

Mendel의 법칙을 이용한 새로운 유전자 알고리즘

A New Genetic Algorithm based on Mendel's law

정우용* 김은태** 박민용***

Wooyong Chung, Euntai Kim, Mignon Park

Abstract - Genetic algorithm was motivated by biological evaluation and has been applied to many industrial applications as a powerful tool for mathematical optimizations. In this paper, a new genetic optimization algorithm is proposed. The proposed method is based on Mendel's law, especially dominance and recessive property. Homologous chromosomes are introduced to implement dominance and recessive property compared with the standard genetic algorithm. Because of this property of suggested genetic algorithm, homologous chromosomes looks like the chromosomes for the standard genetic algorithm, so we can use most of existing genetic operations with little effort. This suggested method searches the larger solution area with the less probability of the premature convergence than the standard genetic algorithm.

Key Words : Genetic Algorithm : Homologous Chromosome : Mendel : Optimization

1. 서 론

1975년 J. H. Holland의 제안[1]으로부터 시작된 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm)은 컴퓨터가 발전함에 따라 실생활의 최적화 문제 등을 해결하는데 적용할 수 있게 되었으며[2][3], 제어[4], 신경망[5], Robotics[6], 영상분석, 전자기학 시스템, 항공기의 설계, Mobile manipulators, Home Network, 의학 개발 등의 분야에서 사용되고 있다. 이처럼 유전자 알고리즘이 성공적으로 실생활에 적용된 경우는 광범위하게 퍼져 있으며 그 영역은 더욱 넓어지고 있다.

이처럼 유전자 알고리즘이 여러 가지 문제를 해결하기 위해서 필요한 것은 더 넓은 영역을 탐색할 수 있어야 한다는 점이다. 이것은 대부분 교배(Crossover), 변이(Mutation), 선택(Selection) 등의 유전자 연산의 개선을 통해서 이루어진다. 우리는 유전자 연산이 아니라 기존 염색체의 형태를 변형하여 성능을 향상시키는 방법을 연구하였으며 이것은 상동염색체로 표현하여 멘델의 우성 및 열성의 법칙이 적용될 수 있도록 하였다. 이것은 상동염색체가 우성 및 열성의 법칙에 따라 실제로는 일반적인 염색체처럼 보이게 된다. 일반적인 염색체처럼 보이는 특징으로 기존에 존재하는 유전자 연산 대부분을 사용할 수 있다. 따라서 기존 알고리즘의 특징에 유전자 구조로부터 얻은 넓은 탐색 영역이 더해져서 더욱 좋은 성능을 가질 수 있게 된다. 따라서 더 넓은 탐색영역을 기반으로 기존에 존재하는 많은 유전자 알고리즘을 통해서

더 좋은 결과를 찾아낼 수 있게 된다.

본 논문은 5장으로 되어 있으며 1장에서는 서론으로 기본적인 유전자 알고리즘과 본 알고리즘의 특징을 간략하게 설명하고, 2장에서는 제안된 유전자 알고리즘의 기반인 멘델의 법칙을 설명하였다. 3장에서는 멘델의 법칙을 적용한 유전자 알고리즘에 대하여 설명하였으며 4장에서는 기존 유전자 알고리즘과의 성능 비교를 하였다.

2. 멘델의 법칙

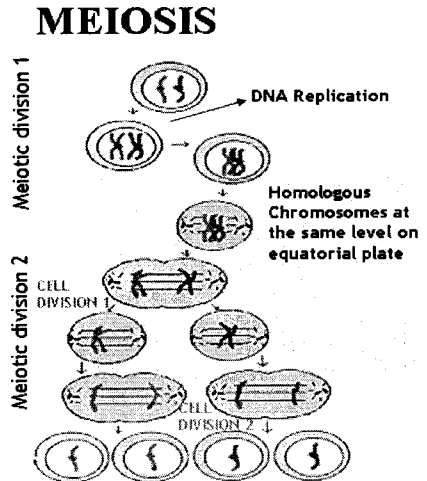


그림 1. 세포분열

본 연구는 산업자립부 차세대 사업으로 지원되었습니다.

- * 學生會員 : 延世大學 電氣電子工學科 碩士課程
- ** 正 會 員 : 延世大學 電氣電子工學科 助教授 · 工博
- ***正 會 員 : 延世大學 電氣電子工學科 正教授 · 工博

세포분열은 체세포분열과 감수분열로 구분된다. 체세포분열의 경우는 새로 생성된 세포는 원래의 세포와 같은 염색체를 가지게 된다. 하지만 생식세포가 형성될 때 일어나는 감수분열의 경우는 그림 1에서와 같이 자기 복제 후에 교차 과정을 통해서 변형된 염색체가 생성된다. 이처럼 감수분열의 과정을 거친 생식세포의 교배를 통하여 새로운 종이 생성될 때 일정한 유전법칙이 적용되는데 이것을 멘델의 유전법칙이라 한다.

멘델의 유전법칙은 우열의 법칙(우성형질만이 나타남), 분리의 법칙(다음 세대에는 전 세대에 없던 열성 형질이 3:1로 분리되어 나타남), 독립의 법칙(서로 다른 형질을 지배하는 유전자는 각각 독립적으로 행동하여 형질을 나타내는데 하나의 염색체에 하나의 유전자가 위치)이 있다. 이러한 특성을 살펴보면 열성인자는 한 세대에서 표현되지 않지만 그 다음 세대에서는 표현될 확률을 가지고 있다.

3. 멘델의 법칙을 적용한 유전자 알고리즘

3.1 멘델의 법칙 도입배경

유전자 알고리즘이 최적화된 값을 찾는 것에 뛰어난 능력을 보이는 하지만 때로는 그 외의 값에 수렴하게 될 경우가 있기 때문에 넓은 범위를 찾도록 해야 한다. 따라서 이러한 문제를 해결하기 위해서 roulette selection, ranking method, normal geometric selection, varying population size 등의 많은 알고리즘들이 제시되었다. 본 논문에서 제시하는 방법은 이러한 방법들의 접근 방법이 다른 멘델의 우성/열성의 법칙을 사용하여 넓은 영역을 찾을 수 있도록 하는 것에 목적을 두었다.

3.2 상동염색체(Homologous chromosome)의 구조

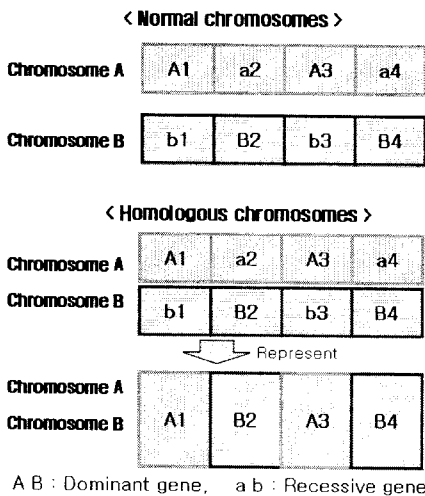


그림 2. 상동 염색체 (Homologous Chromosome)

일반적인 유전자 알고리즘에서 사용되는 염색체의 형태는 그림 2의 normal chromosome처럼 각 염색체가 따로 존재하

는 형태를 갖는다. 하지만 이 논문에서 제시한 유전자 알고리즘은 일반적인 모양과는 달리 그림 2의 homologous chromosome의 형태로 표현하였다. 이것은 단지 두개의 염색체를 합친 것이 아니라 두개의 염색체를 합친 후에 각 유전자는 우성특징을 가진 유전자에 의해서 표현된다. 따라서 두개의 염색체이지만 하나의 염색체의 특징을 나타내고, 분리되었을 경우는 각 염색체의 특징을 가지게 된다. 하지만 대부분 그냥 분리되는 것이 아니라 교차와 변이과정을 통해서 새로운 염색체의 형태로 표현된다.

3.3 유전자 알고리즘의 구현

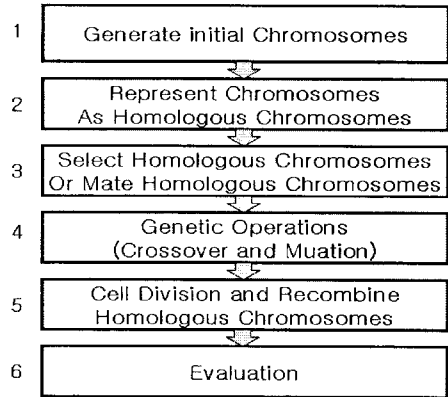


그림 3. 멘델의 법칙을 이용한 유전자 알고리즘

멘델의 법칙을 이용한 유전자 알고리즘의 구현은 상동염색체를 사용하는 것 이외에는 일반 알고리즘의 구현과 거의 같다. 처음에 일반적인 초기 염색체를 생성하며(1) 생성된 염색체를 합쳐서 상동염색체로서 표현한다(2). 다음부터는 일반적인 절차와 같이 염색체를 각 성능과 선택 방법에 따라서 선택하고 새로운 세대의 틀을 갖춘다(3). 새로운 세대에 유전자 연산(교배, 변이 등)을 적용하고(4), 이들을 2차 감수분열의 결과처럼 생식세포의 형태로 표시하였다가 재결합을 통해서 새로운 세대의 상동염색체로 표현한다(5). 마지막으로 새로 생성된 염색체들의 성능을 평가한다(6).

4. 시뮬레이션

제안된 알고리즘은 염색체의 형태를 바꾸기는 하였지만 기존 알고리즘의 개념에 토대를 가지고 만들었기 때문에 기존의 알고리즘을 그대로 사용할 수 있을 뿐만 아니라 기존의 알고리즘의 변형하여 새로운 알고리즘을 만들어낼 수도 있다. 따라서 시뮬레이션은 우리가 흔히 알고 있는 가장 단순한 유전자 알고리즘(Roulette Wheel Selection, Arithmetic Crossover, Non-uniform Mutation)을 사용하였으며, 유전자 알고리즘의 특징인 초기 세대의 영향이 큰 것을 고려하여 초기 세대는 모두 같은 것을 사용하여 비교·분석 하였다. 평가함수(Evaluation Function)는 이미 유전전자 알고리즘에서 많이 사용하고 있는 함수를 사용하였다.

$$Evaluation\ Function = x + 10 \sin(5x) + 7 \cos(4x)$$

	Selection	Crossover (P = 0.3)	Mutation (P = 0.3)
Normal GA 1	Roulette Wheel	Arithmetic	non-Uniform
Normal GA 2	Normal Geometric	Arithmetic	non-Uniform
Proposed GA	Modified Roulette	Arithmetic	non-Uniform

표 1. 각 시뮬레이션에 사용된 유전자 연산

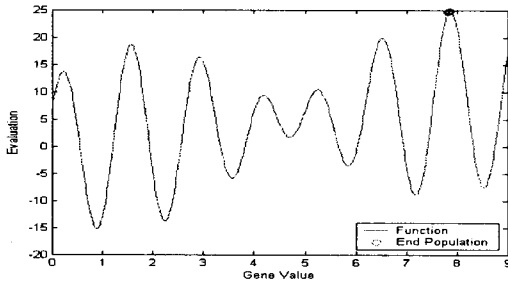


그림 4 Normal GA 1,2 (after 25 generation)

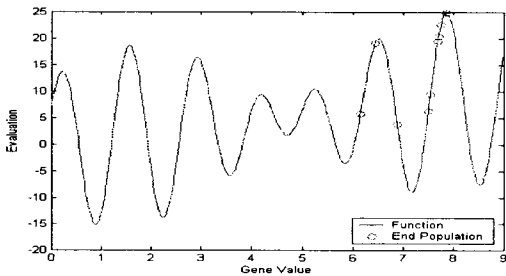


그림 5. Proposed GA (after 25 generation)

	pop size	rate of finding optimal value	average of best value	optimal value
Normal GA 1	10	0.30 (30/100)	21.1538	24.855
Normal GA 2	10	0.36 (36/100)	21.3368	24.855
Proposed GA	10	0.35 (35/100)	21.4585	24.855
Normal GA 1	16	0.45 (45/100)	22.1336	24.855
Normal GA 2	16	0.46 (46/100)	22.2369	24.855
Proposed GA	16	0.51 (51/100)	22.4046	24.855

표 2. 각 시뮬레이션을 100회 반복한 결과

그림 4에서처럼 기존 방법의 경우는 대부분이 한 값으로만 수렴하는 것에 반해 제안된 알고리즘의 경우는 그림 5에서 알 수 있듯이 마지막 세대의 염색체들이 최적 값에만 몰려 있는 것이 아니라 여전히 그 주위를 찾고 있는 것을 알 수 있다. 마지막 세대의 염색체들의 수렴된 값이 최적 값일 경우는 상관없지만 때로는 그 이외에 값에 수렴하는 경우도 많다. 이것을 확인하기 위하여 표 2에서처럼 최적의 값을 찾는 확률을 각 알고리즘에 대하여 비교하였으며, 제안된 방법이 기존 알고리즘에 비해서 5~6% 더 많은 최적 값을 찾는 것을 볼 수 있다.

따라서 같은 초기 세대에 대하여 제안된 알고리즘이 기존의 방식보다는 좀 더 넓은 영역을 탐색하여 최적의 값을 찾는 것을 알 수 있다.

5. 결 론

앞의 시뮬레이션 결과에서 볼 수 있듯이 본 논문에서 제안한 방법인 메텔의 우성/열성의 법칙을 적용한 유전자 알고리즘은 기존의 방법보다 더 넓은 영역을 찾을 수 있다는 장점을 보여준다. 또한 기존의 유전자 연산을 그대로 사용할 수 있기 때문에 기존의 유전자 알고리즘을 이 알고리즘에 적용하여 다양한 변형을 만들어낼 수 있을 것이며 더욱 성능을 향상시킬 수 있을 것이다.

하지만 이 방법은 기존의 것보다는 더 많은 연산이 필요하게 되고, 수렴속도도 느리다. 즉, 기존 알고리즘보다 시간이 더 걸리게 된다는 것을 의미한다. 또한 한 상동염색체를 버릴 경우 일반적인 경우의 2개의 염색체를 버리는 것과 같으므로 이로 인한 손실도 있다. 수렴 속도의 향상과 상동염색체의 선택 및 제거과정은 앞으로 해결되어야 할 문제이다.

참 고 문 헌

- [1] Holland, J.H., "Adaptation in Natural and Artificial Systems", University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975
- [2] David B. Fogel, "Evolutionary Computation : A New Transaction", *IEEE Trans. Evolutionary Computation*, vol. 1, no. 1, pp.1-2, April 1997
- [3] Tomas Bäck, Ulrich Hammel, and Hans-Paul Schwefel, "Evolutionary Computation: Comments on the History and Current State", *IEEE Trans. Evolutionary Computation*, vol. 1, no. 1, pp.3-17, April 1997
- [4] A. Varsek, T. Urbancic, B. Filipic, "Genetic algorithms in controller design and tuning", *IEEE Trans. Systems, Man and Cybernetics* vol.23, Issue.5, pp.1330-1339, Sept.-Oct. 1993
- [5] B.G. Kermani, S.S. Schiffman, H.T. Nagle, "Using neural networks and genetic algorithms to enhance performance in an electronic nose", *Biomedical Engineering, IEEE Trans.*, vol.46, Issue.4, pp.429-439, April 1999
- [6] S.S. Ge, T.H. Lee, G. Zhu, "Genetic algorithm tuning of Lyapunov-based controllers: an application to a single-link flexible robot system", *IEEE Trans. Industrial Electronics*, vol. 43, Issue. 5, pp.567 - 574, October. 1996
- [7] Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, 3rd Edition", Springer-Verlag, pp.13-30, 95-105, 1996
- [8] David A Coley, "An Introduction to Genetic Algorithms for Scientists and Engineers", World Scientific, pp.17-33, 1999
- [9] Yiu-Wing Leung, Yuping Wang, "Multiobjective Programming Using Uniform Design and Genetic Algorithm", *IEEE Trans. Systems*, vol. 30, no. 3, pp.293-304, August 2000