

Paweł A. Ryszawa
 Wojskowa Akademia Techniczna, Wydział Cybernetyki,
 Instytut Systemów Informatycznych
 E-mail: pawel.ryszawa@wat.edu.pl

Kwantowo inspirowany algorytm genetyczny o samoorganizującej się konfiguracji grup genów

Pod koniec XX wieku w umysłach naukowców zrodziła się idea komputera kwantowego, który potrafiłby bardzo szybko wykonywać pewne obliczenia, jako że robiłby to w sposób równoległy. Przy tym „równoległość” ta byłaby takiej mocy, że złożoność czasowa tych obliczeń doznałaby przyspieszenia rzędu wykładniczego! W latach 90-tych Peter Shor przedstawił swój słynny algorytm faktoryzacji, którego urzeczywistnienie na komputerach kwantowych spowodowałoby na całym świecie zagrożenie bezpieczeństwa szyfrów takich jak RSA. Obecnie podejmuje się wiele wysiłków w celu skonstruowania komputera kwantowego. Na szczególną uwagę zasługuje tu kanadyjska firma D-Wave, choć jej konstrukcje budzą kontrowersje wśród naukowców.

Obok głównego nurtu w dziedzinie obliczeń kwantowych pojawił się na początku XXI wieku nowy, związany jednak z algorytmami dla komputerów klasycznych, nurt algorytmów inspirowanych kwantowo. O ile algorytmom kwantowym, w ścisłym rozumieniu, bliżej do matematyki w obszarze skończeniowym przestrzeni Hilberta i probabilistyki niż do informatyki w obszarze algorytmów, o tyle algorytmy inspirowane kwantowo są już algorytmami dla komputerów klasycznych bez cech wykładniczego przyspieszenia czasu obliczeń. Pierwszy znany i ważny algorytm z tej kategorii przedstawili Kuk-Hyun Han i Jong-Hwan Kim, był to kwantowo inspirowany algorytm ewolucyjny (ang. skrót QIGA). Służył on do rozwiązywania zadania plecakowego (jedno z zadań programowania liniowego binarnego).

W konstrukcji algorytmu QIGA występuje genom, który podlega procesom podobnym do tych ze znanych algorytmów ewolucyjnych. Genomy zgrupowane są w populacje, które w pewien specyficzny dla QIGA sposób podlegają selekcji do następnych pokoleń. Zauważyć tu jednak należy, że sam gen kwantowy, wchodzący w skład genomu, wyraża tylko w sposób probabilistyczny cechę, która może się ujawnić. W tym przypadku tą cechą jest binarna wartość 0 lub 1. Sam gen natomiast jest pewną „probabilistyczną mieszaniną” zera i jedynki — matematycznie: $|\varphi\rangle = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle$, gdzie α i β to zespolone amplitudy prawdopodobieństwa, a kwadraty ich modułów (prawdopodobieństwa w rozumieniu klasycznym) sumują się do 1. Algorytm QIGA symuluje pomiar kwantowy każdego takiego genu, a więc sytuację uzyskania zera, gdy w wyniku pomiaru zaobserwowano stan $|0\rangle$ bądź jedynki, gdy w wyniku pomiaru zaobserwowano stan $|1\rangle$. Pomiar w całym genomie składają się na ciąg zer i jedynek, które stanowią potencjalne rozwiązanie zadania optymalizacyjnego (oryginalnie — problemu plecakowego). Na ich podstawie dokonuje się heurystycznie zmian amplitud prawdopodobieństwa, oczekując, że w kolejnych symulacjach pomiaru kwantowego zerojedynekowe ciągi rozwiązań zbliżą się do rozwiązania optymalnego. Należy zauważyć tutaj, że każdy gen to model matematyczny kubitu (bitu kwantowego).

W powyższym modelu brak jest powiązania pomiędzy różnymi genami, co uniemożliwia modelowanie splątania kwantowego — a więc efektu, który leżał u podstaw teoretycznych wykładniczego przyspieszenia obliczeń. Pojawiła się natomiast modyfikacja, która grupuje sąsiednich n genów (najczęściej 2) i w ich ramach modelowany jest pełny rejestr kwantowy ze splątaniem. Nie daje ona jednak uzasadnienia dla modelowania korelacji tylko pomiędzy sąsiednimi genami. W związku z tym zachodzi konieczność wykrywania dowolnych korelacji w trakcie procesu optymalizacyjnego, tj. podczas szacowania jakości kolejnych potencjalnych rozwiązań. Do tego celu będzie służyć proponowany algorytm. . .