

혼합형 유전해법을 이용한 비대칭 외판원문제의 발견적해법 - A Heuristic Algorithm for Asymmetric Traveling Salesman Problem using Hybrid Genetic Algorithm -

김진규*
Kim, Jin Kyu
윤덕균**
Yun, Deok Kyun

ABSTRACT

This paper suggests a hybrid genetic algorithm for asymmetric traveling salesman problem(TSP). The TSP was proved to be NP-complete, so it is difficult to find optimal solution in reasonable time. Therefore it is important to develop an algorithm satisfying robustness. The algorithm applies dynamic programming to find initial solution. The genetic operator is uniform order crossover and scramble sublist mutation. And experiment of parameterization has been performed.

1. 서론

외판원 문제(traveling salesman problem)는 고전적인 최적화문제로서 외판원이 자신의 고객이 있는 N 개의 모든 도시를 오직 한 번씩만(once and only once) 방문하면서 비용 또는 거리를 최소화하는 문제이다. 이러한 외판원 문제는 최소비용의 Hamilton순환로를 찾는 문제로 변환될 수 있으며, 제약조건을 이완시키거나 변형시킴으로서 다양한 형태의 문제로 바꿀 수 있다. 외판원 문제의 이러한 성격으로 인해 수리계획법의 주된 관심대상으로서 많은 연구가 이루어져 왔다.

외판원 문제와 더불어 이와 밀접한 관계가 있는 변형된 문제의 해법이 다양한 분야에서 실제적으로 응용되고 있다. 그러나 이러한 폭넓은 응용성에도 불구하고 외판원 문제는 NP-complete 문제의 전형적인 예로서 최적해를 구하는 다항식 알고리즘이 존재하지 않는다는 것이 알려져 있다.

폭넓은 응용분야에서 외판원 문제가 실제적인 효과를 거두기 위해서는 해법의 유연성과 효율성을 동시에 갖추어야 한다. 유연한 해법은 문제가 다루고 있는 최적화의 목표가 변화해도 해법절차를 부분적으로 수정함으로써 쉽게 그 문제에 적용할 수 있다. 또한 효율적인 해법은 문제해결을 위한 계산량이 적으면서도 최적해에 근접한다. 그러나 해법의 유연성과 효율성은 상충적인 성질을 갖고 있으므로 이들의 절충이 필요하다.

본 연구는 이러한 외판원 문제 중에서 실제 응용분야에 나타나는 여러 가지 제약조건을 고려할 수 있는 비대칭 외판원 문제(asymmetric travelling salesman problem)에 대한 효율적인 해법을 제시한다. 비대칭 외판원 문제란 비용행렬의 원소 c_{ij} 를 i 지점에서 j 지점으로 가는 비용이라고 하면, c_{ij} 와 c_{ji} 가 같을 필요가 없는 경우를 말한다. 이러한 비대칭 외판원 문제 중에서 삼각부등식 $c_{ik} + c_{kj} \geq c_{ij}$ 를 만족하는 경우를 연구의 대상으로 한다. 효율적인 해법은 최근 새로운 탐색방법의 하나로 대두되고 있는 유전해법을 설계하여 구현한다. 그리고 제시된 해법의 탐색성능을 분석하고 개선하기 위한 실험을 수행한다.

2. 유전해법의 개념

유전해법은 1970년대 초반 John Holland로부터 발전되어온 적응탐색(adaptive search) 방법론에 속하는 일반화된 발견적 해법이다. 유전해법은 자연계의 진화과정을 지배하는 적자생존의 원리 및 유전정

* 한양대학교 대학원 산업공학과

** 한양대학교 산업공학과

보의 교환에 의한 세대교체의 원리를 문제해결을 위한 해법절차로서 모사하려는 것이다. 유전해법에서는 단일해가 아닌 해집단을 다루며, 해집단의 반복적인 세대교체 과정을 통해 적응적으로 진화하여 최적해를 탐색한다.

유전해법에서는 주어진 문제에 대한 해를 이진암호로 표현하는데, 이렇게 표현된 이진 문자열을 염색체(chromosome)라고 부른다. 이들 염색체는 고유의 특성치를 가지게 되며, 해집단을 구성하게 된다. 이렇게 구성된 해집단에서 최적화를 위한 목표 함수의 값을 해석하여 적자생존을 구현하기 위한 염색체의 우수성을 평가하고, 유전정보의 교환을 모사하기 위해 부모해가 가진 유전적 암호를 재조합하여 자손해를 생성한다.

적자생존의 원리는 주어진 문제의 최적화 목표에 잘 부합하는 우수한 해에 대하여 유전암호의 재조합 과정에 참여할 수 있는 기회를 더 많이 부여함으로써 우수한 해의 특징적인 형질이 다음 세대의 주도적 형질로 발현되도록 하는 것이다.

유전정보의 교환은 유전해법이 현재의 해집단으로부터 다음 세대의 해집단을 창조해 가는 과정을 조절한다. 해집단의 각 개체는 고유한 특성을 지니고 있으며, 이러한 특성이 주어진 최적화 목표에 대한 각 개체의 적합도를 결정한다. 다음 세대를 창조하기 위한 부모해의 선택과정에서는 부모해가 지닌 고유한 특성이 자손에게 전달될 수 있도록 한다. 부모의 복합적인 특성을 물려받은 자손해는 열등한 부모해를 대체하면서 다음 해집단을 재구성한다.

해집단의 평가는 특정세대에서 각 염색체가 발현하고 있는 특성을 해석하여 원래 문제에 대한 최적화 함수의 값을 평가하고, 이를 적합도(fitness) 함수로 변환한다. 적합도 함수는 비음의 증가형 함수로서 우수한 해의 적합도가 열등한 해의 적합도보다 작지 않아야 한다.

해의 복제(reproduction) 및 재조합 과정은 유전해법의 탐색 특성을 결정하는 중요한 요소이다. 전통적으로 유전해법에서는 해의 재조합을 위해서 상호교차(crossover) 및 돌연변이(mutation)라는 유전 연산자를 활용하고 있다.

복제는 부모해의 특정한 유전형질이 자손에게 복사되어 전달되는 과정이다. 일반적으로 복제 연산에 참여할 특정 부모해의 선발 가능성은 적합도에 확률적으로 비례하도록 조절함으로써 우수한 해의 유전형질이 다음 세대의 주도적인 유전형질로 발현되도록 한다. 이는 해공간에 대한 탐색과정에서 우수한 해가 발견된 특정 영역에 대하여 그 영역의 상대적 우수성에 비례한 탐색을 시도하는 것을 의미한다. 상호교차 및 돌연변이는 해 공간의 탐색과정에서 현재까지 탐색되지 않은 새로운 영역을 탐색하도록 한다. 즉, 부모해의 유전적 형질을 재조합하여 부분적으로 부모의 유전형질을 물려받았지만 부모와는 다른 유전형질을 가진 자손해를 생성하는 과정이다. 상호교차는 두 부모해의 암호를 임의의 위치에서 부분적으로 상호 교환하여 재조합함으로써 새로운 자손해를 생성하도록 하는 연산이다. 돌연변이는 부모해로부터 자손해에게로 전달되는 특정한 유전형질에 대하여 무작위적으로 변형을 시도함으로써 전체 해집단에 포함되지 않은 새로운 유전형질, 혹은 진화과정에서 상실된 특정 유전형질의 부분적인 재현을 시도하는 연산이다.

전술한 과정에 의한 세대 교체는 종료조건에 도달할 때까지 반복한다. 종료조건은 일반적으로 정해진 세대 교체 횟수의 상한에 도달할 때까지나 일정 기간동안 유의한 해의 개선이 이루어지지 않을 때까지로 설정한다.

세대교체의 과정은 구조적이면서도 우연적이다. 유전해법은 적자생존의 원리 및 유전자 교환의 원리를 확률적으로 구현한다. 부모 역할을 수행할 해는 각 개체 해의 적합도에 비례하여 확률적으로 선발하고 유전자의 재조합에서는 돌연변이에 의해 유전인자를 무작위적으로 변형시키기도 한다. 이러한 의도적인 우연성의 활용은 탐색절차가 국지적인 최적해에 수렴하는 현상을 방지하기 위한 것이다.

해법의 절차가 반복적으로 수행될 때마다 우수한 유전형질은 다음 세대로 이어지고 열등한 유전형질은 도태된다. 한 세대를 구성하는 유전자의 개체수가 제한적일지라도 집단은 진화를 거듭하면서 우수한 상태로 빠르게 적응해 나간다. 이러한 집단적인 진화의 과정은 주어진 문제의 목적함수에 대한 최적화 상태로 수렴하는 것을 의미한다.

유전해법은 최적화를 위한 전통적인 탐색기법과는 다르다. 전통적인 탐색기법은 단일한 해를 평가하고 개선해 나가는 방식이지만, 유전해법은 해집단을 동시에 진화시켜 나가는 방식이다. 또한 가능해 공간의 여러점으로부터 얻어진 정보를 종합적으로 활용함으로써 국지적인 최적 상태로 수렴하는 문제점을 효과적으로 억제한다. 유전해법의 이러한 두가지 특징적인 장점들로 인해 NP-complete부류의 문제에 성공적으로 응용되고 있다[6, 8].

3. 혼합형 유전해법의 개발

3.1 혼합형 유전해법의 구성

특정한 응용문제를 해결하기 위한 유전해법의 개발은 각종 요소기법을 설계하고, 이를 결합하여 해법 절차로 종합화하는 과정으로 요약된다. 유전해법에 적용되는 설계요소로는 해의 표현을 위한 해의 암호체계, 초기의 해집단을 생성하는 기법, 해의 최적도 및 가능해 여부에 대한 평가체계, 유전자 재조합을 위한 부모해의 선발체계, 유전자 재조합을 위한 재조합 연산자, 세대교체의 진행방법 및 종료조건이다[3, 6]. 각 요소기법 별로 본 연구에서 제안하는 기법과 일반적으로 사용되는 기법을 정리하면 표 3.1과 같다.

(1) 해의 암호화

유전해법을 위한 해의 암호화는 표현된 암호를 통해 해의 최적성 및 가능해 여부를 충분히 평가할 수 있도록 해야 함과 동시에 유전해법에서 처리하기에 효율적이도록 가능한한 간결해야 한다. 유전해법에서는 통상적으로 이진 문자열을 사용한다. 반면에 혼합형 유전해법에서는 이진 문자열이나 선형 문자열을 사용한다. 이진 문자열은 다루기가 쉽고, 다양한 문제에 대해서 수정없이 적용할 수 있다는 장점을 가지고 있으며, 선형 문자열은 이해하기가 쉽다는 장점을 지니고 있다. 어떤 것을 사용할 것인가에 대한 논란이 연구자들 사이에서 있어왔으나, 선형 문자열을 사용하는 것이 보다 일반적이다[6].

본 연구에서는 외판원 문제의 경로에 대한 해를 표현하기 위해 선형문자열을 사용한다. 이것은 방문해야 될 노드를 순차적으로 연결한 것이다.

(2) 초기해 집단의 생성

유전해법에서는 일반적으로 암호화된 초기해 집단을 무작위적으로 구성한다. 이러한 무작위적인 생성에 의해 해공간의 전체 영역에 대해 고르게 샘플링하는 효과를 기대할 수 있다.

본 연구에서는 무작위적인 생성방법과 함께 제한적인 범위 내에서 발견적 기법에 의한 초기해 생성을 시도한다. 발견적 기법에 의한 초기해의 생성은 동적계획법을 이용한다[2]. 이는 유전해법의 수렴특성을 개선하기 위한 시도로서 구체적으로는 수렴속도와 최종해의 최적성을 동시에 향상시키고자 하는 것이다. 초기해 집단의 크기는 $L = L_r + L_b$ 로서 L_r 는 무작위적인 생성방법에 의해 만들어진 초기해 집단의 크기이고, L_b 는 발견적 초기해의 혼입비율 p_b 에 의해 생성된 초기해 집단의 크기이다.

(3) 해의 평가

선형 문자열로 암호화된 해는 적절한 해석과정을 거쳐 그 우수성을 평가한다. 해의 해석을 통해 개체 해의 최적성과 가능성을 검사하고, 적합도를 평가하기 위한 적절한 적합도 함수를 설계해야 한다.

표 3.1 유전해법의 기법 비교

설계요소	일반적인 기법	본연구의 기법
해의 암호화	선형 이진 문자열	선형 문자열
초기해 생성	무작위	무작위 및 발견적 기법
해의 평가	목적함수 변환형 적합도	순위형 적합도
부모선발	상대적 적합도	상대적 적합도
	추계적 복원 샘플링	추계적 복원 샘플링 (roulette wheel selection)
재조합연산	상호교차 및 돌연변이	상호교차 및 돌연변이
교체	Elitism, Delete last	Elitism
종료조건	세대교체 횟수의 상한	세대교체 횟수의 상한
	유의한 개선이 없을 때	유의한 개선이 없을 때

일반적인 유전해법에서는 해의 적합도를 평가하기 위하여, 비용함수를 평가한 후 이를 비음의 증가형 적합도 함수로 변환하기 위해 -1을 곱하거나 매우 큰 수치를 더해주는 방법을 사용하고 있다. 그러나 이렇게 하는 경우 각 개체 해간의 상대적인 우위를 과대 혹은 과소평가할 위험이 존재한다. 유전해법의 초기단계에서 해집단 개체 간의 적합도 차이는 일반적으로 매우 크며, 이 경우 부분적으로 우수한 유전인자를 보유하였으나 해 전체로서는 열등한 해로 평가되어 쉽게 도태되어 버리는 경향이 있다. 또한 유전해법의 말기 단계에서는 해집단 전체 구성원의 적합도가 균질화되는 경향이 있으며, 이에 따라 유전인자 간에 우수성의 차이가 없는 것처럼 평가되는 현상이 발생한다. 이러한 문제를 해결하는 일반적인 방법은 적합도의 척도를 조절하는 방법과 순위에 근거한 새로운 적합도 함수를 만드는 것이다.

본 연구에서는 외판원 문제의 목적함수 $z = \sum_{(i,j)} C_{ij}x_{ij}$ 에 대하여 각 개체의 순위 $r(p)$ 를 결정한 후 식

(3.1)과 같이 정의하는 순위에 근거한 적합도 함수 $f(p)$ 를 평가한다.

$$f(p) = \frac{r(p)-1}{L-1} \quad p = 1, 2, \dots, L \quad \dots \dots \dots (3.1)$$

위에서 구해진 순위에 근거한 적합도를 이용하여 해집단을 구성하는 개체들 간의 상대적 적합도 함수 $f_r(p)$ 를 식(3.2)와 같이 정의한다. 이 상대적 적합도 함수에 따라 유전자 재조합 과정에 참여할 부모해를 선발하게 된다.

$$f_r(p) = \frac{f(p)}{\sum_p f(p)} \quad p = 1, 2, \dots, L \quad \dots \dots \dots (3.2)$$

(4) 부모선발

유전해법은 현 단계의 해집단으로부터 다음 단계의 해집단을 구성하기 위하여 현 단계의 해집단에서 상대적 적합도 $f_r(p)$ 에 따라 유전자 재조합과정에 참여할 부모해를 확률적으로 선발한다. 이러한 부모해의 선발은 해의 우수성에 확률적으로 비례하는 샘플링의 시도를 의미한다.

유전해법에서 부모해를 선발하는 샘플링 기법은 여러가지 방식이 알려져 있고, 그 중 여섯가지 정도의 샘플링 기법이 비교되었다. 그러나 많은 유전해법에서 사용되는 대표적인 기법으로는 비교적 단순한 형태의 추계적 복원 샘플링과 추계적 비복원 잔여 샘플링이 있다.

본 연구에서는 단순하지만 실제적인 응용에서 매우 쉽게 사용할 수 있는 추계적 복원 샘플링 중의 하나인 roulette-wheel parent selection을 사용한다[6, 8]. 이 기법은 0에서 해집단 내에 있는 모든 개체들의 적합도를 합한 총합까지 랜덤하게 숫자를 발생시킨 후, 맨 처음의 개체에서부터 각각의 적합도를 더해가면서 랜덤하게 발생된 숫자와 비교하여 그 숫자보다 크거나 같은 개체를 부모해로 선택하는 것이다. 부모해로 선발된 해는 모든 유전정보를 복제하여 자손해를 구성한다. 그리고 복제된 다음 세대는 재조합 연산과정을 통해 부모의 유전정보와는 상이하게 변형된 개체로서 다음세대를 구성하게 된다.

(5) 재조합연산

세대교체를 위해 확률적 샘플링에 의해 선발된 부모해는 다음 세대를 준비하기 위해 복제 및 유전자 재조합 과정을 통해 자손해를 구성한다. 일반적으로 유전정보를 재조합하기 위한 기법으로는 상호교차(crossover) 및 돌연변이(mutation) 연산자를 사용하고 있다[6, 8]. 신[3]의 연구에서는 더욱 과감한 돌연변이를 위해 역전(inversion) 연산자를 사용하고 있다.

본 연구에서는 상호교차의 방법으로 uniform order cossrossover를 사용한다. 그리고 상호교차 연산자의 적용비율은 p_c 이다. Uniform order cossrossover에 대한 설명은 그림 3.2에 있다.

또한 돌연변이는 Scramble sublist mutation을 사용한다. 이 연산자는 부모 염색체의 일부분을 선택하여 랜덤하게 재조합을 수행한 후 나머지 부분과 함께 자손해에 복제하는 기법이다. 이러한 돌연변이 연산자의 적용비율은 p_m 이다.

본 항에서 제시한 유전연산자의 비율은 유전해법의 탐색 및 수렴 성능을 제어하는 중요한 매개변수로서 5장의 실험을 통하여 수렴성능이 가장 좋아지도록 그 값을 설정한다.

부모해 1과 부모해 2가 주어졌을 때, 아래와 같은 방법으로 자손해를 생성한다.

- 단계 1. 부모해의 문자열 길이와 같은 이진문자열을 생성한다.
- 단계 2. 생성된 이진문자열의 "1"과 같은 위치에 있는 부모해 1의 문자를 자손해의 동일 위치에 복사한다. "0"과 대응하는 위치에 있는 문자열은 공백으로 남겨둔다.
- 단계 3. 이진문자열의 "0"에 대응하는 부모해 1의 각 문자열에 대한 리스트를 작성한다.
- 단계 4. 이들 문자열을 부모해 2의 순서와 동일하게 배열한다.
- 단계 5. 부모해 2의 문자열을 공백에 순서대로 배열한다.
이때 이들 문자열이 중복되지 않도록 한다.

자손해 2를 생성하기 위해서는 전술한 단계를 반복한다.

그림 3.2 Uniform order crossover 기법

(6) 세대교체 및 종료조건

세대교체를 수행하기 위해서는 부모세대와 자식 세대를 전체적으로 교체하는 방법과 부모세대의 일부분을 다음 세대에도 존속시키는 방법 등이 있다. 전면적 세대교체의 경우 부모세대의 우수한 해가 다음 세대의 열등한 해에 의해 도태되는 불합리한 현상이 발생한다. 본 연구에서는 현행 세대에서 가장 우수한 해가 다음 세대에도 항상 존속되도록 보장하는 Elitism 기법을 사용한다.

유전해법의 종료조건은 일반적으로 세대교체의 최대횟수에 도달할 때까지 반복하도록 설정하거나, 일정기간 동안 유의한 개선이 없을 때까지 반복하도록 설정하고 있다. 본 연구에서는 이들 두가지 형태의 종료조건을 동시에 검토하여, 두 조건 중 하나라도 만족되는 순간에 해법절차를 종료하도록 한다.

3.2 혼합형 유전해법의 절차

전술한 내용의 요소기법을 종합하여 유전해법의 절차를 정리하면 다음과 같다.

해법절차에서 $P(t)$ 는 시점 t 에서 구성되는 해집단이고, $S^*(t)$ 는 시점 t 까지 출현한 가장 우수한 해이며, $BS(t)$ 및 $WS(t)$ 는 각각의 시점 t 에서 관찰된 가장 우수한 해와 가장 열등한 해를 의미한다.

단계 0. [초기화]

$t=0$ 으로 설정한다. L 개의 초기해 집단 $P(t)$ 를 구성한다. 초기해 집단의 생성을 위하여 발견적 기법에 의해 L_h 개의 초기해를 생성하고, 무작위 생성기법에 의해 L_r 개의 초기해를 생성한다. 초기해 혼입비율은 p_h 이고, $L_h + L_r = L$ 이다.

단계 1. [세대교체의 반복]

$P(t)$ 를 구성하는 모든 해에 대해서 종료조건에 도달할 때까지 다음의 단계를 반복적으로 수행한다.

1.1 [해의 적합도 평가 및 최우수해 갱신]

외판원 문제의 목적식 $z = \sum_{(i,j)} c_{ij}x_{ij}$ 을 평가하여 순위 $r(f)$ 를 평가한다.

식(3.1)과 같은 적합도 함수 $f(f)$ 를 평가한다.

식(3.2)를 이용하여 상대적 적합도 함수 $f_r(p)$ 를 평가한다.

$BS(t)$ 가 $S^*(t)$ 보다 열등하다면 $WS(t)$ 를 $S^*(t)$ 로 대체한다.

1.2 [복제 및 유전자 재조합]

새로운 자손 세대를 구성하기 위해 다음 단계를 반복적으로 수행한다.

1.2.1 [부모해의 선발]

식(3.2)의 상대적 적합도와 추계적 복원 샘플링 기법에 의해 한쌍의 부모해를 선발한다.

1.2.2 [복제]

선발된 한쌍의 부모해를 자손해로 복제한다.

1.2.3 [상호교차]

복제된 한쌍의 자손해에 적용비율 p_c 로 유전자 재조합을 시도한다.

1.2.4 [돌연변이]

복제와 상호교차를 위하여 유전정보를 자손에게 전달하는 과정에서 모든 단위 유전정보에 적용비율 p_m 으로 돌연변이에 의한 유전자 조작을 수행한다.

1.3 [세대교체 및 종료조건 검사]

$t = t + 1$ 로 설정한다. 새로운 세대로 $P(t)$ 를 교체한다.

t 가 최대횟수 T 에 도달하면 종료한다. 그렇지 않으면 단계 1을 반복한다.

4. 혼합형 유전해법의 수행 및 평가

4.1 혼합형 유전해법의 매개변수 최적화

실험을 위하여 기준문제는 C++ 언어의 `random()` 함수를 사용하여 비대칭 행렬을 만들었다. 또한 매개변수 최적화를 위한 각종 매개변수는 해집단의 규모, 최대 세대교체 횟수, 상호교차 연산자의 적용비율, 돌연변이 연산자의 적용비율 등이 있다. 본 연구에서는 해집단의 규모 $L=100$ 으로 설정하였고, 최대 세대교체 횟수의 상한은 예비실험을 통해 유의한 개선이 관찰되지 않는 세대교체 횟수의 값을 설정하여 사용한다. 본 연구에서 특별히 언급하지 않는 경우 세대교체 횟수의 상한은 1000으로 한다.

유전해법의 절차를 수정한 경우에는 선행연구에 의한 매개변수 설정치를 그대로 사용할 수 없으므로 매개변수의 최적화를 위한 실험이 필요하다. 따라서 본 논문에서 제안한 혼합형 유전해법의 매개변수 최적화를 위한 실험 수준 및 각 매개변수의 모든 수준 조합을 나열하면 표 4.1과 같다. 실험은 5개의 기준문제에 대해 각기 5회씩 반복하여 시행한다. 실험에 대한 결과는 표 4.2에 정리되어 있다.

실험에서 나타나는 결과로 발견적 초기해의 혼입비율이 본 연구에서 제안하는 혼합형 유전해법의 수행도에 큰 영향을 미치는 것을 알 수 있다. 즉, DP를 이용한 발견적 초기해의 비율이 높아질수록 최적해로 수렴하는 현상을 보인다. 그러나 발견적 초기해의 비율을 높인다는 것은 해법의 효율이라는 측면에서 손실을 가져오게 되므로 적절한 유전 연산자의 적용비율을 설정한 이후 최적해와의 오차정도가 적은 발견적 초기해 혼입비율을 설정하는 것이 중요하다. 우수한 결과를 보인 매개변수의 수준은 상호교차 적용비율과 돌연변이 적용비율을 각각 0.8과 0.2로 설정했을 때임을 알 수 있다.

4.2 최적 매개변수의 성능평가

4.2절에서는 혼합형 유전해법의 매개변수 최적수준을 이용하여 기존 연구의 결과 중 우수하다고 알려진 3-opt 알고리즘과 수행결과를 비교한다. 이에대한 비교는 표 4.3에 나타나 있다.

표 4.3의 결과는 본 연구에서 제안한 해법 HGATSP의 최적 매개변수 수준을 결정한 후 이전의 기준문제에 적용하여 100회의 실험을 통해 얻은 결과이며, 3-opt 알고리즘의 수행결과는 역시 동일한 기준문제를 100회의 실험을 통해 얻은 것이다. 각각의 알고리즘에 대한 우수해의 평균치는 큰 오차가 없으며, 얻어진 최우수해 또한 큰 차이가 없다.

5. 결론

본 연구는 외판원 문제 중에서 실제 응용분야에 나타나는 여러가지 제약조건을 고려할 수 있는 삼각 부등식을 만족하는 비대칭 외판원 문제(asymmetric travelling salesman problem)에 대한 효율적인 해법을 제시하였다. 제시된 알고리즘은 다양한 매개변수를 적용하여 보다 효과적으로 해를 구할 수 있도록 하였다.

제안된 해법의 탐색성능을 높이기 위해 실험계획법에 의한 매개변수 최적화 작업을 수행하였다. 기준문제에 대한 각 수준의 실험결과 발견적 초기해의 혼입비율 $p_h=0.02$, 상호교차 적용비율 $p_c=0.8$, 돌연변이 적용비율 $p_m=0.2$ 로 설정한 경우의 탐색성능이 가장 우수하였다.

이렇게 설정한 매개변수 수준에서 본 해법을 다양한 외판원 문제에 적용하여 그 성능을 비교하고 평가함으로써 보다 향상된 해로의 접근방법을 모색하였고, 제안된 알고리즘의 성능을 평가하기 위해 비교적 우수한 알고리즘으로 알려져 있는 3-opt 알고리즘과의 비교를 병행하였다.

표 4.1 매개변수 최적화를 위한 실험수준의 설정

수준번호	p_h	p_c	p_m
1	0.00	0.9	0.1
2	0.00	0.8	0.2
3	0.00	0.7	0.3
4	0.00	0.6	0.4
5	0.00	0.5	0.5
6	0.02	0.9	0.1
7	0.02	0.8	0.2
8	0.02	0.7	0.3
9	0.02	0.6	0.4
10	0.02	0.5	0.5
11	0.04	0.9	0.1
12	0.04	0.8	0.2
13	0.04	0.7	0.3
14	0.04	0.6	0.4
15	0.04	0.5	0.5

표 4.2 매개변수 최적화를 위한 실험결과

수준	10	20	30	40	50
1	161.0	451.2	725.4	874.8	1271.4
2	161.0	436.2	652.0	801.2	1129.0
3	161.0	445.8	652.4	811.8	1143.6
4	161.0	442.8	672.0	854.6	1149.0
5	161.0	451.0	667.4	911.8	1254.6
6	161.0	440.0	803.6	868.0	1457.2
7	161.0	428.2	602.4	801.0	1004.6
8	161.0	432.2	622.0	801.0	1333.6
9	161.0	432.4	722.2	907.6	1304.6
10	161.0	446.0	685.2	901.4	1288.0
11	161.0	440.2	726.4	973.0	1483.0
12	161.0	428.0	600.2	799.2	1003.4
13	161.0	430.0	618.4	800.0	1067.8
14	161.0	432.4	618.4	868.0	1224.0
15	161.0	448.2	622.8	866.0	1100.0

표 4.3 3-OPT 알고리즘과의 비교

	3-OPT		HGATSP	
	평균치	최우수해	평균치	최우수해
10	163.2	161	161.0	161
20	430.5	428	428.2	428
30	614.4	600	602.4	602
40	821.7	797	801.2	801
50	1026.1	998	1012.6	1003

3-opt 알고리즘과의 비교에서도 알 수 있듯이 기존의 연구에 비해 결코 뒤지지 않는 우수한 해를 효과적으로 구할 수 있다. 특히 DP를 이용한 발견적 초기해의 혼입과 scramble sublist mutation 연산자의 이용은 랜덤하게 구성된 초기 해집단이 가질 수 있는 국지적 해로의 수렴을 방지하는 효과를 지님은 물론 효과적으로 최적해를 찾을 수 있도록 함으로서 본 연구에서 제안하는 유전해법의 수행도를 향상시키고 있음을 볼 수 있다.

앞으로 국지적인 해로의 수렴을 방지할 수 있는 더욱 효과적인 초기 해집단의 생성방법에 대한 연구가 요구된다. 특히 돌연변이 연산자로 사용된 scramble sublist mutation의 연산규칙에 대한 연구와 각각의 연산규칙에 대한 실험이 요구된다.

참 고 문 헌

1. 강맹규, *네트워크와 알고리즘*, 박영사, 1991.
2. 서병규, *동적계획법(Dynamic Programming: DP)을 이용한 외판원 문제에 대한 발견적 해법*, 한양대학교 석사학위논문, 1993.
3. 신해웅, *혼합형 유전해법을 이용한 배송차량의 경로 결정*, 한양대학교 대학원 박사학위 논문, 1994.
4. Bellmore, M and G. L. Nemhauser, "The Traveling Salesman Problem: A Survey," *Opns. Res.*, Vol. 16, 538-558, 1968.
5. Bonomi, E. and Lutton, J. L., "The N-city Traveling Salesman Problem: Statistical Mechanics and the Metropolis Algorithm," *SIAM Review*, Vol. 26(4), 551-569, 1984.
6. Davis, L., *Handbook of Genetic Algorithm*, Van Nostrand Reinhold, 1991.
7. Gendreau M., A. Hertz, and G. Laporte, "New Insertion and Postoptimization Procedures for the Traveling Salesman Problem," *Opns. Res.*, Vol. 40, 1086-1094, 1992.
8. Goldberg, D. E., *Genetic Algorithm in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley, 1989.
9. Golden, B., L. Bodin, T. Doyle, and W. Stewart Jr., "Approximate Traveling Salesman Algorithm," *Opns. Res.*, Vol. 28, 694-711, 1980.
10. Grefenstette, J. J., "Optimization of Control Parameters for Genetic Algorithms," *IEEE Transactions on Sys., Man and Cybernetics*, Vol. SMC-16, No. 1, 1986.
11. Holland, J. H., "Genetic Algorithms and the Optimal Allocations of Trials," *SIAM Journal of Computing*, Vol. 2, No. 2, 1973.
13. Lin, S., "Computer Solution of Traveling Salesman Problem," *Bell System Tech. Journal*, Vol. 44, 2245-2269, 1965.
14. Lin, S. and B. W. Kernighan, "An Effective Heuristic Algorithm for the Traveling Salesman Problem," *Opns. Res.*, Vol. 21, 498-516, 1973.