

응용논문

병렬 모집단 진화프로그램을 이용한 강의시간표  
작성에 관한 연구

-A Study on the Timetable Using  
Parallel Population Evolution Programs-

박유석\*

Park, Yu Suk

김병재\*\*

Kim, Byeong Jae

Abstract

The TTP(TimeTabling Problem) for a university which should be made every term is very difficult problem to schedule because each component must satisfy all fixed constraints. This TTP, therefore, is solved by several heuristic methods.

In this paper, applying PPEP(Parallel Population Evolution Programs) for the TTP, we try to find the approximated optimal solution by maintaining independence of each subpopulation and by searching the wide feasible solution.

In addition, we present the problem to be appeared when used PMX(Partially mapped crossover)operator for the long chromosomes and then propose GBX (Gene\_Based crossover)operator which can complement it.

Finally, experimental results are presented comparing EP(Evolution Programs) and PPEP, then GBX which has the random genes and the selected genes on a real TTP.

1. 서론

종합대학의 강의시간표는 매 학기마다 개설된 강좌에 따라 새로운 강의시간표를 작성하여야 하며, 개설된 강좌나 그 강좌를 강의 받는 학생 수에 따라 강의실의 지정이나 크기가 가변적이기 때문에 스케줄링 하기가 어려운 NP-hard문제중의 하나이다.

이러한 탐색공간이 지수적으로 증가하는 NP-hard문제인 강의시간표 작성문제를 해결하기 위해 Simulated Annealing[20], Tabu Search[11], Graph Colouring Heuristics[17], Genetic Algorithms[8][10][16], Parallel Genetic Algorithms[12] 그리고 Evolution Programming[7][13][19]과 같은 발견적 기법을 적용하여 왔다.

\* 명지대학교 대학원 산업공학과 박사과정

\*\* 명지대학교 산업공학과 교수

이들 발견적 기법 중 진화프로그램은 “자연적” 자료 구조의 염색체 표현방식과 수정된 “유전”연산자들을 사용함으로써 문제는 변형하지 않고 해를 구할 수 있는 기법[22]이다.

이러한 진화프로그램은 유전자 알고리즘에서와 마찬가지로 기존의 단일점으로 탐색하는 탐색기법들과는 달리 탐색공간을 다수의 가능해로 이루어진 모집단을 통하여 근사최적해를 찾는 것과 가능해 공간을 폭넓게 탐색하는 것 두 가지 모두를 만족시키는 기법으로써 강의시간표 작성문제에 매우 효율적이다. 그러나 가능해를 표현하는 염색체의 길이가 늘어남에 따라 벌점을 산출하는 비교연산의 증가로 소요되는 시간이 증가된다[7].

따라서 본 연구에서는 일반적으로 대학교의 시설 이용률을 향상시키는데 그 목적을 두고, 첫째, 전반적인 부분탐색이 가능하며, 엘리트 개체가 초기에 전체 모집단에 확산되는 속도를 늦춰 해의 다양성을 유지할 수 있는 병렬 모집단 진화프로그램을 사용하였고, 둘째, 염색체의 길이가 긴 경우에 보다 효과적으로 교차를 수행할 수 있는 Gene-Based Crossover연산자를 제안하여, 학교측과 학과별로 고려해야 하는 특정한 요소들의 마찰을 최대로 줄이면서 적은 시간과 노력으로 적절한 학과별 강의시간표를 작성하는데 있다.

## 2. 이론적 고찰

비교적 간단한 문제에서는 좋은 해의 빠른 확산이 바람직하며, 이를 충족시켜주는 것이 일반적인 유전자알고리즘이나 진화프로그램이다[1][5][14][18][22]. 그러나 강의시간표 작성과 같이 문제의 폭이 크고, 보다 복잡한 문제에 대해서는 빠른 정보확산이 항상 바람직한 것만은 아니다. 가능해 공간이 클수록 좋은 해의 이용보다는 광범위한 해공간의 탐색이 필요하다[2][3].

병렬 유전자알고리즘은 하나의 모집단으로 해를 찾는 것이 아니라 몇 개의 서로 다른 부분모집단으로 해를 구하며, 부분모집단간의 교류를 통해 광범위한 해공간의 탐색이 가능하다[3][12].

이를 이용하여 본 연구에서는 진화 프로그램에 병렬 유전자알고리즘의 성격을 적용한 병렬 모집단 진화프로그램을 사용하고자 한다.

### 2.1 병렬 모집단 진화프로그램

병렬 유전자알고리즘은 하나의 큰 모집단을 여러 개의 부분모집단으로 나누어 서로 격리된 각 부분모집단이 서로 독립적이면서 병렬로 진화해 가는 유전자알고리즘이다. 이 알고리즘은 하나의 모집단으로 해를 찾는 것보다 몇 개의 서로 다른 부분모집단으로 해를 찾는 것이 병렬 계산에 의해 계산시간을 줄일 수 있으며, 부분탐색이 가능하고, 초개체(super individual)가 전체모집단에 확산되는 속도를 늦춰 다양성을 유지할 수 있다는데 기초하고 있다[3].

이제까지 제시된 병렬 유전자알고리즘은 섬모델과 이웃모델로 크게 두 가지의 형태로 분류할 수 있다. 섬모델은 전체 모집단을 몇 개의 부분모집단으로 나누고, 이들 각각의 부분모집단을 독립적으로 일정 세대동안 진화시킨 후, 지정한 세대마다 부분모집단간의 정보 교류로 진화하는 모델이며, 이웃모델은 전체 모집단의 각 염색체들을 부분모집단으로 설정하고, 이들을 다양한 격자구조로 배치하여 독립적으로 그 이웃에 있는 염색체들과 선택, 교차, 변이연산을 병렬로 행하면서 진화하는 모델이다. 섬모델은 MIMD(Multiple Instruction stream Mutiple Data stream)형을 기반으로, 이웃모델은 SIMD(Single Instruction stream Mutiple Data stream)형을 기반으로 컴퓨터 병렬처리시스템을 구현할 수 있다[3].

대상문제에 병렬 유전자알고리즘을 적용하기 위해서 기존의 유전자알고리즘의 5가지 성분 외에 부분모집단을 연결하는 모델과 이주연산자 그리고 매개변수로 이주주기와 이주율이 추가된다. 이주주기란 부분모집단간에 개체의 이주가 이루어지는 세대 간격이며, 이주율은 이웃

부분모집단으로 이주시킬 개체의 비율을 말한다[3]. 추가된 성분은 아래에 밑줄로 표시한다.

1. 대상문제의 해에 대한 유전자 표현 (Genetic Representation).
2. 초기해를 구하기 위한 초기염색체 집단 (Chromosome Population)의 설정.
3. 초기염색체 집단을 분할한 각각의 부분모집단을 연결하는 모델의 선정.
4. 각 염색체의 적합성을 표현할 수 있는 평가함수 (Evaluation Function).
5. 다음 세대를 생성하는 유전적 조작 (Genetic Operation).
  - 복제(Recombination)
  - 교차(Crossover)
  - 돌연변이(Mutation)
  - 이주(Migration)
6. 병렬 유전자알고리즘에 사용되는 각종 매개변수 수치 설정.  
 유전자군 크기, 교차확률, 돌연변이확률, 최대세대수의 이주주기, 이주율 등

진화프로그램에 전체 모집단만을 동일하게 분할하여 각 부분모집단간의 독립성을 유지하며 처리하는 병렬 모집단방식과 지정된 세대에서의 이주연산을 하는 병렬 유전자알고리즘의 섬모델을 적용하면, 모집단을 병렬화하여 진화하는 병렬 모집단 진화프로그램이 된다.

본 연구에서는 컴퓨터 병렬처리시스템이 아닌 단일 컴퓨터처리시스템으로 전체 모집단만을 동일하게 분할하여 각 부분모집단간의 독립성을 유지하며 처리하는 병렬 모집단방식을 사용하기로 한다.

또한, 전체 모집단을 3개의 부분모집단들로 나누고 모든 부분모집단간에 이주개체를 주고받을 수 있는 '완전 연결형 섬모델'을 적용하여 종합대학교의 강의 시간표 작성에 대한 연구를 진행하고자 한다.

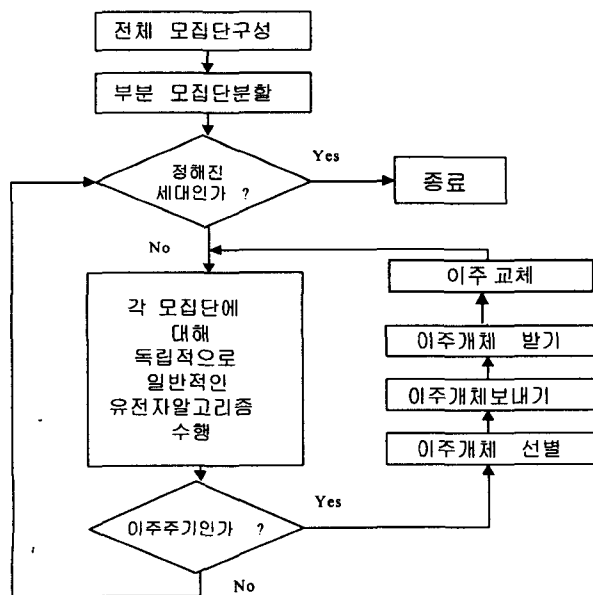


그림1. 병렬 유전자 알고리즘의 수행 단계

## 2.2 제안된 GBX(Gene Based-Crossover)연산자

기존에 일반적으로 사용되는 PMX기법은 임의의 두 절단점을 선택하여 두 절단점 사이에 있는 중앙부분은 보존 상속시키고 그 외의 부분은 다른 부모로부터 가능한 위치와 순서를 상속받는 기법이다. 그런데 대상문제의 가능해 표현인 염색체 길이가 긴 경우에 PMX기법을 적용하면, 선정된 임의의 두 절단점의 사이가 너무 가깝거나 각각의 절단점이 염색체의 양끝에 가깝게 근접할 경우에 다음 세대의 자손이 부모의 유전인자를 대부분 상속받기 때문에 이런 경우 넓은 범위의 탐색은 보장할 수 없게 된다. 이러한 문제점을 보완하기 위해 제안된 GBX 기법은 다음과 같다.

예를 들면, 조상  $p_1 = (1\ 2\ 3\ 4\ 6\ 5\ 7\ 8\ 9)$  에서  
 $p_2 = (4\ 1\ 2\ 5\ 7\ 6\ 9\ 3\ 8)$

임의의 유전인자를 4개 선정한다.

선정된 유전인자가 3, 5, 6, 9라 할 때, 두 조상 염색체에서 선정된 유전인자의 위치를 보면 다음과 같다.

$$p_1 = (1\ 2\ x\ 4\ x\ x\ 7\ 8\ x)$$

$$p_2 = (4\ 1\ 2\ x\ 7\ x\ x\ x\ 8)$$

선정된 유전인자의 나열은  $p_1$ 의 경우 3 - 6 - 5 - 9이고,  $p_2$ 의 경우 5 - 6 - 9 - 3이다.

$p_1$ 의 빈 자리에  $p_2$ 의 임의 유전인자의 나열을 순서대로 적어 넣고,  $p_2$ 의 빈 자리에  $p_1$ 의 임의 유전인자의 나열을 순서대로 넣으면 아래와 같은 자손들이 생성된다.

$$\sigma_1 = (1\ 2\ 5\ 4\ 6\ 9\ 7\ 8\ 3), \quad \sigma_2 = (4\ 1\ 2\ 3\ 7\ 6\ 5\ 9\ 8)$$

## 2.3 진화프로그램을 이용한 강의시간표 연구

본 연구에서 적용한 강의시간표의 모델은 다음과 같다.

### 2.3.1 제약조건

적용할 문제의 크기를 줄여 단일 학과에 국한시켰고, 제약조건들 중에서 다음과 같은 일반적인 조건을 우선 만족시키는 강의 시간표를 작성하고자 하였다.

설정된 일반적인 제약조건은 다음과 같이 설정한다.

1. 한 교수가 같은 날, 같은 시간에 두 개 이상의 강의를 맡을 수 없다.
2. 한 학년이 같은 날, 같은 시간에 두 수업을 받을 수 없다.
3. 분반과 합반의 크기에 각각 맞는 강의실을 배정한다.
4. 교수들의 연구요일을 보장한다.

### 2.3.2 평가함수

평가함수는 모든 유전인자가 각각의 제약조건을 어겼을 경우의 벌점 총합에서 실제로 유전

인자가 제약조건을 위반하면 벌점 총합이 감소하는 방식으로써 벌점 총합이 증가할수록 제약 조건을 위반하는 유전인자가 줄어들을 알 수 있는 최대값 함수이다.

제약조건에 따른 평가함수를 공식화하면 아래와 같다.

$$Max \ z = ( \sum_i^n g_i \times P_{max} \times \text{벌점의 가지수} ) - \{ \sum_j^5 \sum_k^8 \sum_l^3 P_{jkl}^d + \sum_j^5 \sum_k^8 P_{jk}^{st} + \sum_j^5 \sum_k^8 P_{jk}^o + \sum_j^5 \sum_k^8 \sum_l^3 P_{jkl}^{df} \}$$

$j = 1 \dots 5$ 로서 월요일부터 금요일,

$k = 1 \dots 8$ 로서 1교시부터 8교시,

$l = 1 \dots 3$ 으로서 강의실의 번호,

$P_{max}$  - 부과된 벌점들 중 가장 큰 벌점,

$g_i$  - 강의시간이  $i$ 개인 유전인자,  $i = 1 \dots n$ ,

제약조건을 위배할 때 부여한 벌점은 다음과 같다.

$P^o$  ;  $P_{jk}^o$ 는  $j$ 번째 날,  $k$ 번째 시간에서 한 교수의 중복된 강의에 대한 벌점,

$P^{df}$  ;  $P_{jkl}^{df}$ 는  $l$ 번째 강의실,  $j$ 번째 날,  $k$ 번째 시간에서 교수들의 연구요일을 어겼을 때의 벌점,

$P^{st}$  ;  $P_{jk}^{st}$ 는  $j$ 번째 날,  $k$ 번째 시간에서 같은 학년의 중복된 강의에 대한 벌점, 단 분반으로 나뉜 학년은 같은 분반이 아니면 상관없음.

$P^d$  ;  $P_{jkl}^d$ 는  $l$ 번째 강의실,  $j$ 번째 날,  $k$ 번째 시간에서 분반과 합반에 맞는 크기의 강의실 배정에 관한 벌점.

### 2.3.3 염색체의 표현

염색체의 유전인자에는 각각 구성요소들의 정보로 분류된 과목들을 사용하였다.

기존 연구에서는 Tuple이라 부르는 과목, 강의실, 교수, 학년들의 특정 조합을 사용하거나, 특정 강의실 또는 모든 구성요소들을 유전인자들로 선택하였다[12][13] [19].

과목들의 분류에 사용된 정보들은 2.3.4절에서의 [표 1]에서의 학년, 강의시간, 분반여부, 교수, 연구요일에 대한 각각의 정보들이다. 여기서 분류된 과목들은 각기 상이한 정보로 이루어져 있기 때문에 중복이 허용되며, 고유번호로 구분된다.

주어진 입력자료에 의해 분류된 과목들의 수는 50개이며, 이들에 할당된 시간의 총합은 82시간이다. 그런데, 본 연구에서는 1일 강의시간 8시간, 1주일 강의요일 5일, 그리고 제한한 강의실의 수가 3개이므로 총 120시간(= 8×5×3)을 한정된 강의실에서의 강의 가능한 시간의 범위로 설정하였기 때문에 120시간 중 38시간이 빈 강의 공간이 된다.

따라서 강의가 없는 38시간은 1시간 짜리 빈 강의시간을 나타내는 유전인자로 표현하면, 염색체의 길이는 분류된 과목들과 1시간 짜리 빈 강의시간들의 합인 88이 된다.

염색체의 표현은 '자연적 자료구조'를 사용하는 순열표현법(permutation representation)를 사용하였으며[1][2][3][22], 분류된 과목들의 고유번호의 나열로 표현된다.

2.3.4 입력자료

다음과 같은 입력자료를 대상으로 실험연구를 수행하였으며 과목에 대한 학년의 분반여부와 교수의 연구요일의 관련사항을 포함하고 있다.

[표 1] 입력 자료

구분	과목명	학년	강의시간	분반여부	담당교수번호	연구요일
1	과목 1	2A	3	분반(D)	3	화요일(B)
		2B	3	분반(D)	8	화요일(B)
2	과목 2	2A	3	분반(D)	5	화요일(B)
		2B	3	분반(D)	5	화요일(B)
3	과목 3	2A	3	분반(D)	2	금요일(E)
		2B	3	분반(D)	2	금요일(E)
4	과목 4	2A	3	분반(D)	4	수요일(C)
		2B	3	분반(D)	4	수요일(C)
5	과목 5	3A	3	분반(D)	7	목요일(D)
		3B	3	분반(D)	7	목요일(D)
6	과목 6	3A	3	분반(D)	2	금요일(E)
		3B	3	분반(D)	2	금요일(E)
7	과목 7	3A	3	분반(D)	9	금요일(E)
		3B	3	분반(D)	9	금요일(E)
8	과목 8	1A	2	분반(D)	3	화요일(B)
		1B	2	분반(D)	3	화요일(B)
9	과목 9	2A	3	분반(D)	6	화요일(B)
		2B	3	분반(D)	6	화요일(B)
10	과목 10	2C	3	합반(C)	10	수요일(C)
11	과목 11	2C	3	합반(C)	1	수요일(C)
12	과목 12	3C	3	합반(C)	1	수요일(C)
13	과목 13	3C	3	합반(C)	11	수요일(C)
14	과목 14	3A	3	분반(D)	5	화요일(B)
		3B	3	분반(D)	5	화요일(B)
15	과목 15	4C	3	합반(C)	4	수요일(C)
16	과목 16	4C	3	합반(C)	4	목요일(D)
17	과목 17	4C	3	합반(C)	6	화요일(B)
18	과목 18	4C	3	합반(C)	8	화요일(B)

3. 연구 결과 및 실험 분석

본 연구에서는 초기치를 무작위로 설정하였고, 탐색 또한 무작위로 따르도록 설정하였다. 기본 자료로는 [표 1]의 입력자료를 사용하였고, 전체 모집단의 크기는 150개이고 병렬 모집단의 크기는 전체 모집단을 3개의 부분모집단으로 분할한 50개씩이다. 또한, 선택기법으로 Tournament기법을 사용하였으며, 교차연산자로는 GBX, 변이연산자로는 교환변이와 전위변이를 사용하였다. 매개변수의 값설정은 실험을 통해 강의시간표 문제의 모델에 적합한 매개변수 값을 설정하고자 하였다. 본 실험에서는 각 벌점을 5점으로 동일하게 설정하고, 모든 제약 조건을 만족하면 얻을 수 있는 최대 적합도값을 1800점으로 제시하였다.

[표 2] 실험자료 1

실험 번호	각 벌집	적용 기법	유전자군 의 크기	교차 확률	교차 수	변이 확률	이주주기 /이주율	세대 수	결과 치	Time
1	5	진화프로그램	150	0.6	50	0.01	-/-	300	1800	3560.7초
2	5	병렬진화프로 그램	150	0.6	50	0.01	10/3	300	1710	3152.1초
3	5	병렬진화프로 그램	150	0.6	50	0.08	10/3	300	1780	3624.8초

[표 2]의 실험번호 1은 진화프로그램을 이용한 연구의 결과이다.

실험번호 2부터는 병렬진화프로그램을 적용한 실험으로 실험번호 1과 같은 Tournament 기법, GBX, 교환변이, 교차율, 변이율과 교차수를 사용하였지만 만족할 만한 결과를 얻지 못하였다. 결국 전체모집단의 3분의 1로 축소된 부분모집단의 영역을 폭넓게 탐색하기 위해 변이율을 변화시켜 실험번호 3의 결과가 나왔다.

[표 3] 실험자료 2

실험 번호	각 벌집	적용 기법	유전자군 의 크기	교차 확률	교차 수	변이 확률	이주주기 /이주율	세대 수	결과 치	Time
4	5	병렬진화프로 그램	150	0.6	50	0.09	3/2	300	1770	3128.3초
5	5	병렬진화프로 그램	150	0.9	50	0.09	3/2	300	1795	3693.1초
6	5	병렬진화프로 그램	150	0.9	50	0.08	3/2	300	1780	3694.3초
7	5	병렬진화프로 그램	150	0.8	50	0.09	3/2	300	1800	3492.8초

[표 3]의 실험번호 4부터는 전위변이를 사용하였고, 실험번호 3까지의 실험에서 이주주기 10세대와 이주율 0.06%(이주하는 개체수/부분모집단의 크기)가 각각 부분모집단의 해탐색에 영향을 미치지 못하였으므로 이주주기는 3세대마다, 이주율은 0.04%로 재설정하여 실험을 하였다.

실험번호 4와 실험번호 5에서는 변이율을 0.09로 하고 교차확률을 차례로 증가시켜 찾고자 하는 최대치 1800에 근접하는 것을 알게 되었다.

결국 실험번호 6과 실험번호 7을 통하여 교차율 0.8, 변이율 0.09에서 만족할 만한 근사최적해를 구할 수 있었다.

[표 4] 실험자료 3

실험 번호	각 별점	적용 기법	유전자군 의 크기	교차 확률	변이 확률	이주주기 /이주율	세대 수	결과 치	Time
8	5	병렬진화프로 그램	150	0.6	0.01	3/2	300	1730	2628.6초
9	5	병렬진화프로 그램	150	0.6	0.02	3/2	300	1755	2641.8초
10	5	병렬진화프로 그램	150	0.6	0.08	3/2	300	1795	2651.8초
11	5	병렬진화프로 그램	150	0.6	0.09	3/2	300	1785	2614.8초

[표 4]의 실험번호 7까지는 GBX에 50개의 유전인자를 임의로 선정하여 교차시켰으나 실험번호 8부터는 별점을 갖는 유전인자만을 선별하여, 이를 GBX에서 교차되는 유전인자로 선정하여 실험을 하였다.

이 실험을 통하여 유전인자가 임의로 선정된 GBX보다는 선별된 유전인자를 이용하는 GBX가 탐색 소요시간을 단축할 수 있다는 것을 알았다.

#### 4. 시스템의 구성

본 연구에서 사용한 시스템은 아래 다음과 같다.

##### ① 하드웨어 환경

CPU : intel pentium II 266MHz

RAM : 128Mb

##### ② 소프트웨어 환경

OS : MS Windows 95

개발 소프트웨어 : Mathmatica 3.0[5][6][9][16].

#### 5. 결론

본 연구에서는 복잡한 스케줄링 문제인 강의 시간표 작성문제에 대해 병렬 모집단 진화프로그램을 적용하였다. 강의시간표 모델은 '진화프로그램을 이용한 강의시간표작성에 관한 연구 [7]'의 입력모델을 동일하게 사용하였다.

병렬 모집단 진화프로그램의 구성은 전체 모집단을 3개의 부분모집단으로 분할하고, 이를 완전연결형 섬모델로 구성하였으며, 가장 적응도가 높은 개체를 갖는 부분모집단에서 일정한 이주율로 개체들을 다른 부분모집단들로 이주하도록 하였다. 또한 이주주기와 이주율은 실험을 통하여 설정하였다.

반복된 실험결과, 분할되어 축소된 각 부분모집단의 크기에서 만족할 만한 근사최적해값을 구하기 위해서는 교차율과 변이율을 증가시켜야함을 알 수 있었다. 또한, 교차할 유전인자를 무작위로 선정한 GBX보다 제약조건을 어기는 유전인자를 선별하여 사용한 GBX가 적은 소요시간으로 근사최적해에 접근함을 알 수 있었다. 그러나, 세대 반복 초기에 초개체(super individual)의 조기 확산으로 교차시 유전인자의 정보교환이 원활하지 않음을 알 수 있었고, 이



는 조기 수렴의 원인[4]이 됨을 알 수 있었다.

지속적으로 연구 진행중인 것은 첫 째로 Michalewicz[22, 1992]가 제시한 수정 유전자 알고리즘(modGA)를 적용함으로써 유전인자를 선별 사용한 GBX의 문제점으로 제시된 탐색의 다양성을 확보하여 유전인자의 정보교환을 원활하게 하는 것이고, 둘 째로는 병렬화의 특성인 각 부분모집단의 독립성을 충분히 고려하여 각 부분모집단에 각기 다른 유전 알고리즘, 선택기법, 교차와 변이연산자를 적용해 보는 것이다.

병렬화된 알고리즘들과 수정된 연산자들을 적용하여 대학 상황에 적절하고 효율적인 강의시간표를 작성함으로써 시설의 활용도를 높이고 자원의 활용 및 대학의 균형적 발전 계획 수립에 기여가 클 것으로 기대된다.

### 참 고 문 헌

- [1] 공성곤 · 김인택 · 박대희 · 박주영 · 신요한 공역, 유전자 알고리즘 입문, 진영사, 1997.
- [2] 기타노 히로아키 편, 조성배 역, 유전자 알고리즘, 대청컴퓨터월드, 1996.
- [3] 김여근 · 윤복식 · 이상복 공저, 메타 휴리스틱, 영지문화사, 1997.
- [4] 김용범; “유전자 알고리즘의 수렴현상에 관한 연구”, 박사학위논문, 명지대학교, 1995.
- [5] 류재구 , 매스매티카, 크라운출판사, 1995.
- [6] 류재구 저, 매스매티카 3.0, 크라운출판사, 1997.
- [7] 박유석, “진화 프로그램을 이용한 강의시간표 작성에 관한 연구, 석사학위논문 명지대학교, 1995.
- [8] 안종일, “종합대학 강의시간표 작성기의 개발에 관한 연구”, 석사학위논문, 경희대학교, 1994.
- [9] 윤병인 지음, MATHEMATICA 프로그래밍, 교우사, 1998.
- [10] 하정락, 정태충, “Genetic Algorithms를 이용한 대학 종합강의시간표 작성에 관한 연구”, 석사학위논문, 경희대학교, 1993.
- [11] A. Schaerf, “Tabu Search Techniques for Large High-School Timetabling Problems”, CWI, American Conference on Artificial Intelligence, 1996.
- [12] D. Abramson, J. Abela, “A Parallel Genetic Algorithm for Solving the School Timetabling Problem”, 15 Australian Computer Science Conference, Hobart, Feb 1992.
- [13] D. Come, P. Ross, H. L. Fang, “Evolutionary Timetabling: Practice, Prpspects and Work in Progress”, Presented at the UK Planning and Scheduling SIG Workshop, Strathclyde, organised by Patrick, 1994.
- [14] Davis, L. ; Handbook of Genetic Algorithms, van Nostrand Reinhold, London, 1992
- [15] David M. Tate, Alice E. Smith “Expected Allele Coverage and the Role of of Mutation in Genetic Algorithms”, In Stephanie, F., pp 31-37, 1993.
- [16] E. K. Burke, D. G. Elliman, R. Weare, “A Genetic Algorithm for University Timetabling”, in AISB Workshop on Evolutionary Computation. Workshop Notes, 1994.
- [17] E. K. Burke, D. G. Elliman, R. Weare, “University Timetabling System based on Graph Colouring and Constraint Manipulation”, *Journal of Research on Computing in Education*. Vol.27. issue 1, pp1-18, 1994.
- [18] Goldberg, D. E.; Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning, Addison-Wesley, 1989.
- [19] Paechter B., Cumming A., Lunchian H.and Petriuc M., “Two Solutions to the General Timetable Problem Using Evolutionary Methods”, IEEE WCCI, 1994.
- [20] S. Elmohamed, P. Coddington, G. Fox, “A Comparison of Annealing Techniques for Academic Course Scheduling”, PATAT’97, the 2nd International Conference, 1997.
- [21] S. Wolfram; Mathematica, Addison-Wesley, 1991.
- [22] Z. Michalewicz ; Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Springer-Verlag, 1992.