

テクニカルノート

観測後ビット列の復号処理の違いによる 整数型遺伝子の量子ビット表現法に関する探索性能分析

飯村 伊智郎^{1,a)} 森山 賀文^{2,b)} 中山 茂^{3,c)}

受付日 2013年7月24日, 採録日 2013年11月1日

概要: Quantum-inspired Evolutionary Algorithm (QEA) や QEA based on Pair Swap (QEAPS) で用いられている量子ビット表現に基づく従来のバイナリ型遺伝子表現法の適用範囲を広げるべく, Iimura らの先行研究では, 1つの遺伝子座に対して複数の量子ビットを割り当て, 観測結果として整数値を得ることができる新たな整数型遺伝子表現法が提案されている. 本研究では, Iimura らの先行研究で取り扱われなかった, 観測後ビット列の復号処理の違いによる探索性能への影響を明らかにすべく, 計算機実験を行った. 実験の結果, QEA および QEAPS に Iimura らの整数型遺伝子表現法を用いる場合, 観測後ビット列の復号処理として, 観測後ビット列を正準グレイコードと見なして解釈するよりも純バイナリコードと見なして解釈する方がより適していることを明らかにした. さらに, 観測後ビット列を純バイナリコードと見なして解釈する整数型遺伝子表現法は, 従来のバイナリ型遺伝子表現法よりも優れていることを示した.

キーワード: 量子ビット (キュービット), 量子風進化的アルゴリズム (QEA), 対交換戦略, QEAPS, 整数ナップザック問題 (IKP)

Search Performance Analysis of Quantum Bit Representation Method for Integer-type Gene According to Difference in Decoding Process of Observed Bit Sequence

ICHIRO IIMURA^{1,a)} YOSHIFUMI MORIYAMA^{2,b)} SHIGERU NAKAYAMA^{3,c)}

Received: July 24, 2013, Accepted: November 1, 2013

Abstract: In order to expand the conventional binary-type gene-coding method based on the quantum bit representation which is used in Quantum-inspired Evolutionary Algorithm (QEA) and QEA based on Pair Swap (QEAPS), Iimura et al. have proposed a novel integer-type gene-coding method that can obtain an integer value as an observation result by assigning multiple qubits in a gene locus. In this study, we conducted the computer simulations for clarifying the influence on search performance according to difference in decoding process of an observed bit sequence which was not described in the previous study by Iimura et al. From the experimental results, we have clarified that interpreting an observed bit sequence by regarding as the pure binary code is more suitable than interpreting it by regarding as the canonical gray code, in the decoding process of an observed bit sequence. Furthermore, we have shown that the integer-type gene-coding method to interpret an observed bit sequence by regarding as the pure binary code is superior to the conventional binary-type gene-coding method.

Keywords: quantum bit (qubit), quantum-inspired evolutionary algorithm (QEA), pair-swap strategy, QEAPS, integer knapsack problem (IKP)

¹ 熊本県立大学
Prefectural University of Kumamoto, Kumamoto 862–8502, Japan
² 有明工業高等専門学校
Ariake National College of Technology, Omuta, Fukuoka 836–8585, Japan
³ 鹿児島大学
Kagoshima University, Kagoshima 890–0065, Japan

1. はじめに

近年, 量子力学的原理や量子ビット [1] を模倣し, 従来

a) iimura@pu-kumamoto.ac.jp
b) yosifumi@ariake-nct.ac.jp
c) shignaka@ibe.kagoshima-u.ac.jp

の進化計算と融合させた新たな探索アルゴリズムが提案されている [2], [3], [4], [5], [6], [7], [8], [9], [10]. その解法の1つとして、量子ビットを模倣した遺伝子表現を用いる Quantum-inspired Evolutionary Algorithm (QEA)^{*1}が、Han らによって提案されている [3], [4]. 従来の遺伝的アルゴリズム (Classical Genetic Algorithm: CGA) [11] とは異なり、QEA では量子ビットを模倣した遺伝子表現 (量子ビット表現) を遺伝子に使い、ユニタリ変換で進化を繰り返すことで、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) [12] を対象とした実験で確認されている. QEA には、Simulated Annealing [13] のような、大域的な探索から局所的な探索へと自動的に遷移する特徴がある. 中山らは、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2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解に到達できることを示した [6], [7].

一方、量子ビット表現を用いたこれらの手法では、量子ビットの観測結果として得られる値が0または1であるという性質上、バイナリ値を扱う組合せ最適化問題にしか適用できない点に課題があった. そこで Iimura らは、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している [10]. 整数ナップザック問題 (Integer Knapsack Problem: IKP) を対象とした実験の結果から、Iimura らの整数型遺伝子表現法は、IKP を単純に 0-1KP に変換して従来のバイナリ型遺伝子を用いる表現法 (バイナリ型遺伝子表現法) に比べて、QEA, QEAPS とともにより短時間で優れた準最適解を発見できることが確認できる. また、厳密な最適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、最適解発見率のみの観点からは、QEA には整数型遺伝子表現法が、QEAPS にはバイナリ型遺伝子表現法が適していることが示されている.

Iimura らの整数型遺伝子表現法では、量子ビット表現された遺伝子群の観測後に得られるビット列を正準グレイコード (Canonical Gray Code: CGC) と解釈して整数値に復号しているが、純バイナリコード (Pure Binary Code: PBC) として解釈した場合には明らかにされていない. そこで本研究では、Iimura らの複数量子ビット表現に基づく整数型遺伝子表現法を対象に、当該先行研究を補強

すべく、観測後ビット列の復号処理の違いが探索性能にどのような影響を与えるかについて、計算機実験を通して分析する.

2. 複数量子ビット表現に基づく整数型遺伝子の表現法

前述のとおり、Han らや中山らの先行研究における量子ビット表現では、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 Iimura らは、1つの遺伝子座に対して量子ビットを複数個使い、観測結果としてのビット列を復号することで整数値を得ている. そのイメージを図1に示す. 個体 i の遺伝子座 j における遺伝子 q_{ij} は、 $q_{ij} = q_{ij1} \otimes q_{ij2} \otimes \dots \otimes q_{ijh}$ として記述される. ただし、各量子ビット q_{ijk} ($k = 1, 2, \dots, h$)^{*2}は、次のとおりである.

$$q_{ijk} = \alpha_{ijk} |0\rangle + \beta_{ijk} |1\rangle = \begin{bmatrix} \alpha_{ijk} \\ \beta_{ijk} \end{bmatrix}. \quad (1)$$

個体 i の染色体 q_i は、 $q_i = q_{i1} \otimes q_{i2} \otimes \dots \otimes q_{im}$ と記述され

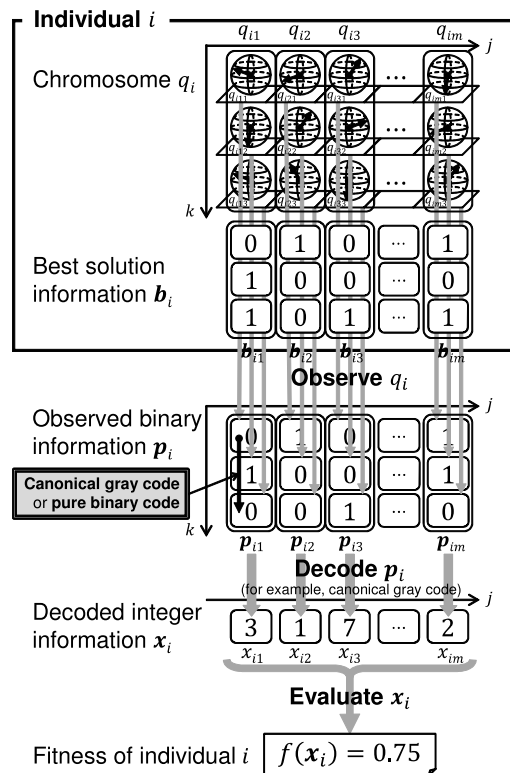


図1 複数量子ビット表現に基づく整数型遺伝子表現法を用いた QEA および QEAPS における個体表現 (たとえば、整数ナップザック問題の場合)

Fig. 1 Individual representation in QEA and QEAPS using the integer-type gene-coding method assigning multiple qubits to each gene locus (for example, integer knapsack problem).

^{*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.

^{*2} IKP における同種の荷物の上限数を l とすると、 $h = \text{ceil}(\log_2(l+1))$ となる.

表 1 パラメータ構成 (ooo: CGC または PBC)
Table 1 Parameter configuration (ooo: CGC or PBC).

Parameter names	QEA _{bin}	QEAPS _{bin}	QEA ^{ooo} _{int}	QEAPS ^{ooo} _{int}
Number of individuals	20, 40, 60, 80, 100			
Rotation angle (θ_C) [rad]	0.010 π	0.010 π	0.001 π	0.001 π
Number of subpopulations (groups)	5	—	5	—
Number of individuals in a subpopulation	4, 8, 12, 16, 20	—	4, 8, 12, 16, 20	—
Interval of global migration	100	—	100	—

る。それぞれの量子ビット q_{ijk} が観測されると、確率振幅 $\alpha_{ijk}, \beta_{ijk}$ に従って、バイナリ情報 p_{ijk} がそれぞれ得られる。Iimura らの先行研究では、複数の量子ビット観測後に得られるバイナリ情報 (ビット列) $\mathbf{p}_{ij} = [p_{ij1}, p_{ij2}, \dots, p_{ijh}]^T$ を CGC と解釈しているが、本研究ではこのビット列を PBC と解釈する。ビット列 \mathbf{p}_{ij} を、整数情報 $\mathbf{x}_i = [x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{im}]$ に復号することで、観測結果としての整数値を得る。たとえば、ビット列 010 を CGC と解釈した場合、得られる整数値は 3、PBC と解釈した場合は 2 が得られることになる*3。染色体 q_i の適応度 $f(\mathbf{x}_i)$ は、整数情報 \mathbf{x}_i をもとに、CGA と同じように評価される。

3. 評価実験

3.1 実験条件

3.1.1 整数ナップザック問題 IKP

本研究の目的が、Iimura らの複数量子ビット表現に基づく整数型遺伝子表現法を対象に、観測後ビット列の復号処理の違いが探索性能にどのような影響を与えるかについて、計算機実験を通して分析することであるため、実験の条件は Iimura らの先行研究 [10] と同様とした。つまり、一次元の IKP を対象に探索性能を評価する。荷物種 j ($j = 1, \dots, m$) 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 $f(\mathbf{x})$ を最大にする荷物 \mathbf{x} を選ぶ」という IKP は、次のように定式化される。

$$\max_{\mathbf{x}} f(\mathbf{x}) = \max_{\{x_j\}} \sum_{j=1}^m c_j x_j, \text{ subject to } \sum_{j=1}^m a_j x_j \leq b. \quad (2)$$

ただし、 m は荷物の種類数であり、決定変数 $x_j (\leq l)$ は袋に入れる荷物種 j の個数を表し、 l は同種の荷物の上限数である。

3.1.2 IKP の問題インスタンス

評価実験に用いる IKP の問題インスタンスとしては、荷物種の重量と価値の相関に着目した次の 3 種類の問題クラス [12] を用いる。(i) Uncorrelated (C_u): 荷物種 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 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。本実験で使用したパラメータ値は、先行研究と同じく $v = 1,000$, $r = 100$ とした。荷物の種類数 m は 20 種類、同種の荷物の上限数 l は 31 ($= 2^5 - 1$) とする。つまり荷物の総数は 620 ($= m \times l$)、整数型遺伝子表現法で使用する 1 種類の荷物あたりの量子ビット数 h は 5 ($= \text{ceil}(\log_2 31 + 1)$) となる。袋の許容重量 b は、全荷物 (620 個) の総重量の 50% とした。制約違反対処法としては、random repair [3] を採用した。

3.1.3 探索手法とパラメータ

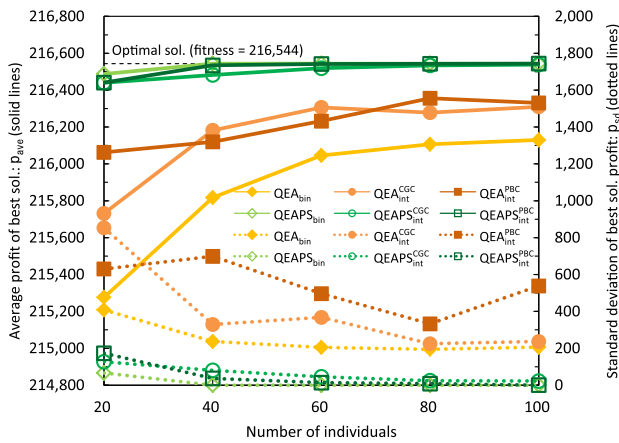
評価実験に用いる探索手法は、先行研究と同じく、整数型遺伝子表現法を実装した QEA (QEA_{int}) および QEAPS (QEAPS_{int}) とした。バイナリ情報 (ビット列) \mathbf{p}_i を整数情報 \mathbf{x}_i に復号する際、当該ビット列を CGC と解釈するケースを QEA^{CGC}_{int}, QEAPS^{CGC}_{int}, PBC と解釈するケースを QEA^{PBC}_{int}, QEAPS^{PBC}_{int} として区別する。また比較対象として、IKP を単純に 0-1KP に変換し従来バイナリ型遺伝子表現法を用いた QEA (QEA_{bin}) および QEAPS (QEAPS_{bin}) も、先行研究と同様に実験の対象とした。つまり、今回は上記の合計 6 種類の探索手法を評価の対象として実験を行った。

各探索手法で使用したパラメータは、先行研究と同じく表 1 のとおりとした。つまり、ユニタリ変換時の回転角度 θ_C は、QEA_{bin} と QEAPS_{bin} については 0.010 π [rad], QEA^{ooo}_{int} と QEAPS^{ooo}_{int} については 0.001 π [rad] とした。ただし、ooo は CGC または PBC を意味する。QEA に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。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 回として探索性能を評価した。

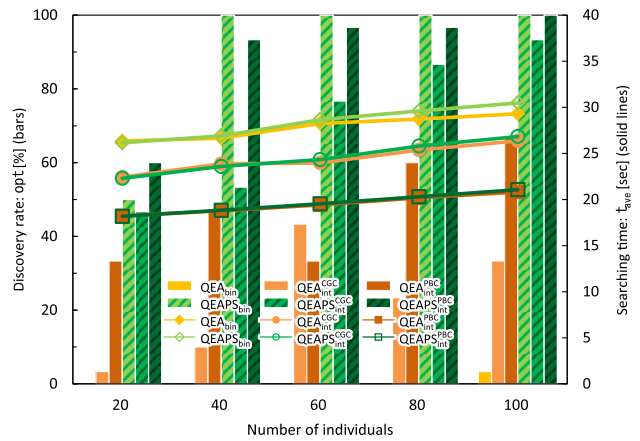
3.2 実験結果

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 2(a) および図 2(b) は、問題クラス C_u の IKP を用いた実験結果である。図 2(a) は各試行で得られた最良解の平均価値 p_{ave} および最良解

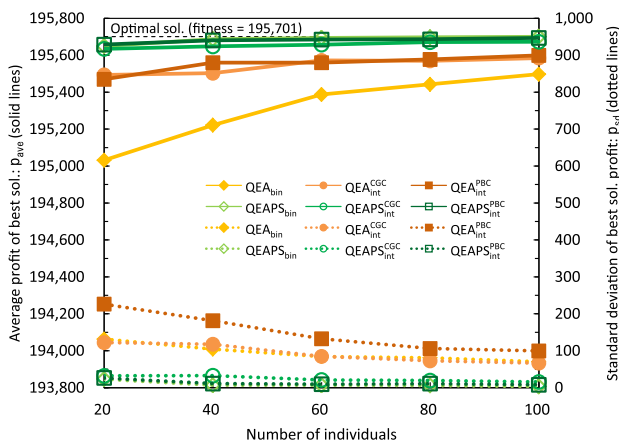
*3 IKP の場合、復号されて得られた整数値は、同種の選ばれた荷物数である。



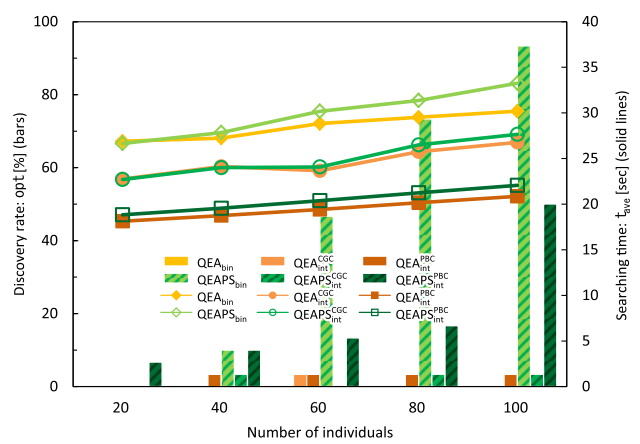
(a) p_{ave} and p_{sd} in the case of the problem class C_u .



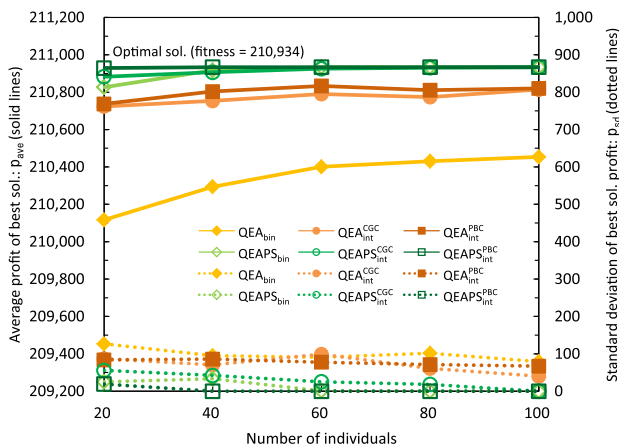
(b) opt and t_{ave} in the case of the problem class C_u .



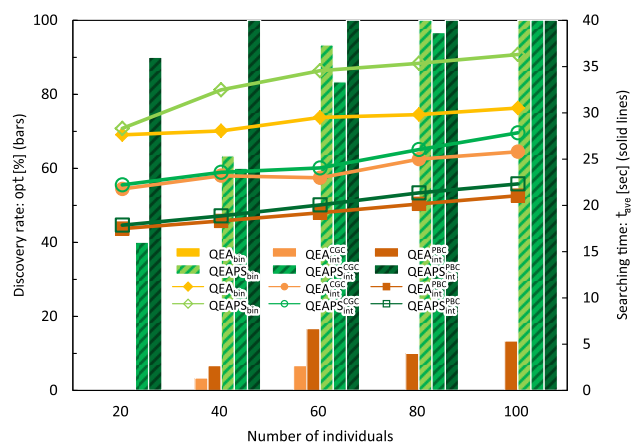
(c) p_{ave} and p_{sd} in the case of the problem class C_w .



(d) opt and t_{ave} in the case of the problem class C_w .



(e) p_{ave} and p_{sd} in the case of the problem class C_s .



(f) opt and t_{ave} in the case of the problem class C_s .

図 2 個体数に対する探索性能

Fig. 2 Search performance as a function of the number of individuals.

の標準偏差 p_{sd} を示したものであり、図 2 (b) は各探索手法の最適解発見率 opt [%] および適応度評価回数があらかじめ指定された進化の終了条件を満たすまでに要した探索時間 t_{ave} [sec] を示したものである。同様に、図 2 (c) および図 2 (d) は問題クラス C_w の IKP を、図 2 (e) および図 2 (f) は問題クラス C_s の IKP を用いた実験結果である。

3.2.1 復号処理の違いによる比較

まず、観測後ビット列の復号処理の違いが探索性能にどのような影響を与えるか、つまり整数型遺伝子表現法における復号処理の違いによる探索性能を見るため、観測後ビット列を PBC として解釈する整数型遺伝子表現法を用いた QEA_{int}^{PBC} および $QEAPS_{int}^{PBC}$ と、CGC として解釈

する QEA_{int}^{CGC} および $QEAPS_{int}^{CGC}$ とを比較する。

図 2(a), 図 2(c), そして図 2(e) の平均値 p_{ave} について, 有意水準 5% の t 検定を行った結果, 観測後ビット列を PBC として解釈する整数型遺伝子表現法を用いた探索手法は, CGC として解釈する整数型遺伝子表現法を用いた探索手法と比較して, 同等以上の探索性能を有することが分かった。また, 図 2(b), 図 2(d), そして図 2(f) より, 最適解発見率 opt および探索時間 t_{ave} の観点からも, CGC に比べ PBC として解釈した方が優れていることが確認できる。これらの結果から, QEA および QEAPS に整数型遺伝子表現法を用いる場合, 観測後ビット列の復号処理として, CGC と解釈するよりも PBC と解釈する方がより適しているといえる。

次に, なぜ CGC と解釈するよりも PBC と解釈する方がより適しているのかについて考察する。たとえば, 3 ビットの二進数を考える。PBC の場合, 二進数の右から左に n ($n = 1, 2, 3, \dots$) 番目にあるビットが 0 から 1 に変化した場合, その二進数の値はつねに 2^{n-1} だけ変化することになる。具体的には, 右から 3 番目にあるビットを 0 から 1 に変化させると, $0 (=000) \rightarrow 4 (=100)$, $1 (001) \rightarrow 5 (101)$, $2 (=010) \rightarrow 6 (=110)$, $3 (=011) \rightarrow 7 (111)$, ... のようになる。値の変化の大きさは一定で, 4 である。一方, CGC では, 平均的な値の変化は 2^{n-1} であるが, 一定ではなく多様に変化する。具体的には, 右から 3 番目にあるビットを 0 から 1 に変化させると, $0 (=000) \rightarrow 7 (=100)$, $1 (001) \rightarrow 6 (101)$, $2 (=011) \rightarrow 5 (=111)$, $3 (=010) \rightarrow 4 (110)$, ... のようになる。いい換えると, PBC では, 0 から 1 に変化させるビットの位置さえ決まれば, たとえば右から n 番目のビットと決まれば, 値の変化の大きさは一定で, つねに 2^{n-1} だけ変化する。しかしながら, CGC では, 右から n 番目のビットと決まったとしても, そのほかのビットの状況次第で値の変化の大きさは多様に変化する。つまり, CGC ではビット間に依存関係があることになる。これを整数型遺伝子表現法に置き換えて考える。復号処理の対象となる観測後ビット列をなす各ビットは, ユニタリ変換で進化を繰り返すことで得られる各ビットに対応した確率振幅に従って決定される。進化で決定すべき変数は各ビットに対応した確率振幅であるが, その決定変数間に依存関係がある場合, つまり決定変数依存性が存在する場合, 依存性がない場合に比べて, 解を発見しにくいことが一般的に知られている。以上のことから, 観測後ビット列を CGC として解釈する整数型遺伝子表現法を用いた場合, 決定変数依存性が生じ, その結果, 依存性がない PBC として解釈する方がより適しているという結果になったものと考えられる。

3.2.2 決定変数間に依存性がない従来のバイナリ型遺伝子表現法との比較

前項の比較で優れていた観測後ビット列を PBC として解釈し決定変数間に依存性がない整数型遺伝子表現法を用いた QEA_{int}^{PBC} および $QEAPS_{int}^{PBC}$ と, 同じく決定変数間に依存性がない従来のバイナリ型遺伝子表現法を用いた QEA_{bin} および $QEAPS_{bin}$ とを比較する。

図 2(a), 図 2(c), そして図 2(e) 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, 従来のバイナリ型遺伝子表現法より観測後ビット列を PBC として解釈する整数型遺伝子表現法の方が適していることが分かる。また, 図 2(b), 図 2(d), そして図 2(f) より, 最適解発見率 opt および探索時間 t_{ave} の観点からも, バイナリ型遺伝子表現法に比べ, 観測後ビット列を PBC として解釈する整数型遺伝子表現法の方が優れていることが確認できる。

次に, QEAPS では $QEAPS_{int}^{PBC}$ と $QEAPS_{bin}$ との平均値 p_{ave} の差は僅少で, 有意水準 5% の t 検定の結果, 両者の性能は同等であることが認められた。また, 図 2(b), 図 2(d), そして図 2(f) より, 問題クラス C_w の最適解発見率 opt を除き, いずれの問題クラスにおいても最適解発見率 opt および探索時間 t_{ave} の観点で, 観測後ビット列を PBC として解釈する整数型遺伝子表現法の方がバイナリ型遺伝子表現法に比べて同等以上の性能を有していることが分かる。もともと QEAPS は QEA に比べて優れた探索性能を有していることから, 従来のバイナリ型遺伝子表現法でもよい探索性能を示し, その結果, 平均値 p_{ave} においては, 観測後ビット列を PBC として解釈する整数型遺伝子表現法と同等性能を示したが, 探索時間 t_{ave} を考慮すると, 従来のバイナリ型遺伝子表現法よりも観測後ビット列を PBC として解釈する整数型遺伝子表現法の方が断然有利であることが分かる。

これらの結果から, 観測後ビット列を PBC として解釈する整数型遺伝子表現法は, 今回対象とした他の 2 つの表現法に比べ, 短時間で同等以上の優れた解を発見可能な表現法であるといえる。しかしながら, 問題クラス C_w の最適解発見率 opt については, 他の問題クラスと状況を異にする結果となっているため, この点については今後詳細に分析する必要がある。

4. おわりに

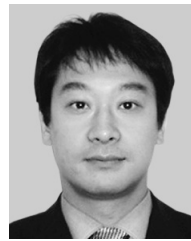
本研究では, Imura らの先行研究で取り扱われなかった, 観測後ビット列の復号処理の違いによる探索性能への影響を明らかにすべく, 計算機実験を行った。実験の結果, QEA および QEAPS に整数型遺伝子表現法を用いる場合, 観測後ビット列の復号処理として, CGC と見なして解釈するよりも PBC と見なして解釈する方がより適している

ことを明らかにした。さらに、観測後ビット列をPBCと見なして解釈する整数型遺伝子表現法は、従来のバイナリ型遺伝子表現法よりも優れていることを示した。

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] Nielsen, M.A. and Chuang, I.L.: *Quantum Computation and Quantum Information*, Cambridge University Press, New York (2000).
- [2] Narayanan, A. and Moore, M.: Quantum-inspired genetic algorithms, *Proc. IEEE Int. Conf. Evolutionary Computation*, pp.61–66 (1996).
- [3] Han, K.-H. and Kim, J.-H.: Quantum-inspired evolutionary algorithm for a class of combinatorial optimization, *IEEE Trans. Evolutionary Computation*, Vol.6, No.6, pp.580–593 (2002).
- [4] Han, K.-H. and Kim, J.-H.: On setting the parameters of QEA for practical applications: Some guidelines based on empirical evidence, *Genetic and Evolutionary Computation — GECCO 2003*, Lecture Notes in Computer Science, Vol.2723, pp.427–428 (2003).
- [5] 中山 茂, 飯村伊智郎, 伊藤登志也: 免疫アルゴリズムにおける量子干渉交叉法の検討, *信学論 D-I*, Vol.J88-D-I, No.12, pp.1795–1799 (2005).
- [6] Nakayama, S., Imabeppu, T. and Ono, S.: Pair swap strategy in quantum-inspired evolutionary algorithm, *Genetic and Evolutionary Computation — GECCO 2006*, Late Breaking Paper, Seattle, Washington, USA (2006).
- [7] 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).
- [8] 中山 茂, 伊藤登志也, 飯村伊智郎, 小野智司: 免疫アルゴリズムにおける混合干渉交叉法の提案, *信学論 D*, Vol.J89-D, No.6, pp.1449–1456 (2006).
- [9] 中山 茂, 飯村伊智郎, 松尾 翠, 前蘭正宜: 遺伝的アルゴリズムにおける干渉交叉法の検討, *情処学論*, Vol.47, No.8, pp.2625–2635 (2006).
- [10] Iimura, I., Moriyama, Y. and Nakayama, S.: Integer-type gene-coding method based on quantum bit representation in quantum-inspired evolutionary algorithm: Application to integer knapsack problem, *J. Signal Processing*, Vol.16, No.6, pp.495–502 (2012).
- [11] Goldberg, D.E.: *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley, Reading, MA (1989).
- [12] Martello, S. and Toth, P.: *Knapsack Problems: Algorithms and Computer Implementations*, John Wiley & Sons Inc., New York (1990).
- [13] Kirkpatrick, S., Gelatt, C.D. and Vecchi, M.P.: Optimization by simulated annealing, *Science*, Vol.220, No.4598, pp.671–680 (1983).



飯村 伊智郎 (正会員)

1969年生。1994年上智大学大学院博士前期課程修了, 同年(株)日立製作所日立研究所入所, 1997年熊本県立技術短期大学校講師, 2002年熊本県立大学総合管理学部総合管理学科助手, 2003年同講師, 2006年同助教授, 2007年同准教授(学校教育法改正にともなう職名称変更), 2012年より同教授。2004年鹿児島大学大学院博士後期課程修了。博士(工学)。2001年情報処理学会大会奨励賞, 2003年日本機械学会計算力学部門優秀講演表彰, 2003年情報処理学会九州支部奨励賞を受賞。主として, 進化計算, 群知能, 実世界指向インタフェースの研究に従事。電子情報通信学会, 電気学会, システム制御情報学会, 進化計算学会, 信号処理学会等各会員。



森山 賀文 (正会員)

1980年生。2005年鹿児島大学大学院博士前期課程修了, 同年有明工業高等専門学校電気工学科助手, 2007年同助教, 2010年より同講師。2008年鹿児島大学大学院博士後期課程修了。博士(工学)。主として, 進化的計算手法, 群知能の研究に従事。



中山 茂 (正会員)

1948年生。1977年京都大学大学院博士課程修了, 同年上智大学助手, 1981年京都工芸繊維大学助手, 1987年兵庫教育大学助教授, 1997年鹿児島大学工学部情報工学科教授, 2009年より同大学院理工学研究科情報生体システム工学専攻教授。京都大学工学博士。1996年情報文化学会賞, 2000年九州工学教育協会賞, 2009年ICM研究賞, 2009年芸術科学会論文誌第8回論文賞を受賞。主として, 量子アルゴリズム, 群知能, 進化的アルゴリズム, 分散オブジェクトの研究に従事。電気学会, システム制御情報学会, 芸術科学会等各会員。