

# Prüfer 수를 이용한 외판원문제의 유전해법 - A Genetic Algorithm for the Traveling Salesman Problem Using Prüfer Number -

이 재 승\*

Lee, Jae-Seung

신 해 웅\*\*

Shin, Hae-Woong

강 맹 규\*\*\*

Kang, Maing-Kyu

## ABSTRACT

This study proposes a genetic algorithm using Prüfer number for the traveling salesman problem(PNGATSP).

Nearest neighbor nodes are mixed with randomly selected nodes at the stage of generating initial solutions. Proposed PNGATSP adopts a few ideas which are different from traditional genetic algorithms. For instance, an exponential fitness function and elitism are used and Prüfer number is used for encoding TSP. Genetic operators are selected by experiments, which make a good solution among four combinations of conventional genetic operators and new genetic operators. For respective combinations, robust set of parameters is determined by the experimental designing approach. The feature of Prüfer number code for TSP and the search power of GA using Prüfer number is analysed.

The best is a combination of OX(order crossover) and swap, which is superior to the other experimented combinations of genetic operators by 1.0% ~ 12.8% deviation.

## 1. 서론

### 1.1 연구의 배경 및 목적

외판원문제(traveling salesman problem)는 고전적인 최적화 문제로서 외판원이 고객이 위치하고 있는 N개의 모든 지점을 오직 한 번씩만 방문하는 순회경로를 결정하는 과정에서 순회 비용 또는 순회거리를 최소화하는 문제이다. 이러한 외판원문제는 제약조건을 이완시키거나 변형시킴으로써 다양한 형태의 문제로 바꿀 수 있다. 외판원문제의 이러한 성격으로 인해 수리계획법의 주된 관심대상으로서 많은 연구가 이루어져 왔다[1].

최근 외판원문제의 연구에서는 계산시간, 해의 최적성 등에서 큰 진보를 이루었으나, 프로그림과 데이터구조의 복잡성은 더욱 커지는 결과를 초래하고 있다. 유전해법은 문제의 해법절차가 간결하고 외판원문제에서 매우 효과적인 해를 제시하는 해법절차이다[2]. 외판원문제에 유전해법을 적용하기 위하여 필요한 경로의 암호화는 다양한 방법이 제시되어 왔다.

---

\* 한양대학교 산업공학과 석사

\*\* 한양여자전문대학교 전자계산과 조교수

\*\*\* 한양대학교 산업공학과 교수

외판원문제의 경로를 암호화하는 방법에 따라 다양한 유전자 재조합 연산이 제시되고 있으며, 또한 같은 재조합 연산자가 암호화 기법에 따라 다른 탐색성능을 보이고 있다.

본 연구에서는 해의 암호화 기법으로 Prüfer 수[6]를 이용하는 외판원문제에 대한 유전해법(PNGATSP)을 제안하고, 해의 암호화 기법에 따른 적절한 유전자 재조합 연산의 분석과 개발에 중점을 두어 연구한다. Prüfer 수 암호화 기법에 적합한 상호교차 연산자와 돌연변이 연산자를 제시하고 Prüfer 수 암호의 특징을 알아본다.

### 1.2 외판원문제에 대한 기존 연구

최근 몇 년 동안 유전해법을 이용하여 외판원문제의 근사해를 구하려는 다양한 시도가 있었다. 유전해법에서 해의 암호에는 이진 문자열 및 일반 문자열의 두 가지가 있는데, 일반적으로 외판원문제의 암호로는 일반 문자열을 사용하는 것이 불가능해의 발생이 비교적 적을뿐만 아니라 불가능해의 수정이 용이하기 때문에 이진 문자열보다 일반 문자열이 더 적합한 것으로 인정받고 있다[5].

일반 문자열로 암호화하는 방법에는 인접점 표현법(adjacency representation), 서수 표현법(ordinal representation), 경로 표현법(path representation) 등이 있다. 인접점 표현법의 경우 전통적인 상호교차 연산을 적용하면 불가능해가 발생하며 불가능해를 수정하는 절차가 필요하며, 그리 좋은 결과를 보여주지 못하고 있다. 또한, 서수 표현법의 경우 전통적인 상호교차를 사용할 수 있기는 하지만, 적용했을 경우의 결과는 외판원문제에 적합한 결과를 보여주지 못하고 있다.

경로 표현법의 경우는 최근까지 PMX(partially-mapped crossover), OX(order crossover) 및 CX(cycle crossover) 등의 상호교차 연산이 정의되어 있는데, 모두 불가능해가 발생하며 수정 절차가 필요하다. 수행결과는 OX가 CX에 비해 15%, PMX보다는 11% 더 좋은 해를 찾은 것으로 보고되어 있다[5]. 최근의 연구에서 Chatterjee[2]는 무성생식형태의 상호교차 연산을 이용하여 탐색능력을 크게 개선하였다. TSP\_LIB[7]의 KroA100문제에서 해집단의 크기 1000, 세대교체의 횟수 3000에서 최적해에서 오차 0.7%에 해당하는 탐색능력을 보이고 있다.

## 2. PNGATSP의 개요

본 장에서는 PNGATSP와 일반적인 일반적인 유전해법을 비교하여 서술한다. 설계 요소와 각 요소 별로 본 연구에서 제안하는 기법과 일반적으로 사용되는 기법을 정리하면 표 1과 같다.

표 1. 유전해법의 기법비교

설계 요소	본 연구의 기법	일반적 기법
해의 암호화	일반 문자열	일반 문자열, 이진 문자열
초기해 생성	무작위 및 발견적 기법	무작위
해의 평가	순위형 적합도(exponential fitness) 상대적 적합도	목적함수변환형 적합도 상대적 적합도
부모선발	추계적 복원 샘플링(roulette wheel selection)	추계적 복원 샘플링(roulette wheel selection)
재조합 연산	상호교차 및 돌연변이, 적응적 연산자*	상호교차 및 돌연변이
세대교체	엘리트주의	(해당사항 없음)
종료조건	세대교체 횟수의 상한 유의한 개선이 없을 때	세대교체 횟수의 상한 유의한 개선이 없을 때

\*적응적 유전해법에서만 사용됨.

PNGATSP 모델은 일반적인 유전해법과 달리 해의 암호화에 Prüfer 수를 이용하고 있으며, 발견적 기법을 이용하여 초기해의 생성을 시도하고 해의 평가에 지수형 적합도(exponential fitness)를 이용하며 세대교체과정에서 현행세대의 최우수해가 다음세대에도 유지되는 엘리트주의를 사용하고 있다. 그리고 다양한 유전자 재조합연산자를 적용하여 그 탐색성능을 알아본다.

### 3. PNGATSP의 설계 및 절차

다음으로 3.1 절에서 3.6 절에 걸쳐 각 요소 기법별로 설계 내용을 기술하며, 3.7 절에서는 이들을 결합하여 해법절차로 종합하여 기술한다.

#### 3.1 해의 암호화

본 연구에서는 외판원문제의 경로를 표현하기 위해 Prüfer가 소개한 Prüfer 수를 사용한다. Prüfer 수는 기존 연구들에서 나무(tree)를 암호화하는데 사용되었으며, Prüfer 수는  $n$ 개의 노드를 가지는 나무를 나타내는데  $(n-2)$ 자리의 일반 문자열을 필요로 한다. Prüfer는 0과  $(n-1)$  사이의 정수로 이루어진  $(n-2)$ 자리의 Prüfer 수와  $n$ 개의 노드를 가지는 나무간에 일대일 대응 관계가 있음을 증명하였으며 이것은 각 노드번호가 0과  $(n-1)$ 사이의 정수인  $n$ 개의 노드를 가지는 나무를 유일하게 표현하는  $(n-2)$ 자리의 Prüfer 수가 존재함을 뜻한다[6, 9]. Zhou등[9]은 차수제한이 있는 최소걸침나무문제에서 걸침나무를 암호화하는데 Prüfer 수를 사용하였다. Prüfer 수를 구성하는 특정 정수가 나타나는 횟수를  $d$ 라고 했을 때 특정 정수의 차수는  $(d+1)$ 가 된다.

외판원문제의 경로를 Prüfer 수로 표현하기 위해서 본 연구에서는 외판원문제의 경로에서 한 개의 호를 제거하여 외판원문제의 경로를 걸침나무로 변환한다.  $n$ 개의 호(arc)가 있으므로 어느 호를 제거하는가에 따라 서로 다른  $n$ 개의 걸침나무가 만들어 질 수 있다. 이것은 유전해법에서 해는 동일하나  $n$ 개의 서로 다른 유전암호가 존재하게 됨을 뜻한다. 그리하여 제거하는 호를 외판원문제의 경로에서 노드의 순서번호가 가장 작은 노드(0번 노드)와 이웃한 두 노드 가운데 그 순서번호가 큰 노드와의 사이에 호로 고정하여 유전암호와 외판원문제의 경로가 일대일 대응이 되게 한다. 외판원문제의 경로를 암호화하는 절차는 다음과 같다. 다음에서 외판원문제의 경로를  $T$ , Prüfer 수 암호를  $P$ 라 하자.

- 단계1. 외판원문제 경로  $T$ 에서 순서번호가 0인 노드의 이웃한 두 노드 중 순서번호가 큰 노드와의 호를 제거한다.
- 단계2. 구성된 경로  $T$ 에서 경로의 시작과 끝 노드 가운데 순서번호가 작은 쪽의 노드를  $i$ 라고 하자.
- 단계3. 만약 노드  $j$ 가 노드  $i$ 에 이웃한 노드이면  $j$ 를 암호  $P$ 에 추가한다. 구성된 암호가 존재하면 암호의 오른쪽에  $j$ 를 추가한다.
- 단계4. 노드  $j$ 를 외판원경로  $T$ 에서 삭제한다.
- 단계5. 단계2에서 단계4의 절차를 한 개의 호(두개의 노드)가 남을 때까지 반복한다. 그리하여 Prüfer 수를 생성하며 0과  $(n-1)$ 사이의 정수로 구성된  $(n-2)$ 자리의 유전 암호가 된다.

예를 들어, 외판원문제의 경로  $T : 3 - 4 - 0 - 1 - 5 - 6 - 2 - 3$  를 Prüfer 수  $P$ 로 표현하는 과정은 다음과 같다.

1. 노드 0 과 4와 의 호를 T에서 삭제  
 T: 3 - 4 0 - 1 - 5 - 6 - 2 - 3                      P:
2. T에서 4, 0 비교, 0에 이웃한 1을 Prüfer 수에 추가, 0을 T에서 삭제  
 T: 3 - 4                      1 - 5 - 6 - 2 - 3                      P: 1
3. T에서 4, 1 비교, 1에 이웃한 5를 Prüfer 수에 추가, 1을 T에서 삭제  
 T: 3 - 4                      5 - 6 - 2 - 3                      P: 1 5
4. T에서 4, 5 비교, 4에 이웃한 3을 Prüfer 수에 추가, 4를 T에서 삭제  
 T: 3                      5 - 6 - 2 - 3                      P: 1 5 3
5. T에서 3, 5 비교, 3에 이웃한 2를 Prüfer 수에 추가, 3을 T에서 삭제  
 T:                      5 - 6 - 2                      P: 1 5 3 2
6. T에서 5, 2 비교, 2에 이웃한 6을 Prüfer 수에 추가, 2를 T에서 삭제  
 T:                      5 - 6                      P: 1 5 3 2 6
7. T에 두 개의 노드가 남았으므로 종료

또한 구성된 Prüfer 수는 다음의 암호 해석절차에 의하여 유일한 외판원문제의 경로로 복원할 수 있다. 다음에서 P를 Prüfer 수,  $\bar{P}$ 를 P에 포함되지 않은 모든 노드의 집합이라 하자.

- 단계1.  $\bar{P}$ 에 속하는 두개의 노드사이에 경로 T를 구성한다.
- 단계2.  $\bar{P}$ 에 속하는 두개의 노드 중 순서번호가 작은 노드를 i를 하고, 새로 구성할 경로의 후보노드로 선정한다.
- 단계3. j를 P의 가장 왼쪽에 위치하는 노드라 하자. i와 j를 연결하는 호를 구성하고 j를 P에서 제거한다. i를 구성된 경로의 양끝을 구성하는 두개의 노드 가운데 작은 순서번호를 가지는 노드로 갱신한다. i를 새로 구성할 경로의 후보노드로 선정한다.
- 단계4. Prüfer 수에 노드의 순서번호가 남아 있으면 단계 3을 반복한다. 아니면 경로 T의 양끝 노드를 호로 연결하면 외판원문제 경로가 구성된다.

예를 들어, Prüfer 수  $P=(1\ 5\ 3\ 2\ 6)$ 를 외판원문제의 경로 T로 해석하는 과정은 다음과 같다.

1. P에 포함되지 않은 노드로 구성된 호(0 4)를 T에 추가  
 P: 1 5 3 2 6                      T: 0 -                      4 - 0
2. T에서 0과 4를 비교, 호(0 1)을 T에 추가, P에서 1삭제  
 P: 5 3 2 6                      T: 0 - 1                      4 - 0
3. T에서 1과 4를 비교, 호(1 5)를 T에 추가, P에서 5삭제  
 P: 3 2 6                      T: 0 - 1 - 5                      4 - 0
4. T에서 5와 4를 비교, 호(4 3)을 T에 추가, P에서 3삭제  
 P: 2 6                      T: 0 - 1 - 5                      3 - 4 - 0
5. T에서 5와 3을 비교, 호(3 2)를 T에 추가, P에서 2삭제  
 P: 6                      T: 0 - 1 - 5                      2 - 3 - 4 - 0
6. T에서 5와 2를 비교, 호(2 6)을 T에 추가, P에서 6삭제  
 P:                      T: 0 - 1 - 5                      6 - 2 - 3 - 4 - 0

7. P에 남은 노드가 없으므로 호(5 6)을 T에 추가하고 종료

$$T: \quad 0 - 1 - 5 - 6 - 2 - 3 - 4 - 0$$

전술한 방법으로 외판원문제의 경로를 Prüfer 수로 암호화하면 암호의 각 특성치가 서로 다른 정수값을 갖게 된다. 만약 같은 특성치가 있을 경우 해당 특성치는 차수가 3이상으로 선형의 걸침나무가 될 수 없으므로 외판원문제의 경로를 나타낼 수 없게 되어 외판원문제의 암호가 될 수 없다. 본 연구에서 가능해 조건으로 암호에서 각 특성치가 서로 다른 값을 갖도록 한다. 이러한 Prüfer 수의 특성으로 인해 가능해 여부를 쉽게 평가할 수 있으며 유전해법이 유전자 재조합 연산에서 간결성을 확보하게 된다.

### 3.2 초기해집단의 생성

유전해법에서는 일반적으로 초기해집단을 무작위적으로 구성한다. 이러한 무작위적인 생성에 의해 해공간의 전체 영역에 대해 고르게 샘플링하는 효과를 기대할 수 있다.

본 연구에서는 무작위적인 생성방법과 함께 발견적 기법에 의한 초기해 생성을 시도한다. 발견적 기법에 의한 초기해의 생성은 최근거리인접점 절차를 이용한다. 이는 유전해법의 수렴특성을 개선하기 위한 시도로서 구체적으로는 수렴속도와 최종해의 최적성을 동시에 향상시키고자 하는 것이다. 초기 해집단의 크기는  $L=L_1+L_2$ 로서  $L_1$ 는 무작위적인 생성방법에 의해 만들어진 초기 해집단의 크기이고,  $L_2$ 는 발견적 초기해의 혼입비율  $p_{greedy}(=L_2/L)$ 로 삼입되는 호들에 의해 생성된 초기 해집단의 크기이다.

### 3.3 해의 적합도 평가

일반적인 유전해법에서는 해의 적합도를 평가하기 위하여, 비용함수를 평가한 후 이를 비용의 증가형 적합도 함수로 변환하기 위해 -1을 곱하거나 매우 큰 수치를 더해주는 방법을 사용하고 있다. 그러나 이렇게 하는 경우 각 개체 해 간의 상대적인 우위를 과대 혹은 과소 평가할 위험이 존재한다. 본 연구에서는 이러한 문제를 해결하는 방법으로 Gen등[3]이 사용한 지수형 적합도의 순위에 근거한 척도조정방법을 이용한다. 지수형 적합도의 평가 절차는 다음과 같다. 다음에서 해집단을 구성하는 각 개체 해의 개수를  $pop\_size$ , 각 개체 해를  $v_i(i = 1, 2, \dots, pop\_size)$ , 해집단에서 각 개체 해의 순위를  $r(v_i)$ 라 하자.

단계1. 해집단의 각 개체해  $v_i$ 에 대한 외판원문제의 목적함수  $Z = \sum_{(i,j)} C_{ij}x_{ij}$ 를 계산하여 각 개체해의 순위  $r(v_i)$ 를 결정한다.

단계2. 세 개의 선택인자  $p_1, p_0, p_2$ 를 선정한다( $0 < p_1 < p_0 < p_2 < 1$ ). 이 인자들은 특정순위 값  $r_1, r_2, r_3$ 를 결정한다.  $r_1, r_2, r_3$ 는 각각  $\lfloor p_1 \cdot pop\_size \rfloor, \lfloor p_0 \cdot pop\_size \rfloor, \lfloor p_2 \cdot pop\_size \rfloor$ 가 된다.

단계3. 해집단의 각 개체해에 대한 지수형 적합도  $u_i$ 를 계산한다. 해집단에서 순위가  $r_1, r_2, r_3$ 인 개체해에 대해서 각각  $2 - e^{-1} \approx 1.63, 1, e^{-1} \approx 0.37$ 의 지수형 적합도를 갖게 한다.

순위  $r(v_i)$ 와 지수형 적합도  $u_i$ 사이의 관계는 식 1과 같다.

$$u_i = \begin{cases} 2 - \exp\left[-\frac{r(v_i) - r_0}{r_1 - r_0}\right] & r(v_i) < r_0 \\ \exp\left[-\frac{r(v_i) - r_0}{r_2 - r_0}\right] & r(v_i) \geq r_0 \end{cases} \quad \dots (1)$$

최종적으로 유전해법에서는 해집단을 구성하는 개체들 간의 지수형 적합도에 근거하여 유전자 재조합 과정에 참여할 부모해를 선발한다. 지수형 적합도에 근거한 평가함수는 식 (2)와 같다.

$$eval(v_i) = u_i / \sum_{j=1}^{pop\_size} u_j \quad \text{--- (2)}$$

### 3.4 부모해의 선발 및 복제

본 연구에서는 비교적 단순하고 많은 유전해법에서 사용되는 추계적 복원 샘플링 기법 중의 하나인 roulette-wheel parent selection을 사용하며 절차는 다음과 같다[4].

단계1. 식 (3)에 의해 각 개체해  $v_i$ 에 대한 누적확률을 계산한다.

$$q_0 = 0$$

$$q_i = \sum_{j=1}^i eval(v_j), \quad i = 1, 2, \dots, pop\_size \quad \text{--- (3)}$$

단계2. [0, 1]에 속하는 실수  $r$ 을 무작위로 발생시킨다.

단계3.  $q_{i-1} < r < q_i$ 을 만족하는  $i$ 번째의 개체해  $v_i$ 를 선택한다.

단계4. 단계2와 단계3을  $pop\_size$ 만큼 반복한다.

### 3.5 유전자의 재조합

본 연구의 Prüfer 수 암호는 개체해의 각 특성치가 서로 다른 값인지를 비교함으로써 불가능해의 여부를 판정할 수 있다. 이것은 외판원문제의 경로를 암호화하는 가장 일반적인 기법인 경로 형태의 암호화 기법에서 불가능해를 판정하는 방법과 유사하다. 그리하여 본 연구에서는 경로 형태의 암호화 기법을 사용한 유전해법에서 사용되는 유전자 재조합 연산자를 사용한다.

암호화 기법으로 Prüfer 수를 사용하면서 유전자 재조합 연산자가 서로 다른 4가지의 PNGATSP 모델을 설계하고 각 연산자의 탐색성능을 비교한다. 3.5.1은 상호교차와 돌연변이를 이용한 3가지의 유전자 재조합 연산자의 조합을 설명하며 3.5.2는 적응적 연산자에 대하여 설명한다.

#### 3.5.1 상호교차 및 돌연변이를 이용한 유전해법

최근까지 경로형태의 암호화 기법에서 사용되는 상호교차 연산자는 1-cut 상호교차(1-cut crossover), OX(order crossover), PMX(partially mapped crossover), CX(cycle crossover) 등이 있다. 1-cut 상호교차는 암호에서 한 개의 자르는 위치를 임의로 선택하고 암호의 잘린 부분을 상호교환하는 방식으로 이루어진다.

OX의 경우는 두 개의 부모해에서 한쪽에서는 일부 경로를, 다른 한쪽의 부모에서는 나머지 노드의 순서를 가져오는 방법으로 두 개의 자손해를 만드는데 경로형태의 암호화 기법에서 PMX나 CX보다 좋은 탐색능력을 보이고 있다[5]. OX의 절차를 예를 통하여 살펴보면 다음과 같다. 다음에서 PA와 PB는 부모 암호 문자열을 뜻하며 “x” 표시는 상호교차 수행중의 특성치가 정해지지 않은 위치를 뜻한다.

PA: 1 5 | 3 2 | 6  
PB: 1 3 | 2 5 | 4

상호교차의 위치가  $d1 = 2$ ,  $d2 = 3$  일 경우 특성치의 위치가 2, 3인 특성치를 상호교환하여 PA'와 PB'을 구성한다. ---

PA': x x | 2 5 | x  
 PB': x x | 3 2 | x

부모해 PA의 두 번째 잘린 위치에서 시작하여 PA의 각 특성치를 PA'로 복사한다. 복사시 PA의 마지막 위치에 도달하면 다시 PA의 처음부터 차례대로 특성치를 PA'에 복사한다. PA'의 각 위치를 채워 나가다가 마지막 위치에 도달하면 복사할 위치를 PA'의 처음위치로 이동시킨다.

PA': 1 x | 2 5 | 6

복사시 PA'에 이미 존재하는 특성치는 제외하며 그 다음 값으로 채워나간다.

PA': 1 3 | 2 5 | 6

이러한 방법으로 자식 문자열 PC를 구성한다. PD도 동일한 방법으로 구성한다.

PC: 1 3 | 2 5 | 6  
 PD: 1 5 | 3 2 | 4

또한 새로운 상호교차 연산자의 수렴성능도 실험을 통하여 알아보는데 이것을 Prüfer 상호교차라 정의한다. PMX에서는 발생한 불가능해를 가능해로 수정해 나가는 과정에서 또 다른 불가능해를 유발할 수 있으므로 반복되는 확인 과정과 수정이 필요하기 때문에 바람직하지 않다. Prüfer 상호교차는 수정과정에서 불가능해를 발생시키지 않으며 그 절차는 다음과 같다.

다음에서 암호 문자열은 (n-2)개의 특성치 위치를 가진다.

단계 0. 부모 암호 문자열 PA와 PB를 선택한 후 각각 암호 문자열 PA'와 PB'로 복사한다.

교차할 특성치 위치의 개수  $C_{Prüfer}$  ( $0 < C_{Prüfer} < n-2$ )를 무작위로 구한다.

단계 1. 임의의 특성치의 위치 i를 선택한다. ( $1 \leq i \leq n-2$ )

단계 2. PA'와 PB'의 특성치 위치 i의 특성치를 상호교환한다.

단계 3. 상호교환후 PA'에 i번째 특성치와 같은 특성치가 i이외의 위치에 이미 존재할 경우 i이외의 위치에 있는 특성치를 상호교환전에 PA'의 특성치로 수정한다.

단계 4.  $C_{Prüfer}$ 의 개수만큼 단계 1에서 단계4를 반복하여 자식 문자열 PC와 PD를 구성한다.

본 연구에서는 상호교차 연산을 수행한 후 불가능해가 발생하는 특성과 그 수정의 용이성에 의하여 실험할 상호교차 연산자들을 선택한다. 그리하여 본 연구에서는 실험을 위해 1-cut 상호교차, OX 및 Prüfer 상호교차에 대하여 실험을 수행한다.

돌연변이 연산자로는 역전(inversion), 삽입(insertion), 변위(displacement), 상호교환(reciprocal exchange) 등이 있는데 본 연구에서는 교환(swap) 및 교체(replacement)연산을 사용한다. 교환연산은 개체해 문자열의 임의의 두 특성치의 위치를  $p_{swap}$ 의 적용비율로 교환한다. 교체연산은 Prüfer 수를 구성하는 특성치의 집합 P와 집합 P에 속하지 않은 특성치의 집합  $\bar{P}$ 에서 P와  $\bar{P}$ 의 특성치 한 개씩을 적용비율  $p_{rep}$ 의 비율로 교체하는 연산이다. 교체연산의 적용비율  $p_{rep}$ 는 식 (4)와 같이 정하는데 P에 포함된 각 노드와  $\bar{P}$ 에 포함된 각 노드가 돌연변이 연산의 동일한 기회를 부여받게 한 것이다. 식 (4)에서  $n(P)$ 는 P집합의 노드개수를 나타낸다.

$$p_{rep} = 2 * p_{swap} * n(\bar{P})/n(P) \quad \text{--- (4)}$$

### 3.5.2 적응형 유전해법

본 연구에서는 유전자 재조합 연산자로서 적응교환을 이용한 외판원문제의 적응적 Prüfer

수 유전해법(PNAGATSP)을 설계하고 탐색 및 수렴성능을 실험을 통하여 알아본다. 적응형 유전해법은 재조합연산으로서 복제와 적응교환(adaptive swap)을 사용한다.

다음은 교환연산의 예로서 교환연산에서 교환되는 두 특성치의 차이가 클수록 실제 외판원 문제의 경로가 적게 유지되는 경향을 보이고 있다. 이것은 특성치의 값의 차이가 클수록 외판원 경로에서 변화가 일어날 가능성이 커짐을 뜻한다. 다음에서 P, C<sub>i</sub> 및 T<sub>i</sub>는 각각 부모해, 자손해 및 경로를 나타내며 T<sub>i</sub>의 -는 P에 존재하는 호를 나타낸다.

- P: 1 5 4 7 2 6      T<sub>1</sub>: 0 - 1 - 5 - 2 - 6 - 7 - 4 - 3 - 0
- 1) 특성치의 차이가 1일 때(교환노드 5, 6), 유전된 경로수: 6  
 C<sub>1</sub>: 1 6 4 7 2 5      T<sub>2</sub>: 0 - 1 6 - 2 - 5 7 - 4 - 3 - 0
- 2) 특성치의 차이가 1일 때(교환노드 5, 4), 유전된 경로수: 6  
 C<sub>2</sub>: 1 4 5 7 2 6      T<sub>3</sub>: 0 - 1 - 5 7 - 6 - 2 4 - 3 - 0
- 3) 특성치의 차이가 3일 때(교환노드 1, 4), 유전된 경로수: 4  
 C<sub>3</sub>: 4 5 1 7 2 6      T<sub>4</sub>: 0 4 1 7 - 6 - 2 - 5 3 - 0
- 4) 특성치의 차이가 3일 때(교환노드 5, 2), 유전된 경로수: 3  
 C<sub>4</sub>: 1 2 4 7 5 6      T<sub>5</sub>: 0 - 1 2 4 5 6 - 7 3 - 0

1)에서 Prüfer 수 P의 특성치 5는 외판원 문제의 경로 T<sub>2</sub>에서 노드번호 1과 3의 크기를 비교하여 둘 중 번호가 작은 1과 호를 구성한다. 해석절차의 다음 단계에서 구성될 P의 특성치 4는 T<sub>1</sub>의 노드번호 5와 3을 비교하여 경로에서 구성위치를 정한다. 그런데 만약 교환연산이 수행되어 P가 C<sub>1</sub>으로 바뀌게 되면 C<sub>1</sub>의 특성치 4는 T<sub>1</sub>에서 노드번호 6과 3을 비교하게 된다. 즉, 특성치 4는 P와 C<sub>1</sub>에서 비교대상이 각각 5와 3에서 6과 3으로 바뀌었다. 5에서 6으로 바뀐 경우는 두 값의 차이가 1이기 때문에 비교결과 구성위치는 바뀌지 않게 되며 구성 후 외판원 문제에서 4는 동일한 위치에 구성되었다.

4)에서와 같이 P의 암호에서 특성치의 차이가 3인 2와 5가 교환되면 특성치 4는 비교대상이 5와 3에서 2와 3으로 바뀌어 T<sub>4</sub>에서와 같이 경로에서 그 구성위치가 바뀌게 된다. 즉, 비교대상이 되는 두 노드번호 중 하나가 전체 노드번호 중에 비교적 큰 차이의 특성치로 바뀔수록 구성위치의 선정에서 변화를 일으킬 가능성이 커지는 것이다.

적응교환연산은 적용비율 p<sub>swap</sub>의 비율로 연산을 수행할 때 특정 세대의 이전 해집단의 최우수해와 현재대의 최우수해를 비교하여 해의 개선 정도에 따라 교환할 두 노드의 특성치 차이에 기준이 되는 값을 결정한다. 교환을 시도하는 두 특성치의 차이에 기준이 되는 값을 교환기준값 S<sub>swap</sub>이라 정의한다. 그리고 두 특성치의 차이가 교환기준값보다 작을 때 교환을 허용한다.

교환기준값의 결정은 세대교체의 일정한 회수가 지난 후 최우수해를 저장하고 있다가 그로부터 다시 일정한 세대가 지난 후 최우수해와 차이가 초기해에 비교하여 그 개선의 정도에 따라 교환기준값을 정한다. 즉, 교환기준값의 수정은 전체 세대교체횟수의 일정시기마다 수행되며 식 (5)와 같이 계산된다.

$$S_{\text{swap}} = (1-N)(s_{i-1} - s_i) / s_0 + N \quad \text{--- (5)}$$

식에서 N은 문제의 노드개수, s<sub>0</sub>는 초기해, s<sub>i</sub>는 I번째 세대의 최우수해이다. 적응교환연산은 교환연산의 변형과 같은 방법으로 교체연산도 변형된 형태로 포함한다.

전술한 바와 같이 적응형 유전해법은 적응교환연산에서 Prüfer 수의 특징을 이용하여 탐색 성능을 높이기 위한 시도이다. 개선이 잘 될 때는 교환기준값을 작게 하여 외판원 경로에서의 변화를 비교적 적게함으로써 해공간의 특정구간에 대한 탐색능력을 크게 한다. 반대로 개선이



잘 되지 않을 때는 교환기준값을 크게 하여 외판원경로에서의 큰 변화도 허용함으로써 탐색되는 해공간의 크기를 크게 하는 효과가 있다. 여기에서 3.1절에 기술된 해의 암호화 기법과 해석방법 및 3.5절에 기술된 유전자 재조합 과정을 통해 외판원문제의 경로를 Prüfer 수로 암호화했을 때 특성을 요약하여 보면 다음과 같다.

첫째, Prüfer 수의 암호 문자열의 특성치 위치가 암호 문자열의 왼쪽에 있는. 첫 특성치로부터  $n$ 번째에 위치한 특성치는 실제 외판원문제의 경로에서도 첫 특성치의 노드에서  $(n+2)$ 번째 이내에 있으며 암호 문자열의 특성치 위치가 암호 문자열의 오른쪽에 있는 마지막 특성치에서  $n$ 번째에 위치한 특성치는 실제 외판원문제의 경로에서도 마지막 특성치의 노드에서  $n$ 번째 이내에 있게 된다.

둘째, 이웃한 번호의 특성치가 특성치의 위치를 서로 바꾸면 외판원문제의 경로에서는 연속하여 위치한 일부분의 노드들이 역전된다.

셋째, 특성치의 위치를 바꿀 두 특성치의 값의 차이가 클수록 실제 외판원문제의 경로에서 변화가 일어날 가능성이 커진다.

넷째, 암호 문자열의 임의의 특정 부분에서 그 앞에 위치한 특성치의 상대적 크기에 따라 Prüfer 수의 특정 부분이 동일하다 할지라도 실제로 발현되는 경로는 다르게 나타날 수 있다.

### 3.6 세대 교체 및 종료조건

본 연구에서는 현행 세대의 가장 우수한 해는 다음 세대에도 항상 존속되도록 보장하는 엘리트 주의(elitism) 기법을 사용한다[8]. 유전해법의 종료 조건은 일반적으로 사전에 설정한 세대 교체의 최대 횟수에 도달할 때까지 반복하도록 설정하거나, 일정 기간 동안 유의한 해의 개선이 없을 때까지 반복하도록 설정하고 있다. 본 연구에서는 이들 두 가지 형태의 종료 조건을 진행 과정에서 동시에 검토하여, 두 조건 중에서 하나라도 만족되는 순간에 해법절차를 종료하도록 한다.

### 3.7 유전해법의 절차

전술한 각 요소 기법을 종합하여 상호교차 연산자로 Prüfer 상호교차와 돌연변이 연산자로 교환 및 교체를 사용하는 PNGATSP의 절차를 정리하면 그림 1과 같다. 상호교차 연산자와 돌연변이 연산자를 사용하는 나머지 PNGATSP는 각각 아래의 단계 1.2.3에서 상호교차시 해당 상호교차 연산자를 수행하는 것이 외의 해법절차는 동일하다.

적용적 유전해법인 PNAGATSP의 절차는 그림 1에서 1.2.3[상호교차]와 1.2.4[돌연변이]를 제외한 나머지 항목은 상호교차와 돌연변이를 사용한 유전해법과 그 절차가 동일하다. 상호교차와 돌연변이 대신에 적용교환을 사용한다.

## 4. 실험 및 분석

실험을 위하여 3장에서 제시한 해법절차를 Visual C++ 4.1을 이용하여 프로그램하였다. 수행은 Pentium 100MHz CPU, 메모리 16M를 장착한 IBM호환 PC에서 수행하였다.

본 실험의 목적은 3장에서 전술한 유전해법에서 가장 우수한 탐색 및 수렴성능을 보이는 연산자를 선정하고 최적 매개변수 수준을 찾는 것이다. 유전해법의 탐색 및 수렴성능은 각종 매개변수의 설정치에 따라 달라질 수 있으므로, 각기 다른 연산자로 이루어진 유전해법의 탐색 및 수렴성능을 비교하기 위해서는 각 연산자에 대한 매개변수 최적화작업이 필요하다. 각 해법의 성능을 비교하기 위하여, 매개변수의 값을 설정하고 실험계획법적인 접근에 의하여 매개변수 최적화작업을 수행한다. 그리고 최우수연산자와 최적 매개변수 수준에서 해법의 성능을 알아본다.

**단계 0. [초기화]**  
 $t = 0$ 로 설정한다.  $L$ 개의 초기 외판원문제경로  $T(p)$ 를 구성한다( $p = 1, 2, \dots, L$ ). 초기경로로 구성시 각 단일 경로를 구성할 때마다 적용비율  $p_{greedy}$ 로 최근인접점경로를 구성한다. 나머지 경로는 무작위로 구성한다. 그리고 구성된 경로를 암호화하여 초기해집단  $P(t)$ 를 구성한다.

**단계 1. [세대교체의 반복]**  
 $P(t)$ 를 구성하는 모든 해에 대하여, 종료조건에 도달할 때까지 다음의 단계를 반복적으로 수행한다.

1.1 [해의 적합도 평가 및 최우수해 갱신]  
 외판원문제경로  $T(p)$ 를 구성하고 비용  $C(p)$ 를 평가하여 개체해  $v_i (i = 1, 2, \dots, pop\_size)$ 의 순위  $r(v_i)$ 를 평가한다. 이를 바탕으로 지수형 적합도  $u_i$ 를 평가한다.  $BS(t)$ 가  $S^*(t)$ 보다 열등하다면  $WS(t)$ 를  $S^*(t)$ 로 대체한다.

1.2 [복제 및 유전자 재조합]  
 새로운 자손 세대를 구성하기 위하여 다음 단계를 반복 수행한다.

1.1.1 [부모해의 선발]  
 지수형 적합도와 추계적 복원 샘플링 기법에 의해 한 쌍의 부모해  $v_1$  및  $v_2$ 를 선발한다.

1.2.2 [복제]  
 선발된 부모해  $v_1$  및  $v_2$ 를 자손해  $v_3$  및  $v_4$ 로 복제한다.

1.2.3 [상호교차]  
 복제된 한 쌍의 자손해  $v_3, v_4$ 에 대하여 상호교차를 시도한다. 적용비율  $p_{prufer}$ 와 교차크기  $c_{prufer}$ 에 의하여 Prüfer 상호교차를 시도한다.

1.2.4 [돌연변이]  
 적용비율  $p_{swap}$ 와  $p_{rep}$ 에 의하여 각각 교환 및 교체를 수행한다.

1.3 [세대교체 및 종료조건 검사]  
 $t = t+1$ 로 설정한다. 유전자 복제 및 재조합과정에 의해 새롭게 구성된 신세대로  $P(t)$ 를 교체한다.  $t$ 가 최대횟수  $T$ 에 도달하면 종료한다. 아니면 단계1을 반복한다.

그림 1. 유전해법의 절차

#### 4.1 유전해법의 매개변수 최적화

실험을 위하여 사용한 기준문제는 모두 대칭형 외판원문제이며 TSP\_LIB[7]에 제시된 문제로서 표 2와 같다.

표 2. 기준문제

문제번호	문제이름	노드개수	최적해
1	eil51	51	426
2	kroA100	100	21282
3	PCB442	442	50778

그리하여 유전해법에서 사용되는 연산자의 종류에 따라 총 4가지의 유전해법을 실험한다. 각 유전해법에 대한 실험에서 사용되는 연산자는 표 3과 같다. 각 실험에서 사용되는 최근인접점 혼입비율( $p_{greedy}$ ), 상호교차( $p_{cross}$ ), 교환( $p_{swap}$ ) 및 적용교환은 각각 0, 0.25, 0.5, 0.75 및 1.0의 등간격으로 각 실험조합에서 사용되는 연산자의 모든 조합에 대하여 실험한다.

표 3. 각 유전해법에서 사용되는 유전자 재조합 연산자

해법	상호교차 연산자	돌연변이 연산자
1	1-cut 상호교차	교환, 교체
2	OX	교환, 교체
3	Prüfer 상호교차	교환, 교체
4	(해당 없음)	적용교환*

\*적용적 연산자임.

표 4. 문제 1의 해법별 최적 수준

해법	적용된 연산자	최적수준	평균값	표준편차	최우수해	최적해와의 오차(%)	
						평균값	최우수해
1	최근인접점	1.0	463.4	4.03	458	8.7	7.5
	1-cut 상호교차	0					
	교환	1.0					
2	최근인접점	1.0	454.2	2.71	445	6.6	4.4
	OX	0.25					
	교환	0.25					
3	최근인접점	1.0	508.8	4.10	449	19.4	5.4
	Prüfer 상호교차	0.75					
	교환	0.25					
4	최근인접점	1.0	458.4	1.96	456	7.6	7.0
	적용교환	1.0					

표 5. 문제 2의 해법별 최적 수준

해법	적용된 연산자	최적수준	평균값	표준편차	최우수해	최적해와의 오차(%)	
						평균값	최우수해
1	최근인접점	1.0	23614.4	291.84	23117	10.7	8.6
	1-cut 상호교차	0.25					
	교환	0.5					
2	최근인접점	1.0	22974	183.08	22798	7.9	7.1
	OX	0.25					
	교환	0.25					
3	최근인접점	1.0	23612.8	506.49	23117	10.9	8.6
	Prüfer 상호교차	0.75					
	교환	0.5					
4	최근인접점	1.0	23326.2	18.62	23117	9.6	8.6
	적용교환	0.5					

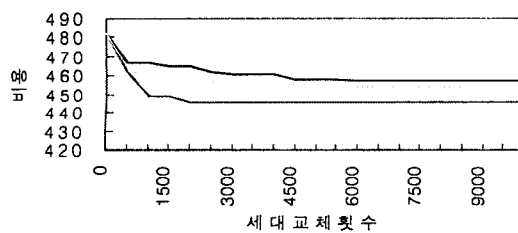


그림 2. 문제 1, 해법 2에서 최적수준의 수렴과정

각 해법은 문제별로 각 수준 조합에 대하여 각각 5회 반복하여 실험을 한다. 기준문제에서 문제 3은 매개변수 최적화 작업 시 과도한 시간이 소요되므로 매개변수 최적화를 위한 실험에서 제외한다. 따라서, 매개변수 최적화를 위한 총 실험 횟수는 4000 (= (125 x 3 x 5 + 25 x 5) x 2)회이다. 또한 해집단의 크기는 모든 문제에서  $L = 100$ 으로 설정하였으며 세대교체 횟수는 문제마다 다르게 하였는데 문제 1은  $T = 10000$ , 문제 2는  $T = 15000$ 으로 설정하였다.

실험을 수행한 후 문제별로 해법별 최적수준 및 최우수해를 살펴보면 표 4 및 표 5와 같다. 표에서 보는 바와 같이 문제 1과 문제 2의 최적수준과 최우수해에서 모두 상호교차 연산자로 OX를 사용한 경우가 가장 우수한 결과를 보이고 있다. 그림 2는 문제 1의 해법 2에 대한 최악, 평균, 최선의 수렴과정을 보이고 있다.

#### 4.2 최적 매개변수 수준과 최우수 연산자의 결정

두 문제에 전반적으로 우수한 결과를 보이는 매개변수 수준조합을 찾기 위하여 문제별로 실험결과치를 정규화하여 최우수 연산자와 최적 매개변수 수준을 결정한다. 표 6은 문제 1과 문제 2의 실험결과치의 정규치에 의한 최우수 연산자와 최적 매개변수 수준을 5위까지 나열한 것이다. 가장 우수한 탐색 및 수렴성능을 보이는 유전해법은 해법 2인데 상호교차 연산자로서 OX를 쓰고 돌연변이 연산자인 교환(Swap) 및 교체를 사용한 해법이며 최적 매개변수의 수준 조합은 최근인접점 혼입비율이  $p_{greedy} = 1.0$ 이고 OX의 적용비율  $p_{ox} = 0.25$ 이며 교환연산의 적용비율이  $p_{swap} = 0.25$ 이다. 또한 문제 1, 문제 2 모두 같은 최적 매개변수 설정치를 보이고 있다. 해법 1, 해법 3, 해법 4에서 문제1과 문제 2가 다른 최적 매개변수 설정치를 보이고 있는데 비해 건전성의 개념에서 볼 때 바람직한 결과이다.

표 6. 정규치에 의한 최우수 연산자와 최적 매개변수 수준

순위	적용된 연산자	수준조합	정규치		평균
			문제1	문제2	
1	최근인접점	1.0	-0.9098	-1.0238	-0.9668
	OX	0.25			
	교환	0.25			
2	최근인접점	1.0	-0.8839	-1.0229	-0.9534
	OX	0.5			
	교환	0.25			
3	최근인접점	1.0	-0.8826	-0.9961	-0.9393
	적용교환	1.0			
4	최근인접점	1.0	-0.8606	-0.9991	-0.9298
	OX	0.25			
	교환	0.5			
5	최근인접점	1.0	-0.8593	-0.9895	-0.9244
	Prüfer 상호교차	0.75			
	교환	0.25			

#### 4.3 최우수 연산자와 최적 매개변수 수준에서의 성능실험

각 매개변수의 수치를 최적 수준 조합( $p_{greedy} = 1.0$ ,  $p_{ox} = 0.25$ ,  $p_{swap} = 0.25$ )으로 설정한 상태에서 기준문제에 대한 성능 실험 결과를 제시한다. 본 절의 실험결과, 문제 1의 경우 해집단의 규모는  $L = 100$ , 최대 교체횟수의 상한  $T = 20000$ 에서 최적해에 평균 4.5%의 오차율을 보였으며 최우수해는 440로서 최적해에서 3.2%의 오차율을 보였다. 또한 기준문제에서 문제2와 문제 3에 대하여 각각 5회 및 1회씩 수행하여 구한 결과를 최근 연구인 Chatterjee[2]의 결과와 오차율과 최우수해를 기준으로 비교하여 표 7로 제시한다.

표 7. 최적 수준에서의 실험결과와 기존 연구와의 비교

구분	문제 2(kroA100)		문제 3(PCB442)	
	본 연구	Chatterjee	본 연구	Chatterjee
해집단의 크기	100	100	442	442
세대교체 횟수의 상한	200000	200000	470000	850000
최적해와의 오차율(%)	7.2	1.8	8.3	3.2
해집단의 크기	1000	1000	2000	2000
세대교체 횟수의 상한	3000	3000	160000	320000
최적해와의 오차율(%)	6.9	1.78	6.3	3.5

표 7에 나타난 본 연구의 결과에서 문제 3의 경우 1회 실험결과 해집단의 크기  $L = 2000$ , 세대교체 횟수의 상한  $T = 160000$ 에서 최적해에 오차율 6.3%인 해를 찾았으며 값은 53960이다. 본 연구의 결과는 기존 연구의 결과에 다소 미치지 못하는 결과를 보이고 있다. 이것은 4.5절에서 알아본 외판원문제의 경로를 Prüfer 수로 암호화하였을 때의 특성에 의한 것으로 보인다. 즉, 동일한 스키마가 선행하는 특성치의 값의 크기에 따라 외판원문제의 경로가 다르게 나타나는 특성에 의하여 특정부분의 동일한 스키마가 해의 최적성에 있어서 다르게 평가될 수 있기 때문에 유전해법의 탐색성능을 다소 저하시키는 것으로 보인다.

그러나 4.1절에서 매개변수 최적화를 수행한 실험의 결과를 보면 유전해법들 가운데 OX와 교환을 사용한 유전해법이 나머지 유전해법에 비해 1.0% ~ 12.8% 우수한 수렴성능을 보이고 있다. 실험에서 OX와 교환을 사용한 유전해법이 나머지 다른 유전자 재조합 연산자를 사용한 유전해법에 비해 비교적 우수한 결과를 보이는 것은 OX와 교환이 나머지 유전자 재조합 연산자보다 외판원 경로를 Prüfer 수로 암호화했을 때의 특성에 더 부합됨을 뜻한다.

### 5. 결론

유전해법에서 해의 암호화는 탐색 및 수렴성능을 결정짓는 중요한 설계요소이다. 본 연구에서는 Prüfer 수를 이용하여 외판원 경로를 선형 문자열로 암호화하였으며 Prüfer 수로 암호화하였을 때의 특징을 파악하고 그 특징에 적합한 유전자 재조합 연산을 개발하고 새로운 연산자와 기존연산자에 대한 탐색성능을 실험을 통하여 그 수렴특성과 탐색성능을 알아보았다.

각 연산자를 사용한 유전해법과 적응형 유전해법의 탐색 및 수렴성능을 비교하기 위하여 각각 매개변수 최적화작업을 수행하고 가장 우수한 연산자와 최적 매개변수 수준을 선정하였다. 실험결과 기존 연구의 결과에 미치지 못하지만 실험된 유전해법들에서 OX와 교환을 사용한 유전해법이 문제 1, 문제 2에서 나머지 유전해법에 비해 1.0% ~ 12.8% 우수한 수렴성능을 보였다. 실험에서 OX와 교환을 사용한 유전해법이 나머지 다른 유전자 재조합 연산자를 사용한 유전해법에 비해 비교적 우수한 결과를 보이는 것은 OX와 교환이 나머지 유전자 재조합 연산자보다 외판원 경로를 Prüfer 수로 암호화했을 때의 특성에 더 부합됨을 뜻한다.

본 연구의 의의는 두 가지 관점에서 찾을 수 있다. 첫째, 외판원문제의 경로의 암호화 기법으로 Prüfer 수를 사용하였으며, 그 특성을 연구하여 그에 적절한 유전자 재조합 연산자를 개발하였다. 둘째, 기존의 유전자 재조합 연산자와 개발한 유전자 재조합 연산자에 대하여 각각 유전해법을 설계하고, 실험을 통하여 Prüfer 수 암호에 적합한 유전자 재조합 연산자를 선정하였으며 이를 통하여 비교적 효과적인 유전해법을 개발하였다.

본 연구에서는 적응적 유전해법에서 적응교환의 교환기준값을 결정하는 수식을 선형인 경우만 실험하였는데 향후 연구의 방향으로 의사결정론의 위험회피형이나 위험추구형 등과 같은

다양한 수식에 관한 실험과 함께 외판원문제의 Prüfer 수 암호에 더욱 적합한 유전자 재조합 연산자의 개발이 기대된다. 또한 실험되지 않은 기존의 연산자에 대해서도 그 수렴성능을 알아 보아야 할 것이다.

### 참고 문헌

1. 강맹규, 네트워크와 알고리즘, 박영사, 서울, 1991.
2. Chatterjee, S., C. Carrera, and Lucy A. Lynch, Genetic Algorithms and Traveling Salesman Problems, *European Journal of Operational Research* 93, pp. 490-510, 1996.
3. Gen, M., K. Ida, J. Kim, J. Lee, and B. Lui, Optimal Capacity Expansion with Backlogs in Demand Using Genetic Algorithms, *Proceedings of 20th International Conference on Computers & Industrial Engineering*, 1996.
4. Goldberg, D. E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley, Reading, Massachusetts, 1989.
5. Michalewicz, Z., *Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Programs*, 2nd ed., Springer Verlag, 1994.
6. Prüfer, H., Neuer beweis eines satzes Prüfer permutationen, *Arch. Math. Phys.*, Vol. 27, pp. 742-744, 1918.
7. Reinelt, G. TSP\_LIB - A Traveling Salesman Problem Library, *ORSA Journal on Computing*, Vol. 3, pp. 376-384. 1991.
8. Shin, H., and M. Kang, "An Accelerated Genetic Algorithm for the Vehicle Routing Problem," *Journal of the Korean OR/MS Society*, Vol. 21, No. 1, pp. 101 - 114, 1996.
9. Zhou, G., M. Gen, and T. Wu, An Approach to the Degree-Constrained Minimum Spanning Tree Problem Using Genetic Algorithm, *Proceedings of 20th International Conference on Computers & Industrial Engineering*, 1996.