

다개체군 유전자 알고리즘의 집단간 이주 기법

차성민, 권기호

성균관대학교 전기전자 및 컴퓨터공학부

전화번호 : 031-290-7197 / 핸드폰 : 019-488-4195

The Migration Scheme between Groups in the Multi-population Genetic Algorithms

Sung-Min Cha, Key-Ho Kwon

Dept. of the Electrical and Computer Engineering, Sungkyunkwan University

E-mail : emerald@nature.skku.ac.kr

Abstract

Genetic algorithm is a searching method which based on the law of the survival of the fittest. Multi-population Genetic Algorithm is a modified form of Genetic Algorithm, which was devised for covering the defect of general genetic algorithm. The core of multi-population genetic algorithm is said to be the migration schemes. The fitness-based migration scheme and the random migration scheme are currently used. In this paper, a new migration scheme, 'the migration scheme between groups', is suggested, and compared to the general two migration schemes.

I. 서론

유전자 알고리즘은 다원의 진화 이론에 기초를 두고 개발된 알고리즘으로서 여러 개의 개체가 최적의 상태를 향하여 진화해가는 현상을 모방한 알고리즘이다.[1] 유전자 알고리즘을 적용할 때 고려해야 할 중요한 두 요소는 집단의 다양성 유지와 연산 시간이다. 이 둘 사이에 균형을 유지하기 위해서는 적절한 절충(tradeoff)이 요구된다. 작은 집단을 취하면 연산시간은 짧아지지만 해를 탐색하지 못하는 경우가 발생된다. 이를 개선할 목적으로 큰 집단을 취하면 다양성의

확대로 더 좋은 해를 찾을 수 있지만 계산량이 급격히 증가한다. 이러한 문제는 유전자 알고리즘의 구성을 변경하여 병렬화가 원활하도록 함으로써 해결이 가능하다. 유전자 알고리즘의 병렬화 방법으로써 다개체군 유전자 알고리즘이 등장하였는데, 이것은 집단을 여러 개의 부개체군(subpopulation)으로 나누고, 각 집단은 독립적으로 다른 진화과정을 겪게된다. 좋은 유전자가 증식되는 것을 돋기 위하여 개체들은 고립세대 후에 부개체군 사이를 이주(migration)한다. 이주 기법에는 적합도 기반 이주 기법과 임의 이주 기법이 널리 쓰이고 있다. [2,3]

본 논문에서는 기존 이주 기법의 장점과 단점을 살펴보고, 두 가지 기법의 장점을 살리고 단점을 보완한 새로운 이주 기법을 제안하려고 한다.

II. 다개체군 유전자 알고리즘

2.1 이주 기법 (migration scheme)

부개체군간에 이주할 개체를 선택하는 기법에는 여러 방법이 있으나 적합도가 높은 염색체를 추출하여 이주하는 기법[4]과 무작위적으로 개체를 추출하여 이주하는 기법[5]이 가장 널리 쓰이고 있다.

본 논문은 일반적으로 널리 쓰이는 두 가지 기법에 기준하여 새로운 이주 기법을 제안하고 그 성능을 비

교하려고 한다.

(1) 적합도 기반 이주 기법

적합도 기반 이주 기법은 적합도를 근간으로 적합도가 좋은 개체를 선택해서 각 부개체군으로 이주시키는 방법이다. 이러한 기법이 성능 향상에 항상 도움이 될 것 같으나 반드시 그렇다고는 말 할 수 없다.[3] 왜냐하면 적합도 값이 우수한 개체가 이동되면, 다양성(diversity)을 상실할 가능성이 커지기 때문이다.

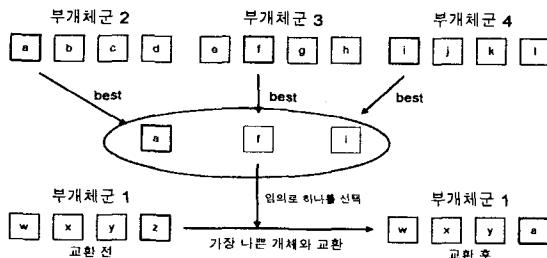


그림1. 적합도 기반 이주 기법

(2) 임의 이주 기법

임의 이주 기법은 이주시에 각 부개체군의 개체중에 임의의 개체를 무작위로 선택하여 이주시키는 기법이다. 이러한 기법은 개체군이 뒤섞는 결과를 통하여 전체적인 다양성을 유지할 수 있다는 장점은 있으나, 적합도가 안 좋은 개체들이 선택이 되어 이주하게 되면 전체적인 수렴 속도가 저하될 수 있다는 단점이 있다.

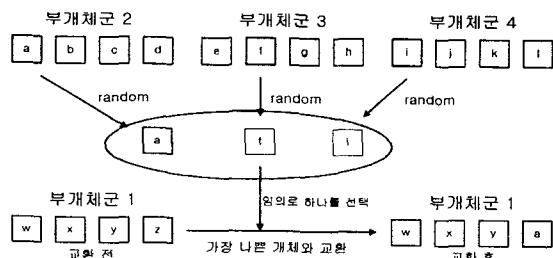


그림2. 임의 이주 기법

III. 새로운 이주 기법의 제안

본 논문에서는 기존의 이주 기법의 장점을 흡수하고, 단점을 보완한 새로운 이주 기법을 제안해 보았다.

고립세대를 통해 모든 부개체군은 최적의 적합도를 향하여 진화를 하게 된다. 부개체군내의 개체들의 평균 적합도를 통하여 진화 정도를 예측할 수 있게 된다. 이러한 예측을 통하여 우리는 부개체군의 평균 적합도값을 기준으로 진화가 빠르게 진행된 우수 부개체군 집단과 진화가 느리게 진행된 비우수 부개체군 집단으로 분류 할 수 있다. 이전의 이주 기법이 모든 부개체군을 대상으로 이주를 했던 반면에, 제안한 이주 기법은 이주하는 부개체군의 선정에 제약을 두었다.

두 집단의 내부에서는 이주를 하지 않고 집단간에 이주하는 방법을 사용했다. 집단간 이주기법을 다음과 같이 정리할 수 있다

1단계 : 고립세대 후 우수 부개체군 집합과 비우수 부개체군 집합으로 분류

2단계 : 우수 부개체군 집단에서는 가장 좋은 개체를 비우수 부개체군 집단으로 이주

3단계 : 비우수 부개체군 집단에서는 임의의 개체를 우수 부개체군 집단으로 이주

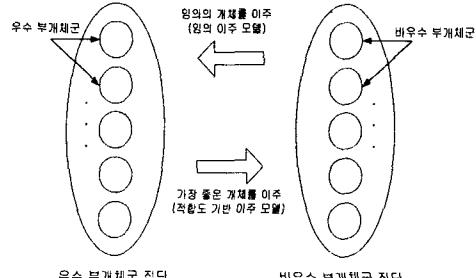
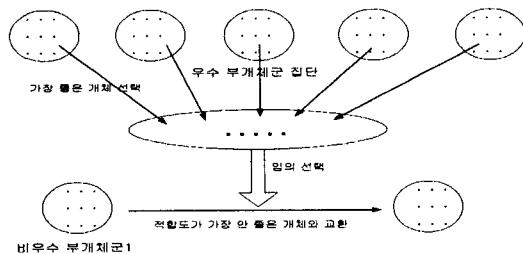


그림3. 제안하는 집단간 이주 기법

3.1 우수 부개체군 집단에서의 이주

비우수 부개체군 집단에서의 문제점은 개체들의 진화 속도가 느리다는 점이다. 이를 보완하기 위해서는 적합도가 높은 개체들이 이주를 해야 하는데 기존의 임의 이주 기법에서는 임의의 개체가 이주를 했으므로 적합도가 높은 개체가 이주될 확률이 적었으며, 적합도 기반 이주 기법에서는 모든 부개체군을 대상으로 적합도가 가장 높은 개체들을 모아 Pool을 만든 후에 그 중에서 임의의 개체를 이주 시켰기 때문에, 전체적으로는 적합도 값이 높지 않으나 그 부개체군내에서 가장 높다면 이주에 선택될 확률이 있었다. 하지만 먼

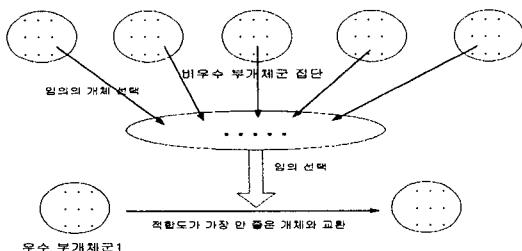
서 평균 적합도에 따라 두 집단으로 분류한 후에, 우수 부개체군 집단에서 적합도 기반 기법에 의해 이주할 개체를 선택한다면 전체적으로도 적합도 값이 좋은 개체가 이주될 확률이 높아진다.



3.2 비우수 부개체군 집단에서의 이주

우수 부개체군 집단에서의 문제점은 진화 속도는 빠른 반면에 진화 도중 다양성을 상실해서 국소 최소 점에 빠질 확률이 높다는 점이다.

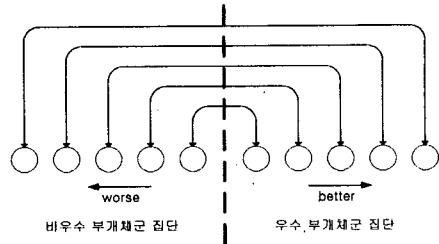
이를 보완하기 위해서는 집단내의 다양성을 지속적으로 유지시켜야 하는데, 이를 위해서는 집단내의 개체와 유사도가 먼 개체를 이주시켜야 할 필요가 있다.[6] 농밀 집단내에서 이주할 때보다 다른 집단내에서 이주를 해 올 경우 개체의 유사도 차이의 확률이 더 높아진다.



3.3 이주 경로

부개체군을 평균 적합도에 따라 순차적 정렬하고, 우수 부개체군 집단의 첫 번째 부개체군에서의 가장 좋은 개체를 비우수 부개체군 마지막 부개체군으로 이주하고, 반대 방향으로는 임의의 개체가 이주하고, 이

후 모든 부개체군에 순차적으로 적용하였다.



이를 통하여 비우수 부개체군 집단의 수렴 속도와 우수 부개체군 집단의 다양성을 극대화할 수 있다. 이 경우 중간 부분의 부개체군 사이에서는 비슷한 개체의 이주가 일어날 가능성이 높으므로 진화 속도 조절에 기여하는 바가 적을 수 있으나 양끝의 부개체군에서는 많은 변화가 일어날 것이라는 것을 예측할 수 있다. 우리가 얻고자 하는 최적의 해는 우수 부개체군 집단의 첫 번째 부개체군을 통하여 얻을 수 있다는 점을 감안해서 이러한 경로를 고안하였다.

IV. 시뮬레이션

함수 최적화 문제를 통하여 제안 기법의 성능을 시뮬레이션 해 보았다. 병렬 유전자 알고리즘의 시뮬레이션으로서 최적화 함수를 많이 사용하는 이유는 지역 최소점이 많은 예로서 적당하기 때문이다. 다음과 같은 3차원 함수의 최적화 문제에 적용하였다

$$\max f(x_1, x_2) = 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2 \sin(20\pi x_2)$$

$$-3.0 \leq x_1 \leq 12.1$$

$$4.1 \leq x_2 \leq 5.8$$

유전자 알고리즘은 초기 개체군의 영향을 많이 받으므로, 초기 개체군은 330개의 이진 비트를 임의로 발생시킨 후, 텍스트 파일로 저장한 후에 공통으로 불러서 사용하였다. 즉 10개의 부개체군을 만들어서 실험을 하였는데 부개체군당 개체수는 10으로 하였다. 전체 100세대를 진화하는 동안 10세대마다 10개의 개체를 이주시키는 방법을 채택하였다.

본 시뮬레이션에서는 임의 이주 기법, 적합도 기반 이주 기법과 제안하는 이주 기법을 비교해 보았다.

그림7은 세대수에 따른 최대 적합도를 나타낸다.

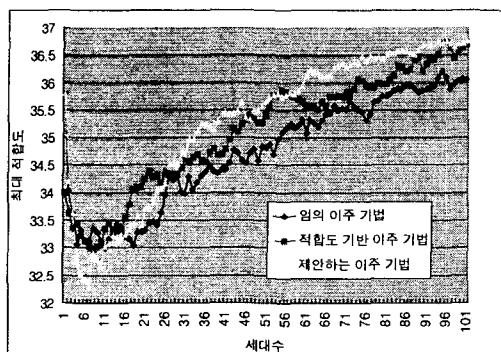


그림7. 세 가지 이주 기법의 비교(1)

제안하는 이주 기법이 30세대 이후에 줄곧 가장 우수한 성능을 나타낸다는 것을 볼 수 있다. 제안하는 기법이 세대 초기에 적합도 기반 기법에 비해서 성능이 떨어지는 이유는 초기에는 부개체군이 정렬이 되었어도 서로간 평균 적합도에 큰 차이가 없기 때문에 정렬한다는 것에 별 의미가 없기 때문이다. 따라서 초기 세대에는 집단간의 이주보다는 기존의 개체군간의 이주가 더 좋은 성능을 나타낸다는 것을 알 수 있다. 하지만, 초기세대 이후에 부개체군간에 적합도의 차이가 나기 시작하면서 기존의 부개체군간의 이주보다 집단간의 이주가 더 좋은 성능을 나타낸다는 것을 알 수 있다. 즉, 제안 기법의 효과는 초반이후 중반 세대부터 나타난다는 것을 알 수 있다.

그림 8은 전체 개체군의 크기를 300으로, 부개체군내의 개체수도 30으로 증가시켰을 때의 실험 결과이다.

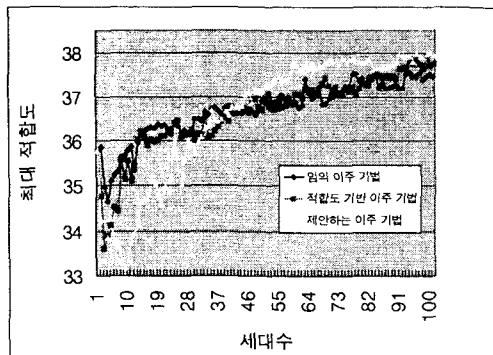


그림8. 세 가지 이주 기법의 비교 (2)

중반 세대 이후 성능이 향상된다는 것을 알 수

있었다. 전체 개체군의 크기를 늘렸으므로 그림7 보다 전체적으로 성능이 향상되었다는 것도 알 수 있다.

V. 결론

제안하는 이주 기법은 평균 적합도에 따른 순차적 정렬에 의한 집단간의 이주이므로, 부개체군간의 평균 적합도 차이가 적은 초기 세대에는 집단간의 이주보다는 부개체군간의 이주가 더 좋은 성능을 나타내었으나, 평균 적합도의 차이가 나기 시작하는 중반 세대 이후에는 집단간의 이주가 부개체군간의 이주보다 더 좋은 성능을 나타낸다는 것을 알 수 있었다.

참고문헌

- [1] D.E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning", Addison Wesley, pp185-186, 1989.
- [2] 진강규, "유전자 알고리즘과 그 응용", pp.263-264, 교우사, 2000.
- [3] Lance Chambers, "Practical Handbook of Genetic Algorithms", pp.60-62, CHC Inc., 1995.
- [4] Muhlenbein, H. , "The Parallel Genetic Algorithm as a function optimiser", Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann, 1989.
- [5] Cohoon J.P. , "A Multi-population Genetic Algorithm for Solving the K-partition problem on Hyper-cubes.", Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann, 1991.
- [6] 정인수, 권기호, 홍석봉, 김유석, "유전자 알고리즘의 다양성 향상을 위한 Island Model의 성능개선에 관한 연구", pp199-202, 제5회 인공지능, 신경망 및 퍼지 시스템 종합학술대회, Preceedings of JCEANF '96, 1996.