

유전자알고리즘을 사용하여 다수최적경로를 제공할 수 있는 동적경로유도시스템의 개발

김성수¹ · 정종두² · 이종현²

¹강원대학교 산업공학과 / ²한국통신연구소

Development of Dynamic Route Guidance System for Multiple Shortest Paths Using Genetic Algorithm

Sung-Soo Kim¹ · Jong-Du Jeong² · Jong-Hyun Lee²

The objective of this paper is to design the dynamic route guidance system(DRGS) and develop a genetic algorithm(GA) for finding the multiple shortest paths in real traffic network. The proposed GA finds a collection of paths between source and destination considering turn-restrictions, U-turn, and P-turn that are genetically evolved until an acceptable solution is reached. This paper also shows the procedure to find the multiple shortest paths in traffic network of Seoul.

1. 연구의 배경 및 목적

교통혼잡의 증가에 따라 기존 도로의 운영효율 증진 및 운전자 편의를 위해 GPS(Global Positioning System) 및 GIS(Graphical Informatin System)기술, 무선통신 기술 등을 결합한 최적경로안내시스템이 개발되고 있다. 이 시스템은 거리상의 최단 경로를 안내하는 단순 정적 경로안내 차원을 넘어서서 통신 시스템과 연계하여 동적으로 변하는 교통 상황(예: 동적으로 변화하는 소요시간 등) 및 도로가 갖는 각종 제약 상황을 반영하여 운전자에게 목적지까지 최적주행로를 제한된 시간 내에 안내하는 것을 목표로 하고 있다(Ben-Akiva, *et al.* 1994).

기존 최단경로탐색 알고리즘들은 순환서브경로를 포함하지 않는 단순 네트워크에서의 최단경로 탐색에 유용하다. 그러나 현실적인 도로 교통네트워크는 회전제약 및 교통량 변수에 의해 최적경로는 회전금지 구역에서 U턴 또는 P턴과 같은 순환서브경로를 필연적으로 포함하고 있고 다수최적경로들을 미리 정해진 시간 내에 도출해내는 것이 필요하다(강명규, 1991). 그러므로 각종 제약 사항뿐만 아니라 동적교통상황을 고려하여 큰 공간의 대규모 네트워크의 복잡한 도로 교통네트워크에 대해서 주행시간을 기준으로 출발지에서 목적지까지의 실질적인 다수최적경로들을 사용자가 정보를 요구하는 시간 내에 효과적으로 도출해내는 휴리스틱 알고리즘의 개발이 요구된다.

본 논문의 목적은 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm, GA)의 개념에 기반하여 큰 공간의 대규모 네트워크의 복잡한 실제 교통네트워크에서 교통정보 및 회전금지 구역과 U턴 또는 P턴을 고려한 차별화된 다수 최적경로 대안들을 산출해서 사용자가 정보를 요구하는 시간 내에 제공할 수 있는 알고리즘을 개발하는 것이다. 또한 이러한 정보들을 미리 정해진 시간 내에 서비스할 수 있는 정보시스템을 설계하고 Visual C++을 사용하여 시스템 프로토타입을 개발하는 것이다.

이 시스템에 적용할 최적경로 알고리즘의 특징은 GA에 적용시키기 위한 초기 개체생성에서 다른 방법보다 초기개체 생성 확률을 높이고 계산시간, 기억용량 등 효율성을 높였다. 염색체(개체) 표현은 경로 자체를 사용함으로써 비효율성과 계산시간, 기억용량의 부하를 사전에 제거했다. 알고리즘을 수행하면서 초기과정에서는 다양성을 강조하기 위해 세대수가 점점 진행되면서 우성개체들 간의 교배 확률을 높이고, 또한 돌연변이율도 초기세대에는 상대적으로 크게 설정하고 세대수가 증가할수록 돌연변이율을 점점 낮게 적용함으로써 수렴성을 강조하였다. 이렇게 함으로써 알고리즘이 진행되면서 다양성 강조에서 수렴성을 강조함으로써 최적경로를 찾아낸다.

2. 첨단교통정보시스템의 최적경로 안내서비스

최적경로시스템은 운전자에게 가고자 하는 목적지까지 가장

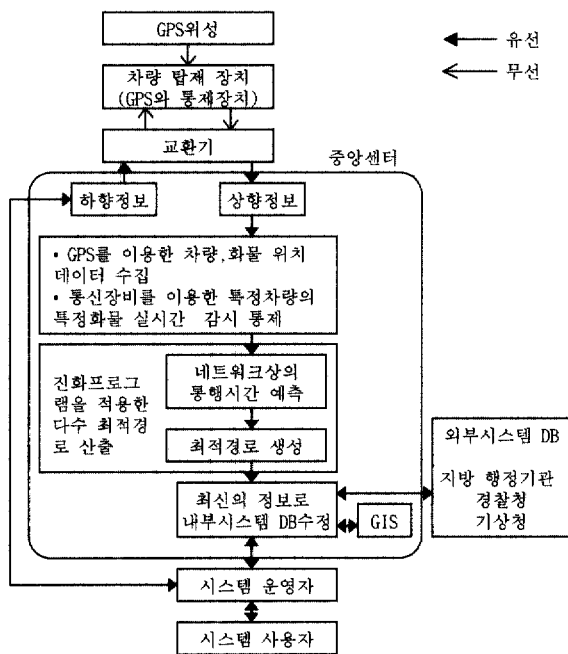


그림 1. 유무선 통신을 사용한 최적경로안내시스템의 정보흐름.

짧은 소요시간 안에 도착할 수 있도록 정보를 제공하고, 교통 혼잡과 안전 운행을 보장하여 주는 시스템이다. 최적경로시스템은 <그림 1>을 참조하여 다음과 같이 설명되어질 수 있다. 교통정보서비스는 각 차량에 장착하고 있는 GPS를 이용하여 각 차량의 그 지점에서의 속도, 교통량, 사고 유무 등의 교통정보를 수집한다. GPS를 사용하여 수집한 도로의 교통 관련 정보를 운영센터에 보내면(상향 정보), 센터에서는 각 차량들로부터 수집되는 정보로 데이터 분석을 통하여 중앙센터에서 차량 운행 및 교통관제와 교통량 분산에 필요한 유용한 정보들을 사용자들에게 제공할 수 있다.

다음은 최적경로 서비스 단계이다.

- ① 위치 추적시스템(GPS)을 사용하여 차량에서 중앙센터로 상향정보를 전송한다.
- ② 이들 정보를 분석하여 유용한 정보로 처리 가공한다. 즉, GPS 데이터 분석을 통한 차량통행시간을 시시각각 예측하여 이를 바탕으로 실제 교통네트워크에서 본 제안서에서 제안한 알고리즘으로 다수최적경로들을 산출해 낼 수 있다.
- ③ 통신 매체를 이용하여 중앙센터에서 차량으로 하향정보(다수최적경로 등)를 제공한다.

이 모든 단계는 중앙센터에서 처리되며, 여러 정보 제공처로부터 얻어진 정보들은 교통 상황을 모델링 하는 데 사용된다. 또한, 예측기법을 이용하여 몇 분 후의 교통상황을 예측하고 최적경로정보 등을 서비스하게 된다. 이렇게 만들어진 새로운 정보는 내부데이터베이스를 최신정보로 수정하는 데 사용된다. 내부 데이터 베이스는 경찰청, 도로공사 등 외부 데이

터 베이스와 연결되어 있고, GIS와 연결되어 사용자에게 서비스할 수 있다. 예를 들어 화물운송업자는 이 시스템을 사용하여 효과적으로 차량 운행 및 화물운송관리를 할 수 있다. 즉, 화물과 차량의 위치, 특정차량이 신고 있는 특정화물의 이동상태에 대한 정보를 사용자가 정보를 요구하는 시간 내에 감시 통제할 수 있다. 그래서 화물 운송업자는 화주에게 화물의 이동현황을 서비스하게 된다. 또한 교통관리 센터에서는 이 시스템을 이용하여 차량운전자에게 최적경로를 서비스하고 교통 분산을 유도하는 등 여러 가지 서비스를 제공할 수 있다 (Kim, et al.,1999).

3. 유전자알고리즘과 적용에 대한 조사 및 분석

유전자알고리즘(GA)은 매우 대규모 조합의 최적화 문제와 구속조건이 많은 공학문제를 겨냥한다. 진화 방법 및 유전학 원리를 컴퓨터 알고리즘과 결합시켜 논리적으로 복잡한 문제 영역에 견고한 최적해 탐색에 효과적으로 적용된다(공성곤 외, 1996). 본 절에서는 <그림 1>의 최적경로안내시스템의 핵심 정보인 최적경로를 찾아내기 위해 GA를 적용한 기존 연구에 대한 조사 및 분석을 하였다.

Gen, et al.(1997)의 논문에서는 모든 노드에 대하여 우선 순위를 중복되지 않고, 랜덤하게 설정하여 하나의 개체를 만들고, 우선순위가 가장 높은 것을 선택하여 경로를 만들어 간다. 이 논문에서 제시하는 방법은 유전자알고리즘 진행과정에서 새로 발생하는 개체들이 시작노드와 도착노드를 포함하는 개체의 완전성이 보장된다는 장점이 있는 반면 개체 집단 생성 시 교통 네트워크가 커지면 불완전한 경로의 경우의 수가 커질 것이라 생각된다. 유전자알고리즘 진행과정에서 개체로 표현되고 경로로 해석되는 과정이 반복되면서 특히 노드수가 많아질 경우 계산시간과 기억용량에 부하가 생기는 단점이 있다.

Voicu and Myler(1998)의 논문에서 경로를 찾아가는 방법은 시작노드와 도착노드에서 동시에 랜덤하게 인접한 노드들을 연결하여 서로 만나게 함으로써 경로를 생성해 간다. 이 논문의 특징은 초기 개체 생성부터 유전자알고리즘을 사용하여 교배와 돌연변이를 적용하여 초기 개체 생성에서 보다 다양한 개체 집단을 생성하였다고 서술하고 있으나 개체생성을 위한 유전자알고리즘 적용과정이 불명확하다.

최규석, 우광방(1997)의 논문에서의 경로생성 방법은 시작점에서 도착점까지 인접한 노드를 랜덤하게 선택하였는데 이 방법의 단점은 네트워크의 규모가 커졌을 때 개체 생성 가능성이 적으며 비효율적이다. 이 과정에서 설정된 회전제약에 따라 이웃 노드 중 일부를 선택 대상에서 제외, U턴이 가능하도록 한 반면, P턴은 고려하지 못하였다.

Inagaki, et al.(1999)의 논문은 다양한 최단경로를 찾을 때 여러 지역으로 나누고 경로의 길이에 가중치를 두고서 개체를

구성함으로써 차별화된 대안경로를 구하고자 했다. 이러한 방법은 차별화된 다수 최단경로 대안을 제시함으로써 교통량 분산에 도움이 될 수 있는 장점이 있다. 경로생성 방법에서 유전자들은 각각의 노드를 나타내며, 교배와 돌연변이가 수월하다. 반면, 개체로 표현하고 경로 형태로 해석하는 과정을 반복하게 되므로, 특히 노드수가 많아질수록 계산시간 및 기억 용량에 부담이 발생하게 되어 비효율적일 수 있다.

Seo and Choi(1998)의 논문에서 유전자알고리즘을 이용하여 차별화된 다수 최적경로를 교통네트워크에서 공통 노드 또는 호의 중복을 최소화하는 방법을 서술하고 있으나 방법론이 불명확하다.

본 절에서는 GA 방법론을 네트워크에 적용하여 최적경로를 찾고자 시도한 기존 논문들을 요약 분석함으로써 각 논문에서 제시하는 방법들의 장점과 단점을 지적하였다. 다음 4절에서는 이러한 내용을 바탕으로 이 방법들의 장점을 공유하고 단점을 보완하여 최적경로를 제시할 수 있는 새로운 방법론을 제시하고자 한다.

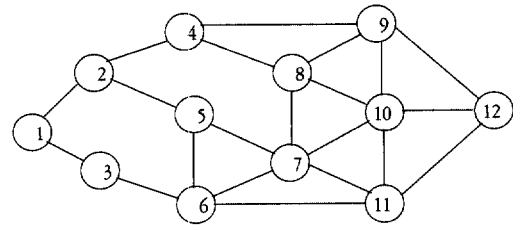


그림 2. 교통네트워크의 예.

4. 다수 최적경로를 위한 유전자알고리즘 수행방법

4.1 초기 개체의 생성방법

<그림 2>에 주어진 교통네트워크에서 제안된 기중점간 경로 개체 생성방법은 <그림 3>에 나타나 있는 바와 같이 기점 노드 1과 종점 노드 12 두 곳에서부터 시작하여 각 노드의 인접 노드를 확률적 랜덤선택에 의해 노드를 계속적으로 반복해서 연결해 나간다.

다시 말해서, <그림 3>의 단계 0에서는 기점노드 1과 종점 노드12가 연결되어 있는지 확인하고 연결되어 있으면 개체를 생성하고 그렇지 않으면 단계 1로 넘어간다. 단계 1에서는 노드 1의 인접노드 2, 3이 노드 12와 같은 노드가 있는지를 확인하여 같은 노드가 있으면 개체가 생성되고, 그렇지 않으면 단계 2로 넘어간다. 단계 2에서는 노드 1의 인접노드 중 하나를 랜덤하게 선택하여 기점노드로부터 연결된 경로 [1 2]를 만들고, 이 경로의 마지막 노드 2의 인접노드 4, 5중에서 종점노드에서 시작한 경로에 포함된 노드 12 중에 같은 노드가 있는지를 확인하여 같은 노드가 있으면 서로 연결하여 개체를 생성하고, 그렇지 않으면 단계 3으로 넘어간다. 단계 3에서는 노드 12의 인접노드 중 하나를 랜덤하게 선택하여 종점노드로부터 연결된 경로 [11 12]를 만들고, 이 경로에 마지막으로 연결된 노드 11의 인접노드 6, 7, 10 중에서 기점노드에서 시작한 경로에 포함된 노드 1, 2 중에 같은 노드가 있는지를 확인하여 같은 노드가 있으면 서로 연결하여 개체를 생성하고, 그렇지 않으면 단계 4로 넘어간다. <그림 3>은 위와 같이 방법으로 단계 7을 거쳐 새로운 개체 [1 2 4 8 7 11 12]를 생성할 수 있었다.

- 단계 0. [1] 기점노드 [12] 종점노드
- 단계 1. [1] 노드 1의 인접노드(2, 3)
종점노드로부터 생성된 경로의 모든 노드(12)
- 단계 2. [1 2] 노드 2의 인접노드(4, 5)
종점노드로부터 생성된 경로의 모든 노드(12)
- 단계 3. [11 12] 노드 11의 인접노드(6, 7, 10)
기점노드로부터 생성된 경로의 모든 노드(1, 2)
- 단계 4. [1 2 4] 노드 4의 인접노드(8, 9)
종점노드로부터 생성된 경로의 모든 노드(11,12)
- 단계 5. [7 11 12] 노드 7의 인접노드(5, 6, 8, 10)
기점노드로부터 생성된 경로의 모든 노드(1, 2, 4)
- 단계 6. [1 2 4 8] 노드 8의 인접노드(4, 7, 10)
종점노드로부터 생성된 경로의 모든 노드(7, 11, 12)
- 단계 7. 노드 7에서 연결됨. 결과적으로
[1 2 4 8 7 11 12] 라는 개체 생성

그림 3. 초기 개체 생성의 예.

4.2 회전금지와 순환서브경로 U턴과 P턴

초기개체를 생성할 때 회전금지부분을 고려하여 생성한다. 즉, 논문에서는 실제 교통네트워크에서 U턴과 P턴은 회전금지 구역에서 발생하기 때문에 U턴과 P턴은 회전금지 노드중심(<그림 4>에서는 노드 7)에서만 가능하게 설정되어 있다. 따라서, 회전금지 중심노드의 유무를 판단하여 U턴과 P턴을 허용한다. 결국 회전금지구역(6->7->8)을 <그림 4>의 (a), (b)와 같이 대처할 수 있는 경로 개체를 생성한다. 회전금지(<그림 4>의 경로 [6 7 8])는 회전금지노드에 대한 정보{회전금지 중심노드의 전 노드(노드 6), 회전금지 중심노드(노드 7), 회전금지 중심노드의 다음 노드(노드 8)}와 현재 개체에 대한 정보{현재 선택노드의 전 노드, 현재 선택노드, 새로 선택할 노드}를 비교하여 모든 것이 일치할 때 회전금지부분을 경로생성에서 제외시킨다.

<그림 4>의 (a)에 나타난 바와 같이 [6 7 8] 경로가 회

전금지라면

1	3	6	7	10	8	9	12
---	---	---	---	----	---	---	----

와 같이 7번 노드가 순환노드가 발생되지 않으면서 회전금지 부분을 피해 갈 수 있는 방법이 있다.

또한,

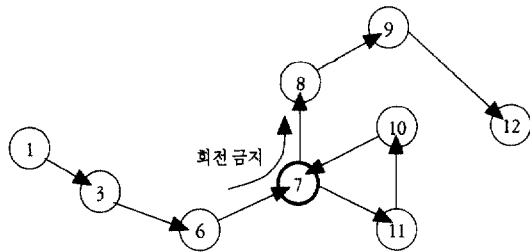
1	3	6	7	11	10	7	8	9	12
---	---	---	---	----	----	---	---	---	----

와 같이 7번 노드가 순환 노드가 되는 경우가 생기게 되는데 이러한 경우의 순환노드는 회전禁지를 피해갈 수 있다.

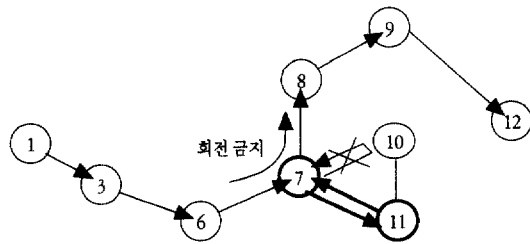
또한, 최단 경로 문제인 네트워크에서 U턴은 회전 禁지를 피해가기 위한 대안이므로 회전 금지일 때만 U턴이 가능하도록 가정하였다. 이 경우에도 순환서브경로가 생기게 되며 이 순환서브경로를 제거하지 않도록 한다. <그림 4>의 (b)에서 6->7->8 경로가 회전 금지이고, 이때 기본적으로 경로 7->11->7와 7->10->7이 U턴 가능하지만 교통상황에 따라 경로 7->10->7을 U턴 불가능 경로로 가정하였다. 따라서 U턴이 가능한 경로 7->11->7에서는,

1	3	6	7	11	7	8	9	12
---	---	---	---	----	---	---	---	----

와 같은 경로가 생성될 수 있다. 그러나 경로 7->10->7에서는 U턴 불가능 구역이므로 다른 경로를 선택할 수 있도록 하였다.



(a) 회전 禁지를 고려한 순환 또는 비순환 경로의 예

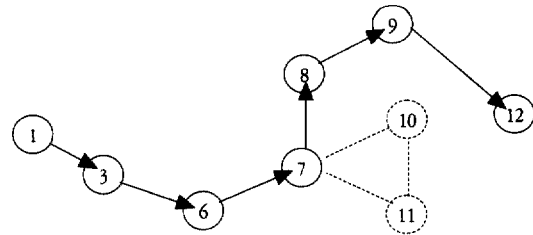


(b) 회전 禁지를 고려한 U턴 가능한 순환경로의 예 (U턴 가능한 경로: 7->11->7, U턴 불가능한 경로: 7->10->7)

그림 4. 회전 禁지로 인한 순환서브 경로.

4.3 회전 금지, U턴, P턴을 고려한 순환서브경로의 최소화 과정

본 논문에서 순환서브경로를 최소화하기 위해서 다음과 같은 방법을 사용하였다. <그림 2>에서 시작 노드 1로부터 2->5->7->8->4가 선택된 뒤 노드 4에서 선택될 노드는 인접 노드인 2와 9가 있게 된다. 여기서 만약 노드 2가 랜덤하게 선택된다면 이미 노드 2가 선택된 노드이기에 순환경로가 발생



1	3	6	7	11	10	7	8	9	12
---	---	---	---	----	----	---	---	---	----

(a) 순환경로 제거 전

1	3	6	7	8	9	12
---	---	---	---	---	---	----

(b) 순환경로 제거 후

그림 5. 순환경로 제거.

하기 때문에, 먼저 노드 2에서 U턴 가능, P턴 가능, 회전 禁지를 판단하여, 만약 그렇다면 순환노드로써 노드 2를 선택할 수 있게 하고, 그렇지 않다면 노드 2가 아닌 다른 노드를 랜덤하게 선택하게 하였다.

<그림 5>의 (a)개체에서 순환경로

6	7	11	10	7	8
---	---	----	----	---	---

가 노드 7을 중심으로 순환경로의 타당한 정당성(U턴, P턴)이 없을 경우(경로

6	7	8
---	---	---

이 회전 禁지가 아닐 경우) <그림 5>의 (b)와 같이 순환경로(경로

11	10
----	----

)를 제거하여 경로

6	7	8
---	---	---

을 생성할 수 있다.

4.4 표본 추출 방법

유전자 탐색의 진화 과정에서 두 가지의 중요한 요인은 개체집단의 다양성과 선택강도이다. 이 두 요인은 매우 깊은 관계가 있어, 선택 강도의 증가는 개체집단의 다양성을 감소시키고, 선택 강도의 감소는 반대로 개체집단의 다양성을 증가시킨다. 다시 말해 강한 선택 압력은 유전자 탐색의 초기 수렴을 일으키는 반면 약한 선택 압력은 탐색의 기능을 저하시킨다. 그러므로 이 두 요인 사이의 균형을 유지하는 것이 표본 추출 방법에 매우 중요한 영향을 미친다. 따라서, 본 논문에서는 다수 최적경로 탐색을 위한 진화 프로그램 적용에 있어서, 초기 세대부분에서는 개체집단의 다양성의 강도를 강하게, 선택의 강도를 상대적으로 약하게 시작하여, 말기 세대부분으로 갈수록 선택강도를 증가시키고 다양성의 강도를 줄여나가는 방법을 적용하였다. 식 (1)에 표현한 것처럼 초기 세대에 다양성을 강조하여 다양한 개체집단을 형성하기 위해서 돌연변이율을 크게 하였고, 세대가 진행됨에 따라 다양성을 감소시키고 선택의 강도를 높이기 위해 돌연변이율을 작게 하였다. 또한, 식 (2)에 표현한 것처럼 선택강도의 증가를 위해 재생성 과정에서 열성 개체(개체의 적합도 함수 값이 낮은 것)를 제거하고 우성 개체(개체의 적합도 함수 값이 높은 것)의 수를 세대가 거듭할수록 많이 사용하는 방법을 적용하여 우성 개체의 교배

확률을 높이도록 하였다.

G 세대에서 적용할 돌연변이 확률 = 초기에 주어지는 돌연변이 확률 $\times \alpha^G$ (1)

G 세대에서 적용할 우성 개체의 적용의 수 = 초기에 주어지는 우성개체의 최대적용 수 - 정수화 (우성개체의 최대적용 수 $\times \beta^G$) (2)

정수화: 소수점 버림화하여 정수로 만들

(α, β : 가중치, $0 < \alpha < 1, 0 < \beta < 1$)

G: 0, 1, 2, 3, ... , 세대

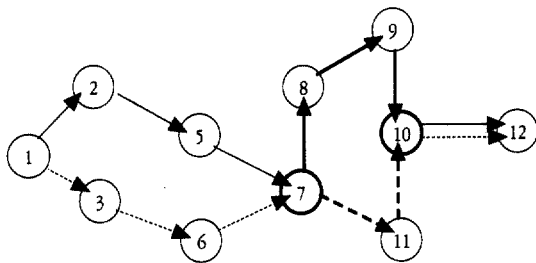
4.5 경로재생 연산자의 설계

4.5.1 교배

두 노드 교배 연산자(two-point crossover)는 두 개체간 공통 노드가 3개(기점, 종점포함) 이상일 때만 가능하며, 3개 이상일 때는 노드를 랜덤하게 선택하여 두 교배노드를 선택한다. 따라서 두 개체의 두 교배노드(노드 7과 10) 사이의 서브 경로 (7 8 9 10과 7 11 10)를 상호 교환함으로써 새로운 두 경로 개체를 생성할 수 있게 된다(<그림 6>).

이때, 새로 연결되는 서브경로(<그림 6>에서 5 7 11, 6 7 8, 9 10 12, 11 10 12)에서 회전금지 안 생기면 교배를 하고, 한 경로라도 회전금지 구역이면 두 개체간 공통 노드 중 다른 노드를 랜덤하게 선택하여 교배를 다시 시도한다.

<그림 7>은 교배로 인해 순환노드가 생기는 경우와 이를 제거하는 과정이다. 공통노드(노드 6과 10) 간 서브 경로(6 11 7 10와 6 7 8 9 10)를 상호 교환함으로써 순환노드(노드



1	2	5	7	8	9	10	12
1	3	6	7	11	10	12	

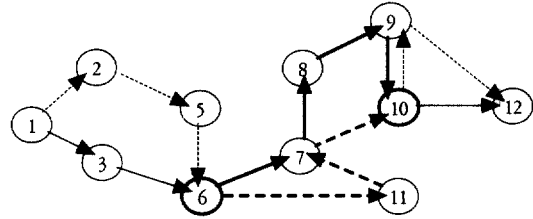
(a) 교배 전 부모 염색체

1	2	5	7	11	10	12	
1	3	6	7	8	9	10	12

(b) 교배 후 자손 염색체

그림 6. 공통노드(7과 10)를 중심으로 교배.

9)가 생기게 되는데, 이 순환노드(9 10 9)는 노드 9에서의 서브경로(8 9 12)에 회전 금지가 없을시에 제거하고 회전 금지일 때는 제거하지 않는다.



1	2	5	6	11	7	10	9	12
1	3	6	7	8	9	10	12	

(a) 교배 전 부모염색체

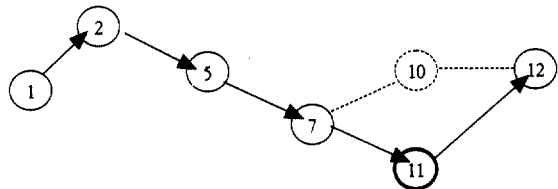
1	2	5	6	7	8	9	10	9	12
1	3	6	11	7	10	12			

(b) 교배 후 순환노드가 존재하는 자손 염색체

1	2	5	6	7	8	9	12		
1	3	6	11	7	10	12			

(c) 교배 후 순환노드를 제거한 자손 염색체

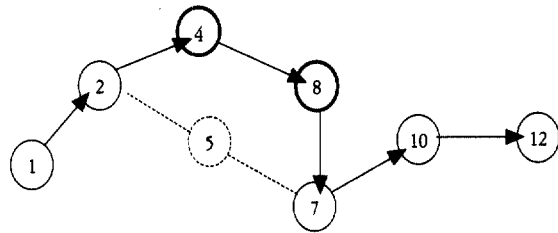
그림 7. 공통노드(6과 10)를 중심으로 교배-순환경로 제거 예.



1	2	5	7	10	12		
---	---	---	---	----	----	--	--

1	2	5	7	11	12		
---	---	---	---	----	----	--	--

그림 8. 한 노드를 다른 한 노드로 돌연변이.



1	2	5	7	10	12		
---	---	---	---	----	----	--	--

1	2	4	8	7	10	12	
---	---	---	---	---	----	----	--

그림 9. 한 노드를 다른 경로 노드로 돌연변이.

4.5.2 돌연변이

본 논문에서 사용한 돌연변이 연산자에는 다음과 같은 방법이 있다. 첫 번째 방법은 생성된 개체의 한 노드를 랜덤하게 선택하여 기중점을 연결시킬 수 있는 다른 한 노드를 랜덤하게 선택하여 대치하는 방법(<그림 8>에서 노드 10을 11로 대치)으로 하였으며, 한 노드로 대치가 불가능한 경우 한 노드를 다른 경로 노드들로 대치(<그림 9>에서 노드 5를 경로 노드 4>8로 대치)시킴으로써 새로운 경로 개체를 생성하도록 하는 두 번째 방법을 사용하였다. 이때 돌연변이 될 특정노드의 앞노드(<그림 9>에서의 노드 2)를 새로운 기점으로 하고, 그 특정노드의 다음노드(<그림 9>에서의 노드 7)를 새로운 종점으로 하여 개체 생성할 때와 같은 방법으로 새로운 개체를 생성하면 된다.

이때, 회전 금지를 고려하여야 하는데 새로 연결되는 서브경로(<그림 8>에서 [5 7 11], <그림 9>에서 [1 2 4], [8 7 10])에서 회전금지가 안 생기면 돌연변이를 진행하고, 하나의 서브경로라도 회전금지 구역이라면 새로운 노드를 랜덤하게 선택하여 돌연변이를 다시 시도한다.

<그림 10>은 돌연변이를 하는 과정에서 순환노드가 생기는 경우와 U턴, P턴, 회전금지가 없을 때 순환노드를 제거하는 방법을 설명한다.

돌연변이 전 개체인 [1 2 4 8 9 12]에서 노드 8을 랜덤하게 선택하고 노드 8의 전노드인 노드 4를 시작노드로 노드 8의 다음노드인 9를 도착노드로 하여 개체를 생성한다. 만약 노드 [2 4 2]와 [10 9 12]가 회전 금지가 아니면 돌연변이를 수행한다. 이런 과정을 통하여 순환노드 [2 4 2]가 존재하는 [1 2 4 2 5 7 10 9 12] 개체를 생성하게 되었다. 만약 노드 [1 2 5]가 회전금지 부분이라면 노드 4에서 U턴이 가능하도록 순환경로 [2 4 2]를 제거하지 않고, [1 2 5]가 회전금지 부분이 아니라면 순환노드 4를 제거한다.

4.6 적합도에 의해 개체를 재평가하는 평가함수

임의의 노드 V_i 에서 V_j 까지의 경로는 $(V_i, V_l), (V_l, V_m), \dots, (V_k, V_j)$ 와 같이 각각의 호가 연속으로 연결됨으로서 형성된

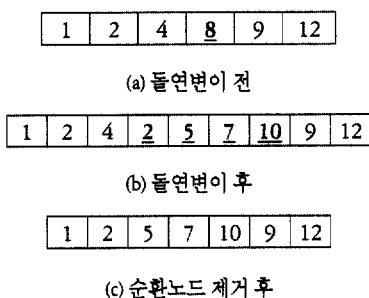


그림 10. 돌연변이 후 순환노드 제거.

다. 다시 말해서 경로는 연속된 노드 $(V_i, V_l, V_m, \dots, V_k, V_j)$ 로 나타낼 수 있으며, 경로상에 회전금지인 U턴이나 P턴이 포함되어 있을 경우는 노드의 반복이 있을 수 있다. 최적경로 문제는 임의로 주어진 두점에 대하여 총비용이 최소값인 경로를 찾는 것이다. 그러므로 Gen, et al.(1997)이 제한했듯이 정수 계획법 모델(integer programming model)로 공식화 할 수 있다.

$$x_{ij} = \begin{cases} 1 : & \text{만약 호}(i, j)\text{가 기중점을 포함한} \\ & \text{경로에 포함되어 있을 경우} \\ 0 : & \text{그렇지 않을 경우} \end{cases}$$

$$w_{ij} = \text{노드 } i \text{와 } j \text{가 연결된 호의 비용값(소요시간, 거리 등), 양수 값}$$

시작점과 도착점을 포함하는 각각의 염색체에 대한 최소화 문제

$$\text{Minimize } \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n w_{ij}x_{ij} \quad (3)$$

n : 노드 수

개체를 선택할 때 룰렛 휠 방식을 적용하기 위해 평가함수를 식(4)와 같이 표현할 수 있다.

$$F_k = \frac{1}{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n w_{ij}x_{ij}} \quad (4)$$

F_k : 개체 k 의 평가함수값

$$P_k = \frac{F_k}{\sum_{k=1}^n F_k} \quad (5)$$

P_k : 개체 k 의 선택될 확률

재평가는 계산시간을 줄이기 위해 돌연변이나, 교배를 통해 염색체의 변형이 일어난 개체만을 재평가하도록 한다.

4.7 종료 조건

GA의 종료 결정 방법에는 다음과 같은 방법들을 적용하였다.

- 1) 가장 간단한 종료 조건으로 현 세대가 사전에 정한 반복 세대수를 넘으면 종료한다.
- 2) 필요한 정보의 가치가 유효한 특정 시간 내에 실행하고 종료한다(정보사용자가 제시).
- 3) 사전에 정한 일정 세대수를 진행하여 최적값의 변화가 사전에 정한 값의 변화보다 개선이 없을 때 종료한다.

본 논문에서는 지금까지 설명한 GA 수행절차에 따라 C++언어를 사용하여 유전자알고리즘 수행 과정을 프로그램 하였다. 이 프로그램은 교통네트워크의 변경이나 고객의 요구에 의해 사용자에게 따라 <표 1>과 같은 권한이 부여되고 정보 내용의 입력 데이터 파일을 생성하여 입력하여 주기만 하면 된다. 그리고 시스템 관리자는 간단한 변수 값의 변경으로 고객

표 1. 시스템 사용자에 따른 변경 가능 항목

사용자 구분	내용	변경 가능 항목
시스템 사용자		· 시작노드, 도착노드
시스템 관리자	· 입력 파일: 교통네트워크의 정보가 있는 파일이며, 각 노드간의 연결유무, 회전금지구역, U턴 금지구역 U턴 가능 구역, <그림 2>에서 설명한 각 노드간의 비용값 등의 정보가 있다. · 돌연변이율, 교배율: 유전 파라미터 값 · 다양성과 수렴에 대한 가중치 · 세대수, 종료시간, 개선비율: 종료조건에 해당하는 매개변수 · 최적경로 개수: 결과값	
시스템 프로그래머		· 시스템 오류나 개선 사항이 있을때

이 원하는 정보와 교통네트워크의 변경에 대처할 수 있게 작성되어 있다.

5. 다수 최적경로를 위한 진화 프로그램의 적용

본 절에서는 4절에서 설명한 유전자알고리즘 수행절차를 거쳐 다수 최적경로를 탐색하는 과정을 다음과 같이 설명할 수 있다.

5.1 최적경로를 위한 유전자알고리즘의 검증

서울시 강북구의 실제지도를 교통네트워크로 표시한 것이 <그림 11>인데, 각 교차로를 노드번호로 표시하였다. 시작노드는 노드 1, 도착노드는 노드 46으로 가정한다. 그리고 각 호의 비용값 또한 <그림 11>과 같이 임의로 가정하였다.

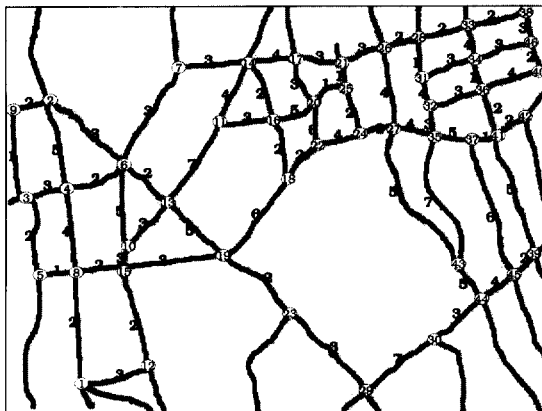


그림 11. 서울시 강북구의 제약조건이 없는 교통 네트워크.

a) Dijkstra 알고리즘에 의한 최적경로:

1-> 8-> 4-> 6-> 7-> 14-> 17-> 21->26-> 28-> 31-> 34-> 46(최적값 33)

b) 유전자알고리즘(GA)에 의한 최적경로:

<그림 11> 예제를 전체적인 최적경로 탐색절차 과정을 따라 설명하기로 한다. 여러 번의 실행으로 가장 적절하다고 판단되는 유전파라미터의 값으로 선택된 초기 개체군의 개체수 10, 교배 연산자의 확률값 0.4, 초기 돌연변이 연산자의 확률값을 0.5로 설정하고 최적 네트워크를 위한 유전자알고리즘을 모의 실험하였다.

유전자알고리즘을 이용하여 교통네트워크에서 다수 최적경로를 찾아내기 위해, 초기화 과정으로 초기 개체군의 염색체를 랜덤하게 선택하여 구성된 초기 개체집단을 형성한다. 평가단계에서 식 (4)를 적용하여 각 염색체의 적합도 함수 값을 계산한다. 유전자알고리즘의 마지막 세대로 갈수록 다수 최적경로 탐색과, 표본 추출에서 선택의 강도를 강하게(다양성을 약하게)하기 위해 열성 개체를 우성 개체로 교환하기 위해 elitist pool 방법을 적용한다. 각 염색체가 선택될 확률과 누적 확률 값을 구하여 룰렛 휠 방법을 적용하여 개체를 선택하게 된다. 이제 재 조합 연산자인 교배와 돌연변이 연산자를 새로운 개체집단의 개체들에 적용하고 개체들에 대해 불필요한 순환노드를 제거한다.

지금까지 유전자알고리즘의 진행과정의 한세대를 마치고, 다음 세대를 계속적으로 평가한다. 이 진화 프로그램은 몇 세대간 최적값의 변화율에 따른 조건에 의해 종료가 된다. 지금까지 설명한 유전자알고리즘 진행 결과는 펜티엄III-450 PC를 사용하여 약1초내에 결과를 얻을 수 있었으며, 결과를 종합해보면 첫세대의 모든 개체들의 경로길이의 합은 558이었으며 최종단계의 모든 개체들의 경로길이의 합은 421로 개선되었으며 가장 좋은 개체의 경로길이는 33으로 나타나 새로운 최적의 값을 얻을 수 있었다.

최적경로: 1 -> 8 -> 4 -> 6 -> 7 -> 14 -> 17 -> 21 -> 26 -> 28 -> 31 -> 34 -> 46(최적값 33)

이와 같이 GA로 구한 최적경로가 Dijkstra 알고리즘으로 구한 경로와 일치함으로써 제시한 유전자알고리즘에 대하여 검증할 수 있었고 혼잡도가 큰 경우에도 본 논문에서 제시한 최적 경로 알고리즘이 제 역할을 할 수 있음을 유추할 수 있었다.

<그림 12>는 각 세대의 모든 경로값의 합계의 수렴을 보여주고 있다. 이 그림을 보면 초기에는 세대의 변화에 따라 경로값이 민감하게 수렴하는 것을 볼 수 있으며, 최적 값에 가까워도 달한 뒤의 세대의 변화는 경로 값에 큰 변화를 주지 않고, 미세한 변화를 가지며 개체집단을 형성하게 된다는 것을 알 수 있다.

본 논문에서 제시한 알고리즘이 혼잡도가 큰 상황에서도 최적값에 수렴한다는 것을 컴퓨터 시뮬레이션을 통하여 다음과 같이 검증하였다. 회전금지, U턴, P턴을 고려하지 않은 단

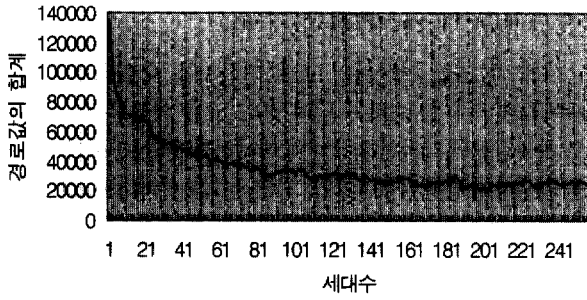


그림 12. 각 세대의 적합도 함수의 합계에 대한 추이.

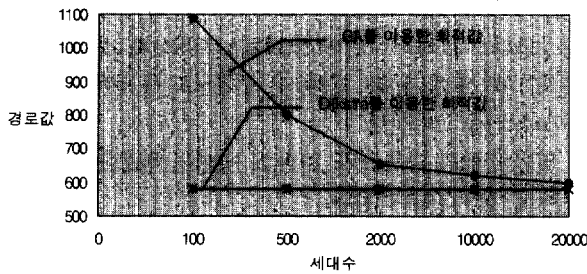


그림 13. 세대 수 변화에 따른 GA를 이용한 최적값의 변화.

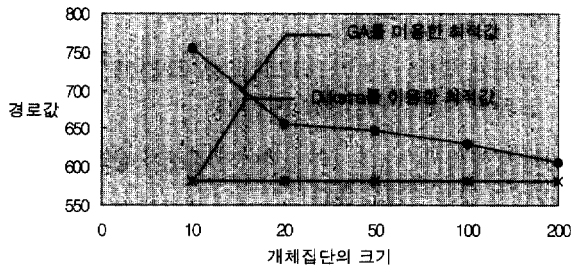


그림 14. 개체집단의 크기 변화에 따른 GA를 이용한 최적값의 변화.

순경로에서 Dijkstra 알고리즘과 비교하여 다수 최적경로탐색을 위한 GA 시뮬레이션 결과를 분석하였다. <그림 13>은 노드 300개, 호 761개, 개체집단의 크기 20개일 때 세대수가 증가함에 따라 최적값(Dijkstra 알고리즘으로 구한 최적값: 581)에 근접해감을 알 수 있다. <그림 14>는 노드 300개, 호 761개, 세대수 2000번일 때 초기 개체집단의 크기가 증가함에 따라 최적값에 근접해감을 알 수 있다. GA를 이용한 최적값은 10회 반복을 통한 평균값이다.

5.2 최적경로를 위한 유전자알고리즘의 적용

서울시 강남구의 실제지도를 교통네트워크로 표시한 것이 <그림 15>인데, 각 교차로를 노드번호로 표시하였고 각 교차로에 근접한 소재지를 지명으로 표시하였다. 회전 금지, U턴과 P턴, U턴 금지 등은 임의적으로 결정하여 표시하였으며, 25개의 노드로서 구성되어 있다.

회전금지 경로 (

1	4	5
---	---	---

,

3	6	7
---	---	---

,

8	7	13
---	---	----

,

12	11	5
----	----	---

,

10	16	17
----	----	----

,

13	19	18
----	----	----

,

18	22	23
----	----	----

)는 7개 지역으로 임의적으로 정하였고, 실제 교통네트워크에서 회전 금지를 극복하기 위해 U턴이나 P턴을 사용하기 때문에 회전 금지 경로의 중심노드인 4, 6, 7, 11, 16, 19, 22에서만 순환경로(U턴, P턴)가 가능하고 다른 지역은 순환경로가 불가능하다고 가정한다.

다시 말해서, 순환노드를 포함한 순환경로가 가능한 U턴, P턴은 회전금지구역(12->11->5)에서 U턴(11->10->11, 11->17->11) 중에서 U턴 금지구역(11->17->11)을 제외하고 가능하다.

또한 P턴(12->11->10->16->20->21->17->11->5)도 가능하다.

실제 교통네트워크에 적용하기 위해 회전금지의 중심노드에서도 U턴 금지(

6	5	6
---	---	---

,

6	12	6
---	----	---

,

11	17	11
----	----	----

),

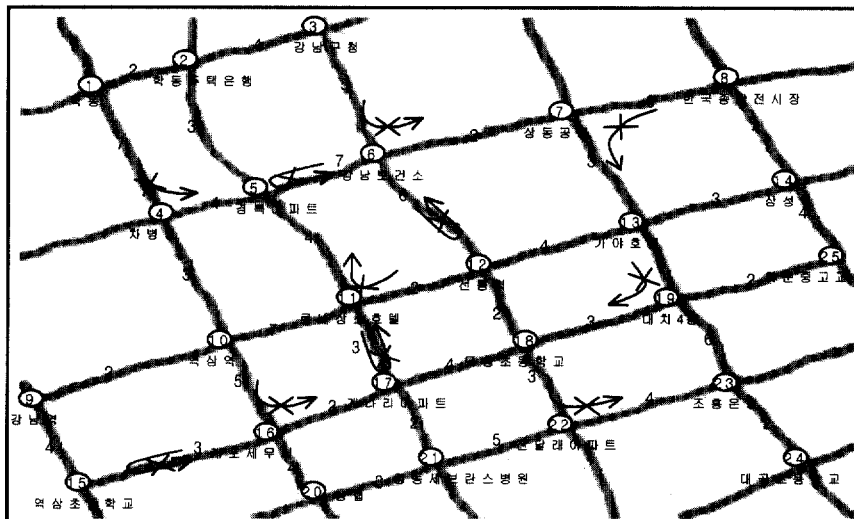


그림 15. 서울시 강남구의 제약 조건이 있는 교통네트워크.

표 2. 첫 번째 세대의 개체집단 정보

개체	경로	경로 길이	적합도 함수값
1	1 2 3 6 5 4 10 11 17 21 22 23 19 25	54	0.0185
2	1 4 10 11 12 13 19 25	31	0.0323
3	1 2 3 6 7 13 14 25	23	0.0435
4	1 2 3 6 12 18 19 13 14 25	35	0.0286
5	1 4 10 9 15 16 20 21 17 18 12 6 7 8	59	0.0169
6	13 14 25	30	0.0333
7	1 4 10 11 12 13 14 25	42	0.0238
8	1 2 5 6 12 11 17 21 22 23 19 25	38	0.0263
9	1 4 10 9 15 16 17 18 12 13 14 25	42	0.0238
10	1 2 3 6 5 11 12 18 19 13 14 25	30	0.0333
합계		384	0.2804

16 15 16)를 임의적으로 설정하였다. 시작노드는 학동(노드 1), 도착노드는 휘문중고교(노드 25)로 가정한다. 그리고 각 호의 비용값 또한 <그림 15>와 같이 임의로 가정하였다.

<그림 15> 예제를 전체적인 최적경로 탐색절차에 따라 설명하기로 한다. 여러번의 실행으로 가장 적절하다고 판단되는 유전자라미터의 값으로 선택된 개체군의 개체 수 10, 교배 연산자의 확률값 0.4, 초기 돌연변이 연산자의 확률값을 0.5로 설정하고 실험하였다. 유전자알고리즘을 이용하여 교통네트워크에서 다수 최적경로를 찾아내기 위해 염색체를 랜덤하게 선택하여 구성된 초기 개체집단을 형성하고, 식 (2)을 적용하여 각 개체의 경로길이와 적합도 함수 값을 계산하면 <표 2>와 같다.

네트워크 문제는 시작노드에서 시작하여 도착노드까지의 최단길이가 최적의 경로이므로, 역수의 값이 가장 큰 개체3이 가장 적합도 함수가 크고, 역수의 값이 가장 작은 개체1이 가장 적합도 함수가 작은 것임을 알 수 있다. 여기서 마지막 세대로 갈수록 다수 최적경로 탐색과, 표본 추출에서 선택의 강도를 강하게(다양성을 약하게)하기 위해 열성 개체를 우성 개체로 교환하기 위한 자료를 얻기 위해 elitist pool에 우성 개체들을 저장시킨다.

이제 룰렛 휠 선택에 의해 새로운 개체집단은 다음의 염색체들로 구성된다.

- 개체1: 1 4 10 11 12 13 19 25(개체2)
- 개체2: 1 2 3 6 7 13 14 25(개체3)
- 개체3: 1 4 10 9 15 16 20 21 17 18 12 6 7 8 13 14 25(개체5)
- 개체4: 1 2 3 6 5 4 10 11 17 21 22 23 19 25(개체1)
- 개체5: 1 4 10 11 12 13 14 25(개체10)
- 개체6: 1 2 5 6 12 11 17 21 22 23 19 25(개체7)
- 개체7: 1 4 10 11 12 13 14 25(개체6)
- 개체8: 1 4 10 11 12 13 19 25(개체2)
- 개체9: 1 4 10 11 12 13 19 25(개체2)

개체10: 1 2 3 6 7 13 14 25(개체3)

이제 재 조합 연산자인 교배 연산자를 새로운 개체집단의 개체들에 적용할 준비가 되어 있다. 교배 확률은 $p_c = 0.4$ 이므로 개체집단의 각각의 염색체에 대하여 범위 [0,1] 사이의 난수 r 을 발생하여 만일 $r < 0.4$ 이면, 그 염색체를 선택하여 교배한다.

0.9720 0.6071 0.2083 0.2886 0.6846
0.2206 0.0381 0.0175 0.1578 0.8777

이 수열을 통해 교배연산에 선택된 염색체는 개체3과 개체4, 개체6과 개체7, 개체8과 개체9이다. {선택 개체의 수가 홀수일 경우에는 하나를 제거하고, 두 개(짝수 개)의 개체로 교배 쌍을 생성한다.} 따라서, 1번째 쌍(개체3, 개체4)과 2번째 쌍(개체6, 개체7) 3번째 쌍(개체8, 개체9)은 공통노드 중 랜덤하게 선택된 두 노드간을 교배한다.

첫번째 쌍의 경우 노드 10과 21 사이의 경로를 서로 바꿈으로써 한 쌍의 자손이 된다.

교배된 개체3: 1 4 10 11 17 21 17 18 12 6 7 8 13 14 25
교배된 개체4: 1 2 3 6 5 4 10 9 15 16 20 21 22.23 19 25

두번째 쌍에서는 노드 1과 12 사이의 경로를 서로 바꿈으로써 한 쌍의 자손이 된다.

교배된 개체6: 1 4 10 11 12 11 17 21 22 23 19 25
교배된 개체7: 1 2 5 6 12 13 14 25

3번째 쌍에서는 노드 1과 4 사이의 경로가 같기 때문에 서로 바꾸어도 같은 개체가 된다.

다음 단계는 교배를 통해 새로 생성된 개체들 중 순환노드를 찾아 U턴과 P턴의 허용 유무를 판단하여 U턴, P턴이 필요 없는 경우 순환노드를 제거한다.

순환 노드 제거 전 개체3: 1 4 10 11 17 21 17 18 12 6 7 8 13 14 25

개체3의 노드 17에서 순환이 생겼으나 노드 17이 회전금지의 중심노드가 아니므로 순환노드를 제거하여야 한다. 따라서, 다음과 같은 경로가 형성된다.

순환 노드 제거 후 개체3: 1 4 10 11 17 18 12 6 7 8 13 14 25

이제 돌연변이 연산자를 새로운 개체집단의 개체들에 적용할 준비가 되어 있다. 돌연변이 확률은 $p_m = 0.5$ 이므로 새로운 개체집단의 각각의 염색체에 대하여 범위 [0,1] 사이의 난수 r 을 발생하여 만일 $r < 0.5$ 이면, 그 염색체를 선택하여 돌연변이를 시킨다.

0.1920 0.7104 0.6488 0.9477 0.6036
0.8066 0.1098 0.2027 0.9400 0.7035

이 수열을 통해 돌연변이 연산에 선택된 염색체는 개체1, 개체7, 개체8이다. 개체 각각에서 랜덤 난수를 발생시켜 하나의 유전자를 선택하여 돌연변이를 시키는데, 여기서는 개체1의

노드 19, 개체7의 노드 2, 개체8의 노드 19를 돌연변이 시킨다.

개체1: 1 4 10 11 12 13 19 25

돌연변이 후 개체1: 1 4 10 11 12 13 7 13 14 25

개체7: 1 2 5 6 12 13 14 25

돌연변이 후 개체7: 1 4 10 11 5 6 12 13 14 25

개체8: 1 4 10 11 12 13 19 25

돌연변이 후 개체8: 1 4 10 11 12 13 14 25

개체들에 대해 불필요한 순환노드를 제거하면 다음과 같다.

순환노드 제거 전 개체1: 1 4 10 11 12 13 7 13 14 25

개체1의 노드 13에서 순환이 생겼으나 노드 13이 회전금지
의 중심노드가 아니므로 순환노드를 제거하여야 한다. 따라
서, 다음과 같은 경로가 형성된다.

순환노드 제거 후 개체1: 1 4 10 11 12 13 14 25

지금까지 유전 과정 중 한 세대를 마쳤다. 새로운 개체집단
각각의 염색체를 평가하고 이들의 값으로 적합도 함수의 값을
계산하면 <표 3>과 같다. 새로운 개체집단의 총 경로길이 합
은 364로 이것은 이전 개체 집단의 총 경로길이 합 384보다 좋
은 값을 얻을 수 있었다.

이제 선택과정을 다시 거치고, 유전 연산자를 적용하여 다
음 세대를 계속적으로 평가한다. 이 진화 프로그램은 세대수
200에서 종료하였고, 펜티엄III-450 PC를 사용하여 1초 내외에
결과를 얻을 수 있었다. <그림 16>은 세대수가 진행됨에 따라
각 세대의 개체 총합의 추이를 나타낸 것이다. 또한, <표 4>는
마지막 세대의 개체 집단을 나타내는데, 경로길이의 합은 187
로써 첫 번째 세대의 384보다 현격하게 개선되었음을 확인할
수 있었다. 가장 좋은 개체의 평가 값은 18로 나타나 새로운 최
적의 값을 얻을 수 있었다.

표 3. 두 번째 세대의 개체집단 정보

개체	경로	경로 길이	적합도 함수값
1	1 4 10 11 12 13 14 25	30	0.0333
2	1 2 3 6 7 13 14 25	23	0.0435
3	1 4 10 11 17 18 12 6 7 8 13 14 25	51	0.0196
4	1 2 3 6 5 4 10 9 15 16 20 21 22 23 19 25	58	0.0172
5	1 4 10 11 12 13 14 25	30	0.0333
6	1 4 10 11 12 11 17 21 22 23 19 25	43	0.0233
7	1 4 10 11 5 6 12 13 14 25	45	0.0222
8	1 4 10 11 12 13 14 25	30	0.0333
9	1 4 10 11 12 13 19 25	31	0.0323
10	1 2 3 6 7 13 14 25	23	0.0435
합계		364	0.3015

표 4. 마지막 세대의 개체집단 정보

개체	경로	경로 길이	적합도 함수값
1	1 2 5 11 12 18 19 25	18	0.0556
2	1 2 5 11 12 13 14 25	22	0.0455
3	1 2 5 11 12 18 19 25	18	0.0556
4	1 2 5 11 12 18 19 25	18	0.0556
5	1 2 5 11 17 18 19 25	21	0.0476
6	1 2 5 11 12 18 19 25	18	0.0556
7	1 2 5 11 12 18 19 25	18	0.0556
8	1 2 5 11 12 18 19 25	18	0.0556
9	1 2 5 11 12 18 19 25	18	0.0556
10	1 2 5 11 12 18 19 25	18	0.0556
합계		187	0.5375

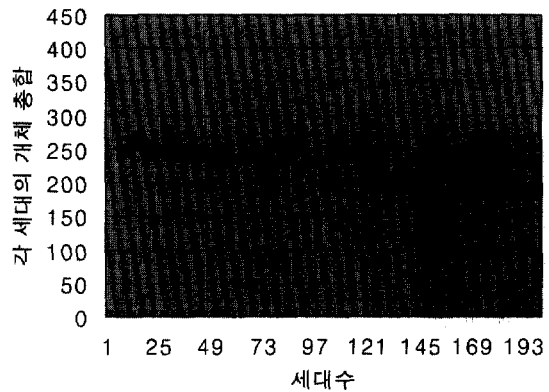


그림 16. 각 세대의 개체 총합의 추이.

첫번째 최적경로 = 학동 -> 학동주택은행 -> 경복아파트
-> 르네상스호텔 -> 선릉역 -> 소성초등학교 -> 대치4동 ->
휘문중고교(최적값: 18)

두번째 최적경로 = 학동 -> 학동주택은행 -> 경복아파트
-> 르네상스호텔 -> 개나리아파트 -> 소성초등학교 -> 대치4
동 -> 휘문중고교(최적값: 21)

6. 결론

본 논문에서는 기존 최적경로 탐색 알고리즘이 대규모 교통네
트워크에서 고려하기 어려웠던 회전금지, U턴, U턴 금지 및 P
턴 등을 고려하여 제한된 시간 내에 다수 최적경로를 산출해
낼 수 있는 유전자알고리즘(GA) 개발을 중점 목표로 했다. 본
논문에서 제시한 GA의 특징은 새로운 개체 생성 방법을 사용
하고 개체 표현은 경로 노드 자체를 사용함으로써 최적경로
산출 계산 시간과 기억 용량을 효율화하였다. 또한, GA를 수
행하는 과정에서는 돌연변이율의 조정과 elitist pool 방법을 사
용하여 초기 단계에는 다양성을 강조하고 세대가 거듭될수록

수렴성을 강조하였다. 본 논문에서 제안한 최적경로 알고리즘을 실제 교통네트워크에 적용하여 다수 최적경로를 찾아내는 과정을 상세히 설명하였다.

참고문헌

- 강맹규 (1991), *네트워크와 알고리즘*, 박영사.
- 공성곤 외 4명 (1996), *유전자알고리즘*, 그린.
- 최규석, 우광방 (1997), 지능형 주행 안내 시스템을 위한 유전 알고리즘에 근거한 최적경로 탐색 알고리즘, *제어·자동화·시스템공학 논문지*.
- 최규석, 우광방 (1997), 진화 프로그램에 기초한 기종점간 최적경로 탐색 알고리즘의 개발, *전기학회 논문지*.
- Ben-Akiva, Moshe, Koutsopoulos, Haris N. and Mukandan, Anil (1994), A dynamic traffic model system for ATMS/ATIS operations *IVHS Journal* 1(4), 1-19.
- Gen, M., Cheng, R. and Wang, D. (1997), Genetic Algorithms for Solving Shortest Path Problems, *Proceedings of the 1997 IEEE International 97 Magnetics Conference*.
- Inagaki, J., Haseyama, M. and Kitajima, H. (1999), A Genetic Algorithm for Determining Multiple Routes and Its Applications, *Proceedings of the 1999 IEEE International Symposium on Circuits and Systems*.
- Kang, D., Hashimoto, H. and Harashima, F. (1997), Path Generation for Mobile Robot using Genetic Algorithm, Transactions of the Institute of Electrical Engineers of Japan C - A Publication of Electronics, *Information and Systems Society*.
- Kim, Sung-Soo and Lee, Jong-Hyun (1999), A Study on Design of Dynamic Route Guidance System Using Forecasted Travel Time Based on GPS Data and Modified Shortest Path Algorithm *IEEE International Conference on Intelligent Transportation Systems*, Japan.
- Michalewicz, Z. (1999), Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Springer Verlag.
- Seo, K. and Choi, G. (1998), The Genetic Algorithm Based Route Finding Method for Alternative Paths, *Proceedings of the 1998 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*.
- Voicu, L. I. and Myler, H. R. (1998), Cloning operator and its applications, *Proceedings of the Applications and Science of Computational Intelligence*.

김 성 수

한양대학교 산업공학과 학사
 일리노이대 산업공학과 석사
 아리조나주립대 산업공학 박사
 현재: 강원대학교 산업공학과 조교수
 관심분야: 네트워크시스템, 물류정보 및 SCM

이 종 현

홍익대학교 전산학과 학사
 한국과학기술원 전산학과 석사
 한국과학기술원 전산학과 박사
 현재: 한국통신 m-Biz 연구실장
 관심분야: 무선, 이동 인터넷, Mobile Computing, IPv6

정 종 두

강원대학교 산업공학과 학사
 강원대학교 산업공학과 석사
 현재: 단암데이터시스템 보안컨설팅 전임
 관심분야: 물류정보, SCM, 시스템보안 및 정보보호