

최소좁은세상 셀룰러 유전알고리즘

(Smallest-Small-World Cellular Genetic Algorithms)

강 태 원 *

(Tae-Won Kang)

요약 셀룰러 유전알고리즘(CGAs)은 모집단이 특정한 위상 구조를 갖는 유전알고리즘의 일종이다. 보통의 경우, CGAs의 모집단 공간은 네트워크 이론 측면에서 상대적으로 긴 평균경로길기와 큰 클러스터링계수를 갖는 정규 격자형 위상 구조이다. 평균경로길기가 길면 멀리 떨어진 개체들 사이의 유전적 상호작용이 느리게 일어난다. 따라서 클러스터링계수를 유지하면서 평균경로길이를 줄인다면 개체의 다양성이 유지되면서도 모집단이 보다 빠르게 수렴할 것이다. 이 논문에서는 최소좁은세상 셀룰러 유전알고리즘(SSWCGAs)을 제안한다. SSWCGAs에서 각 개체는 클러스터링이 잘되었으면서도 노드를 연결하는 평균 경로길이가 짧은 모집단에 거주하여, 클러스터링에 의한 세부탐색 능력을 유지하면서도 전역탐색을 잘하게 된다. 네 가지 실변수 함수와 두 가지 GA-hard 문제에 대한 실험을 통하여 SSWCGAs가 SGAs 및 CGAs보다 효과적임을 보였다.

키워드 : 유전알고리즘, 셀룰러 유전알고리즘, 좁은세상 네트워크, 최소좁은세상, 클러스터링계수, 평균 경로길이

Abstract Cellular Genetic Algorithms(CGAs) are a subclass of Genetic Algorithms(GAs) in which each individuals are placed in a given geographical distribution. In general, CGAs' population space is a regular network that has relatively long characteristic path length and high clustering coefficient in the view of the Networks Theory. Long average path length makes the genetic interaction of remote nodes slow. If we have the population's path length shorter with keeping the high clustering coefficient value, CGAs' population space will converge faster without loss of diversity. In this paper, we propose Smallest-Small-World Cellular Genetic Algorithms(SSWCGAs). In SSWCGAs, each individual lives in a population space that is highly clustered but having shorter characteristic path length, so that the SSWCGAs promote exploration of the search space with no loss of exploitation tendency that comes from being clustered. Some experiments along with four real variable functions and two GA-hard problems show that the SSWCGAs are more effective than SGAs and CGAs.

Key words : genetic algorithms, cellular genetic algorithms, small world networks, smallest small world, clustering coefficient, characteristic path length

1. 서론

셀룰러 유전알고리즘(Cellular Genetic Algorithms : CGAs)은 모집단이 정규 격자 공간 같이 특정한 위상 구조를 갖고 각 개체는 자신의 이웃과 유전적으로 상호작용하는 유전알고리즘의 일종이다. 모집단 내 개체들 사이의 유전적 상호작용(경쟁, 교차, 돌연변이)은 지리적으로 가까운 이웃들 사이에서만 일어나므로, 이웃들을 중심으로 하는 지역적인 세부탐색(exploitation)과 이웃

들 사이의 작은 중첩(한 개체의 이웃은 다른 개체의 이웃이기도 하므로)으로 인한 전역탐색(exploration)이 동시에 이루어진다[1].

보통의 경우, 셀룰러 유전알고리즘 모집단 공간은 정규 격자형 위상 구조이다. 이러한 구조는 네트워크 이론 측면에서 보면, 상대적으로 긴 평균경로길기와 큰 클러스터링계수를 갖는 구조다(3장 참조). 높은 클러스터링계수는 셀룰러 유전알고리즘의 세부탐색에 관계되며, 평균경로길이는 전역탐색에 대응된다. 여기서, 높은 클러스터링계수는 세부탐색 능력을 증진하지만, 평균경로길이가 길다는 것은 멀리 떨어져 있는 개체들의 전역적 상호작용을 지연시키므로 결과적으로 탐색 시간이 늦을 수 있다.

* 이 논문은 2006년도 강릉대학교 장기혜의 과전연구 지원에 의하여 수행되었음

† 정 회 원 : 강릉대학교 컴퓨터공학과 교수
twkang@kangnung.ac.kr

논문접수 : 2007년 6월 21일

심사완료 : 2007년 8월 8일

좁은세상 네트워크(small world networks)는 임의 네트워크의 일종이다. 임의 네트워크는 두 노드 사이의 경로 길이가 짧고 클러스터링계수 역시 매우 작다. 하지만 좁은세상 네트워크는 대부분의 이웃 노드들이 서로 연결되어 있으며, 임의의 두 노드가 짧은 단계 만에 도달할 수 있는 경로를 갖는 네트워크다. 즉, 클러스터링계수는 크면서, 상대적으로 임의의 두 노드 사이의 평균 경로길이가 매우 짧은 것이다[2].

이 논문에서는 셀룰러 유전알고리즘의 모집단이 높은 클러스터링계수를 유지하면서 짧은 평균경로길이를 갖는 위상을 갖도록 하여 모집단이 보다 빠르게 수렴하는 최소좁은세상 셀룰러 유전알고리즘(Smallest-Small-World Cellular Genetic Algorithms : SSWCGAs)을 제안하고 평가한다. 최소좁은세상 네트워크는 격자형 네트워크에 최소의 링크를 추가하고도, 높은 클러스터링계수를 가지므로 세부탐색 능력은 보통의 셀룰러 유전알고리즘과 같지만, 상대적으로 짧은 평균경로길이를 가지므로 멀리 떨어진 개체들의 유전적 상호작용이 활발하여 빠르게 전역탐색이 이루어진다.

이 논문은 다음과 같이 구성된다. 2장에서는 좁은세상 네트워크와 관련된 기본 개념과 용어, 셀룰러 유전알고리즘 및 이 연구와 관련된 동향을 설명한다. 3장에서는 격자형 정규 네트워크를 좁은세상 네트워크 측면에서 분석하고, 주어진 지름길에 대하여 최소의 경로길이를 갖는 최소좁은세상 네트워크를 구성하고 특성을 실험으로 확인한다. 4장은 최소좁은세상 네트워크를 모집단의 위상으로 하는 SSWCGAs를 설명하고 알고리즘을 제시한다. 5장에서는 4개의 실변수 함수와 2가지 GA-hard 문제를 대상으로 최적해를 찾는 빠르기, 최적해를 빨리 찾는 비율, 모집단 크기 관계, 모집단 내 개체의 다양성 유지 등에 대하여 실험하고 결과를 분석하고, 마지막으로 6장에서 추후 연구에 대한 의견과 함께 결론을 제시한다.

2. 배경이론 및 관련연구

좁은세상(Small Worlds) 현상은 네트워크에 내재된 원리를 설명하는 것으로 인터넷 링크, 산불의 번짐, 전 화 시스템, 먹이사슬, 기업의 지배구조, 부의 분배, 화산 및 지진 발생, 세포내 분자 네트워크, 두뇌 신경세포의 연결, 할리우드 배우 관계, 과학자들의 협동 네트워크, AIDS의 확산, 발생과정의 이해, 유전자 발현 등 자연에 보편적으로 내재된 것으로 알려져 있다[3,4]. 이러한 상호작용하는 복잡계를 위한 모델로서 Watts와 Strogatz는 좁은세상 네트워크를 임의 네트워크의 한 종류로 정의하였다. 그들은 네트워크를 구분하는 척도로 클러스터링계수와 평균경로길이(characteristic path length)

를 제안하고 이 두 가지 척도에 의하여 좁은세상 네트워크를 정규 네트워크 및 임의 네트워크와 구분하였다 [2].

- 평균경로길이(characteristic path length : L)는 네트워크에 포함된 노드들중에서 선택가능한 모든 두 노드들의 경로 길이(path length)들의 평균이다. 경로 길이, $d(i, j)$ 는 i 노드와 j 노드 사이의 최단 경로에 있는 링크 수(number of edges)이다.
- 클러스터링계수(clustering coefficient : C)는 지역적인 이웃들과의 결집성을 나타내는 척도이다. k 개의 이웃을 가지는 노드에 대해서, 이 k 개의 이웃들 사이에 최대 $kC_2 = k(k-1)/2$ 개의 링크가 존재할 수 있다. 한 노드의 클러스터링계수는 이 최대 링크 수에 대하여 실제로 이웃들 간에 존재하는 링크의 비율로 구해진다. 네트워크의 클러스터링계수(C)는 모든 노드들의 계수의 평균이다. 그림 1은 Watts와 Strogatz의 좁은세상 네트워크를 그림으로 표현한 것이다.

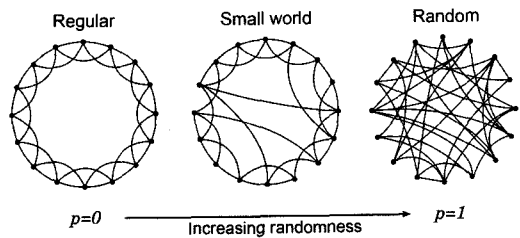


그림 1 무작위 확률 p에 따른 네트워크 분류[2].

정규 네트워크(왼쪽)의 각 노드들은 바로 이웃 노드와 그 다음 노드들에 직접연결 된다. 임의 네트워크(오른쪽)는 무작위로 선택된 두 노드에 링크를 추가한 것이다. 좁은세상 네트워크(가운데)는 정규 네트워크에 대하여 무작위로 선택된 두 노드들을 연결하는 소수의 링크를 추가한 것이다. 이런 소수의 장거리 링크는 멀리 떨어진 노드들 간에 지름길(shortcuts) 역할을 하므로 네트워크내의 평균적 분리정도 즉, 평균경로길이를 급격히 줄여줄게 한다. 하지만 이 소수의 장거리 링크는 네트워크의 클러스터링계수에는 거의 영향을 주지 않는다. 따라서 좁은세상 네트워크는 같은 수의 노드와 링크를 가지는 임의 네트워크와 같은 정도의 경로 길이를 갖지만 클러스터링계수는 매우 크다는 특징을 갖는다[2,4].

이러한 개념은 복잡계를 연구하는 분야에 커다란 영향을 주었으며, 사회과학, 자연과학 및 공학의 여러 분야에서 관련연구가 활발하다. 컴퓨터과학의 분야에서는 인터넷, 웹 구조, 정보검색 등과 관련된 연구가 매우 활발하다. 이 연구와 관련된 것으로는 셀룰러 신경망과 다층 신경망에 이 개념을 적용하는 것이 있다[5-7].

Manderick/Spiessens, Hillis, Collins/Jefferson, Davidor 등이 연구하고 Whitley에 의해 명명된 셀룰러 유전 알고리즘은 여러 응용 분야에 적용되어왔다[8-10]. 이 알고리즘은 모집단이 격자형의 위상 공간이고, 개체 사이의 진화연산이 일정한 이웃에 한정된다는 점에서만 보통의 유전알고리즘과 구분된다. 대규모 병렬 구현의 통신 오버헤드를 줄이기 위한 하나의 방법으로 고안된 이러한 개념은 세포 자동자(cellular automata)가 이 알고리즘의 열개로서 제시되면서 보다 근본적인 원리들을 밝혀려는 연구들, 특히 이웃, 격자 위상, 선택 압력에 따른 격자의 크기 및 모양의 영향에 대하여 많이 연구되어왔다[8,11-13]. 연구의 결과들은 셀룰러 유전알고리즘이 단순히 유전알고리즘의 대규모 병렬 구현이 아니라, 지역적으로 상호작용함으로써 다소 복잡한 최적화 문제를 잘 해결하는 것으로 받아들인다. 즉, 좁은 범위 내에서 유전 정보를 교환하므로, 효과적인 세부탐색이 진행되어 대체로 복잡한 문제를 잘 해결 할 수 있다. 셀룰러 유전 알고리즘을 세포 자동자의 관점으로 다루는 연구는 있으나, 좁은세상과 관련한 연구는 거의 없다. 유전 알고리즘에 클러스터링계수 개념을 도입한 연구[14]가 있으나 이것은 비트스트링으로 표현된 개체를 위한 것으로 네트워크의 개념은 아니며, 유전알고리즘의 진화 과정과 좁은세상 현상이 관련이 있음을 보인 연구[15] 역시 본 연구처럼 모집단을 네트워크 관점으로 다루는 것은 아니다. Gordon 등은 셀룰러 유전알고리즘의 이웃 구조가 갖는 지역성(locality) 측도와 성능과의 관계를 연구하였다[16]. 연구 결과는 대체로 높은 지역성을 갖는 이웃 구조가 어려운 문제의 최적해 탐색에 적절하지만 TSP 문제 같은 예외들이 있다는 것으로 요약할 수 있다. Gordon 등의 연구 역시 클러스터링 혹은 경로길이 등의 개념은 없으며, 모집단을 네트워크로 간주하지 않는다. 일반적인 유전알고리즘의 진화 과정을 연구하는 수단으로서 모집단에 특정한 공간적 구조를 부여하였을 때, 이 구조와 진화 과정에 스스로 발현(emergent)하는 짝짓기 위상을 분석한 기초 연구가 있다[17]. 이 연구는 유전알고리즘의 모집단을 네트워크 개념으로 다룬다는 점에서 본 연구와 관계가 깊다.

3. 최소좁은세상 네트워크

Watts와 Strogatz에 의하여 규칙적으로 연결된 네트워크에 소수의 지름길(shortcuts) 즉, 원거리 링크를 추가하여 L을 작게 할 수 있음이 밝혀졌다. 하지만 그들은 주어진 네트워크에 대하여 지름길의 배치방법과 평균경로길이 L의 관계를 다루지는 않았다. 이 연구에서는 지름길의 개수 및 배치 방법과 C 및 L값과의 관계를 다룰 필요가 있다.

T. Nishikawa 등은 좁은세상 네트워크에 대하여, 지름길의 개수가 정해진 경우 L을 최소로 하는 네트워크의 구조에 대하여 연구하였다. 그들의 연구결과는 다음의 세 가지로 요약된다[18].

정보가 빠르게 전파되는 네트워크는, 1) 지름길들이 부분 네트워크를 연결하고, 2) 부분 네트워크의 크기는 균등하며, 3) 중심 노드가 존재하는 위상 구조다.

유전알고리즘을 이용한 실험을 통하여 그들은, 일정한 개수의 지름길을 갖는 좁은세상 네트워크는 1) 지름길들이 네트워크상에 고르게 분포하고, 모든 지름길과 연결되는 단 하나의 중심 노드를 갖는 경우 L이 최소가 되고 2) 소수의 중심 노드들을 갖고 지름길들이 서로 연결되면 L이 거의 최소라고 발표하였다. 이러한 조건을 만족하는 네트워크를 최소좁은세상(smallest small-world) 네트워크로 부르기로 한다. G. Timar 등은 T. Nishikawa 등의 결과를 2차원 격자형 네트워크에 적용하여 셀룰러 신경망(CNN)에 응용하는 연구를 수행하였다. 그들은 이러한 2차원 최소좁은세상 구조를 다른 좁은세상 네트워크 구조와 구분하기 위하여 정규좁은세상(regular small-world)으로 명명하였다[7].

본 논문에서 제안하는 유전알고리즘의 모집단은 정규 격자 공간과 같은 정도의 큰 클러스터링계수를 가지면서, 상대적으로 짧은 평균경로길이를 갖는 위상 공간이다. 같은 개수의 지름길에 대하여 L이 작을수록 좋다. 최소좁은세상 네트워크가 바로 이러한 구조이며, 이러한 네트워크 구조를 모집단의 위상으로 하는 것이 최소좁은세상 셀룰러 유전알고리즘(SSWCGAs)이다.

3.1 정규 네트워크(4-, 8-네트워크)

단순 유전알고리즘에서 모집단은 일정한 개수(모집단의 크기)의 임의의 개체들의 모임이며, 모집단 내의 개체들은 같은 세대 구성원이라는 것 이외의 어떠한 관계도 가지고 있지 않다. 셀룰러 유전알고리즘에서는 모집단 내 개체들 사이에 지리적인 이웃의 개념을 부여하기 위하여 개체들이 다음 그림 2와 같이 2차원 격자형으로 배열된 것으로 한다. 개체의 이웃은 여러 가지 방법으로 정의될 수 있다. 그림 2는 가능한 3가지 경우를 나타낸다.

이 논문에서는 클러스터링계수와 평균경로길이를 산정하기 용이한 4-이웃, 8-이웃으로 정의되는 네트워크를 연구의 대상으로 한다. 이러한 네트워크는 앞서 언급

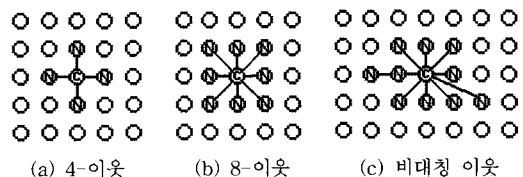
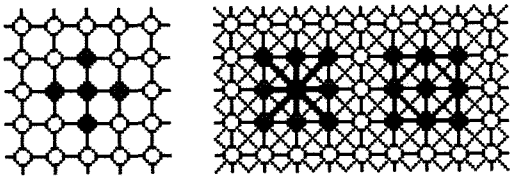


그림 2 모집단과 가능한 이웃



(a) 4-네트워크 (b) 8-네트워크
그림 3 셀룰러 유전알고리즘 모집단 네트워크

한 바와 같은 T. Nishikawa 등이 실험적으로 밝혀낸 최소좁은세상 네트워크를 구성하는데 적합한 구조이기도 하다. 다음 그림 3은 각각 4-이웃 및 8-이웃 모집단 네트워크(각각을 4-네트워크, 8-네트워크로 부르기로 하자)를 나타내며 이것이 전형적인 셀룰러 유전알고리즘의 모집단 위상 구조다. 먼저 이러한 네트워크에 대한 클러스터링계수 C와 평균경로길이 L을 계산해보자. 일반성을 잃지 않고 네트워크의 크기는 $N=n \times n$ (n =홀수)으로, 네트워크 격자는 원환체(torus)로 가정한다. 즉, 네트워크상의 경계에 위치한 노드는 반대편 노드와 연결된 것으로 간주한다.

1) 클러스터링계수 C

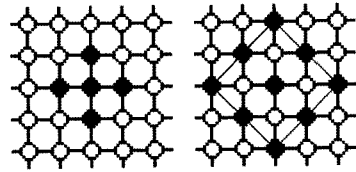
노드의 클러스터링계수는 해당 노드의 이웃 노드들의 연결수를 가능한 이웃노드의 최대 연결수로 나눈 것이며, 각 노드의 계수의 평균값이 해당 네트워크의 C값이다. 4-네트워크에서 한 노드의 이웃노드들 사이에는 연결이 전혀 없으므로 모든 노드의 $C=0$ 이며(그림 3(a)) 따라서 4-네트워크의 클러스터링계수 C는 0이다. 8-네트워크에서 한 노드의 이웃노드들 사이에는 12개의 연결이 존재하며(그림 3(b)의 오른쪽), 8개의 노드들 사이에 가능한 최대 연결의 개수는 ${}_8C_2 = (8 \times 7)/2$ 이다. 따라서 한 노드의 $C=3/7$ 이고, 모든 노드가 동일하므로 8-네트워크의 클러스터링계수 $C=3/7$ 이다.

2) 평균경로길이 L

평균경로길이는 특정한 한 노드를 정한 후 그 노드에서 다른 모든 노드로의 최단길이 총합을 구한 후 그 값을 자신을 제외한 노드의 총 개수로 나누어 구할 수 있다. 여기서는 가운데 위치한 중심노드에서 다른 모든 노드로의 최단경로길이의 총합을 구한 후 그 값을 n^2-1 로 나누어 네트워크의 L을 구한다.

4-네트워크의 경우, 중심노드로부터 길이가 1인 이웃노드는 4개가 존재한다(그림 4의 (a)). 다음으로 길이가 2인 노드는 E, W, S, N 방향으로 2만큼 떨어진 노드 4개와 그 4노드를 잇는 정사각형에 위치한 4개의 노드(그림 4의 (b))들이다. 이러한 과정을 $(n-1)/2$ 회 반복하면 모집단의 경계에 도달한다. 이때 마름모 모양 바깥의 노드들에 이르는 길이는 계산되지 않았는데, 그림의

마름모를 네트워크 바깥쪽으로 확대하여 그려보면 중심노드로부터 길이가 i인 노드의 개수와 길이가 (n-i)인 노드의 개수는 같음을 알 수 있다. 따라서 평균경로길이는 다음과 같다.

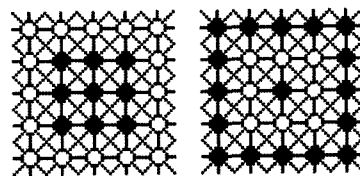


(a) (b)
그림 4 경로길이계산(4-네트워크)

$$L = \frac{1}{n^2-1} \sum_{i=1}^{\frac{n-1}{2}} (i \cdot 4i + 4i \cdot (n-i))$$

$$= \frac{1}{n^2-1} \sum_{i=1}^{\frac{n-1}{2}} (n \cdot 4i) = \frac{n}{2} = \sqrt{N}/2$$

8-네트워크의 경우, 중심노드로부터 길이가 1인 이웃노드는 인접한 8개의 노드들이고(그림 5의 (a)), 길이가 2인 노드는 그 다음 외곽 노드들이므로 $25-9=16$ 이다(그림 5의 (b)). 즉, 중심으로부터 길이가 i인 노드의 개수는 $(2i+1)^2 - (2(i-1)+1)^2$ 이다. 이러한 과정을 $(n-1)/2$ 회 반복하면 모든 경로길이가 계산된다. 따라서 평균경로길이는 다음과 같다.



(a) (b)
그림 5 경로길이계산(8-네트워크)

$$L = \frac{1}{n^2-1} \sum_{i=1}^{\frac{n-1}{2}} i \cdot ((2i+1)^2 - (2(i-1)+1)^2)$$

$$= \frac{1}{n^2-1} \sum_{i=1}^{\frac{n-1}{2}} 8 \cdot i^2 = \frac{n}{3} = \sqrt{N}/3$$

표 1은 앞에서 계산한 셀룰러 유전알고리즘 모집단 네트워크(4 및 8-네트워크)와 다른 복잡계 네트워크의 좁은세상 특성을 [19]를 참조하여 비교한 것이다.

4-네트워크는 좁은세상 측면에서 클러스터링계수가 0

표 1 네트워크 특성 비교(N=n²: 노드개수, k: 이웃개수)

네트워크	클러스터링계수(C)	평균경로길이(L)
완전연결	1	1
임의	k/N	$\ln N/\ln k$
좁은세상	0.2~0.8	$\ln N/\ln k$
4-네트워크	0	$\sqrt{N}/2$
8-네트워크	3/7=0.43	$\sqrt{N}/3$

이다. 4-네트워크 위상이 마름모 모양의 12개 이웃을 갖는 위상(C가 0이 아님)에 비해 성능이 떨어진다는 연구결과[16]는 클러스터링계수가 의미가 있음을 시사한다. 하지만 이 연구는 평균경로길이를 작게 하여 전역탐색을 향상시키는 것이므로 클러스터링과 셀룰러 유전알고리즘의 성능의 관계는 이 연구의 범위가 아니다.

8-네트워크의 경우 클러스터링계수는 통상적인 좁은세상 네트워크의 범위에 속하지만, 평균경로길이($\sqrt{N}/3$)가 임의 네트워크나 좁은세상 네트워크($\ln N/\ln k$)에 비하여 (충분히 큰 N에 대하여) 크다는 것을 알 수 있다.

3.2 최소좁은세상 네트워크(4,8-SSW)

기존 셀룰러 유전알고리즘의 모집단 네트워크는 정보의 전파 속도가 상대적으로 느린 연결 구조의 네트워크라는 것을 파악하였다. 모집단내 유전정보의 전파속도를 빠르게 하기위한 가장 단순한 방법은 단순 유전알고리즘을 사용하는 것이다. 단순 유전알고리즘의 모집단은 임의 네트워크이므로 평균경로길이가 상대적으로 매우 작다. 하지만 더 이상 “셀룰러” 유전알고리즘이 아니다. 이 논문에서는 “셀룰러”의 특성을 훼손하지 않고 네트워크의 경로길이를 짧게 하는 모집단을 구성한다.

다음 그림 6은 제안하는 셀룰러 유전알고리즘의 최소좁은세상 모집단 네트워크 구조다. 편의상 중심노드를 기준으로 2사분면의 지름길만 나타냈으며, 4-네트워크의 경우에 대각선 지름길이 있을 수 있다. 앞서 언급한 것처럼 T. Nishikawa 등은 지름길의 개수가 정해진 경우, 지름길들이 균등한 부분 네트워크를 연결하고, 중심 노드가 존재하는 위상 구조이면 L이 작으며 특히, 모든 지름길과 연결되는 단 하나의 중심 노드를 갖는 경우 L이 최소가 됨을 실험으로 밝혔다[18].

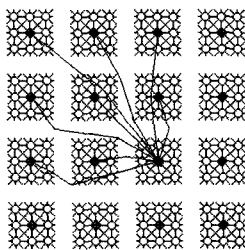


그림 6 최소좁은세상(SSW) 모집단

이제 그림 6과 같은 네트워크가 좁은세상네트워크의 특징을 갖는가를 알아보자. 즉, 클러스터링계수가 상대적으로 크면서도 임의 네트워크 수준의 작은 경로 길이를 갖는가를 분석한다.

셀룰러 유전알고리즘을 위한 모집단은 다양한 이웃 구조로 구현될 수 있다. 이 논문은 앞에서 언급한 것처럼 가장 보편적인 4-이웃 및 8-이웃 연결 구조를 대상으로 한다. 또한, 일반성을 잃지 않고, 네트워크 크기 $N=n \times n$ (n=홀수)으로 가정한다. 분석하려는 클러스터링계수 C와 평균경로길이 L은 모집단의 규모, 연결의 개수, 추가하는 지름길(shortcuts)의 개수에 따라 달라진다. 따라서 모집단의 규모를 달리해가면서 C와 L값을 계산하는 실험을 수행하였다. 추가하는 지름길의 개수를 정하는 특별한 규칙은 없다. 이 실험에서는 네트워크의 중심노드와 이것에서 8방향으로 3의 배수만큼 떨어진 노드를 지름길로 연결하는 위상 구조를 사용하였다. 따라서 네트워크의 크기가 $n \times n$ 인 경우 추가되는 지름길의 개수 $s = ((n-1)/3+1) \times ((n-1)/3+1) - 1$ 이며, 전체 노드 개수의 10% 안팎의 링크가 추가된다. s가 네트워크의 총 링크 개수의 10%가 아님에 주의해야한다. 4-네트워크의 링크 총합은 $E_4 = (4 \times n \times n)/2 = 2n^2$, 8-네트워크의 링크의 총합은 $E_8 = (8 \times n \times n)/2 = 4n^2$ 이다. 그림 6과 같이 모집단 중앙의 노드는 다른 모든 서브네트워크와 연결되며, 4-네트워크는 대각선 지름길을 갖는 것으로 하였다. 이렇게 지름길을 추가한 네트워크를 각각 4-최소좁은세상(4-SSW) 및 8-최소좁은세상(8-SSW) 네트워크로 부르기로 한다. 표 2는 4-SSW 및 8-SSW의 특성을 요약한 것이다.

표 2 좌측하단의 정해지지 않은 값들을 네트워크의 크기를 달리해가면서 프로그램을 작성하여 계산한 결과를 분석해보자(표 3). 4 및 8-네트워크의 경우도 C와 L은 공식을 사용하지 않고 실제 링크 개수 및 경로길이 프로그램으로 산정한 것이며, 공식을 사용하여 계산한 결과와 일치한다.

1) 4-SSW

이 네트워크는 지름길을 추가함으로써 평균경로길이를 임의네트워크 수준으로 낮출 수 있음을 알 수 있다

표 2 네트워크의 특성

	4-네트워크	8-네트워크	4-SSW	8-SSW
노드(N)	$n \times n$	$n \times n$	$n \times n$	$n \times n$
이웃(k)	4	8	4	8
지름길(s)	0	0	$O(n^2/9)$	$O(n^2/9)$
총 링크(E)	$2n^2$	$4n^2$	$2n^2+s$	$4n^2+s$
C	0	3/7	NA	NA
L	$n/2$	$n/3$	NA	NA

표 3 각 SSW의 클러스터링계수 및 평균경로길이

4-네트워크의 L, C				
노드수(N)	7×7=49	13×13=169	25×25=625	49×49=2401
총 링크(E)	98	338	1250	4802
클러스터링계수(C)	0	0	0	0
평균경로길이(L)	3.5	6.5	12.5	24.5
임의네트워크의 C	0.037	0.006	0.005	0.002
임의네트워크의 L	2.854	3.877	4.939	6.037
4-SSW의 L, C				
노드수(N)	7×7=49	13×13=169	25×25=625	49×49=2401
지름길(s)	8(0.08)*	24(0.06)*	80(0.06)*	288(0.06)*
총 링크(E)	106	362	1330	5090
클러스터링계수(C)	0.026	0.012	0.006	0.003
평균경로길이(L)	3.031	3.994	4.423	4.575
임의네트워크의 C	0.042	0.023	0.006	0.001
임의네트워크의 L	2.723	3.665	4.706	5.755
8-네트워크의 L, C				
노드수(N)	7×7=49	13×13=169	25×25=625	49×49=2401
총 링크(E)	196	676	2500	9604
클러스터링계수(C)	0.429	0.429	0.429	0.429
평균경로길이(L)	2.333	4.333	8.333	16.333
임의네트워크의 C	0.150	0.043	0.010	0.003
임의네트워크의 L	2.045	2.681	3.337	4.003
8-SSW의 L, C				
노드수(N)	7×7=49	13×13=169	25×25=625	49×49=2401
지름길(s)	8(0.04)*	24(0.03)*	80(0.03)*	288(0.03)*
총 링크(E)	204	700	2580	9892
클러스터링계수(C)	0.417	0.417	0.417	0.417
평균경로길이(L)	2.248	3.227	3.604	3.723
임의네트워크의 C	0.156	0.042	0.014	0.002
임의네트워크의 L	2.011	2.633	3.300	3.950

* 총 링크 개수에 대한 지름길 링크의 비율

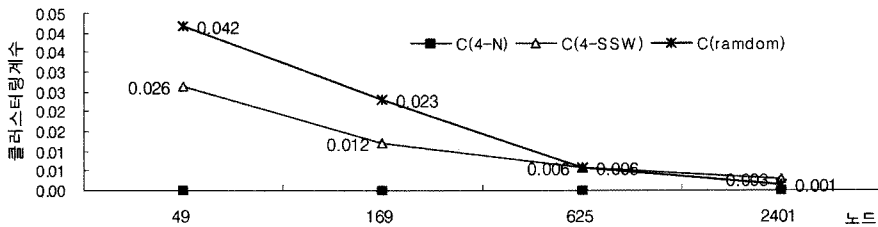


그림 7 4-네트워크, 4-SSW, 임의네트워크의 클러스터링계수 비교

(그림 8). 하지만 클러스터링계수가 매우 낮아(그림 7) 세부탐색 능력이 떨어질 것으로 예상된다. Gordon 등의 연구결과[16]와 일치한다.

2) 8-SSW

그림 9에 나타난 것처럼 이 네트워크는 네트워크의 크기와 관계없이 거의 일정한 클러스터링계수를 유지한다. 반면에 평균경로길이는 네트워크의 크기가 커져도 임의 네트워크 정도의 길이를 유지함을 보인다(그림 10).

결론적으로 8-최소좁은세상(8-SSW) 네트워크가 상

대적으로 큰 클러스터링계수와 짧은 평균경로길이를 갖는 것을 알 수 있다. 또한, 모집단의 크기가 169(13x13)보다 큰 경우에 평균경로길이가 유의한 차이를 갖게 된다는 것을 알 수 있다.

4. 최소좁은세상 셀룰러 유전알고리즘(SSWCGAs)

제한하는 최소좁은세상 셀룰러 유전알고리즘(SSWCGAs)은 모집단이 최소좁은세상 위상 구조를 갖는 셀룰러 유전알고리즘이다. 따라서 알고리즘의 처리 절차는 기존의

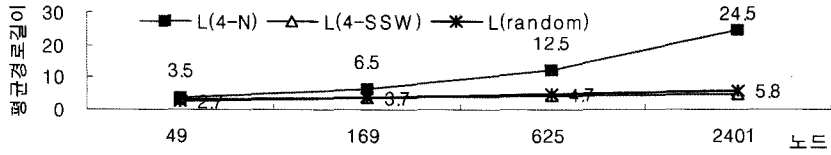


그림 8 4-네트워크, 4-SSW, 임의네트워크의 평균경로길이 비교

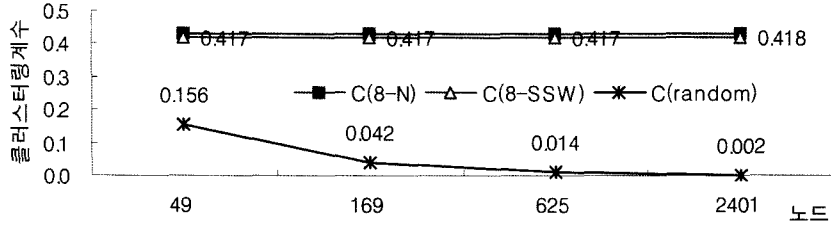


그림 9 8-네트워크, 8-SSW, 임의네트워크의 클러스터링계수 비교

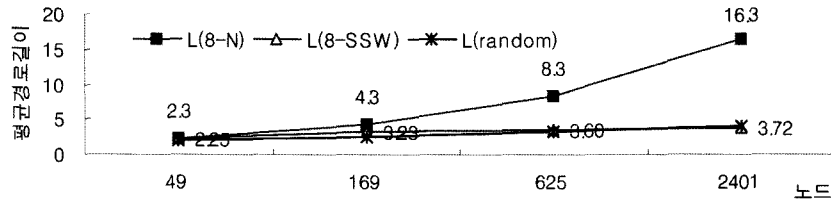


그림 10 8-네트워크, 8-SSW, 임의네트워크의 평균경로길이 비교

Algorithm : SSWCGAs

```

//main loop
create_population();
do {
    eval_population();
    if(check_converge()) break;
    selection();
    crossover();
    mutation();
} while(!Max_Gen);

//selection process
selection() {
    for i=1 to width
        for j=1 to height
            neighij = get_neighbor(nodeij);
            winnersij = select(neighij);
            add winnersij to selected_list;
}

get_neighbor() {
    if center return {8 neighborhoods, shortcuts}
    if shortcut return {8 neighborhoods, center}
    otherwise return {8 neighborhoods}
}

//crossover process
crossover() {
    for i=1 to width
        for j=1 to height
            if (Pcross)
                make child1, child2 from selected_list;
                newij = better(child1,child2) | better(currentij, child1,child2)
}

//mutation process
mutation() {
    for i=1 to width
        for j=1 to height
            if (Pmut)
                mutate newij;
}
    
```

그림 11 최소집은세상 셀룰러 유전알고리즘

것과 동일하다(그림 11). 즉, 초기 모집단을 임의로 생성한 후, 적합도를 평가한다. 다음으로 각 개체에 대하여 자신의 이웃 중에서 자신과 유전적으로 작용 할 승자를 선택한 후, 교차 및/혹은 돌연변이 같은 유전 연산을 적용한다. 진화 연산인 선택과 유전 연산인 교차 및 돌연변이를 어떻게 적용하느냐는 특정 응용의 구현에 따라 많은 변형이 가능할 것이다.

1) 선택 연산

CGAs에서 사용하는 일반적인 선택 연산은 자신과 이웃 중에서 최적 개체를 승자로 정하는 것이다. SSWCGAs는 모집단 네트워크에 지름길(shortcuts)이 존재하므로, 특정 노드들은 원거리 개체와 유전적인 상호작용을 할 수 있다는 것이 핵심이다. SSWCGAs는 (반드시 그래야 하는 것은 아니지만) 원칙적으로 모든 지름길이 중앙 개체(노드)에 연결된다. 이 연구에서는 이러한 기본 개념을 충실히 반영하여 선택연산을 제시하였다. 즉, 모집단 전체의 중심 개체는 자신의 주변 이웃 이외에 모든 지름길 개체가 경쟁의 대상이 되고, 지름길 개체(중앙 개체와 지름길로 연결된 개체)들은 자신의 이웃 이외에 중심개체가 경쟁 대상으로 추가된다.

2) 교차 및 돌연변이 연산

단순 유전알고리즘에서는 살아남은(선택된) 개체들 중에서 임의로 두 부모 개체를 선정 한 후, 이 두 개체에 교차를 적용하여 생성된 두 자식 개체가 다음 세대의 개체가 된다(물론 부모와 자식 4개체 중에서 적합한 2 개를 선택하는 등의 변형이 가능하다). 이러한 과정을 모집단의 크기에 도달할 때까지 반복한다. 하지만 셀룰러 유전알고리즘은 상황이 다르다. 모집단 특정 위치 개체 생성을 위한 교차 대상은 그 위치의 개체와 이웃들 중에서 선택되는데, 이웃 개체들 역시 자신의 위치를 위한 교차 대상을 자신의 이웃 중에서 선택하여 갖게 될 것이다. 따라서 단순 유전알고리즘에서처럼 생성된 두 자식이 부모와 대체되는 것이 아니라 그중에서 하나의 개체만이 현재 위치의 개체로 대체된다. 이 논문에서 제시하는 SSWCGAs를 위한 교차 연산은 특정 위치에서 생성된 두 자식 개체 중에서 적합도가 더 높은 개체를 현재 위치의 개체에 위치시키는 것을 기본으로 한다.

5. 실험 및 평가

SSWCGAs를 평가하기 위하여 4개의 실변수 벤치마크 함수와 대표적인 GA-hard 문제인 다중 디선티브 문제에 대하여 실험을 수행하였다. 실험은 Mobile Intel(R) Pentium(R) 4M 1.80 GHz CPU, 램 512MByte, Windows XP 운영체제하에서 C 언어를 사용하였다.

5.1 실험을 위한 SGAs, CGAs, SSWCGAs와 벤치마크 함수

SSWCGAs를 평가하기 위하여 SGAs 및 CGAs와 비교하였다. CGAs 및 SSWCGAs를 위한 모집단 네트워크의 크기는 $N=n \times n$ (n :홀수)으로, 네트워크 격자는 원환체로 가정하였다. CGAs의 모집단은 8-네트워크 위상 구조를 사용하였으며, SSWCGAs는 8-최소좁은세상(8-SSW) 네트워크를 모집단의 위상으로 사용하였다. 즉, 모집단의 중심개체(네트워크의 중심노드)와 이것에서 8방향으로 3의 배수만큼 떨어진 개체를 지름길로 연결하는 위상 구조를 사용하였다(3장 참조).

비교를 위한 대상 함수로는 4개의 실변수 함수와 2가지 다중 6차 바이폴라-디선티브 문제를 사용하였다. 각 함수 및 문제의 특징은 다음과 같다.

1) 실변수 함수[20]

$$f_1(x,y) = x^2 \times y^2 \times e^{-(x^2+y^2)} \quad \text{De Jong F5}$$

$$f_2(x,y) = -((x^2+y-11)^2 + (x+y^2-7)^2) \quad \text{최적해가 비대칭 분포}$$

$$f_3(x,y) = 21.5 + x \times \sin(4\pi x) + y \times \sin(20\pi y) \quad \text{무수히 많은 지역최적해}$$

$$f_4(x,y) = -(100(y-x^3)^2 + (x-1)^2) \quad \text{De Jong F2}$$

5) 다중 6차 바이폴라 디선티브 문제(MD)

이 문제는 Goldberg, Deb 및 Horn 등이 제안한 GA-hard 문제로서, 6비트가 모두 0이거나 모두 1일 때 적합도 값 1을 갖는 6차 바이폴라 디선티브 함수로 구성된다. 디선티브 함수는 6비트로 표현된 개체에 대하여 스카마 경쟁에서의 승자가 열성유전자가 되도록 고안한 것이다. 탐색공간의 크기는 문제에 포함된 디선티브 함수의 개수가 ns 일 때 $2^{6 \cdot ns}$ 이고, $\binom{6}{3} + 2^{ns}$ 개의 최적해를 가지며, 그 중에서 2^{ns} 개만이 전역최적해인 다루기 어려운 문제이다. 예를 들어, 5개의 디선티브 함수로 구성된 MD5는 개체가 30비트스트링이며, 따라서 탐색공간의 크기는 230이고, 5,153,632개의 최적해를 가지며, 그 중에서 32개만이 전역최적해이다. MD20은 20개의 디선티브 함수를 부분 함수로 갖는다.

개체의 적합도 계산은 다음의 식을 사용하였다[21].

$$f_{\text{부분}}(u) = 0.40036 - 0.020048 \left(\binom{6-u}{2} - u \binom{6-u}{1} + \binom{u}{2} \right) + 0.060024 \left(\binom{6-u}{4} - u \binom{6-u}{3} + \binom{u}{2} \binom{6-u}{2} - \binom{u}{3} (6-u) + \binom{u}{4} \right)$$

$$f_{\text{fitness}} = \sum_{i=1}^{ns} f_{\text{부분}}(u_i), u_i = i\text{번 부분스트링의 1의 개수}$$

5.2 결과 분석 및 평가

서로 다른 알고리즘의 성능을 비교하기는 어렵다. 일반적으로 각 알고리즘은 자신에게 더 어울리는 상황이 있기 마련이며, 어떤 기준을 사용하는가에 따라 다른 모습으로 보일 수 있다. 이 연구는 CGAs의 모집단 위상을 좁은세상으로 만들어 멀리 떨어진 개체들 사이의 빠른 경쟁을 유도하여, 좋은 유전정보를 빠르게 모집단에 퍼지게 하려는 것이며, 결과적으로 더 빠르게 최적해를 찾는가를 관찰해야한다.

1) 최초 최적해 출현 세대수 평가

다음 그림 12는 CGAs 및 SSWCGAs에 대하여, 100개의 상이한 초기모집단을 대상으로 최초로 최적해를 찾는 세대수를 나타낸 것이다. 적용한 문제는 MD5(5개의 6차 바이폴라 디선티브 함수로 구성)이며, 모집단의 크기는 $3025 = (55 \times 55)$, 교차율 0.85, 돌연변이율 0.01, 1점 교차를 사용하였다. SSWCGAs가 CGAs보다 빠르게 최적해를 찾은 경우가 90%이고, 더 늦지 않은 경우가 92%로 나타났으며, 평균 약 10세대 빠르게 최적해를 찾았다. 이러한 경향이 일반적인 것인가를 확인하기 위해

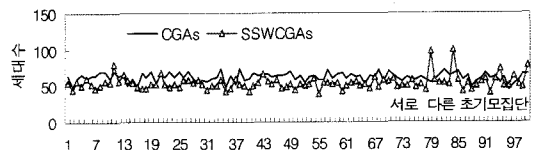


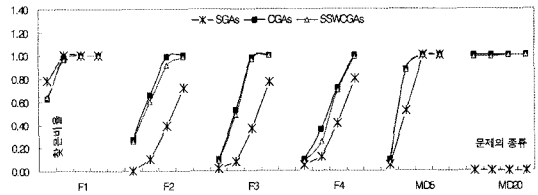
그림 12 최초로 최적해를 찾는 세대수 비교

서는 다양한 경우에 대한 실험과 분석이 필요하다.

2) 여러 경우에 대한 최초 최적해 출현 세대수 평가

4개의 실변수 함수와 5중 디셉티브 족, 30비트 MD5 및 20중 디셉티브 족, 120비트 MD20 문제에 대하여, 모집단의 크기를 달리하며 실험을 수행하였다. 100개의 상이한 모집단을 추출한 후, SGAs, CGAs, 및 SSWCGAs에 대하여 최초로 최적해를 찾는 세대수를 찾아 평균과 표준편차 그리고 100회 이내의 최적화 성공률을 계산하였다. 교차율 0.85, 돌연변이율 0.01, 1점 교차를 사용하였다. 일반적으로 교차율과 돌연변이율은 유전알고리즘의 성능에 영향을 준다. 예를 들어 어떤 초기 모집단에는 적합한 교차율이 다른 초기 모집단에는 적합하지 않을 수가 있다. 하지만 여기서는 100개의 상이한 모집단에 대하여 실험을 수행하였으므로 평균적인 성능을 관찰하기에는 크게 영향이 없을 것이다. 표 4에 결과를 나타내었다.

그림 13은 표 4를 참조하여 세 가지 알고리즘의 최적해를 찾는 비율(a)과 최초로 최적해가 모집단에 나타날 때의 세대수(b)를 그림으로 나타낸 것이다. 그림에서 각각의 문제에 대하여 모집단의 크기는 좌측에서 우측으로 각각 7×7(49), 13×13(169), 25×25(625), 49×49(2041)



(a) 최적해를 찾은 비율

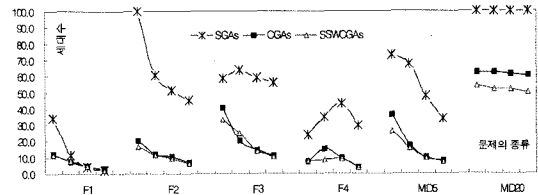


그림 13 (b) 최적해를 찾을 때까지의 세대수

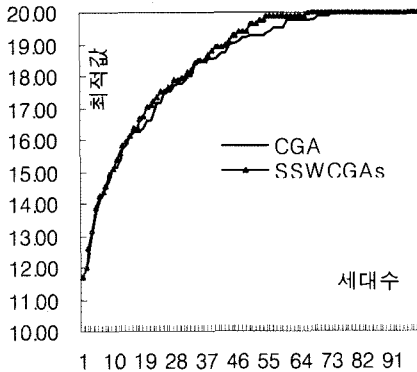
이며, MD20의 경우는 55×55(3025), 61×61(3721), 67×67(4489), 73×73(5329)이다.

거의 대부분의 문제와 모집단의 크기에 대하여 SSWCGAs가 더 빠르게 최적해를 찾았다는 것을 알 수 있다. 그림 14는 MD20(최적값 20)에 대하여 SSWCGAs

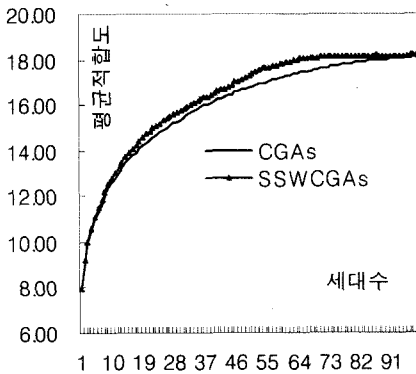
표 4 여러 경우에 대한 SGAs, CGAs, SSWCGAs 실험결과

	모집단 크기	SGAs			CGAs			SSWCGAs		
		성공률	평균세대수	표준편차	성공률	평균세대수	표준편차	성공률	평균세대수	표준편차
F1	7×7	.79	34.	25.5	.63	12.1	7.1	.64	11.6	6.
	13×13	1.	11.6	11.2	.98	7.3	2.8	.97	8.	8.4
	25×25	1.	4.2	2.1	1.	4.6	1.9	1.	4.5	1.8
	49×49	1.	2.2	.8	1.	2.9	1.4	1.	2.2	1.
F2	7×7	0	100.	0	.27	20.2	16.6	.25	16.8	5.1
	13×13	.1	60.7	27.8	.66	11.7	4.4	.6	11.5	4.3
	25×25	.39	51.4	26.8	.99	10.3	3.5	.92	9.5	3.
	49×49	.72	45.2	25.9	1.	6.6	1.9	.99	6.4	2.1
F3	7×7	.02	58.5	16.3	.1	40.3	31.1	.09	33.2	27.9
	13×13	.08	63.9	24.3	.53	20.3	12.2	.48	25.	20.8
	25×25	.37	58.9	26.9	.98	14.5	4.2	.97	13.9	4.1
	49×49	.77	56.2	24.9	1.	10.8	2.1	1.	10.1	2.2
F4	7×7	.05	23.6	29.6	.1	7.1	5.1	.09	7.9	5.
	13×13	.12	34.9	29.6	.36	15.1	19.1	.25	8.3	13.9
	25×25	.41	43.1	32.8	.72	9.4	12.9	.7	8.7	10.4
	49×49	.8	29.6	30.9	1.	3.7	1.9	.99	3.6	1.9
MD5	7×7	.05	73.2	25.9	.1	36.5	28.5	.08	25.9	25.5
	13×13	.52	67.5	20.8	.88	16.9	15.2	.87	15.7	12.7
	25×25	1.	47.6	16.	1.	10.	1.9	1.	9.3	1.8
	49×49	1.	33.5	9.6	1.	8.	1.3	1.	7.4	1.3
MD20	55×55	-(*)	-	-	1.	62.37	6.3	.99	53.9	8.4
	61×61	-	-	-	1.	62.13	5.3	.99	51.7	6.7
	67×67	-	-	-	1.	60.93	5.9	1.	51.9	7.1
	73×73	-	-	-	1.	60.00	4.8	1.	49.8	7.05

(* SGAs는 MD20에 대한 해를 100세대 이내에 찾지 못함)



(a) 최적값



(b) 적합도

그림 14 최적값과 평균적합도 변화추세(10회 평균)

와 CGAs의 100세대까지 모집단 평균적합도와 최적값의 변화 추세를 그래프로 나타낸 것이다. 모집단의 크기는 55x55, 교차율 0.85, 돌연변이율 0.01, 1점 교차를 사용하였다. 모집단을 달리하며 10회 수행한 평균 추세이다. 표 4와 마찬가지로 평균적으로 더 빠르게 최적해를 찾음을 알 수 있으며(a) 모집단의 평균적합도가 18부근에서 머무르는 것으로 나타난다. 그림에는 나타나지 않았으나 SGA 즉, 일반 유전 알고리즘의 경우 14 정도의 낮은 평균적합도를 유지한다. SSWCGAs 경우 지름길이 추가되어 평균경로길이가 작아지지만, 클러스터링계수가 CGAs와 같기 때문에 평균적합도가 거의 같은 정도로 유지되는 것으로 판단된다.

3) 최적해를 더 빨리 찾는 비율

제한한 SSWCGAs를 사용하는 것이 CGAs를 사용하는 것보다 유용하기 위해서는 최적해를 빠르게 찾는 것도 중요하지만, 최적해를 더 빨리 찾는 비율 역시 중요하다. 즉, 10번의 최적화 시도에서 1번 아주 빠르게 최적해를 찾지만 9번은 더 느리다면 좋은 알고리즘이라고 할 수 없다. 즉, 평균은 더 좋게 나타나지만 자주 느리

표 5 최적해를 더 빨리 찾는 비율

	모집단 크기	SSW>= CGA	CGA>= SSW	SSW> CGA	CGA> SSW
F1	25×25	94	88	12	6
	49×49	99	95	5	1
F2	25×25	77	71	29	23
	49×49	86	77	23	14
F3	25×25	66	52	48	34
	49×49	78	52	48	22
F4	25×25	88	83	17	12
	49×49	92	93	7	8
MD5	25×25	79	53	47	21
	49×49	90	62	38	10
MD20	55×55	85	19	81	15
	61×61	92	10	90	8
	67×67	87	16	84	13
	73×73	92	11	89	8

게 최적해를 찾는다면 임의의 모집단과 매개변수를 사용해서 최적화를 수행하는 경우에는 오히려 바람직하지 않기 때문이다. 표 4에 나타난 결과는 SSWCGAs가 평균적으로 더 빨리 최적해를 찾는다 것은 보여주지만 최적해를 더 빨리 찾는 비율을 보여주지는 않는다. 표 5는 SSWCGAs(SSW)가 CGAs(CGA)보다 최적해를 빨리 찾거나(>), 느리지 않은(>=) 횟수와 반대로 CGAs가 최적해를 빨리 찾거나, 느리지 않은 횟수를 나타낸다. 즉, 동일한 모집단에 대하여 SSWCGAs와 CGAs가 최초로 최적해를 찾는 세대수의 빠르기를 100개의 상이한 모집단에 대하여 조사한 것이다. 100세대를 기준으로 하였으며 교차율 0.85, 돌연변이율 0.01, 1점 교차를 사용하였다. 예를 들어, MD20(61×61)에 대하여 92, 10, 90, 8이 의미하는 것은 100회의 최적화 시도에 대하여 SSW가 CGA보다 92회 빠르거나 같은 세대수 만에 최적해를 찾았으며 그 중에서 90회가 실제로 더 빠르게 최적해를 찾았음을 나타낸다(표 4에 의하면 평균 약 10세대 빠르다). 반면에 CGA도 10회 더 늦지 않게 8회는 더 빠르게 최적해를 찾음을 나타낸다. 결과적으로 표 5에 의하면 F4(49×49)를 제외하고 SSWCGAs를 사용하는 것이 더 효과적임을 확인할 수 있다.

4) 모집단의 크기와 SSWCGAs

SSWCGAs는 모집단 거리공간에 지름길을 추가하여 평균경로길이를 작게 한 것이 중심 개념이다. 그림 10에 나타난 네트워크 노드(모집단 개체)의 개수와 평균경로길이의 관계를 보면 네트워크크기가 169(13×13)보다 큰 값에서 정규 네트워크(8-네트워크)와 최소좁은세상 네트워크(8-SSW)의 경로길이에 유의한 차이가 나타나기 시작한다. 따라서 모집단의 크기가 일정 이상이 되어야 SSWCGAs 모집단 위상 공간의 평균경로길이가 CGAs

의 그것보다 커질 것이므로, SSWCGAs에 의한 수렴속도의 향상 역시 그러할 것으로 예상 할 수 있다. 표 4와 5의 결과는 이러한 예상과 일치한다. 즉, 모집단의 크기가 25×25(625)이상인 경우에 앞서 언급한 것처럼 F4(49×49)를 제외하고 SSWCGAs를 사용하는 것이 더 효과적으로 나타났다. 또한, 그림 13에 나타난 것처럼 모집단의 크기가 커짐에 따라 최적해를 찾는 비율은 커지고, 최적해를 찾을 때까지의 세대수는 감소하는 추세를 보인다. MD20의 경우는 모집단의 크기가 (55×55에서 성공률이 거의 100%이므로) 필요이상 큰 경우들에 대해서도 SSWCGAs가 유용함을 보인다.

5) 모집단의 다양성 유지에 대한 평가

일반적으로 유전알고리즘의 수렴 속도가 빨라지면 모집단의 조기 수렴 여부가 문제가 된다. 모집단이 초기에 수렴하면 결과적으로 최적해를 늦게 찾거나 찾지 못하는 경우가 발생할 것이다. SSWCGAs가 최적해를 빠르게 찾기는 하지만, 지름길에 의한 유전 정보의 빠른 전파는 CGAs보다 모집단의 다양성을 유지하기 어렵게 할 것이다. CGAs가 SGAs보다 유용한 것은 전역탐색과 세부탐색의 적절한 균형에 의한 것으로 받아들인다 [9,10].

유전알고리즘의 진화 과정에 있어서, 특정 시점 모집단에는 다수의 최적해가 포함될 수 있다. 그 중에는 유전형이 같은 것들이 많이 중복되기도 할 것이다. 모집단

의 다양성이 유지되기 위해서는 모집단 내에 다양한 유전형들이 존재해야 할 것이며, 최적해가 여러 개인 경우라면 상이한 종류의 개체가 유지되는 것이 좋다. 여기서는 최적값이 정수이고 최적해가 여러 개인 다중 바이폴라 디셉티브 문제(MD)를 대상으로 모집단내에 상이한 종류의 최적해가 유지되는 것을 조사하여 SSWCGAs의 모집단 다양성 유지 정도를 평가한다. MD5는 최적값이 5원 32개의 상이한 최적해를 갖는다. 다음 그림 15는 (a) 100세대 진화하는 동안 어떤 시점에 모집단내에 (32개중) 서로 다른 최적해가 최대 몇 종류가 출현하는가. (b) 100세대 전체에 걸쳐 모집단에 (32개중) 서로 다른 최적해가 몇 종류나 출현하는가를 나타낸다. 상이한 모집단 10개에 대한 평균값이며, 모집단의 크기는 13×13, 25×25, 49×49, 55×55로 하였다. 다른 조건은 앞의 실험과 동일하다. 예를 들어 CGAs는 모집단의 크기 49×49에 대하여 각각 31.7과 32라는 값을 갖는다. 이것의 의미는 100세대 진화하는 동안 특정 시점에 모집단내에 31.7개의 서로 다른 종류의 최적해가 동시에 나타난 적이 있으며, 진화의 전 세대를 거치는 동안 32개의 상이한 종류의 최적해가 모두 출현하였다는 것을 나타낸다. SSWCGAs가 CGAs의 좋은 특성을 대체로 유지하는 것을 알 수 있다. 실제로 10회중 3회는 32종의 최적해가 모두 나타났으며, 28종 이상의 최적해가 모두 출현한 회수는 6회다. 반면에 SGAs는 같은 조건에서 모집단에

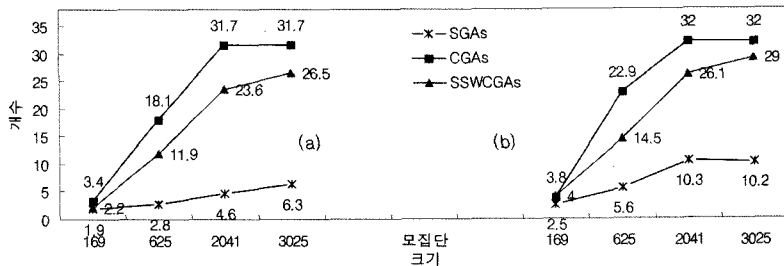


그림 15 서로 다른 최적해 출현의 비교

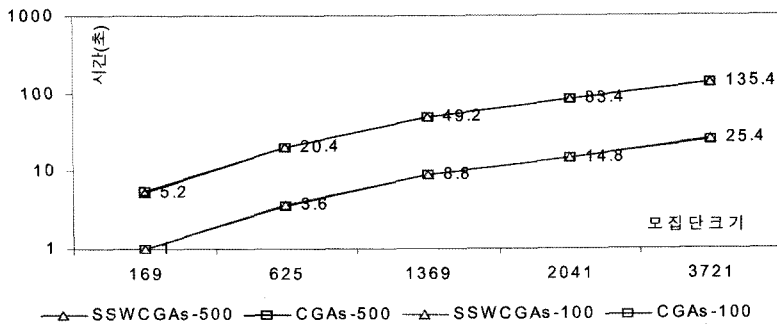


그림 16 수행속도의 비교

상이한 최적해 4.6종이 나타난 경우가 최대이고, 진화의 전 세대에 10.3개의 상이한 종류의 최적해가 나타났다.

6) 수행시간의 비교

SSWCGAs의 수행시간을 CGAs와 비교하기 위하여 모집단의 크기를 달리해가면서 시간을 측정하였다. 이 실험은 수렴속도 혹은 최적해를 찾는 시간을 측정하는 것이 아니라, 정해진 세대수(100,500 세대)만큼 반복하는데 걸리는 시간을 측정하는 것이다. 단순 유전알고리즘(SGAs)은 모집단의 구조가 다르고, 병렬로 실행하려는 경우 매우 다르게 구현될 수 있으므로 비교하지 않았다. SSWCGAs와 CGAs는 코드의 기본구조가 같은 동질의 프로그램을 사용하였다. 교차 및 돌연변이 매개변수 등 실행조건은 동일하게 일치시켰으며, 난수 생성기의 seed값을 달리해가며 10회 반복한 평균값이다. 그림 16과 같이 100세대 및 500세대 반복에 있어서 수행 시간에는 두 알고리즘이 거의 차이가 없었다.

6. 결론

셀룰러 유전알고리즘(CGAs)은 모집단이 특정한 위상 구조를 갖고 각 개체는 자신의 이웃과 유전적으로 상호 작용하는 유전알고리즘이며, 이웃들을 중심으로 하는 지역적인 세부탐색(exploitation)과 이웃들 사이의 작은 중첩으로 인한 전역탐색(exploration)이 적절하게 균형을 이루며 탐색이 진행된다. 이 논문에서는 셀룰러 유전알고리즘의 모집단 네트워크가 높은 클러스터링계수를 유지하면서 짧은 평균경로길이를 갖는 위상을 갖도록 지름길을 추가하여, 보다 빠르게 최적해를 찾는 최소집은 세상 셀룰러 유전알고리즘(SSWCGAs)을 제안하고 평가하였다. 모집단을 최소집은 세상 네트워크로 구성하면 세부탐색 능력은 보통의 셀룰러 유전알고리즘과 같지만, 상대적으로 짧은 평균경로길이를 가지므로 탐색공간을 더 빨리 조사할 수 있다.

먼저, 이웃이 4개 및 8개인 정규 네트워크를 대상으로 주어진 지름길에 대하여 클러스터링계수가 유지되면서 평균경로길이를 가장 최소로 하는 네트워크 위상을 분석했으며, 이러한 구조를 모집단으로 하는 SSWCGAs를 제안하였다. 제안한 알고리즘에 대하여 4개의 실변수 함수와 2가지 GA-hard 문제를 대상으로 최적해를 찾는 빠르기, 최적해를 찾는 비율, 최적해를 빠르게 찾는 비율, 모집단 크기와의 관계, 개체 다양성 유지 및 수행속도 등을 분석하였다. 결론적으로 제안한 SSWCGAs가 적절한 규모의 모집단 크기에 대하여 최적해를 찾는 속도, 최적해를 더 빨리 찾는 비율 등에서 우수하다는 것을 확인할 수 있었다. 이는 모집단 위상에 지름길이 추가됨으로써 SSWCGAs가 CGAs에 비하여 모집단의 다양성을 덜 유지하는 대신 상대적으로 빠르게 유전 정보

를 교환하기 때문이다.

SSWCGAs는 병렬로 구현하는 것이 자연스럽다. 특히 병렬로 구현할 만큼 규모가 크거나 복잡한 문제라면 더욱 SSWCGAs가 효과적일 수 있을 것이다. 따라서 SSWCGAs를 병렬로 구현하여 성능과 통신오버헤드 등을 연구할 필요가 있다. 또한, Barabasi 등은 최근의 연구를 통하여 척도 없는 네트워크가 자연과 사회에 보편적으로 나타남을 보였다[19,22,23]. 다수의 링크를 갖는 허브 노드의 존재를 의미하는 척도 없는 네트워크 구조는 모집단의 크기가 매우 크거나 병렬로 SSWCGAs를 구현하는 경우 효과적일 수 있다. 이 연구의 실험에 사용한 8-SSW은 중심 노드(개체)가 허브에 해당하지만 더 이상의 허브는 없다. 하지만 모집단의 크기가 아주 큰 경우라면 다수의 허브가 지역성을 강화하도록 설계하여 모집단의 다양성을 유지하도록 제어 할 수 있을 것이다.

참고 문헌

- [1] Enrique Alba, Mario Giacobini, Marco Tomassini, and Sergio Romero, "Comparing Synchronous and Asynchronous Cellular Genetic Algorithms," Proc. 7th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature, pp. 601-610, 2002.
- [2] D. Watts and S. H. Strogatz, "Collective dynamics of small world networks," Nature(London) 393, 440, 1998.
- [3] Mark, Buchanan, "Ubiquity: the science of history... or why the world is simpler than we think," 2001.
- [4] D. Watts, "Small world: the dynamics of networks between order and randomness," Princeton, 1999.
- [5] D. Simard, L. Nadeau, and H. Kroger, "Fastest Learning in Small-World Neural Networks," Physics Letters A, Volume 336, Issue 1, pp. 8-15, 28 February 2005.
- [6] Christopher Johansson and Martin Rehn, "Small-World Connectivity and Attractor Neural Networks," www.nada.kth.se/~cjo/documents/small_world.pdf
- [7] Gergely Timar and David Balya, "Regular Small-World Cellular Neural Networks: Key Properties and Experiments," Proceedings of the International Symposium ISCAS '04. Vol.3, pp. 69-72, 2004.
- [8] Whitley, D., Cellular Genetic Algorithms, Proc. 5th International Conference on Genetic Algorithms, 1993.
- [9] Enrique Alba and Bernabe Dorronsoro, "Solving the Vehicle Routing Problem by Using Cellular Genetic Algorithms," in: Evolutionary Computation in Combinatorial Optimization (EvoCOP), in: Lecture Notes in Comput. Sci., Vol.3004, pp. 11-20 Springer-Verlag, Berlin, 2004.
- [10] Gianluigi Folino, Clara Pizzuti and Giandomenico Spezzano, "Combining Cellular Genetic Algorithms

and Local Search for Solving Satisfiability Problems," Proc. Tenth IEEE Int'l Conf. on Tools with Artificial Intelligence, pp. 192-198, 1998.

- [11] Toffoli T., Margolus N., "Cellular Automata Machines A New Environment for Modeling," The MIT Press, Cambridge, Massachusetts, 1986.
- [12] E. Alba and J. M. Troya, "Cellular evolutionary algorithms: Evaluating the influence of ratio," PPSN VI, Vol. 1917 of Lecture Notes in Computer Science, pp. 29-38, Springer Verlag, 2000.
- [13] J. Sarma and K. A. De Jong, "An analysis of local selection algorithms in a spatially structured evolutionary algorithms," Proc. 6th International Conference on Genetic Algorithms, pp. 181-186, 1997.
- [14] William G. Frederick, Robert L. Sedlmeyer, Curt M. White, "The Hamming metric in genetic algorithms and its application to two network problems," Proc. of the 1993 ACM/SIGAPP symposium on Applied computing: states of the art and practice, pp. 126-130, Indianapolis, Indiana, United States, 1993.
- [15] Marek W. Gutowski, "AGING, DOUBLE HELIX AND SMALL WORLD PROPERTY IN GENETIC ALGORITHMS," arXiv:cs.NE/0205061 v1 23 May 2002.
- [16] V. Gordon, K. Mathias, and D. Whitley, "Cellular Genetic Algorithms as Function Optimizers: Locality Effects," Proc. 9th Symposium on Applied Computing (SAC'94), pp. 237-241, 1994.
- [17] Joshua L. Payne, Margaret J. Eppstein: Emergent mating topologies in spatially structured genetic algorithms. GECCO 2006: 207-214. 2005.
- [18] T. Nishikawa, A.E. Motter, Y-C. Lai and F.C. Hoppensteadt, "Smallest small-world networks," Physical Review E, Vol.66., 2002.
- [19] R. Albert and A.-L. Barabási, "Statistical mechanics of complex networks," Rev. Mod. Phys., Vol. 74, No.1, January 2002.
- [20] D. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning*, Addison-Wesley, 1989.
- [21] D. David E. Goldberg, Kalyanmoy Deb, Jeffrey Horn, "Massive Multimodality, Deception, and Genetic Algorithms," Parallel Problem Solving from Nature, 2, North-Holland, pp. 37-46, 1992.
- [22] Albert-Laszlo Barabasi, "Linked: The New Science of Networks," FEBRUARY 7, 2000.
- [23] R. Cohen, S. Havlin, "Scale-free networks are ultrasmall", Phys. Rev. Lett. 90, 058701, 2003.



강 태 원

1985년 연세대학교 수학과 졸업(이학사)
1988년 고려대학교 전산학과 졸업(이학사).
1991년 고려대학교 수학과(이학석사).
1996년 고려대학교 컴퓨터학과(이학박사).
1996년~현재 강릉대학교 컴퓨터공학과 교수. 관심분야는 인공지능, 인공지능, 소프트 컴퓨팅, 복잡계, 로보틱스

지능, 소프트 컴퓨팅, 복잡계, 로보틱스