

# 整数ナップザック問題における量子ビット表現に基づく 整数型遺伝子表現法を用いた Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm の探索性能評価

飯村 伊智郎<sup>†1</sup> 森山 賀文<sup>†2</sup> 中山 茂<sup>†3</sup>

本稿では、従来の量子ビット表現に基づく遺伝子表現法の適用範囲を広げるべく、その表現法を拡張し、量子ビット表現を用いても整数型の遺伝子表現を可能とする表現法を提案する。さらに、提案する整数型遺伝子表現法を QEA および QEAPS に実装し、整数ナップザック問題を対象とした計算機実験を通して、提案する遺伝子表現法を評価する。整数ナップザック問題を用いた計算機実験の結果、提案する遺伝子表現法を用いることで、従来の表現法よりも短時間で優れた準最適解を発見することができた。また、最適解探索に適した遺伝子表現法はアルゴリズムによって異なることが分かった。

## Search Performance Evaluation of Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm Using Integer Type Gene Coding Method Based on Quantum Bit Representation on Integer Knapsack Problem

ICHIRO IIMURA,<sup>†1</sup> YOSHIFUMI MORIYAMA<sup>†2</sup>  
and SHIGERU NAKAYAMA<sup>†3</sup>

In order to expand the coverage of the conventional binary type gene coding method based on the quantum bit representation, this paper proposes the novel gene coding method which can represent integer type gene even if the quantum bit representation is used, and clarifies its characteristics. In this paper, the proposed gene coding method is called the Integer Type Gene Coding Method with Plural Quantum Bits. From the experimental analysis in Integer Knapsack Problem, we have confirmed that the proposed gene coding method can discover quasi-optimal solution in shorter searching time compared with the conventional one, and that a suitable gene coding method for discovering the optimal solution is different depending on an algorithm used.

### 1. ま え が き

近年、量子力学的原理や量子ビットを模倣し、生物系モデルにヒントを得た従来の進化計算と融合させた新たな組合せ探索アルゴリズムが提案されている。その解法の一つとして、量子ビットを模倣した遺伝子表現を用い、確率振幅的な解探索を行う Quantum-inspired Evolutionary Algorithm (QEA) が、Han らによって提案されている<sup>1)\*1</sup>。従来の遺伝的アルゴリズム (Classical Genetic Algorithm: CGA) とは異なり、QEA では量子ビットを模倣した表現 (以下、“量子ビット表現” と呼ぶ) を遺伝子に用い、ユニタリ変換で進化を繰返すことで、CGA よりも少ない個体数で、より短時間で解を発見できることが、0-1 ナップザック問題 (0-1 Knapsack Problem: 0-1KP) を対象とした実験で確認されている。さらに筆者らは、QEA における移住処理を対交換 (Pair Swap) 処理に変えることで、QEA で調整が必要であったグループ数および大域的移住間隔の二つのパラメータを不要とした Quantum-inspired Evolutionary Algorithm based on Pair Swap (QEAPS) を提案し、0-1KP を用いた実験の結果、QEAPS は QEA と比較して、少ない個体数で早く最適解に到達できることを示した<sup>2),3)</sup>。しかしながら、これらの遺伝子表現ではバイナリ型の遺伝子のみしか扱うことができない点に課題が残る。

そこで本研究では、量子ビット表現の適用範囲を広げるべく、その表現法を拡張し、量子ビット表現を用いて整数型の遺伝子表現を可能とする表現法を提案する。さらに、提案する整数型遺伝子表現法を QEA および QEAPS に実装し、整数ナップザック問題 (Integer Knapsack Problem: IKP) を対象とした計算機実験を通して、提案する遺伝子表現法を評価する。

<sup>†1</sup> 熊本県立大学

Prefectural University of Kumamoto

<sup>†2</sup> 有明工業高等専門学校

Ariake National College of Technology

<sup>†3</sup> 鹿児島大学

Kagoshima University

\*1 QEA は従来の古典的コンピュータ上で動作する探索アルゴリズムであり、量子コンピュータ上で動作する量子アルゴリズムではない。“Quantum-inspired” という名称は量子アルゴリズムであるとの誤解を招きやすいため、注意いただきたい。

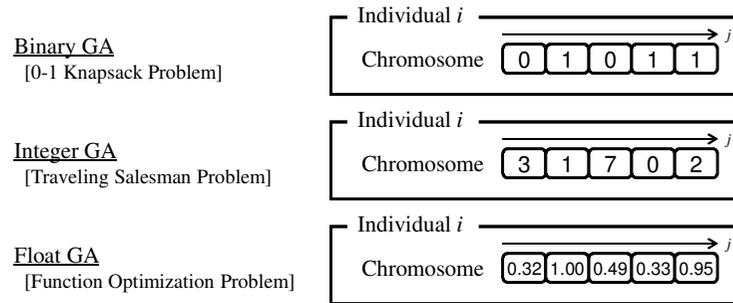


図 1 CGA における個体表現  
Fig. 1 Individual representation in CGA.

## 2. 遺伝子の量子ビット表現

図 1 に示すように、CGA では個体の遺伝子としてバイナリ値、整数値、実数値などの確定的な値が使用される。一方、QEA および QEAPS では、量子ビット表現が用いられる。一般的に、量子力学的原理に基づく量子ビット (Qubit) は、内積が定義された複素ベクトル空間での 2 次元列ベクトルで記述でき、次のような標準基底  $|0\rangle, |1\rangle$  を正規直交基底ベクトルとして使用する。

$$|0\rangle = \begin{bmatrix} 1 \\ 0 \end{bmatrix}, |1\rangle = \begin{bmatrix} 0 \\ 1 \end{bmatrix} \quad (1)$$

量子ビットは、複素確率振幅を係数とする二つのベクトル  $|0\rangle, |1\rangle$  を重ね合せ状態 (ベクトル和) として、同時に持つことができる。量子ビットにおける重ね合せ状態  $q$  は、Bloch 球を用いて表示され、以下のように表すことができる。

$$q = \alpha|0\rangle + \beta|1\rangle = \begin{bmatrix} \alpha \\ \beta \end{bmatrix} \quad (2)$$

$\alpha, \beta$  は、それぞれの状態が観測される複素確率振幅を表し、 $|\alpha|^2 + |\beta|^2 = 1$  に規格化される。 $|\alpha|^2$  は  $|0\rangle$  が観測される確率であり、 $|\beta|^2$  は  $|1\rangle$  が観測される確率となる。

図 2 は QEA および QEAPS における個体の遺伝子表現法を示したものである。QEA および QEAPS における個体  $i$  は量子ビットのテンソル積として表現される染色体  $q_i = q_{i1} \otimes q_{i2} \otimes \dots \otimes q_{im}$  と、探索過程で発見されたバイナリ列の最良解情報 (Best solution

QEA/OEAPS (Qubit rep.)  
[0-1 Knapsack Problem]

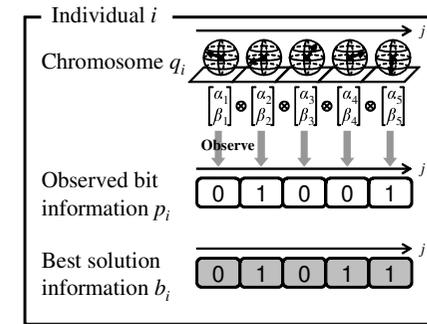


図 2 量子ビット表現に基づくバイナリ型遺伝子表現  
Fig. 2 Binary type gene based on qubit representation.

information)  $b_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{im}]$  から成る。ただし、 $m$  は一つの染色体に含まれる遺伝子数である。量子ビット表現では、量子ビットの観測結果として得られる  $|0\rangle, |1\rangle$  をそれぞれバイナリ値 0, 1 とみなし、ビット情報  $p_i$  を得る。

## 3. 複数量子ビット表現に基づく整数型遺伝子の表現法

CGA において整数型遺伝子を用いる場合、図 2 の整数型 GA のように、整数値を遺伝子として直接コーディングが可能であるが、Han ら<sup>1)</sup> や筆者ら<sup>2),3)</sup> の先行研究における量子ビット表現では、図 2 のように、その性質上、観測結果として得られる遺伝子は“0”または“1”のバイナリ値となり、そのままでは整数値を扱えない。そこで、筆者らは、一つの遺伝子座に対して量子ビットを複数個用いることで、観測結果として整数値を得ることに着目した。そのイメージを図 3 に示す。本研究では、個体  $i$  の一つの遺伝子座  $j$  に複数の量子ビット  $q_{ijk}$  ( $k = 1, \dots, S$ ) を割当て、観測結果である 0 と 1 の並び  $p_{ijk}$  ( $k = 1, \dots, S$ ) をグレイコードまたはバイナリコードと解釈することで、整数値  $z_{ij}$  にデコードする。例えば、図 3 の点線で囲まれたバイナリ値 100 をグレイコードと解釈した場合には整数値 7、バイナリコードと解釈した場合には整数値 4 とデコードされる。

## 4. 評価実験

### 4.1 対象問題

本研究では、一次元の IKP を対象として、提案する遺伝子表現法を評価する。荷物  $j$

QEA/QEAPS (Qubit rep.)  
[Integer Knapsack Problem]

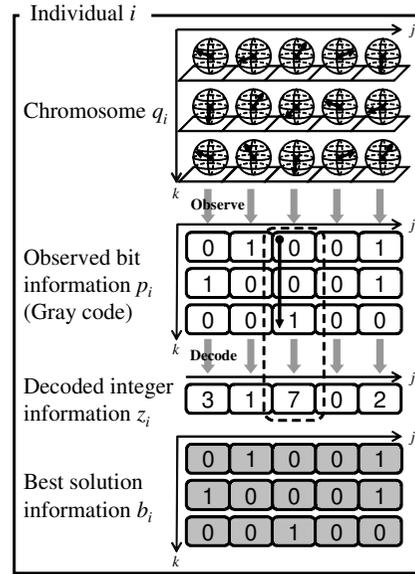


図3 複数量子ビット表現に基づく整数型遺伝子表現  
Fig. 3 Integer type gene based on qubit representation.

( $j = 1, \dots, N$ ) の重量および価値をそれぞれ  $a_j$  および  $c_j$ , 袋の許容重量を  $b > 0$  とすると, 「袋の許容重量内で価値を最大にする荷物を選ぶ」という IKP は, 次のように定式化される.

$$\max_{\{x_j\}} \sum_{j=1}^N c_j x_j, \quad \text{subject to} \quad \sum_{j=1}^N a_j x_j \leq b. \quad (3)$$

ただし, 決定変数  $x_j (\leq M)$  は荷物  $j$  を袋に入れる個数を表し,  $M$  は同種の荷物の上限数である. よって,  $S = \text{ceil}(\log_2(M + 1))$  となる.

評価実験に用いる IKP の問題インスタンスとしては, 荷物の重量と価値の相関に着目した以下に示す 3 種類のクラス<sup>4)</sup> を用いる. (i) Uncorrelated ( $C_u$ ): 荷物  $j$  の重量  $a_j$  と価値  $c_j$  を, それぞれ区間  $[1, v]$  の一様分布に従う乱数により決定する. (ii) Weakly correlated ( $C_w$ ): 重量  $a_j$  を区間  $[1, v]$  の一様分布に従う乱数により決定し, 価値  $c_j$  を区間  $[\max(a_j - r, 1), a_j + r]$  の一様分布に従う乱数により決定する. (iii) Strongly correlated ( $C_s$ ): 重量  $a_j$

表1 パラメータ構成  
Table 1 Parameter configuration.

Parameter names	Values used					
	QEA <sub>bin</sub>	QEAPS <sub>bin</sub>	QEA <sub>int</sub>	QEAPS <sub>int</sub>	QEA' <sub>int</sub>	QEAPS' <sub>int</sub>
Number of individuals	20, 40, 60, 80, 100					
Rotation angle ( $\theta_C$ ) [ $\times 10^{-3} \pi$ rad]	10	10	1	1	10, 7.5, 5.0, 2.5, 1	
Number of groups	5	-	5	-	5	-
Interval of GM	100	-	100	-	100	-

を区間  $[1, v]$  の一様分布に従う乱数により決定し, 価値  $c_j = a_j + r$  とする. ただし, 本実験で使用したパラメータ値は,  $v = 1,000$ ,  $r = 100$  とした.

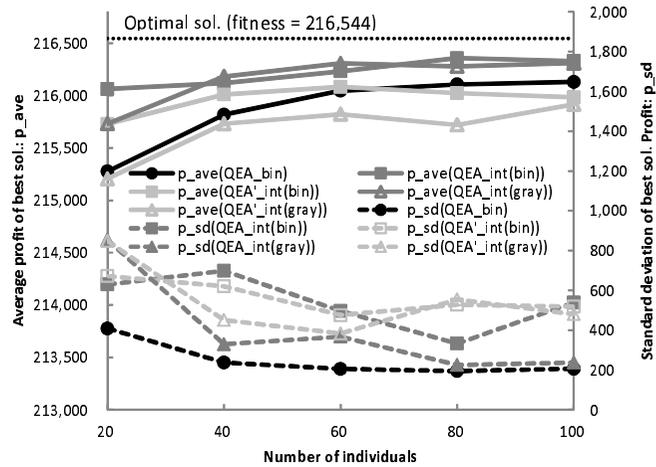
#### 4.2 比較する探索手法および実験条件

本研究では, 図3に示した提案する整数型遺伝子表現法を用い, ユニタリ変換時に使用する回転角度  $\theta_C$  を  $N \times S$  個全て等しくした QEA<sub>int</sub> および QEAPS<sub>int</sub>, デコード時の桁の重みに応じて回転角度  $\theta_C$  を変更した QEA'<sub>int</sub> および QEAPS'<sub>int</sub> を用いて実験を行った. さらにデコード方法に応じて, ビット情報  $p_i$  をグレイコードとして解釈した QEA (QEA<sub>int(gray)</sub>), QEAPS (QEAPS<sub>int(gray)</sub>), QEA' (QEA'<sub>int(gray)</sub>), QEAPS' (QEAPS'<sub>int(gray)</sub>), バイナリコードとして解釈した QEA (QEA<sub>int(bin)</sub>), QEAPS (QEAPS<sub>int(bin)</sub>), QEA' (QEA'<sub>int(bin)</sub>), QEAPS' (QEAPS'<sub>int(bin)</sub>) と区別した. また比較対象として, IKP を 0-1KP (0: 入れない, 1: 入れる) に帰着させて, 図2に示したバイナリ型遺伝子表現法を用いた QEA (QEA<sub>bin</sub>) および QEAPS (QEAPS<sub>bin</sub>) を用い, 合計十種の探索手法を評価の対象とした.

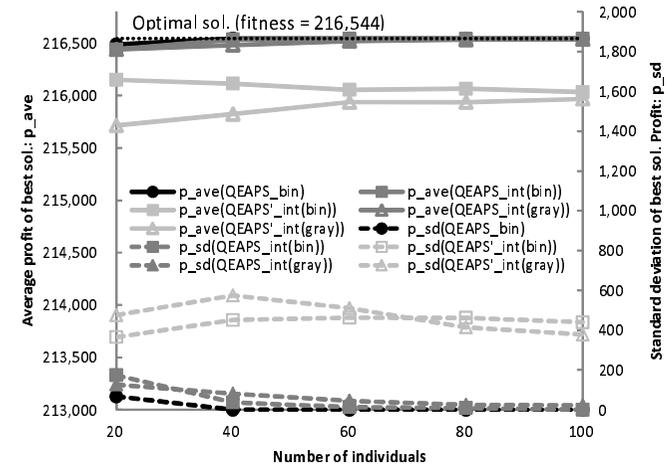
対象問題 IKP における荷物の種類  $N$  は 20 種類, 同種の荷物の上限数  $M$  は  $31 (= 2^5 - 1)$  個とした. つまり, この IKP を 0-1KP に帰着させた場合の荷物の個数は  $620 (= 20 \times 31)$  個に相当することになる. 整数型遺伝子表現法を用いた場合には, 荷物の種類  $N = 20$ , 一つの遺伝子座における量子ビット数  $S = 5$ , バイナリ型遺伝子表現法を用いた場合には, 0-1KP に帰着させるため,  $N = 620$ ,  $S = 1$  となる. なお, 制約違反対処法としては, 両アルゴリズム共に random repair を採用した.

ユニタリ変換時の回転角度  $\theta_C$  [rad] は, 予備実験<sup>\*1</sup> を行い, QEA<sub>bin</sub> と QEAPS<sub>bin</sub> については  $|\theta_C| = 0.01\pi$  [rad], QEA<sub>int</sub> と QEAPS<sub>int</sub> については  $|\theta_C| = 0.001\pi$  [rad]

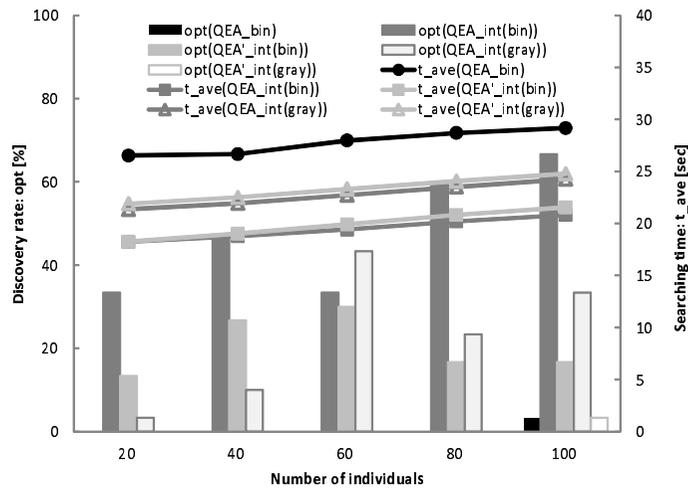
\*1 Han ら<sup>1)</sup> や筆者ら<sup>2),3)</sup> の先行研究の結果を踏まえ, 正負方向の回転角度は等しいものとして予備実験を行った.



(a)  $p_{ave}$  and  $p_{sd}$  in the case of  $C_u$



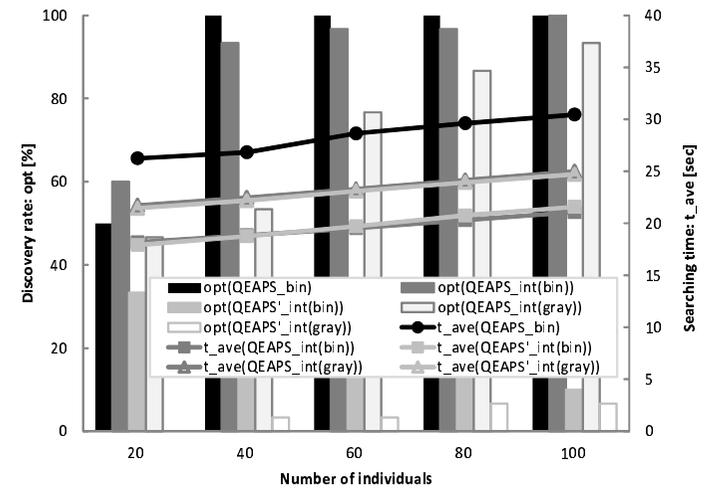
(a)  $p_{ave}$  and  $p_{sd}$  in the case of  $C_u$



(b)  $opt$  and  $t_{ave}$  in the case of  $C_u$

図 4 QEA における個体数に対する探索性能 ( $C_u$ )

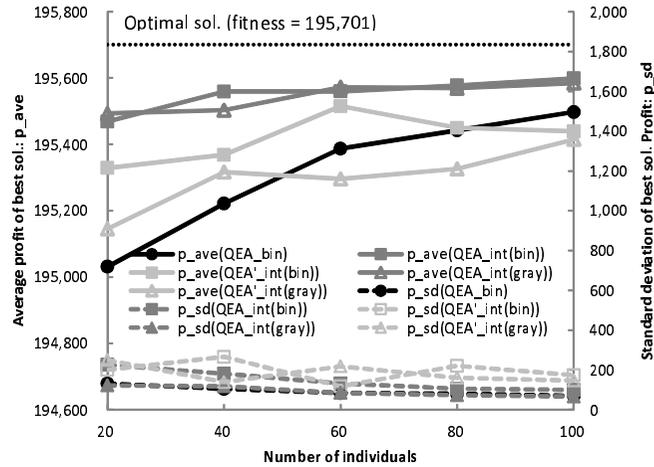
Fig. 4 Search performance as a function of the number of individuals in QEA ( $C_u$ ).



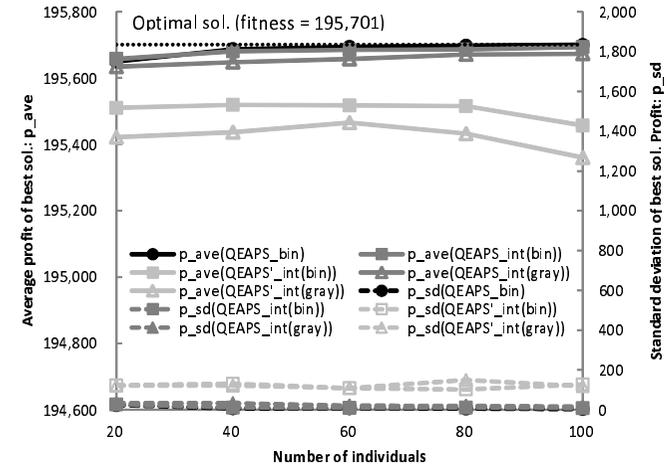
(b)  $opt$  and  $t_{ave}$  in the case of  $C_u$

図 5 QEAPS における個体数に対する探索性能 ( $C_u$ )

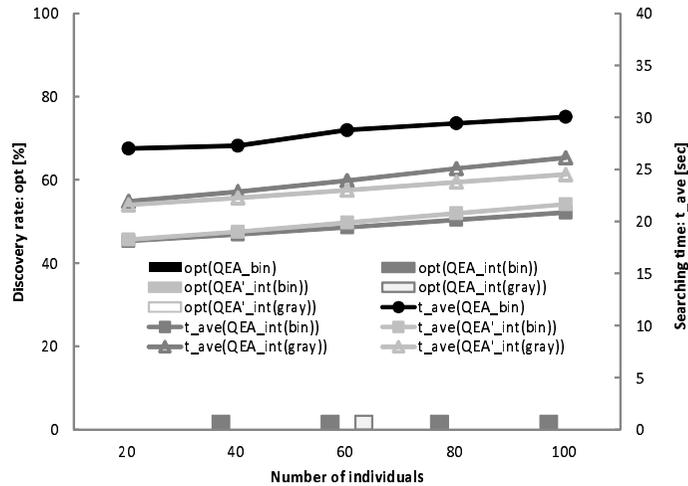
Fig. 5 Search performance as a function of the number of individuals in QEAPS ( $C_u$ ).



(a)  $p_{ave}$  and  $p_{sd}$  in the case of  $C_w$



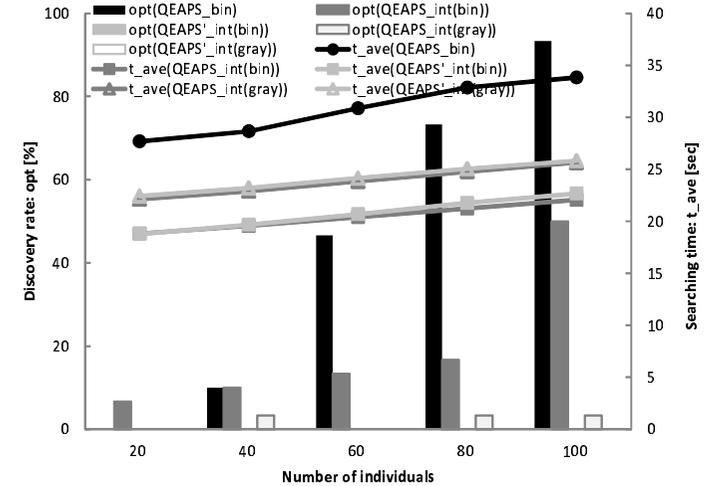
(a)  $p_{ave}$  and  $p_{sd}$  in the case of  $C_w$



(b)  $opt$  and  $t_{ave}$  in the case of  $C_w$

図 6 QEA における個体数に対する探索性能 ( $C_w$ )

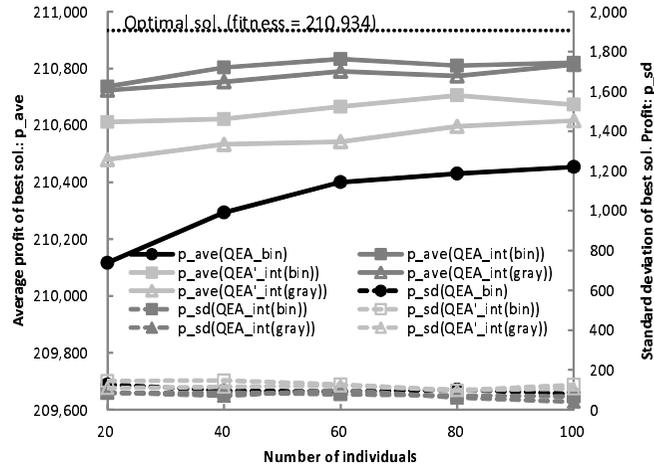
Fig. 6 Search performance as a function of the number of individuals in QEA ( $C_w$ ).



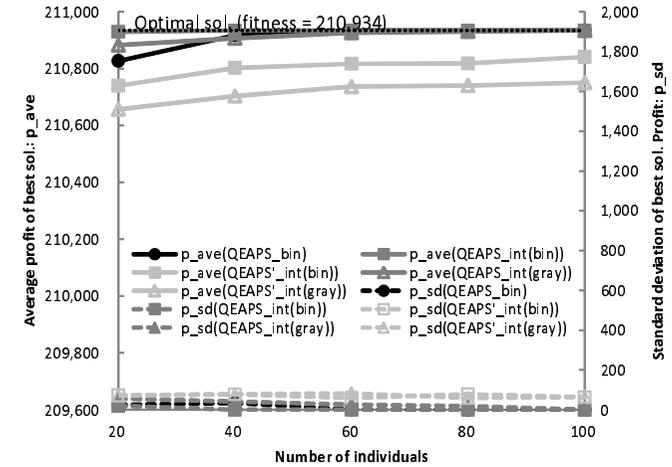
(b)  $opt$  and  $t_{ave}$  in the case of  $C_w$

図 7 QEAPS における個体数に対する探索性能 ( $C_w$ )

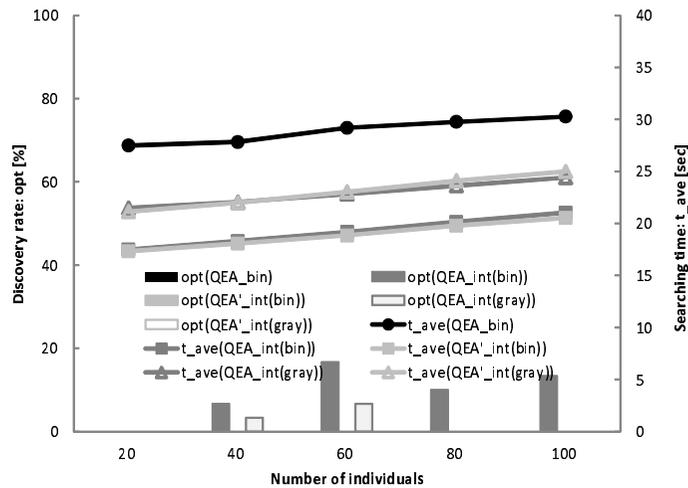
Fig. 7 Search performance as a function of the number of individuals in QEAPS ( $C_w$ ).



(a)  $p_{ave}$  and  $p_{sd}$  in the case of  $C_s$



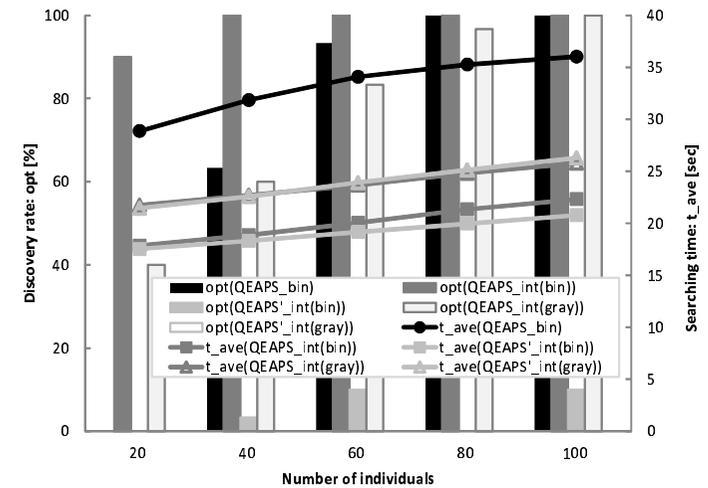
(a)  $p_{ave}$  and  $p_{sd}$  in the case of  $C_s$



(b)  $opt$  and  $t_{ave}$  in the case of  $C_s$

図 8 QEA における個体数に対する探索性能 ( $C_s$ )

Fig. 8 Search performance as a function of the number of individuals in QEA ( $C_s$ ).



(b)  $opt$  and  $t_{ave}$  in the case of  $C_s$

図 9 QEAPS における個体数に対する探索性能 ( $C_s$ )

Fig. 9 Search performance as a function of the number of individuals in QEAPS ( $C_s$ ).

に決定した。QEA<sub>int</sub>' と QEAPS<sub>int</sub>' については、予備実験の結果を踏まえ、桁の重みが小さいほど回転角度  $\theta_C$  による変化の幅が大きくなるよう、 $(|\theta_{C5}|, |\theta_{C4}|, |\theta_{C3}|, |\theta_{C2}|, |\theta_{C1}|) = (0.0010\pi, 0.0025\pi, 0.0050\pi, 0.0075\pi, 0.0100\pi)$ [rad] とした。QEA 特有のパラメータであるグループ数は 5 個、大域的移住 (Global migration: GM) 間隔は 100 世代とした。進化の終了条件としての適応度 (価値) 評価回数は 500,000 回とし、実験の試行回数を各条件あたり 30 回として、その平均値で探索性能を評価した。

#### 4.3 個体数に対する探索性能への影響

個体数を 20, 40, 60, 80, 100 と変化させ、個体数に対する探索性能への影響を評価した。図 4, 図 5 は、クラス  $C_u$  の IKP を用いた実験結果を示したものである。図 4(a) および図 5(a) は各試行で得られた最良解の平均値  $p_{ave}$  および最良解の標準偏差  $p_{sd}$  を示したものであり、図 4(b) および図 5(b) は各探索手法の最適解発見率  $opt$  および終了条件である適応度の評価回数分進化が終了するまでに要した探索時間  $t$ [sec] を示したものである。同様に、図 6, 図 7 は対象問題としてクラス  $C_w$  の IKP, 図 8, 図 9 はクラス  $C_s$  の IKP を用いた実験結果である。

まず、提案する整数型遺伝子表現法について、全ての回転角度を等しくした QEA<sub>int</sub> および QEAPS<sub>int</sub> と、回転角度を桁の重みにより変更した QEA<sub>int</sub>' , QEAPS<sub>int</sub>' とを比較する。図 4(a) から図 9(a) までの平均値  $p_{ave}$  を見ると、いずれの問題クラスにおいても、また整数値へのデコード方法に関わらず、QEA<sub>int</sub> および QEAPS<sub>int</sub> の方が QEA<sub>int</sub>' および QEAPS<sub>int</sub>' よりも優れていることが分かる。また、図 4(b) から図 9(b) より、最適解発見率  $opt$  の観点からも QEA<sub>int</sub> および QEAPS<sub>int</sub> の方が優れていることが分かる。

次に、整数型遺伝子表現法におけるデコード方法について検討する。図 4(a) から図 9(a) までの平均値  $p_{ave}$  について、 $t$  検定 (有意水準 5%) を行った結果、QEA<sub>int</sub> , QEAPS<sub>int</sub> , QEA<sub>int</sub>' , QEAPS<sub>int</sub>' いずれの探索アルゴリズムにおいても、バイナリコード解釈を用いた探索手法が、グレイコード解釈を用いた探索手法と同等あるいはそれ以上の解が得られることが分かった。また、図 4(b) から図 9(b) より、最適解発見率  $opt$  の観点からもバイナリコードとして解釈した方が有利であることが分かる。

提案する整数型遺伝子表現法を用いた QEA<sub>int</sub> および QEAPS<sub>int</sub> と従来のバイナリ型遺伝子表現法を用いた QEA<sub>bin</sub> および QEAPS<sub>bin</sub> とを比較する。図 4(a), 図 6(a), 図 8(a) の平均値  $p_{ave}$  を見ると、QEA は遺伝子表現法が異なるだけで探索性能に顕著な差が現れ、QEA についてはいずれの個体数においても、バイナリ型遺伝子表現法より整数型遺伝子表現法の方が適していることが分かる。一方、QEAPS では、図 5(a), 図 7(a) を見ると、

QEAPS<sub>int(bin)</sub> と QEAPS<sub>bin</sub> との平均値  $p_{ave}$  の差は僅少であるが、図 5(b), 図 7(b) の最適解発見率  $opt$  は、個体数が 40 以上の場合、QEAPS<sub>bin</sub> の方が優れていることが分かる。つまり、問題クラス  $C_u$  および  $C_w$  においては、整数型遺伝子表現法を用いることで質の良い最適解を探索できるが、最適解発見率  $opt$  の観点からは、バイナリ型遺伝子表現法の方が有利であることが分かる。一方、問題クラス  $C_s$  では、図 9(a) の平均値  $p_{ave}$  および図 9(b) の最適解発見率  $opt$  より、QEAPS<sub>int(bin)</sub> が最も適した遺伝子表現法であることが分かる。

図 4(b) から図 9(b) までの探索時間  $t_{ave}$  を見ると、いずれの探索手法においても、バイナリ型遺伝子表現よりも整数型遺伝子表現を用いた方が探索時間が短いことが分かる。これらの結果より、提案する整数型遺伝子表現法は短時間で最適解を発見可能な表現法であると言える。しかし、高精度な解の発見に適した遺伝子表現法は探索アルゴリズムによって異なり、QEA を用いる場合には整数型遺伝子表現法が適しているが、QEAPS を用いる場合には、IKP の問題クラスに応じてバイナリ型遺伝子表現法と整数型遺伝子表現法とを使い分ける必要があることが分かった。

なお、図 4(a) から図 9(a) までの標準偏差  $p_{sd}$  より、先行研究<sup>2),3)</sup> 同様、バイナリ型遺伝子表現法の場合も整数型遺伝子表現法の場合も、QEA よりも QEAPS の値の方がより小さいことが分かる。つまり、遺伝子表現法を変えても、QEAPS は QEA に比べ、安定した探索が可能であることを示していると言える。

## 5. む す び

量子ビット表現を用いても整数型の遺伝子表現を可能とする表現法を提案し、IKP を用いた計算機実験によりその特徴を明らかにした。今後は、対象問題の探索範囲を広げ、さらに他の組合せ最適化問題に適用することで、提案する量子ビット表現に基づく整数型遺伝子表現法の特徴を明らかにしていく。

謝辞 本研究は、科研費 (22500137) の助成を受けたものである。

## 参 考 文 献

- 1) K.-H. Han and J.-H. Kim: Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization, IEEE Trans. Evolutionary Computation, Vol. 6, No. 6, pp. 580-593 (2002).
- 2) S. Nakayama, T. Imabeppu, and S. Ono: Pair Swap Strategy in Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm, Genetic and Evolutionary Computation Confer-

ence (GECCO), Seattle, Washington, USA. (2006).

- 3) 中山茂, 今別府孝洋, 小野智司, 飯村伊智郎: 量子風進化的アルゴリズムにおける対交換戦略の検討, 信学論 D, Vol. J89-D, No. 9, pp. 2134–2139 (2006).
- 4) S. Martello and P. Toth: Knapsack Problems: Algorithms and Computer Implementations, John Wiley & Sons Inc, New York (1990).