

量子風進化的アルゴリズムの研究

中山 茂 今別府 孝洋 小野 智司
鹿児島大学 工学部 情報工学科

量子風進化的アルゴリズム (QEA) は、量子ビットにおける重ね合わせ状態から着想を得た進化的計算法である。QEA は 0-1 ナップザック問題において従来の遺伝的アルゴリズムよりも優れた探索性能を示すものの、グループ数や、移住のタイミングなど、調整すべきパラメータを多数含んでいる。本稿では、量子風進化的アルゴリズムにおいて、2 個体間で最良解情報を交換する対交換戦略 (QEAPS) を提案する。QEAPS は QEA よりもパラメータが少ない単純なアルゴリズムである。0-1 ナップザック問題を用いた評価実験により、(1) QEAPS は QEA よりも品質のよい解を安定して得ることができ、(2) QEA は問題に特化した制約違反対処法を用いなければよい解を得られないのに対して、QEAPS では単純な制約違反対処法でも高品質の解を得られることを確認し、(3) QEAPS と QEA の探索性能が最良解情報の多様性に起因していることを確認した。

Study on Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm

Shigeru Nakayama Takahiro Imabeppu Satoshi Ono

Department of Information and Computer Science, Faculty of Engineering, Kagoshima University

Quantum-inspired Evolutionary Algorithm (QEA) is a evolutionary computation method inspired by quantum superposition state of quantum bits. Although QEA shows better search performance for 0-1 knapsack problem than existing genetic algorithms, QEA involves many parameters that must be adjusted manually such as the number of groups, migration intervals. This paper proposes a simpler method called Quantum-inspired Evolutionary Algorithm based on Pair Swap (QEAPS) which exchanges good solution information between two individuals. Experimental results with 0-1 knapsack problems have showed that (1) QEAPS finds better-qualified solutions constantly than QEA, and that (2) QEAPS can find the highly-qualified solutions even with a simple conflict resolution way which is independent from target problem, which QEA requires a complex conflict resolution way which depends on the target problem, and that (3) the difference of search performances between QEAPS and QEA arises from the difference of diversity maintenance of best solution information between them.

1 まえがき

量子コンピュータ [1, 2] は、重ね合わせ状態や干渉効果、もつれ状態などの量子力学的原理を利用した計算モデルである。近年、量子力学的原理や量子ビットを模倣し、進化的アルゴリズムと融合した確率的な組合せ探索アルゴリズムが提案されている [3, 4, 6, 5, 7, 8, 9]。

Narayanan ら [3] は、従来の遺伝的アルゴリズム (Classical Genetic Algorithm: CGA) に、量子系の干渉効果を模倣した干渉交叉 (Interference Crossover: IX) を導入した量子風遺伝的アルゴリズムを提案し、巡回セールスマン問題 (Traveling Salesman Problem: TSP) において、CGA と比較して約 2/3 の少ない (約 1/3 削減した) 世代数で最短巡回路を発見できることを示した。筆者らは、遺伝子として整数表現を用いて、干渉交叉を遺伝的アルゴリズム [4] や免疫アルゴリズムに導入し、TSP において最適解発見率を向上できることを確認した [4, 5]。さらにこの干渉交叉を遺伝的プログラミングにも適用できることを示し [6]、古典的交叉をも含めて一般化した混合干渉交叉法を提案した [7]。

古典的遺伝的アルゴリズム CGA などでは使われる遺伝子には、いろいろなデータ型が用いられている。図 1 に示すように、ナップザック問題などで使われるバイナリ型遺伝子、巡回セールスマン問題などで使われる整数型

• Binary GA	0	1	0	1	0
- Knapsack Problem					
• Integer GA	1	5	4	3	2
- Traveling Salesman Problem					
• Float GA	0.1	1.3	0.3	1.5	2.1
- Function Optimization Problem					
• String GA	し	ん	ぶ	ん	し
- Palindrome Search					
• "Madam, I'm Adam."					
• Rule string GA	If	..	then	..	else
- プログラム生成					
• S Expression GA	(*	x	(/	y	2))
- 関数同定問題					
• Qubit GA, Qubit IA	0.1	0.1	0.1	0.1	0.1
- Genetic Algorithm					
- Immune Algorithm					

図 1: 遺伝子におけるいろいろな表現

遺伝子、関数最適化問題で使われる実数型遺伝子、プログラム生成などで使われる文字列型遺伝子、関数同定問題などで使われる S 表現型遺伝子などがあった。

ところが、Han らは、遺伝子として量子ビット表現を用いた量子風進化的アルゴリズム (Quantum-inspired Evolutionary Algorithm: QEA) を提案している [8, 9]。QEA は、量子ビットを遺伝子として使い、ユニタリ変換で進化を繰り返すことで、CGA よりも少ない個体で、

より短時間で解を発見できることを確認している [9].

QEA は、多集団移住戦略 [10] や島モデル型遺伝的アルゴリズム (Island GA: IGA) [11] と同様、集団内の個体を複数の部分集団 (グループ) に分け、グループでの移住などの操作を行う。グループ毎に個別に進化を行うことで、粗粒度の分散並列化が可能となる。その反面、グループ数や移住を行うタイミングなどのパラメータを調整しなければならない。Han らは、ナップザック問題におけるパラメータの調整指針を統計的に得るために、大量の実験を行っているが [8, 9], 他の問題に QEA を適用する際は、問題の特性や規模を考慮したパラメータの調整指針を得るべく、同様の実験を再び行わなければならない。また、QEA では、制約違反時の対処方法も探索性能に影響するため、問題に応じた対処方法の設定が必要となる。

本論文では、QEA よりも単純なアルゴリズムで、調整に必要なパラメータが少ない、対交換に基づく量子風進化的アルゴリズム (Quantum-inspired Evolutionary Algorithm based on Pair Swap: QEAPS) を提案する。QEA では、集団内での最良解情報とグループ内での最良解情報を共有するのにに対し、QEAPS は各世代においてランダムに選択された 2 個体間で個体最良解情報を交換する。これにより QEAPS は、QEA よりも少ないパラメータで、集団内で多様性を維持したまま探索を行うことができる。

QEAPS と QEA の関係を、CGA と IGA の関係と対比させて説明すると、CGA にグループと移住処理を導入したものが IGA であるのに対し、QEA からグループと移住処理を取り除いたものが提案する QEAPS となる。著者らは文献 [12, 13] において、0-1 ナップザック問題の 3 つのインスタンスで対交換戦略の有効性を確認した。本論文では、提案する QEAPS が 0-1 ナップザック問題のクラス [14] やインスタンスに依存せずに高性能であることを示す。また、従来の QEA では、品質の高い解を得るために対象問題に特化した制約違反解消操作が必要であるが、提案する QEAPS は対象問題に依存しないシンプルな制約違反解消操作でも品質の高い解を得られることを示す。さらに、QEAPS と QEA の性能差がどの要素に起因するかを考察する。

2 量子ビット表現を用いた進化的アルゴリズム

2.1 遺伝子の量子ビット表現

CGA では個体の遺伝子として、バイナリ、整数、実数、文字などの確定的な値が利用されているのに対し、QEA および QEAPS では、遺伝子として量子ビット (Qubit) を用いる。

量子ビットは、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、以下のような標準基

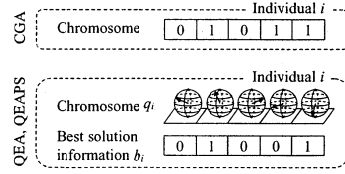


図 2: CGA, QEA, および QEAPS における個体の表現

底 $|0\rangle$ と $|1\rangle$ を正規直交基底ベクトルとする。

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

量子ビットは、 $|0\rangle$ と $|1\rangle$ とのベクトルに複素確率振幅を係数として確率的な重ね合わせ状態 (ベクトル和) として、同時に $|0\rangle$ と $|1\rangle$ を持つことができる。量子ビットにおける重ね合わせ状態 q は、Bloch 球を用いて表示され、以下のように表せる。

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

α, β 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。 $|0\rangle$ が観測される確率は $|\alpha|^2$ 、 $|1\rangle$ が観測される確率は $|\beta|^2$ となる。

QEA および QEAPS における個体は、図 2 に示すように、量子ビット列の染色体とバイナリ列の最良解情報を含む。世代 t の個体 i における染色体 q_i^t は以下のように量子ビットのテンソル積で表せる¹。

$$q_i^t = \begin{bmatrix} \alpha_{i1}^t \\ \beta_{i1}^t \end{bmatrix} \otimes \begin{bmatrix} \alpha_{i2}^t \\ \beta_{i2}^t \end{bmatrix} \otimes \cdots \otimes \begin{bmatrix} \alpha_{im}^t \\ \beta_{im}^t \end{bmatrix} \quad (3)$$

m は 1 個体に含まれる遺伝子数である。最良解情報 $b_i = [b_{i1}, b_{i2}, \dots, b_{im}]$ は、探索過程において発見したバイナリ列であり、今までの世代でその個体の最良解 (Personal Best) を示す。

2.2 1 個体での進化メカニズム (評価と更新)

量子ビット表現を用いた進化的アルゴリズムは、単点探索を行う Stochastic Hill-Climbing[15] や Simulated Annealing (SA)[15, 16, 17] と同様、1 個体を用いて探索を行うことが可能であり、SA と同様、大域的探索から局所探索へと移行する特徴を持つ [8]。

1 個体を用いて探索を行う手順を以下に示す。まず、1 個体 ($i = 1$) において、 $|0\rangle$ と $|1\rangle$ とが均等に観測されるよう、 α_{ik} と β_{ik} を $1/\sqrt{2}$ とすることで初期化を行い、均等な重ね合わせ状態を準備する²。次に、あらか

¹ 本論文では、世代 t の個体 i における染色体を q_i^t と表すが、論文 [8, 9] に倣い、世代を特に考慮する必要がない場合は添字 t を省略し、単に q_i と表す。

² 本稿では、実装を容易に行えるよう、確率振幅 α_{ik} と β_{ik} を実数とした。

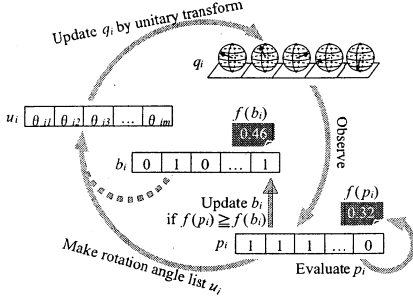


図 3: 1 個体の評価と更新

じめ定められた終了条件を満たすまで、以下の手順に従って個体の更新および個体内の最良解情報の交換を繰り返す。

1 個体 i の更新手順を図 3 に示す。まず、量子ビット列 q_i の個々の量子ビットの確率振幅に従い、観測を行うことで、0 または 1 からなるバイナリ列 p_i を得る。量子ビットの観測は、量子力学では 0 または 1 の状態への波束の収縮と考えられるが、QEA および QEAPS では 0 から 1 までの一様乱数 r を発生させ、 $r < |\alpha|^2$ の場合に 0 が観測されたとし、 $r \geq |\alpha|^2$ の場合に 1 が観測されたものとする。観測結果として得られたバイナリ列 p_i に対して、CGA と同様に適応度 $f(p_i)$ を算出することで、個体 i の適応度とする。複数回 (n_O 回) 観測を行い、最も適応度が高いバイナリ列を p_i とすることも可能である。

次に、最良解情報 b_i と観測によって得られた p_i とを遺伝子座毎に比較することで、 $|0\rangle$ または $|1\rangle$ の観測確率を増減させるための回転角度リスト $u_i = [\theta_{i1}, \theta_{i2}, \dots, \theta_{im}]$ を作成する。 $\theta_{ik} (k = 1, \dots, m)$ は、表 2 から従って決定され、以下の回転行列で表されるユニタリ変換として q_i に作用する [8, 9]。

$$\begin{bmatrix} \alpha'_{ik} \\ \beta'_{ik} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos(\theta_{ik}) & -\sin(\theta_{ik}) \\ \sin(\theta_{ik}) & \cos(\theta_{ik}) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \alpha_{ik} \\ \beta_{ik} \end{bmatrix} \quad (4)$$

$f(p_i) \leq f(b_i)$ の場合、例えば $p_{ik} = 0$ 、 $b_{ik} = 1$ であるとすると、 $|1\rangle$ が観測される確率振幅を増やした方がよいと判断する。 $\alpha = \sqrt{3}/2$ 、 $\beta = 1/2$ の場合であれば、図 4 に示すように、第 I 象限 ($\alpha > 0, \beta > 0$) に位置することとなり、 $|1\rangle$ を観測する確率 $|\beta|^2$ が大きくなるよう確率振幅を更新するには、 $|1\rangle$ に近付くよう $\theta_{ik} = \theta_C$ とする。一般に、確率 $|\beta'_{ik}|^2$ が元の $|\beta_{ik}|^2$ よりも大きくなるためには、確率振幅 α_{ik}, β_{ik} の正負零により、図 4 のように、回転行列の回転角 θ_{ik} の正負零が決まる。すなわち、図 4 の第 I, II 象限でのベクトルは、 $|1\rangle$ に近くなるように回転させ、第 III, IV 象限でのベクトルは、 $-|1\rangle$

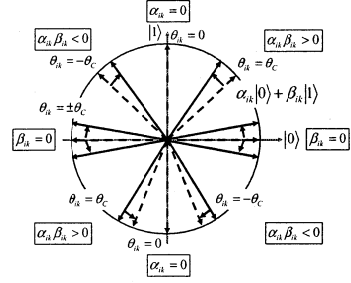


図 4: $|1\rangle$ の観測確率を増幅するための回転方向

に近くなるように回転させる。水平軸のベクトル $\pm|0\rangle$ ($\beta_{ik} = 0$) は、どちら方向に回転させても同じことになり、垂直軸のベクトル $\pm|1\rangle$ ($\alpha_{ik} = 0$) は、回転させる必要がない。

θ_C は回転角度単位であり、 θ_C が大きいほど大域的な探索を、 θ_C が小さいほど局所的な探索を行うこととなる。文献 [8] によれば、 θ_C は $0.001\pi[\text{rad}]$ から $0.05\pi[\text{rad}]$ までの値が適当であるとされており、 θ_C が大きすぎると、確率振幅が収束せず振動したり、局所解への初期収束が発生し、小さすぎると探索効率が低下してしまうことが確認されている [8]。

作成した回転角度リスト u_i に従って列 q_i を更新し、 $f(p_i) \geq f(b_i)$ となる場合は、今回観測したバイナリ列 p_i を新たな個体の最良解 b_i とする。

3 複数個体での進化メカニズム

量子ビット表現を用いた進化的アルゴリズムは、単点探索として 1 個体だけで進化させることが可能であるが、大規模な組合せ最適化問題を解くために、遺伝的アルゴリズムや遺伝的プログラミングなどの多点探索アルゴリズムと同様に、複数個体を用いて進化させることも可能である。

3.1 QEA と QEAPS とのアルゴリズム比較

本論文で提案する QEAPS は、QEA [8, 9] に対し、主に以下の改良を行ったアルゴリズムである。

- 1) QEA では、集団内にグループを作成するのにに対し、QEAPS では集団内にグループを作成しない。
- 2) QEA では、グループ内で行う局所的移住、および集団全体で行う大域的移住を、あらかじめ設定したタイミングで行うのに対し、QEAPS では、各世代において、ランダムに選択した 2 個体間で最良解情報の交換を行う。

QEA のアルゴリズムを図 5 に、提案する QEAPS のアルゴリズムを図 6 に示す。図 6 では、QEA と QEAPS で異なる処理を灰色および黒色で示している。

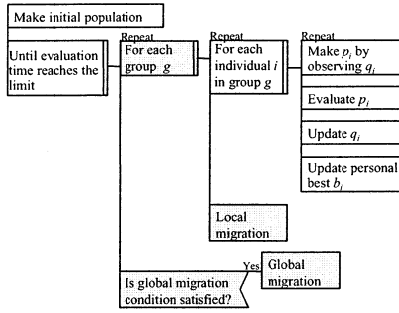


図 5: 従来の QEA のアルゴリズム

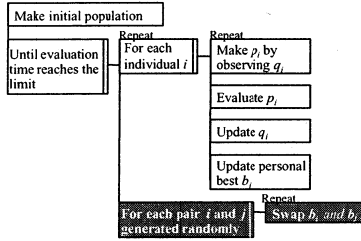


図 6: 提案する QEAPS のアルゴリズム

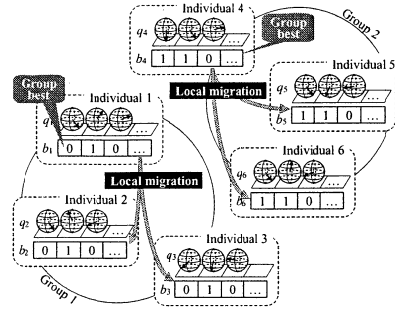
3.2 QEA での移住戦略

QEA の移住戦略には、図 7 に示すような、大域的移住と局所的移住の 2 種類を含む。局所的移住は、グループ内の個体のなかで、最も適応度が高い最良解情報を、他の個体全ての最良解情報とする処理であり、一定世代毎に、各グループ内で行う。大域的移住は、集団全体の個体のなかで、最も適応度が高い最良解情報を、他の個体全ての最良解情報とする処理であり、一定世代毎に行う。上記の 2 種類の移住により、QEA は探索の集中化を行うが、問題の特性や規模、グループ内の多様性、確率振幅の収束速度、および、QEA の基本的なパラメータである回転角度 [8] を考慮して、グループ数および移住タイミングを設定しなければならない [9]。

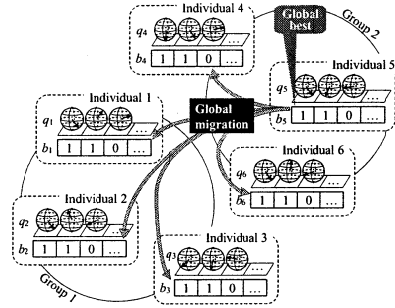
3.3 QEAPS での対交換戦略

提案する QEAPS では、移住戦略のかわりに任意の 2 個体間で最良解情報を交換する対交換戦略を採る (図 8)。まず、集団内の全ての個体から、2 個体で 1 組の対をランダムに選択し、 $n/2$ 個の対を生成する。各対において、量子ビット列の染色体には操作を行わず、最良解情報のみを交換する。

世代 t において、最良解情報を交換する 2 個体を i, j とし、 i, j の最良解情報を b_i^t, b_j^t とする。対交換により $b_i^{t+1} = b_j^t, b_j^{t+1} = b_i^t$ となる。ここで $f(b_i^t) \geq f(b_j^t)$ と仮定する。対交換を行うと、個体 i と比較して適応度が低かった個体 j は、 b_i^t に近づくように確率振幅が変化するため、適応度の改善が期待できる。



(a) Local migration.



(b) Global migration.

図 7: QEA における局所および大域的移住戦略

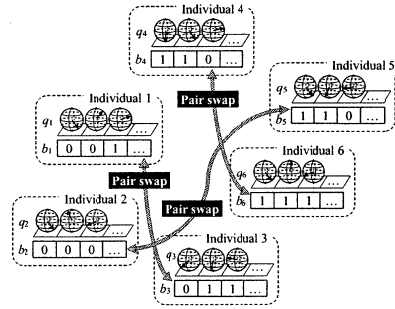
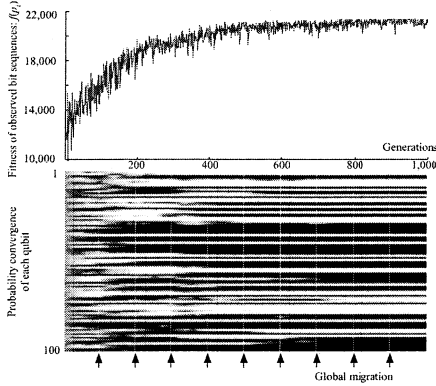
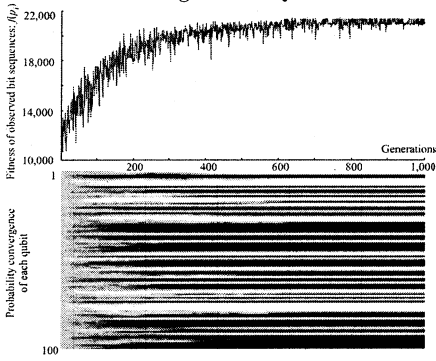


図 8: 提案する QEAPS における対交換戦略

世代 t よりも低い適応度の最良解情報 b_i^{t+1} を持つことになる個体 i では、次の世代 $t+1$ において、 $f(p_i^{t+1}) > f(b_i^{t+1})$ であれば b_i^{t+1} はすぐに更新され、適応度が低い b_i^{t+1} に近づくように探索が行われることはない。個体 i の確率振幅 α_{ik}, β_{ik} ($k = 1, \dots, m$) が 0 または 1 に収束するほど、個体 i が改悪される確率は低くなる。これは、 α_{ik}, β_{ik} が収束していると、 p_i^{t+1} は p_i^t や b_i^t と同様のバイナリ列となり、対交換によって一時的に b_i^{t+1} が改悪されても、すぐに p_i^{t+1} によって更新されるためである。 $f(p_i^{t+1}) < f(b_i^{t+1})$ であれば最良解は更新されず、



(a) Transitions of fitness and probability convergences in QEA.



(b) Transitions of fitness and amplitude convergences in QEAPS.

図 9: 適応度と確率の収束度合の推移

p_j に向かうように確率振幅が変化する。

移住戦略は常に探索の集中化を促進することになるのに対し、対交換戦略は、個体に含まれる確率振幅が収束していない序盤では、探索の多様化を促し、確率振幅が収束する終盤において探索の集中化を促進する。量子ビットからなる染色体は、大域的探索から局所探索へ自動的に移行する特徴を持つが [8]、対交換戦略はその特徴をさらに強めるものであると考える。

4 0-1 ナップザック問題での評価実験

5 QEA と QEAPS の探索性能の比較実験

5.1 準備

提案する QEAPS と QEA との探索性能を比較する実験を行った。QEA におけるパラメータは先行研究 [8] に従い、QEAPS のパラメータは QEA と同様に、表 1 のように設定した。探索の終了条件を個体の評価回数によって定義するものとし [18, 12]。個体の適応度を計算する回数が 500,000 回に達した時点で探索を終了した。

表 1: パラメータ設定

Parameter name	Value used	
	QEA	QEAPS
Number of individuals (n)	10, 20, 30, ..., 100	
Number of subpopulations (groups) (g)	5	—
Number of individuals in a subpopulation	2, 4, ..., 20	—
Rotation angle (θ_C)	0.01π	0.01π
Number of observations (n_O)	1	1
Interval of local migration	1	—
Interval of global migration	100	—

個体数の総数 n は 10 から 100 まで 10 個刻みで変更し、試行回数は 30 回とした。

評価基準として、試行回数あたりの最適解発見率 $Opt[\%]$ 、各試行において得られた最良解の精度の平均 $m_A[\%]$ とその標準偏差 $\sigma_A[\%]$ 、および、各試行における最良解を発見した評価回数の平均 m_T に着目する。最適解の適応度を f_{Opt} とすると、個体 i の精度 $A(p_i)$ は以下の式によって表せる。

$$A(p_i) = \frac{f(p_i)}{f_{Opt}} \times 100[\%] \quad (5)$$

5.1.1 制約違反対処法

重量制限を超過した場合は、以下の 3 種類の方式により対処するものとした。

Zero: 重量制限を超過した個体の適応度を 0 とする。

Penalty: 重量制限を超過した個体 i の適応度 $f(p_i)$ を以下の式によって求める。

$$f(p_i) = \sum_{k=1}^N c_k p_{ik} - \alpha \max \left\{ 0, \sum_{i=k}^N a_k p_{ik} - b \right\} \quad (6)$$

ただし、 c_i 、 a_i はそれぞれ荷物 i の価値および重量であり、 b はナップザックの重量の上限を表す。 α は以下の式で計算する。

$$\alpha = \max_{k=1 \dots N} \{c_k/a_k\} \quad (7)$$

Repair: 以下の手順からなる Random repair [8] によって調整する。ただし、Repair の場合のみ、荷物の総重量が制限を超過しない場合も下記 2) を行う³。

- 1) 重量制限を満たすまで、荷物を 1 個ずつランダムに選択し、ナップザックから取り除く。
- 2) 重量制限を超過するまで、ランダムに選択した荷物を 1 個ずつナップザックに追加する。重量制限を超過した場合、最後に追加した荷物を取り除く。

³制約違反が発生していない場合にも値割当の変更を行うことから、Repair は制約違反の解消だけでなく局所探索を含んでいると考えられるが、本論文では先行研究 [8, 9] に従い、Repair を制約違反の一種として扱う。

Repair はナップザック問題に特化した手続きであり、Penalty は一般的な制約違反対処方法であるものの、ナップザック問題を対象とした式を用いている。Zero は問題に依存しない制約違反対処方法である。すなわち、Repair, Penalty, Zero の順で、対象問題に特化する度合いが高い制約違反対処方法となる。

5.1.2 重量と価値の相関性に着目したナップザック問題のクラス

比較に用いる問題として、荷物の重量と価値の相関に着目した以下の 3 種類のクラス [14] に属する問題インスタンスを各々 10 個作成した。

Uncorrelated (C_u): 荷物 j の価値 p_j と重量 w_j を、区間 $[1, v]$ の一様分布に従う乱数により決定する。

Weakly correlated (C_w): w_j を区間 $[1, v]$ の一様分布に従う乱数により決定し、 p_j を区間 $[w_j - r, w_j + r]$ の一様分布に従う乱数により決定する。

Strongly correlated (C_s): w_j を区間 $[1, v]$ の一様分布に従う乱数により決定し、 $p_j = w_j + r$ とする。

なお、本節の実験では、 $v = 1,000$, $r = 100$, 荷物数 $N = 500$ とし、全荷物の合計重量の 50% を重量制限とした。

それぞれのクラスのある問題インスタンスにおける、荷物の重量と価値の関係を図 10 に示す。

5.2 実験結果

C_u , C_w , C_s における、QEA の Opt および m_T を図 11(a), (b) および (c) に、QEAPS の Opt および m_T を図 11(d), (e) および (f) に、QEA における m_A および σ_A を図 12(a), (b) および (c) に、QEAPS における m_A および σ_A を図 12(d), (e) および (f) に示す。

Opt に着目すると、QEA では全てのクラスの全ての実験条件において、一度も最適解を発見できなかったのに対し (図 11(a), (b) および (c)), QEAPS では C_u で最大 48%, C_w で最大 18%, C_s で最大 91% の割合で最適解を発見でき (図 11(d), (e) および (f)), QEA よりも最適解発見率を大幅に改善できていることがわかる。なお、図 11(e) および (f) において、 C_w および C_s で Repair の効果が大きいのは、 C_w および C_s では、重量が小さい荷物ほど、重量に対する価値の比が高く、Repair の処理手順 2) の効果が大きいためである。

図 12(a) から (f) における m_A および σ_A に着目すると、全般的に、QEAPS の m_A は QEA の m_A よりも高く、QEAPS の σ_A は QEA の σ_A よりも小さい⁴。よって、QEAPS は QEA よりも、高い品質の解を安定して発見できることがわかる。また図 12(a), (b) および (c) から、QEA では、Repair と、Zero および Penalty との m_A の差が大きく、QEA の探索性能が十分でないために、ナッ

プザック問題に特化した Repair の効果が大きいことがわかる。図 12(d), (e) および (f) から、QEAPS では、Repair, Zero および Penalty の差が小さく、ナップザック問題に特化していない単純な Zero および Penalty でも探索を行え、QEA よりも制約違反対処方法に対してロバストであることがわかる。

また、QEAPS は、QEA と同程度の品質の解をより効率よく発見できる。図 12(a) および (d) から、 C_u の問題では、QEA は個体数が 100 のときに m_A が最大の約 99.8% となり、QEAPS では、個体数が 20 のときに m_A が約 99.9% となる。 m_T に着目すると、個体数が 100 の QEA では 270,995 回 (図 11(a)), 個体数が 20 の QEAPS では 58,828 回と (図 11(d)), QEAPS は QEA の 1/4 以下の探索時間で同等の品質の解を発見できたことがわかる。同様に、 C_w は、QEAPS が、QEA の約 1/9 の探索時間で、 C_s では、QEAPS が、QEA の 1/3 以下の探索時間で、同等の品質の解を発見できた。

6 おわりに

量子ビット表現の遺伝子を用いた組合せ最適化について概説し、対交換戦略を用いる組合せ最適化アルゴリズム QEAPS を提案した。QEAPS は 2 個体間で最良解情報を入れ換える対交換を行うため、従来の QEA では必要であったグループ数および移住タイミングについての調整が不要となる。対交換は、探索の序盤においては探索の多様化を、確率振幅が収束していく探索終盤では探索の集中化を促すものであり、量子ビット表現の遺伝子が持つ、大域的探索から局所探索へと自動的に移行する特徴を強める働きがある。

0-1 ナップザック問題を用いた評価実験により、QEAPS は QEA と比較して、より高い確率で最適解を発見できること、得られる解の品質のばらつきが小さいこと、単純な制約違反対処方法を用いる場合でも高品質な解を発見できること、および、同程度の品質の解であれば 1/3 未満の探索時間で発見できることを確認した。さらに、QEAPS の探索性能が QEA よりも優れる理由は、QEAPS が各世代において対を再編成しているためだけでなく、最良解情報のコピーを行う移住のかわりに最良解情報の交換を行う対交換操作を行っているため、最良解情報の多様性を維持することができ、大域的探索から局所的探索へ緩やかに移行するためであることを確認した。

今後、より大規模な問題における探索性能の検証、改善を行うとともに、他の組合せ最適化問題への適用を検討し、QEAPS が有効な問題の特性を明確化する。

参考文献

- [1] D. M. Lucas., A. Ramos, J. P. Home, M. J. McDonnell, S. Nakayama, J.-P. Stacey, S. C. Webster, D. N. Stacey, and A. M. Steane, "Isotope-selective photoionization for calcium ion trapping", Physical Review A, vol.69, no.012711, 2004.

⁴有意水準 5% の t 検定により、本実験において、同じ個体数および同じ制約違反対処方法を用いて同じ問題インスタンスを解く場合、QEAPS の m_A は QEA よりも常に高いことを確認した。

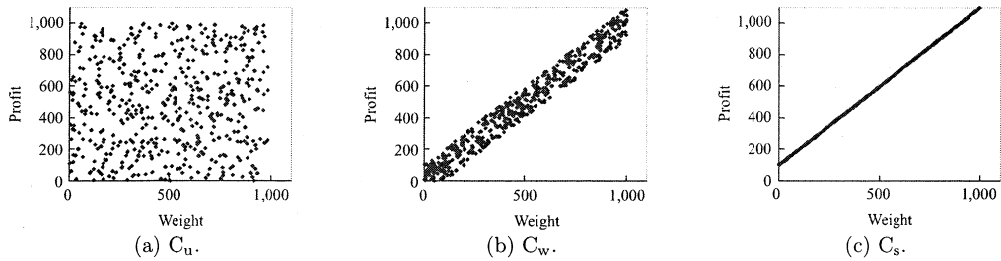


図 10: 各クラスにおける荷物の重量と価値の関係

- [2] 中山 茂: “量子論理ゲートでの平方根ゲートの考察”, 日本計算工学会, vol.7, pp.77-82, 2005.
- [3] A. Narayanan and M. Moore, “Quantum-inspired Genetic Algorithms,” Proc. IEEE Int. Conf. Evolutionary Computation, pp. 61-66, 1996.
- [4] 中山 茂, 飯村伊智郎, 松尾 翠, 前蘭正宣, “量子遺伝的アルゴリズムにおける量子干渉交叉法の検討”, 情報処理学会論文誌, vol.48, no.8, pp.2625-2635, 2006.
- [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.J-88-D-I, no.12, pp.1795-1799, 2005.
- [6] 中山 茂, 前蘭正宣, 小野智司 “遺伝的プログラミングにおける量子干渉交叉法の提案”, システム制御情報学会論文誌, vol.19, no.6, pp.262-268, 2006.
- [7] 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.J-89-D, no.6, pp.1449-1456, 2006.
- [8] K.-H. Han, 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.
- [9] K.-H. Han, J.-H. Kim: “On Setting the Parameters of Quantum-inspired Evolutionary Algorithm for Practical Applications”, in Proc. 2003 Congress on Evolutionary Computation, IEEE Press, pp. 178-184, 2003.
- [10] K. Mizuno, S. Nishihara, H. Kanoh, and I. Kishi: “Population migration: a meta-heuristics for stochastic approaches to constraint satisfaction problems”, Informatica, vol.25, no.3, pp.421-429, 2001.
- [11] 飯村伊智郎, 松岡賢一郎, 中山茂: “1 次元トーラス網状離島モデルに基づく遺伝的局所探索における島間距離戦略の検討”, 電学論 C, vol.125, no.1, pp.84-92, 2005.
- [12] 中山茂, 今別府考洋, 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”, 電子情報通信学会論文誌 D, Vol.J89-D, No.9, pp.2134-2139, 2006.
- [13] S. Nakayama, T. Imabeppu, and S. Ono: “Pair Swap Strategy in Quantum-Inspired Evolutionary Algorithm”, in Proceedings of Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO2006), Late-Breaking Papers Session (2006).
- [14] S. Martello and P. Toth.: “Knapsack Problems – Algorithms and Computer Implementations”, John Wiley and Sons Ltd., 1990.
- [15] D. H. Ackley: “A Connectionist Machine for Genetic Hillclimbing”, Kluwer Academic Publishers, 1987.
- [16] J. M. Varanelli and J. P. Cohoon, “Population-Oriented Simulated Annealing: A Genetic/Thermodynamic Hybrid Approach to Optimization,” Proc. of the Sixth International Conference on Genetic Algorithms, pp. 174-181, 1995.
- [17] S. Kirkpatrick, C. D. Gelatt and M. P. Vecchi, “Optimization by Simulated Annealing”, Science, vol.220, no.4598, pp. 45-54, 1983.
- [18] 廣谷裕介, 小野智司, 中山茂: “実数免疫アルゴリズムと準ニュートン法のハイブリッドによる複数解探索法の基礎的検討”, 信学論 D-I, vol.J89-D, no.1, pp.121-128, 2006.
- [19] C. A. Brizuela, N. Sannomiya: “A Diversity Study in Genetic Algorithms for Job Shop Scheduling Problems”, in Proceedings of Genetic and Evolutionary Computation Conference (GECCO99), pp75-82, 1999.
- [20] L. J. Eshelman and J. D. Schaffer: “Preventing premature convergence in genetic algorithms by preventing incest”, in Proceedings of Fourth International Conference on Genetic Algorithms, pp. 115-122, 1991.

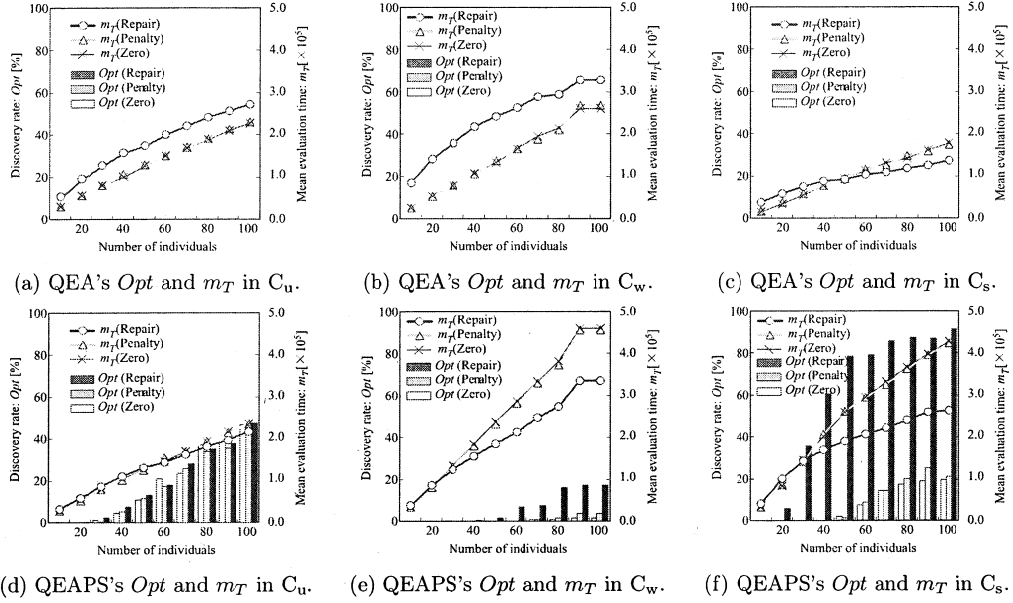


図 11: 最適解発見率と最良解発見時の平均評価回数における QEA と QEAPS の比較

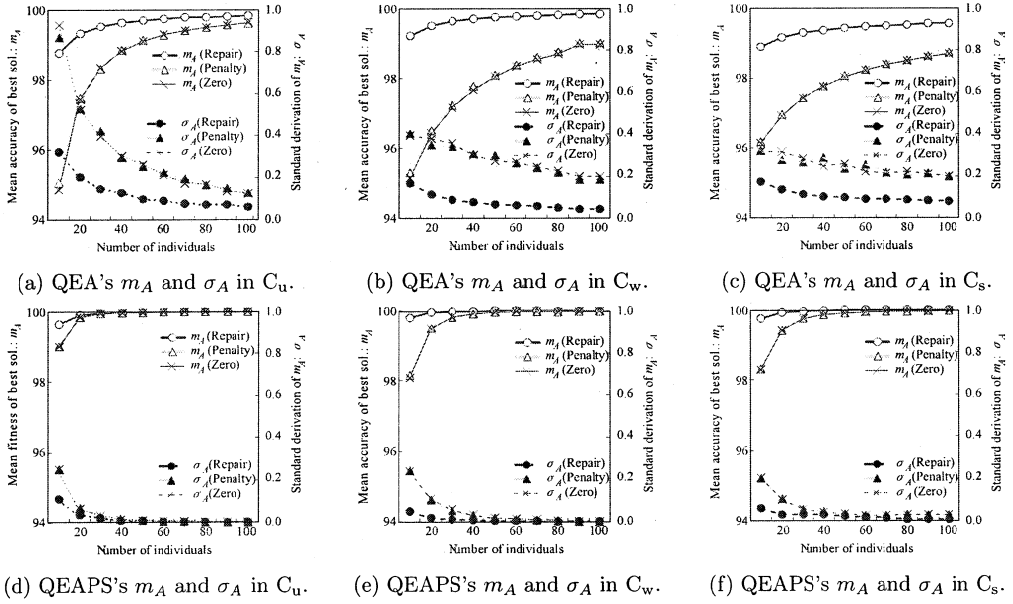


図 12: 最良解の精度の平均と標準偏差における QEA と QEAPS の比較