, ZHUANG X. Significance-linked connected component analysis for wavelet image coding [J]. IEEE Trans on Image Processing, 1999, 8(6): 774-784.
- [6] ZHONG J M, LEUNG C H. Image compression based on energy clustering and zero-quadtrees representation [J]. IEEE Proceedings of Vision, Image and Signal Processing, 2000, 147(6): 564-570.
- [7] LAZZARONI Fabio, LEONARDI Riccardo. High-performance embedded morphological wavelet coding [J]. IEEE Signal Processing letters, 2003, 10(10): 293-295.
- [8] 刘利章, 史浩山, 杨少军. 基于快速逐次逼近量化的零树编码图像压缩算法 [J]. 计算机工程与应用, 2005(14): 12-14.
- LIU Li-zhang, SHI Hao-shan, YANG Shao-jun. A zerotree coding image compression algorithm based on fast successive approximation quantization [J]. Computer Engineering and Applications, 2005(14): 12-14.
- [9] 刘家胜, 刘仁金, 仲兴荣. 红-黑小波变换 [J]. 皖西学院学报, 2004, 20(5): 26-29.
- LIU Jia-sheng, LIU Ren-jin, ZHONG Xing-rong. The red-black wavelet transform [J]. Journal of West Anhui University, 2004, 20(5): 26-29.
- [10] 吴铮, 何明一. 小波图像的膨胀-游程编码算法 [J]. 电子与信息学报, 2005, 27(7): 1031-1034.
- WU Zheng, HE Ming-yi. Wavelet image coding by dilation-run algorithm [J]. Journal of Electronics & Information Technology, 2005, 27(7): 1031-1034.
- (编辑 修荣荣)