

진화 프로그램을 이용한 강의시간표
작성에 관한 연구
A Study on the Timetabling by
Evolution Programs

박 유 석*
김 용 범**
김 병 재***
오 충 환****
김 복 만*****

ABSTRACT

Evolution Programs, a form of Genetic Algorithms transformed from chromosome representation, are applied to the Timetabling of university which is one of the NP-hard problems. At the step of algorithms application, each class is established to be a specific category in feasible solution space. At the same time, the exiting gene used in chromosome expression of Evolution Programs is modified to satisfy constraints effectively by transformation of gene which has multi-information. The new crossover method for fester operation in the Recombination are attempted. Roulette wheel selection and tournament selection are prepared.

I. 서 론

초·중·고등학교의 강의시간표에 비해 종합대학의 강의시간표는 매 학기마다 개설된 강좌에 따라 달라지며, 개설된 강좌나 그 강좌를 강의받는 학생수에 따라 강의실의 크기가 가변적이기 때문에 스케줄링 하기가 매우 힘든 문제 중의 하나로, 이것은 탐색공간이 지수적으로 증가하기 때문에 기존의 방법으로는 해를 구하기 매우 힘들다. 이러한 문제점으로 인해 본 연구에서는 유전자 알고리즘의 염색체 표현방식을 변형한 진화 프로그램을 도입하였다. 유전자 알고리즘에서와 마찬가지로 진화 프로그램은 기존의 단일점으로 진행되는 hill-climbing이나 임의탐색기법(random search method)과 달리 탐색공간을 점들의 모집단을 통하여, 최상의 해를 찾는 것과 가능해 공간을 폭넓게 탐색하는 것 두 가지 모두를 만족시키는 기법으로 대상문제가 복잡할 수록 해의 탐색에 매우 효율적이다[1].

그러므로 본 연구에서는 학과별 강의시간표에 학교측의 제약요소와 더불어 학과별 제약요소들의 추가로 시간표 작성이 난해하여, 이것의 작성이 지지 않은 노력과 시간의 낭비를 초래하게 되므로 진화 프로그램을 적용, 학교측과 학과별로 고려해야 하는 특징한 요소들의 마찰을 최대로 줄이면서 단시간내에 적은 노력으로 직전학 학과별 강의시간표를 작성하는데 있다. 한편, 일반적으로 대학교의 시설 이용률은 65% 정도로 많은 물적자원의 낭비를 초래하고 있는 실정이므로, 본 연구에서는 특히 대학교의 시설 이용률을 65% 이상 향상시키는데 그 목적을 두고있다.

-
- * 명지대학교 대학원 산업공학과 박사과정
 - ** 명지대학교 산업기술연구소 책임연구원
 - *** 명지대학교 산업공학과 교수
 - **** 수원 전문대학 공업경영과 교수
 - ***** 울산대학교 산업경영 대학원장

II. 이론적 고찰

지난 30여년간 대상문제가 NP hard인 최적화 문제에 대해 진화나 유전자의 원리를 기초로 해서 문제를 해결하는 시스템들에 대해 흥미가 고조되어 왔다. 그에 따라 유전자의 원리를 응용하여 해에 접근하는 많은 시스템들이 개발되었으며, 이들 중 하나를 유전자 알고리즘 또는 진화 프로그램이라고 부른다. 이와같은 이유로 인해 이러한 유전자 알고리즘과 탐색제 표현방식을 변화시킨 유전자 알고리즘의 한 형태인 진화 프로그램을 이용하고자 한다.

2.1 유전자 알고리즘과 진화 프로그램의 비교

유전자 알고리즘은 자연의 진화현상을 컴퓨터 모의실험을 통해 그대로 답습하여 정교한 정보의 획득과 적응성을 나타내는 매우 효율적인 알고리즘이다[1]. 대상문제에 대해 각각 잠재된 해를 표현하는 염색체들을 가지고 있으며, 그 염색체의 평가 정보와 어리 요소들을 통해 최종적으로 나쁜 평가의 염색체들 보다 좋은 평가의 염색체들이 재생산되도록 하여 잠재된 해들 중에서 최적에 접근하는 해를 찾게 되는 것이다. 그러므로 자연에서 실행되는 진화과정은 잠재체의 전체공간을 탐색하는 것과 일치한다고 볼 수 있다. 이같은 탐색에는 최상의 해와 탐색공간에서의 조사라는 균형된 두 가지 목적을 필요로 한다. 기존의 탐색방법으로는 hillclimbing과 임의탐색기법등 어러가지가 있다. hillclimbing은 가능한 최상의 해를 찾지만 탐색공간의 조사는 무시한다. 임의탐색기법은 기대영역의 탐색은 무시하고 임의의 탐색공간에서 해를 찾는 전형적인 에이다. 이에 반해서, 유전자 알고리즘은 해의 발견과 탐색공간의 조사 두 가지 모두를 고려하며, 복잡한 문제나 탐색공간이 큰 경우에도 성공적으로 적용되는 확률적 탐색 알고리즘이다[10]. 유전자 알고리즘의 가장 중요한 특성은 기존의 기법들이 탐색공간의 단일점으로 진행되는 반면에, 유전자 알고리즘은 집단의 잠재해 집단을 유지함으로써 다중방향탐색을 수행하는 것이다.

대상문제에 유전자 알고리즘을 적용하기 위해서는 아래와 같은 5가지 성분이 필요하다[1].

1. 대상문제의 해에 대한 유전자 표시 (Genetic Representation).
2. 초기해를 구하기 위한 초기염색체 집단 (Chromosome Population)의 설정.
3. 각 염색체의 적합성을 표현할 수 있는 평가함수 (Evaluation Function).
4. 다음 세대를 생성하는 유전적 조작 (Genetic Operation).
 - 복제(Recombination)
 - 교차(Crossover)
 - 돌연변이(Mutation)
5. 유전자 알고리즘에 사용되는 각종 매개변수 수치 설정.
 - 유전자군의 크기, 교차확률, 돌연변이 확률, 최대 세대수 등등.

이러한 구성 성분들을 가지고 다음의 수행 단계를 걸쳐 시행된다.

- step 1 : 초기 유전자군 생성.
- step 2 : 평가함수에 의해 유전자군의 평가.
- step 3 : 적합도에 의해 유전자군으로부터 염색체들을 선택.
- step 4 : 교차와 돌연변이 연산자의 적용.
- step 5 : 정해진 세대수가 끝날때까지 새로운 유전자군을 가지고 step 2에서 반복.

진화 프로그램도 유전자 알고리즘과 같은 구성 성분들에 의한 수행단계를 거친다. 그렇지만 유전자 알고리즘과 진화 프로그램간에는 유전자 표현방식이라는 차이가 존재한다[9].

유전자 알고리즘과 진화 프로그램의 차이점을 살펴보면, 유전자 알고리즘은 염색체의 이진수 표현방식과 그에 따른 해독기능(decoding)이나 개선된 알고리즘을 사용하며, 제약조건이 있을때 알고리즘에 알맞게 원 문제를 수정하여 문제의 해를 구하는 기법인 반면에, 진화 프로그램은 “자연적” 자료 구조를 그

대로 사용하여 잠재해에 대한 탐색적 표현방식을 변경시키고, 수정된 "유전"연산자들을 사용함으로써 문제는 변형되지 않고 해를 구할 수 있는 기법이다[6]. 따라서 본 연구에서는 진화 프로그램을 이용하여 해결하기 매우 난해한 중첩대학의 강의 시간표 작성에 대한 연구를 진행하고자 한다.

III. 강의시간표 작성에 관한 연구 및 실험

3.1 강의시간표 작성에 관한 연구

본 연구에서는 다수의 제약조건을 만족시키는 강의시간표를 작성하고자 하며, 그에 따른 탐색체를 설계하기로 한다.

3.1.1 강의시간표의 제약조건

본 연구에서는 문제의 크기를 줄여 한 학과에 국한시켰고, 제약조건들 중에서 다음과 같은 일반적인 조건을 우선 만족시키는 강의 시간표를 작성하고자 한다.

설정된 일반적인 제약조건은 다음과 같다.

1. 한 교수가 같은 날, 같은 시간에 두 개 이상의 강의를 맡을 수 없다.
2. 한 학년의 같은 날, 같은 시간에 두 수업을 받을 수 없다.
3. 분반과 합반의 크기에 가가 맞는 강의실을 배정한다.
4. 교수들의 연구요일을 보장한다.

3.1.2 유전인자의 표현

한 유전인자는 한 과목을 대표하게 되므로 그 과목에 대한 다양한 정보를 가지도록 표현하였다. 따라서 본 연구에서는 다양한 정보를 가지는 유전인자의 형태를 구현하도록 시도하였다.

한 유전인자를 표현하면 아래와 같다.

(과목번호, 학년, 강의시간, 분반여부, 교수고유번호, 연구요일)

- 과목의 고유번호 : 1 ~ N
- 학년 : 학년 중에도 분반된 학년이 있으므로
 - 해당 학년이 분반이 된다면, 학년을 쓰고 A나 B를 붙인다.
예) 2학년의 분반 → 2A, 2B로
 - 학년 중 합반은 학년을 쓰고 C를 붙인다.
예) 4학년의 합반 → 4C
- 강의시간 : 1, 2, 그리고 3
- 분반여부 : 분반이면 D, 합반이면 C
- 교수 고유번호 : 각 교수마다의 고유번호 부여
- 연구요일 : 요일별로 A, B, C, D, E

이들 구성요소는 제약조건과 밀접한 관계가 있다. 즉 각각의 탐색체를 평가할 수 있는 정보를 제공하는 유전인자의 구성요소들을 제약조건에 따라 유동성있게 바꾸면서 다양하게 해당 탐색체를 평가할 수 있기 때문이다.

3.1.3 평가함수

제약조건에 따른 평가함수를 공식화하면 아래와 같다.

$$Max z = (\sum^n g_i \times P_{max} \setminus \text{빈집의 가지수}) - \{ \sum^s \sum^p \sum^q P_{jkl}^l + \sum^s \sum^q P_{jk}^{sl} + \sum^p \sum^q P_{jk}^o + \sum^s \sum^p \sum^q P_{jkl}^{pl} \}$$

여기서

- $j = 1 \dots p$ 로시 원요일부터 금요일,
- $k = 1 \dots q$ 로시 1교시부터 8교시,
- $l = 1 \dots s$ 로시 강의실의 번호,
- P_{max} - 부과된 빈집들중 가장 큰 빈집,
- g_i - 강의시간이 i 개인 유전인자, $i = 1 \dots n$.

제약조건에 따른 빈집들

- P^o - P_{jk}^o 는 j 번째 날, k 번째 시간에서 한 교수의 중복된 강의에 대한 빈집,
- P^{pl} - P_{jkl}^{pl} 는 l 번째 강의실, j 번째 날, k 번째 시간에서 교수들의 연구요일을 어졌을때의 빈집,
- P^{sl} - P_{jk}^{sl} 는 j 번째 날, k 번째 시간에서 같은 학년의 중복된 강의에 대한 빈집, 단 분반으로 나뉜 학년은 같은 분반이 아니면 상관없음.
- P^d - P_{jkl}^d 는 l 번째 강의실, j 번째 날, k 번째 시간에서 분반과 합반에 맞는 크기의 강의실 배정에 관한 빈집.

3.1.4 복제, 교차, 돌연변이 연산자

본 연구에서는 선택기법으로 roulette wheel 선택기법과 tournament 선택기법을 사용하였고, 교차 연산자는 보다 빠른 연산을 위해 기존의 PMX 기법 대신 단순 순서 교차기법을 사용하였으며, 돌연변이 연산자로는 수정된 연산자를 사용하였다.

단순 순서 교차기법은 다음과 같다.

예를 들면, 조상 $p_1 = (1\ 2\ 3\ 4\ 6\ 5\ 7\ 8\ 9)$ 에서 $p_2 = (4\ 1\ 2\ 5\ 7\ 6\ 9\ 3\ 8)$

임의의 유전인자를 선정한다(여기서 유전인자의 수 또한 임의로 선정한다). 임의의 선정된 유전인자가 3, 5, 6, 9라 할때, 두 조상 염색체에서 각각 임의로 선정된 유전인자를 뽑아내면 다음과 같다.

$$p_1 = (1\ 2\ x\ 4\ 8\ x\ 7\ x\ x)$$

$$p_2 = (4\ 1\ 2\ x\ 7\ x\ x\ x\ 8)$$

p_1 의 임의의 선정된 유전인자의 나열은 3 - 6 - 5 - 9이고,
 p_2 의 임의의 선정된 유전인자의 나열은 5 - 6 - 9 - 3이다.

b_1 의 빈 자리에 b_2 의 임의 유전인자의 나열을 순서대로 지어 넣고, b_2 의 빈 자리에 b_1 의 임의 유전인자의 나열을 순서대로 넣으면 아래의 같은 자손들이 생성된다.

$$\sigma_1 = (1\ 2\ 5\ 4\ 8\ 6\ 7\ 9\ 3)$$

$$\sigma_2 = (4\ 1\ 2\ 3\ 7\ 6\ 5\ 9\ 8)$$

3.2 실험 및 분석

3.2.1 입력자료

본 연구에서는 실험대상은 X교, X과에 국한시켜 입력자료를 수행하였으며 과목에 대한 학년의 분반 여부와 교수의 연구요인의 입력자료는 임의로 설정된 것으로 다음 [표 1]과 같다.

3.2.2 시스템의 구성

본 연구에서 사용한 시스템은 아래 다음과 같다.

① 하드웨어 환경

IBM PC

CPU : intel pentium 100MHz

RAM : 32Mb

② 소프트웨어 환경

OS : MS Windows 3.1

개발 소프트웨어 : Mathematica 2.2.3

3.2.3 염색체의 구현

강의시간 8시간, 강의요인 5인, 그리고 강의실의 수가 3개이므로 $8 \times 5 \times 3 = 120$ 시간이 3개의 한정된 강의실에서 강의가 가능한 시간의 범위가 된다. 그런데, 강의 가능한 시간의 범위는 120시간이지만, 과목을 나타내는 유전인자의 개수는 50개이고 그 유전인자들에 배당되어 있는 시간은 82시간이므로 120시간 중 강의없는 38시간은 1시간짜리 빈 강의 시간을 나타내는 유전인자로 표현된다. 유전인자로 염색체를 표현하면 다음과 같다.

(1 2A 3 D 3 B) (2 2B 3 D 8 B) (3 2A 2 D 5 B)
 (4 2A 1 D 5 B) (5 2B 2 D 5 B) (6 2A 2 D 2 E)
 (7 2A 1 D 2 E) (81 0 1 0 0 0)
 (82 0 1 0 0 0) (83 0 1 0 0 0) (84 0 1 0 0 0)
 (85 0 1 0 0 0) (86 0 1 0 0 0) (87 0 1 0 0 0)
 (88 0 1 0 0 0)

[표 1] 입력 자료

구분	과목명	학년	강의시간	분반여부	담당교수번호	연구요일
1	과목 1	2A	3	분반(D)	3	화요일(B)
		2B	3	분반(D)	8	화요일(B)
2	과목 2	2A	3	분반(D)	5	화요일(B)
		2B	3	분반(D)	5	화요일(B)
3	과목 3	2A	3	분반(D)	2	금요일(E)
		2B	3	분반(D)	2	금요일(E)
4	과목 4	2A	3	분반(D)	4	수요일(C)
		2B	3	분반(D)	4	수요일(C)
5	과목 5	3A	3	분반(D)	7	목요일(D)
		3B	3	분반(D)	7	목요일(D)
6	과목 6	3A	3	분반(D)	2	금요일(E)
		3B	3	분반(D)	2	금요일(E)
7	과목 7	3A	3	분반(D)	9	금요일(E)
		3B	3	분반(D)	9	금요일(E)
8	과목 8	1A	2	분반(D)	3	화요일(B)
		1B	2	분반(D)	3	화요일(B)
9	과목 9	2A	3	분반(D)	6	화요일(B)
		2B	3	분반(D)	6	화요일(B)
10	과목 10	2C	3	합반(C)	10	수요일(C)
11	과목 11	2C	3	합반(C)	1	수요일(C)
12	과목 12	3C	3	합반(C)	1	수요일(C)
13	과목 13	3C	3	합반(C)	11	수요일(C)
14	과목 14	3A	3	분반(D)	5	화요일(B)
		3B	3	분반(D)	5	화요일(B)
15	과목 15	4C	3	합반(C)	4	수요일(C)
16	과목 16	4C	3	합반(C)	4	목요일(D)
17	과목 17	4C	3	합반(C)	6	화요일(B)
18	과목 18	4C	3	합반(C)	8	화요일(B)

3.2.4 실험 결과 및 분석

본 연구에서는 초기치를 무작위로 설정하였고, 탐색 또한 무작위로 따르도록 설정하였으며 진화 프로그램의 기본 원리는 충실히 따르면서 유전 연산자들을 수정하는 방법을 택하였다. 기본 자료로는 [표 1]의 입력자료를 사용하였고, [표 2]에 제시된 다양한 매개변수를 이용하여 실험을 통해 강의시간표 작성에 가장 적합한 매개변수를 설정하고자 한다. 본 실험결과 최대 적합도값은 1800점으로 제시되었고, 그 결과는 부록 [그림 1]에서 [그림 6]에 도시하였다.

[표 2] 실험자료

실험번호	각 벌점	선택기법	유전자군의 크기	변이확률	교차확률	세대수	결과치
1	5	roulette wheel	50	0.01	0.1	200	1600
2	5	roulette wheel	150	0.01	0.1	300	1575
3	5	tournament	50	0.01	0.1	100	1580
4	5	tournament	50	0.01	0.6	100	1650
5	5	tournament	150	0.01	0.6	150	1700
6	5	tournament	150	0.01	0.6	350	1800

[실험1]과 [실험2]에서는 roulette wheel기법을 사용하여 실험한 수행 결과이다. 이 실험에서는 교차확률에 따라 변동이 심하게 발생하였으며, 세대수나 유전자군의 크기를 증가시켜도 결과치는 증가하지 않았고 1600점 이상의 결과치는 얻지 못했다. 따라서 [실험 3]에서 부터는 선택기법중의 하나인 tournament

기법을 사용하였다. 첫 실험에서부터 변동이 거의 없는 만족할 만한 결과를 도출하였다. [실험 4]에서는 [실험 1, 2]에서 변동이 심하여 증가시킬 수 없었던 교차확률을 증가시켜 보았다. 실험 결과 변동이 거의 없는 관계로, [실험 5]부터는 유전자군의 크기와 세대수를 점차적으로 증가시켜 보았다. 그 결과 [실험 6]의 340세대 정도에서 1800점으로 수렴되는 만족할 만한 결과를 얻을 수 있었다.

IV. 결론 및 토의

복잡한 스케줄링 문제인 종합대학의 강의 시간표 작성은 그 학교의 상황이나 시설의 특성에 따라 작성되어야 가장 적절한 강의시간표를 작성했다고 볼 수 있다.

본 연구에서는 제약조건이 중첩되는 학과별 강의시간표 작성문제에 초점을 맞추었다. 이것은 전체 종합대학의 강의시간표 작성문제보다는 다수의 제약조건을 가진 학과별 강의시간표 작성이 우선적으로 해결되어야 하기 때문이다.

학과별 강의시간표 작성문제를 해결하기 위해 특정한 제약조건이 원활하지 못한 강의실 문제를 강의 시간의 범위변수로 놓고 진화 프로그램의 적용단계에서 그 강의시간의 범위에 따른 강의시간표 염색체를 모형화하였다. 또한 효율적으로 제약조건을 만족시키기 위해 염색체의 유전인자들을 제약조건에 따른 정보들로 구성하였고 실험을 통하여 매개변수를 수정하고 두가지 복제기법과 유전 연산자에서 빠른 연산이 되도록 하기 위해 새로운 교차 연산자를 실험적으로 시도하였다. 실험을 통해 선택기법중 tournament기법이 좋은 결과를 보였으며, 작성된 강의시간표 또한 만족할 만한 것이었다.

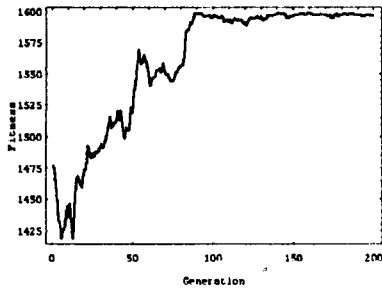
추후 연구과제로는, 첫째로 보다 양질의 강의시간표를 만들기 위해 본 연구에서 사용한 것의외의 제약 조건의 추가를 고려할 필요가 있다. 두 번째로는 과별 강의시간표에서 범위를 확대하면 종합대학 전체의 강의시간표를 작성할 수 있다. 마지막으로 전문가 시스템을 도입하므로 인해 강의 시간표를 쉽게 작성할 수 있을 것이다.

앞으로 종합대학 강의시간표 작성에 대한 연구에 의해 대학교의 상황에 적절한 강의시간표를 작성하게 되면 시설의 활용도를 높임으로써 자원의 활용 및 대학의 균형적 발전 계획 수립에 기여가 클 것으로 기대된다.

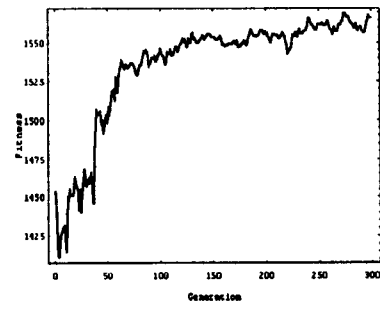
참 고 문 헌

- [1] 김용범, "유전자 알고리즘의 수렴현상에 관한 연구", 박사학위논문, 1995
- [2] 류재구, "메스메티카", 크라운출판사, 1995
- [3] 안중일, "종합대학 강의시간표 작성기의 개발에 관한 연구", 경희대학교 대학원 석사논문, 1994
- [4] 하정락, 정태충, "Genetic Algorithms를 이용한 대학 종합강의시간표 작성에 관한 연구", 경희대학교 대학원 석사논문, 1993
- [5] D. Corne, P. Ross, H. L. Fang, "Evolutionary Timetabling: Practice, Prpspects and Work in Progress", Presented at the UK Planning and Scheduling SIG Workshop, Strathclyde, organised by Patrick, 1994
- [6] Davis, L., "Handbook of Genetic Algorithms", van Nostrand Reinhold, London, 1992
- [7] David M. Tate, Alice E. Smith "Expected Allele Coverage and the Role of of Mutation in Genetic Algorithms", In Stephanie, F., pp 31-37, 1993
- [8] Goldberg, D.E. "Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning", Addison-Wesley, 1989
- [9] S. Wolfram, Mathematica, Addison-Wesley, 1991
- [10] Z. Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs", Springer-Verlag, 1992

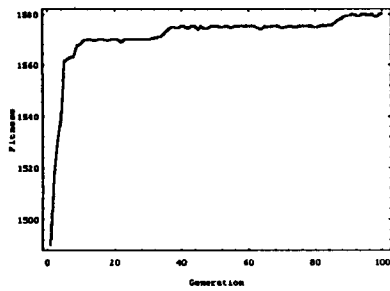
부록



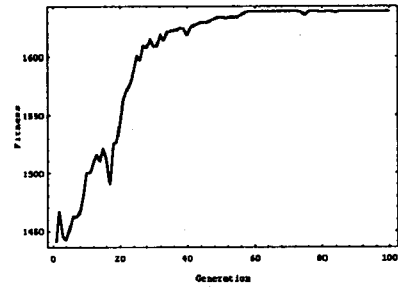
[그림 1] 실험 1



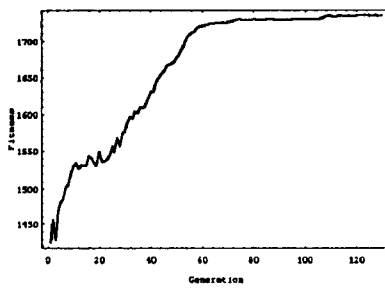
[그림 2] 실험 2



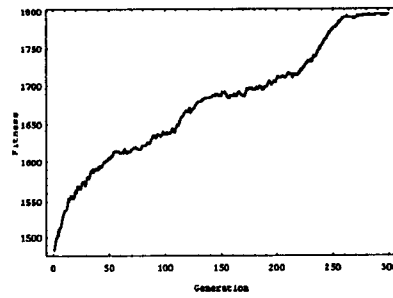
[그림 3] 실험 3



[그림 4] 실험 4



[그림 5] 실험 5



[그림 6] 실험 6