

## 第二章 PCP 例子產生器

### 第一節 母體取得來源

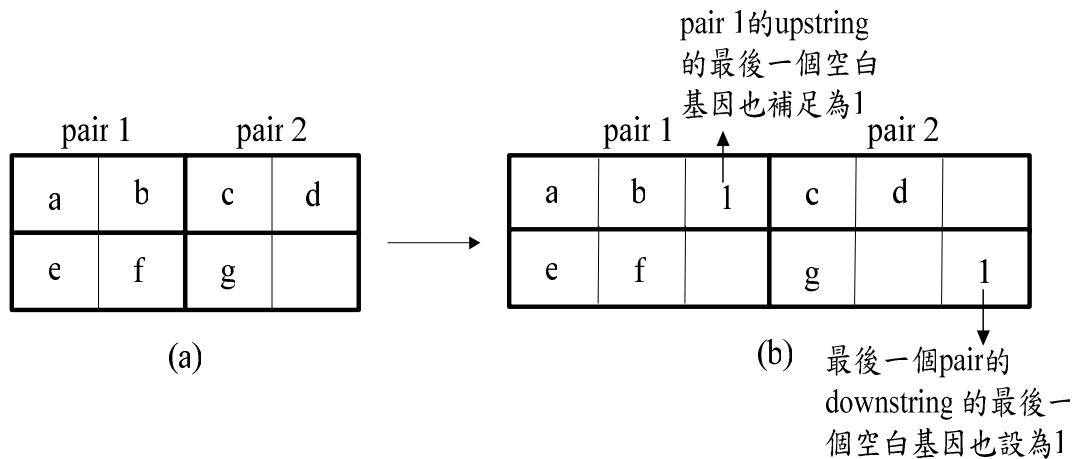
本論文的主題是開發特定 size 與 width 之 PCP 例子產生器，且使用「PCP 基因重整繁衍」演算法來開發，而想要套用「PCP 基因重整繁衍」演算法就必須先找到適當的母體，經由有效的擴增演算法擴增到特定 size 與 width 的集合上，藉由有效的母體才有機會利用基因改造方式繁衍出特定 size 與 width 的 instance，因此，母體的尋找以及產生是完成本論文不可忽略的重要環節。在 PCP A nice problem 的網站[5]中提供一個名為「Solver」的電腦程式，此程式可以產生較小 size 與 width 的例子，本論文將充分利用此程式採用的系統化法產生較小 size 與 width 所產生的 instance 做為基因改造的母體。

### 第二節 PCP 擴增架構之演算法

由於從 Solver 可用系統化法得到較小 size 與 width 的例子集合，但要產生特定 size 與 width 的較困難例子，首先必需得先創造該特定 size 與 width 所需要基因繁衍的母體，故需要先經過擴增架構中的 size 擴增架構與 width 擴增架構，底下分述兩項擴增演算法：

width 擴增演算法即從較小 width 擴增到比現有 width 長度再大於一，其方法如下：舉 PCP[2, 2] 擴增到 PCP[2, 3] 為例，分為三個步驟，首先將 PCP[2, 2] 的母體依 pair 1 與 pair 2 的上下 string 送到 PCP[2, 3] 的母體 pair 1 與 pair 2 的相對應

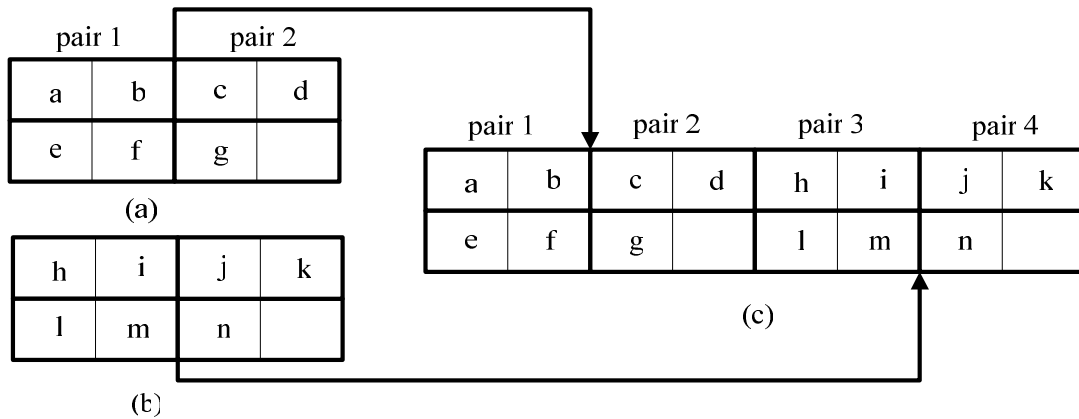
的上下 string。其次，再將 PCP[2, 3] 的 pair 1 之 upstring 剩下的空白基因補足為 1。最後則是將最後一個 pair(在此例子即 pair 2) 的 downstring 剩下的最後一個空白位元亦補足為 1，底下以圖八說明之：



圖八：擴增架構之 width 擴增

size 擴增架構則是應用在欲求特定 size，width=2 時所採用的演算法，舉 PCP[4,2] 為例：當現在想求 PCP[4,2] 時，則利用 PCP[2,2] 和 PCP[4-2,2] 兩個較小的 instance，組成 PCP[4,2] 較大的 instance 做為新的母體，同理，當欲求 PCP[k,2] 時，則會使用 PCP[2,2] 與 PCP[k-2,2] 組合來獲得 PCP[k,2] 所需基因繁衍的母體。底下以圖九來說明。

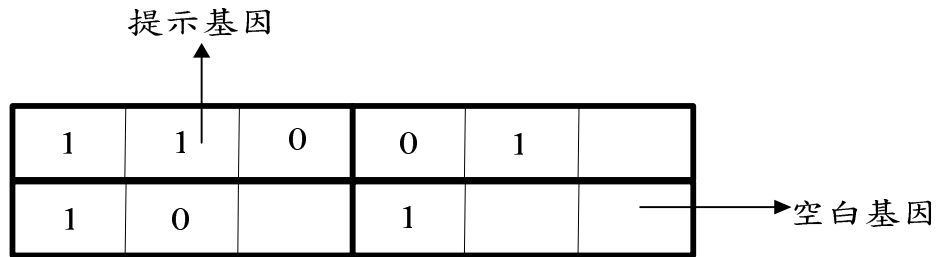
圖九(a)與(b)為 PCP[2,2] 的兩個例子，(c)則為擴增 size 成為 4 的例子，在此分成四個步驟，首先將圖九(a)的 pair 1 與 pair 2 的 upstring 置放於圖九(c)的 pair 1 與 pair 2 的 upstring 上，接著將圖九(b)的 pair 1 與 pair 2 的 upstring 置放於圖九(c)的 pair 3 與 pair 4 的 upstring 上，再將圖九(a)的 pair 1 與 pair 2 的 downstring 置放於圖九(c)的 pair 1 與 pair 2 的 downstring 上，最後將圖九(b)的 pair 1 與 pair 2 的 downstring 置放於圖九(c)的 pair 3 與 pair 4 的 upstring 上，便完成 size 擴增架構。



圖九：擴增架構之 size 擴增：藉由兩個 PCP[2,2] 組成一個 PCP[4,2]

### 第三節 PCP 基因重整繁衍之演算法

找到了特定 size 與 width 的適當母體後就可以進一步地繁衍特定 size 與 width 的母體，之後才可以開始使用「PCP 基因重整繁衍」的演算法，所謂的 PCP 基因重整繁衍法，就是將 PCP 中的提示數比喻為基因，將提示數稱之為「提示基因」；空白處稱之為「空白基因」，先前提到的 string 則是由提示基因與空白基因所依序組合而成，每一 string 是先由數個提示基因再緊接著零個或數個空白基因組合，且 pair 1 的 upstring 必須全為提示基因。在計算 string 長度時，通常忽略空白基因，總基因數等同於總格數，需視 size 與 width 大小不同而異。如圖十舉 PCP[2,3] 為例子，其總格數為  $size * width * 2 = 12$  格。



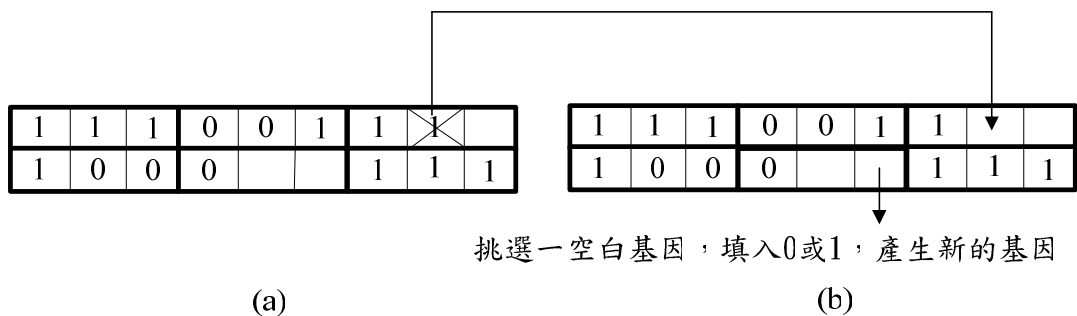
圖十：提示基因與空白基因

將這些基因做全面序列性的替換，組成一系列由相同母體產出但卻不同於母體的新基因組合便是「基因重整繁衍法」的概念由來。

透過較小 size 與 width 的母體擴增到特定 size 與 width 的母體之後再藉由 PCP 基因重整繁衍法產生該特定 size 與 width 的後代，再依擴增架構循序的繁衍產生該特定 size 與 width 的母體，便可快速地創造出數量龐大的 PCP 資料庫。

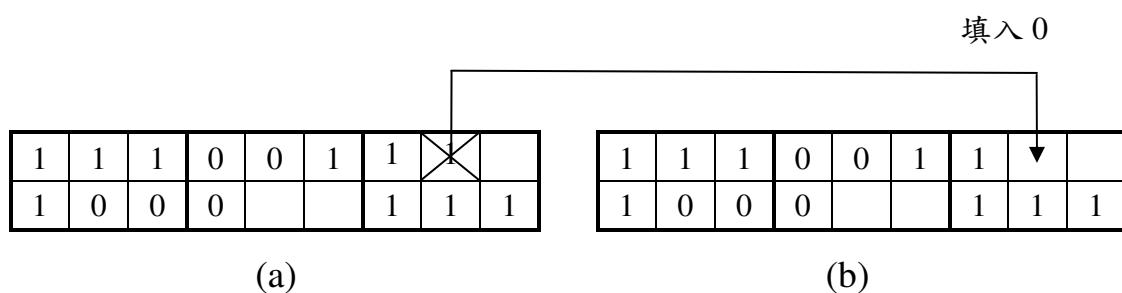
如何將基因做全面序列性的替換呢?首先，將特定 size 與 width 的 PCP instance 中的所有提示基因(也就是提示數)提列出來，每次挑選出一個提示基因(提示數)，尋找其他不同組成份子(除了原始提示數之外的數字 0~1)將其替換，直到所有提示基因(提示數)皆被替換過為止，因此每一個單一例子皆可透過 PCP 基因重整的方式，繁衍出一批具有血緣關係但又不同於母體的下一代。替換的方式有兩種，因而產生出兩種不同類別的基因組合。

第一類基因組合的方式為：依序挑選一個提示基因使之成為空白基因，之後再由原始盤面中挑選一個空白基因並填入 0 或 1，使之成為新的提示基因；以盤面來解說，就是挖空一個提示數，使該提示數所在位置顯示空白；在原挖空的提示數所在位置以外且未放置提示數的格位中依序填入 0 或 1 的數字，產生新的提示數組合，如圖十一。



圖十一：第一類基因組合

第一類基因組合方式會使得每一個母體可產生(提示基因數量×空白基因數量×2)個新的基因組合；以圖十一 PCP[3,3]為例說明，假設 PCP[3,3]的每一母體都如圖十一中(a)的例子一樣，提示基因數量皆為 15 個，空白基因數量皆為 3 個，則每一個母體例子因有 15 個提示數(基因)，所以有 15 種組合方式，另共有 3 個空白基因，所以有  $15 \times 3 = 45$  種組合，以及 0 或 1 個替補提示數(基因)，所以會有  $15 \times 3 \times 2 = 90$  種，故在此空白基因數量與提示基因數量下的母體可產生 90 種不同基因組合的可能候選例子。



圖十二：第二類基因組合

第二類基因組合方式為：選擇一個提示基因，並將 0~1 中與原提示基因不同的數字填入取代現有基因；以盤面來解說，同樣是挖空一個提示數，但在挖空的提示數位置，產生新的提示數(基因)組合，如圖十二。

第二類基因組合方式會使得每一個母體可產生(提示基因數量-1) 個新的基因組合，以圖十二 PCP[3,3]為例說明，假設每一母體皆如圖十二中的例子一樣，提示基因數量皆為 15 個，扣掉第一個格位數(由於要避免同型中 complement 發生)不取代之外，故每一個母體可產生 14 種不同基因組合的可能候選例子。

結合第一類以及第二類的基因組合方式，每一個母體例子共可產生  $90+14=104$  個新生例子，在本論文中稱之為「子代候選例子」；依照母體的例子數量可以產生(母體數 $\times$ 104)個「子代候選例子」，後續再經過一系列的篩檢程式產出最終的合法有解子代。篩檢步驟將於第三章中作細部描述。上述計算當中是假設每一個母體例子的提示基因數量為 15 與空白基因數量為 3 時所得到的子代候選例子，實際情況則會依不同例子的提示基因數量與空白基因數量不同而會產生不同的可能候選例子數量。