

## 2 계층 공생 진화알고리즘을 이용한 다목적 최적화

### Multi-objective optimization using a two-leveled symbiotic evolutionary algorithm

신경석\* · 김여근\*\*

\* 전남대학교 산학협력단(woodam89@naver.com)

\*\* 전남대학교 산업공학과(kimyuk@chonnam.ac.kr)

#### Abstract

This paper deals with multi-objective optimization problem of finding a set of well-distributed solutions close to the true Pareto optimal solutions. In this paper, we present a two-leveled symbiotic evolutionary algorithm to efficiently solve the problem. Most of the existing multi-objective evolutionary algorithms (MOEAs) operate one population that consists of individuals representing the complete solution to the problem. The proposed algorithm maintains several populations, each of which represents a partial solution to the entire problem, and has a structure with two levels. The parallel search and the structure are intended to improve the capability of searching diverse and good solutions. The performance of the proposed algorithm is compared with those of the existing algorithms in terms of convergence and diversity. The experimental results confirm the effectiveness of the proposed algorithm.

#### 1. 서론

현실 세계의 문제들은 흔히 상충되는 여러 목적들을 갖는다. 이러한 문제의 해결을 다루는 문제를 다목적 최적화(multi-objective optimization)라고 한다. 본 연구에서는 의사결정자의 사전 선호정보 없이 여러 좋은 대안해를 구하여 그 중에서 의사결정자가 선택하는 상황을 다룬다. 이를 위해 다양한 파레토 최적해(또는 비지배해)를 구한다. 여기서 파레토 최적해(비지배해)란 모든 목적들에 대해 이 해보다 더 우수한 해가 존재하지 않는 해를 의미한다. 앞으로 용어의 혼동을 피하기 위해 파레토 최적해는 문제가 갖는 이론적인 실제 파레토 최적해를, 비지배해는 구해진 여러 해들 중에서 지배되지 않는 해를 나타내기로 한다.

본 연구에서는 다양하고 좋은 비지배해를 구하기 위하여 진화알고리즘을 사용한다. 다목적 문제의

해결을 위한 진화알고리즘을 다목적 진화알고리즘(Multi-Objective Evolutionary Algorithm: MOEA)이라 부른다. MOEA의 목표는 파레토 최적해 또는 이들 해에 가까운 해들을 다양하게 찾는 것이다. 따라서 MOEA 연구의 초점은 두 가지로, 그 하나는 (1) 구하는 여러 해가 파레토 최적해로의 수렴이고, 다른 하나는 (2) 이들 해들이 다양하게 분포하도록 하는 것이다[1]. 이는 좋은 대안들을 다양하게 의사결정자에게 제시하자는 의미이다.

최근, 엘리티즘(elitism) 전략을 이용하여, 다양한 해와 함께 파레토 최적해로의 수렴속도 향상에 관한 여러 연구가 행하여 졌다. MOEA에서 '엘리티즘 전략'이란 지금까지 발견된 비지배해를 보관하고 운영하는 전략을 의미한다. 이 전략을 채용한 알고리즘로는 PAES(Pareto-Archive Evolution Strategy)[4], SPEA(Strength Pareto Evolutionary Algorithm)[6], NSGA-II[2], SPEA2[7] 등이 있다.

기존 MOEA에 관한 연구는 모두 전체문제를 하나의 개체로 표현하여 이들 개체로 이루어진 하나의 모집단을 운영하고 있다. 본 연구에서 제안하는 알고리즘은 기존 MOEA와는 달리 전체문제를 부분문제로 분해한 후, 부분문제들로 이루어진 여러 부분모집단을 운영하여 다양한 비지배해를 효율적으로 탐색할 수 있도록 한다. 그리고 전체문제의 해를 개체로 표현하는 모집단을 또한 운영하여 비지배해로의 수렴성을 높이고자 한다. 여러 부분모집단의 공생진화과정을 계층 1로 하고, 전체해(entire solution)의 개체로 이루어진 하나의 모집단의 진화 과정을 계층2로 한다. 계층1에서 얻은 좋은 해의 정보가 계층2로 전달될 수 있는 구조로 설계된다. 따라서 본 연구에서 제안한 알고리즘을 2계층 다목적 공생 진화알고리즘(Two-leveled Multi-objective Symbiotic EA; TMSEA)이라 부르기로 한다. 실험을 통해 제안하는 TMSEA의 성능을 기존 MOEA의 성능과 비교 분석한다.

## 2. TMSEA: 2계층 다목적 공생 진화알고리즘

### 2.1 개념과 특징

본 연구에서 제안하는 TMSEA의 개념과 그 특징은 다음과 같다.

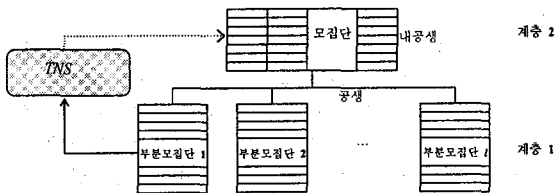
첫째, TMSEA는 [그림 1]과 같이 2계층 구조로 이루어진다. 계층 1에서는 부분문제를 나타내는 모집단들로 분리된 종들이 공생하는 과정을 모방한 공생 진화알고리즘이 수행된다.

둘째, 계층 2는 전체해를 표현한 개체들로 구성된 하나의 모집단을 운영한다. 계층2는 계층1과 상호 작용한다. 계층1의 진화과정에서 얻은 비지배해를 임시 비지배해 저장소인 TNS에 저장된다.

셋째, 계층 1과 계층 2의 상호작용과 계층 2의 진화는 내공생진화(endosymbiotic evolution) 과정을 모방하고 있다.

넷째, 계층 1과 2의 각 모집단은  $(\mu + \lambda)$ -ES에서 사용되는 선택 전략을 사용한다.

다섯째, 각 모집단에서 개체 적응도는 파트너 선택 전략에 의해 계산된 목적함수 벡터에 대해 비지배 순위(rank)와 밀집거리를 고려하여 평가된다.



[그림 1] TMSEA의 구조

### 2.2 TMSEA의 절차

TMSEA의 절차는 다음과 같다. 먼저 사용되는 기호를 정의한다.

- $P_i[h, q]$ : 세대  $i$ 에서 계층  $h(=1, 2)$ 의  $q$ 번째 부모 모집단
- $Q_i[h, q]$ : 세대  $i$ 에서 계층  $h(=1, 2)$ 의  $q$ 번째 자손 모집단
- TNS: 임시 비지배해 보관소

단계 1. (초기화)

단계 1.1:  $t = 0$ ,  $TNS = \phi$ 로 둔다.

단계 1.2: 각 부분문제를 위한 부분 모집단  $P_i[1, q]$  ( $q = 1, 2, \dots, l$ )와 상위 모집단  $P_i[2, 1]$ 를 임의로 생성한다.

단계 1.3: 계층 1의 각 부분 모집단 ( $P_i[1, q]$ ,  $q = 1, 2, \dots, l$ )에 대해, 상대 모집단 ( $P_i[1, s]$ ,  $s = 1, 2, \dots, l$ ,  $s \neq q$ )에서 임의로 선택한 개체와 짝지어 목적

적합수 벡터를 계산한다.

단계 1.4: 각 부분 모집단 ( $P_i[1, q]$ ,  $q = 1, 2, \dots, l$ )에 있는 개체의 적응도를 구해진 목적함수 벡터를 이용하여 평가한다.

단계 1.5: 모집단  $P_i[2, 1]$ 에 있는 개체의 적응도를 평가한다. 그리고  $t = 1$ 로 둔다.

단계 2. (계층 1의 진화)  $q = 1, 2, \dots, l$ 에 대해

단계 2.1:  $P_i[1, q]$ 로 부터 이진토너먼트 선택과 유전연산을 통해 자손 모집단  $Q_i[1, q]$ 를 만든다.

단계 2.2:  $Q_i[1, q]$ 에 있는 각 개체는 모집단  $P_i[1, s]$  ( $s = 1, 2, \dots, l$ ,  $s \neq q$ )에서 비지배 순위가 1인 개체를 임의로 선택, 짝을 지어 목적함수 벡터를 계산한다.

단계 2.3:  $Q_i[1, q]$ 의 비지배해 개체결합을 TNS에 복사한다.

단계 2.4:  $P_i[1, q] \cup Q_i[1, q]$ 에서 적응도를 평가하고 적응도가 높은 순으로 개체를 선택하여 다음세대 모집단  $P_{i+1}[1, q]$ 를 구성한다.

단계 3. (계층 2의 진화)

단계 3.1:  $P_i[2, 1]$ 로 부터 이진토너먼트 선택과 유전연산을 통해 자손을 생산하여  $Q_i[2, 1]$ 를 만든다.

단계 3.2: 합집합  $P_i[2, 1] \cup Q_i[2, 1] \cup TNS$ 의 임시 모집단을 만들고, 임시모집단의 개체 적응도를 계산한다.

단계 3.3: 임시모집단에서 적응도가 높은 순으로 개체를 선택하여 다음 세대 모집단  $P_{i+1}[2, 1]$ 을 구성한다.

단계 4. (종료조건)

종료조건을 만족하면 끝낸다. 이때  $P_i[2, 1]$ 에 있는 비지배해가 구하는 해가 된다. 그렇지 않으면  $t \leftarrow t + 1$ ,  $TNS = \phi$ 로 두고 단계 2로 간다.

본 연구에서 개체  $i$ 의 적응도는 다음의 평가함수  $eval_i$ 에 의해 계산되고, 평가함수 값이 낮을수록 높은 적응도를 갖는다.

$$eval_i = r(i) + \frac{1}{1 + d(i)}$$

여기서  $r(i)$ 는 개체  $i$ 의 비지배 순위(rank),  $d(i)$ 는 개체  $i$ 와 동일한 비지배 순위에 있는 다른 개체들과의 밀집거리를 각각 나타낸다.

## 3. 실험과 분석

제안한 알고리즘 성능 평가를 위해 실험문제로 <표 1>과 같이 Zitzler et al.[5]가 제시한 2개 목적을 갖는 문제와 Deb et al.[3]의 3개 목적을 갖는 문제를

<표 1> 실험 문제

Problem	Function
	Min. $f_1(x_1) = x_1$
T1	Min. $f_2(x) = g * (1 - \sqrt{f_1/g})$ where $g = 1 + 9 \cdot (\sum_{j=2}^{30} x_j) / (30 - 1), x_j \in [0, 1] \forall j$
	Min. $f_1(x_1) = x_1$
T2	Min. $f_2(x) = g * (1 - (f_1/g)^2)$ where $g = 1 + 9 \cdot (\sum_{j=2}^{30} x_j) / (30 - 1), x_j \in [0, 1] \forall j$
	Min. $f_1(x_1) = x_1$
T3	Min. $f_2(x) = g * (1 - \sqrt{f_1/g} - (f_1/g) \sin(10\pi \cdot f_1))$ where $g = 1 + 9 \cdot (\sum_{j=2}^{30} x_j) / (30 - 1), x_j \in [0, 1] \forall j$
	Min. $f_1(x_1) = x_1$
	Min. $f_2(x) = g * (1 - \sqrt{f_1/g})$
T4	where $g = 1 + 10 \cdot (10 - 1) + \sum_{j=2}^{10} (x_j^2 - 10 \cos(4\pi \cdot x_j))$ $x_1 \in [0, 1], x_2, \dots, x_{10} \in [-5, 5]$
	Min. $f_1(x) = 0.5 \cdot x_1 x_2 (1 + g(x_M))$
	Min. $f_2(x) = 0.5 \cdot x_1 (1 - x_2) (1 + g(x_M))$
	Min. $f_3(x) = 0.5 \cdot (1 - x_1) (1 + g(x_M))$
DTLZ1	where $g(x_M) = 100[ x_M  + \sum_{x_j \in x_M} \{(x_j - 0.5)^2 - \cos(20\pi(x_j - 0.5))\}]$ $x_M = \{x_3, \dots, x_7\}, x_j \in [0, 1] \forall j,  x_M $ 은 원소 수
	Min. $f_1(x) = (1 + g(x_M)) \cdot \cos(x_1\pi/2) \cdot \cos(x_2\pi/2)$
	Min. $f_2(x) = (1 + g(x_M)) \cdot \cos(x_1\pi/2) \cdot \sin(x_2\pi/2)$
DTLZ2	Min. $f_3(x) = (1 + g(x_M)) \cdot \sin(x_1\pi/2)$ where $g(x_M) = \sum_{x_j \in x_M} (x_j - 0.5)^2$ $x_M = \{x_3, \dots, x_{12}\}, x_j \in [0, 1] \forall j$
	Min. $f_1(x) = (1 + g(x_M)) \cdot \cos(x_1\pi/2) \cdot \cos(x_2\pi/2)$
	Min. $f_2(x) = (1 + g(x_M)) \cdot \cos(x_1\pi/2) \cdot \sin(x_2\pi/2)$
	Min. $f_3(x) = (1 + g(x_M)) \cdot \sin(x_1\pi/2)$
DTLZ3	where $g(x_M) = 100[ x_M  + \sum_{x_j \in x_M} \{(x_j - 0.5)^2 - \cos(20\pi(x_j - 0.5))\}]$ $x_M = \{x_3, \dots, x_{12}\}, x_j \in [0, 1] \forall j,  x_M $ 은 원소 수

사용하였다.

이 문제들은 파레토 최적해가 알려져 있으며, 문제마다 각각의 특성을 갖는다. 모집단 크기는

TMSEA의 경우 계층 2는 100, 계층 1의 부분모집단 크기는 50개로 하였으며, 비교 알고리즘인 NSGA-II와 SPEA2의 모집단은 100개로 설정하였다. 유전연산과 관계된 파라미터는 교차율 0.5, 돌연변이율 0.01로 모두 동일하게 사용하였다. 종료조건은 5,000개의 재생산 개체 수로 두었다. <표 1>은 실험에 사용된 문제이다.

각 문제의 파레토 최적해는 T1, T2, T3, T4의 경우  $g=1$ 에서, 그리고 DTLZ1, DTLZ2, DTLZ3는  $x_i^* = 0.5, x_j^* \in x_M$ 에서 형성된다.

본 연구에서는 아래와 같은 Zitzler *et al.*[5]가 제시한 평가척도를 사용한다.

$$M_1 = \frac{1}{|U|} \sum_{u \in U} \min\{\|u - y\|; y \in Y_p\}$$

$$M_2 = \frac{1}{|U - 1|} \sum_{u \in U} |\{v \in U; \|u - v\| > \sigma^*\}|$$

$$M_3 = \sqrt{\sum_{k=1}^m \max\{(u_k - v_k)^2; u, v \in U\}}$$

여기서  $U, Y_p$ 는 각각 구한 비지배해와 파레토 최적해 집합을,  $m$ 은 목적의 수를 나타낸다. <표 2>는 실험문제에 대한 TMSEA와 NSGA-II, SPEA2 수행결과를 위에서 제시된 평가척도로써 계량화한 값을 보여준다. 제시된 값은 알고리즘별로 문제당 10회 반복실험 결과의 평균값이다.  $M_2$ 를 위한  $\sigma^*$ 는 0.15로 설정하였다.

<표 2>에서 보듯이 수렴속도를 나타내는  $M_1$ 의 경우 DTLZ2를 제외한 모든 문제에서 제안한 알고리즘이 우수한 성능을 보였다. 이는 타 알고리즘에 비해 TMSEA가 파레토 최적해에 보다 근접한 해를 찾고 있음을 뜻한다. 구한 비지배해의 다양성의 척도인  $M_2$ 와  $M_3$ 의 관점에서 보면, TMSEA는 NSGA II와 SPEA2와 비교할 때, 문제에 따라 다소 차이가 있으나 대체로 더 나쁜 결과를 보이지는 않았다.

[그림 2]은 문제 T1과 DTLZ3에 대해 알고리즘이 수행되는 동안  $M_1$  값의 변화를 보여주고 있다. 그림에서 알 수 있듯이 제안한 알고리즘이 탐색이 진행되는 동안 다른 알고리즘에 비해 빠른 수렴속도를 보임을 알 수 있다.

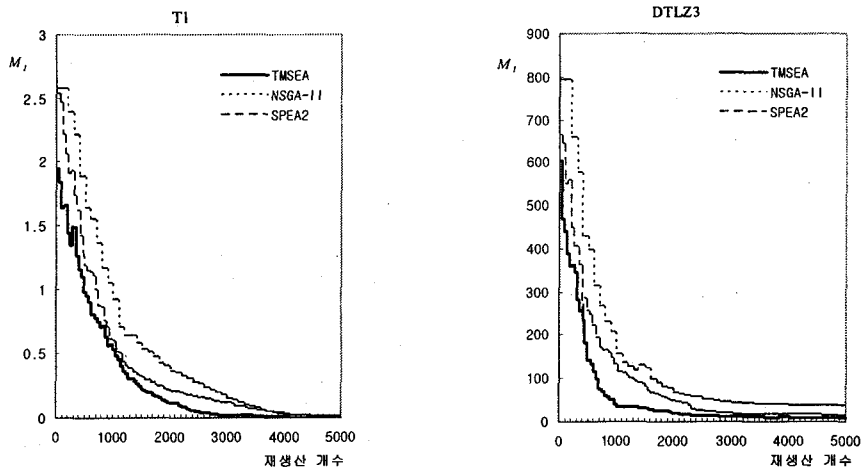
#### 4. 결론

본 연구에서는 MOEA의 성능향상을 위한 방법으로 2계층 구조를 갖는 공생 진화알고리즘인 TMSEA를 제안하였다. 실험 결과, TMSEA는 비교 알고리즘에 비해 해의 수렴성과 다양성 측면에서 우수하고 안정된 성능을 보였다. 특히, TMSEA는 연속변수의 최적화 문제에서는 해의 수렴성이 우수하였다. 여기서는 제시되지 않았지만 조합 최적화문제에서는 해의 다양성이 우수하였다. 이러한 실험결과는 제안한 알고리즘이 복잡도가 높은 다목적 문제해결에 유용한 도구로 사용될 수 있음을 보

여준다.

<표 2> 알고리즘의 성능 비교: 연속변수의 실험문제

문제	$M_1$			$M_2$			$M_3$		
	TMSEA	NSGA-II	SPEA2	TMSEA	NSGA-II	SPEA2	TMSEA	NSGA-II	SPEA2
T1	0.004	0.067	0.032	26.017	13.830	29.676	1.411	1.402	1.385
T2	0.004	0.054	0.043	24.939	12.294	24.447	1.361	0.983	1.161
T3	0.017	0.043	0.019	22.071	11.340	17.163	1.964	2.005	1.950
T4	9.498	10.304	9.849	21.227	9.920	14.331	3.272	3.110	3.181
DTLZ1	0.650	1.550	1.610	40.573	47.155	43.928	1.785	4.917	4.114
DTLZ2	0.817	0.796	0.865	46.991	47.605	46.731	1.763	1.825	1.895
DTLZ3	7.127	14.219	12.465	33.674	28.415	42.949	34.199	26.476	23.289



[그림 2] T1과 DTLZ3의 수렴속도 비교

감사의 글: 이 논문은 2005년도 전남대학교 학술연구비 지원에 의하여 연구되었음.

### 참고문헌

- [1] Deb, K., "Multi-objective Genetic Algorithms: Problem Difficulties and Construction of Test Problems", *Evolutionary Computation*, Vol.7, No.3(1999), pp.205-230.
- [2] Deb, K., S. Agrawal, S., Pratap, A. and Meyarivan, T., "A Fast Elitist Non-Dominated Sorting Genetic Algorithm for Multi-Objective Optimization: NSGA-II", In M.S. et al.(Ed.), *Parallel Problem Solving from Nature - PPSN VI*, Berlin, Springer, pp.849-858, 2000.
- [3] Deb, K, Thiele, L., Laumanns, M. and Zitzler, E., "Scalable Test Problems for Evolutionary Multi-Objective Optimization", TIK-Report No.112, Computer Engineering and Networks Laboratory (TIK), Swiss Federal Institute of Technology (ETH) Zurich, July, 2001.
- [4] Knowles, J.D. and Corne, D.W., "The Pareto archived evolution strategy: A new baseline algorithm for multi-objective optimization". *IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, 1999, pp.98-105.
- [5] Zitzler, E., Deb, K. and Thiele, L., "Comparison of multiobjective evolutionary algorithms: Empirical results", *Evolutionary Computation*, Vol.8, No.2(2000), pp.173-195.
- [6] Zitzler, E. and Thiele, L., "Multiobjective evolutionary algorithms: A comparative case study and the strength Pareto approach". *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol.3, No.4(1999), pp.257-271.
- [7] Zitzler, E., M. Laumanns and Thiele, L., "SPEA2: Improving the Strength Pareto evolutionary Algorithm". Technical Report 103, Computer Engineering and Networks Laboratory (TIK), Swiss Federal Institute of Technology (ETH) Zurich, Gloriastrasse 35, CH-8092 Zurich, Switzerland, May, 2001.