

유전 알고리즘의 성능 향상을 위한 자기-적응형 교배 기법

이종현^o 임동현 안창욱*

성균관대학교 정보통신공학부 진화알고리즘연구실(SEAL)
{ljh08375, logicboom}@skku.edu. *cwan@evolution.re.kr (교신)

A Self-Adaptive Crossover for Improving Performance of Genetic Algorithms

Jong-Hyun Lee^o, Dong-Hyun Lim, Chang Wook Ahn*

Sungkyunkwan Evolutionary Algorithms Lab. (SEAL)
School of Information & Communication Engineering, SungKyunKwan University

요 약

본 논문에서는 유전 알고리즘의 성능 향상을 위해 교배(Crossover) 기법의 중요 매개변수인 교배 교차점(Crossover Point)의 수를 개체군(Population)의 진화 과정 중에 적응적으로 변화 할 수 있는 자기-적응형(Self-Adaptive) 교배 기법을 제안한다. 이를 위해 제안 교배 기법은 전체 개체군을 다수개의 작은 개체군들로 군집화(Grouping)하여 일차적으로 서로 다른 교차점을 갖는 교배 기법을 적용시키고, 그 후 각 군집의 개체(Individual)들의 선택률을 기반으로 군집들간의 경쟁을 수행한다. 이는 유전 알고리즘이 개체군의 진화 과정 중에 문제에 적합한 교차점을 갖는 교배 기법을 적응적으로 사용할 수 있도록 한다. 또한 제안 교배 기법은 진화 과정 중에 교차점이 지속적으로 변화되므로 알고리즘 초반에는 높은 탐색 능력을 보유하게 되고 후반에는 높은 부분-해(Building-Block) 보존 능력을 지니게 되어, 최적 해(Optimal Solution)로의 수렴 능력이 향상된다. Deceptive 문제를 통해 제안 자기-적응형 교배 기법과 기존(고정 교차점) 교배 기법의 성능을 비교 하였으며, 실험 결과로부터 제안 교배의 성능 우위를 확인하였다.

1. 서 론

유전 알고리즘(Genetic Algorithms: GA)은 다윈(Darwin)의 진화론에 기초한 최적 해를 탐색하기 위한 알고리즘으로서 John Holland에 의해 1975년에 소개되었다[1]. GA는 휴리스틱 알고리즘들 중의 하나로 다양한 분야에서 복잡한 문제들을 해결하는데 사용되고 있다. 여러 가지의 최적 탐색 알고리즘들이 존재하지만, GA는 해 집단 내에서 개체(Individual)들의 경쟁과 교배(Crossover)를 통해 해가 진화하며 최적 해를 찾아간다는 점에서 특별함을 보인다[1-7].

GA는 개체군, 선택기법, 교배기법, 교배 확률(P_c), 돌연변이 확률(P_m) 등 다양한 매개변수들을 갖는다. 이 매개변수들은 알고리즘의 성능에 중대한 영향을 끼치는 요인으로서, 효과적으로 문제를 해결하기 위해 신중히 고려해서 설계해야 할 부분이다. 그러나 최적의 매개변수를 찾아내는 것은 쉽지 않다. 좋은 매개변수를 찾기 위해 일반적으로 사용되어온 방법은 매개변수 조율(Parameter Tuning)이다. 이 방법은 각 매개변수를 변경하며 여러 차례 시도하여 가장 성능이 좋은 매개변수를 찾아 내는 방법이다[3]. 그러나 이 방법은 앞서 언급한 다섯 개의 매개변수에 다섯 가지 값의

경우만 고려해도 5^5 으로 3,125가지의 경우가 존재하게 된다. 또한 일반적으로 좋은 매개변수인지 판단하기 위해 50회 이상 세대를 거쳐 테스트 하기 때문에, 이를 모두 시험해보는 것은 매우 많은 시간을 소모하게 만든다. 그렇기 때문에 이러한 시간의 소모와 비효율성을 줄이기 위해서, 유전 알고리즘이 실행되고 있는 동안 매개변수를 변화시켜 더 효과적인 매개변수를 찾는 방법인 매개변수 제어 기법(Parameter Control)이 연구되고 있다.

이에 본 논문에서는 매개변수 제어 방법 중 하나인 자기-적응(Self-Adaptive)[3]을 이용한 새로운 교배 기법을 제안하고, 이를 Deceptive 문제[2]에 적용하여 기존의 교배 방법과 성능을 비교 분석한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2 장에서는 기존의 교배 기법에 대해 논의하고, 3 장에서는 새로운 교배 기법을 통한 유전 알고리즘의 성능 향상 방안을 제시한다. 4 장에서는 Deceptive 문제에 제안한 교배 기법을 적용하고, 기존의 교배 기법과 성능을 비교 분석하여, 5 장에서 결론을 맺는다.

2. 기존 교배 기법

유전 알고리즘에서 교배는 선택된 우수한 개체 간의 형질(Gene) 교환을 통해 개체를 재조합(Recombination) 하는 역할을 한다. 이러한 교배와 선택(Selection)으로 인해 개체는 우수한 형질을 이어받아 최적 해(Optimal Solution)로 점차 근접하게 된다. 여기에서 최적 해는 부분-해(Building Block : BB)들의 집합으로 이루어지기 때문에, 교배가 이 부분-해를 잘 보존하고 새로운 부분-해를 잘 찾을 수 있어야 최적 해에 효율적으로 도달할 수 있다.

교배 기법에는 1-point, N-point, Uniform 등이 있다. 1-point 교배는 개체에서 임의의 한 점을 선택하여, 그 점을 기준으로 형질을 나누고, 그 나뉜 형질을 두 부모 개체가 서로 교환하는 방법이다. 이 기법은 한 점을 기준으로 형질을 나누기 때문에, 다른 기법에 비해 상대적으로 부분-해의 손상(disruption)이 적은 편이지만, 새로운 부분-해를 찾아내기 위한 탐색 능력(search capability)이 낮아진다. 한편 N-point 교배는 임의의 N개의 점을 기준으로 부모 개체 간에 형질을 교환 하는 방법으로, N을 1에 가까운 숫자로 지정하게 되면, 1-point 교배와 유사해지고, 이와 반대로 N을 높은 숫자로 지정하여 교차점이 많아지면 부분-해의 손상 가능성은 높아지지만, 탐색 능력이 높아지게 된다. Uniform 교배는 각 형질에 대해 확률적으로 교환 여부를 결정하기 때문에, N-point 교배에서 N을 높은 숫자로 정했을 때와 유사한 결과가 나온다.

앞서 언급한 교배들에서는 부분-해의 보존과, 탐색 능력이 서로 상충 관계(Trade-off)에 있기 때문에, 동시에 두 가지 모두를 만족시키는 것은 어렵다. 그리고 어느 한 교배 기법이 항상 좋다고 할 수도 없다. 예를 들어 만약 부분-해가 아주 작아서 각 하나의 형질이 부분-해가 된다면, 교배로 인한 부분-해의 손상 우려가 없기 때문에 높은 탐색 능력을 갖는 Uniform 교배가 가장 좋은 성능을 낼 것이다. 그러나 부분-해가 손상 될 수 있는 경우라면, 탐색 능력이 떨어지지만 부분-해의 보존 능력이 높은 다른 교배가 더 좋은 성능을 낼 수도 있을 것이다. 이처럼 문제의 부분-해에 의존적으로 최적의 교배 기법이 달라지게 되기 때문에, 교배의 방법 또한 유전 알고리즘의 성능을 좌우하는 주요 매개변수 중 하나라고 할 수 있다. 현실 세계의 문제에서는 부분-해의 형태를 알 수 있는 경우보다 그렇지 못한 경우가 더 많다. 그리고 개체군의 수를 증가시키면 탐색 능력이 높아지기 때문에 일반적으로 탐색 능력보다 부분-해의 보존에 더 비중을 둔, 1-point 교배나 2-point 교배를 사용한다. 하지만 개체군 수의 증가는 더 많은 연산을 필요로 하기 때문에 전체적인 알고리즘 속도가 느려지는 단점이 있다. 그래서 효율적인 성능을 갖는 교배 기법을 찾기 위해서는 매개변수 조절 과정을 거쳐야 하지만 매개변수 조절은 서론에서 말한 바와 같이 많은 시간을 소모하게 하고 효율적이지 않다는

단점이 존재한다.

3. 제안 자기-적응형 교배 기법

본 장에서는 2 장에서 말한 기존 교배 기법의 성능을 향상 시키고 자기 적응(self-adaptive)적인 매개변수 제어 방안을 모색한다. 교배의 교차점(Crossover Point)의 수는 교배 기법을 결정 짓는 주요한 매개변수이다. 이 매개변수의 결정은 일반적으로 매개변수 조절에 의해 이루어지는데, 이는 서론에서 말한 바와 같이 시간과 노력을 소모하게 만들고 효율적이지 않다. 따라서 본 논문에서는 이러한 점을 개선하기 위해 알고리즘의 동작 전에 직접 매개변수를 정해주는 것이 아닌, 동작 중에 매개변수가 자체적으로 변화하여 상대적으로 더 좋은 값에 스스로 수렴되도록 하고자 한다. 이를 위해 매개변수는 동작 중에 각 세대의 선택 결과에서 적합성을 피드백 받는다. 제안 교배 기법은 속도에는 영향을 끼치지 않고, 결과가 우수한 교배 기법을 판단하기 위해 교배 교차점 간의 경쟁기법을 적용한다. 교배 교차점 간의 경쟁기법은 더 문제에 적합한 교배를 거친 개체가 더 높은 적합성을 갖게 될 것이고, 전체 개체간의 선택 경쟁에서 더 많이 선택될 것이라는 가설을 토대로 한다. 따라서 전체 개체군을 여러 군집(Group)으로 나누어, 각각 다른 교배를 수행하게 하고, 이와 같은 교배 기법 사이의 경쟁을 각 세대마다 반복하게 되면, 최종적으로는 문제에 가장 적합한 교배 기법만이 남게 된다는 것이다. 이것은 본 논문에서 목표한 것처럼, 교배의 교차점에 대한 매개변수 조절 없이 문제에 적합한 교배를 수행할 수 있게 한다.

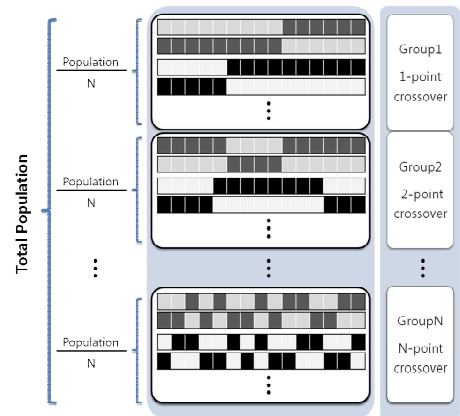


그림 1. 전체 개체군과 군집의 구성도

전체적인 알고리즘의 흐름은 그림 2의 순서도와 같고, 구체적으로 다음과 같이 진행된다.

먼저, 처음 알고리즘의 시작 단계에서 전체 개체군을 그림 1과 같이 일정한 크기의 군집으로 나누고, 각

군집에 서로 다른 교배의 교차점 수를 지정한다. 그림 2의 순서도와 같이 기존의 유전 알고리즘과 동일하게, 적합성 평가와 선택 연산을 순차적으로 수행한다. 그 다음 각 군집에 지정되어 있는 교차점의 수 대로 교배 연산을 수행한다. 그 후 돌연변이 연산과 수렴 여부 판단을 수행하고, 다시 적합성 평가와 선택 연산을 한다. 이때 선택 연산에서 선택된 개체들이 가장 많이 포함되어 있는 군집을 최적 군집, 가장 적게 포함되어 있는 군집을 최악 군집으로 지정한다. 그리고 교배 연산을 하기 전에, 최적 군집의 교차점 수를 최악 군집의 교차점 수에 대입해 주며, 전체 값이 수렴할 때까지 세대를 반복하여 알고리즘을 진행한다. 교배의 교차점 수는 군집 간에 적자생존을 통해 상대적으로 우수한 매개변수가 더 많은 군집들을 차지하게 되고, 최종적으로는 하나의 매개변수로 수렴하게 된다.

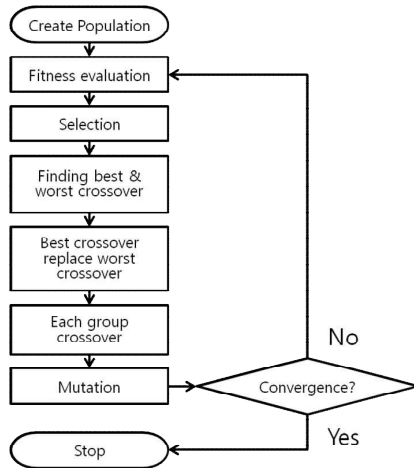


그림 2. 제안 알고리즘 순서도

4. 모의 실험을 통한 성능 검증

본 장에서는 3장에서 소개한 제안 알고리즘을 Deceptive 문제에 적용해 기존의 알고리즘과 성능을 비교 분석한다. 본 장에 사용된 실험 결과 그래프 그림 4, 그림 5, 그림 6, 그림 7은 실험을 50회 반복하여 얻은 결과의 평균값이다.

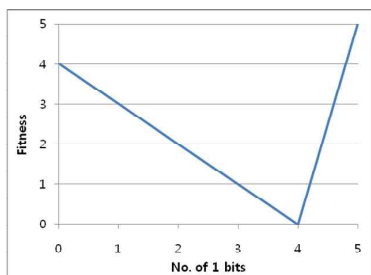


그림 3. Deceptive 함수

그림 3의 그래프는 5-bit Deceptive 함수의 그래프이다. 본 모의 실험에서는 그림 3과 같은 5-bit Deceptive 함수로 이루어진 Deceptive 문제에 각 교배 기법을 적용하여 결과를 비교하였다.

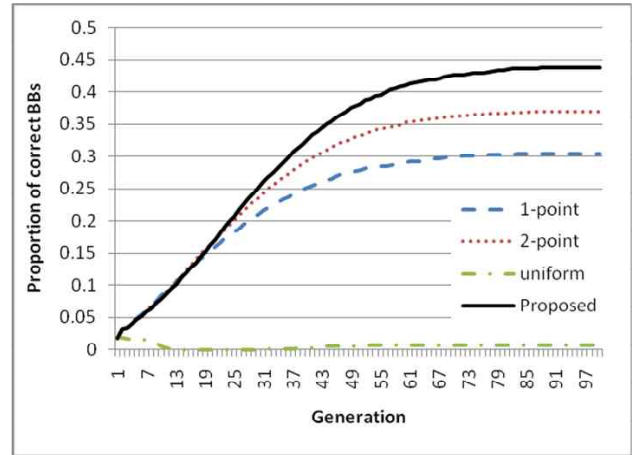


그림 4. 세대의 진행에 따른 각 교배별 성능

그림 4는 유전자 길이 300, 개체군수 200, 페어 와이즈 토너먼트 선택(pair-wise tournament selection), 교배 확률(P_c) 1.0, 돌연변이 확률(P_m) 0.0으로 모두 동일한 조건에서 서로 다른 교배를 Deceptive 문제에 적용한 결과이다. 그림 4에서의 'proposed'는 본 논문의 제안 교배 기법으로서 전체 개체군을 10개의 군집으로 나누고 각 군집에 1-point 에서 10-point의 교차점 개수 값을 지정해 주었다.

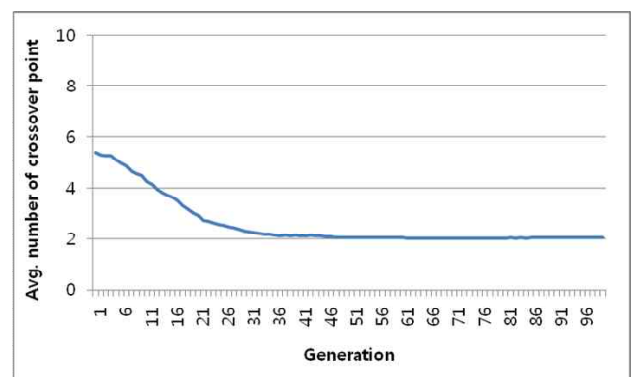


그림 5. 세대별 교배 교차점 개수의 평균 값

제안하는 새로운 교배는 초반에 높은 탐색능력을 위해 평균적으로 많은 교차점을 지닌 교배 연산을 수행하다가, 후반부로 갈수록 탐색 능력보다는 부분-해의 보존을 위해 적은 교차점 교배를 한다. 그림 5를 통해 평균

교차점 수의 변화를 볼 수 있다. 위 실험에서 교차점은 세대가 후반부로 감에 따라 2-point로 수렴해 감을 알 수 있다.

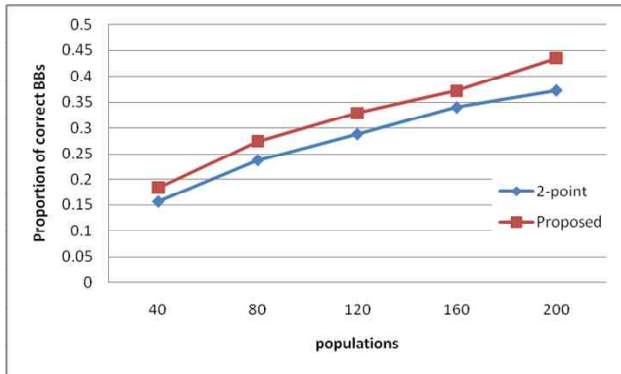


그림 6. 2-point 교배와 제안 알고리즘의 성능 비교1 (Length = 300, Generation = 100)

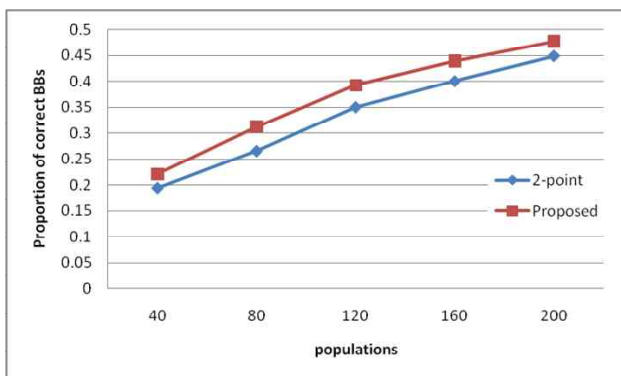


그림 7. 2-point 교배와 제안 알고리즘의 성능 비교2 (Length = 200, Generation = 100)

결과적으로 제안 교배 기법에서 군집들의 교차점 수는 2-point로 수렴하였다. 하지만 2-point 교배와 제안 알고리즘을 각 개체군과 길이로 비교한 그래프인 그림 6과 그림 7을 보면, 전체적으로 제안 알고리즘의 성능이 2-point 교배 보다 향상 되었기 때문에, 이 문제에서 최적의 교배 교차점 수가 2-point라고 하기는 어렵다. 유전 알고리즘 초반에는 부분-해가 상대적으로 적게 만들어져 있다. 때문에 초반에 부분-해의 보존보다 높은 탐색 능력을 가진 교배 기법이 더 좋은 성능을 낼 수 있게 된다. 따라서 제안 교배 기법이 수렴하게 된 2-point 교배보다 더 나은 성능을 보이게 된 이유는, 알고리즘 초반에 평균적으로 2-point 교차점보다 많은 교차점들로 교배가 이루어진 것 때문이라고 할 수 있다.

5. 결 론

본 논문에서 제안한 교배 알고리즘은 교배 교차점 수가 세대의 진행 과정에서의 피드백과 후보 교차점들 간의 생존경쟁을 통해 변화하며, 결과적으로 우수한 매개변수로 수렴하였다. 이로 인해 제안 알고리즘으로 교차점 매개변수를 조율하는 시간 소모적인 과정 없이 기존 알고리즘에 비해 더 적합성이 높은 해를 찾아낼 수 있었다. 또한 제안 교배 알고리즘은 수행 중 교차점 수의 감소에 의해서, 알고리즘의 초반에 높은 탐색 능력을 갖고, 후반에는 높은 부분-해의 보존성을 가질 수 있었다. 이로 인해 군집의 평균 교차점이 수렴한 2-point 교배보다 성능이 전체적으로 향상된 결과를 얻을 수 있었다. 하지만 확률적으로는 낮지만 초반부터 한 가지 교차점이 모든 군집에 존재하게 되어버리는 등 항상 교차점이 이상적으로 변하지 않는다는 문제점이 존재했다. 그럼에도 기존의 교배 기법보다 개선된 성능을 보였기 때문에, 이와 같은 점들이 보완된다면 더욱 좋은 교배기법이 될 가능성이 있다고 할 수 있다.

이 논문은 2010년도 정부(교육과학기술부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 기초연구사업임 (과제번호 2010-0015520).

6. 참고문헌

- [1] David E. Goldberg - Genetic Algorithms in Search and Optimization, and Machine Learning Reading, Addison-Wesley, 1989.
- [2] David E. Goldberg - Simple genetic algorithms and the minimal, deceptive problem, Genetic algorithms and simulated annealing, P74-88, 1987.
- [3] A.E. Eiben, Zbigniew Michalewicz, M. Schoenauer and J. E. Smith - Parameter Control in Evolutionary Algorithms, Parameter Setting in Evolutionary Algorithms, Volume 54, P19-46, 2007.
- [4] Kalyanmoy Deb, Karthik Sindhya, Tatsuya Okabe - Self-adaptive simulated binary crossover for real-parameter optimization, Genetic and Evolutionary Computation Conference, Genetic algorithms section: papers, P1187 - 1194, 2007.
- [5] CW Ahn and RS Ramakrishna - A Genetic Algorithm for Shortest Path Routing Problem and the Sizing of Populations, IEEE TRANSACTIONS ON EVOLUTIONARY COMPUTATION, vol. 6, no. 6, December, P566-579, 2002.
- [6] X Hue - Genetic algorithms for optimization: Background and applications, Edinburgh Parallel Computing Centre, Univ. Edinburgh, 1997.
- [7] Thomas Back - Self-adaptation in genetic algorithms, Toward a practice of autonomous systems : proceedings of the first European Conference on Artificial Life, P263-271, 1992.