

# 유전자 알고리즘에서의 개선된 유전자 선택기법의 비교

## A Evaluation on Improver Gen Code Selection Method for the Genetic Algorithms

김 태 식

(계명대학교 컴퓨터전자공학부 교수)

정 성 용

(계명대학교 대학원 전자계산학과)

### 초 록

유전자 알고리즘(Genetic Algorithms)은 우수형질이 계속 번식하고 열성형질은 도태하는 자연의 진화 메커니즘을 모방한 탐색 알고리즘으로 전형적인 조합 최적화 문제에 많이 적용되고 있다.

유전자 알고리즘의 성능을 향상시키기 위해 알고리즘 실행과정에 적용할 수 많은 이론과 경험적인 유전자 조작 기법이 제시되고 있는데, 이러한 기법들은 대부분 우수형질을 확보함으로써 최적의 값을 효과적으로 탐색하기 위한 것이다. 그러나, 적절하지 못한 유전자 조작의 경우 탐색지점의 제한등으로 인한 Local Optimum에 빠질 위험이 있으므로, 유전자 조작에 대한 평가가 이루어져야 한다.

본 연구에서는 유전자 알고리즘의 유전자 조작기법중 적용도 비례전략을 개선한 유전자 조작이 적절한 선택기법들로 유전자 알고리즘에 응용될수 있는지를 밝히기 위해, 탐색문제를 대상으로 세대수의 변화에 따른 탐색 결과를 평가하였다.

## 1. 서 론

대부분의 최적화 문제에서는 해결하고자 하는 문제에서 어떻게 하면 최적의 해를 빠른 시간에 찾을 수 있는가 하는 탐색 문제에 많은 비중을 두게 되었다. 일반적으로 규모가 비교적 작거나 혹은 조건이 그다지 복잡하지 않은 문제에서는 기존의 여러 해결 기법들이 사용되었으나, 문제의 범위와 성격이 매우 복잡 다양해지면서 일반적인 방법에 의한 솔루션은 사용자의 욕구를 만족시켜주지 못하게 되었다. 이러한 이유는 먼저

문제의 규모가 커지면서 사용자가 감당할 수 있는 컴퓨터 환경에서의 해결 자체가 불가능한 경우가 있으며, 또한 해를 찾기 위한 탐색공간(Search Space)이 너무 커 주어진 시간 내에서 빠르게 해를 구할 수 없는 경우도 있다.

최적화 문제가 점차 복잡한 조건을 해결하고, 무한히 넓은 탐색공간에서 해를 찾는 기법을 연구하는 것은 인공지능 응용 영역이 확대되면서 더욱 중요하게 여겨지게 되었다. 가장 쉬운 Hill Climbing 방법에서부터 시작되었던 경험에 의한 탐색 기법은 해결하고자 하는 문제의 유형에 따라 매우 진보된 방법을 요구하게 되었고, 경험적인 탐색 기법에 약간의 인텔리전트한 기법이 가미된 새로운 탐색 방법이 발표되었다(kanoh, 1995, spillman, 1995, kim, 1992).

유전자 알고리즘(Genetic Algorithm: GA)은 자연의 법칙에서 그 아이디어를 찾은 대표적인 탐색방법이며, 자연의 진화 메커니즘을 모방한 탐색 알고리즘으로서 전형적인 Combinatorial Optimization 문제에 적용되고 있다. (김학수, 1996, 신해웅, 1994, 오용주, 1996, 하정락, 1994, Goldberg, 1989, Gong D, 1996, Toogood, 1995)

유전자 알고리즘은 먼저 가능한 해 (Feasible Solution)를 문자열(string)로 변환한다. 이것을 Chromosome이라 하고 생물학적으로 유전인자(염색체)에 대응하는 것이다. 그리고 다수의 염색체로 구성된 집단(population)을 생성하는데 이는 여러 가능한 해를 전제로 탐색을 시작하려는 의도이다. 이 문자열로 구성된 염색체에서 문제의 목적함수(Objective Function)값을 구한 다음 각 염색체의 적응도를 평가하여 적응도가 높은 집단을 선택하여 다음 세대에 남도록 한다.

이것은 자연계에 있어서 철저히 유전 법칙에 의해 우수 형질이 계속 번식하고 열성은 도태 되도록 하는 기본적인 과정을 따르고 있다.

기본적인 방법은 자손번식을 위한 부모선택(Selection), 두 부모가 갖고 있는 문자열로 표현된 염색체에 대하여 부분적인 교환을 수행함으로써 새로운 문자열을 만들어내는 교차(Crossover), 문자열을 복제할 때 확률적으로 오류를 만들어내는 돌연변이(Mutation) 등이 있다. 이러한 과정을 반복함으로써 문제의 조건에 대응하는 적응도(Fitness Value)가 높은 문자열을 만들어 그 집단 전체의 적응도를 향상시켜 간다. 이러한 과정에서 목적함수 값이 가장 좋은 해를 구하게 되는 것인데, 일반적인 경험에 의한 탐색 방법보다 매우 우수한 해를 찾을 수 있는 방법으로 인식되어 최적화 문제에 많이 응용되고 있다.

한편 이러한 유전자 알고리즘의 성능을 향상시키기 위해 알고리즘 실행과정에 적용

할 수 많은 이론과 경험적인 기법이 제시되고 있다(김대진,1995, 김재철,1995,이진숙,1997). 특히 다음세대를 위한 부모 선택방법(Selection)은 일반적으로 가장 우수한 해를 구하기 위한 과정에 직접적이고 결정적인 영향은 미치지 못하는 것으로 알려져 있으나, 해를 구하는 시간 혹은 Generation 수에는 큰 영향을 미치게 된다.

일반적으로 선택(Selection)되어질 부모는 그 집단에서 가장 우수한 형질의 것을 택하면 되는것 같이 보여지나 이럴 경우 탐색 지점의 제한으로 인해 발생하는 Local Optimum에 빠지게 될 위험을 많이 안게 된다. 그래서 비교적 우수한 형질 혹은 현재는 다소 우수하지 않더라도 탐색을 반복함으로써 Hill Climbing에서 발생하는 Local Optimum을 최대한 피하면서 좋은 해를 얻을 수 있어야 한다. 즉, 문제의 해 후보에 대한 유전자 조작에 있어서 우수한 형질만을 선택(Selection)하는 것이 옳은 결정이라 단언 할 수 있는 것은 아니다.

탐색문제와 같은 NP-완전문제와 같은 모델에서는 유전자 알고리즘의 적용도에 의한 확실적인 선택방법이 보다 우수하다고 알려져 있으나(카타노,1993), 본 연구에서는 유전자 알고리즘의 유전자 조작기법중 적용도 비례전략을 개선한 유전자 조작이 적절한 선택기법들로 유전자 알고리즘에 응용될수 있는지를 밝히기 위해, 탐색문제를 대상으로 세대수의 변화에 따른 탐색 결과를 평가하여, 세대수가 적용도 비례전략의 개선된 선택 기법들과 어떤 관련을 갖는지를 연구하였다.

## II. 유전자 알고리즘

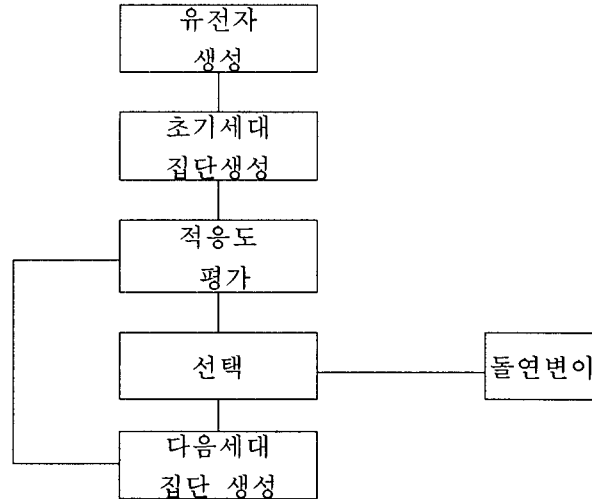
유전자 알고리즘은 기본적으로 Generate-and-Test형의 알고리즘으로서, 일반적으로 세가지 종류의 유전자 조작(genetic operations)을 사용한다(카다노,1993).

- ① 선택(selection)
- ② 교차(crossover)
- ③ 돌연변이(mutation)

해의 후보는 유전자형(genotype)으로서 염색체(chromosome)에 일차원적으로 표현된다. 각 세대는 개체(individual)의 집합이다. 각 세대에 있어서 개체의 수는 집단의 크기(population size)라고 부른다.

유전자 알고리즘의 일반적인 처리순서는 다음 <그림 2.1>과 같다.

이러한 사이클을 반복함으로써 집단 전체의 평가치를 향상시켜 가게 된다.



<그림 2.1> 유전자 알고리즘의 처리순서

### 1. 유전자 알고리즘의 기본 동작

유전자 알고리즘은 먼저 가능해를 갖는 초기 유전자 집단을 생성한다. 일반적으로는 결정된 개체수의 염색체를 임의로 생성한다. 예를 들어서 <그림 2.2>에서는 왼쪽이 초기 집단이다. 이 경우에 염색체의 길이는 7이고, 개체의 수는 2인 집단이 생성되어 있는 것이다. 개체의 수를 결정하는 것이나 염색체의 길이, 코딩 방법 등은 유전자 알고리즘 연구의 중심적인 과제이기는 하지만, 현실적으로는 직관적인 감으로 결정되고 있다.

이렇게 해서 초기집단이 생성되면, 각각의 개체에 대한 적응도의 평가를 수행한다. 적응도의 평가 방법은 해결하고자 하는 문제에 따라서 그 방법이 달라지게 된다.

예를 들어서 <그림 2.2>에서 색으로 채워진 원형이 많은 쪽이 적응도가 높은 평가를 받는다고 하자. 이 경우에 왼쪽 첫번째의 개체가 보다 더 높은 적응도를 얻게 된다. 기본 아이디어는 보다 좋은 개체가 높은 적응도의 평가를 받도록 하는 것이다. <그림 2.2>에서는 2개의 개체를 예로 하여 교차되는 것을 보여주고 있다.

각각의 개체에 대해서 적응도가 결정되면, 그것을 기반으로 선택하여 교차(Crossover) 시키는 유전자 조작을 수행한다. 기본적으로 적응도가 높은 개체가 보다 많은 자손을 남기도록 한다. 이와 같이 함으로써, 보다 좋은 개체를 형성하는 유전자가

집단 중에 확산되게 된다.



<그림 2.2> 복수점 교차에 의한 GA의 개념도

교차를 수행할 개체의 쌍이 결정되었다면 염색체의 교차를 수행한다. 교차의 방법도 여러가지가 제안되어 있다. 기본적으로는 쌍방의 염색체로부터 일부분씩을 취하여 자손의 염색체를 만든다. <그림 2.2>의 오른쪽 부분이 교차를 종료한 상태이다. 종선으로 교차위치를 나타내고 있다.

선택(Selection)과 교차(Crossover)가 종료되면 동일한 유전자가 반복적으로 계속해서 유전되는 문제를 방지하기 위해 적절한 돌연변이를 수행함으로써 새로운 세대의 개체 집단이 생성되게 된다. 그리고 이러한 새로운 집단에 대해서 또다시 적응도 평가, 선택 교차, 돌연변이를 수행함으로써 다음의 새로운 세대를 만들어 간다.

적응도가 결정되었다고 하여 그 값을 그대로 선택시의 확률에 반영시킬 필요는 없으며, 적당한 함수를 도입하여 적응도의 차이를 확대 또는 축소시킬 수 있다. 이러한 함수를 도입하는 것을 스케일링(scaling)이라고 부른다.

기본적인 기법으로서는 선형 스케일링, 시그마 절단, 그리고 누승 스케일링등이 있는데 우수한 개체가 선택되어질 확률을 높이기 위한 방법으로 이용되고 있다. 스케일링후에는 다음 세대의 개체를 생성하기 위해 현 세대에서 우수 형질의 개체를 선택하게 되는데 선택하는 기법은 적응도 비례 전략, 기대치 전략, 순위 전략, 엘리트 보존 전략, 터너먼트 전략과 Genitor 기법등이 있다(카다노,1993).

## 2. 적응도 비례전략

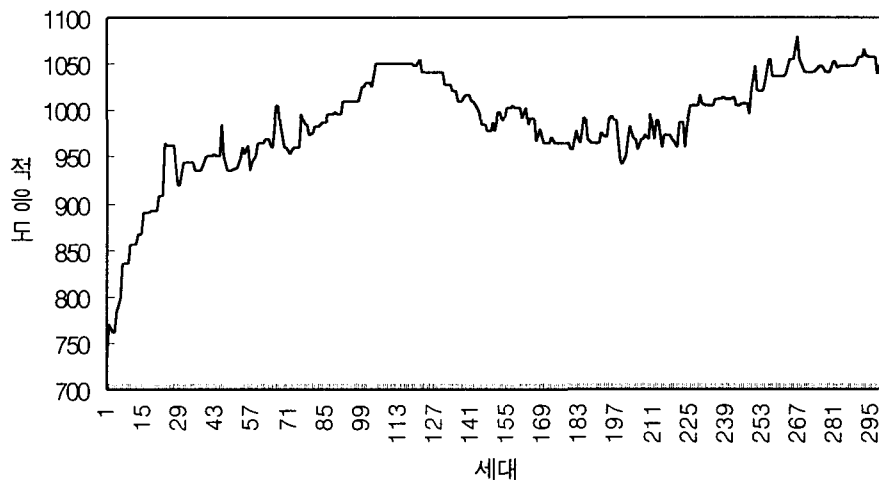
적응도 비례전략은 룰렛 모델 또는 몬테카를로 모델이라고도 불리는데, 각 개체의 적응도에 비례한 확률로 자손을 남길 가능성이 있는 모델이다. 어떤 개체  $i$ 가 각각의 선택 정도에 따라 선택될 확률  $p_{select}$ 는 다음과 같은 식으로 표현할 수 있다.

$$pselect_i = \frac{f_i}{\sum_{i=1}^n f_i}$$

다음 <표 2.1>은 적응도 비례전략에서의 적응도와 선택확률의 예를 보여주고 있다

<표 2.1> 적응도 비례전략에서의 적응도와 선택확률

개체	원래의 적응도 ( $f_i$ )	스케일후의 적응도 ( $f^2: f_i$ )	선택확률 (pselect)
1	2.6	6.76	0.18
2	1.0	1.00	0.03
3	3.3	10.89	0.29
4	0.7	0.49	0.01
5	2.3	5.29	0.14
6	1.2	1.44	0.04
7	0.8	0.64	0.02
8	0.9	0.81	0.02
9	2.7	7.29	0.19
10	1.7	2.89	0.08



<그림 2.3> 적응도가 낮은 집단이 확산되다가 다시 회복되는 과정

여기에서는 스케일링 방법으로서  $k=2$ 의 누승 스케일링을 사용하였다. 선택확률이 부여되는 경우, 0-1의 구간에서 난수를 발생시키고 그 값에 의존하여 어떤 개체와 어떤 개체를 교차시킬 것인지 결정한다. 선택확률이 큰 개체는 여러번의 교차에 참가하기 때문에 그 유전자가 집단 중에 확산되어 간다.

적응도 비례전략은 일반적으로 서서히 최적의 값을 탐색하게 되어 있으나 적응도가 낮은 개체가 선택되어 그 세대의 최고 적응도가 이전 세대보다 작을 경우 점점 그 적응도가 하락하는 현상을 볼 수 있다. <그림 2.3>의 예를 보면 한번 하락하여 본래의 적응도로 회복되는데까지 약 130여 세대의 시간의 소요되어 진다(이진숙,1997).

### III. 적응도 비례전략의 선택기법

본 장에서는 선택 기법의 하나인 적응도 비례 전략을 개선한 우수형질 선택기법을 이용한 최적해 탐색과정을 비교하는 실험을 통해 개선된 선택기법이 적절한 유전자 조작 기법인지를 보이고자 한다. 여기에서는 적응도 비례전략의 기본 알고리즘(Goldberg,1989)과 조상이 같지 않은 우수형질 선택 알고리즘(김태식,1997), 적응도가 상위 50%내의 우수형질 선택 알고리즘(이진숙,1997)을 대상으로 하였다.

#### 1. 적응도 비례전략의 기본 알고리즘

적응도 비례전략은 각 개체의 적응도에 비례한 확률에 따라 자손을 남길 가능성이 있는 것을 모델화한 것이다. 이는 적응도가 높은 우수한 형질은 확률적으로 다음세대에 자손을 남기기 위해 선택되어질 확률이 많다는 근거에 의한 것이다.  $f_i$ 를 개체  $i$ 의 적응도(fitness value)라 하고, 어떤 개체  $i$ 가 각각의 선택 정도에 따라 선택될 확률을  $p_{select}$ 라 하며,  $p_{select}$ 는 앞서 제시한 바가 있다.

이와 같은 선택방법은 유전자 알고리즘에서 널리 사용되는 방법으로 확률적인 근거에 의해 우수집단이 계속 확장되어 갈 수 있게 된다. 이 방법에서 우수한 형질이 선택되어질 확률을 더 높이기 위해 적응도를 스케일링하여 사용하기도 한다. 선택확률이 부여되는 경우, 0-1의 구간에서 난수를 발생시키고 그 값에 의존하여 어떤 개체와 어떤 개체를 교차시킬 것인지 결정한다. 선택확률이 큰 개체는 여러 번의 교차를 위해 선택되어지기 때문에 그 유전자가 집단 중에 확산되어 간다.

본 연구에서 구현하는 알고리즘은 Goldberg(1989)에 나타나 있는 코드를 근거로 586PC에서 개발하였다.

아래의 알고리즘은 비례 적응도에 의해 다음 세대를 위해 현재의 염색체를 선택하는 과정을 보여주고 있다. 여기서 popsize는 한 세대에 존재하는 염색체 수를, sumfitness는 그 세대에 존재하는 모든 염색체가 가지는 적응도를 합한 값을 나타내며, pop은 각 염색체의 정보를 가지고 있는 자료구조를 나타낸다. 이 Selection은 Roulette Wheel 과 같은 방법으로 선택되어진다.

```
function select(popsize:integer;sumfitness:real;var pop:population):integer;
{ Select a single individual via roulette wheel selection }
var rand,partsum:real; { Random point on wheel, partial sum }
    j:integer; { population index }
begin
    partsum := 0.0; j := 0; { Zero out counter and accumulator }
    rand := random * (sumfitness2);{ Wheel point calc. uses random number {0,1}}
    repeat    { Find wheel slot }
        j := j + 1;
        partsum := partsum + (pop[j].fitness*pop[j].fitness);
    until (partsum >= rand) or (j = popsize);
    { Return individual number }
    select := j;
end;
```

## 2. 조상이 같지 않은 우수형질 선택 알고리즘

유전자 알고리즘에서 적응도가 낮은 것이 확산되는 것을 막기 위해 각 세대에 존재하는 Chromosome 각 개체의 부모세대가 동일할 경우 그 개체는 부모세대와 비슷한 형질을 다음 세대로 유전할 가능성이 존재하므로 부모세대가 같은 개체는 다음 세대로 이어지지 않도록 하고, 우수 형질이 자손 세대로 유전되도록 하여야 할 필요가 있다.

한 세대에 존재하는 각 개체의 부모세대를 판별하여 먼저 선택된 개체의 부모가 동일할 경우 그 개체는 선택되지 않도록 하고, 자손세대의 적응도가 부모세대의 적응도보



다 높은 개체만을 선택하도록 함으로써 자손세대가 부모세대보다 우수 형질을 유전할 수 있다는 자연의 법칙을 따르도록 개선하였다. 이를 정리하면 다음과 같다.

- (1) 부모1을 선택하되 부모1의 적응도가 부모1의 조상보다 높은 경우만 선택
- (2) 부모2를 선택하되 부모2의 적응도가 부모2의 조상보다 높고 그 조상이 같지 않을 경우만 선택, 즉, 부모1과 부모2가 같지 않는 경우만 선택하여 같은 형질의 개체가 선택되지 않도록 한다.

```
repeat
    mate1 := select(popsiz, sumfitness, oldpop);
until (oldpop[mate1].parent_fit=<oldpop[mate1].fitness);
reper
    mate2 := select(popsiz, sumfitness, oldpop);
until (oldpop[mate1].parent1<>oldpop[mate2].parent1 _
    and oldpop[mate2].parent_fit=<oldpop[mate2].fitness);
```

### 3. 적응도가 상위 50%내의 우수형질 선택 알고리즘

적응도 비례전략의 기본 알고리즘에서 적응도가 낮은 개체의 확산으로 인한 문제를 고려하여, 한세대에 존재하는 전체 염색체의 평균 적응도를 구하고, 선택되어지는 염색체의 적응도가 상위 50%내에 포함되는 개체만 선택, 교차되어 다음세대로 이어지도록 하였다. 이를 정리하면 다음과 같다.

```
avgfitness:=sumfitness/popsiz;
repeat
    mate1 := select(popsiz, sumfitness, oldpop);
until (oldpop[mate1].fitness>=avefitness);
reper
    mate2 := select(popsiz, sumfitness, oldpop);
until (oldpop[mate1].fitness>=avefitness);
```

## IV. 실험 및 결과

### 1. 실험

각각의 선택기법을 <표4.1>와 같은 탐색문제에서 10회씩 처리하여 얻은 최대값과 평균값을 비교하였다. 이 실험에서는 50개의 념을 각각의 방법으로 세대수를 증대시켜가면 탐색과정과 결과를 비교하였다. 념색문제의 경우 념색에 들어갈수 있는 개체의 무게에는 한계가 있으므로 실험에서의 념색의 무게를 300으로 설정하고 그 무게를 넘는 개체의 경우 적응도 가중치를 무시하도록 설계하였다.

{방법1} 유전자 선택기법의 기본 알고리즘

{방법2} 조상이 갖지 않은 우수형질 선택 알고리즘

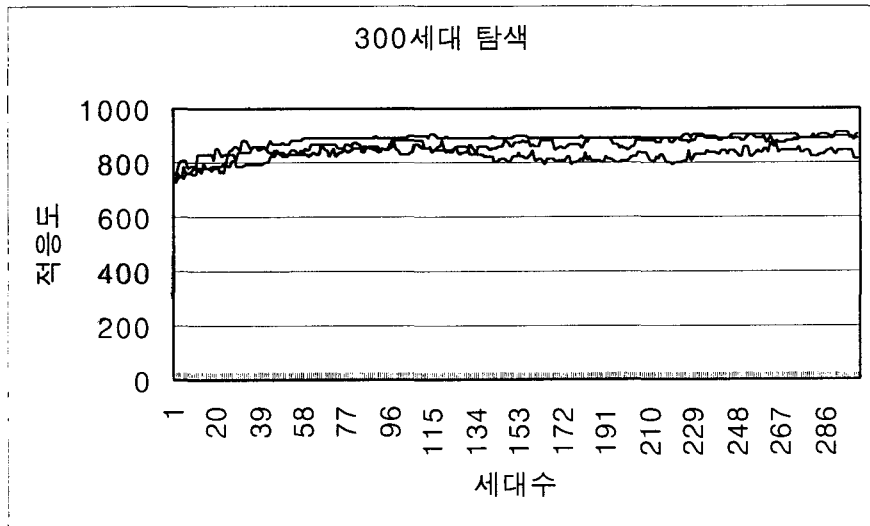
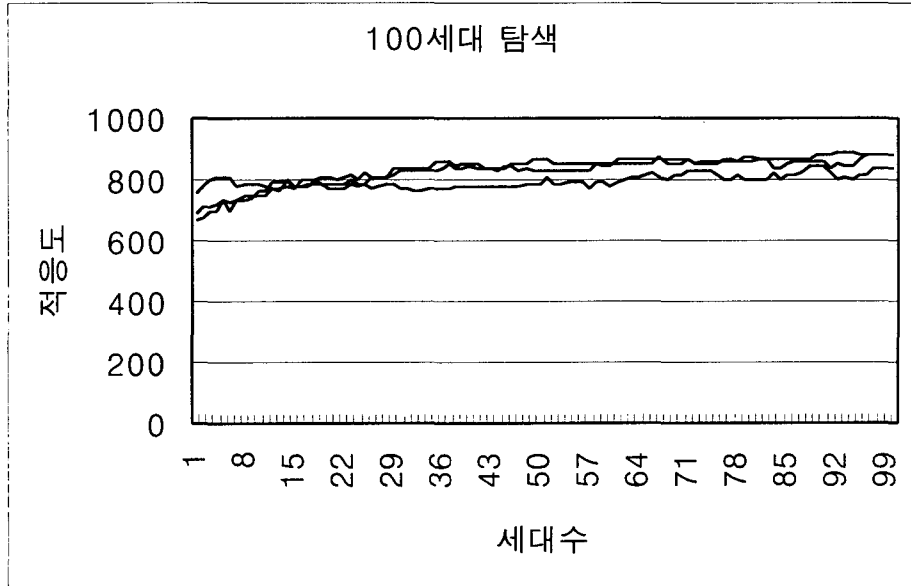
{방법3} 적응도가 상위 50%내의 우수형질 선택 알고리즘

<표 4.1> 탐색문제에서의 실험방법

	세대수	실험
실험1	100	방법1 방법2 방법3
실험2	200	방법1 방법2 방법3
실험3	300	방법1 방법2 방법3

### 2. 결과

탐색문제를 통해 얻은 결과는 <그림 4.1>과 <표 4.2>에 나타나 있다. <그림 4.1>은 각각의 방법에서 나타난 최대값의 탐색과정이고, <표 4.2>는 실험 결과를 도표화한 것이다.



<그림 4.1> 적응도 비례전략의 개선 기법에 대한 탐색 과정

<표 4.2> 적응도 비례전략의 개선 기법에 대한 실험 결과

실험		최대값의 평균값	실험별 평균값
실험1 (100세대)	방법1	844	855
	방법2	833	
	방법3	887	
실험2 (200세대)	방법1	885	897
	방법2	911	
	방법3	895	
실험3 (300세대)	방법1	875	896
	방법2	904	
	방법3	909	

	방법1	방법2	방법3
평균적응도	868	883	897

## V. 결 론

유전자 알고리즘은 다양한 조합 최적문제에서 비교적 우수한 해를 경험적인 방법에 의해 제시해주는 최적화 분야의 대표적인 탐색기법으로 많이 이용되고 있다(Gong D,1996, Sipplman,1995).

유전자 알고리즘의 특징은 선택, 교차, 돌연변이라는 유전자 조작을 통해 비교적 쉽게 탐색문제와 같이 일반적 다항식이 없다고 알려진 문제의 해를 찾는 것이 가능하다고 알려져 있다. 그러나, 유전자 알고리즘을 이용해서 문제를 해결하기 위해서는 문제의 성질을 적절히 유전자 알고리즘에 반영시킬 필요가 있다.

본 연구에서는 유전자 알고리즘의 선택기법중 널리 사용되는 적응도 비례전략을 개선한 선택기법이 적절한 탐색 결과를 얻을수 있는 유전자 조작임을 보여 주었다. 특히, 유전자 알고리즘의 선택 과정중 가장 우수한 개체를 선택하지 않고, 자연의 법칙에서와 같이 부모세대를 같지 않게하고, 자손세대가 부모세대보다 적응도가 높은 개체를 선택할 수 있도록 개선하여, 세대가 갈수록 차츰 보다 나은 개체가 선택되어 Local Optimum에 빠지지 않고 최적의 해를 얻을 수 있도록 하였다.

본 연구의 결과는 탐색문제에서 세대수를 100, 200, 300세대로 변화시켜가면서 반복하여 실험한 결과 세대수가 크질수록 탐색 결과가 우수한 것으로 나타났으며, 방법1보다는 방법2나 방법3의 최고 적응도가 높게 나타났다.

특히, 200세대에서의 최대값이 각각 885, 911, 895로 나타나 평균 897의 적응도를 탐색한 반면 100세대에서는 평균 855의 적응도를 나타내고 있다. 이는 약 5% 향상된 것으로 세대수가 크질수록 탐색결과가 우수하다고 하겠다. 그러나, 300세대에서의 평균 적응도는 896으로 지속적인 세대수의 증가가 최고의 값을 탐색하는 것이 아니라 문제의 성질에 따라 탐색공간이 적절히 선택되어야 하는 것으로 나타났다.

또한, 본 실험에서 <그림 4.1>에 보듯이 방법2, 방법3과 같은 개선된 선택기법들이 비교적 안정적으로 탐색을 계속하는 것으로 나타났고, <표 4.2>에 보듯이 탐색결과도 방법1의 최고적응도의 평균이 868인데 비해, 방법2와 방법3의 최고적응도의 평균값이 각각 883과 897로 나타났으므로, 개선된 선택기법이 Local Optimum에 빠지지 않는 적절한 유전자 조작이라 할 수 있다.

본 연구에서 고찰한 것처럼 탐색문제를 통해 개선된 선택기법이 적절한 유전자 조작 인지를 밝혔으나, 실제 다양한 종류의 최적화 문제에 공통적으로 적용할 수 있는 기법 인지는 검증하지 않았다. 본 연구에서의 개선된 선택기법이 비록 현재의 실험 방법으로는 적절한 유전자 조작이라 할지라도 향후 다양한 실험과 검증을 거쳐야 할 것이다.

비록 선택기법이 Optimal Solution에 어느 정도 영향을 미칠 수 있는지 밝혀진 연구는 없으나, 최적화 문제에서의 일반적인 통념으로 볼 때 주어진 시간 혹은 세대 내에 상대적으로 적응도가 우수한 해를 찾는 것이 좋은 알고리즘으로 인식되기 때문에 본 연구에서 제안한 방법이 더 많은 실험과 보완을 통해 이용될 수 있을 것으로 판단된다.

## 참 고 문 헌

- [1] 기타노 히로아키, 「유전자 알고리즘」, 대청 컴퓨터월드, 1996, pp 29-33,
- [2] 김대진, “유전 알고리즘을 이용한 퍼지 제어기 자동 설계”, 석사학위논문, 동아대학교, 1994
- [3] 김재철, “유전 알고리즘을 응용한 배전계통의 신뢰도 평가 시스템 개발”, 석사학위

- 논문, 숭실대학교, 1995
- [4] 김학수, “비대칭 TSP의 탐색영역 확장을 위한 유전해법”, 박사학위논문, 고려대학교, 1996
- [5] 신해웅, “혼합형 유전해법을 이용한 배송차량의 경로 결정”, 박사학위논문, 한양대학교, 1994
- [6] 오용주, “*Genetic Algorithm*을 이용한 다중 프로세서 일정계획문제의 효율적 해법”, 석사학위논문, 인하대학교, 1996
- [7] 하정락, “*Genetic Algorithm*을 이용한 대학 종합 강의 시간표 작성에 관한 연구”, 석사학위논문, 경희대학교, 1994
- [8] 이진숙, “유전자 알고리즘의 선택기법에 관한 연구”, 석사학위논문, 계명대학교, 1997
- [9] 김태식, 정성용, “유전자 알고리즘의 우수형질 선택기법에 관한 연구”, 한국산업정보학회, 제2권1호, 1997, pp143~157
- [10] Kim, Taesik, *Heuristic Search Strategies for Solving Combinatorial Optimization Problems*, 계명대학교 산업기술연구소 논문보고집 제15-2집, 1992, pp235-240
- [11] Goldberg, David, *Genetic Algorithms*, Addison-Wesley, 1989
- [12] Kao, Cheng-yan, and Gwo-Dong Chen, *An Error-Tolerance Genetic Algorithm for Traveling Salesman Problems*, 1995 IEEE International Conference Volume 1 of 5, IEEE Systems Man and Cybernetics Society, 1995, pp795-799
- [13] Spillman, Richard, *Solving Large Knapsack Problems with a Genetic Algorithm*, 1995 IEEE International Conference Volume 1 of 5, IEEE Systems Man and Cybernetics Society, 1995, pp632-637
- [14] Toogood, Roger, Hong Hao and Chi Wong, *Robot Path Planning Using Genetic Algorithms*, 1995 IEEE International Conference Volume 1 of 5, IEEE Systems Man and Cybernetics Society, 1995, pp489-494
- [15] Gong D. & Yamazaki G, *Hybrid Evolutionary Method for Capacitated*

*Location-allocation Problem*, proceedings of 20th INTERNATIONAL CONFERENCE ON COMPUTERS & INDUSTRIAL ENGINEERING Volume 1, International Industrial Engineering Association(USA), 1996, pp113-116

[16] Jacob, Bruce, *Composing With Genetic Algorithms*, <http://www.eecs.umich.edu/~blj/papers/icmc.95.html> , 1995

[17] Kanoh, Hitoshi, *Genetic Algorithms for Constraint Satisfaction Problems*, 1995 IEEE International Conference Volume 1 of 5, IEEE Systems Man and Cybernetics Society, 1995, pp626-631