

韓國軍事運營分析學會誌
第25卷, 第2號, 1999. 12. 31.

최대유통문제에서 k-MVA를 결정하는 방법* (A Method for Determining the k Most Vital Arcs in Maximum Flow Problem)

정호연**

Abstract

The purpose of this study is to present a method for determining the k most vital arcs in the maximum flow problem using genetic algorithms. Generally, the problem which determine the k most vital arcs in maximum flow problem has known as NP-hard. Therefore, in this study we propose a method for determining all the k most vital arcs in maximum flow problem using genetic algorithms. First, we propose a genetic algorithm to find the k most vital arcs removed at the same time and then present the expression and determination method of individuals compatible with the characteristics of the problem, and specify the genetic parameter values of constitution, population size, crossover rate, mutation rate and etc. of the initial population which makes detecting efficiency better. Finally, using the proposed algorithms, we analyzed the performance of searching optimal solution through computer experiment. The proposed algorithms found all alternatives within shorter time than other heuristic methods. The method presented in this study can determine all the alternatives when there exists other alternative solutions.

* 이 논문은 1998학년도 전주대학교 학술연구조성비 대학원 중점육성지원과제에 의하여 연구되었음.
** 전주대학교 산업공학과 부교수

1. 서 론

최대유통문제에서 k 개의 호의 제거로 최대유통량을 가장 많이 감소시키는 k 개의 호집합을 찾는 문제를 k 개의 Most Vital Arcs(이하 k -MVA)를 찾는 문제라고 한다. 이러한 연구는 적의 공격 하에 처해 있는 이해상충의 상황이나 물류 또는 통신 네트워크에서 어느 호가 가장 치명적인지 알아내어 적의 공격으로부터 경계를 강화하거나 어떤 호를 파괴시켜야 적의 시스템의 효율성을 가장 크게 저하시킬 수 있는지 알고자 하는 문제에 잘 적용될 수 있다 [4,9,11]. 이에 대한 연구는 Wollmer[13]에 의해 가장 먼저 연구되었고, Durbin[7]이 Wollmer의 알고리듬을 적용하여 고속도로 시스템에서 MVA를 결정하였으며, Lubore[9] 등이 MVA의 필요조건을 제시하여 Wollmer 알고리듬의 단점을 개선하였다. 정호연[4]은 주어진 네트워크에 대한 변환네트워크를 정의하여 최소절단에 속한 호 중에서 가장 큰 유통량이 흐르는 호보다 적어도 더 큰 유통량이 흐르는 호들에 대한 최소유통용량을 구하여 1-MVA를 결정하는 방법을 제시하였다. k 개의 치명호를 결정하는 문제에 대해서 Wollmer[12]는 무방향이고 평면(planer)인 네트워크에 대한 쌍대 네트워크를 통해 k -MVA를 찾는 방법을 제시하였다. Ratliff[11]등은 k -MVA 문제의 해를 구하기 위해 작은 용량상한의 절단을 순차적으로 만들어가면서 네트워크를 변형(유통량을 계속 줄여서 만들어진 변형된 네트워크)하는 방법을 제시하였다. 그러나 최대유통문제에서 k -MVA를 결정하는 문제는 NP-hard로 알려졌기 때문에 최적화 알고리듬이 존재하더라도 문제의 크기가 커짐에 따라 컴퓨터 용량과 계산시간의 한계를

갖게 된다. 이러한 유형에 속한 문제는 최적해를 구하기보다는 발견적 해를 구하는 것이 여러 면에서 경제적이다. 더구나 실용성을 강조하는 문제에서 k -MVA를 찾기 위해서는 최적해는 보장되지 않더라도 빠른 시간내에 해를 구하는 방법이 필요하다.

본 연구에서는 이러한 점을 고려하여 유전알고리듬과 우수개체 보호전략(elitism)을 사용한 수정 유전 알고리듬을 사용하여 최대유통문제에서 k -MVA를 결정하는 알고리듬을 개발하고 실험을 통해 효율성을 분석해 보고자 한다.

2. k -MVA 결정을 위한 유전 알고리듬

본 연구에서는 최대유통문제에서 k -MVA를 결정하기 위해서 다음과 같은 절차에 따라 유전 알고리듬을 수행한다.

[단계1] (초기 모집단 구성) 초기모집단의 개체들은 임의 생성법을 사용하여 구성한다.

[단계2] (적응도 평가) 초기모집단의 개체들이 나타내는 호의 용량을 0으로 놓고 네트워크의 최대유통량을 평가한다.

[단계3] (선별) 모집단 $P(t)$ 에서 토너먼트 선별을 사용하여 다음 세대의 모집단 $P(t+1)$ 을 생성한다.

[단계4] (교차) 교차율에 따라 부모개체를 선택하여 일점 교차를 통하여 자손 개체를 생산한다.

[단계5] (돌연변이) 돌연변이율에 따라 인자를 선택하여 임의로 생성된 값으로 인자값을 수정한다.

[단계6] 모집단 $P(t+1)$ 의 적응도를 평가한다.

[단계7] (종료조건 검사) 종료조건을 만족하면 끝내

고, 그렇지 않으면 $t = t + 1$ 로 두고 [단계3]으로 간다.

- 개체표현 방법

본 연구에서는 네트워크의 호 집합 중 k 개의 MVA에 해당하는 호를 하나의 개체로 표현하였다. 여기서 k 개의 MVA는 k 개의 호의 제거를 의미하기 때문에 절단될 호를 개체의 인자로 표현했다. 한 개체에 대한 적응도 평가는 개체에 속한 호의 용량을 0으로 설정해 놓고 최대유통량을 풀면 된다.

- 적응도 평가 및 계산

k -MVA를 찾는 문제는 최대유통량을 가장 크게 감소시키는 k 개의 호집합을 구하는 것을 의미한다. 따라서 적응도 평가는 주어진 네트워크에서 k 개의 호집합을 제거하고 구한 최대유통량의 값으로 정의된다. 개체의 적응도 계산은 Ford & Fulkerson의 표지법(labeling Method)을 사용하여 계산하였으며, 적응도 평가값이 가장 작은 경우가 최대유통량을 가장 크게 감소시키는 k -MVA의 호집합에 해당된다.

- 선별 방법

선별 방법으로는 개체간의 직접적인 비교를 통하여 우수한 개체를 선별하고, 다음 세대에 생존시키는 토너먼트 선별 방법을 사용하였다.

- 유전연산자

유전 연산자는 교차와 돌연변이로 구성되는데, 본 논문에서는 일점(one-point)교차를 사용하여 개체의 마디를 한 단위로 하는 원소 사이의 임의의 한 점을 기준으로 절단하여 두 부모로부터 각각 절단된 한 부분의 스트링씩을 상속받아 자손을 생산하게 하였다.

| | |
|-----------------------------|-----------------------------|
| $p_1 = \{(i j), (k, l)\}$ | $p_1 = \{(i j), (k, l)\}$ |
| \downarrow | \downarrow |
| $o_1 = \{(i, b), (c, d)\}$ | $o_2 = \{(a, j), (k, l)\}$ |
| \uparrow | \uparrow |
| $p_2 = \{(a b), (c, d)\}$ | $p_2 = \{(a b), (c, d)\}$ |

<그림 1> 일점교차 방법

그러나 일점교차에 의해 생성된 자손은 다음 경우와 같이 중복이나 비가능호 (infeasible arc)가 발생될 수도 있다.

- 중복호 발생

- 비가능호

이처럼 중복호나 비가능호가 발생되면 이 때에는 교차에 의해 생성된 자손을 수정해 주어야 한다. 본 연구에서는 이러한 점을 극복하기 위해 비가능 개체를 수정하여 가능 개체로 만드는 보수 방법을 다음과 같이 제안한다.

먼저 교차에 의해 생성된 자손이 위에서처럼 중복이 발생되었다면 즉, 개체가 $o_k = \{(i, j), (i, j)\}$ 로 표현되었다면 하나의 호 (i, j) 를 가능 개체로 만들어 주기 위해서 시점 (s) 또는 종점 (t)와 연결되어 있는 호 중에서 유통량이 가장 큰 호로 바꿔주는 전략을 사용한다. 즉, 새로 생성된 자손 개체 o_k 의 호 (i, j) 가 중복일 경우 호 (i, j) 를 $\max\{f_{sj}, f_{kt}\}$, 단, j, k 는 시점과 종점을 제외한 모든 마디 (여기서, f_{sj}, f_{kt} 는 호 (s, j) , 호 (k, t) 의 유통량)에 해당하는 호로 교체한다.

유전연산의 또 다른 과정인 돌연변이는 넓은 해공간에서 다양한 해의 탐색을 가능하게 해 주는 방법이다. 돌연변이 시킬 각 원소들은 돌연변이율에 의해 임의적으로 선택되며, 선택된 돌연변이 원소에 의해 개체를 구성하는 임의의 호의 마디가 돌연변이

되는 호의 마디로 교체되게 된다. 즉, 본 논문에서 사용하는 돌연변이 규칙은 개체를 구성하는 호의 마디를 돌연변이율에 따른 임의의 마디로 교체해 주는 것이다. 예를 들면 하나의 개체 $\{(i, j), (k, l)\}$ 가 있을 때 마디 i 가 마디 p 로 돌연변이 된다면 호 (i, j) 를 호 (p, j) 로 바꿔준다. 그러면 돌연변이 된 개체는 $\{(p, j), (k, l)\}$ 가 된다. 이 경우에 있어서도 돌연변이에 의해 가능호가 비가능호로 될 수 있다. 비가능 호가 발생되면 교차에서 수정해 주었던 것처럼 돌연변이에 의해 생성된 자손을 수정해 주어야 한다. 본 연구에서 사용한 비가능 개체를 수정하여 가능 개체로 만드는 보수 방법은 앞에서 사용한 교차에서의 보수(repair)방법과 동일한 방법을 사용하였다.

• 유전 파라미터

유전 알고리듬에 사용된 초기 모집단은 임의로 발생시켜 사용한다.

교차율은 일점 교차를 사용하여 부모세대가 가지는 우수한 성질을 자손 세대에 물려주게 되는데, 교차율이 너무 낮게 설정되면 개체간의 정보교환이 활발하지 않아 효율적인 탐색이 이루어지지 않고 너무 높으면 가능해의 유지가 어렵게 되므로 적당한 교차율을 정해 주어야 한다.

돌연변이율은 완전히 새로운 유전자를 생성하는 단계로써 본 논문에서는 원소단위로 행하게 되어 개체를 구성하고 있는 원소 각각에 난수를 발생시켜 돌연변이 되는 원소를 선택하게 된다.

• 종료조건

본 연구에서는 각 세대의 가장 좋은 적응도 값을 기억하고 있다가 30세대 이상이 지나도 해를 더 이

상 개선시키지 못하면 종료되는 종료조건을 사용하였다.

3. 우수개체 보호전략을 사용한 수정 유전알고리듬

본 절에서는 해법의 효율성을 높이기 위해서 앞 절에서 제시한 유전 알고리듬 중 [단계 3]의 선별단계를 변형하여 우수개체 보호전략(elitism)을 사용한 방법을 제시하고자 한다. 우수개체 보호전략(elitism)은 적응도가 좋은 우수한 형질의 개체는 계속 유지시키고 그렇지 않은 형질의 개체는 상호 교배해 줌으로써 우수한 형질을 지속적으로 유지해갈 목적으로 사용하게 되었다. 본 연구에서는 모집단을 구성하고 있는 개체 중에서 적응도가 가장 좋은 상위 2~5개 정도의 우수 개체를 선별하여 다음 세대에 그대로 존속시키고, 나머지 개체는 상호 교차에 의해서 새로운 자손을 생성시켜 합성하는 방법을 사용하였다. 이렇게 하여 생성된 개체들은 다시 적응도 값의 비교에 의해 상위 2~5개 정도의 우수 개체는 다음 세대에 그대로 유전되고 나머지 개체만이 상호 교배에 의해 새롭게 자손을 생성시키게 되는 작업을 반복함으로써 우수한 형질의 개체를 계속 유지시켜 주는 방법을 사용하였다.

이상의 과정을 설명하면 다음과 같이 정리될 수 있다.

[단계1] (초기 모집단 구성) 초기 모집단의 개체들은 임의 생성법을 사용하여 구성한다.

[단계2] (적응도 평가)

(1) 초기 모집단의 개체들이 나타내는 호의 용량을 0으로 놓고 네트워크의 최대유통량을 평가한다.

(2) 적응도의 값을 기준으로 오름차순으로 정렬한다.

[단계3] (우수개체 선별) $P(t)$ 에서 적응도 값이 가장 작은 상위 r 개의 개체를 선택하여 $P(t+1)$ 에 복사한다.

[단계4] (나머지 개체 선택) 모집단 $P(t)$ 에서 나머지 개체 $(N_p - r)$ 개를 선택한다. (단, N_p 는 모집단의 크기)

[단계5] (교차 또는 돌연변이) [단계4]에서 선택된 $(N_p - r)$ 개의 개체를 유전 연산시켜 새로운 $(N_p - r)$ 개의 개체를 생성한다.

[단계6] 새로 생성된 $(N_p - r)$ 개의 개체를 $P(t+1)$ 에 추가한다.

[단계7] (새 모집단의 적응도 평가) 모집단 $P(t+1)$ 의 각 개체를 평가한다.

[단계8] (종료조건 검사) 종료조건을 만족하면 끝내고, 그렇지 않으면 $t = t + 1$ 로 두고 [단계 3]으로 간다.

유전 알고리듬과 우수개체 보호전략을 사용한 수 정 유전 알고리듬간의 차이점을 살펴보면, 유전 알고리듬에서는 $P(t-1)$ 에서 모집단 크기 (N_p)만큼 선택하여 $P(t)$ 로 하고, $P(t)$ 를 교차와 돌연변이를 사용하여 재결합하는데 반하여, 우수개체 보호전략을 사용한 수 정 유전 알고리듬에서는 위의 [단계 3]과 [단계 4]와 같이 선택함으로써 가장 좋은 적응도를 갖는 우성형질을 갖는 개체가 $P(t)$ 에 그대로 생존하게 되고([단계 3]), 나머지 개체들만 다른 개체와 교차되게 함으로써 우성형질을 유전시킬 확률을 높이게 된다([단계 4]).

4. 실험 및 분석

k -MVA를 결정하기 위한 유전 알고리듬과 우수개체 보호 전략을 사용한 수 정 유전알고리듬의 실험은 Visual C++ 컴퓨터 언어를 사용하였으며, 350MHz의 128M 메모리의 Pentium CPU를 장착한 IBM PC 호환기종에서 수행되었다. 본 장에서 실험한 문제는 k 의 개수가 2인 2-MVA를 구하는 문제로 가장 큰 적응도 값을 가지는 개체가 30세대 이상 발생되면 종료하며, 유전 연산자의 파라미터 값을 다양하게 변경해 가며 반복실험을 통하여 최적 유전파라미터 값을 설정하였다.

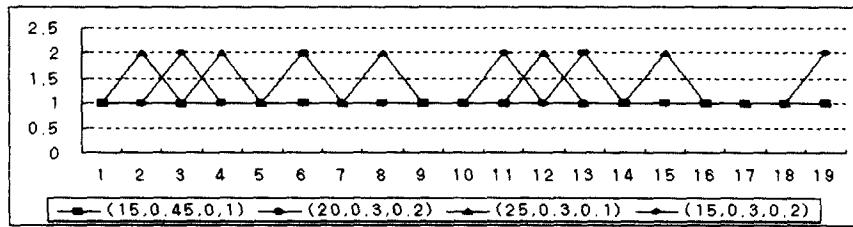
4.1 유전 알고리듬의 실험

유전 알고리듬에 사용되는 유전 파라미터로는 모집단의 크기, 교차율, 돌연변이율, 종료조건 등이 있다. 먼저 최적 유전 파라미터 값을 구하기 위해 <표 4>의 9_50_100_100.dat의 네트워크에 대한 예비실험을 수행하였다. 9_50_100_100.dat의 네트워크에 대한 예비실험은 각 파라미터에 대하여 3~6단계로 값을 변경해 가면서 20회씩 반복 실험하였다.

다음 <표 1>은 최적 유전 파라미터 값을 결정하기 위해 수행한 예비 실험계획을 보여주고 있다. 이 실험의 최적 결과는 다음 <그림 2>에 나타나 있다. <그림 2>에서 보면 (모집단의 크기, 교차율, 돌연변이율) = (15, 0.45, 0.1) 일 때 가장 적응도 값이 낮게 나타나고 있다. 따라서 예비실험 결과 최적 유전파라미터의 값은 (모집단의 크기, 교차율, 돌연변이율) = (15, 0.45, 0.1)로 결정되었다. 이 값을 사용하여 9_50_100_100.dat의 네트워크에 대한 실험 결과 { (1, 2), (1, 50) }의 두 호가 2-MVA로 결정되었

<표 1> 예비 실험계획

| 유전파라미터 | 수 준 | 실험횟수 |
|---------|---------------------------------|------|
| 모집단의 크기 | 15, 20, 25 | 20 |
| 교차율 | 0.25, 0.3, 0.35, 0.4, 0.45, 0.5 | 20 |
| 돌연변이율 | 0.0, 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5 | 20 |



<그림 2> 예비실험결과

다. 이 문제에 대하여 20회 반복 실험하였을 때 해의 정확도는 95%였으며, 나머지 5%도 최적에 가까운 근사 최적해 임을 확인할 수 있었다. 예비실험을 통하여 구한 최적 유전 파라미터의 값을 이용한 본 실험은 DIMACS의 표준문제 생성기인 washington 문제와 Goldberg가 제시한 문제 생성기인 ak를 이용한 15개의 문제에 대하여 수행하였다. 문제에 사용한 유전 파라미터들의 값은 <표 2>와 같으며, 각 문제 당 10번의 반복 실험을 통하여 수행하였다.

실험의 결과는 Ratliff 등과 안재근[3]이 제안한 알고리듬과 비교하였다. 그 결과가 <표 4>에 나타나 있다. <표 4>에서 제 3 열과 제 4 열은 안재근[3]이 제안한 mflknva와 Ratliff가 제안한 알고리듬을 사용한 결과를 나타내고 있고, 제 5 열과 제 6 열은 제안된 유전 알고리듬에 의한 결과와 2-MVA가 제거된 후의 최대유통량을 보여주고 있다.

이 논문에서 제안된 유전 알고리듬은 2개를 제외한 모든 문제에서 최적해나 최적에 가까운 근사 최적해를 찾았으며, 문제의 크기에 관계없이 평균 31

세대 만에 해를 찾아 문제의 크기가 커져도 짧은 시간 안에 해를 찾을 수 있었다. 또한 앞의 <표 3>과 같이 Ratliff 알고리듬을 적용하여 해결하지 못한 DIMACS의 문제 생성기인 washington의 문제 중 random 2 leveled graph 문제를 이 논문에서 제안한 유전 알고리듬에서는 근사 최적해를 찾을 수 있었다.

4.2 우수개체 보호전략을 사용한 수정 유전 알고리듬의 실험

우수개체 보호전략을 사용한 수정 유전 알고리듬의 경우에서도 최적 유전 파라미터(모집단의 크기, 교차율, 돌연변이율, r 의 개수)를 결정하기 위하여 예비 실험을 수행하였다.

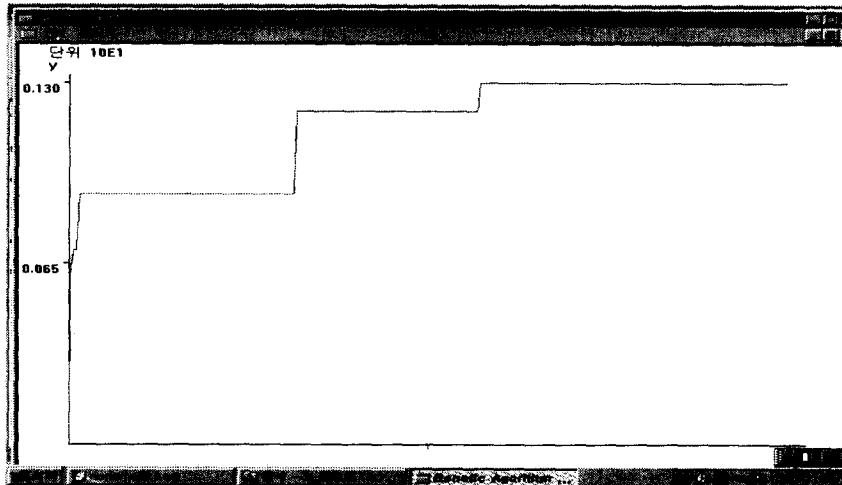
다음 <표 5>은 최적 유전 파라미터 값을 결정하기 위해 수행한 예비 실험계획을 보여주고 있다. 이 실험의 최적 결과 (모집단의 크기, 교차율, 돌연변이율, r) = (20, 0.5, 0.5, 2)로 결정되었다.

<표 2> 비교실험을 하기 위한 유전 파라미터

| 유전 파라미터 | 호의 개수 | | |
|---------|--------|--------|---------|
| | 20개 이하 | 21~100 | 101개 이상 |
| 모집단의 수 | 15 | 20 | 25 |
| 교차율 | 0.45 | 0.45 | 0.45 |
| 돌연변이율 | 0.1 | 0.1 | 0.1 |
| 종료조건 | 30 | 30 | 30 |

<표 3> random 2 leveled graph 부류 문제의 결과

| 문제 | 마디수, 호수 | mfk-ga | 종료 세대수, 총유통량 |
|-------------|---------|---|--------------|
| 1_5_5_5.dat | 27, 70 | (1,4),(1,5) | 30, 23 |
| 3_3_2_2.dat | 8, 15 | (1,4),(1,2) (1,3),(1,2) (1,3),(1,4) | 31, 4 |
| 3_3_3_3.dat | 11, 24 | (1,2),(1,3) | 32, 6 |
| 3_5_5_5.dat | 27, 40 | (1,2),(1,4) | 38, 15 |



<그림 3> 1_5_5_5.dat에 대한 해의 수렴과정

<표 4> 유전 알고리듬과 기존 해법과의 비교

| 문제 | 마디수, 호의수 | mfmva | Ratliff | mfk-ga | | mfk-mga | |
|---------------------|-------------|--|---------------|--|-------|---|-------|
| | | 2-MVA | 2-MVA | 2-MVA | 최대유통량 | 2-MVA | 최대유통량 |
| 1_2_2_10.dat | 6, 8 | (1,2), (1,3) (4,6), (5,6) | (1,3),(1,2) | (1,2),(1,3) (4,6),(5,6) | 0 | (1,2),(1,3) (4,6),(5,6) | 0 |
| 1_2_2_2.dat | 6, 8 | (1,2), (1,3) (4,6), (5,6) | (1,3), 1,2) | (1,3),(1,2) | 0 | (1,3),(1,2) (4,6),(5,6) | 0 |
| 1_3_3_10.dat | 11, 24 | (1,2), (1,3) (4,6), (5,6) (1,2), (1,4) | (1,4),(1,2) | (1,2),(1,4) (4,8)(5,8) (1,2),(1,3) | 17 | (8,11),(10,11) | 12 |
| 1_3_3_3.dat | 11, 24 | (1,3), (1,4) | (1,4),(1,3) | (1,4),(1,3) | 3 | (1,4),(1,3) | 3 |
| 9_10_20_10.dat | 10, 17 | (1,2), (1,10) | (1,2),(1,10) | (1,2),(1,10) | 0 | (1,2),(1,10) | 0 |
| 9_20_50_50.dat | 20, 37 | (1,2), (1,20) | (1,2),(1,20) | (1,2),(1,20) | 0 | (1,2),(1,20) | 0 |
| 9_50_100_100.dat | 50, 97 | (1,2), (1,50) | (1,2),(1,50) | (1,2),(1,50) | 0 | (1,2),(1,50) | 0 |
| 9_500_1000_1000.dat | 500, 997 | (1,2),(1,500) | (1,2),(1,500) | (1,2),(1,500) | 0 | (1,2),(6,500) (1,2), (5,6) (1,2),(376,377) (1,2),(4,5) | 1 |
| ak10.dat | 46, 67 | (1,3), (1,25) (1,3), (46,2) | (1,3), (1,25) | (1,3),(1,25) (1,3),(46,2) | 0 | (1,3),(1,25) (1,3),(46,2) (24,2),(46,2) (24,2),(1,25) | 0 |
| ak20.dat | 86, 127 | (1,3), (1,45) (1,3), (86,2) | (1,3), (1,45) | (1,3),(1,45) (1,3),(86,2) | 0 | (1,3),(1,45) (1,3),(86,2) (44,2),(86,2) | 0 |
| ak30.dat | 126, 187 | (1,3), (1,65) (1,3),(126,2) | (1,3), (1,65) | (1,3),(1,65) (1,3),(126,2) | 0 | (1,3),(1,65) (1,3),(126,2) (1,65),(64,2) (86,2),(1,3) | 0 |
| ak40.dat | 166, 247 | (1,3), (1,85) (1,3),(166,2) | (1,3), (1,85) | (1,3),(1,85) (1,3),(166,2) | 0 | (84,2),(166,2) (1,3),(166,2) | 0 |
| ak50.dat | 206, 307 | (1,3),(1,105) (1,3),(206,2) | (1,3),(1,105) | (1,105),(1,3) (1,3),(206,2) | 0 | (1,105),(104,2) (1,3),(2,206) (104,2),(206,2) | 0 |
| ak100.dat | 406, 607 | (1,3),(1,205) (1,3),(406,2) | (1,3),(1,205) | (1,3),(1,205) (1,3),(405,2) | 0 | (1,3),(406,2) (204,2),(406,2) | 0 |
| ak200.dat | 806,1207 | (1,3),(1,405) (1,3),(806,2) | (1,3),(1,405) | (280,281), (798,799) | 9 | (806,2),(404,2) (802,2)(1,3) | 0 |

여기서, Ratliff는 Ratliff 등이 제안한 변형 네트워크 절차에 의한 2-MVA.

mfmva는 안재근이 제시한 해법에 의한 2-MVA.

mfk-ga는 본 논문에서 제시한 유전 알고리듬에 의한 2-MVA

mfk-mga는 본 논문에서 제시한 수정 유전 알고리듬에 의한 2-MVA

<표 5> 예비 실험계획

| 유전파라미터 | 수 준 | 실험횟수 |
|---------|------------------------------|------|
| 모집단의 크기 | 20 | 20 |
| 교차율 | 0.5, 0.6, 0.7, 0.8, 0.9 | 20 |
| 돌연변이율 | 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8 | 20 |

<표 6> 비교실험을 하기 위한 수정 유전 파라미터

| 유전 파라미터 | 호의 개수 | | |
|---------|--------|--------|---------|
| | 20개 이하 | 21~100 | 101개 이상 |
| 모집단의 수 | 15 | 20 | 25 |
| 교차율 | 0.5 | 0.5 | 0.5 |
| 돌연변이율 | 0.5 | 0.5 | 0.5 |
| 종료조건 | 100 | 100 | 100 |

교차율이나 돌연변이율의 크기가 비교적 크게 나타난 이유는 해 공간의 탐색 확률을 높여줌으로써 부분 최적해에 빠지는 것을 방지하기 위함이다. 이 값을 사용하여 주어진 9_50_100_100.dat의 네트워크에 대한 실험 결과 $\{(1, 2), (1, 50)\}$ 의 두 호가 2-MVA로 결정되었다.

예비실험을 통하여 구한 최적 유전 파라미터의 값을 이용한 본 실험은 4장 1절의 실험처럼 실험 대상 문제인 DIMACS에서 문제 생성기인 washington의 문제와 Goldberg 가 제시한 문제 생성기인 ak를 이용한 15개의 문제에 <표 6>의 유전 파라미터들의 값(모집단의 크기, r의 개수, 교차율, 돌연변이율, 종료조건)을 적용하여 각 문제 당 10번의 반복 실험을 통하여 2-MVA를 구하였다. 실험의 결과는 <표 4>의 제 7 열과 제 8 열에 나타나 있다. 제 7 열과 제 8 열은 우수개체 보호전략을 사용한 수정 유전 알고리듬을 사용하여 10회 반복했을 때 나온 결과와 2-MVA가 제거된 후의 최대유통량을 보여주고 있

다. 이 논문에서 제안된 우수개체 보호전략을 사용한 유전 알고리듬은 1개를 제외한 모든 문제에서 최적해나 최적에 가까운 근사 최적해를 찾았으며 문제의 크기에 관계없이 평균 31세대만에 해를 찾아 문제의 크기가 커져도 짧은 시간 안에 해를 찾을 수 있음을 보였다. 유전 알고리듬과 우수개체 보호전략을 사용한 수정 유전 알고리듬의 계산 결과를 비교해 보면 유전 알고리듬은 86%의 해의 정확도를 나타냈고, 우수개체 보호 전략을 사용한 수정 유전 알고리듬은 93%의 정확도를 나타내었으며, 유전 알고리듬에서 찾지 못한 대안해를 좀 더 정확하게 찾아낸을 확인할 수 있었다. 따라서 우수개체 보호전략을 사용한 수정 유전 알고리듬이 일반 유전 알고리듬의 계산결과보다 더 우수한 것으로 나타났다.

다음 <그림 3>은 <표 3>의 1_5_5.dat에 대하여 우수개체 보호 전략을 사용한 수정 유전 알고리듬을 적용할 때 세대가 진행됨에 따라 최적해에 수렴해가는 과정을 보여주고 있다.

5. 결 론

본 논문은 최대유통문제에서 k -MVA를 결정하는 문제를 다루고 있다. 이러한 k -MVA를 결정하는 문제는 조합 최적화 문제로써 문제의 크기가 커지면 시간과 기억 용량이 지수적으로 증가하는 NP-hard 문제에 속한다. 이러한 유형에 속한 문제는 최적해를 구하기 보다는 발견적 해를 구하는 것이 여러 면에서 경제적이다. 더구나 실용성을 강조하는 문제에서 k 개의 MVA를 찾기 위해서는 최적해는 보장되지 않더라도 빠른 시간 내에 해를 구하는 방법이 필요하다. 따라서 본 연구에서는 이러한 점을 고려하여 유전 알고리듬과 이를 변형하여 우수 개체를 보호하는 전략을 사용한 수정 유전 알고리듬을 적용하여 최대유통문제에서 k 개의 MVA를 결정하는 알고리듬을 제시하였다.

먼저, k -MVA 호의 집합을 하나의 개체 인자로 나타내어 모집단을 표현하였다. 개체를 평가하는 적응도 평가는 최대유통량을 구하는 표지법(Labeling method)을 사용하여 평가하였다. 최적의 해를 얻기 위한 유전 연산자와 개체 선택 비율은 반복된 예비 실험을 통해 최적 유전파라미터 값을 구하였으며, 가장 작은 적응도 평가 값을 가진 개체가 30회 반복될 때 알고리듬을 종료하는 종료조건을 사용하였다.

제안된 두 종류의 유전 알고리듬의 성능을 시험하기 위해 다양한 크기의 문제들을 실험하여 기존의 발견적 해법과 비교하였다. 실험 결과 주어진 문제에 k 개의 대안해가 있을 경우에 그 대안해를 모두 찾을 수 있었으며 최적해, 또는 최적해에 가까운 근사 최적해를 짧은 시간 안에 찾을 수 있다는 점에서 기존의 k -MVA를 결정하는 다른 발견적 해법들보

다 우수하였다. 제안한 두 종류의 유전 알고리듬 중에서는 우수개체 보호 전략을 사용한 수정 유전 알고리듬이 일반 유전 알고리듬 보다 해의 정확도에서나 계산속도에서 더 우수하였다.

참 고 문 헌

- [1] 고재상, 신뢰성을 고려한 ATM네트워크의 복구 최적화 : 유전 알고리듬 적용, 전남대학교 박사 학위논문, 1997
- [2] 김여근, 윤복식, 이상복, 메타휴리스틱 - 유전알고리듬, 시뮬레이티드 어닐링, 타부서치, 초판, 영지문화사, 1997
- [3] 안재근, 네트워크에서의 치명호에 대한 연구, 서울대학교 박사학위논문, 1997
- [4] 정호연, 최대유통문제에서 MVA를 결정하는 방법에 관한 연구, 공업경영학회지, 19(40) 1996, pp263-269
- [5] Ahuja.R.J., Magnanti.T.L., Orin.J.B., Network Flows : Theory, Algorithms, and Applications, Prentice-Hall, 1992,
- [6] Bar-Noy A., S.khuller, B.Schieber, The Complexity of Finding Most Vital Arcs and Nodes, Univ. of Maryland Technical Reports, CS-TR-3539, 1995
- [7] Durbin, E. P., "An Interdiction Model of Highway Transportation", Memorandum RM-4945-PR, May (1966)
- [8] Goldberg.A.V.,<http://www.neci.nj.nec.com/homepages/avg>
- [9] Lubore S.H., H.D.Ratliff, G.T.Sicilia,

- Determining The Most Vital Link in a Flow Network, NRLQ, Vol.18, No.4, 1971, pp497-502
- [10] Munakata and Hashier.D.J., A Genetic Algorithm Applied to the Maximum Flow Problem, ICGA, 1993, pp488-493
- [11] Ratliff H.D., S.H.Lubore, G.T.Sicilia, Finding the n Most Vital Links in a Flow Network, Management Sci, vol.21, no.5, 1975, pp531-539
- [12] Wollmer R., "Removing Arcs from a Network", Operations Research, pp 934-940, 1964
- [13] Wollmer Richard, Some Methods for Determining the Most Vital Link in a Railway Network, Memorandum, RM - 3321 - ISA, 1963

[99년 4월 13일 접수, 99년 11월 15일 최종수정]