

# 다중 개체군 유전자 알고리즘의 새로운 이주 방식

## (A New Migration Method of the Multipopulation Genetic Algorithms)

차 성 민 <sup>†</sup> 권 기 호 <sup>\*\*</sup>

(Sung Min Cha) (Key Ho Kwon)

**요 약** 다중개체군 유전자 알고리즘은 일반 유전자 알고리즘의 변형된 형태로써, 일반 유전자 알고리즘의 단점을 보완하기 위해서 고안되었다. 다중 개체군 유전자 알고리즘의 핵심은 이주방식이라고 할 수 있다. 현재 적합도 기반 이주방식과 임의 이주 방식이 널리 쓰이고 있다. 이 가운데 개체의 다양성을 유지하는 임의 이주 방식이 보다 널리 쓰이고 있는 일반적인 이주 방식이다.

본 논문은 다중 개체군 유전자 알고리즘의 새로운 이주 방식을 제안한다. 일반적인 이주 방식에 비해서 수렴 속도를 향상시킬 수 있다는 장점이 있다. 제안하는 이주 방식을 일반적인 이주 방식과 비교해 보았다.

**Abstract** Multipopulation Genetic Algorithm(MPGA) is the modified form of Genetic Algorithm (GA), which was devised for covering the defect of general GA. The core of MPGA is said to be the migration method. The fitness-based migration method and the random migration method are currently used. The random migration method is more general than the other because it keeps the diversity of the population.

In this paper, a new migration method is suggested. This method has a merit that it can improve the speed of convergence, compared to the general migration method. This method is compared with the general migration method.

### 1. 서 론

유전자 알고리즘은 생물 진화의 원리로부터 착안된 알고리즘으로서, 확률적 탐색이나 최적화를 위한 기법이라고 할 수 있다. 이러한 기법은 1975년에 홀랜드에 의해서 처음으로 소개되었다. 이러한 유전자 알고리즘은 다윈의 진화 이론에 기초를 두고 개발된 알고리즘으로서 여러 개의 개체가 병렬적으로 최적의 상태를 향하여 진화해가는 현상을 모방한 알고리즘이다.[1]

유전자 알고리즘은 최근에 이미지 처리, VLSI 설계, 스케줄링 문제, 순회 판매원 문제, 인공생명 등의 많은 분야에서 효과적이고 강력한 최적화 방법으로 인식되고 있다.

그러나 유전자 알고리즘에도 몇 가지 단점이 존재한다.

첫째는 전역 탐색 능력은 뛰어나지만 지역 탐색시 속도가 느려 전체 수렴 속도가 느리다는 것이다.

둘째는 적용하고자 하는 문제에 따라 적합성을 평가할 평가 함수(objective function)를 구성해야 하고 문제에 따른 유전 인자 표현도 다르며 그에 따른 유전 연산자도 유전 인자 표현에 알맞게 수정해야 한다.

셋째로 세대가 반복됨에 따라 모든 개체들의 유전형이 유사해지며 이로 인해서 유전적 다양성(genetic diversity)을 상실하게 되어 탐색 능력을 잃고 근사 최적해로 수렴하는 현상이 지적되고 있다.

유전적 다양성을 유지하여 탐색 능력을 향상시키기 위하여 일반적인 유전자 알고리즘의 변형된 형태인 다중 개체군 유전자 알고리즘(Multipopulation Genetic Algorithm : MPGA)이 등장하였다.[2-4] 병렬 유전자 알고리즘(Parallel GA) 모델 중 하나인 다중 개체군 유전자 알고리즘은 Island Population Model(IPM)이라고도 불리운다.[2] [5-6] [10]

<sup>†</sup> 비 회 원 : 성균관대학교 전기전자및컴퓨터공학부  
emerald@nature.skku.ac.kr

<sup>\*\*</sup> 종 신 회 원 : 성균관대학교 전기전자및컴퓨터공학부 교수  
kwon@yurim.skku.ac.kr

논문접수 : 1998년 12월 21일

심사완료 : 2000년 11월 9일

기존의 유전자 알고리즘에서는 하나의 개체군(single population)을 사용하여 개체군을 진화 시켰으나, 다중 개체군 유전자 알고리즘에서는 여러 개의 개체군을 사용하여 각 개체군을 진화시키는 새로운 방식이다. 나눠어진 각 개체군은 고립된 몇 세대동안 독립적으로 진화를 하며 고립 세대가 지나면 하나 이상의 개체를 부개체군 사이에 교환한다. 이러한 교환을 이주(migration)라고 부른다. 본 논문에서는 기존 이주 방식의 단점을 보완할 수 있는 새로운 이주 방식을 제시하려고 한다.

### 2. 다중 개체군 유전자 알고리즘

부개체군은 각기 고립된 상태에서 몇 세대를 진화한다. 고립 세대 기간중에는 부개체군 내에서 각각 교차와 돌연변이를 하며, 정해진 세대가 지나면 다른 부개체군과 하나 이상의 염색체를 교환한다. 이러한 교환을 이주(migration)라고 부른다. 다중 개체군 유전자 알고리즘은 미성숙 조기 수렴(premature convergence)의 문제점을 해결하고 개체의 다양성을 유지하기 위해서 고안된 이론으로서 그 성능의 우수함을 입증 받고 있다.[3]

그림1은 다중 개체군 유전자 알고리즘의 기본 구조를 보여준다.

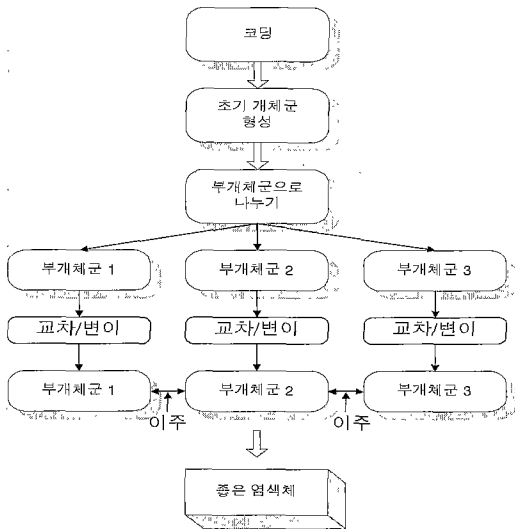


그림 1 다중 개체군 유전자 알고리즘의 구조

모든 개체들은 코딩이 된 후에 초기 개체군을 형성하고 몇 개의 부개체군으로 분할이 된다. 분할된 부개체군은 자체적으로 교차와 돌연변이를 하여 독립적인 진화를 한다. 고립 세대가 지나면 각 부개체군 사이에 이주

가 일어남으로써 개체의 다양성을 유지하면서 좋은 염색체로 진화를 하게 된다.

#### 2.1 기존의 이주 방식

부개체군간에 이주할 개체를 선택하는 방법에는 두 가지가 있다. 적합도 기반 이주 방식과 임의 이주 방식이다.[3] 적합도 기반 이주 방식은 적합도를 근간으로 적합도가 좋은 개체를 선택해서 각 부개체군으로 이주시키는 방법이다. 이러한 방식이 성능 향상에 항상 도움이 될 것 같으나 반드시 그렇다고는 말 할 수 없다. 왜냐하면 적합도 값이 우수한 개체가 이동되면 초우량 염색체가 급속하게 개체 중에 퍼져 나가 지역 최소점에 빠질 우려가 있기 때문이다. 즉 개체군의 다양성을 잃을 수 있다는 단점이 있다. 개체의 다양성을 적당히 유지하려면 오히려 임의 이주 방식을 더 많이 사용한다.[2]

임의 이주 방식은 이주시에 각 부개체군의 개체중에 임의의 개체를 선택하여 이주시키는 방식이다. 이러한 방식은 개체군이 임의로 뒤섞이게 되는 결과를 통하여 전체적인 다양성을 유지할 수 있으나, 적합도가 안 좋은 개체들이 선택이 되어 이주하게 되면 전체적인 수렴 속도가 저하될 수 있다는 단점이 있다. 이주시의 개체군의 크기는 일정하게 유지된다. 즉 새로운 개체가 이주되면 그에 상응되는 하나의 개체는 소멸된다. 기존의 개체가 있던 자리를 그대로 이주해온 개체가 차지하게 된다. 그럼으로써 전체적인 개체군의 크기는 일정하게 유지된다.

다음은 완전 네트 구조에 기초한 임의 이주 방식의 단계이다

- 단계1: 어느 한 지역집단을 위해, 나머지 집단으로부터 잠정적인 이주자급원(migrant pool)을 구성한다. 이때 개체된 선택은 무작위적으로 선택된다
- 단계2: 이주자급원에서 이주시킬 개체들을 균등확률로 선택한다
- 단계3: 선택된 개체들을 이주할 집단에서 무작위적으로 선택된 개체와 교환한다.
- 단계4: 모든 지역집단에서 완성될때까지 1-3 단계를 반복한다.

### 3. 새로운 이주 모델의 제안

위에서 설명한 기존의 이주 방식과는 달리 개체들간에 일어나는 개체간 경쟁과 선택, 도태 현상을 부개체군들간에 적용한 새로운 이주 모델을 제안해 보았다.

일반적인 유전자 알고리즘에서는 한 개체군내 개체들 사이에 경쟁이 일어나면 적합도 값이 낮은 개체들은 선택에서 제외된다.[7] 이러한 경쟁의 원리를 부개체군들 사이에도 적용하여 일정한 세대를 기준으로 평균 적합

도값이 높은 부개체군은 이주에 참여시키고, 평균 적합도 값이 낮은 부개체군을 이주에서 제외시키는 방법이다. 개체간에 적용되는 경쟁과 도태의 원리를 부개체군으로 확장시켜 적용한 이론이라고 할 수 있다. 그림2는 일반적인 유전자 알고리즘과 제안한 방식에서의 선택 과정을 비교하여 보여준다.



(a) 단일 개체군 유전자 알고리즘 (b) 부개체군 선택 모델

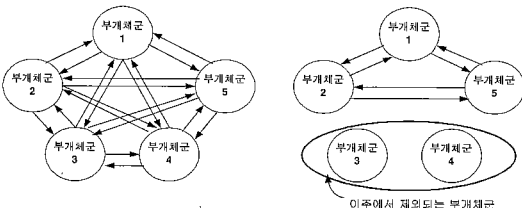
그림 2 선택 과정의 비교

기존의 가장 널리 쓰이는 완전 네트 구조 이주 모델을 사용하여 각 부개체군내의 개체를 임의 이주 방식을 통하여 전 부개체군으로 이주를 시켰을 때는 다양성의 향상은 가져올 수 있으나, 수렴 속도는 적합도 기반 이주 방식에 비해서 평균적으로 느릴 수밖에 없다.[2] 완전 네트 구조 이주 모델이란 모든 부개체군 사이에서 서로간에 빠짐없이 이주가 일어나는 모델을 말한다. (그림3의 (a)는 완전 네트 구조 모델 형태이다) [3][10]

임의의 개체를 선택하는 것의 단점은 적합도가 낮은 개체들이 이주를 위해 선택 될 수 있으므로, 다양성은 유지할 수 있으나 전체적인 수렴 속도의 저하를 가져오게 된다. 그렇다고 해서 적합도 기반 이주 방식을 취하게 되면 개체의 다양성을 유지하기 힘들다는 단점이 있다.

제안하는 모델은 개체의 다양성을 유지함과 동시에 평균 적합도를 향상시킴으로 인하여 전체적인 수렴 속도를 향상시킬 수 있다는 장점이 있다.

제안하는 모델은 진화에 성공하지 못한 부개체군 집단은 철저히 경쟁에서 제외시키고, 진화에 성공한 부개체군 집단만을 이주 과정에 참여시키는 방법이다.



(a) 일반적인 이주 방식을 통한 이주 과정 (b) 제안하는 이주 방식을 통한 이주 과정

그림 3 일반적인 이주 방식과 제안 방식의 이주 과정 비교

그림3은 일반적인 이주 방식을 통한 이주 과정과 제안하는 이주 방식을 통한 이주 과정을 비교하여 보여주고 있다. 이주에서 제외된 부개체군은 영원히 이주에 참여할 수 없는 것이 아니고, 정해진 세대마다 선택되는 부개체군 집단은 바뀔 수 있다. 정해진 세대를 각각 진화한 후 고립 세대가 지나면 각 부개체군의 평균 적합도를 평가하여 선택 대상이 될 부개체군을 선택하게 된다. 선택된 부개체군간에 이주가 일어나게 된다. 그림4는 이러한 제안 방식의 진화 과정을 보여주고, 표1에서는 임의 이주 방식과 제안하는 이주 방식을 비교하였다.

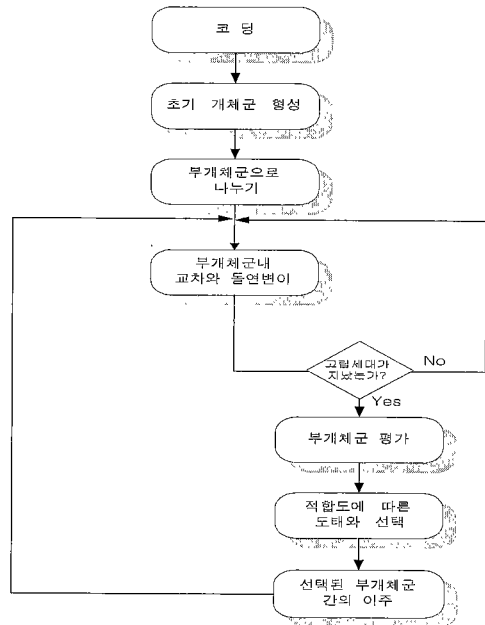


그림 4 제안 방식의 진화 구조

표 1 임의이주방식과 제안하는 이주방식의 비교

	임의 이주 방식	제안하는 이주 방식
선택	개체의 선택	부개체군의 선택
이주	임의의 부개체군에서 임의의 개체 선택	우수한 부개체군내에서의 임의의 개체 선택
평가	개체의 평가	부개체군의 평가 + 개체의 평가

### 4. 시뮬레이션

배낭문제를 통하여 제안 방식의 성능을 시뮬레이션해 보았다.

배낭 문제란 복수의 물체(각각의 물체는 다른 무게와

가치를 가짐)가 주어진 경우에 유한개의 물체를 선택하는 문제이다. 물체를 선택할 때는 무게가 정해놓은 상한을 넘어서면 안 되고, 동시에 선택한 물체의 가치가 최대가 되도록 선택 방법을 찾아야 하는 조합 최적화 문제이다.[8-9] 적합도의 정의는 선택된 물체의 가치를 모두 합치는 것으로 정의하면 된다. 단지 배낭에 넣는 물체의 무게에는 상한이 있기 때문에, 상한을 넘기는 선택에 대해서는 벌칙으로 상당히 나쁜 적합도를 부여함으로써 의미 없는 해가 생성되는 것을 방지할 수 있다.

본 시뮬레이션에서는 일반적인 이주 방식인 임의 이주 방식을 사용한 다중 개체군 유전자 알고리즘과 제안 이주 방식을 사용한 다중 개체군 유전자 알고리즘의 성능을 비교하였다. 임의 이주 방식이 적합도 기반 이주 방식에 비해 보다 보편적이기 때문에 이 방식을 기존의 방식으로 사용하였다.

시뮬레이션에서는 20개의 물체에 각각 무게와 가치를 정의하여서 100개의 개체를 형성한 후에 100세대에 걸쳐 50번 시뮬레이션을 해 보고 그 평균값을 제시하였다. 코딩 방식은 가장 일반적인 이전 코딩 방식을 채택하였다. 예를 들면 V1이라는 염색체가 0010001100011000000과 같이 코딩되었을 경우에는 3번째, 7번째, 8번째, 12번째, 13번째 물체가 선택되었다는 것을 의미한다. 즉 선택되었을 경우에는 1, 선택되지 않았을 경우에는 0으로 표시한다. 교차와 돌연변이 방식 역시 가장 일반적인 1점 교차방식과 1과 0이 서로 바뀌는 일반적이 돌연변이 방식을 사용하였다.[1]

무게가 상한을 넘겼을 경우에는 적절한 값을 벌점으로 부과하였다. 벌점을 부과하는 이유는 의미없는 해가 생성되는 것을 방지하기 위해서이다. 벌점이 부과되었을 경우에는 상당히 나쁜 적응도가 주어지므로 의미없는 해가 생성되는 것을 방지할 수 있다.[9]

부개체군은 개체 20로 모두 5개를 구성하였다. 고립세대는 20세대로 하여 100세대 가운데 모두 5번의 이주가 발생하게 하였다. 제안 방식에서는 다중 개체군 유전자 알고리즘에서와 같이 5개의 부개체군을 구성하되 이주시에 선택되는 부개체군은 두 개로 고정하였다.

선택되는 부개체군 사이에는 이주가 일어난다. 평균적합도가 높은 순서대로 분류를 한 후에 가장 높은 두 개의 부개체군이 선택되고, 두 개의 부개체군 사이에 하나의 개체가 각각 상대방 부개체군으로 이주된다. 이때 서로 교환되는 것은 아니며 각각 선택되어 각각 상대편 부개체군의 임의의 개체의 자리를 차지하게 된다. 따라서 본래 있었던 개체를 소멸시키면서 그 자리에 이주되는 개체가 자리를 잡게 된다.

위의 알고리즘에 적용되는 파라미터 값은 일반적으로 유전자 알고리즘에서 많이 사용하는 값으로 하였다. 교차확률은 0.25로, 돌연변이 확률은 0.01로 동일하였다. 다양성을 측정하는 방법으로는 표준 편차를 사용하였다. 표준 편차는 평균 적합도를 기준으로 개체들의 산포도를 나타낸다.

그림5에서는 두 가지 방식의 평균 적합도를 비교하였다. 제안 방식이 일반 방식보다 높은 값을 보여준다.

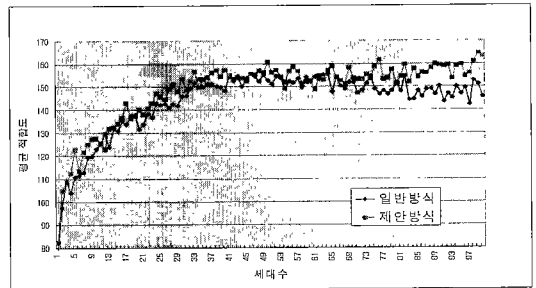


그림 5 두 가지 방식의 평균 적합도 비교

그림6에서는 두 가지 방식의 최대 적합도값을 비교하여 보았다. 20세대 이후 제안하는 방식이 보다 우수한 해를 찾는다라는 것을 볼 수 있으며, 이를 통해서 제안하는 방식이 일반 방식보다 우수한 성능을 보여준다는 것을 알 수 있다.

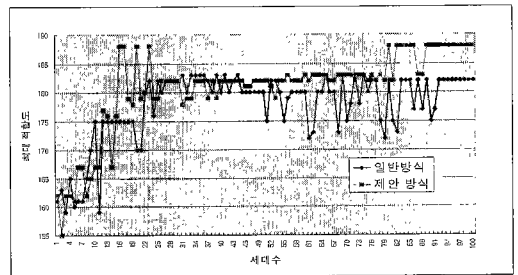


그림 6 두 가지 방식의 최대 적합도 비교

### 5. 결론

지금까지 다중 개체군 유전자 알고리즘의 일반적인 이주 방식의 단점을 보완한 새로운 이주 방식을 제안하고 이를 시뮬레이션을 해 보았다.

기존의 이주 방식은 적합도를 기반으로 적합도가 우수한 개체를 이주시키는 방식과 임의의 개체를 이주시키는 방식으로 양분할 수 있는데, 부개체군 선택모델은

이 두 방식을 절충한 것으로써, 적합도가 좋은 부개체군에서 임의의 개체를 이주시키는 방식이다.

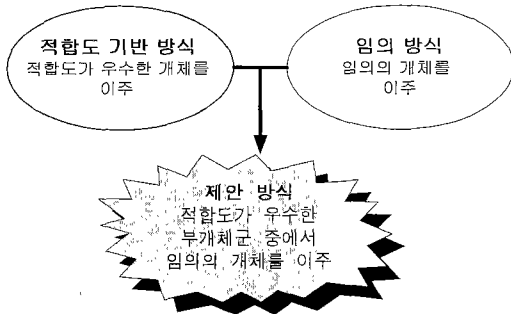


그림 7 세 가지 이주 방식의 비교

적합도 기반 이주 방식은 수렴 속도를 향상시킬 수 있으나 미성숙 수렴의 위험이 있고, 임의 이주 방식은 수렴 속도는 다소 늦을 수 있으나 다양성에 크게 기여를 하는 것으로 알려져 있다. 부개체군 선택 모델은 수렴 속도를 향상시키면서 동시에 다양성을 유지시킬 수 있는 절충 모델이라고 할 수 있겠다.

본 시뮬레이션을 통하여 다중개체군 유전자 알고리즘이 유전적 다양성을 유지시켜 준다는 것을 알 수 있었으며 새롭게 제안한 이주 방식이 일반 방식에 비하여 평균 적합도가 우수하며 수렴속도가 빠르다는 것을 알 수 있었다.

**참 고 문 헌**

[1] Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Programs," pp72-73, Springer-Verlag, New York, Third Edition, 1995.  
 [2] Lance Chambers, "Practical Handbook of Genetic Algorithms," pp.60-62, CHC Inc., 1995.  
 [3] 진강규, "유전자 알고리즘과 그 응용", pp.263-264, 교우사, 2000  
 [4] William M. Spears, "Simple Subpopulation Schemes," Navy Center for Applied Research in Artificial Intelligence Naval Research Laboratory - Code 5510, 1997.  
 [5] 김준화, 남종호, "AP1000상에서 병렬 유전자 알고리즘의 구현 및 성능 평가", pp127-141, 정보과학회 논문지(A) 2월호, 1996  
 [6] 정인수, 권기호, 홍석봉, 김 유석, "유전자 알고리즘의 다양성 향상을 위한 Island Model의 성능개선에 관한 연구", pp199-202, 제5회 인공지능, 신경망 및 퍼지 시스템 종합학술대회, Preceedings of JCEANF '96, 1996.

[7] D.E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning," pp10-11, Addison Wesley, 1989.  
 [8] Gen & Cheng, "Genetic Algorithms & Engineering Design," Wiley-Interscience, pp.7-15, New York, 1996.  
 [9] 기타노 히로아키 외, 유전자 알고리즘, pp.199-205, 대청 컴퓨터 월드, 서울, 1995.  
 [10] Peter Nordin, Frank Hoffman, Frank D.Francone, "AIM-GP and Parallelism," Proceedings of the 1999 Congress on Evolutionary Computation Volume2, v.2, 1999



차 성 민

1997년 2월 성균관대학교 전자공학과 졸업(공학사). 1999년 2월 성균관대학교 전기전자 및 컴퓨터 공학부 졸업(공학석사). 1999년 3월 ~ 현재 성균관대학교 전기전자 및 컴퓨터 공학부 박사과정. 주관심분야는 유전자 알고리즘, 인공지능, 퍼지이론 등.



권 기 호

1975년 2월 성균관대학교 전자공학과 졸업(공학사). 1978년 8월 서울대학교 전자공학과 졸업(공학석사). 1978년 1월 ~ 1980년 2월 ETRI 연구원. 1988년 2월 서울대학교 전자공학과 졸업(공학박사). 1996년 1월 ~ 1996년 12월 Texas A&M 교환교수. 1989년 3월 ~ 현재 성균관대학교 전기전자 및 컴퓨터 공학부 교수. 주관심분야는 카오스, 퍼지, 신경회로망, 유전자 알고리즘, 인공지능 등.