

# 整数ナップザック問題を対象とした Quantum-Inspired Evolutionary Algorithmの基礎検討

## Basic Study on Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm for Integer Knapsack Problem

飯村 伊智郎<sup>†</sup>      森山 賀文<sup>‡</sup>      中山 茂<sup>§</sup>  
 Ichiro limura      Yoshifumi Moriyama      Shigeru Nakayama

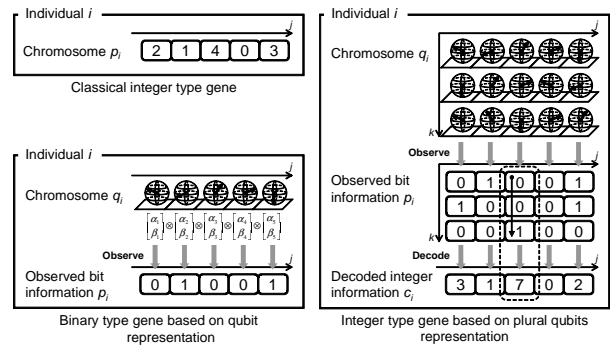
### 1. まえがき

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確率振幅的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た Quantum-inspired Evolutionary Algorithm (QEA) が、Hanらによって提案されている [1]。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 [2, 3]。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。

### 2. 提案する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 1(a) 上のように、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 [1] や筆者ら [2, 3] の先行研究における量子ビット表現では、図 1(a) 下のように、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”のバイナリとなり、そのままでは整数値を扱えない。そこで、筆者らは、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 1(b) に示す。つまり、一つの



(a) 従来の表現法      (b) 提案する表現法

図 1: 遺伝子の表現法

遺伝子座に複数の量子ビットを割当て、観測結果である 0 と 1 の並びをグレイコードと解釈することで、整数値にデコードする。例えば、図 1(b) の点線で囲まれたグレイコード 100 は、整数値 7 とデコードされる。

### 3. 評価実験

#### 3.1 対象問題および比較する探索手法

本研究では、一次元の整数ナップザック問題 (Integer Knapsack Problem: IKP) を対象として、提案する遺伝子表現法を評価する。荷物  $j$  ( $j = 1, \dots, N$ ) 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。

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

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。

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 [4] を用いる。(i) Uncorrelated ( $C_U$ ): 荷物  $j$  の重量  $a_j$  と価値  $c_j$  を、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  $a_j$  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。

なお本実験では、図 1(b) に示した提案する整数型遺伝子表現法を用いた QEA (QEA<sub>int</sub>) および QEAPS (QEAPS<sub>int</sub>) に加え、その比較対象として、IKP を 0-1KP (0: 入れない, 1: 入れる) に帰着させて、図 1(a)

<sup>†</sup>熊本県立大学, Prefectural University of Kumamoto

<sup>‡</sup>有明工業高等専門学校, Ariake National College of Technology

<sup>§</sup>鹿児島大学, Kagoshima University

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。

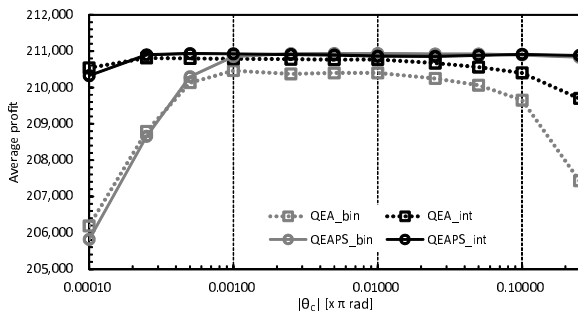


図 2: ユニタリ変換時の回転角度と平均価値との関係

下に示したバイナリ型遺伝子表現法を用いた QEA ( $QEA_{bin}$ ) および QEAPS ( $QEAPS_{bin}$ ) の合計 4 つの探索手法を評価の対象とした。

### 3.2 実験 1: ユニタリ変換時の最適な回転角度の決定

まずは, QEA および QEAPS でのユニタリ変換時の最適な回転角度  $\theta_C$  [rad] を決定する実験を行った。このとき, Han ら [1] や筆者ら [2, 3] 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た。4 つの探索手法に共通のパラメータである個体数は 60 個体, 進化の終了条件としての適応度評価回数は 500,000 回とし, ユニタリ変換での正負方向の回転角度は絶対値  $|\theta_C|$  [rad] を同じとし 11 種類を対象とした。QEA 特有のパラメータであるグループ数は 5 個, 大域的移住間隔は 100 世代とした。また, 対象問題のクラスは  $C_S$  とし, 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。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。実験の試行回数は, 各条件あたり 30 回とし, その平均値で探索性能を評価した。図 2 は, ユニタリ変換時の回転角度と平均価値との関係を示している。この結果から, 整数型遺伝子表現法を用いている  $QEA_{int}$  と  $QEAPS_{int}$  は, バイナリ型遺伝子表現法を用いている  $QEA_{bin}$  と  $QEAPS_{bin}$  に比べて, ユニタリ変換時の回転角度  $\theta_C$  に対してロバストであることが確認できる。最適な回転角度  $\theta_C$  については, 図 2 の結果に加え, 量子ビット表現された遺伝子における確率振幅 ( $\alpha, \beta$ ) の収束の様子や適応度 (得られた価値) の推移をもとに,  $QEA_{bin}$  と  $QEAPS_{bin}$  については  $0.01\pi$  [rad],  $QEA_{int}$  と  $QEAPS_{int}$  については  $0.001\pi$  [rad] に決定した<sup>||</sup>。

### 3.3 実験 2: 個体数に対する探索性能への影響

次に, 実験 1 で決定した回転角度  $\theta_C$  を用いて, 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。対象問題のクラスは  $C_U, C_W$ , そして  $C_S$  の 3 種類とし, その他の実験条件は実験 1 と同様とした。図 3 は, 対象問題の各クラスごとの個体数と平均価値との関係を示している。この結果から, 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

<sup>||</sup>0-1KP を対象とした Han ら [1] や筆者ら [2, 3] の先行研究でも,  $QEA_{bin}$  と  $QEAPS_{bin}$  では,  $0.01\pi$  [rad] が採用されている。

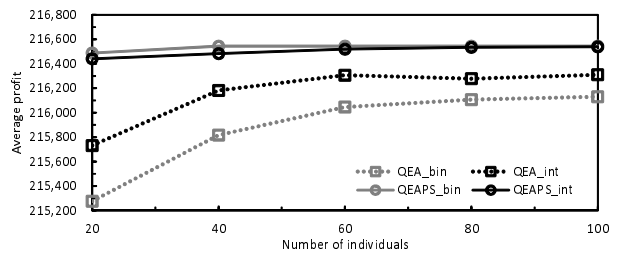
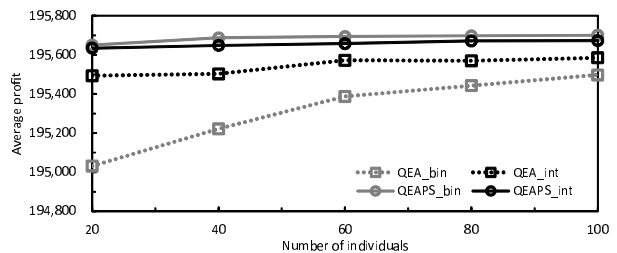
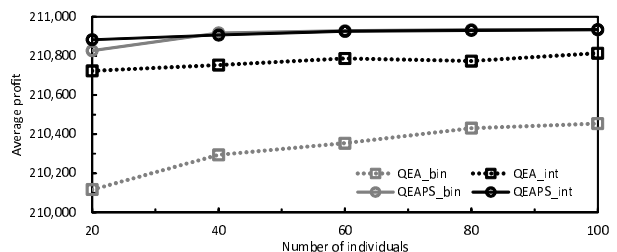
(a) Class of IKP instance:  $C_U$ (b) Class of IKP instance:  $C_W$ (c) Class of IKP instance:  $C_S$ 

図 3: IKP の各クラスごとの個体数と平均価値との関係

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,  $QEAPS_{int}$  と  $QEAPS_{bin}$  との探索性能の差は僅少である。このことは, QEAPS が遺伝子表現法に対してロバストな探索手法であることを示唆していると言える。

## 4. 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た。今後は, 提案した遺伝子表現法の特徴をより詳細に分析したい。

## 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 Conference (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).