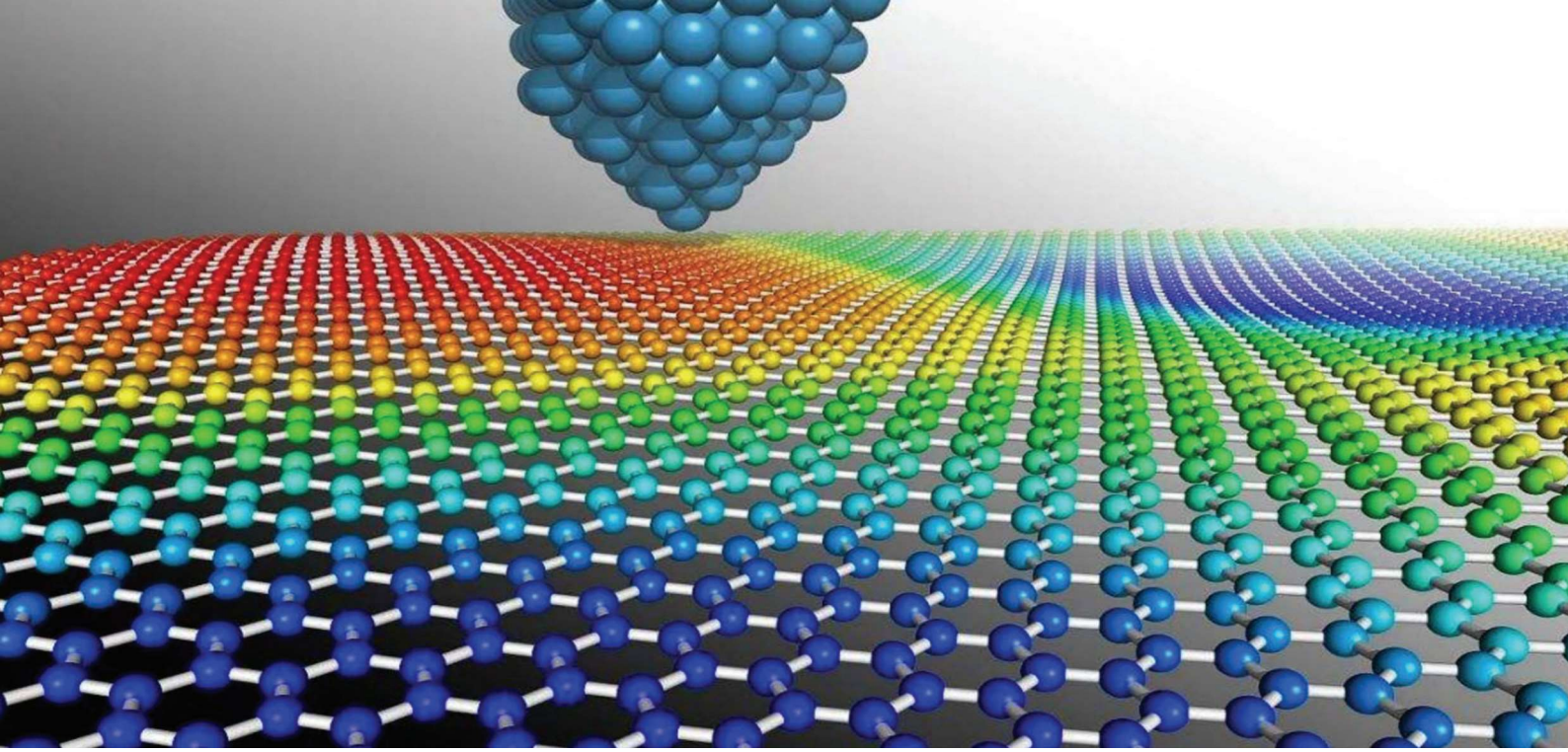


مقاله علمی-ترویجی

مروری بر سنتز مدارهای کوانتومی با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی

آرزو رجایی، گروه مهندسی کامپیوتر، واحد مشهد، دانشگاه آزاد اسلامی، مشهد، ایران، rajaei@mshdiau.ac.ir

محبوبه هوشمند، گروه مهندسی کامپیوتر، واحد مشهد، دانشگاه آزاد اسلامی، مشهد، ایران، houshmand@mshdiau.ac.ir

سیدعابد حسینی، گروه مهندسی برق، واحد مشهد، دانشگاه آزاد اسلامی، مشهد، ایران، hosseyni@mshdiau.ac.ir

چکیده

محاسبات کوانتومی روش جدیدی از پردازش اطلاعات است که بر مبنای مفاهیم مکانیک کوانتومی بناشده است و منجر به رخدادهای عجیب و قدرتمندی در حوزه کوانتوم می‌شود. هر ماتریس یکانی نمایش‌دهنده یک گیت کوانتومی است. سنتز مدارهای کوانتومی به فرایند تبدیل یک گیت کوانتومی به یک سری گیت‌های پایه اطلاق می‌شود و به دو دسته کلی مبتنی بر تجزیه و ترکیب تقسیم می‌گردد. در روش‌های دسته نخست با بهره‌گیری از روش‌های تجزیه ماتریسی مدارهای کوانتومی سنتز می‌شوند. این مطالعه به دسته دوم می‌پردازد که با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی و به‌خصوص الگوریتم ژنتیک از ضرب گیت‌های ماتریسی برای دستیابی به مشخصه نهایی مدار کوانتومی بهره گرفته می‌شود.

کلمات کلیدی: الگوریتم تکاملی، الگوریتم ژنتیک، سنتز مدارای کوانتومی، محاسبات کوانتومی

A Review on the Synthesis of Quantum Circuits Using Evolutionary Algorithms

Arezoo Rajaei, Department of Computer Engineering, Mashad Branch, Islamic Azad University, Mashhad, Iran, rajaei@mshdiau.ac.ir

Mahboobeh Houshmand, Department of Computer Engineering, Mashhad Branch, Islamic Azad University, Mashhad, Iran, houshmand@mshdiau.ac.ir

Seyyed Abed Hosseini, Department of Electrical Engineering, Mashhad Branch, Islamic Azad University, Mashhad, Iran, hosseyni@mshdiau.ac.ir

Abstract

Quantum computing is a new method of information processing based on the concepts of quantum mechanics which leads to strange and powerful events in the field of quantum. Each unitary matrix represents a quantum gate. Synthesis of quantum circuits refers to the process of converting a quantum gate into a series of basic gates and is divided into two general categories, namely decomposition and composition-based. In the first category, quantum circuits are synthesized using matrix decomposition methods. This study deals with the second category, which uses evolutionary algorithms and especially genetic algorithms to multiply matrix gates to achieve the final characteristic of a quantum circuit.

Keywords: Evolutionary Algorithms, Genetic Algorithms, Synthesis of Quantum Circuits, Quantum Computing

۱- مقدمه

یک گیت منطقی، برگشت‌پذیر خوانده می‌شود اگر هر جایگشتی از ورودی را به یک جایگشت از خروجی ببرد. ورودی یک گیت معکوس‌پذیر از روی خروجی آن مشخص می‌شود. گیت‌های برگشت‌پذیر، مانند NOT برخلاف گیت‌های برگشت‌ناپذیر (مانند OR) تعداد ورودی و خروجی‌های برابر دارند. مدارهای برگشت‌پذیر، از کنار هم قرار دادن گیت‌های برگشت‌پذیر به وجود می‌آیند. در مدارهای برگشت‌پذیر حرکت مدار در راستای زمان از چپ به راست است. ازجمله ویژگی‌های مدارهای برگشت‌پذیر این است که در آنها بازخورد[۱] و گنجایش خروجی[۲] وجود ندارد.

محاسبات کوانتومی[۳] [۱-۳] حاصل ترکیب مکانیک کوانتومی[۴] و نظریه اطلاعات کلاسیک است و منجر به رخدادهای عجیب و قدرتمندی در حوزه کوانتوم می‌شود. با تعریفی که در ابتدای مقدمه در رابطه با برگشت‌پذیری ذکر شد، مدارهای کوانتومی همه برگشت‌پذیر هستند. هر ماتریس یکانی نمایش‌دهنده یک گیت کوانتومی است. سنتز مدارهای کوانتومی به فرایند تبدیل یک گیت کوانتومی به یک سری گیت‌های پایه گفته می‌شود. مساله سنتز و بهینه‌سازی مدارهای کوانتومی یک مساله سخت است[۴]. سنتز مدارهای کوانتومی به دو دسته کلی مبتنی بر تجزیه و ترکیب تقسیم می‌گردد. در روش‌های دسته نخست با بهره‌گیری از روش‌های تجزیه ماتریسی مدارهای کوانتومی سنتز می‌شوند. این مطالعه، به دسته دوم می‌پردازد که با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی و به‌خصوص الگوریتم‌های ژنتیک از ضرب گیت‌های ماتریسی برای دستیابی به مشخصه نهایی مدار کوانتومی بهره گرفته می‌شود. در زمینه استفاده از روش‌های تکاملی در سنتز مدارهای کوانتومی، مطالعات کمی صورت گرفته است.

ساختار ادامه این نوشته از این قرار است. در بخش ۲، پیش‌زمینه‌های مورد نیاز در رابطه با محاسبات کوانتومی بیان شده‌اند. در بخش ۳، مقدمه‌ای بر الگوریتم‌های ژنتیک مطرح شده است. در بخش ۴ کارهای مرتبط در زمینه سنتز مدارهای کوانتومی با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی بررسی‌شده‌اند. بخش ۵ به جمع‌بندی و پیشنهادهایی برای کارهای آتی می‌پردازد.

۲- پیش‌زمینه

محاسبات کوانتومی حاصل ترکیب مکانیک کوانتومی و نظریه اطلاعات کلاسیک است و منجر به رخدادهای عجیب و قدرتمندی در حوزه کوانتوم می‌شود. در این بخش، در زیر بخش ۲-۱ تاریخچه محاسبات کوانتومی بیان می‌شود و در زیر بخش ۲-۲، اصول محاسبات کوانتومی مطرح می‌گردد.

۲-۱-تاریخچه محاسبات کوانتومی

محاسبات کوانتومی شاخه جدیدی از پردازش اطلاعات بر مبنای اصول مکانیک کوانتومی است. هرچند هنوز کامپیوترهای کوانتومی به‌طو کامل عملی، ساخته نشده‌اند، اما آینده کامپیوترهای کوانتومی بسیار روشن به نظر می‌رسد.

ایده دستگاه محاسباتی بر مبنای مکانیک کوانتومی برای نخستین بار در دهه ۱۹۷۰ و اوایل دهه ۱۹۸۰ توسط فیزیکدانان و متخصصان کامپیوتر از قبیل چارلز بنت[۵]، پل بنیوف[۶]، دیوید دویچ[۷] و ریچارد فاینمن[۸] مطرح شد. این ایده زمانی ظاهر شد که دانشمندان با محدودیت‌های اساسی محاسبات روبه‌رو شدند. آن‌ها متوجه شدند که اگر فناوری طبق قانون مور[۹] به جلو رود، اندازه عناصر مداری که بر روی تراشه‌های سیلیکونی تعبیه می‌شود، عاقبت بیشتر از چند اتم نخواهد بود. مشکلی که در اینجا پیش می‌آید این است که در اندازه اتمی، قوانین فیزیکی که بر رفتار اتم‌ها حاکم هستند، قوانین مکانیک کوانتومی هستند، نه قوانین مکانیک کلاسیک.

[۵]، جزو نخستین افرادی بود که در سال ۱۹۸۲، مدلی انتزاعی پیشنهاد کرد که نشان می‌داد چگونه یک سیستم کوانتومی می‌تواند محاسبات را انجام دهد. سپس در سال ۱۹۸۵، دویچ [۶]، دریافت که ایده فاینمن، می‌تواند عاقبت به یک کامپیوتر همه‌کاره منجر شود و یک مقاله منتشر کرد که به‌صورت نظری نشان می‌داد هر فرآیند فیزیکی را می‌توان به‌صورت کامل با یک کامپیوتر کوانتومی مدل کرد. موفقیت اصلی توسط شور[۱۰] در سال ۱۹۹۴، وقتی او به کمک کامپیوترهای کوانتومی، روشی برای شکستن یک مساله مهم در نظریه اعداد- تجزیه اعداد به عوامل اول[۸,۷] پیدا کرد، حاصل شد. او نشان داد که مجموعه‌ای از اعمال ریاضی که برای کامپیوتر کوانتومی طراحی شده‌اند، قابلیت تجزیه اعداد بزرگ را بر روی کامپیوترهای کوانتومی، بسیار سریع‌تر از کامپیوترهای کلاسیک دارند. با این موفقیت و همین‌طور کشف الگوریتم جستجوی گراور[۱۱] [۹]، محاسبات کوانتومی از یک کنجکاوی دانشگاهی صرف، به یک علاقه جهانی تبدیل شد.

حوزه محاسبات کوانتومی مدرن، با کشف توزیع کلید کوانتومی[۱۲] [۱۰]، توانایی ارسال یک بیت کوانتومی به کمک دو بیت کلاسیک و یک بیت درهم تنیدگی (مخابره از راه دور کوانتومی[۱۱][۱۳]) و توانایی ارسال دو بیت کلاسیک با ارسال یک بیت کوانتومی و یک بیت درهم‌تنیدگی (کدگذاری چگال کوانتومی[۱۴][۱۲]) آغاز شد. سپس محققان، تلاش‌های عمیق‌تری برای ترکیب منابع مخابرات کلاسیک، مخابرات کوانتومی و درهم تنیدگی برای فرمول‌بندی پروتکل‌های جدید کوانتومی انجام دادند.

۲-۲- اصول محاسبات کوانتومی

۲-۲-۱- کیوبیت‌ها

حالات کوانتومی را می‌توان برحسب بردارها و یا با نماد معروف‌تر برا/کت[۱۵] نمایش داد. کت‌ها همانند $|x\rangle$ نمایشگر بردارهای ستونی هستند و به‌طور کلی برای توصیف حالات کوانتومی به‌کار می‌روند. حالت برا $\langle x|$، نمایشگر ترانهاده مزدوج[۱۶] $|x\rangle$ است. حالات پایه $|1\rangle$ و $|0\rangle$ را می‌توان به‌صورت $(1,0)^T$ و $(0,1)^T$ بیان کرد. هر ترکیبی از $|1\rangle$ و $|0\rangle$، $\alpha|0\rangle+\beta|1\rangle$ را می‌توان به‌صورت $(\alpha,\beta)^T \in C^2$ نشان داد. $\langle x|y\rangle$ نمایشگر ضرب داخلی[۱۷] دو بردار است. برای نمونه چون $|0\rangle$ و $|1\rangle$ عمود هستند داریم: $\langle 1|$ و $\langle 0|$. نماد $|x\rangle\langle y|$، نشان دهنده ضرب خارجی[۱۸] دو بردار است.

یک کیوبیت[۱۹]، یک بردار یکه، در فضای دو بعدی مختلط است که برای این فضا بردارهای پایه مشخص که با نماد $|1\rangle$ و $|0\rangle$ نمایش داده می‌شوند انتخاب شده‌اند. بردارهای پایه $|1\rangle$ و $|0\rangle$ به‌ترتیب همتای کوانتومی بیت‌های کلاسیک ۰ و ۱ می‌باشند. برخلاف بیت‌های کلاسیک، کیوبیت‌ها می‌توانند در هر برهم‌نهی[۲۰] از $|1\rangle$ و $|0\rangle$ همانند $\alpha|0\rangle+\beta|1\rangle$ قرار بگیرند که α و β اعداد مختلطی هستند که $|\alpha|^2+|\beta|^2=1$.

اگر چنین ترکیبی نسبت به پایه‌های $|1\rangle$ و $|0\rangle$ اندازه‌گیری شوند، آنگاه $|0\rangle$ با احتمال $|\alpha|^2$ و $|1\rangle$ با احتمال $|\beta|^2$ مشاهده می‌شود.

یک ثبات n کیوبیتی، یک حالت کوانتومی است که فضای حالت آن یک فضای 2^n بعدی مختلط می‌باشد. با فرض بردارهای پایه $\{|1\rangle$ و $|0\rangle\}$ برای فضای یککیوبیتی، بردارهای پایه این ثبات در مجموعه زیر می‌باشند.

$$\{|i_1\rangle\otimes|i_2\rangle\otimes\ldots\otimes|i_n\rangle;\ i_1,i_2,\ldots,i_n=0,1\} \qquad (۱)$$

و یا به‌طور معادل:

$$\{|i_1 i_2 \dots i_n\rangle; i_1, i_2, \dots, i_n = 0,1\} \quad (۲)$$

حالت یک ثبات کیوبیتی، یک بردار در یک فضایکیوبیتی است:

$$|\varphi\rangle = \sum_{i_1,i_2,\dots,i_n=0,1,} a_{i_1,i_2,\dots,i_n} |i_1\rangle \otimes |i_2\rangle \otimes \dots \otimes |i_n\rangle, \quad (۳)$$

که

$$\sum_{i_1,i_2,\dots,i_n=0,1,} |a_{i_1,i_2,\dots,i_n}|^2 = 1 \quad (۴)$$

مفهوم درهم‌تنیدگی[۲۱] کوانتومی که همتای کلاسیک ندارد به‌عنوان منبع فیزیکی مهم در بسیاری از حوزه‌های مهم محاسبات و اطلاعات کوانتومی می‌باشد. یک حالت کوانتومی چندکیوبیتی $|\varphi\rangle$ درهمتنیده است اگر نتوان آن را به‌صورت ضرب تانسوری $|\varphi\rangle = |\emptyset_1\rangle \otimes |\emptyset_2\rangle$ نوشت. برای مثال جفت EPR نشان داده‌شده در زیر یک حالت کوانتومی درهم‌تنیده است:

$$|\varphi\rangle = \frac{|00\rangle + |11\rangle}{\sqrt{2}} \quad (۵)$$

به‌عبارت‌دیگر، کیوبیت‌های تشکیل‌دهنده یک حالت درهمتنیده به گونه‌ای باهم ترکیب‌شده‌اند که حالت کوانتومی یک جز تشکیل‌دهنده آن را نمی‌توان مستقل از حالت سایر اجزا تشکیل‌دهنده آن توصیف کرد حتی اگر ذرات به‌صورت فیزیکی از هم دور باشند.

۲-۲-۲- گیت‌های کوانتومی

اعمال کوانتومی را می‌توان با شبکه‌ای از گیت‌ها محقق کرد. هر گیت کوانتومی، یک تبدیل خطی است که با یک ماتریس یکانی[۲۲] موثر بر روی فضای n کیوبیتی تعریف می‌گردد. ماتریس U یکانی است اگر $UU^{+}=I$ که، U^{+} ترانهاده مزدوج ماتریس U می‌باشد. چون هر عمل یکانی، معکوس‌پذیر است، هر گیت کوانتومی نیز معکوس‌پذیر است. بنابراین اگر خروجی‌های یک گیت کوانتومی را داشته باشیم، می‌توان ورودی‌های متناظر با آن را به دست آورد.

مثال‌هایی از گیت‌های تک کیوبیتی مفید، اعضای مجموعه پائولی π می‌باشد که از چهار عملگر زیر تشکیل شده‌است:

$$I \equiv \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}, X \equiv \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ 1 & 0 \end{pmatrix}, Y \equiv \begin{pmatrix} 0 & -i \\ i & 0 \end{pmatrix}, Z \equiv \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & -1 \end{pmatrix} \quad (۶)$$

I تبدیل همانی[۲۳]، X گیت چرخش بیت[۲۴]، Z گیت چرخش فاز[۲۵] و Y ترکیبی از هر دو است. اثر این تبدیلات بر روی حالات پایه $|1\rangle$ و $|0\rangle$ به‌صورت زیر است.

$$\begin{aligned} X&: |0\rangle \to |1\rangle, |1\rangle \to |0\rangle \\ Y&: |0\rangle \to i|1\rangle, |1\rangle \to -i|0\rangle \\ Z&: |0\rangle \to |1\rangle, |1\rangle \to -|1\rangle \end{aligned} \quad (۷)$$

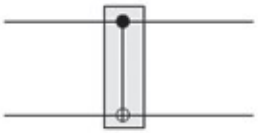
دو گیت تک کیوبیتی مهم دیگر، گیت هادامارد[۲۶] و گیت دوران فاز[۲۷] است که بهترتیب به‌صورت زیر تعریف می‌شوند:

$$\begin{aligned} H &\equiv \frac{1}{\sqrt{2}}\begin{pmatrix} 1 & 1 \\ 1 & -1 \end{pmatrix}, \\ Rot(\theta) &\equiv \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & e^{i\theta} \end{pmatrix}. \end{aligned} \quad (۸)$$

گیت معکوس‌کننده-کنترلی[۲۸]، CNOT، یک گیت دوکیوبیتی است. کیوبیت اول، در نقش کنترل و کیوبیت دوم در نقش هدف است. اگر کیوبیت کنترل، $|1\rangle$ باشد، CNOT، کیوبیت هدف را معکوس می‌کند و اگر کیوبیت کنترل، $|0\rangle$ باشد، کیوبیت هدف بدون تغییر خارج می‌شود. به‌عبارت‌دیگر، خروجی دوم، XOR کیوبیت کنترل و هدف می‌باشد. نمایش مداری گیت CNOT به‌صورت زیر است:

$$CNOT \equiv \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad (۹)$$

شکل (۱) نمایش مداری گیت CNOT را نشان می‌دهد.



شکل ۱: نمایش مداری گیت CNOT

در حالت کلی‌تر، اگر U، یک گیت تک کیوبیتی، با نمایش مداری زیر باشد:

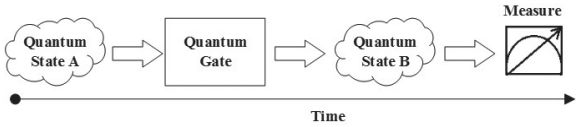
$$U \equiv \begin{bmatrix} u_{00} & u_{01} \\ u_{10} & u_{11} \end{bmatrix} \quad (۱۰)$$

آنگاه، گیت U-کنترل‌شده، گیتی است که بر دو کیوبیت اثر می‌کند به‌طوری‌که کیوبیت اول، کیوبیت کنترل و کیوبیت دوم، کیوبیت هدف می‌باشد. اگر کیوبیت کنترلی برابر $|1\rangle$ باشد، این گیت یکانی U را بر روی کیوبیت هدف اعمال می‌کند و اگر کیوبیت کنترل، $|0\rangle$ باشد، کیوبیت هدف بدون تغییر خارج می‌شود.

$$Controlled - U \equiv \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & u_{00} & u_{01} \\ 0 & 0 & u_{10} & u_{11} \end{bmatrix} \quad (۱۱)$$

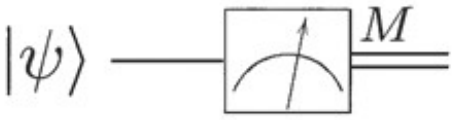
۲-۲-۳- مدارهای کوانتومی

یک مدار کوانتومی، از مجموعه‌ای از سیم‌ها (کیوبیت‌ها) و توالی از گیت‌های کوانتومی تشکیل می‌گردد. محاسبات کوانتومی که با مدارهای کوانتومی مدل‌شده، در شکل (۲) نشان دادهشده است. یک مدار کوانتومی همواره از چپ به راست ارزیابی می‌شود. بنابراین حرکت از چپ به راست در یک مدار کوانتومی به معنای حرکت به جلو در زمان است.



شکل ۲: محاسبات کوانتومی که با مدارهای کوانتومی مدل شده است[۱۳].

در مدارهای کوانتومی برای نشان دادن عملیات اندازه‌گیری از یک اندازه‌گیر به‌صورت زیر مشخص‌شده در شکل (۳) استفاده می‌شود. در این صورت سیم‌های کوانتومی پیش از اندازه‌گیری با یک خط مشخص می‌شوند. ازآنجایی‌که پس از اندازه‌گیری فقط دو مقدار ۰ و ۱ قابل حصول می‌باشد، سیم‌های پس از اندازه‌گیری به‌صورت کلاسیک و با دو خط نشان داده می‌شوند.



شکل ۳: اندازه‌گیر کوانتومی[۱۳].

۳- الگوریتم‌های ژنتیک[۲۹]

الگوریتم‌های ژنتیک (GA) [۱۶-۱۴] الگوریتم‌های جستجوی تصادفی هستند که فرایند تکامل طبیعی را شبیه‌سازی می‌کنند. الگوریتم‌های

ژنتیک دســت‌های از الگوریتم‌های تکاملی[30] هستند و به‌طور معمول برای حل مسایل بهینه‌سازی به‌کاربرده می‌شوند. الگوریتم‌های ژنتیک کاربرد زیادی در علوم مختلف نظیر علوم زیســتی، مهندســی، علوم کامپیوتر، اقتصاد، شــیمی، ریاضی و فیزیک دارند. در زیر بخش ۳-۱ تاریخچــه‌ای از الگوریتم‌های ژنتیک مطرح می‌شــود. ســپس در زیر بخش ۳-۲ پایه‌های زیســتی این موضــوع بیان می‌گردد. درنهایت در زیر بخش ۳-۳ الگوریتم ژنتیک ساده توضیح داده می‌شود.

۳-۱- تاریخچه‌ای از الگوریتم‌های ژنتیک

پیشــینه الگوریتم ژنتیک به ســال‌های حــدود ۱۹۶۰ برمی‌گردد. در دهه‌های ۵۰ و ۶۰، پژوهش‌های زیادی برای اســتفاده از نظریه تکامل در بهینه‌ســازی مسایل مهندسی به‌طور مســتقل صورت گرفت. ایده اصلی در همه این سیستم‌ها، رشد یک جمعیت از پاسخ‌های اولیه یک مساله به سمت پاسخ بهینه با الهام گیری از عملگرهای انتخاب طبیعی و ژنتیک بود. الگوریتم ژنتیک نخســتین بار توسط جان هلند[31] [۱۴] در ســال ۱۹۷۵ مطرح و به‌وســیله خود او و دانشجویان و همکارانش گســترش یافت. تلاش‌های او و اطرافیانش در این زمینه در نهایت به نشــر کتاب سازگاری در طبیعت و سیســتم‌های مصنوعی[32] انجامید. پس از آن تحقیقات گســترده‌ای توســط افراد مختلف در این زمینه انجام شــد و الگوریتم ژنتیک به‌صورت امروزی خود رســید. الگوریتم ژنتیک بخشــی از نظریه حســابگری تکاملی[33] است که درحال حاضر به‌عنوان بخشی از هوش مصنوعی به‌سرعت در حال رشد می‌باشد.

ایده اصلی این الگوریتم در نظریه تکامل داروین نهفته اســت. از نظر کاربردی، الگوریتم ژنتیک یکی از روش‌های بهینه‌سازی مسایل است که اســاس آن بر انتخاب طبیعــی[34] (عامل اصلی تکامل زیســتی) و برخی مفاهیمی که از علم ژنتیک الهام گرفته شــده‌اند، استوار است. الگوریتم‌های ژنتیک در مســایلی که فضای جستجوی بزرگی داشته باشند می‌تواند به کار گرفته شود.

۳-۲- پایه‌های زیستی الگوریتم‌های ژنتیک

در راســتای فهــم کامل الگوریتــم ژنتیک، ابتدا بهتر اســت با برخی از اصطلاحات زیســتی به‌کاررفتــه در پایه‌های نظری ایــن الگوریتم آشــنا شــویم. همه موجودات زنده از واحدهای کوچکی به نام سلول تشکیل‌شده‌اند. هر سلول نیز به نوبه خود از مجموعه‌ای از یک یا چند کروموزوم[35] تشــکیل شده است. کروموزوم‌ها رشــته‌هایی از مولکول DNA هســتند کــه در حقیقت برنامه کاری موجــود زنده را در خود ذخیره می‌کنند. هر کروموزوم شــامل چندین ژن[36] اســت، که هر ژن بلوکی از مولکول DNA است که پروتئین خاصی را کدگذاری می‌کند. به‌طورکلــی می‌توان گفت که هر ژن یک خصیصــه[37] از موجود زنده (مانند رنگ چشم) را کدگذاری می‌کند. بسیاری از موجودات زنده در هر سلول چندین کروموزوم دارند.

در طی تولیدمثل[38]، در اثر تقاطع[39] ژن‌ها از کروموزوم‌های والدین[40] با یکدیگر ترکیب‌شده تا کروموزوم جدیدی را تشکیل دهند. در طی این تغییرات، ممکن است تغییرات کوچکی در برخی از بخش‌های DNA ژنهــای فرزند، به وجود آمده و فرزنــد دچار جهش[41] گردد. در نهایت تابع برازندگی[42] یک موجود زنده با توجه به‌احتمال زیســتن آن برای تکثیر (زیســت‌پذیری[43]) یا برحســب تابعی از تعداد فرزندان آن‌گونه (باروری[44]) تعیین می‌گردد.

۳-۳- الگوریتم ژنتیک ساده

الگوریتم ژنتیکی که توســط جان هلند توســعه‌یافته است، امروزه به الگوریتم ژنتیک ســاده شناخته می‌شود که ساختار آن در ادامه آمده است.

```
{
  Initialize population with random solutions;
  While TerminationCriteriaNotSatisfied
    {
      Evaluate population;
      Select parents for reproduction;
        Perform recombination (with a probability p_c),
mutation (with a probability p_m);
    }
}
```

در این روش به بیان ساده، برای بهینه‌سازی تابع هدف (تابع برازندگی) مســاله، در هر مرحله، از یک جمعیت[45] اولیه کروموزوم‌ها (افراد[46]) که در حقیقت پاســخ‌های اولیه مساله می‌باشــند، به یک جمعیت جدید از کروموزوم‌ها و یا یک نســل[47] جدید که در حقیقت پاسخ‌های ثانویه مســاله مفروض می‌باشند می‌رســیم. بنابراین با تکرار این عملیات و تولید جمعیت جدید از جمعیت قبلی در هر مرحله و درنتیجه رسیدن به نســل‌های موفق، جمعیت به سمت یک پاســخ بهینه رشد خواهد کرد.

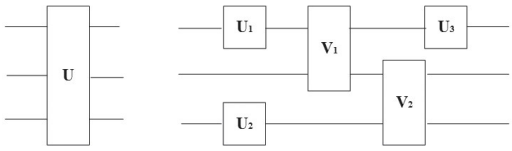
به‌طور معمول، افراد به شــکل رشــته‌های دودویی (شکل ۴) نمایش داده می‌شــوند، هرچند کدگذاری‌های دیگر نیز ممکن است. جمعیت اولیه به‌صورت تصادفی تولید می‌شوند. هر فرد در جمعیت یک مقدار برازندگی دارد. به‌طور معمول برازندگی معیاری است که نشان می‌دهد یک فرد چه قدر برای حل مساله موردنظر مطلوب است.

انتخاب، از مقادیر برازندگی اســتفاده می‌کند تا افرادی را برای اعمال تقاطــع و جهش برای نســل بعد تعیین کند. جهش و تقاطع ســعی می‌کننــد ویژگی‌هــای افراد والــد را تغییر دهند تــا بتوانند فرزندان متمایــزی ایجــاد کنند. تقاطع عمل اصلی اکتشــاف در GA اســت. ایــن عملگــر دو فرد را از بین افــرادی که برای حضور در نســل بعد انتخاب‌شده‌اند به‌طور تصادفی انتخاب می‌کند و زیررشته‌های تصادفی را بین آنها جابجا می‌کند. عمل فرعی جســتجو، جهش است. وظیفه آن بازیابی گوناگونی اســت که ممکن است در اثر اعمال مکرر انتخاب و تقاطــع از بیــن بــرود. این فرآیند در نســل‌هایی تکرار می‌شــود تا به‌شــرط توقف برسیم. این شرط توقف می‌تواند رسیدن به یک تعداد پیش‌فرض از نســل‌ها باشد. یک شــرط توقف متداول دیگر می‌تواند زمانی باشد که کیفیت میانگین جمعیت پس از چند نسل بهبود نیابد.

۴- سنتز مدارهای کوانتومی

۴-۱- مساله سنتز مدارهای کوانتومی

مشــخصه هر مدار کوانتومی بــر روی n کیوبیت با یک ماتریس یکانی $2^n * 2^n$ نشــان داده می‌شــود. ســنتز یک مدار کوانتومی به فرآیند تبدیل این مشــخصه به گیت‌های کوانتومی شناخته شده (با توجه به کتابخانه گیت‌ها) گفته می‌شــود. مشخصه یک مدار کوانتومی و مدار معادلی برای این مشــخصه به ترتیب در ســمت چپ و سمت راست شکل (۴) نشــان داده شده است. شماره‌گذاری خطوط مدار از بالا به پایین صورت می‌گیرد.



شکل ۴: مثالی از مدل نمایشی یک مدار کوانتومی

همان‌طور که در شکل (۴) مشاهده می‌شود دو رابطه بین گیت‌های قرار گرفته در معادل سمت راست مدار وجود دارد: رابطه عمودی بین گیت‌ها که با ضرب تانسوری[۴۸] مشخص می‌شود و رابطه افقی بین گیت‌ها (یا به‌عبارت‌دیگر گیت‌های قرارگرفته در کنار یکدیگر) که با ضرب ماتریسی مشخص‌شده و ترتیب آن وارون نمایش گیت‌ها در مدار است.

بنابراین برای معادلِ مداری نشان داده‌شده در سمت چپ می‌توان رابطه زیر را نوشت که نمایش‌دهنده عملکرد این مدار کوانتومی است:

$$U = (U_3 \otimes I \otimes I)(I \otimes V_2)(U_1 \otimes I \otimes U_2) \qquad (۱۲)$$

فعالیت‌های انجام‌شده در زمینه سنتز مدارهای کوانتومی را می‌توان به دو دسته مبتنی بر تجزیه و مبتنی بر ترکیب تقسیم کرد که فعالیت‌های مختلفی در هر بخش صورت گرفته است. در دسته نخست، با استفاده از ویژگی‌های ماتریسی مدار و گیت‌های کوانتومی و نیز تعریف گیت‌های خاص و روش‌های تجزیه آنها با توجه به روش‌های تجزیه ریاضی، ماتریسِ مدار موردنظر به دسته ماتریس‌های خاص که همان گیت‌های کوانتومی هستند، تجزیه می‌شود. در دسته دوم با استفاده از روش‌های جستجوی اکتشافی اقدام به یافتن مداری متشکل از کتابخانه گیت‌های موردنظر می‌شود. در این دسته از روش‌ها (که در زیر بخش‌های ۴-۲-۱، ۴-۲-۲، ۴-۲-۳، ۴-۲-۴ و ۴-۲-۵ به پنج مورد از فعالیت‌های انجام‌شده از آن اشاره می‌شود)، از الگوریتم‌های تکاملی و به‌خصوص الگوریتم ژنتیک برای ساخت مداری که مشخصه موردنظر را در طول اجراهای مختلف تولید کند، استفاده می‌شود. نکته قابل توجه در مقایسه این دسته از کارها زمان مناسب برای رسیدن به جواب موردنظر است.

۴-۲- سنتز مدارهای کوانتومی با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی

روش‌های مختلفی برای طراحی تکاملی مدارهای کوانتومی ارایه‌شده است. در روش‌های معرفی‌شده از GA برای سنتز مدارها بهره گرفته‌شده و هدف رسیدن به مشخصه موردنظر به‌طور کامل و یا با درصدی قابل‌قبول تفاوت، تعریف‌شده است. در ادامه تعدادی از روش‌های ارایه‌شده در[۱۷]، [۴]، [۱۹]، [۲۶] و [۲۳] معرفی و تحلیل می‌شوند.

۴-۲-۱- طراحی خودکار مدارهای کوانتومی

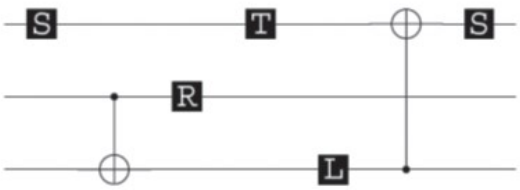
در [۱۷] نخستین گزارش از استفاده از الگوریتم‌های تکاملی در سنتز مدارهای کوانتومی آمده است. این روش از GA با کروموزوم‌های با طول متغیر برای طراحی خودکار مدارهای کوانتومی استفاده می‌کند. در ادامه این روش مرور می‌شود.

۴-۲-۱-۱- ساختار کلی الگوریتم ژنتیک

این روش از ساختار کلی الگوریتم ژنتیک ساده که در زیر بخش ۳-۳ توضیح داده شد، استفاده می‌کند.

۴-۲-۱-۲- نمایش کروموزوم‌ها

یک مدار کوانتومی نمونه (شکل ۵) و نمایش آن در شکل (۶) آمده است. هر مدار با یک ساختار داده تودرتو نشان داده می‌شود که هر عنصر مدار، نام آن و پارامتر (در صورت وجود) و سیم‌هایی که به آن متصل است و تعداد کیوبیت‌ها (سه در این حالت) را کدگذاری می‌کند.



شکل ۵: یک مدار نمونه [۱۷]

$$\left\{\begin{array}{c}
\left\{\begin{pmatrix} i & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}, params[], \{1;3\}\right\}, \\
\left\{\begin{pmatrix} 1&0&0&0 \\ 0&1&0&0 \\ 0&0&0&1 \\ 0&0&1&0 \end{pmatrix}, params[], \{2,3;3\}\right\}, \\
\left\{\begin{pmatrix} \frac{1}{\sqrt{2}} & \frac{1}{\sqrt{2}} \\ -\frac{1}{\sqrt{2}} & \frac{1}{\sqrt{2}} \end{pmatrix}, params[], \{2;3\}\right\}, \\
\left\{\begin{pmatrix} -1 & 0 \\ 0 & -i \end{pmatrix}, params[], \{1;3\}\right\}, \\
\left\{\begin{pmatrix} \frac{1}{\sqrt{2}} & -\frac{1}{\sqrt{2}} \\ \frac{1}{\sqrt{2}} & \frac{1}{\sqrt{2}} \end{pmatrix}, params[], \{3;3\}\right\}, \\
\left\{\begin{pmatrix} 1&0&0&0 \\ 0&1&0&0 \\ 0&0&0&1 \\ 0&0&1&0 \end{pmatrix}, params[], \{3,1;3\}\right\}, \\
\left\{\begin{pmatrix} i & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}, params[], \{1;3\}\right\}
\end{array}\right\}$$

شکل ۶: نمایش مدار نمونه (در شکل ۵) [۱۷]

این الگوریتم گیت‌ها را از یک مجموعه انتخاب از پیش تعریف‌شده انتخاب می‌کند. این گیت‌ها ممکن است پارامترهای پیوسته نامشخصی داشته باشند که الگوریتم جستجو آنها را تنظیم می‌کند و یا ممکن است ثابت (بدون پارامتر) باشند. در حالت کلی که در مورد ماتریس تبدیل هدف اطلاعات کمی در دست است، منطقی است که گیت‌ها از مجموعه‌ای جهانی انتخاب شوند. همچنین منطقی است که یک مجموعه فوق کامل که گیت‌های بیشتری نسبت به یک مجموعه جهانی دارد، انتخاب گردد. این امر برای به دست آوردن نمایش‌های فشرده‌تر مفید است، هرچند ممکن است هزینه‌بر باشد. استفاده از یک مجموعه ناکامل ممکن است زمانی که اطلاعاتی از یک تبدیل هدف در دست است، مناسب باشد.

۴-۲-۱-۳- تابع برازندگی

به منظور ارزیابی کیفیت یک مدار نامزد، ماتریس آن مدار با ماتریس هدف U مقایسه می‌شود. رابطه (۱۳) این امر را نشان می‌دهد.

$$f(S,U) = \sum_{i=1}^{2^N}\sum_{j=1}^{2^N}\left|U_{ij} - S_{ij}\right|, S,U \in U(2^N) \qquad (۱۳)$$

f، برازندگی یا تمایز[۴۹] خوانده می‌شود. در این مقاله هدف یافتن مدارهایی است که تمایز بین مدارها در جمعیت و هدف را کمینه می‌کند. اگر f=0 باشد، مداری یافته‌ایم که U را به‌طور دقیق پیاده می‌کند، در غیر این صورت یک تقریب برای U پیداکرده‌ایم.

۴-۲-۱-۴- عملگرهای ژنتیک

- **انتخاب**

انتخاب مبتنی بر رتبه صورت می‌گیرد. مدارها از یک تا N (تعداد کل مدارها در جمعیت) رتبه‌بندی می‌شوند که یک بهترین مدار را نشان می‌دهد. به هر مدار با رتبه r، احتمالی برابر با $P(r)=ar^2+br+c$ برای حضور در نسل بعد منتسب می‌شود.برای محاسبه مقادیر a، b و c، سه شرط گذاشته می‌شود. یکی این‌که

$$\sum_{r=1}^{N} P(r) = \sum_{r=1}^{N} ar^2 + br + c = 1 \qquad (۱۴)$$

دوم اینکه احتمال حضور مدار با کمترین رتبه در نسل بعد صفر است یعنی و وقتی r به سمت N میرود، مشتق احتمال صفر می‌شود که تضمین می‌کند مقدار احتمال به‌طور یکنواخت کاهش مییابد. این سه شرط مقادیر a، b و c را به شکل رابطه (۱۵) تعیین می‌کنند.

$$P(r) = \frac{6N}{1-3N+2N^2} r^2 + \frac{6}{N(1-3N+2N^2)} r - \frac{12}{1-3N+2N^2} \qquad (۱۵)$$

- **جهش**

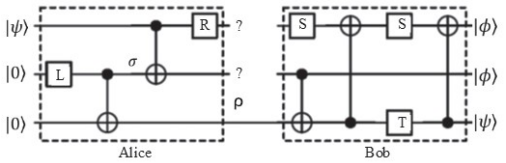
جهش به‌صورت تغییر اتفاقی یک گیت که به‌صورت یکنواخت از یک مدار تصادفی انتخاب‌شده است، صورت می‌گیرد. اگر گیت‌ها ثابت (گیت‌های بدون پارامتر) باشند، ساختار گیت انتخاب‌شده به‌صورت انتخاب به‌صورت یکنواخت تصادفی خطهایی که این گیت روی آنها عمل می‌کند تغییر می‌کند.

- **تقاطع**

دو مدار والد، A و B، در نظر گرفته می‌شوند. یک نقطه برش، به‌صورت یکنواخت تصادفی، در هر یک از دو والد انتخاب می‌گردد. در مدار به‌دست‌آمده از تقاطع، نخستین بخش از A، به دومین بخش از B، یا نخستین بخش از B، به دومین بخش از A، هر یک با احتمال ۰٫۵ متصل می‌شود.

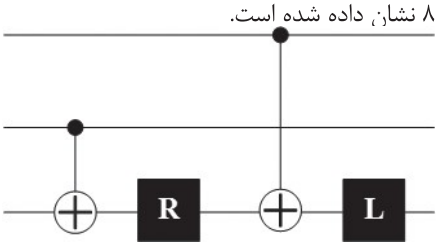
۴-۲-۱-۵- ارزیابی

در ارزیابی روش بالا، مدارهای فرستنده و گیرنده در مخابره از راه دور کوانتومی [۱۱] در نظر گرفته‌شده‌اند. مدارهای مزبور در شکل (۷) نمایش داده شده‌اند.



شکل ۷: مدارهای مخابره از راه دور کوانتومی- بخش ارسال (سمت چپ) و بخش دریافت (سمت راست) [۱۷]

الگوریتم مدار ماتریس فرستنده را با یک مجموعه گیت L، R و XOR در ۱۰ اجرای مختلف که هر اجرا به‌طور متوسط ۲۶٫۴ نسل تولید میکشید به با یک جمعیت اولیه با اندازه ۱۰۰ به‌درستی سنتز کرد. همچنین این روش قادر به تولید خودکار مدار سمت گیرنده با استفاده از گیت‌های CNOT، R و L با چهار گیت بود. مدار سنتز شده در شکل ۸ نشان داده شده است.



شکل ۸: یک مدار کارا برای سنتز مدار سمت گیرنده در مخابره از راه دور کوانتومی که الگوریتم جستجو آن را پیدا کرده است [۱۷]

۴-۱-۲-۶- جمع‌بندی

مقاله بررسی‌شده در بالا، نخستین گزارش از استفاده از الگوریتم‌های ژنتیک در طراحی مدارهای کوانتومی است و ازاین‌رو حایز اهمیت است. به‌عنوان اشکالات روش ارایه‌شده، می‌توان گفت تابع برازندگی هم‌ارزی تنها در صورتی مقدار تمایز صفر برمی‌گرداند که دو ماتریس تولیدشده توسط مدار تحت بررسی و ماتریس تبدیل داده‌شده به‌طور کامل یکسان باشند و هم‌ارزی فاز سراسری دو ماتریس یکانی را در نظر نمی‌گیرد. همچنین تابع برازندگی هزینه مدار کوانتومی را نیز در نظر نمی‌گیرد. ارزیابی‌های اعلام‌شده برای سنتز مدارهایی با بیشینه سه کیوبیت است، از این‌رو به نظر می‌رسد روش ارایه‌شده مقیاس‌پذیر نیست.

۴-۲-۲- یک روش تکاملی برای سنتز مدارهای برگشت‌پذیر و کوانتومی

در [۴,۱۸] از الگوریتم‌های ژنتیک برای سنتز مدارهای برگشت‌پذیر و کوانتومی استفاده شده است. نمایش کروموزوم‌ها به‌گونه‌ای است که می‌توان هم به‌منظور سنتز مدارهای برگشت‌پذیر و هم مدارهای کوانتومی استفاده گردد. در ادامه این روش مرور می‌شود.

۴-۲-۲-۱- ساختار کلی الگوریتم ژنتیک

مراحل زیر برای استفاده از الگوریتم ژنتیک برای سنتز مدارهای کوانتوم آورده شده است:

۱- تولید تصادفی جمعیت اولیه‌ای از افراد که در اینجا هر فرد یک مدار کوانتومی یا معکوس‌پذیر است. هر فرد کروموزوم کد شده‌ای از مدار برای ارزیابی تابع برازندگی است. اندازه جمعیت اولیه به‌طورمعمول برابر ۵۰ تا ۵۰۰ فرد در نظر گرفته می‌شود. جمعیت کوچک همگرایی سریع‌تر را به همراه دارد درحالی‌که جمعیت با اندازه بیشتر فضای جواب بیشتری را بیهوده جستجو می‌کند.

۲- گام‌هایی که الگوریتم ژنتیک در طی آنها جستجو را انجام می‌دهد نسل نامیده می‌شوند. عملیات جستجو هنگامی متوقف می‌شود که شرط تعریف‌شده در الگوریتم برقرار شود. این شرط به‌طورمعمول رسیدن به تابع برازندگی بیش‌ازحد مجاز تعیین‌شده و یا پایان تعداد نسل‌های مشخص‌شده در الگوریتم است.

۳- در ادامه n فرد از بین افراد انتخاب می‌شوند. قوانین انتخاب افراد در سرعت همگرایی عملیات جستجو تأثیر فراوانی دارد. توجه به این نکته لازم است که اگر عملگر انتخاب به‌طور حریصانه‌ای انتخاب خود را صورت دهد (یعنی تنها افراد با برازندگی بالا و بهترین آنها را انتخاب کند)، این احتمال وجود دارد که الگوریتم در دام نقطه کمینه محلی[۵۰] گرفتار شود. در روش معرفی‌شده این قوانین بر پایه تابع برازندگی تنظیم شده‌اند.

۴- بر روی همه افراد جدید یک جمعیت، دو عملگر ژنتیک زیر اعمال می‌شوند:

- **تقاطع**: عملگری که امکان ترکیب دو فرد را با جابه‌جایی بخش‌هایی از کروموزوم‌های شخصی آنها می‌دهد.
- **جهش**: این عملگر با ایجاد نویز در الگوریتم GA از گرفتار شدن آن در مینیمم محلی جلوگیری می‌کند. به‌طورمعمول این عملگر با احتمال کمی در حدود [۰.۰۱, ۰.۱] (در مقایسه با جابه‌جایی با احتمال بین [۰.۳, ۰.۸۵])، اعمال می‌شود و به‌طور تصادفی کروموزوم یک فرد تصادفی انتخاب‌شده را تغییر می‌دهد.

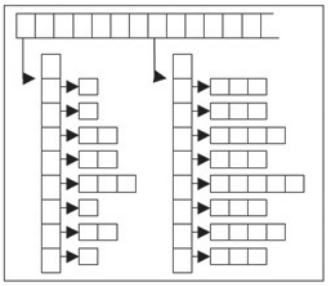
۵- افراد جدید، جایگزین افراد قدیمی در نسل گذشته می‌شوند.

۶- اگر پاسخ نهایی به‌دست آمد، از الگوریتم خارج می‌شویم، در غیر این صورت به شماره ۲ بازمی‌گردیم.

۴-۲-۲-۲- نمایش کروموزوم‌ها

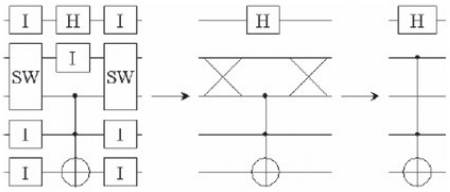
در GA بالا، افراد، مدارهای کوانتومی هستند که به بلوک‌های موازی تقسیم شده‌اند. برای کد کردن مدار از مدل نمایشی نشان داده‌شده در شکل (۹) استفاده‌شده است. در این شکل یک جمعیت متشکل از افراد نشان داده‌شده است. هر فرد در جمعیت شماره‌ای دارد و با رشته‌ای از اجزا نمایش داده می‌شود. خانه نخست در کروموزوم

تعداد ورودی/خروجی آن مدار را نشان می‌دهد و پس‌ازآن رشته‌ای از بلوک‌های موازی می‌آیند که حاوی گیت‌ها هستند.



شکل ۹: کد کردن مدار [۴]

اندازه بلوک‌های موازی که برای نمایش مدار کوانتومی استفاده می‌شوند برابر اندازه ورودی/خروجی مدار است. کروموزوم هر فرد رشته‌ای از کاراکترها با دو نوع علامت است. برای اینکه آغاز و پایان بلوک به الگوریتم نشان داده شود لازم است نشانه‌ای مخصوص و متفاوت با گیت‌ها انتخاب شود. این علامت مخصوص tag-R به اختصار r نامیده می‌شود. گیت‌ها با کاراکترها نشان داده می‌شوند و علامت هر گیت حرف نخست نام آن گیت است. شکل(۱۰) مثالی از تبدیل کروموزوم (شکل سمت چپ) به و تبدیل آن به مدل مداری ششکل سمت راست) را نشان می‌دهد. علامت H نماد گیت Had-amard، W نماد سیم و S نماد گیت Swap است.



شکل ۱۰: مثالی از نمایش مدار کد شده و تبدیل آن به مدل مداری [۴]

۴-۲-۲-۳- تابع برازندگی

معرفی یک تابع برازندگی مناسب تاثیر فراوانی در کیفیت الگوریتم ژنتیک و نتایج حاصل از آن دارد. مراحل تکمیل تابع برازندگی در [۴] در ادامه شرح داده می‌شود. در رابطه (۱۶) تابع اولیه برازندگی آمده است. در این رابطه Error نشان دهنده میزان صحیح بودن پاسخ به‌دست‌آمده نسبت به خروجی موردنظر است. تابع تعریف‌شده اگرچه فضای بزرگی از مساله را جستجو می‌کند اما بسیار عام است و هزینه مدار را در نظر نمی‌گیرد.

$$F = \frac{1}{1 + Error} \qquad (۱۶)$$

برای ارزیابی درستی مدار کوانتومی از رابطه (۱۷) استفاده می‌شود. در این رابطه نتایج ماتریس به‌دست‌آمده با ماتریس اولیه مقایسه می‌شود. عنصری از ماتریس سنتز شده را نشان می‌دهد و عنصری از ماتریس موردنظر را مشخص می‌کند. در حالتی که تطبیق کامل بین دو ماتریس صورت پذیرد در رابطه برای ارزیابی درستی عدد ۱ گزارش می‌شود.

$$Error = \sum_i \sum_j |O_{ij} - S_{ij}| \qquad (۱۷)$$

در رابطه (۱۸) تابع برازندگی کامل‌تری معرف شده که هزینه را نیز دربر می‌گیرد. همان‌طور که دیده می‌شود دو پارامتر برای معرفی یک تابع برازندگی پیچیده‌تر و کاراتر کفایت می‌کند. در رابطه (۵) معادله نخست ارزیابی درستی مدار را بر عهده دارد و معادله دوم انتخاب مدار با تعداد گیت کمتر یا هزینه کوانتومی کمتر را به عملگر انتخاب تحمیل می‌کند.

$$F = \frac{1}{1+Erroe} - \frac{Min_cost}{Cost} \qquad (۱۸)$$

باوجود نتایج خوب رابطه این رابطه در مواردی با مشکل مواجه می‌شود. هنگامی‌که برازندگی مدار را بخواهیم در بازه [۰,۱] اندازه بگیریم در شرایطی خاص عنصر دوم به‌کاررفته در رابطه مقدار صفر را برای تابع گزارش می‌کند درحالی‌که پاسخ درست به‌دست‌آمده است. برای حل این مشکل رابطه (۱۹) معرفی‌شده است که تابع برازندگی را به‌درستی در بازه [۰,۱] گزارش می‌کند. در این رابطه Min_Cost مدار با کمترین هزینه ممکن فرض شده است. واضح است که در حالتی که مدار با هزینه کمتر و صحیح یافت شود تابع برازندگی کمتر از یک خواهد شد.

$$F = \frac{1}{Error + \frac{Min_cost}{cost}} \qquad (۱۹)$$

تابع برازندگی در رابطه (۱۹) بهترین مدار را (با خروجی صحیح و کمترین هزینه) هدف قرار می‌دهد. برای حل این مشکل پارامتر Min_cost حذف‌شده و رابطه (۲۰) به‌دست می‌آید. در این معادله بیشینه کردن تابع برازندگی مدنظر است با توجه به اینکه مقدار یک هیچگاه به‌دست نمیآید (Cost هیچگاه برابر صفر نمی‌شود).

$$F = \frac{1}{Error + cost} \qquad (۲۰)$$

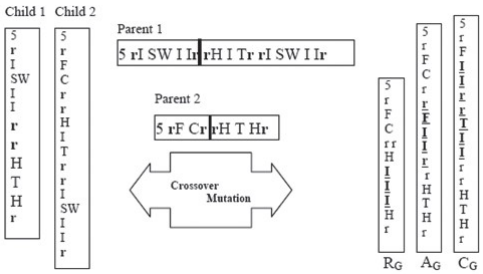
با توجه به عدم برابری مقیاس Error و Cost در رابطه از دو پارامتر α و β برای تنظیم این مقیاس و جدا کردن دو جزء هزینه و خطا استفاده شده است. بدین ترتیب تابع برازندگی نهایی با رابطه (۲۱) مشخص می‌شود و می‌توان آن را به‌وسیله دو پارامتر α و β به ترتیب به سمت مدار با خروجی صحیحتر و یا مدار با هزینه کمتر هدایت کرد.

$$F = \alpha\left(1 - \frac{Error}{Error_{error}}\right) + \beta\frac{1}{Cost} \qquad (۲۱)$$

۴-۲-۲-۴- عملگرهای ژنتیک

- **انتخاب**: به‌منظور انتخاب از عملگر مشهور چرخ رولت [۱۴] استفاده می‌گردد.
- **جهش**: نتیجه یک جهش، ۱- اضافه کردن یک گیت، ۲- جایگزین کردن یک گیت با گیت دیگر، ۳- حذف گیت می‌باشد. همه این عملیات به‌غیراز عمل جایگزینی، به‌سادگی می‌توانند انجام گیرند. به‌عنوان‌مثال گیت Hadamard نشان داده‌شده در شکل(۱۰) را در نظر بگیرید که می‌خواهد با یک گیت CNOT جایگزین شود. در این مرحله توجه به این نکته ضروری است که تعداد خطوط بلوک باید به‌اندازه تعداد خطوط مدار حفظ شود و بنابراین بلوک جدیدی در این مرحله باید ایجاد شود. در مورد حذف گیت کافی است خطوط درگیر در آن گیت را با سیم جایگزین کنیم و برای اضافه کردن یک گیت نیز کافی است بلوک جدیدی ایجاد کنیم. نتایج عملگرهای ژنتیک در شکل (۱۱) نشان داده شده است. در میانه دو والد قرار دارند که در سمت چپ آنها بچه‌های حاصل از جابه‌جایی دیده می‌شوند و در سمت راست نتایج حاصل از جهش (به ترتیب حذف گیت RG، اضافه کردن گیت AG و جایگزین کردن گیت CG) بر والد ۲ دیده می‌شود.
- **تقاطع**: برای بیشتر کردن سرعت جستجو، عملگر تقاطع تنها یک محدودیت دارد و این محدودیت آن است که دو نامزدی که برای

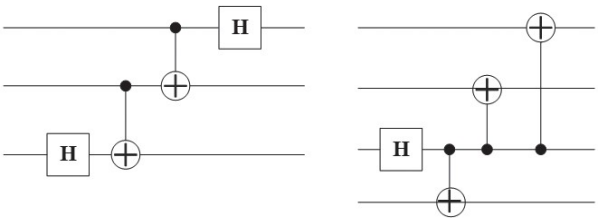
تقاطـع در نظر گرفته می‌شـوند باید تعداد خطوط یکسـانی داشـته باشند. این محدودیت عملیات تقاطع را ساده می‌کند به این دلیل که از حالت‌هایی که دو مدار در نقطه نامناسبی قطع می‌شوند جلوگیری می‌کند. بدین ترتیب برای هر مدار با تعداد خط بیشتر از یک، عملیات تقاطـع تنها بـرای بلوک‌های موازی انجام می‌شـود. این کار تضمین می‌کند که فرزندان تولیدشـده معتبر باشـند و نیـازی به الگوریتمی برای بازسـازی مدار نیست. در حالتی که افراد تنها یک خط در مدار دارند، عملیات تقاطع در نقطه‌ای تصادفی در کروموزوم اجرا می‌شود.



شکل ۱۱: نمایشی از کروموزوم‌ها و عملگرهای جهش و جابه‌جایی [۴]

۴-۲-۲-۵- ارزیابی

به‌عنـوان یکی از موارد ارزیابی، مدار مخابـره از راه دور در این روش سنتز گشته است. شکل (۱۲) مدارهای سنتز شده در سمت فرستنده (با اسـتفاده از پنج گیت) و گیرنده (با اسـتفاده از چهار گیت) توسط این روش را نشان می‌دهد.



الف) فرستنده **ب)گیرنده**

شکل ۱۲: مدار مخابره از راه دور. الف. فرستنده ب. گیرنده سنتز شده [۴]

۴-۲-۲-۶- جمع‌بندی

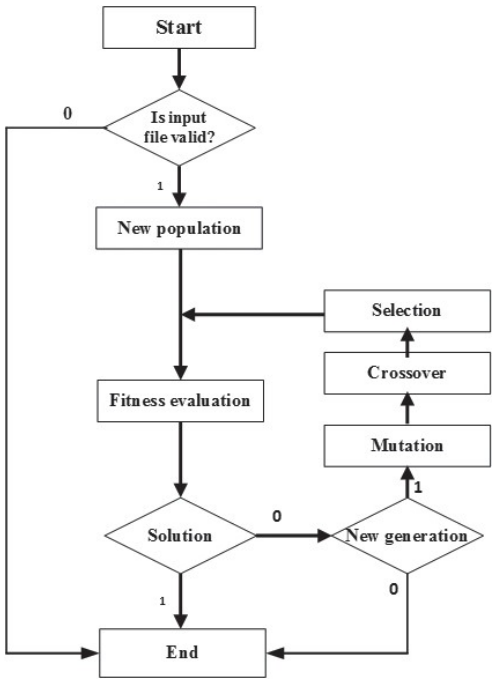
در ایـن مقاله یک روش خودکار برای سـنتز مدارهـای کوانتومی و معکوس‌پذیر ارایه‌شـده اسـت. به‌عنوان اشـکالات روش ارایه‌شـده، می‌تـوان گفت تابع برازندگی هم‌ارزی فاز دو ماتریس یکانی را در نظر نمی‌گیـرد. همچنین چون تابع برازندگی از جمـع دو مقدار مختلف (مربوط به صحت مدار و هزینه مدار) تشکیل‌شده، نمی‌توان تشخیص داد در چه زمان مدار ارایه‌شـده به درستی یک پاسخ صحیح را نشان می‌دهـد. همچنین ارزیابی‌های اعلام‌شـده برای سـنتز مدارهایی با حداکثر سـه کیوبیت اسـت، بنابراین به نظر می‌رسد روش ارایه شده مقیاس‌پذیر نیست.

۴-۲-۳- طراحـی خـودکار مدارهـای کوانتومـی بـا اسـتفاده از الگوریتم‌های ژنتیک

در [۱۹] روشـی خودکار برای سـنتز مدارهای کوانتومی با اسـتفاده از الگوریتم‌های ژنتیک ارایه‌شـده اسـت که یکی از مقالات مستخرج از رسـاله دکترای[۲۰] نویسـنده اول است. در ادامه مروری بر روش ارایه‌شده خواهیم داشت.

۴-۲-۳-۱- ساختار کلی الگوریتم ژنتیک

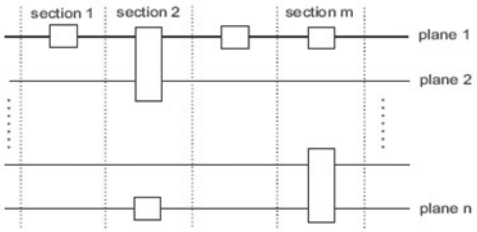
شکل (۱۳)، ساختار کلی الگوریتم ژنتیک استفاده‌شده در [۱۹] نشان می‌دهد.



شکل ۱۳: فلوچارت الگوریتم ژنتیک [۱۹]

۴-۲-۳-۲- نمایش مدار

در ایـن طرح مدار به دو بخش افقی و عمودی به ترتیب با عنوان‌های plane و section (شـکل ۱۴) برای نمایش مدار در الگوریتم ژنتیک، تقسیم می‌شـود. در این روش برای نمایش ماتریسی گیت‌ها با توجه تنوع گیت‌های استفاده‌شده، از روش لیست در یک لیست[۵۱] (به‌منظور اختصاص حافظه پویا) استفاده‌شده است.



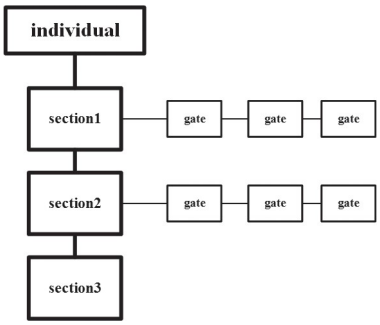
شکل ۱۴:نمایش یک مدار کوانتومی و تقسیمبندی آن باهدف کد کردن[۱۹]

بـرای کاهش زمان اجرای الگوریتم محاسـبه ضربهای تانسـوری در همـه sectionهای یک فرد به‌صورت موازی انجام می‌گیرد و سـپس ضرب‌های ماتریسی انجام می‌شود.

یک نمونه نحوه کد کردن مدار در شـکل (۱۵) نشان داده‌شده است. در ایـن نمایش هر فـرد حاوی یک یا بیشـتر section و هر section حاوی یک یا بیشـتر گیت خواهد بود. تعداد گیت‌ها با محاسبه تعداد کیوبیت‌های داده‌شده در ورودی مساله (با شمارش عناصر ماتریسی) تعریف می‌شود. تعداد sectionها سطح سنتز را مشخص می‌کند بدین ترتیـب که الگوریتم سـنتز با تعداد section زیـاد گیت‌های پایه و با تعداد section کم گیت‌های پیچیده‌تر را جستجو می‌کند.

۴-۲-۳-۳- تابع برازندگی

تابع برازندگی در این کار بر مبنای درصد شـباهت ماتریس خروجی با ماتریس اولیه یعنی مقایسـه عناصر متناظر ماتریسی در کروموزوم تولیدشـده با خروجی موردنظر تعریف می‌شود. به‌عنوان‌مثال اگر سه عنصر از چهارعنصر در کروموزوم با خروجی داده‌شـده یکی باشد تابع برازندگی برابر ۰٫۷۵ % خواهد شد.

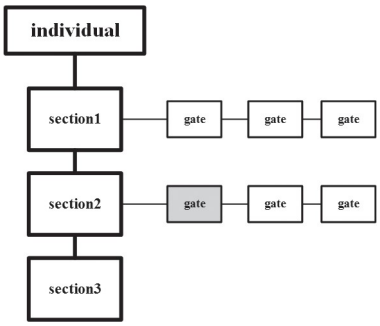


شکل ۱۵: کد کردن مدار کوانتومی برای استفاده در الگوریتم GA [۱۹]

۴-۲-۳-۴- اعمال ژنتیک

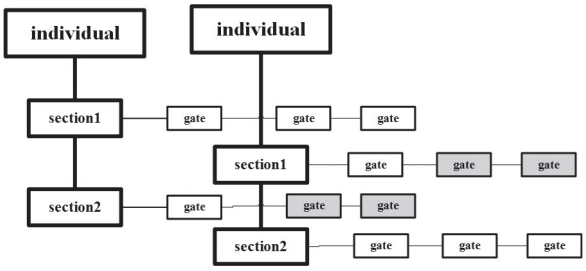
● **انتخاب**: برای انتخاب لازم است افرادی که در آن نسل همگرایی کمتری به پاسخ موردنظر داشته‌اند حذف شوند. در طرح پیشنهادی انتخاب متقابل استفاده‌شده بدین ترتیب که فردی که برازندگی آن کمتر از حد تعیین‌شده است از جمعیت حذف‌شده و فرد دیگری به‌طور تصادفی تولیدشده و به جمعیت اضافه می‌شود.

● **جهش**: در روش ارایه‌شده، به‌منظور انجام جهش، افراد به‌صورت تصادفی انتخاب می‌شوند؛ گیتی به‌صورت تصادفی برگزیده‌شده و جهش بر روی آن انجام می‌شود بدین ترتیب که با گیت دیگری جایگزین می‌شود. همه گیت‌ها در پایگاه داده ذخیره شده‌اند. با توجه به اینکه در روش در پیش‌گرفته شده انجام چند جهش امکانپذیر است، این موقعیت وجود دارد که بر روی یک فرد جهش دیگری نیز بر مبنای احتمالات تعریف‌شده صورت پذیرد. عمل جهش در شکل (۱۶) نشان داده شده است.



شکل ۱۶: عملیات جهش [۱۹]

● **تقاطع**: در طول روند تکامل از جابه‌جایی یک اشاره‌گر[۵۲] نشان داده‌شده در شکل (۱۷) استفاده‌شده است. دو والد به‌طور تصادفی با اشارهگری بر sectionهای خود انتخاب می‌شوند و از نقطه اشاره‌شده به بعد همه گیت‌ها با یکدیگر جابهجا می‌شوند. نتایج تقاطع برای بهبود برازندگی کروموزوم انتخاب‌شده استفاده می‌شود و امکان جستجوی فضای بیشتری را در مساله می‌دهد.



شکل۱۷: عملیات تقاطع [۱۹]

۴-۲-۳-۵- ارزیابی

به‌منظور ارزیابی، ماتریس تبدیل دو مدار دو کیوبیتی و سه کیوبیتی در نظر گرفته‌شده و مدارهای موردنظر سنتز شده‌اند. همچنین برای مدارهای با چند کیوبیت، یک سری آزمایشهایی صورت گرفته و نتایج با نتایج گزارش‌شده در [۴] مقایسه شده‌اند. جدول(۱) نتایج مقایسه را نشان می‌دهند.

جدول ۱: نتایج اجرا [۱۹]

تعداد ورودی‌ها در هر گیت کوانتومی	Pm	Pc	اندازه جمعیت	تعداد نسل‌ها	زمان اجرا (میانگین ۲۰ اجرا) طبق [۴]	زمان اجرا (میانگین ۲۰ اجرا)
یک ورودی یک ورودی	0.4 0.2	0.6 0.6	50 50	<50 50>	<30sec <60 sec	<0.1sec 0.1sec>
دو ورودی دو ورودی	0.6 0.2	0.4 0.4	50 50	<50 50>	<30sec sec 60>	<1 sec sec 1>
سه ورودی سه ورودی	0.6 0.2	0.6 0.6	50 50	<50 50>	<60 sec 180sec>	<3 sec sec 5>

۴-۲-۳-۶- جمع‌بندی

طبق نتایج گزارش‌شده، این روش، در زمان کوتاهی به جواب می‌رسد. به‌عنوان اشکالات روش ارایه‌شده، می‌توان گفت تابع برازندگی هم‌ارزی تنها در صورتی مقدار تمایز صفر برمی‌گرداند که دو ماتریس تولیدشده توسط مدار و ماتریس تبدیل داده‌شده به‌طور کامل یکسان باشند و هم‌ارزی فاز سراسری دو ماتریس یکانی را در نظر نمی‌گیرد. همچنین تابع برازندگی فوق، میزان شباهت به ماتریس تبدیل را در نظر نمی‌گیرد و تنها اشتراکات با آن را در محاسبه برازندگی محاسبه می‌کند. تابع برازندگی هزینه مدار کوانتومی را نیز در نظر نمی‌گیرد. گزارش‌های اعلام‌شده برای سنتز مدارهایی با حداکثر سه کیوبیت است، لذا به نظر می‌رسد روش ارایه‌شده مقیاسپذیر نیست.

۴-۲-۴- طراحی چندهدفه مدارهای کوانتومی با استفاده از برنامه‌نویسی ژنتیک[۵۳]

در [۲۶] از برنامه‌نویسی ژنتیک برای طراحی چندهدفه مدارهای کوانتومی استفاده می‌شود.

۴-۲-۴-۱- مشخصات برنامه‌نویسی ژنتیک

این مقاله، به‌منظور استفاده از GP برای طراحی مدار کوانتومی، به روشی نیاز دارد که مدارها را به‌عنوان کروموزوم‌ها معرفی کند. بااین‌حال، ازآنجاکه عملگرها (گیت) در مدارهای کوانتومی می‌تواند چندین ورودی داشته باشد، نمایش استاندارد به‌عنوان یک درخت (باینری) در اینجا به‌سختی قابل‌استفاده است. برخلاف مقاله [۲۷]، جایی که گره‌های داخلی ضرب را نشان می‌دهدو همه گره‌ها مربوط به گیت‌های فردی است، در این مقاله، بیشتر از درخت‌های منحط شده[۵۴] استفاده می‌کند که هر گره نمایانگر یک گیت جداگانه است و یک جانشین واحد دارد (به‌طوری‌که اندازه عمق درخت دست‌کم یکی کمتر از اندازه درخت باشد.)

در هر تکرار از الگوریتم، جمعیت جدید (جمعیت کودک) از جمعیت قبلی (جمعیت والدین) ایجاد می‌شود. همان‌طورکه در [۲۷]، افرادی که به‌عنوان والدین فعالیت می‌کنند بر اساس روش چرخ رولت[۵۵] انتخاب می‌شوند. (این روش طوری عمل می‌کند که انگار یک رولت با نشانگرهای تصادفی چرخانده شده است و هر نشانگر قسمتی از رولت را که مطابق با تعداد مورد انتظار فرزندان است، در خود جای‌داده است). درنتیجه، تعداد فرزندان مورد انتظار برای هر فرد بر اساس رتبه آن در جمعیت است، یعنی فردی که دارای آمادگی بالایی است. فرزندان بیشتری خواهند داشت.

به‌عنوان عملگرهای ژنتیکی، این مقاله به کار می‌گیرد:

● **عملگر جهش**: یعنی نخستین گیت‌های k از یک مدار والد گرفته‌شده و یک مدار به‌طور تصادفی تولید می‌شود.

● **عملگر تقاطع**: یعنی دو مدار پدر و مادر به دو قسمت تقسیم می‌شوند و قسمت اول یک مدار با قسمت دوم دیگر ترکیب می‌شود - دو فرزند حاصل می‌شود.

علاوه بر این، از مفهوم عمق حداکثر درخت پویا [۲۸] استفاده‌شده است. در این روش، محدودیتی پویا بر عمق درختان مجاز در جمعیت اعمال می‌شود. در ابتدا، یعنی هنگام تولید جمعیت اولیه، مقدار کمتری تعیین می‌شود اما هر زمان که برای اسکان یک فرد جدید لازم باشد، این مقدار افزایش می‌یابد. برای تولید جمعیت اولیه، از روش Half-and-Half Ramped استفاده می‌کند، یعنی نیمی از درختان دارای حداکثر عمق کامل هستند درحالی‌که درختان باقیمانده دارای عمق کوچک‌تر (به‌طور تصادفی انتخاب‌شده) هستند.

۴-۲-۴-۲- تابع برازندگی استفاده‌شده

به‌منظور بررسی برازندگی از یک کروموزوم، یعنی، شباهت آن با ماتریس یکانی معین منجر به طراحی مدار می‌شود، تابع برازندگی دومرحله‌ای به‌صورت زیر استفاده‌شده است. در ابتدا، شباهت ماتریس U^C از هر کروموزوم C با ماتریس یکانی هدف S (با ابعاد 2^n*2^n) به‌صورت زیر محاسبه می‌شود:

$$Fitness_1 C = penalty * \sum_{i,j=1}^{2^n} \left|U_{ij}^c - S_{ij}\right| \quad (۲۲)$$

همچنین دراین مرحله از مقدار استفاده می‌شود تا اهمیت بیشتری روی دقت راه‌حل‌ها بگذارد. البته، معادله (۲۲) هم‌ارزی فاز جهانی بین عملکرد هدف و مدار به‌دست‌آمده را در نظر نمی‌گیرد. به‌منظور ارزیابی این، مقاله محاسبه می‌کند:

$$\text{Correctness(C)} = \left|tr(S^{\dagger}U^c)\right| * 2^{-n} \quad (۲۳)$$

که در آن tr به معنی عملگر ردیابی[۵۶] است و $S^{\dagger}$ نشان‌دهنده ترانهاده مزدوج[۵۷]، یعنی ضرب معکوس S است. اگر S و U^C فقط با یک فاکتور فاز پیچیده متفاوت هستند، $S^{\dagger}U^c = \phi I$ برای برخی عددهای پیچیده ϕ با $|\phi| = 1$ است. درنتیجه $\left|tr(S^{\dagger}U^c)\right| = |2^n\phi|$، به‌طوری‌که رابطه (۲۳) در این مورد به ۱ ارزیابی می‌کند.

بنابراین، اگر معادله (۲۲)برابر با صفر یا معادله ۲ باشد یا معادله (۲۳) برابر با یک باشد، آنگاه کروموزوم عملکرد مطلوب را تشخیص می‌دهد و در مرحله بعدی سایر معیارهای بهینه‌سازی هزینه کوانتومی، عمق مدار و هزینه نزدیک‌ترین همسایه در نظر گرفته می‌شود:

$$Fitness_2 C = 1 + k_1 * QuantumCost(C) + k_2 * Gates(C) + k_3 * NNCost(C) \quad (۲۴)$$

در اینجا ضرایب k1، k2 و k3 با توجه به اهمیت متریک هزینه مربوطه می‌توانند مقادیر دلخواه بین صفر و یک داشته باشند. هنگامی‌که هزینه کوانتومی (QC) در ابتدا بر اساس تحقق محاسبات ازنظر کتابخانه گیت NCV (متشکل از گیت‌های NOT، CNOT و V- کنترل‌شده) محاسبه می‌شد و فقط برای مدارهای برگشت‌پذیر مناسب است، امروزه سایر معیارها برای مدارهای کوانتومی مهمتر شده‌اند، به‌عنوان‌مثال T -count یا T -depth. اینها بر اساس این فرض است که مدارهای در کتابخانه کلیفورد + T تحمل خطا[۵۸] تحقق می‌یابند که در آن هزینه بالای گیت‌های T بر هزینه کل اجرا حاکم است. در مقابل، تعداد گیت[۵۹] خالص (GC) (که به‌ظاهر از تحقق‌های مدار مرسوم الهام گرفته‌شده است) از اهمیت زیادی برای مدارهای کوانتومی برخوردار نیست زیرا زمان اجرای گیت‌های جداگانه می‌تواند تفاوت زیادی داشته باشد. هزینه نزدیک‌ترین همسایه این واقعیت را نشان می‌دهدکه عملیات چندکیوبیتی (به‌عنوان‌مثال یک CNOT) به‌طورمعمول فقط می‌تواند در کیوبیت‌های فیزیکی مجاور اعمال شود. چنین محدودیت‌های توپولوژیکی (به‌اصطلاح محدودیت‌های نزدیک‌ترین همسایه) درحال حاضر به‌طور کلی برای کلیه فناوری‌های مورد بررسی برای محاسبات کوانتومی اعمال شود.

۴-۲-۴-۳- ارزیابی

این روش با استفاده از نرم‌افزار متلب و جعبه‌ابزار GPLAB برای برنامه‌نویسی ژنتیکی که توسط سیلوا ایجاد شده است [۲۹]، پیاده‌سازی شده است. برای داشتن یک مبنای اولیه برای مقایسه، در این مقاله روش پیشنهادی خود را بر روی برخی مدارهای از ۳ تا ۵ کیوبیت اعمال کرده است. ضرایب k1، k2، k3 در رابطه (۲۴) به ترتیب، ۰,۸، ۰,۶ و ۰,۴ تنظیم‌شده‌اند تا بتواند تمرکز اصلی را بر هزینه کوانتومی بگذارد و درعین‌حال با در نظر گرفتن تعداد گیت و هزینه نزدیک‌ترین همسایه نیز به روشی معقول بپردازد. با تعداد جمعیت ۵۰ نفر شروع کرده و در صورت پیدا نشدن راه‌حل رضایت‌بخش، اندازه جمعیت را تا ۵۰۰ نفر افزایش داده است.

جدول ۲: ارزیابی اولیه[۲۶]

تابع محک	روش ارایه‌شده		[۳۰] روش		[۲۷]روش	
	QC	GC	QC	GC	QC	GC
3-17	10	3	12	6	11	5
4-49	26	9	28	14	28	12
Hwb5	80	30	80	38	102	24
nth_prime4_inc	24	8	26	14	26	11
nth_prime5_inc	82	24	91	29	96	28
4b15g_3	33	14	33	15	33	14

نتایج این مقاله با نتایج مربوطه از مقاله [۲۷] و کتابخانه معیار ماسلوف [۳۰] مقایسه شده است، اما این مقاله، برای همه معیارها نتایج بسیار مشابهی به دست آورده است. توجه داشته باشید که برای ایجاد یک مقایسه منصفانه، از یک پس پردازش[۶۰] برای شناسایی گروه‌های خاصی از گیت‌های CNOT دوکیوبیتی و گیت‌های CNOT یک کیوبیتی استفاده‌شده است که می‌تواند به‌عنوان یک گیت منفرد (به‌اصطلاح گیت‌های پرز[۶۱] شناخته می‌شود) و درنتیجه منجر به مقادیر کمی برای تعداد گیت و هزینه کوانتومی می‌شود. نتایج به‌روشنی نشان می‌دهدکه این روش پیشنهادی قادر به رقابت با کارهای قبلی است.

۴-۲-۴-۴- جمع‌بندی

در این مقاله، یک روش طراحی چندهدفه را برای مدارهای کوانتومی بر اساس برنامه‌نویسی ژنتیک پیشنهادشده است. برخلاف کار قبلی، تمرکز زیادی بر جنبه‌های مربوط به کوانتوم مانند هم‌ارزی فاز جهانی و معیارهای مناسب‌تر هزینه میگذارد که این امکان را می‌دهدکه محدودیت‌های فنآوری مانند محدودیت‌های نزدیک‌ترین همسایه در نظر گرفته شود. نوآوری دیگر این روش استفاده از عملکرد برازندگی دومرحله‌ای است که در مرحله نخست، صحت مدار ارزیابی می‌شود. سپس، معیارهای هزینه کوانتوم، عمق مدار، هزینه‌های نزدیک‌ترین همسایه در نظر گرفته‌شده‌اند. هرچند، در نتایج، تنها هزینه کوانتومی گزارش‌شده است و نتایجی از در نظر گرفتن اهدافی دیگر مانند عمق، هزینه همسایه مجاور و غیره گزارش نشده است و برای تعداد کیوبیت تا حداکثر ۵ کیوبیت نتایج گزارش شده‌اند که به نظر می‌رسد این روش فاقد امکان مقیاس‌پذیری است.

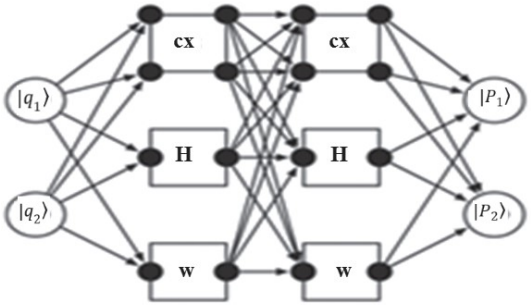
۴-۲-۵- طراحی خودکار مدارهای کوانتومی با استفاده از الگوریتم‌های ازدحام[۶۲]

در [۲۳] از برنامه‌نویسی مورچگان[۶۳] برای طراحی خودکار مدارهای کوانتومی استفاده می‌شود. در ادامه این روش مرور می‌شود.

۴-۲-۵-۱- برنامه‌نویسی مورچگان کوانتومی[۶۴]

در این نوع برنامه‌نویسی، مورچهها مسیرهایی را از داخل یک گراف انتخاب می‌کنند و تشکیل یک زیر گراف میدهند. این زیر گراف نمایشگر یک مدار کوانتومی است.

برای مثال، شکل (۱۸) یک گراف را نمایش می‌دهدکه از QAP برای اکتشاف استفاده می‌شود. یک مجموعه از مورچه‌ها از سمت چپ گراف شروع به حرکت می‌کنند و به سمت راست می‌روند. هر مورچه نمایشگر یک کیوبیت است و این مورچه‌ها با انتخاب یال‌های متناظر با سیمهای از مدار کوانتومی هستند، یک مدار را ایجاد می‌کنند. وقتیکه مورچه از یک گیت یک کیوبیتی عبور می‌کند کیوبیت مربوطه توسط آن گیت تغییر می‌کند. هنگامی‌که چندین مورچه از یک گیت nکیوبیتی عبور می‌کنند کیوبیت‌های مربوطه توسط آن گیت تغییر می‌کنند. اگر تعداد ناکافی مورچه از یک گیت nکیوبیتی عبور کنند، آنگاه پس هر مورچه را به‌صورت یک عبوری از یک سیم، در نظر گرفته می‌شود و گیت به‌طور مؤثر نادیده می‌شود.

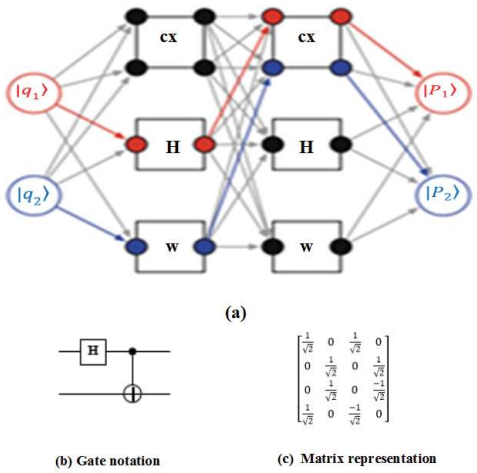


شکل ۱۸:یک مثال برای QAP (تولید مدار ۲ کیوبیتی با عمق بیشینه ۲) [۲۳]

تیمی از مورچه‌ها به‌طور اتحاد به سمت راست حرکت می‌کنند. مورچه اول مکان بعدی خود را انتخاب می‌کند و سپس مورچه دوم و غیره. هر دو مورچه نمی‌توانند از همان مکان بازدید کنند. این محدودیت تضمین می‌کند که مدار کوانتومی ساخته‌شده دارای تعداد ثابت کیوبیت می‌باشد. برای مقابله با محدودیت‌هایی که ممکن است در مسیرهای ایجادشده وجود داشته باشد، اولویتها به‌طور تصادفی قبل از تولید مدار به مورچه‌ها اختصاص داده می‌شوند که مورچه‌ها مکان بعدی خود را به ترتیب اولویت انتخاب می‌کنند. برخلاف رفتار سنتی مورچه‌ها، مورچه‌ها مقادیر فرمون[۶۵] را به اشتراک نمی‌گذارند: هر مورچه به‌طور مؤثر روی نمودار خود حرکت می‌کند. این بدان معناست که اگر مورچه‌ای از گره ناشناخته‌ای بازدید کند، نسبت به حرکاتی که مورچه دیگر در آن گره انجام می‌دهد، اعتراض نمی‌کند. دلیل این فرار از رویکرد سنتی این است که ازآنجاکه ممکن است هر مورچه (کیوبیت) عملکرد متفاوتی را انجام دهد، چنین تمایل به‌احتمال‌زیاد بی‌فایده است.

یک مثال از مدار تولیدشده و نمایش فضای هیلبرت آن، در شکل (۱۹) نشان داده است. این شکل مسیرهایی را نشان می‌دهدکه توسط یک جفت مورچه تولید یک مدار دو کیوبیتی برای اجرای ژنراتور Bell-Pair انجام می‌شود که نخستین مسیر کیوبیت به رنگ قرمز و مسیر کیوبیتی دوم به رنگ آبی ارایه می‌شود. یال‌های بلااستفاده به رنگ خاکستری است.

در هر تکرار، مدارهای مختلفی تولید و ارزیابی می‌شوند. قبل از انتقال به تکرار بعدی، به‌روزرسانی فرمون انجام می‌شود. این عمل به‌روزرسانی، یک دنباله فرمون بر روی تمام یال‌های قرارگرفته در مجموعه‌ی مسیرها، قرار می‌دهد.



شکل ۱۹: (a) مسیرهای انتخاب‌شده توسط مجموعه مورچه‌ها در شکل ۱۸-(b) مدار کوانتومی مربوطه شرح داده‌شده و (c) نمایش ماتریس راه‌حل. (شکل رنگی آنلاین) [۲۳]

فرمون P_e یک یال e به شرح زیر است:

$$p_e = p_e + \alpha . f \qquad (۲۵)$$

که در آن α نرخ یادگیری است و f تابع برازندگی مربوط به مجموعه‌ای از مسیرها است. مسیرهایی که واقعاً در به‌روزرسانی فرمون نقش دارند با توابع elitism وpseudo-elitism که در بخش بعدی شرح داده می‌شود، کنترل می‌شوند. به‌عنوان بخشی از به روزرسانی فرمون، سطوح فرمون در یال‌های استفاده‌نشده با استفاده از نرخ ناپدیدشدن کاهش می‌یابد. برای هر یال e، سطح فرمون به‌صورت زیر به‌روز می‌شود:

$$p_e = (1 - \epsilon).p_e \qquad (۲۶)$$

استراتژی MAX-MIN نیز با حداقل سطوح مختلف فرمون استفاده‌شده است. حداکثر سطح فرمون توسط پارامتر محدود می‌شود، و حداقل سطح فرمون مطابق فرمول تغییر می‌کند:

$$p_{min} = p_{mid} + p_{var}.\cos(\frac{i}{l}) \qquad (۲۷)$$

که در آن P_{mid}نقطه میانی است (وقتی $\cos(\frac{i}{l}) = 0$)، P_{var} حداکثر تغییرات منفی یا مثبت در است، i تکرار جاری است و l یک پارامتر است که با توجه به سرعت P_{min}، مطابق i تغییر می‌کند.

- **Elitism و Pseudo-elitism:** OAP از هر دو Elitism و Pseudo-elitism استفاده می‌کند. رویکرد elitist فرمون‌ها را در بهترین مسیرهای موجود اخیر را با نرخ یادگیری α قرار می‌دهد. همچنین با قرار دادن فرمون برای مجموعه مسیرهایی که از نظر مقدار برازندگی به مسیر elite نزدیک هستند، تغییر ایجاد می‌شود.

پارامتر Pseudo-elitism، β، توضیح می‌دهدکه چقدر باید مقدار برازندگی یک راه‌حل به بهترین راه‌حل موجود در مسیرهای مؤلفه آن با فرمون به‌روز شود. به‌طور خاص، اگر تابع برازندگی بهترین راه‌حل اخیر پیدا شده باشد، و f تابع برازندگی یک راه‌حل باشد، راه‌حل کاندید فقط به سطوح فرمون کمک می‌کند اگر:

$$f \geq f_{el} - \beta \qquad (۲۸)$$

● **گیت‌های کنترل:** این مقاله، یک مورد خاص را برای توابع قابل‌کنترل ایجاد می‌کند. اگر یک تابع n-کیوبیتی به نام f در مجموعه توابع F به‌عنوان تابع کنترل‌کننده ذکرشده باشد، آنگاه در ستون به‌عنوان یک گیت n + 1 کیوبیتی قرار دارد که یکی از ورودی‌های آن به‌طور خاص با کیوبیت کنترل مطابقت دارد. وقتی از تابع f و کیوبیت کنترل استفاده می‌شود، آنگاه به‌عنوان نسخه کنترل‌شده f استفاده می‌شود. بااین‌حال، اگر فقط از f استفاده شود، تابع f به‌صورت نرمال درنظرگرفته می‌شود، نه به‌صورت یکانی (یعنی اگر فرم کنترل شده f به‌صورت تابع خودش در نظر گرفته‌شده باشد).

● **پارامترها**

برنامه‌نویسی مورچگان کوانتومی دارای پارامترهای زیر می‌باشد:

- a: تعداد تیم‌های مورچگان (مدارها) در هر تکرار
- P_{mid}: نقطه میانی از تغییرات
- l: سرعت تغییرات باگذشت زمان
- P_{Max}: بیشینه سطح فرمون
- α:نرخ یادگیری
- ε:نرخ ناپدید شدن
- B: میزان برازندگی مدار می‌تواند از برازندگی راه‌حل elite برای واجد شرایط بودن Pseudo-elitism منحرف شود.

یک پارامتر اضافی، گراف واقعی است که برنامه‌نویسی مورچگان کوانتومی را بررسی می‌کند. برای یک مساله n-کیوبیتی با مجموعه توابع F داده‌شده، این مقاله، از ستون‌های به تعداد 10 *(n-1) استفاده می‌کند. ستون‌های انفرادی به‌گونه‌ای ساخته‌شده‌اند که هر تابع به همان اندازه که ممکن است استفاده شود اتفاق می‌افتد. در بدترین حالت برابر با n بار برای هر تابع است که هر تابع یک عملگر تک کیوبیتی است. ازاین‌رو، ستون‌های این روش حاوی O(|F| * n) گره است. با معرفی کردن گراف از این طریق، فضای جستجوی این روش با توجه به توانایی آن در توصیف مدارهای دلخواه بر روی تابعی که تا حداکثر عمق داده‌شده که توسط تعداد ستون‌ها تنظیم‌شده، کامل است.

۴-۲-۵-۲- برنامه‌نویسی کوانتومی تصادفی[۶۶]

این مقاله با یک مورد خاص از رویکرد خود مقایسه می‌کند که میزان یادگیری α به صفر تنظیم‌شده است. این قضیه تضمین می‌کند که هیچ یادگیری رخ نمی‌دهدو بنابراین هر مجموعه ممکن از مسیرها با احتمال یکنواخت در دسترس است. در این نمونه که از آن به‌عنوان برنامه‌نویسی کوانتومی تصادفی یاد می‌کند، بنابراین جستجوی تصادفی را در فضای مدارها انجام می‌دهد.

۴-۲-۵-۳-تابع برازندگی یک مدار کوانتومی: میانگین مربع وفاداری[۶۷]

برای هدایت هرگونه جستجوی فراشناختی در فضای مدارهای کوانتومی، اندازه‌گیری صحت[۶۸] لازم است. برای نقشه‌های واحد می‌توان از اندازه‌گیری وفاداری به‌عنوان یک مقدار عددی واقعی برای نزدیکی دو حالت کوانتومی استفاده کرد. برای دو ماتریس چگالی ρ و σ، تابع وفاداری به شرح زیر است:

$$\mathcal{F}(\rho,\sigma) = tr\sqrt{\rho^{1/2}\sigma\rho^{1/2}} \qquad (۲۹)$$

در این حالت، $\rho = |\psi\rangle\langle\psi|$ و $\sigma = |\phi\rangle\langle\phi|$ ماتریس‌های چگالی از حالت‌های بردار $|\psi\rangle$، $|\phi\rangle$ به ترتیب، هستند. جایی که $|\psi\rangle$ و $|\phi\rangle$ رفت وآمد دارند و در همان پایه مورب هستند. پس رابطه‌ی وفاداری می‌شود:

$$\mathcal{F}(\rho,\sigma) = \sqrt{\langle\psi|\phi\rangle\langle\phi|\psi\rangle} = \sqrt{|\langle\psi|\phi\rangle|^2} = |\langle\psi|\phi\rangle| = ||\psi\rangle^{\dagger}|\phi\rangle| \qquad (۳۰)$$

وقتی رابطه $\mathcal{F}(\rho,\sigma) = 1$ می‌باشد، تشخیص $|\psi\rangle$ و $|\phi\rangle$ در هر پایه ناممکن است. در زمینه برازندگی برای ماورای ریاضی، این مقاله یک تابع برازندگی مبتنی بر مثال،میانگین مربع وفاداری ≅ را طراحی کرده است.

مدارها در برابر مجموعه‌ی داده (X,Y) که متشکل از مجموعه‌ای از n ورودی $X = \{|X_1\rangle|X_2\rangle \dots |X_n\rangle\}$ و n خروجی $Y = \{|Y_1\rangle|Y_2\rangle \dots |Y_n\rangle\}$ هدف متناظر است، یاد می‌گیرند. فرض کنید A یک ماتریس به نمایندگی از مقداری مدارها در برابر مجموعه‌ی داده (X,Y) باشد، آنگاه میانگین مربع وفاداری به‌صورت زیر تعریف می‌شود:

$$MSF(A,X,Y) = \frac{\sum_{i=1}^{|X|} F(|y_i\rangle, A|x_i\rangle)^2}{|X|} \qquad (۳۱)$$

حاصل میانگین مربع وفاداری بین خروجی هدف و خروجی‌های تولیدشده توسط مدار می‌باشد. خاصیت جذاب از وفاداری به‌عنوان معیاری از درستی، این است که فاز را به‌طور موثر نادیده می‌گیرد؛ مرحله جهانی می‌تواند به‌صورت جزئی اصلاح شود اما نادیده گرفتن این واقعیت، معیار گمراه‌کننده برازندگی است. به‌عنوان‌مثال، معیار برازندگی به‌صورت زیر در نظر می‌گیرد:

$$f(A,X,Y) = \sum_{i=1}^{|X|} || \, |y_i\rangle - A|x_i\rangle \, || \qquad (۳۲)$$

مقدار یک ورودی و خروجی را در نظر بگیرید: $|x_1\rangle = [1\ 0]^T$ و $|y_1\rangle = [0\ 1]^T$ آنگاه مدار داوطلب A یک راه حل $A|x_0\rangle = [0\ \ -1]^T$ را تولید می‌کند.

$$A|x_0\rangle = -1|y_0\rangle \qquad (۳۳)$$

به‌طور تجربی، آنها تا فاز غیرقابل‌کنترل باهم یکسان هستند. به‌عنوان نتیجه، A باید یک نمره مناسبی برای تابع برازندگی دارد. بدترین حالت تابع برازندگی به‌صورت زیر است:

$$f(A,\{|x_1|\},\{|y_1|\}) = || \ [0\ 2]^T \ || \ = 2 \qquad (۳۴)$$

در مقابل MSF نشان می‌دهدکه ماتریس A یک راه‌حل مناسبی است.

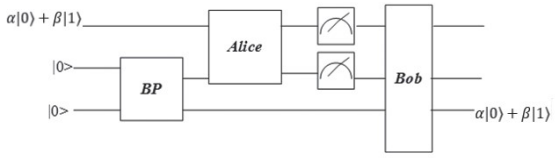
$$MSF(A,\{|x_1|\},\{|y_1|\}) = \frac{F(|y_i\rangle, A|x_i\rangle)^2}{1} = 1 \qquad (۳۵)$$

۴-۲-۵-۴-آزمایش‌ها

در این بخش، ارزیابی تجربی رویکرد پیشنهادی این مقاله در مجموعه معیار را که در جدول(۳) ذکر شده است، توصیف می‌شوند. برای هر مساله معیار، هر الگوریتم جستجو را ۱۰۰ بار اجرا می‌کند، به آنها امکان می‌دهدتا ۱۰۰۰۰۰۰ ارزیابی‌های مدار را انجام دهند یا زمانی که یک راه‌حل صحیح پیدا شود. یک راه‌حل صحیح ≅، راه‌حلی است که دارای تابع برازندگی بزرگ‌تر مساوی ۰,۹۸ است. برای هر اجرای مستقل بهترین راه‌حل کشف‌شده را ضبط می‌کند.

پارامترهای استفاده برای QAP عبارت‌اند: a=50، $p_{mid} = \frac{0.3}{q^3}$، l=50، P_{max}=10.0، $p_{var} = \frac{0.3}{q^3}$، $\alpha = 1.0$ و $\epsilon = 0.1$ و q تعداد کیوبیت‌هایی در این مساله شرکت دارند. در این مقاله از این مقادیر برای الگوریتم R-QAP، به‌جز $\alpha = 0$، استفاده کرده است. برای مساله TP، از اجزای BP، Bob و Alice به‌عنوان گراف‌های مجزا برای سطح فرمون خودشان، استفاده می‌کند(شکل ۲۰). برای تولید مدار نامزد، هر سه گراف به‌طور همزمان نمونه‌برداری می‌شوند و هر سه زیر مدار

تولیدشـده مقادیر برازندگی‌شان را به اشتراک می‌گذارند. چون BP و آلیس مدارهای دوکیوبیتی هستند، وقتی‌که باب یک مدار ۳-کیوبیتی اسـت، گراف‌های متناظرشـان دارای تعداد مختلف سـطر، ستون و



شکل ۲۰: یک مدار teleportation مختصر[۲۳]

جدول ۳: مسایل معیار برای الگوریتم‌های فرا ابتکاری[۶۹] سنتز مدارهای کوانتومی[۲۳]

مساله	توصیف	تابع ارزیابی
BP	Bell-Pair Generator	MSF
QFT-2	2-Qubit Quantum Fourier Transformation	MSF
QFT-3	3-Qubit Quantum Fourier Transformation	MSF
QFT-4	4-Qubit Quantum Fourier Transformation	MSF
GDO-2	2-Qubit Grover's Diffusion Operator	MSF
GDO-3	3-Qubit Grover's Diffusion Operator	MSF
GDO-4	4-Qubit Grover's Diffusion Operator	MSF
TP	Teleporatation Circuit	MSFTP

سـطوح p_{min} متفاوت اسـت. علاوه براین، ازآنجاکه مشکل TP بسیار عمیقتر از سـایر مشـکلات ۳-کیوبیتی با توجه به تعداد کل ستون‌ها (۴۰ در مقابل ۲۰) است، این مقاله هر دو نوع p_{mid} و p_{var} را به $\frac{0.3}{q^3}$ تغییر می‌دهد تا به‌طور متناوب سطح اکتشاف را کاهش دهد.

۴-۲-۵-۵- نتایج

نتایـج در جـدول (۴) نشـان داده شـده اسـت. ایـن مقالـه نـرخ موفقیت[۷۰] (SR)، میانگین برازندگی[۷۱] (MF)، بهترین برازندگی[۷۲] (BF) و نرخ میان چارکی[۷۳] در برازندگی (IQR) را لیست می‌کند و همچنین اختلافـات آمـاری بین نتایـج را با اسـتفاده از آزمـون tailed-two

جدول ۴: نتایج اجرای الگوریتم بر روی مسایل مختلف [۲۳]

Problem	QAP			R-QAP			P	A
	SR	MF(BF)	IQR	SR	MF(BF)	IQR		
BP	100%	1.0(1.0)	0.0	100%	1.0(1.0)	0.0	1.0	-
QFT-2	100%	1.0(1.0)	0.0	55%	1.0(1.0)	0.07	10-14	0.73
QFT-3	68%	1.0(1.0)	0.06	0%	0.69(0.81)	0.05	10-35	1.0
QFT-4	2%	0.84(0.98)	0.07	0%	0.37(0.48)	0.05	10-34	1.0
GDO-2	100%	1.0(1.0)	0.0	99%	1.0(1.0)	0.0	0.32	-
GDO-3	0%	0.67(0.85)	0.06	0%	0.67(0.68)	0.05	10-32	0.96
GDO-4	0%	0.9(0.9)	0.0	0%	0.57(0.77)	0.11	10-38	1.0
TOF	9%	1.0(1.0)	0.06	0%	0.63(0.69)	0.04	10-34	1.0
TP	57%	1.0(1.0)	0.18	0%	0.63(0.81)	0.04	10-35	1.0

جدول ۵ : مقایسه بین انواع روش‌های ارایه‌شده برای سنتز مدارهای کوانتومی

مرجع	سال انتشار	نوع الگوریتم	تعداد کیوبیت	معیارهای اندازه‌گیری	نکته قابل‌توجه
[۱۷]	۱۹۹۹	الگوریتم ژنتیک با کروموزوم‌های با طول متغیر	۳	احتمال حضور مدار با رتبه بهتر	تابع برازندگی هم‌ارزی فاز دو ماتریس یکانی را در نظر نمی‌گیرد
[۴، ۱۸]	۲۰۰۳، ۲۰۰۴	الگوریتم ژنتیک با کروموزوم‌هایی که به بلوک‌های موازی تقسیم‌شده‌اند	۳	هزینه مدار و هزینه خطا	تابع برازندگی هم‌ارزی فاز دو ماتریس یکانی را در نظر نمی‌گیرد
[۱۹، ۲۰]	۲۰۰۷، ۲۰۰۹	الگوریتم ژنتیک با تابع برازندگی دومرحله‌ای	۳	زمان اجرا	تابع برازندگی هم‌ارزی فاز سراسری دو ماتریس یکانی و میزان شباهت به ماتریس تبدیل را در نظر نمی‌گیرد.
[۳۳]	۲۰۱۱	الگوریتم ژنتیک موازی	۳	هزینه مدار کوانتومی و اندازه ماتریس‌ها	ماتریس کوانتومی سه‌تایی را هم بررسی می‌کند ولی تابع برازندگی هم‌ارزی فاز دو ماتریس یکانی را در نظر نمی‌گیرد.
[۳۱]	۲۰۱۴	الگوریتم ژنتیک الهام گرفته از [۳۲] برای طراحی چندهدفه مدارهای کوانتومی	۲ تا ۵	هزینه مدار کوانتومی، هزینه نزدیک‌ترین همسایه و عمق مدار	استفاده از تابع برازندگی دومرحله‌ای، در نظر گرفتن هم‌ارزی فاز سراسری عدم گزارش معیارهای عمق و نزدیک‌ترین همسایه
[۲۶]	۲۰۱۸	برنامه‌نویسی ژنتیک برای طراحی چندهدفه مدارهای کوانتومی	۳ تا ۵	تعداد گیت، هزینه نزدیک‌ترین همسایه	استفاده از تابع برازندگی دومرحله‌ای عدم گزارش معیارهای عمق و نزدیک‌ترین همسایه
[۲۳]	۲۰۱۹	برنامه‌نویسی مورچگان کوانتومی	۴	نرخ موفقیت، میانگین برازندگی، بهترین برازندگی و نرخ میان چارکی	استفاده از تابع برازندگی میانگین مربع وفاداری

U Whitney-Mann [۲۴] آزمایش می‌کند و در آنجا که تفاوت‌های معنیداری یافت می‌شود، برای تعیین سایز اثر از یک آزمون Vargha-A Delaney [۲۵] استفاده می‌کند.

۴-۲-۵-۶- جمع‌بندی

برنامه‌نویسی مورچگان کوانتومی قادر به یافتن راه‌حل‌های صحیح برای همه مسایل به‌جز مسایل 3-GDO و 4-GDO بود. در مقابل، R-QAP فقط قادر به یافتن راه‌حل‌های صحیح برای مسایل ۲-کیوبیتی سادهتر بود. برای هر مسالهای به‌جز BP و 2-GDO (که هر دو الگوریتم تقریباً همیشه راه‌حل‌های صحیحی پیدا می‌کنند)، آزمون Mann-Whitney U در هنگام استفاده از نرخ یادگیری غیر صفر، پیشرفت آماری معنی‌داری را نشان می‌دهد($P<0.05$). نتایج این مقاله برای تعداد کیوبیت تا حداکثر ۴ کیوبیت نتایج گزارش‌شده‌اند که به نظر می‌رسد این روش فاقد امکان مقیاس‌پذیری است.

۵- جمع‌بندی و پیشنهادهایی برای کارهای آتی

در این مطالعه، ابتدا مقدمه‌ای بر محاسبات کوانتومی بیان شد. سپس، مقدمه‌ای بر الگوریتم‌های ژنتیک و الگوریتم ژنتیک ساده که توسط جان هلند ارایه‌شده، مطرح شد. بعد، مساله سنتز مدارهای کوانتومی موردبررسی قرار گرفت. هر ماتریس یکانی نمایش دهنده یک گیت کوانتومی است. سنتز مدارهای کوانتومی به فرایند تبدیل یک گیت کوانتومی به یک سری گیت‌های پایه اطلاق می‌شود و یک مساله سخت است. سپس روش‌های مختلف از الگوریتم‌های ژنتیک و یک روش از الگوریتم مورچگان در سنتز مدارهای کوانتومی در جدول ۵ بررسی شد. مشکلی که در تمام آن روش‌ها به نظر می‌رسد، گزارش نتایج برای تعداد کم کیوبیت و عدم مقیاس‌پذیری روش‌ها برای تعداد کیوبیت‌های بیشتر است.

به‌عنوان پیشنهاد به‌منظور افزایش مقیاس‌پذیری روش‌های تکاملی در حل مساله سنتز مدارهای کوانتومی، می‌توان این روش‌ها را با روش‌های کارا به‌منظور شبیه‌سازی مانند QuIDD [۲۱] ترکیب کرد. زیرا به‌منظور ارزیابی نامزدهای پاسخ، ناچار به شبیه‌سازی مدارهای کوانتومی هستیم.

علاوه بر مدل مداری، یک مدل دیگر و جدیدتر در حوزه محاسبات کوانتومی، محاسبات کوانتومی مبتنی بر اندازه‌گیری[۷۴] [۲۲] می‌باشد. این مدل امکان ذاتی موازی‌سازی کوانتومی بالاتری را نسبت به مدل مداری فراهم می‌کند. بر روی سنتز این مدل با استفاده از الگوریتم‌های تکاملی، تاکنون پژوهشی صورت نگرفته است. این امر نیز می‌تواند به‌عنوان یک زمینه تحقیقاتی مورد بررسی قرار گیرد.

پی‌نوشت‌ها

1 Feedback
2 Fan-out
3 Quantum Computation
4 Quantum Mechanic
5 Charles H. Benet
6 Paul A. Benioff
7 David Deustch
8 Richard P. Feyman
9 Moore's Law
10 Shor
11 Grover
12 Quantum Key Distribution
13 Quantum Teleportation
14 Dense Coding
15 Bra/Ket
16 Transpose Conjugate
17 Inner Product
18 Outer Product
19 Qubit
20 Superposition
21 Entanglement
22 Unitary
23 Identity
24 Bit Flip
25 Phase Flip
26 Hadamard
27 Phase rotation
28 Controlled-NOT
29 Genetic Algorithms
30 Evolutionary algorithms
31 John Holland
32 Adaption in Natural and Artificial
33 Evolutionary computing
34 Natural selection
35 Chromosome
36 Gene
37 Trait
38 Reproduction
39 Crossover
40 Parents
41 Mutation
42 Fitness
43 Viability
44 Fertility
45 Population
46 Individual
47 Generation
48 Tensor
49 Discrepancy
50 Local minimum
51 List-in-a-list
52 One-point
53 Multi-objective Synthesis of Quantum Circuits Using Genetic Programming
54 Degenerated trees
55 Roulette wheel method
56 Trace operator
57 Conjugate transpose
58 Fault-tolerant Clifford+T library
59 Gate count
60 post-processing
61 Peres gates
62 Swarm Algorithms
63 Ant programming
64 Quantum Ant Programming(QAP)
65 Pheromone
66 Randomized Quantum Ant Programming (R-QAP)
67 Mean Square Fidelity(MSF)
68 Correctness
69 Metaheuristics
70 Success rate
71 Median fitness
72 Best fitness
73 Inter-quartile range
74 Measurmen- based quantum computation

مراجع

[1] M. A. Nielsen and I. L. Chuang, "Quantum Computation and Quantum Information," Cambridge university press, 2001.
[2]G .Benenti ,G .Casati ,and G .Strini" ,Principles of Quantum Compuation and Information ",Basic concepts :World Scientific Publishing, vol. 1, 2004.
[3]M .Nakahara and T .Ohmi" ,Quantum Computing From Linear Algebra to Physical Realizations ",Taylor & Francis, 2008.
[4]M .Lukac ,M .Perkowski ,H .Goi ,M .Pivtoraiko ,C .H .Yu ,K .Chung ,H. Jee ,B .J .Kim ,and Y .D .Kim" ,Evolutionary Approach to Quantum and Reversible Circuit Synthesis ",in Artificial Intelligence Review. vol. 20, pp. 361-417, 2003.
[5]R .P .Feynman" ,Simulating Physics with Computers ",.International Journal of Theoretical Physics, vol. 21, pp. 467-488, 1982.
[6]D .Deutsch" ,Quantum Theory ,the Church-Turing Principle and the Universal Quantum Computer ",in Proceedings of the Royal Society London A, pp. 97-117, 1985.
[7]P .W .Shor" ,Algorithms for Quantum Computation :Discrete Logarithms and Factoring ",in Proceedings of the35 th Annual Symposium on Foundations of Computer Science, 1994.
[8]P .W .Shor" ,Polynomial-Time Algorithms for Prime Factorization and Discrete Logarithms on a Quantum Computer ",SIAM Journal on Scientic Computing, vol. 26, 1997.

ادامه در صفحه ۲۶

12 APS: Active pixel sensor
13 Four transistor APS
14 Exposure time
15 Source follower
16 DSP: Digital pixel sensor
17 Analog to digital converter
18 Pixel signal readout circuit
19 IC: Integrated circuit
20 Column- parallel architecture
21 FPN: Fixed pattern noise
22 Correlated double sampling
23 Single slope ADC
24 Fill factor
25 Dynamic range
26 Frame rate
27 Sensitivity
28 Saturation charge
29 Figure of meri

مراجع

[1] J .Nakamura, "Image Sensors and Signal Processing for Digital Still Cameras," Taylor & Francis, 2006.
[2] T. Kuroda, "Essential principles of image sensors," Boca Raton, Florida: CRC Press, 2015.
[3] S.M. Sze, "Semiconductor Devices: Physics and Technology," John Wiley & Sons, NewYork, 256, 1985.
[4] D. C. -Y. Li, V. C. Gaudet, A. Basu, "Test results of various CMOS image sensor pixels," Canadian Conference on Electrical and Computer Engineering, 2005.
[5] B. E. Bayer, "Color imaging array," US patent US3971065A, 1975.
[6] M. Teymouri, J. Sobhi, "A FHD 1080, 120 fps CMOS image sensor with two step SS-ADC," Analog Integr Circ Sig Process 99, 339–347, 2019.
[7] A. El Gamal and H. Eltoukhy, "CMOS image sensors," IEEE Circuits and Devices Magazine, vol. 21, no. 3, pp. 6-20, 2005.
[8] Y. Nitta et al., "High-Speed Digital Double Sampling with Analog CDS on Column Parallel ADC Architecture for Low-Noise Active Pixel Sensor," IEEE International Solid State Circuits Conference - Digest of Technical Papers, San Francisco, CA, 2006.
[9] J. Wei, X. Li, L. Sun and D. Li, "A 63.2μW 11-Bit Column Parallel Single-Slope ADC with Power Supply Noise Suppression for CMOS Image Sensors," IEEE International Symposium on Circuits and Systems (ISCAS), Sevilla, 2020.
[10] N. Cho, B. Song, K. Kim, J. Burm and S. Han, "A VGA CMOS Image Sensor with 11-bit column parallel single-slope ADCs," International SoC Design Conference, Seoul, 2010.
[11] G. Liu, N. Yu, H. Zhang and J. He, "A Fully Differential SAR/Single-Slope ADC for CMOS Imager Sensor," IEEE International Conference on Electron Devices and Solid-State Circuits (EDSSC), Xi'an, China, 2019.
[12] S. U. Ay, "Electrical property modelling of photodiode type CMOS active pixel sensor (APS)," 48th Midwest Symposium on Circuits and Systems, 2005.
[13] M. Teymouri, J. Sobhi, "An ultra-linear CMOS image sensor for a high-accuracy imaging system," Int J Circ Theor Appl. 2018.
[14] Y. Chae et al., "A 2.1 M Pixels, 120 Frame/s CMOS Image Sensor with Column-Parallel $\Delta\sum$ ADC Architecture," in IEEE Journal of Solid-State Circuits, vol. 46, no. 1, pp. 236-247, Jan. 2011.
[15] M. Shin and O. Kwon, "14-bit two-step successive approximation ADC with calibration circuit for high-resolution CMOS imagers," in Electronics Letters, vol. 47, no. 14, pp. 790-791, 7 July 2011.
[16] M. Fan, J. Ren, N. Li, et al., "A 1.8-V 11-bit 40-MS/s 21-mW pipelined ADC," Analog Integr Circ Sig Process, 2010.
[17] S. Lim, J. Lee, D. Kim and G. Han, "A High-Speed CMOS Image Sensor with Column-Parallel Two-Step Single-Slope ADCs," in IEEE Transactions on Electron Devices, vol. 56, no. 3, pp. 393-398, March 2009.
[18] Y. Oike et al., "8.3 M-Pixel 480-fps Global-Shutter CMOS Image Sensor with Gain-Adaptive Column ADCs and Chip-on-Chip Stacked Integration," IEEE Journal of Solid-State Circuits, vol. 52, no. 4, pp. 985-993, April 2017.
[19] H. Totsuka et al., "An APS-H-size 250Mpixel CMOS image sensor using column single-slope ADCs with dual-gain amplifiers," ISSCC Dig. Tech. Papers, Feb. 2016.
[20] T. Arai et al., "A 1.1μm 33Mpixel 240fps 3D-stacked CMOS image sensor with 3-stage cyclic-based analog-to digital converters," ISSCC Dig. Tech. Papers, Feb. 2016.
[21] T. Yasue et al., "A 14-bit, 33-Mpixel, 120-fps image sensor with DMOS capacitors in 90-nm/65-nm CMOS," Proc. Int. Image Sensor Workshop (IISW), Jun. 2015.
[22] R. Funatsu et al., "133Mpixel 60fps CMOS image sensor with 32-column shared high-speed column-parallel SAR ADCs," in ISSCC Dig. Tech. Papers, Feb. 2015.

***

ادامه از صفحه ۱۹

[9]L .K .Grover" ,A Fast Quantum Mechanical Algorithm for Database Search ",in Proceedings of the28 th Annual ACM Symposium on the Theory of Computing) STOC ,(pp.1996 ,212-219 .
[10] G .B .Charles .H Bennet" ,Quantum Cryptography :Public Key Distribution and Coin Tossing ",in Proceeding of IEEE International Conference on Computer System and Signal Processing New York, pp. 175-179, 1984.
[11] C .H .Bennett ,G .Brassard ,C .Crepeau ,R .Jozsa ,A .Peres ,and W .K .Wootters" ,Teleporting an Unknown Quantum State via Dual Classical and Einstein-Podolsky-Rosen Channels ",Physical Review Letters, vol. 70, pp. 1895-1899, 1993.
[12] C .H .Bennett and S .J .Wiesner" ,Communication via One -and Two-Particle Operators on Einstein Podolsky-Rosen states ",Physical Review Letters ,vol ,69 .pp ,2881-2884 .November.1992
[13] A .U .Khalid" ,FPGA Emulation of Quantum Circuits ".vol .MS thesis :McGill University.2005 ,
[14] J .H .Holland" ,Adaptations in natural and artificial systems ,"MIT press, 1975.
[15] D .E .Goldberg ",Genetic Algorithms in Search ,Optimisation and Machine Learning ",Reading ,MA Addison-Wesley, 1989.
[16] M .Mitchell" ,An introduction to Genetic Algorithms,"Cambridge, Massachusetts ,London ,England :The MIT Press, 1999.
[17] C .P .Williams and A .Gray" ,Automated Design of Quantum Circuits ",in Quantum Computing and Quantum Communications)QCQC ,(98' Springer-Verlag, pp. 113-125, 1999.
[18] M .Lukac ,M .Perkowski ,H .Goi ,M .Pivtoraiko ,C .H .Yu ,K .Chung ,H. Jee ,B .J .Kim ,and Y .D .Kim" ,.Evolutionary Approach to Quantum and Reversible Circuit Synthesis ",Artificial Intelligence Review, vol. 20, pp. 361-417, 2004.
[19] M .U .C .Ruican ,L .Prodan ,M .Vladutiu" ,Automatic synthesis for quantum circuits using genetic algorithms ",in ICANNGA07' International Conference on Adaptive and Natural Computing Algorithms ,LNCS) 4431 Springer-Verlag Berlin Heidelberg ,(Warsaw, Poland ,pp.2007 ,183–174 .
[20] C .Ruican" ,Developing Automatic Synthesis Methodologies For Quantum Circuits Using Genetic Algorithms ".vol .PhD thesis, Politehnica University of Timisoara ,Romania.2009 ,
[21] G .F .Viamontes ,M .Rajagopalan ,I .L .Markov ,and J .P .Hayes, "Gate-Level Simulation of Quantum Circuits ",in Asia South Pacific Design Automation Conference, pp. 295-301, 2003.
[22] R .Jozsa" ,An Introduction to Measurement Based Quantum Computation ",preprint availabele at http//:arxiv.org/abs/quant-ph.2005 ,.050812/
[23]T .Atkinson ,A .Karsa ,J .Drake ,and J .Swan" ,Quantum Program Synthesis :Swarm Algorithms and Benchmarks ",Springer Nature Switzerland AG 2019 L .Sekanina et al) .Eds :(.EuroGP ,2019 LNCS ,11451pp.2019 ,34–19 .
[24] H.B .Mann ,D.R .Whitney" ,On a test of whether one of two random variables is stochastically larger than the other ,"Ann .Math .Stat. ,(1)18pp.1947 ,60–50 .
[25]A .Vargha ,H.D .Delaney",A critique and improvement of the CL common language effect size statistics of McGraw and Wong .J. Educ",Behav .Stat ,(2)25 .pp.2000 ,132–101 .
[26]M .Sarvaghad-Moghaddam ,P .Niemann ,and R .Drechsler" ,Multi-objective Synthesis of Quantum Circuits Using Genetic Programming," Springer Nature Switzerland AG2018 , pp. 220-227,2018.
[27] M.Y.Abubakar, L.T. Jung, N. Zakaria, A.Younes, and A. Abdel-Aty,"Reversible circuit synthesis by genetic programming using dynamic gate libraries ",Quantum Inf .Process. 16(6), pp. 160, 2017.
[28] J.E. Baker,"Adaptive selection methods for genetic algorithms," International Conference on Genetic Algorithms, pp. 101–111, 1985.
[29] S. Silva, J. Almeida," Gplab-a genetic programming toolbox for matlab," Proceedings of the Nordic MATLAB Conference (NMC-2003), pp. 273–278, 2005.
[30] D .Maslov" ,Reversible logic synthesis benchmarks ",http//: webhome.cs.uvic.ca/dmaslov2018,/
[۳۱] بهاره رستمیان ملکی و مجید محمدی،"طراحی با استفاده از برنامه‌نویسی ژنتیک،" نوزدهمین کنفرانس ملی سالانه انجمن کامپیوتر ایران، دانشکده مهندسی کامپیوتر، دانشگاه شهید بهشتی، تهران، ۱۳-۱۵اسفندماه ۱۳۹۲، صفحه ۱۱۷۷-۱۱۸۲.
[32] J .R .Koza" ,Genetic programming :on the programming of computers by means of natural selection ,"MIT Press,1992.
[33] M. Lukac, M. Perkowski, & M.Kameyama, "Evolutionary quantum logic synthesis of Boolean reversible logic circuits embedded in ternary quantum space using heuristics," arXiv preprint arXiv:1107.3383, 2011.

***