

# 두 개의 속성을 가진 최적경로 모형 개발에 관한 연구

- 유전자 알고리즘 이용

## A Study On Bi-Criteria Shortest Path Model Development Using Genetic Algorithm

이승재

장인성

박민희

(서울시립대학교 건축도시조경학부 교수) (숭실대학교 산업정보시스템공학과 교수) (서울시립대학교 교통대학원)

### 목차

#### I. 서론

#### II. 목적 함수

#### III. 유전자 알고리즘

1. 적합도 함수
2. 염색체 표현
3. 유전 연산자

#### 4. 진화 연산자

#### IV. 모형 적용

1. 모의 네트워크
2. 격자형 네트워크

#### V. 결론 및 제언

#### 참고문헌

## I. 서론

교통분야에 중요한 문제 중의 하나가 최단경로에 관한 문제이다. 최단경로는 사람들이 기점에서 종점까지 도착하기 위해 선택하는 경로이다. 전통적으로 최단경로 문제는 선택의 기준으로 시간, 거리 또는 비용과 같은 하나의 목적으로 구성하여 그 목적을 최소화하는 경로를 탐색한다. 최단경로의 탐색 방법으로써 매우 다양한 탐색 알고리즘이 개발되어져 왔으며, 대표적인 예로는 Dijkstra 알고리즘<sup>1)</sup>이 있다.

그러나 일반적으로 통행자들이 선택하는 경로는 단일 속성만을 고려하지 않는다. 통행자는 상충적인 관계를 가지고 있는 여러 가지 요소를 복합적으로 고려하여 경로를 선택한다. 예를 들면, 도로망의 기종점을 잇는 경로는 비용이 적게 들수록 시간이 오래 걸리고 시간이 적게 걸릴수록 비용이 커지는 상충적인 관계에 있다고 할 수 있다. 통행자는 이러한 시간과 비용을 복합적으로 고려하여 경로를 선택한다. 그러므로 하나의 속성으로 구성하여 최단경로를 찾는 것 보다는 여러 가지 속성으로 구성된 최단경로를 찾는 것이 더욱 현실적이다.

그러나 지금까지 다양한 기준에 의한 최적경로를 찾는 것에 관한 연구가 진행되지 않고 있다. 왜냐하면 두 개 이상의 속성을 가지면 쉽게 해를 찾는 것이 어렵기 때문이다. 그래서 지금까지 최단경로 문제는 하나의 속성을 가지는 목적 함수로 구성하고 있다.

본 연구에서는 두 개의 속성으로 최적경로를 찾는 모형을 개발하고자 한다. 이러한 경우에 두 개의 속성을 모두 만족하는 최적경로는 존재하지 않고 두 속성간의 상충을 고려한 다수의 파레토 최적경로 탐색을 해야 한다.

두 속성간의 상충을 고려한 다수의 파레토 최적경로 탐색을 위해 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm)<sup>2)</sup>을 활용한다.

모형의 검증은 모의 네트워크에서 상충관계를 가지는 시간과 비용의 두 가지 속성으로 테스트하도록 한다.

## II. 목적 함수

본 연구에서는 다음과 같은 두 개의 목적 함수를 다룬다.

$z_1$ : 기종점을 잇는 경로의 총 시간의 최소화

$z_2$ : 기종점을 잇는 경로의 총 비용의 최소화  
노드 i와 j를 연결하는 링크의 소요시간을  $t_{ij}$ ,  
소요비용을  $c_{ij}$ . 주어진 네트워크의 기종점을  
연결하는 모든 가능한 경로의 집합을  $P$  그리고  
 $P$  안에 있는 어떤 임의의 경로를  $p$ 라하면,  
두 개의 목적 최단경로문제는 다음과 같이 정  
식화 할 수 있다.

$$\begin{aligned} \min z_1(p) &= \sum_{(i,j) \in p} t_{ij} \\ \min z_2(p) &= \sum_{(i,j) \in p} c_{ij} \\ \text{subject to } p &\in P. \end{aligned}$$

위 문제의 이상적인 해(ideal solution)는 각 목적함수를 독립적으로 고려해서 해를 구함으로써 얻어지며, 목적함수 영역(objective function space)에서 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$I = (z_1^*(p), z_2^*(p))$$

$$\text{여기서, } z_k^*(p) = \min_{p \in P} z_k(p), k = 1, 2.$$

목적함수  $z_1(p)$ ,  $z_2(p)$ 는 서로 상충되어지기 때문에 두 목적함수를 모두 최적화하는 이상적인 해 I에 대응되는 최적경로는 존재하지 않는다. 이러한 경우에 최적경로의 개념은 파레토 최적경로의 개념으로 바꿔야 한다. 어떤 특정 경로  $p_0$ 에 대해  $z_1(p_k) < z_1(p_0)$ ,  $z_2(p_k) \leq z_2(p_0)$ 를 만족하는 어떤  $p_k \in P$ 도 존재치 않거나,  $z_2(p_k) < z_2(p_0)$ ,  $z_1(p_k) \leq z_1(p_0)$ 를 만족하는 어떠한  $p_k \in P$ 도 존재치 않으면  $p_0$ 는 파레토 최적경로이다. 파레토 최적경로는 유일하게 존재하는 것이 아니며, 다수 존재한다. 따라서 두 목적간의 상충을 고려한 다수의 파레토 최적경로가 탐색되어져야 하며, 얻어진 파레토 최적경로들은 의사결정자에게 다양한 정보를 제공한다.

파레토 최적경로를 탐색하는 문제는 조합 최적화문제에 해당하며 계산시간이 매우 오래 걸리고 모든 파레토 최적해를 탐색하는 것은 불가능하다. 따라서 기존의 방법들은 오직 하나 또는 일부의 파레토 최적해를 도출하기 위한 것

이다.<sup>3)</sup> 그러나 이러한 소수의 파레토 최적해의 도출은 의사결정자에게 제공되는 정보로써 충분치 못하다. 유전 알고리즘은 대상문제의 파레토 최적해를 가능한 한 많이 또는 전부를 효과적으로 탐색할 수 있게 한다.

### III. 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 자연세계의 진화과정의 이론인 생물학의 진화론을 모방한 확률적 계산모형으로서 전역적(global)인 최적해를 병렬적으로 탐색하는 기법이다. 유전알고리즘에서는 대상이 되는 문제의 후보해들을 문자나 기호의 배열인 염색체(chromosome)로 표현하여 개체(individual)라 언급하며, 이들 개체들의 적당한 크기(population size)로 구성되는 모집단(population)을 생성하여 이들을 점차적으로 갱신함으로서 전역적인 최적해를 탐색하게 된다. 모집단의 갱신은 유전연산자(genetic operators)에 해당되는 선택(selection), 교배(crossover), 돌연변이(mutation)의 세 가지 과정을 통해서 이루어진다.

해의 탐색과정에서 모집단을 이용한 병렬처리를 수행하기 때문에 탐색 소요시간이 매우 짧고, 모집단의 갱신과정에서 개체의 수를 유지하므로 다목적 의사결정문제의 다양한 파레토 최적해를 탐색하기에 매우 적절한 기법이다.

#### 1. 개체 표현

유전자 알고리즘의 최적해 문제는 유전자형(Genotype)을 어떻게 하는가 가장 중요하다. 표현 방식에 따라 문제를 풀 수 있는 가능성에 차이가 있다.

최단경로문제에서 네트워크의 표현은 노드간의 연결로 표현한다. 이를 기초로 염색체를 표현하기에는 복잡하다. 링크를 기초로 한 네트워크 표현은 링크의 수에 따라 쉽게 네트워크를 표현할 수 있다.

본 논문에서 개체 표현(encoding)은 링크를 기초로 표현한다. 하나의 유전인자가 하나의 링크를 표현해서 개체는 하나의 네트워크를 나타내도록 한다. 그러므로 유전인자는 링크의 수와

같은 개수를 갖는다.

$$c = g_1 \ g_2 \ \cdots \ g_l$$

여기서,  $l$  : 링크 수

$c$  : 개체

$g$  : 유전인자

유전자 알고리즘에서 개체는 가능한 해를 나타내는 것이다. 본 논문에서는 최단경로문제이므로 개체들은 서로 다른 경로를 나타내도록 해야한다. 개체가 다른 네트워크를 표현하도록 하기 위해 유전인자에 따라 네트워크 링크의 속성값을 나타내거나 무한대의 속성값을 갖는 더미링크(dummy link)를 구성한다. 유전인자는 0과 1사이의 임의의 값(random value)을 발생하여 초기화한다. 미리 지정한 일정한 값(0.5)에 대해 다음과 같은 식으로 링크를 스트링 값( $s_i$ )으로 한다.

$$s_i = 1 \text{ if } g_i \geq 0.5$$

$$s_i = 0 \text{ if } g_i < 0.5$$

가상의 유전자값이 1이면 링크의 속성값(통행시간과 통행비용)을 그래도 표현하고 0의 경우에는 더미링크로 링크의 속성값(통행시간과 통행비용)을 무한대로 표현한다.

개체발생은 개체마다 다른 네트워크를 구성하도록 하여 개체마다 다른 경로를 제공하는 것이다. 개체마다의 경로는 Pareto 최적해 후보가되어 이 후보들 중에 적합도를 판단하여 Pareto 최적해를 결정하는 것이다.

## 2. 적합도 함수

유전자 알고리즘에서 적합도 함수는 최적해에 근접해 있는지를 평가하는 함수이다. 본 유전자 알고리즘 모형에서 적합도 함수는 최적경로에 적합하는지 평가하는 것이다. 다음과 같이 구성하였다.

$$\min \sum_{k=1}^K z_k \quad l = 1, 2, \dots, L$$

여기서,  $k$  : 속성(통행시간과 통행비용)

$z$  : 목적함수

$l$  : 링크 수

속성에 따른 목적함수는 일정한 가중치를 사용하지 않고 단순한 합으로 사용하였다.

속성들의 특성에 따라 최소가 아니라 최대화 문제가 될 수 있다. 최대화의 경우는 계량경제에서 쌍대(dual) 문제로 최소화문제로 고쳐서 사용할 수 있다. 예를 들어 속성을 신뢰성이라고 두면 신뢰성 최대화문제로 구성된다. 이것은 신뢰성에 대한 오차 최소화 문제로 전환할 수 있다.

## 3. 유전 연산자

유전자 알고리즘에서 유전 연산자는 탐색공간의 확장으로 국부해(local solution)로 빠지는 것을 방지한다. 유전 연산자에는 선택, 교배와 돌연변이가 있다.

교배는 스트링 값들로 하지만 본 모형은 스트링 값이 임의의 값(random value :  $g_i$ )에 따라 결정되는 것이므로 임의의 값을 가지고 교배를 한다.

먼저, 부모개체의 선택은 룰렛 휠(roulette wheel)에 의해 선택한다. 두 개의 부모로부터 자손을 구하기 위한 교배는 가중치 일점교차교배(one point crossover)로 부모개체의 중앙을 중심으로 교배한다.

교배시 변경하는 부분은 개체의 중앙을 기준으로 부모세대의 앞부분이 변경되면 뒷부분은 그대로 유전되고 앞부분이 그대로 유전되면 뒷부분이 변경되도록 교배한다.

이것을 수식으로 표현하면 다음과 같다.

$$O_1(v_l) = p_1(v_1) \times \alpha + p_2(v_{L/2+l}) \times (1 - \alpha)$$

$$O_1(v_{L/2+l}) = p_1(v_{L/2+l})$$

$$O_2(v_l) = p_2(v_l)$$

$$O_2(v_{L/2+l}) = p_2(v_{L/2+l}) \times \alpha + p_1(v_l) \times (1 - \alpha)$$

여기서,  $L$  : 전체 링크 수

$l$  : if 짝수,  $L/2$  값 포함한 링크번호

if 홀수,  $L/2$  값 전까지 링크번호

$p$  : 부모 세대의 염색체

$v$  : 임의의 값(random value)

$O$  : 자손세대

유전 연산자의 목적은 탐색 범위를 넓게 하여 지역 최소값에 빠지지 않게 하는 것이므로 임의의 값에 일정한 가중치( $\alpha$ )을 주는 것이 더욱 다양한 교배 결과를 나타낸다. 그러므로 본 모형에서는 가중치( $\alpha$ )를 두어서 교배하여 교배결과 다양한 자손세대를 형성하도록 한다.

돌연변이는 염색체를 표현하는 방식과 동일한 방법을 사용하여 완전히 새로운 개체를 발생하도록 한다.

#### 4. 선택

교배 및 돌연변이를 통하여 발생한 자손 중에 일정한 방식에 의해 다음 세대로 진화한다. 선택하는 방식은 적합도가 높은 것을 다음 세대에 유전시키는 것이고 이것을 전략이라고 한다. 전략은 높은 적합도를 나타내는 것을 다음 세대에도 계속 그 값을 갖거나 개선된 값을 유전시키는 것이 중요하다.

본 모형에서는 엘리트 전략과 Schaffer의 병렬 탐색 전략<sup>4)</sup>을 혼합한 혼합전략을 사용한다.

##### 1) 엘리트 전략

엘리트 전략은 부모 세대에서 높은 적합도 값을 갖는 개체를 다음 세대에도 그대로 복제하는 것이다. 여기서 적합도 평가는 Pareto 최적으로 판단하여 Pareto 최적인 것으로 판단된 해는 다음 세대를 그대로 구성하도록 한다.

##### 2) 병렬탐색전략

교배시 교배방법은 유전 연산자에서 사용한 방법을 사용하지만 두 개의 속성을 가지므로 각각의 속성들을 기준으로 염색체를 선택하여 교배하는 것이다. 이는 속성들간에 어느 한 쪽으로 좋은 해를 갖지 않고 속성들 간에 골고루 갖게 하는 것이다.

병렬탐색 전략은 집단을 목적함수( $z_1$ 과  $z_2$ )에 대해 균등하게 분배하고, 목적함수 각각의  $z_1$ 과  $z_2$ 에 대해 독립적으로 선택(roulette wheel)

을 하여 다음 세대를 구성하도록 하는 것이다.

##### 3) 혼합전략

병렬탐색전략은 각각 목적함수의 최적화를 도모하기 때문에 목적함수 영역에서 양 극점에 치우치는 파레토 최적해들이 나타난다. 따라서 모집단의 다양성을 상실하게 되므로 다양한 파레토 최적해의 탐색이 불가능하다. 엘리트전략은 기존의 파레토 최적해를 그대로 다음 세대에 복제하므로 파레토 최적해를 유지할 수 있다.

그러므로 병렬탐색의 목적함수별로 영역탐색하는 방법과 다음 세대에 파레토 최적해를 존속시킬 수 있는 혼합전략을 사용한다. 혼합전략의 단계는 다음과 같다.

Step 1: 모집단에서 파레토 최적해의 후보들을 추출한다.

Step 2: 추출된 파레토 최적해의 후보들의 수가 모집단의 수와 같다면 현 후보들에 대해 Schaffer의 병렬탐색 전략을 수행한다. 그렇지 않으면, Step 3를 수행한다.

Step 3: 추출된 파레토 최적해의 후보개체 전부를 다음 세대로 복제하고, 나머지 수만큼의 개체를 현 모집단에 대해 Schaffer의 병렬탐색 전략을 수행함으로써 추출한다.

지금까지 본 모형의 진행 절차는 다음과 같다.

Step 0. 초기화 및 네트워크 구성.

염색체 생성.

최종 세대 수 결정

목적함수 구성

Step 1. 목적함수에 따른 Dijkstra 알고리즘으로 최단경로 탐색

Step 2. Pareto 최적 판단

Step 3. 교배 및 돌연변이

Step 4. 다음 세대 구성(혼합전략)

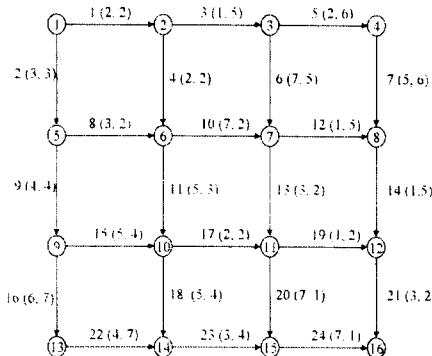
Step 5. 종료 test에 적합하면 step 6으로 이동하고 그렇지 않으면  $t = t + 1$  후 step 1로 이동.

Step 6. 최종세대의 파레토 최적판단 후 종료

## IV. 모형 적용

### 1. 모의 네트워크

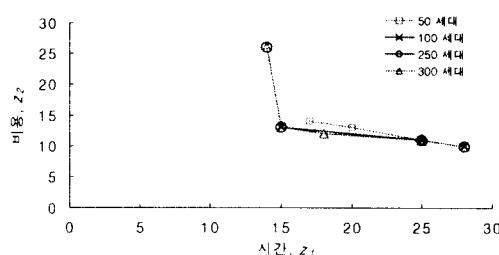
다음과 같은 구성을 가진 모의 네트워크를 이용하여 모형을 검증하였다. 두 가지 속성은 상충관계를 가지고 있는 시간과 비용을 사용하였다.



<그림 1> 모의 네트워크

작은 모의 네트워크에 적용한 이유는 직접 손으로 두 개의 속성을 가진 최적경로를 계산이 쉽기 때문이다. 손으로 직접 계산한 결과 파레토 최적경로는 가능한 경로 20개중에 (28, 10), (25, 11), (18, 12), (15, 13), (14, 26)의 다섯 개의 경로가 나왔다.

본 모형은 최종세대를 300 세대로 하고 집단의 크기는 20개로 하였고 교배율은 0.6, 돌연변이율은 0.05로 실행한 세대별 결과이다.



<그림 2> 세대별 파레토 최적해

처음 50번째 세대에는 정확한 파레토(Pareto)의 해를 찾지 못하였지만 세대를 거듭하면서 점차 더 많고 정확한 파레토 최적해를 찾았다. 또한 그림에서 양끝은 극점해로(extreme point solution) 단일 기준에 의한 최적해도 파레토 최

적해의 일부분으로 포함되고 직접 손으로 계산한 것과 결과가 같아서 모형이 매우 정확하게 해를 찾는 것으로 나타났다. 최종세대를 300세대 이상으로 하였을 경우에도 결과는 마찬가지로 나왔다.

교배시 사용한 가중치  $\alpha$ 값에 따라 본 모형의 수렴 정도를 파악하였다. 조건은 동일하게 하고 가중치인  $\alpha$ 값만 변화시켜서 실행한 결과이다.

< 표 1 >  $\alpha$ 값에 따른 Pareto 최적해(20 개체)

분류	$\alpha = 0.1$		$\alpha = 0.2$		$\alpha = 0.3$		$\alpha = 0.4$ 이상	
	시간	비용	시간	비용	시간	비용	시간	비용
Pareto 최적 경로	15	13	17	14	17	14	25	11
	18	12	25	11	25	11	15	13
			28	10	28	10	28	10
			16	18	16	18	14	26
			15	24	15	24	18	12
			18	12	18	12		

실행한 결과는  $\alpha$  값이 적을 경우에는 초기에 수렴하여 더 이상의 해를 찾지 못하거나 더 좋은 파레토 최적해를 찾지 못하였다. 그러므로  $\alpha$ 값은 0.4 이상이 적당한 것으로 나타났다.

집단크기(population size)를 50개로 증가하였을 경우(네트워크가 커질 경우, 집단크기는 커지므로 이를 테스트하기 위해),  $\alpha$ 값의 변화에 따른 결과이다.

< 표 2 >  $\alpha$ 값에 따른 수렴 세대수(50 개체)

$\alpha$ 값의 변화	수렴 세대수
0.1	84 세대
0.2	6 세대
0.3	3 세대
0.4	84 세대
0.5	84 세대
0.6	84 세대
0.7	6 세대
0.8	6 세대
0.9	84 세대

집단크기를 50개로 증가하였을 경우에는 파레

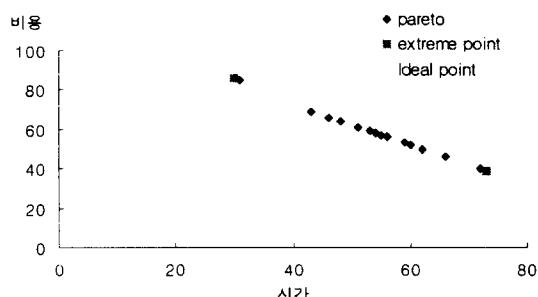
토 최적해를 모두 찾았지만 수렴하는 세대는 차이가 난다.  $\alpha$ 값에 따라 10 세대 미만에서 수렴한 것은 조기에 수렴한 것으로 폭넓게 탐색 할 수 있는 풀이 공간을 막아서 큰 네트워크에서 조기에 수렴할 가능성이 있다. 그러므로  $\alpha$  값이 0.4에서 0.6 사이가 가장 적당한 것으로 판단된다.

즉,  $\alpha$  값의 변화에 대한 수렴은 집단크기를 20 개와 50개로 했을 경우, 모두 적절한  $\alpha$ 값은 0.5 정도로 파악된다.

## 2. 격자형 네트워크 적용

여기서는 64개의 노드와 112개의 링크로 구성된 격자형 네트워크에 적용하였다. 격자형은 다양한 경로가 존재하므로 본 모형의 두 개 속성을 이용한 최단경로 탐색에 좋은 예제로 판단하여 사용한 것이다. 두 개의 속성은 시간과 비용을 사용하였다.

본 모형은 최종세대를 300, 교배율을 0.6, 돌연변이율을 0.05로 하였고  $\alpha$ 값은 모의 네트워크에서 나온 0.5로 하여 실행하였다.



<그림 3> 최종세대의 파레토 최적해의 분포

네트워크를 크게 해서 실행한 결과는 양쪽 극점에서는 적게 나오고 가운데 중심으로 많이 형성되는 것으로 나타났다.

## V. 결론 및 제언

본 연구에서는 두 개의 속성으로 구성된 목적 함수에 의한 네트워크의 최단경로를 찾는 방법에 관하여 모형화한 것이다. 본 모형은 유전자 알고리즘과 기존의 Dijkstra 알고리즘을 결합하

여 두 개의 속성(시간과 비용)을 만족하는 최적 경로, 즉 파레토 최적경로를 찾는 것을 목적으로 하였다.

본 연구에서 구축한 모형을 테스트하기 위해서 모의 네트워크에 적용하였다. 모의 네트워크는 직접 손으로 계산이 가능하여 결과를 비교할 수 있도록 설정하였다. 격자형은 중규모의 네트워크에 적용 가능성을 평가하기 위해서 적용하였다.

모의 네트워크에서 본 모형의 실행결과는 직접 손으로 계산한 것과 같은 결과를 나타냈다. 이는 유전자 알고리즘과 Dijkstra 알고리즘을 결합하여 본 모형으로 두 개의 속성으로 구성된 최적경로들을 찾을 수 있다는 것을 보여주었다. 격자형 네트워크에서는 다양한 경로를 찾아서 중규모의 네트워크에도 적용이 가능하다는 것을 나타내었다.

추후 연구 과제로 첫째, 다속성의 최단경로에 대한 일반화에 대한 연구가 필요하다. 둘째, 대규모 네트워크에 적용하기 위해서 본 모형의 수행속도의 향상이 필요하다. 셋째, 본 모형은 수단선택(modal choice)에 적용이 가능하다. 넷째, 통행배분과 결합하여 적절한 통행배분기법의 개발이 필요하다.

## 참고 문헌

- 1) Dijkstra. E.W., A Note on Two Problems in Connection with Graphs, Numerische Mathematik, Vol.1, pp.269-271, 1959.
- 2) Michalewicz Z., *Genetic Algorithm + Data Structure = Evolution Programs*, 2nd ed., Springer-Verlag, New York, 1994.
- 3) E.Q.V. Martins, On a Multicriteria Shortest Path Problem, *European Journal of Operational Research*, Vol.1, pp.236-245, 1984.
- 4) J.D. Schaffer, Multiple Objective Optimization with Vector Evaluated Genetic Algorithms, Proceeding of the First International Conference on Genetic Algorithms, pp.93-100, 1985.