

Minimum Weight Triangulation을 위한 개선된 유전자알고리즘

이범주* · 한치근*

* 경희대학교 전자계산공학과

Abstract

평면상의 점들을 연결하여 평면 공간을 삼각형으로 분할하는 문제를 Triangulation이라 한다. 하나의 점집합 내의 Triangulation은 무수히 많고, 그 중 선분의 길이의 총 합이 최소가 되는 Triangulation을 찾는 문제를 Minimum Weight Triangulation(MWT)이라 한다. 이러한 MWT는 NP-hard로 알려져 있고 Voronoi와 Delaunay에 의해 공간 분할의 개념으로 Delaunay Triangulation(딜러니 삼각화)이 정의되었다. Triangulation은 계산 기하학에서 자주 등장하는 개념이며, 컴퓨터 비전, 강체 모델링, 지형 모델링, 수치해석 등의 분야에서 중요한 역할을 한다. 지금까지 널리 알려지고 사용되는 Triangulation 방법은 Greedy Triangulation과 Delaunay Triangulation이지만, 이러한 방법은 최적 값을 찾지 못한다.

본 논문에서는 이러한 MWT를 효율적으로 해결하기 위하여 유전자 알고리즘을 적용하고, 초기해 집합이 전체 수행 성능에 미치는 영향을 실험하고, 유전자 알고리즘의 성능 향상을 위하여 Local Search방법을 초기해 선정에 적용하고, Smoothing 기법을 적용하여 유전자 표류현상과 해의 조기수렴 현상의 발생을 방지한다.

2차원 평면상에 점집합 $C = \{(a_i, b_i) \mid 1 \leq i \leq n\}$ 가 주어질 때 C 의 외부껍질(convex hull)을 삼각형 영역으로 분할하며 서로 교차하지 않는 선분 집합 $L = \{\overline{p_i p_j} \mid p_i, p_j \in C\}$ 을 C 의 Triangulation이라 한다. MWT는 평면상의 n 개의 점집합 C 와 자연수 B 가 주어졌을 때, 이산-유클리드 길이의 총합이 B 이하인 집합 C 의 Triangulation을 찾는 문제이다. 즉, 점집합 C 의 triangulation중 선분의 길이의 총합이 최소최적값을 갖는 Triangulation을 결정하는 문제라고 할 수 있다.

본 논문에서는 다중공간 탐색 기법을 이용하여 짧은 시간에 원하는 최적 해에 수렴하는 특징을 지닌 유전자 알고리즘을 적용하여 MWT문제를 해결하였다. 유전자 알고리즘의 수행과정 중 초기해 선

정은 전체 알고리즘 성능에 큰 영향을 미치는데 일반적으로 초기해 집합은 랜덤하게 선정한다. 하지만 보다 더 짧은 수행 시간 안에 원하는 근사 최적 해를 찾기 위하여 Local Search를 이용하여 초기해 집합을 선정하고, Local Optimum에 빠질 가능성을 줄이기 위하여 Smoothing 방법을 적용하여 유전자 알고리즘을 수행한다.

유전자 알고리즘은 두 점의 연결 여부를 표현한 하삼각 행렬로 염색체를 구성한다. n 개의 점들로 만들 수 있는 에지의 최대 개수는 $n(n-1)/2$ 이므로 에지의 상태를 하삼각행렬(lower triangular matrix)로 표현할 수 있다. 이때, 행과 열은 평면상의 점을 나타내며, 행렬의 원소는 두 점의 연결 여부에 따라, 0 과 1로 표현한다. 교차연산은 Triangulation의 정의에 위배되지 않도록 하기 위한 Polygon Crossover의 개념으로 수행한다. Polygon Crossover는 일반적인 유전자알고리즘의 Crossover 방법으로는 문제의 정의에 맞는 Crossover가 어렵다는 점을 해결할 수 있다. 각각의 부모 염색체에서 최소 공통 다각형을 찾아서 두 다각형을 서로 교환 함으로써 교차연산을 수행한다. 돌연변이 연산은 임의의 선분을 선택한 후 그 선분을 대각선으로 하는 사각형에서 대각선을 바꾸는 방법으로 수행한다. 이때, 문제의 정의에 위배되는 결과인 경우는 연산을 수행하지 않는다.

초기해 집합의 선정은 랜덤한 방법으로 Population Size만큼의 해를 선정한 후 각 해를 Local Search를 이용하여 해의 값을 줄임으로써 구한다. 랜덤한 방법으로 선정한 해 집합으로부터 Local Search를 수행하기 때문에 수회의 세대를 지난 효과를 얻으므로 보다 빠른 시간 안에 원하는 최적값을 구할 수 있다.

Local Search는 한 Triangulation에서 외부 껍질을 이루는 선분을 제외한 선분들을 정렬 한 후 가장 긴 선분으로부터 작은 선분까지 각각을 선택하여 돌연변이 연산을 수행하는 것이다. 이때, 연산 후의 값이 이전의 값보다 큰 경우에는 취소한다.

유전자 알고리즘의 또 다른 단점은 해에 수렴하지 못하고 떠도는 유전자 표류현상(Genetic Drift)과, 지역 해에 미리 수렴해 버려서 더 이상 최적해로의 접근이 불가능하게 되어버리는 조기수렴현상(Premature Convergence)이다. 이러한 문제를 해결하기 위하여 본 논문에서는 탐색공간 Smoothing 방법을 이용하였다. 탐색공간의 Smoothing이란 Smoothing 함수를 이용하여 해 공간상의 해의 값을 조정 함으로써 해의 평균값에 가까워지도록 스케일링을 하는 것이다. 결과적으로, 탐색공간상의 국부 점의 골이 완만해져서 지역 해에 빠지는 현상을 방지할 수 있다.

MWT 문제를 해결하기 위한 방법으로 유전자 알고리즘은 최적의 해결 방법이라 할 수 있다. 본 논문에서는 초기해 집합 선정이 유전자 알고리즘의 성능에 미치는 영향을 실험을 통하여 살펴보고, 이 유전자 알고리즘에 더하여 Local Search를 이용한 초기해 집합 선정 방법과 Smoothing 기법을 도입한 결과 더 나은 결과를 도출 할 수 있음을 보였다.