

퍼지 논리 제어를 이용한 다 개체군 유전자 알고리즘의

이주 기법

전향신^o, 권기호

성균관대학교 정보통신공학부 지능시스템 연구실
pianos@hanmail.net^o khkwon@yurim.skku.ac.kr

The Migration Scheme in the Multi-population Genetic Algorithms using Fuzzy Logic Controller

Hyang-shin Chun^o Khi-ho Kwon

School of Information and Communication University of Sungkyunkwan

요 약

다 개체군 유전자 알고리즘에서는 여러 개의 개체군을 사용하여 각 개체군을 독립적으로 진화를 시키는데, 이 논문에서는 퍼지 논리 제어를 이용하여 독립적으로 개체군을 진화시켜 집단으로 이주시키는 새로운 코딩방법을 제안한다. 이 퍼지 논리 제어는 최적화과정 동안 교배 비율과 돌연변이 비율을 적절하게 조절하여 수행하는 두 퍼지 논리 제어를 나타낸다. 제안하는 방식을 성능평가해서 기존의 방식과 비교해 보았다. 제안하는 방식이 수렴속도를 향상시킬 수 있다는 장점을 보여준다.

1. 서 론

일반적으로, 퍼지 제어는 전문가의 경험이나 지식에 기반을 두고 디자인한다. 더욱이, 퍼지 제어에 대한 퍼지 규칙 베이스의 생성은 전문가의 경험에 의존한다.[1]

유전자 알고리즘은 생물 진화의 원리로부터 착안된 알고리즘으로서, 확률적 탐색이나 최적화를 위한 기법이라고 할 수 있다. 다 개체군 유전자 알고리즘은 유전자 알고리즘의 변형된 형태로써, 일반적인 유전자 알고리즘의 단점을 보완하기 위하여 고안되었다. [2]

퍼지 논리와 유전자 알고리즘의 혼합은 그들이 소유하고 있는 단점을 효과적으로 보완 할 수 있다.[1]

이 논문에서는 퍼지 논리 제어를 이용하여 독립적으로 개체군을 진화시켜 집단으로 이주시키는 새로운 코딩 방법을 제안한다. 이 퍼지 논리 제어는 최적화 과정동안 교배 비율과 돌연변이 비율을 적절하게 조절하여 수행하는 두 개의 퍼지 논리 제어를 나타낸다. 제안 방식을 함수 최적화 문제를 통하여 그 성능을 기존 방식과 비교해 보았다. 제안 방식이 수렴 속도를 향상시킬 수 있다는 장점을 보여준다.

2. 다 개체군 유전자 알고리즘

다 개체군 유전자 알고리즘은 미성숙 조기 수렴의 문제점을 해결하고 개체의 다양성을 유지하기 위해서 고안된 이론으로서 그 성능의 우수함을 입증 받고 있다.[3]

집단간 이주 기법은 개체들간에 일어나는 개체간 경쟁과 선택, 도태 현상을 부 개체군들간에 적용한 이주 모델이다. 이 모델은 개체의 다양성을 유지함과 동시에 평

균 적합도를 향상시킴으로 인하여 전체적인 수렴 속도를 향상시킬 수 있다는 장점이 있다.

이주에서 제외된 부 개체군은 영원히 이주에 참여할 수 없는 것이 아니고, 정해진 세대마다 선택되는 부 개체군 집단은 바뀔 수 있다. 정해진 세대를 각각 진화한 후 고립 세대가 지나면 각 부 개체군의 평균 적합도를 평가하여 선택 대상이 될 부 개체군을 선택하게 된다. 선택된 부 개체군간에 이주가 일어나게 된다. 그림1은 다 개체군 유전자 알고리즘의 집단 간 이주 기법의 구조를 보여주고 있다.[4]

3. 퍼지 제어 알고리즘

이 부분에서는 제안하는 교배, 돌연 변이의 퍼지 제어 수행을 자세하게 표현한다.

1) 입력 과 출력

교배와 돌연 변이의 퍼지 논리 제어에 대한 입력들은 연속되는 두 단계들 $\Delta f(t-1), \Delta f(t)$ 의 평균 적합도에서의 변화율)의 적합도를 변화한다. 그리고 각 출력은 교배에서의 변화율 $\Delta c(t)$ 와 돌연변이에서의 변화율 $\Delta m(t)$ 이다.

2) 멤버십 함수

$\Delta f(t-1), \Delta f(t)$ 범위는 $[-1.0, 1.0]$, $\Delta c(t)$ 의 범위는 $[-0.1, 0.1]$, $\Delta m(t)$ 의 범위는 $[-0.01, 0.01]$

그림 2는 퍼지 입력과 출력의 언어적 변수들의 멤버십 함수를 묘사하고 있다.

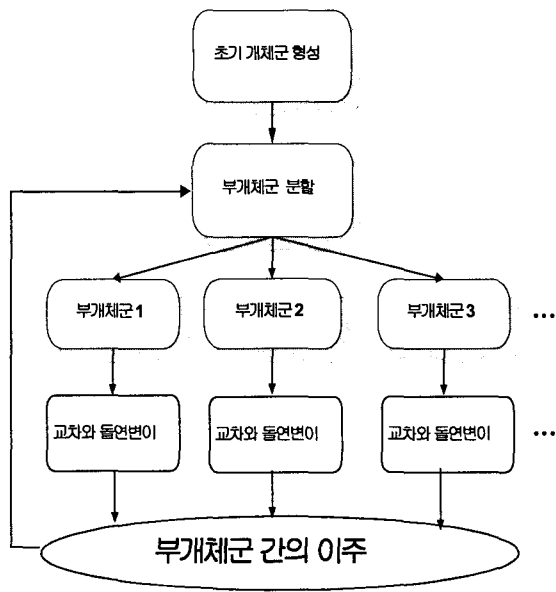


그림 1 다 개체군 유전자 알고리즘의 집단간 이주기법 구조

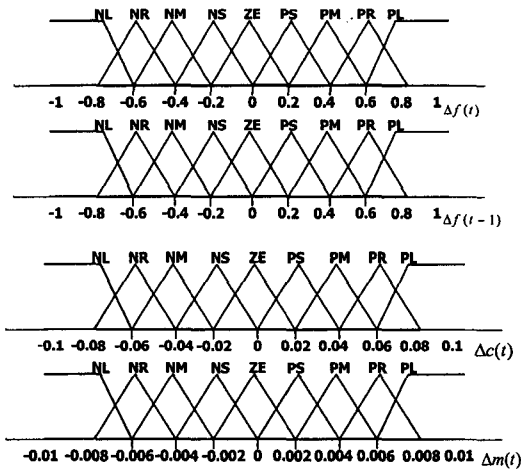


그림 2 멤버십 함수

3) 퍼지 제어 규칙

전문가의 의견이나 경험에 의한 수를 기초로 한다.

4) 제어 동작에 대한 룩-업 테이블

표1을 보여줌으로서 교배에 대한 룩-업 테이블을 명확히 나타내고 있다.

평균 적합도의 변화가 제로에 근접해 있을 때 돌연변이에 대한 퍼지 제어 규칙의 요소는 언어적인 변수로는 PR을 가진다. 위의 룩-업 테이블은 교배에 대한 것이기 때문에 돌연변이 일 때는 그 값이 3일 가진다.(x=0,

| | | | | | | | | | |
|---|----|----|----|----|----|----|----|----|----|
| $\begin{matrix} x \\ z \\ y \end{matrix}$ | -4 | -3 | -2 | -1 | 0 | 1 | 2 | 3 | 4 |
| -4 | -4 | -3 | -3 | -2 | -2 | -1 | -1 | -0 | -0 |
| -3 | -3 | -3 | -2 | -2 | -1 | -1 | -0 | +0 | 1 |
| -2 | -3 | -2 | -2 | -1 | -1 | -0 | +0 | 1 | 1 |
| -1 | -2 | -2 | -1 | -1 | -0 | +0 | 1 | 1 | 2 |
| 0 | -2 | -1 | -1 | -0 | 2 | 1 | 1 | 2 | 2 |
| 1 | -1 | -1 | -0 | +0 | 1 | 1 | 2 | 2 | 3 |
| 2 | -1 | -0 | +0 | 1 | 1 | 2 | 2 | 3 | 3 |
| 3 | -0 | +0 | 1 | 1 | 2 | 2 | 3 | 3 | 4 |
| 4 | +0 | 1 | 1 | 2 | 2 | 3 | 3 | 4 | 4 |

표 1 교배 룩-업 테이블

y=0일 때 z=3)

퍼지 논리 제어에서의 교배와 돌연변이의 출력은 다음 방정식과 같다.

$$\Delta c(t) = \text{look-up table}[i][j] \times 0.02 \times \alpha \quad (1)$$

$$\Delta m(t) = \text{look-up table}[i][j] \times 0.02 \times \alpha \quad (2)$$

여기서 $i, j \in \{0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8\}$ look-up table[i][j]은 표1에서의 출력 값이다. 전체 개체군의 적합도의 변화가 0.02보다 작을 때, α 는 1.0보다 작은 계수이다.[1]

그림 3에 퍼지 논리 제어와 다 개체군 유전자 알고리즘 사이의 조합 전략을 보여주고 있다.

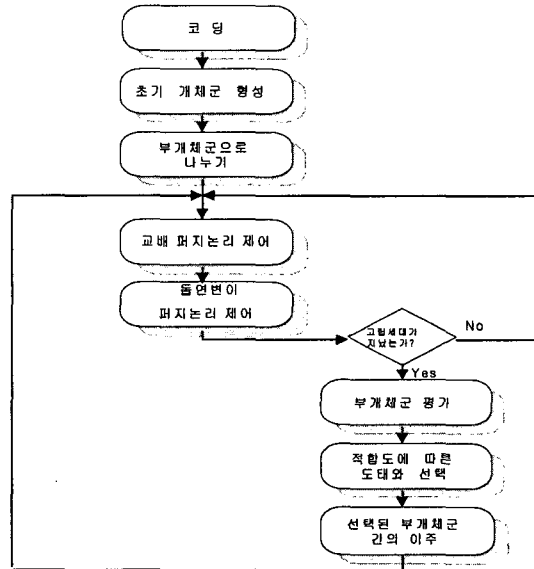


그림 3 퍼지 논리 제어와 다 개체군 유전자 알고리즘사이의 조합 구조

4. 시뮬레이션

함수 최적화 문제를 통하여 제안 방식의 성능을 시뮬레이션 해 보았다. 병렬 유전자 알고리즘의 시뮬레이션으로서 최적화 함수를 많이 사용하는 이유는 지역 최소

점이 많은 예로서 적당한 다봉 형태이기 때문이다.[5][6]

다음과 같은 3차원 함수의 최적화 문제를 시뮬레이션 하였다.

$$\begin{aligned} \max f(x_1, x_2) &= 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2 \sin(20\pi x_2) \\ -3.0 &\leq x_1 \leq 12.1 \\ 4.1 &\leq x_2 \leq 5.8 \end{aligned} \quad (3)$$

시뮬레이션 파라미터는 다음과 같다.

- 전체개체군 = 100 ; 부 개체군의 수 = 10 ;
- 부 개체군내 개체 수 = 10 ; 이주 개체 수 = 10 ;
- 진화 세대 = 100 ; 교차 확률 = 0.25 ;
- 돌연변이 확률 = 0.01 ; 코딩 방법 = 이진코딩 ;
- 선택방법 = 룰렛 휠.

그림 4는 세대에 따른 최대 적합도를 나타낸다.

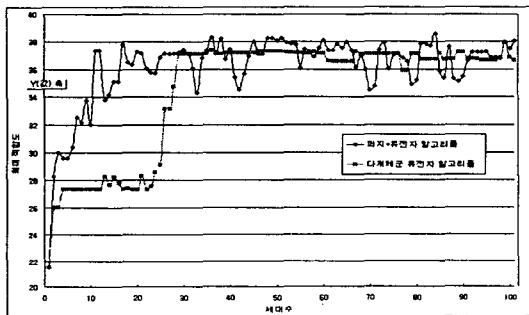


그림 4 두 가지 방식의 최대 적합도 비교

초기 세대에 부 개체군간에 적합도의 차이가 크게 나기 시작하면서 제안하는 방법이 더 좋은 성능을 나타낸다는 것을 알 수 있다.

아래 그림 5는 전체 개체군의 크기를 300으로, 부 개체군내의 개체수도 30으로 증가 시켰을 때의 실험 결과이다.

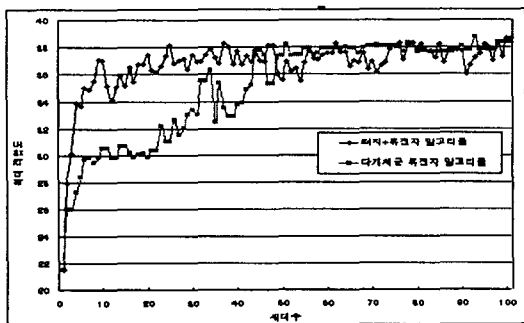


그림 5 두 가지 방식의 최대 적합도 비교

그림 5의 결과 역시 그림 4와 비슷하나, 개체군의 크기를 증가시킴으로 인해 그 값이 전체적으로 향상되었음을 볼 수 있다. 초기 세대에는 많은 차이가 있지만 중반 세대 이후 좋은 값을 유지한다는 것을 볼 수 있다.

5. 결론

지금까지 다 개체군 유전자 알고리즘의 이주 기법과 퍼지 논리 제어를 이용한 교배와 돌연 변이를 사용한 이주 기법을 살펴보고, 기존의 방식과 제안한 방식을 서로 비교해 보았다.

시뮬레이션 결과, 제안한 방식이 초기 세대부터 우수한 성능을 나타내었고, 중반 세대부터 좋은 값을 유지하면서 최적값을 찾는다는 것은 거의 비슷하다는 것을 알 수 있다.

제안하는 방식은 국소 최적 해에 빠질 위험을 줄이는 동시에 수렴 성능은 향상시키기 때문에 시스템과 제어 문제들의 넓은 범위에 적용할 수 있다.[1][4]

6. 참고 문헌

- [1] P.Y.Wang, G.S.Wang, Y.H.Song, A.T.Johns, "Fuzzy Logic Controlled Genetic Algorithms", IEEE FUZZY, pp972-979, 1996.
- [2] Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Programs", Springer-Verlag, New York, Third Edition, pp72-73, 1995.
- [3] 진강규, "유전자 알고리즘과 그 응용", 교우사, pp263-264, 2000.
- [4] 차성민, 권기호, "다중 개체군 유전자 알고리즘의 새로운 이주 방식", 정보과학회 논문지, 제 28권, 제 1호, pp26-30, 2001.
- [5] Todd.P, "On the Sympatric Origin of Species : Mercurial Mating in the Quicksilver Model", Proceedings of the 4th International Conference on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann, 1991.
- [6] Ryan.C, "Racial Harmony in Genetic Algorithms", Proceedings of Genetic Algorithms within the framework of Evolutionary Computing, KI'94 Workshop, Germany : Springer, 1994.