

# 공생진화 알고리즘에서의 공생파트너 선택전략 분석\*

김재윤\*\* · 김여근\*\* · 신태호\*\*\*

## Analysis of Partnering Strategies in Symbiotic Evolutionary Algorithms\*

Jae-Yun Kim\*\* · Yeo-Keun Kim\*\* · Tae-Ho Shin\*\*\*

### ■ Abstract ■

Symbiotic evolutionary algorithms, also called cooperative coevolutionary algorithms, are stochastic search algorithms that imitate the biological coevolution process through symbiotic interactions. In the algorithms, the fitness evaluation of an individual requires first selecting symbiotic partners of the individual. Several partner selection strategies are provided. The goal of this study is to analyze how much partnering strategies can influence the performance of the algorithms. With two types of test-bed problems: the NKC model and the binary string covering problem, extensive experiments are carried out to compare the performance of partnering strategies, using the analysis of variance. The experimental results indicate that there does not exist statistically significant difference in their performance.

## 1. 서 론

공진화 알고리즘(coevolutionary algorithm)은 자연계에서 둘 이상의 종들이 다른 종들과 상호작용하며 공진화하는 과정을 모방한 확률적 탐색기법이다[10]. 공진화 알고리즘은 다양한 변형이 있

나, 협조 공진화 알고리즘(cooperative coevolutionary algorithm)과 경쟁 공진화 알고리즘(competitive coevolutionary algorithm)으로 크게 분류된다. 협조 공진화 알고리즘[2, 12, 13]은 공생(symbiosis) 관계를 모방한 것으로 각 모집단의 개체가 서로 결합되어 하나의 해를 나타내며, 개체들이 다

\* 본 연구는 한국과학재단 특장기초연구(과제번호 : 98-0200-09-01-3)지원으로 수행되었음.

\*\* 전남대학교 산업공학과

\*\*\* 순천제일대학 산업시스템정보과

른 모집단이 제공하는 환경에 얼마나 잘 적응하는가를 측정하는 것을 목적으로 한다. 협조 공진화 알고리즘은 공생진화 알고리즘(symbiotic evolutionary algorithm)이라 부르기도 한다. 경쟁 공진화 알고리즘[5, 14]은 숙주-기생충(host-parasite)의 상호작용을 모방하여 개체들이 다른 개체와 경쟁하고, 상대의 다양한 전략에 잘 적응하는 좋은 전략을 찾아내는데 적용된다. 본 연구에서는 일반적으로 유일한 하나의 최적해를 찾는 문제에 적용되는 공생진화 알고리즘에 관하여 다룬다.

공생진화 알고리즘은 1990년 이후 연구되기 시작하여 현재까지 아직 연구 초기 단계이지만, 복잡하고 동적인 문제를 해결하는 효율적인 방법으로 인식되고 있다[12]. 공생진화 알고리즘은 몇 개의 부분해(partial solution)를 통한 병렬 탐색(parallel search)이 완전해(entire solution)을 통한 단일 탐색(single search)보다 효과적이라는 가설을 따른다[12]. 공생진화 알고리즘은 흔히 여러 개의 부분 문제들의 조합으로 구성된 문제나 하나의 큰 규모의 문제를 여러 개의 부분문제로 나눈 문제를 해결하고자 하는 경우에 적용한다. 이때 각 부분문제의 잠재해로 이루어진 모집단을 구성한다. 각 모집단에 있는 개체들은 부분해가 되고 완전해는 이들 부분해의 결합에 의해 표현된다.

공생진화 알고리즘에서는 한 종의 개체가 다른 종의 개체와 공생(결합)하면서 진화한다고 보고 있다. 따라서 각 개체(부분해)의 적응도는 다른 종의 개체(부분해)와 결합하여 만들어진 완전해에 의해서만 평가될 수 있으므로, 공생진화는 단순진화와는 달리 각 개체 홀로는 적응도를 평가할 수 없다. 그리고 각 개체는 상대 개체와 결합한 결과로써 얻은 적응도를 부여받는다. 그러므로, 공생진화 알고리즘에서는 개체의 적응도 평가시 완전해를 구성하기 위한 상대 모집단의 개체들이—이를 공생파트너(symbiotic partners)라 부르기로 함—요구된다. 단순 진화 알고리즘에서는 개체가 완전해로 표현되므로 공생파트너를 고려할 필요가 없다.

공생진화 알고리즘에서는 어떤 개체를 공생파트

너로 선택하느냐에 따라 개체의 적응도가 변한다. 그리고 각 개체의 적응도 변화는 알고리즘에서 해의 탐색방향을 변화 시키며, 각 전략에 따라 알고리즘의 계산소요시간에 차이가 발생한다. 공생진화 알고리즘에 관한 기존 연구들 중에서 공생파트너 선택 전략과 관련된 몇몇 연구가 이루어졌다[3, 11]. 그러나 기존 연구들에서 제시된 여러 전략들은 많은 예비실험을 통하여 다루는 문제에 적합한 전략을 제안한 것이 아니며, 다양한 공생진화 알고리즘이나 실험문제에 여러 공생파트너 선택전략들을 적용하여 각 전략의 성능을 비교 분석하지 않았다. 즉, 기존 연구결과는 분석이 불완전하여 공생진화 알고리즘의 적용시 적절한 공생파트너 선정에 대한 유용한 정보를 제공하는 데에는 부족하다고 판단된다.

따라서 본 연구에서는 공생파트너 선택전략이 공생진화 알고리즘의 탐색 성능에 얼마나 영향을 주는지 분석하고자 한다. 이를 위한 본 논문의 구성은 다음과 같다. 2절에서는 본 연구에서 비교할 공생파트너 선택전략들을 소개한다. 3절에서는 분석에 사용된 공생진화 알고리즘을 설명한다. 4절은 실험문제들을 다룬다. 실험문제는 공생진화 알고리즘에 관한 기존 연구들에서 알고리즘의 성능 분석에 사용된 NKC 모델[2, 3, 13]과 이진 스트링 커버링 문제(binary string covering problem)[13]로 한다. 5절은 실험 파라미터와 공생진화 알고리즘에 여러 공생파트너 선택전략들을 적용하여 얻은 결과들을 제시한다. 그리고 이를 바탕으로 전략들간의 성능 차이를 통계적 기법에 의해 분석하고, 이들의 특성에 대하여 살펴본다. 6절은 결론으로 구성되어 있다.

## 2. 공생파트너 선택전략

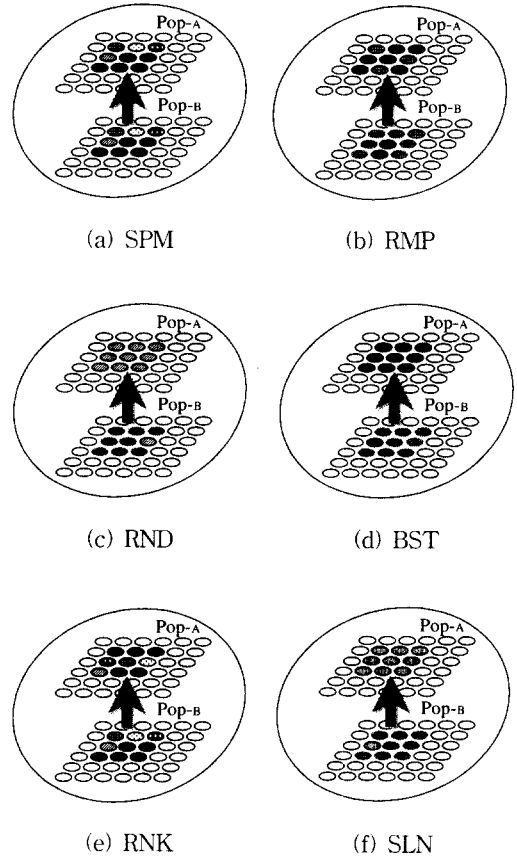
생태계에서 여러 종의 생물체간에 공생하면서 공진화하는 과정을 모방한 공생진화 알고리즘의 여러 모형이 개발되었다. 이들 모형의 구체적인 절차에 관해서는 다음 절에서 다루기로 한다. 앞에서

언급했듯이, 공생진화 알고리즘에서 각 종을 이루는 개체는 부분해를 나타내고, 완전해는 각 종의 부분해의 결합에 의해 이루어진다. 공생진화 알고리즘은 완전해를 여러 부분해로 나누어 이들을 결합함으로써 다양한 형태의 완전해를 구성할 수 있어 효과적으로 해 공간을 탐색할 수 있다는 장점을 갖는다.

공생진화에서 개체의 적응도는 공생파트너에 의해 결정되는 것은 자연스럽다. 그리고 공생자의 재생산은 자신의 적응도에 의한 선별(selection)에 종속될 것이다. 따라서 부분해를 나타내는 개체가 공생파트너를 어떻게 선택하여 하나의 완전해를 구성하고, 이로부터 이 부분해(개체)의 적응도를 구하는냐는 진화 연산에서 매우 중요한 과정이다. 본 연구에서는 공생파트너 선택전략으로 다음 여섯가지 전략을 실험을 통하여 분석하고자 한다. 각 전략들을 개념적으로 보이면 [그림 1]과 같다. 아래 그림은 Pop-A가 진화하고 Pop-B에서 공생파트너를 선택한다고 가정하는 것이며, Pop-A의 개체와 동일한 모양이나 음영을 갖는 Pop-B의 개체가 자신의 공생파트너임을 나타낸다.

- SPM(Same Position Mapping) : 이차원 격자구조를 갖는 모집단에서 동일한 격자에 위치한 개체들이 서로의 공생파트너가 된다.
- RMP(Random Mapping) : 각 개체마다 자신의 공생파트너를 상대 모집단 또는 이웃에서 임의로 선택한다.
- RND(Random) : 모집단 또는 이웃내 모든 개체의 공생파트너는 상대 모집단 또는 상대 이웃에서 임의로 선택한 한 개체가 된다.
- BST(Best) : 모집단 또는 이웃내에서 가장 높은 적응도를 갖는 개체가 상대 모집단 또는 상대 이웃의 공생파트너가 된다.
- RNK(Rank) : 모집단 또는 이웃내에서 적응도 순위와 동일한 개체들이 서로의 공생파트너가 된다.
- SLN(Selection) : 모집단 또는 이웃내에서 적응

도를 기준으로 확률바퀴선별에 의해 선택한 한 개체가 공생파트너가 된다.



[그림 1] 다양한 공생파트너 선택전략

SPM과 RMP는 초기에는 격자구조를 갖는 모집단에 개체를 임의로 분포시키기 때문에 두 전략이 같지만, 진화하는 동안에는 두 전략이 달라지게 된다. 즉, SPM은 반드시 같은 위치에 있는 상대 모집단의 개체들과 결합하지만, RMP는 상대 모집단 또는 상대 이웃에서 서로 다른 위치의 개체와 결합될 수 있다. 그리고 BST는 확정적인 공생파트너 선택방법이고, SLN은 확률적인 공생파트너 선택 방법이다. BST와 SLN을 고려함으로써, 확정적인 파트너 선택방법과 확률적인 파트너 선택방법간에 성능의 차이가 있는지를 알아볼 수 있다. 또한, 위

의 전략들은 공생파트너의 선택 기준에 차이를 갖는다. [그림 1-a], [그림 1-b], [그림 1-c]는 개체가 갖는 진화 정보인 적응도가 공생파트너의 선택 기준으로 사용되지 않으나, [그림 1-d], [그림 1-e], [그림 1-f]는 적응도를 기준으로 공생파트너를 선택한다. 여기서, 적응도는 전 세대 또는 전 단계에 선택된 공생파트너에 의해 완전해를 만든 결과로써 평가된 적응도를 의미한다. 각 전략이 갖는 다른 특성들은 5절에서 제시할 실험결과와 함께 언급하기로 한다.

### 3. 분석에 사용된 공생진화 알고리즘

기존 연구에서 발표된 공생진화 알고리즘은 크게 다음 세가지로 분류할 수 있다. 첫째, 공생하는 개체들이 결합되지 않고 분리된 형태로 공생하며, 모집단 단위로 진화하는 것이다[3, 11, 13]. 기존에 발표된 대부분의 공생진화 알고리즘이 이 형태를 따르며, 이를 분리된 모집단단위 공생진화 알고리즘(Separated and Population based symbiotic evolutionary Algorithm : SPA)이라 부르기로 한다. SPA는 하나의 완전한 해를 여러 개의 부분해로 분리하여 각 부분해가 모집단을 형성하고, 이들은 다른 모집단들과의 상호작용을 통해 모집단단위로 진화하면서 해를 탐색해 나간다.

둘째, 진화 알고리즘에서 모집단의 다양성 유지에 알고리즘의 탐색 성능을 향상시킨다[4]는 점에서 착안하여 SPA에 이웃진화 개념을 포함시킨 알고리즘이 개발되었다[8, 9]. 이를 분리된 이웃단위 공생진화 알고리즘(Separated and Neighborhood based symbiotic evolutionary Algorithm : SNA)이라 부르기로 한다. SNA는 모집단 전체에서 공생파트너를 선택하는 SPA와 달리, 현재 진화가 이루어지는 곳과 동일한 위치의 상대 모집단내 이웃에서 공생파트너를 선택한다. SNA는 SPA에 비하여 다양한 개체들이 적응도 평가에 참여하고, 이웃진화를 통해 모집단의 다양성이 유지됨으로써 SPA보다 더 나은 성능을 보인 것으로 알려져 있

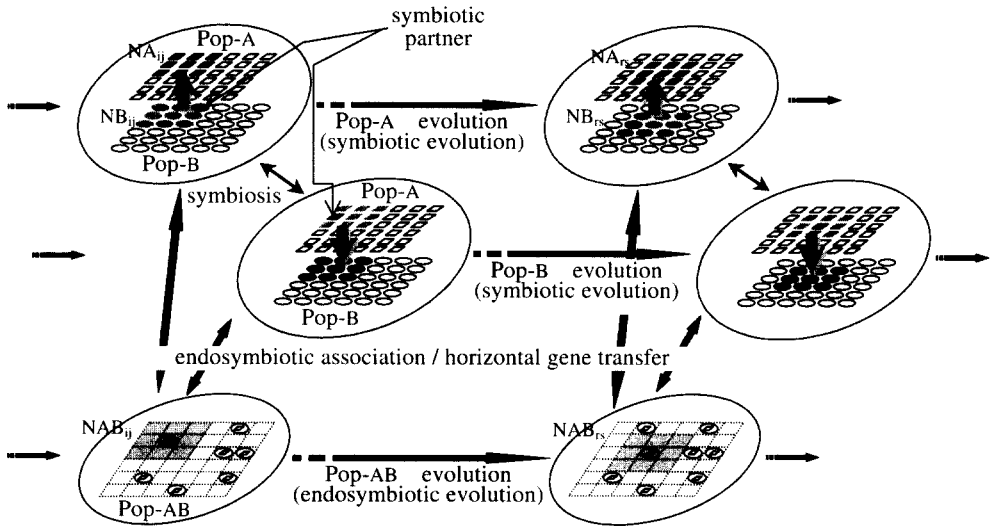
다[8, 9].

셋째, 부분해를 통한 부적절한 해의 분리는 오히려 알고리즘의 탐색 성능을 저하시킬수 있다[2]는 단점을 보완하기 위한 알고리즘이 제안되었다. 내공생 진화 알고리즘(Endosymbiotic Evolutionary Algorithm : EEA)이라 부르는 이 알고리즘은 자연계에서 원핵세포(prokaryotic cell)가 내공생진화를 통해 진핵세포(eukaryotic cell)로 진화하는 과정을 모방한 것이다[2, 7]. EEA의 특징은 부분해와 완전해가 공존하고 부분해는 이웃단위 진화를 통해 좋은 해를 생성하고, 높은 적응도를 갖는 개체 결합은 완전해로 결합하여 스스로 진화할 수 있는 기회를 부여하여 진화를 촉진하는 것이다.

지금까지 설명한 세 알고리즘의 개념적인 절차를 설명하면 다음과 같다. 여기에서는 2개의 부분해들로 이루어진 문제를 해결하기 위한 EEA를 설명하기로 하며, SPA와 SNA, 그리고 3개 이상의 부분해를 갖는 문제를 위한 알고리즘은 EEA로부터 쉽게 구현 또는 확장될 수 있다. 이에 관해서는 이 절의 마지막 부분에서 다시 설명하기로 한다. EEA를 위해 모집단은 두 부분해를 위한 Pop-A와 Pop-B, 그리고 이들의 상호작용으로부터 형성된 완전해를 위한 Pop-AB로 구성된다. 또한 모집단은 이웃진화를 위하여 토러스 형태의 2차원 격자구조로 구성하며, 이웃은  $3 \times 3$ 의 이웃구조를 고려한다. 그리고  $NA_{ij}$ ,  $NB_{ij}$ ,  $NAB_{ij}$ 를 각각 Pop-A, Pop-B, Pop-AB에서 위치  $(i, j)$ 와 그 주위 8개의 개체로 구성된 이웃이라고 정의한다. Kim *et al.*[7]에 의해 제안된 EEA의 절차는 다음과 같으며, [그림 2]는 EEA의 진화과정을 개념적으로 나타낸 것이다. 구체적인 알고리즘은 Kim *et al.*[7]을 참조하기 바란다.

단계 1 : Pop-A와 Pop-B의 모든 셀에 두 부분해들을 임의 생성하여 초기 적응도를 평가하고, Pop-AB는 공집합으로 둔다.

단계 2 : 임의의 위치  $(i, j)$ 를 선택하여 이웃  $NA_{ij}$ ,  $NB_{ij}$ ,  $NAB_{ij}$ 를 정의한다. 만약  $NAB_{ij}$ 가 공



[그림 2] 내공생 진화알고리즘

집합이면 단계 4로 간다.

단계 3 :  $NA_{ij}$  또는  $NB_{ij}$ 의 공생자가  $NAB_{ij}$ 에 있는 내공생자의 적응도를 향상시킬 수 있으면, 내공생자의 구성을  $NA_{ij}$  또는  $NB_{ij}$ 의 공생자로 변경한다.

단계 4 :  $NA_{ij}$ 와  $NB_{ij}$ 내 공생자들의 적응도를 평가한다. 적응도 평가에 참여하는 공생파트너는 주어진 전략에 따라 선택한다.

단계 5 :  $C_{new}$ 를  $NA_{ij}$ 와  $NB_{ij}$ 에 있는 공생자들의 적응도를 평가할 때 발견한 가장 높은 적응도를 갖는 개체 결합이라 하고,  $C_{old}$ 를  $NAB_{ij}$ 에 있는 가장 낮은 적응도를 갖는 내공생자라 하자. 만약  $C_{new}$ 의 적응도가  $C_{old}$ 의 적응도보다 높으면,  $C_{new}$ 와  $C_{old}$ 를 대체한다. 그리고  $C_{old}$ 를 구성하는 두 공생자는 분리하여  $NA_{ij}$ 와  $NB_{ij}$ 로 이동시킨다.

단계 6 :  $NA_{ij}$ 와  $NB_{ij}$ 내의 개체들을 진화시킨다.

단계 7 : 단기진화 종료조건을 만족하면 단계 8, 그렇지 않으면 단계 2로 간다.

단계 8 : Pop-AB내 개체들을 진화시킨다.

단계 9 : 장기진화 종료조건을 만족하면 알고리즘을 종료하고, 그렇지 않으면 단계 2로 간다.

EEA의 단계 4에서 공생파트너를 선택하는 절차가 요구된다. 단계 6과 단계 8에서 진화는 이웃 또는 모집단이 개체평가, 선별, 재생산(유전연산과 대체과정)을 통한 진화알고리즘이 수행됨을 의미한다. 본 연구에서는 이를 위한 진화알고리즘으로 안정상태 유전알고리즘(steady-state genetic algorithm)[15]을 사용하였다. 안정상태 유전알고리즘은 이웃 또는 모집단에서 적응도를 기준으로 재생산에 참여할 개체를 선별하고, 교차와 돌연변이를 수행하여 자손개체를 생산한다. 새롭게 생산된 자손개체는 적응도가 낮은 부모개체와 대체된다. 이때 적응도가 낮은 개체일수록 자손개체와 대체될 확률이 높다. 공생진화 알고리즘에서 안정상태 유전알고리즘은 전통적인 세대별 유전알고리즘에 비해 해의 성능면에서 우수한 것으로 알려져 있다[3].

SNA는 EEA의 단계 2를 임의의 위치  $(i, j)$ 를 선택하여 이웃  $NA_{ij}$ 와  $NB_{ij}$ 를 정의한다 로 수정하고, 단계 3, 5, 7, 8을 생략하면 구현 가능하다. 그리고 SPA는 EEA의 단계 2, 3, 5, 7, 8을 생략하고, 단계 4와 6에서  $NA_{ij}$ 와  $NB_{ij}$ 를 각각 Pop-A and Pop-B로 수정하면 된다.

EEA는 3개 이상의 부분해를 갖는 문제를 해결

하는데에도 확장이 용이하다. 예를 들어, 3개의 부분해가 결합된 경우 EEA를 적용하는 과정을 설명하기로 하자. 우선, 부분해를 위한 3개의 모집단 Pop-A, Pop-B, Pop-C와 내공생자를 위한 Pop-ABC를 구성한다. 그리고 EEA에서 Pop-C가 추가되었음을 유의하여 알고리즘을 적용하면 된다. 다만, 본 연구에서는 반드시 3개의 부분해가 모두 결합되어 내공생자를 형성하는 것으로 가정한다. 또한 단계 3에서는 한 부분해와 내공생자가 비교될 때 나머지 2개의 부분해는 고정해 두는 방법을 취하였다.

## 4. 실험 문제

본 연구에서는 공생파트너 선택전략의 성능 비교를 위해 NKC 모델과 이진 스트링 커버링 문제를 대상으로 실험한다. 두 예제문제는 기존 연구[2, 3, 13]에서 알고리즘의 성능분석에 주로 사용된 문제들이다. 본 절에서는 두 문제를 정의하고, 각 문제의 특징을 설명하기로 한다.

### 4.1 NKC 모델

Kauffman[6]은 특성이 서로 다른 종간의 공진화(heterogeneous coevolution)에 관한 연구를 위하여 NKC 모델을 제안하였다. NKC모델의 가장 두드러진 특징은 문제의 복잡성, 상호 종속성, 그리고 적응도 지형(landscape)의 굴곡성(ruggedness)에 대한 변화가 용이하다는 것이다. 이러한 이유로 NKC 모델은 기존 공생진화 알고리즘에 관한 연구[2, 3, 13]에서 알고리즘의 성능을 분석하는 모델로 많이 사용되었다. 본 연구에서는 기존 연구들과 동일한 기준으로 실험 결과를 분석하기 위하여 이 모델을 이용하기로 한다.

NKC모델에서 한 개체는  $N$ 개의 이진 인자의 염색체(chromosome)로 표현된다. 개체내의 인자들은 같은 염색체에 있는  $K$ 개의 다른 인자들과 상호 관련성을 갖는다. 또한 각 인자는 상호작용하는 다

른 종의  $C$ 개의 인자와 영향을 주고 받는다. 그러므로, NKC모델에서 각 개체의 적응도는 동일한 개체 또는 다른 모집단에 있는 개체의 인자 구성에 의존하여 결정된다. 유전학 분야에서 의존성(epistasis)은 복수개의 유전인자들간의 적응도 관련성으로 언급된다. 적응도 관련성은 동일한 종내의 인자들간, 그리고 둘 또는 그 이상의 종들간의 유전인자들간에 발생할 수 있다. NKC모델은 유전인자들간의 의존성을 표현하는데 사용될 수 있으며, 파라미터  $K$ 와  $C$ 에 의하여 의존 정도를 조절할 수 있다.

다음으로, NKC모델이 생성하는 적응도 지형에 대하여 살펴보도록 하자. 평균적으로 낮은  $K$ 값은 평탄한 적응도 지형을 생성한다. 그리고  $K$ 가 증가함에 따라 적응도 지형에 있는 부분최적(local optima)의 수는 증가하며, 적응도 지형은 점점 더 굴곡성을 갖는다. 극단적인 경우로, 만약  $K=0$ 이면, 부분최적은 없고 하나의 전체 최적점을 갖는 적응도 지형이 생성된다. 반면에  $K=N-1$ 이면, 많은 부분최적을 갖는 적응도 지형을 생성한다. 또한, 파라미터  $K$ 에 의해 개체의 인자형(genotype)과 표현형(phenotype)간의 상호관련성에 차이를 보일 수 있다. 즉, 개체간의 유사성(similarity)을 해밍거리(hamming distance)로 표현할 때,  $K$ 가 증가할수록 개체의 인자형과 표현형의 상호관련성은 낮아지게 된다[6, 13]. 한편, 종들간의 의존 정도를 나타내는  $C$ 의 변화는 상호연결성을 갖는 다른 종들의 적응도 지형을 변형(deforming)시키거나 뒤틀리게(warping) 한다.

NKC모델은 종간( $C$ ), 그리고 종내( $K$ ) 상호작용이 매우 복잡하여 그들이 적응도에 미치는 영향은 임의값으로 할당하는 것이 적당하다고 가정한다. 이진스트링으로 표현된 개체에서  $K+C$ 의 가능한 상호작용 경우에 대하여,  $2^{(K+C)}$ 의 행과  $N$ 의 열을 갖는 테이블을 생성하고, 각 셀에  $[0.0, 1.0]$ 의 범위 내에 있는 난수를 발생하여 채워넣는다. 적응도 테이블의 크기는  $K$ 와  $C$ 의 값이 커질수록 즉, 인자간 연결정도가 커질수록 지수적으로 증가한다. 한 개

체의 적응도는 각 인자의 적응도 공헌도를 다음과 같이 평균하여 구한다. 여기서, 각 인자의 적응도에 대한 공헌도인  $f(\text{locus}_i)$ 는 적응도 테이블에서 적절한 행과 열에 해당하는 값으로 결정된다.

$$\text{fitness} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N f(\text{locus}_i)$$

예를 들어,  $N=3, K=1, C=1$ 인 NKC모델에서 개체 (1 1 0)의 적응도를 계산해 보자. 이 개체의 공생파트너는 (0 1 1)이라 하고, 같은 개체내에서는 이웃하는 K개의 인자, 다른 종의 개체 즉, 공생파트너에서는 앞에서부터 C개의 인자 구성이 개체의 적응도에 영향을 미친다고 가정하자. 단, 개체내에서 첫인자와 마지막인자는 이웃한다고 본다. [그림 3-a]는 개체내와 개체간 관련성을 나타낸다. 주어진 N, K, C 값에 따라 [그림 3-b]와 같은 적응도 테이블이 생성되고, 각 셀은 임의의 값으로 채워진다. 개체 (1 1 0)의 적응도는 각 인자의 적응도에 대한 공헌도를 찾고, 이를 평균하여 구한  $(0.36 + 0.91 + 0.38) / 3 = 0.55$ 가 된다. 적응도 테이블에서 굵게 적어진 숫자가 각 인자의 적응도에 대한 공헌도

이다. NKC모델에 관한 구체적인 내용은 Kauffman의 연구[6]를 참조할 수 있다.

### 4.2 이진 스트링 커버링 문제

본 연구에서 사용한 또 다른 실험문제는 이진 스트링 커버링 문제이다. 이진 스트링 커버링 문제는 척추동물의 면역체계(vertebrate immune system)내에서 발생하는 항원-항체반응처럼 자연계의 수많은 복잡과정을 모형화하기 위한 메카니즘으로 사용된다[13]. 이진 스트링 커버링 문제는 3개 이상의 모집단을 손쉽게 구성할 수 있을 뿐만 아니라, NKC모델과 같이 문제의 복잡성을 다양하게 변형시킬 수 있어 기존 공생진화 알고리즘[13]에서 실험문제로 사용되었다. 또한 이 문제는 NKC 모델과 다르게 개체의 인자형과 표현형간의 차이가 없다는 특성을 지닌다[13].

이진 스트링 커버링 문제의 목표는 주어진 목표 스트링(target string)에 대하여 최대로 일치하는 정해진 개수의 이진 스트링 집합을 진화시키는 것이다. 진화하는 스트링 집합을 일치집합(match set), 목표스트링의 집합을 목표집합(target set)이라 부른다. 목표스트링과 일치스트링간의 일치강도는 같은 위치에서 동일한 인자값을 갖는 비트수를 더하여 계산한다. 일치집합의 적응도는 각 목표스트링에 대한 최대 일치강도를 평균하여 구한다. 이를 식으로 표현하면 다음과 같다.

$$\text{fitness} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \max_{j=1,2,\dots,m} \text{strength}(x_i, y_j)$$

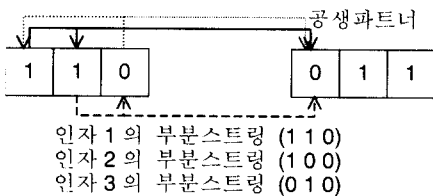
여기에서  $x_i$  ( $i = 1, 2, \dots, n$ )와  $y_j$  ( $j = 1, 2, \dots, m$ )는 각각 목표스트링과 일치스트링을 의미하고,  $n$ 과  $m$ 은 목표집합과 일치집합의 크기를 나타낸다.

예를 들어, 다음과 같은 목표집합과 일치집합을 사용하여 적응도 계산을 설명하기로 하자.

목표집합 = {00100, 00011, 01010, 01100, 11001}

일치집합 = {00000, 00001, 10000}

목표집합의 첫번째 원소(00100)와 일치집합의 첫번



(a)  $N=3, K=1, C=1$ 인 개체의 관련성

부분스트링	인자1	인자2	인자3
000	0.32	0.67	0.48
001	0.41	0.65	0.02
010	0.52	0.24	<b>0.38</b>
011	0.29	0.35	0.13
100	0.75	<b>0.91</b>	0.51
101	0.47	0.30	0.61
110	<b>0.36</b>	0.04	0.57
111	0.58	0.63	0.61

(b) 적응도 테이블

[그림 3] NKC모델에서 적응도계산의 예

째 원소(00000)의 일치강도는 세번째 위치의 인자값을 제외하고 모든 위치의 인자값이 동일하므로, 4가 된다. 유사한 방법으로 목표집합의 첫번째 원소와 일치집합의 두번째 원소간의 일치강도는 3이다. 그러므로, 목표집합의 첫번째 원소의 최대 일치강도는 4가 된다. 위의 예에 대한 모든 일치강도와 최대일치강도를 계산하면 <표 1>과 같다. 그리고 일치집합의 적응도는 최대일치강도의 평균인 3.4가 된다.

<표 1> 이진스트링커버링문제에서 적응도 계산의 예

	$x_1 =$	$x_2 =$	$x_3 =$	$x_4 =$	$x_5 =$
	00100	00011	01010	01100	11001
$y_1 = 00000$	4	3	3	3	2
$y_2 = 00001$	3	4	2	2	3
$y_3 = 10000$	3	2	2	2	3
$\max_j \text{strength}(x_i, y_j)$	4	4	3	3	3

## 5. 실험과 분석

### 5.1 파라미터 설정

본 연구에서 NKC 모델은 부분해가 2개인 경우, 이진 스트링 커버링 문제는 부분해가 3개인 경우로 나누어 실험하였다. NKC모델에서의 실험문제는 주어진 N, K, C에 의해 형성되는 적응도 지형에서 전체 최적점을 찾는 문제로 하며, 이진 스트링 커버링 문제는 주어진 목표스트링과 최대의 일치강도를 갖는 3개의 일치스트링을 찾는 것을 문제로 한다. NKC 모델에서 두 부분해는 각각 개체 길이(N)가 24비트인 이진표현된 개체들로 구성하였으며, 다양한 K와 C의 조합으로 문제를 구성하였다. 이진 스트링 커버링 문제에서는 목표집합의 크기와 스트링의 비트수를 변화시킨 실험문제를 생성하였다. 목표스트링은 0과 1의 수를 비슷한 수준으로 유지할 수 있도록 임의로 생성하였다. NKC 모델에서는 K 또는 C가 증가하면 두 모집단간의 종속성이나 문제의 복잡성이 증가하며, 이진 스트링 커버링 문제에서는 스트링의 비트수가 증가함에

따라 실험문제는 복잡하게 된다.

실험에 사용된 여러 파라미터는 다음과 같다. 첫째, 모집단크기는  $100(10 \times 10)$ 의 격자구조)으로 하였다. 둘째, 선별은 토너먼트 크기가 2인 토너먼트 선별을 사용하였다. 셋째, 교차는 이점교차(two-point crossover)를 사용하였으며, 교차율 0.5로 교차할 개체를 선택하고 이들을 임의로 짝지어 수행하였다. 넷째, 돌연변이는 대립형질 돌연변이(bit-flipping mutation)를 사용하였으며, 0.1의 확률로 돌연변이시킬 개체를 선택하고, 선택된 개체의 각 인자에 대하여 0.1의 확률로 인자 돌연변이를 수행하였다. 다섯째, EEA에서 Pop-AB는 위치 (i, j)가 20회 선택된 후부터 Pop-A, Pop-B와 함께 순차적으로 진화하도록 하였다. 즉, 단계 7의 단기진화 종료조건을 단계 2의 누적 수행회수로 두어 누적 수행회수가 20회 이상이면 단계 7의 조건을 만족한 것으로 하였다. 이는 초기에 공집합으로 시작하는 Pop-AB에 일정한 개수의 내공생자를 생성하기 위한 것이다. 마지막으로 장기진화 종료조건으로 모든 모집단에서 생성된 개체수의 합이 20,000개 일때 종료하였다. 3가지 공생진화 알고리즘은 모두 C++ 프로그램 언어로 구현되었으며, 300MHz Pentium CPU를 장착한 IBM-PC에서 수행되었다. 그리고 실험에서 제시된 모든 값은 10회 반복실험을 통해 구한 가장 좋은 해의 평균값이다.

### 5.2 NKC 모델에서의 결과

<표 2>부터 <표 4>는 NKC 모델에서 SPA, SNA, EEA에 각각 여섯가지 공생파트너 선택전략들을 적용하여 얻은 결과이다. 표에서 각 문제마다 가장 좋은 성능을 보인 값이 진하게 표시되었으며, 동일한 값인 경우에는 계산소요시간이 짧은 것을 표시하였다.

실험결과, 가장 좋은 해를 찾는 빈도 측면에서는 뚜렷한 경향을 보이지 않았다. 전략들간의 계산소요시간은 RND가 가장 적게 소요되었으며, RNK가 가장 많이 소요되었다. 알고리즘간의 계산시간은



<표 2> SPA에 대한 공생파트너 선택전략의 성능 결과(NKC모델)

K-C	SPM	RMP	RND	BST	SLN	RNK
00-00	0.627	0.564	<b>0.661</b>	0.629	0.613	0.640
00-04	0.580	<b>0.687</b>	0.622	0.675	0.623	0.640
00-08	0.622	0.674	<b>0.721</b>	0.669	0.584	0.670
00-16	0.621	0.659	0.640	<b>0.740</b>	0.738	0.677
04-00	0.633	0.605	0.596	<b>0.653</b>	0.622	0.610
04-04	<b>0.684</b>	0.631	0.636	0.592	0.587	0.630
04-08	0.660	0.610	<b>0.695</b>	0.665	0.663	0.551
08-00	0.664	0.687	<b>0.732</b>	0.611	0.678	0.713
08-04	0.650	0.580	0.684	0.640	0.661	<b>0.697</b>
08-08	<b>0.713</b>	0.598	0.692	0.627	0.673	0.657
12-00	0.612	0.629	0.614	0.697	<b>0.718</b>	0.669
16-00	0.527	0.629	<b>0.645</b>	0.630	0.599	0.578

<표 3> SNA에 대한 공생파트너 선택전략의 성능 결과(NKC모델)

K-C	SPM	RMP	RND	BST	SLN	RNK
00-00	0.667	0.667	<b>0.667</b>	0.667	0.667	0.667
00-04	0.733	0.735	0.730	0.735	<b>0.737</b>	0.737
00-08	0.721	0.735	<b>0.678</b>	0.767	0.720	0.734
00-16	0.760	0.759	0.750	<b>0.783</b>	0.662	0.736
04-00	0.690	0.710	<b>0.711</b>	0.687	0.710	0.677
04-04	0.742	<b>0.754</b>	0.720	0.748	0.686	0.689
04-08	0.751	0.746	<b>0.761</b>	0.749	0.755	0.745
08-00	0.717	0.730	<b>0.737</b>	0.710	0.693	0.679
08-04	0.718	0.731	0.705	<b>0.765</b>	0.764	0.710
08-08	0.716	0.721	0.745	0.701	<b>0.748</b>	0.706
12-00	<b>0.725</b>	0.697	0.714	0.715	0.637	0.668
16-00	0.663	0.624	0.617	<b>0.678</b>	0.650	0.664

<표 4> EEA에 대한 공생파트너 선택전략의 성능 결과(NKC모델)

K-C	SPM	RMP	RND	BST	SLN	RNK
00-00	0.667	0.667	<b>0.667</b>	0.667	0.667	0.667
00-04	0.733	0.735	0.733	0.735	<b>0.737</b>	0.732
00-08	0.759	0.762	<b>0.772</b>	0.770	0.759	0.760
00-16	0.778	0.774	0.788	<b>0.796</b>	0.782	0.771
04-00	<b>0.731</b>	0.726	0.728	0.731	0.727	0.726
04-04	0.780	0.778	<b>0.782</b>	0.780	0.779	0.781
04-08	0.782	0.778	<b>0.782</b>	0.779	0.781	0.777
08-00	0.741	0.742	0.742	0.739	<b>0.743</b>	0.730
08-04	0.761	0.765	<b>0.766</b>	0.761	0.758	0.756
08-08	0.747	<b>0.749</b>	0.746	0.744	0.745	0.746
12-00	0.738	0.729	0.737	0.728	<b>0.747</b>	0.733
16-00	0.747	0.757	0.756	0.756	<b>0.758</b>	0.755

비슷한 수준을 유지하였다. EEA에서 RND전략에 의해 공생파트너를 선택하는 경우, 각 문제의 계산 시간은 평균적으로 약 75~248초, RNK는 약 90~290초 정도 소요되었다. 각 문제마다 계산시간에 차이가 발생하는 것은 K와 C값에 따라 적응도 테이블의 크기가 변하기 때문이다.

### 5.3 이진 스트링 커버링 문제에서의 결과

<표 5>부터 <표 7>은 이진 스트링 커버링 문제에서 SPA, SNA, EEA에 각각 여섯가지 공생파트너 선택전략을 적용하여 얻은 결과이다. <표 2>부터 <표 4>에서와 마찬가지로 각 문제마다 가장 좋은 성능을 보인 값이 진하게 표시되었으며, 동일한 값인 경우에는 계산소요시간이 짧은 것을 표시하였다.

이진 스트링 커버링 문제에 대한 실험결과도 NKC모델의 결과에서와 같이 전략들간의 뚜렷한 우열을 보이지 않았다. 전략들간의 계산소요시간 차이 역시 NKC모델과 같은 경향을 보여 RND가 가장 적게 소요되었으며, RNK가 가장 많이 소요되었다. EEA에서 목표스트링의 수가 6개이고 128비트인 문제에서 RND는 약 152초 소요되었고, RNK는 약 382초가 소요되었다.

<표 5> SPA에 대한 공생파트너 선택전략의 성능 결과(이진스트링커버링문제)

No. of target strings	No. of bits	SPM	RMP	RND	BST	SLN	RNK
3	64	59.48	59.15	<b>59.72</b>	59.62	59.32	59.71
	96	<b>88.57</b>	87.60	88.47	88.37	88.43	88.30
	128	108.20	108.10	108.77	<b>109.00</b>	108.87	108.63
4	64	52.30	52.43	52.60	52.68	<b>52.73</b>	52.65
	96	74.29	74.29	74.64	<b>75.17</b>	74.67	74.69
	128	99.30	99.03	<b>100.05</b>	99.20	99.40	99.48
5	64	49.89	49.85	<b>50.49</b>	50.07	50.35	50.01
	96	75.24	75.24	75.26	75.36	<b>76.02</b>	75.42
	128	98.00	97.86	98.18	<b>98.72</b>	98.38	98.30
6	64	48.97	48.97	48.92	<b>49.38</b>	49.28	48.90
	96	72.34	72.56	72.84	<b>73.12</b>	73.01	72.61
	128	94.46	94.38	94.99	95.08	94.93	<b>95.18</b>

〈표 6〉 SNA에 대한 공생파트너 선택전략의 성능 결과(이진스트링커버링문제)

No. of target strings	No. of bits	SPM	RMP	RND	BST	SLN	RNK
3	64	59.40	59.10	<b>60.10</b>	59.17	59.93	59.97
	96	88.93	<b>90.63</b>	89.47	88.93	89.20	89.73
	128	108.43	109.60	109.17	109.43	<b>109.63</b>	109.20
4	64	53.65	<b>53.68</b>	53.13	53.43	53.53	53.33
	96	75.65	75.33	<b>76.50</b>	75.65	75.40	75.48
	128	100.68	<b>101.13</b>	100.98	100.68	100.53	101.08
5	64	50.32	50.68	50.76	50.32	<b>50.82</b>	50.70
	96	75.38	75.38	75.62	<b>75.90</b>	75.04	75.56
	128	98.08	98.24	98.18	97.90	98.44	<b>99.30</b>
6	64	49.63	49.63	49.88	<b>49.98</b>	49.85	49.80
	96	72.45	73.13	73.15	72.85	<b>73.23</b>	72.97
	128	94.33	<b>95.32</b>	95.12	94.83	94.95	94.82

〈표 7〉 EEA에 대한 공생파트너 선택전략의 성능 결과(이진스트링커버링문제)

No. of target strings	No. of bits	SPM	RMP	RND	BST	SLN	RNK
3	64	62.07	61.80	61.97	61.90	<b>62.73</b>	62.33
	96	90.40	89.07	89.53	90.07	<b>90.77</b>	90.27
	128	<b>111.43</b>	108.27	110.40	110.30	109.47	109.73
4	64	54.53	54.03	54.40	<b>54.78</b>	54.75	54.73
	96	76.20	76.50	<b>77.30</b>	76.30	77.13	76.68
	128	102.98	102.50	103.15	103.90	104.20	<b>104.23</b>
5	64	50.26	50.52	51.10	51.18	50.68	<b>51.22</b>
	96	75.50	75.78	76.10	<b>76.90</b>	75.92	75.86
	128	97.74	97.66	<b>99.16</b>	98.62	98.70	98.56
6	64	50.28	50.63	50.53	50.37	50.62	<b>50.83</b>
	96	72.87	72.42	73.30	<b>74.30</b>	73.53	73.77
	128	98.20	98.12	98.27	98.87	98.80	<b>99.53</b>

5.4 결과분석

일반적으로 진화계산(evolutionary computation)의 범위 내에서 비교대상이 되는 알고리즘이나 전략들은 다양한 실험문제를 사용하고, 가장 좋은 해를 찾는 빈도에 따라 성능을 비교한다. 그러나 본 연구에서는 이러한 단순 비교방법을 사용하지 않고, 분산분석(analysis of variance)을 이용한 통계적 분석을 수행하였다. 분산분석은 복수개의 요인에 대하여 요인들간의 관측치 평균이 유의한 차이

를 보이는가를 통계적으로 분석하는 방법이다. 이때 귀무가설(null hypothesis)은 ‘모든 요인의 평균은 동일하다’이며, 대립가설(alternative hypothesis)은 ‘각 요인의 평균은 다 같지 않다’로 정의된다. 그리고 분산분석을 통해 구한 검정통계량  $F$ 에 따라  $F$ 분포표에서 유의확률의 값(p-value)을 구하고, 이 값이 유의수준(significance level)보다 작으면 귀무가설을 기각하여 요인의 평균들이 다 같지 않다는 결론을 내린다. <표 8>과 <표 9>는 SPSS ver 7.5를 이용하여 구한 두 실험문제에 대한 각 문제의 유의확률이다.

〈표 8〉 NKC 모델에서 각 문제별 유의확률

K-C	Algorithms			K-C	Algorithms		
	SPA	SNA	EEA		SPA	SNA	EEA
00-00	0.240	1.000	1.000	04-08	0.292	0.512	0.990
00-04	0.206	0.078	0.611	08-00	0.354	0.808	0.999
00-08	0.138	0.477	0.398	08-04	0.399	0.490	0.794
00-16	0.153	0.199	0.221	08-08	0.407	0.606	0.996
04-00	0.931	0.634	0.997	12-00	0.296	0.701	0.989
04-04	0.621	0.198	0.931	16-00	0.346	0.856	0.994

〈표 9〉 이진 스트링 커버링 문제에서 각 문제별 유의확률

No. of target strings	No. of bits	Algorithms			No. of target strings	No. of bits	Algorithms		
		SPA	SNA	EEA			SPA	SNA	EEA
3	64	0.290	0.107	0.853	5	64	0.080	0.138	0.214
	96	0.111	0.228	0.442		96	0.121	0.450	0.458
	128	0.090	0.481	0.502		128	0.095	0.110	0.157
4	64	0.214	0.199	0.556	6	64	0.154	0.577	0.840
	96	0.095	0.162	0.450		96	0.179	0.207	0.258
	128	0.129	0.155	0.242		128	0.159	0.410	0.698

<표 8>과 <표 9>에 제시된 유의확률을 통계적 검정에서 일반적으로 사용하는 유의수준 0.05와 비교하면 모든 값이 유의수준보다 높다. 이로써, 본 연구에서 다룬 NKC 모델과 이진 스트링 커버링 문제에 대해서는 각 요인의 평균이 다 같다는 귀무가설이 채택되어 공생파트너 선택전략이 알고리즘에 미치는 효과는 유의한 차이를 보이지 않는다고

말할 수 있다.

본 연구에서 사용한 공생파트너 선택전략들은 공생파트너 선택시 적응도가 선택기준으로 사용되는 전략과 임의성을 갖는 전략으로 분류된다. 적응도가 선택기준으로 사용되는 전략인 BST, RNK, SLN은 해공간의 집중 탐색이 가능하며, 적응도의 진동(oscillation)이 낮아 모집단 평균 적응도 측면에서 유리하다는 장점을 갖는다[3]. 그러나 공생파트너의 변화정도가 약하여 유전적 혼합(genetic mixing)의 정도가 낮고, 진화과정동안 잘못된 환경의 선택으로 인하여 한번 적응도가 낮게 평가된 개체는 공생파트너로 참여할 가능성이 낮다는 단점을 지닌다.

반면, 임의성을 갖는 전략인 SPM, RND, RMP는 앞의 세 전략에 비하여 공생파트너의 변화정도가 심하다. 이들 세 전략들은 다양한 해공간을 탐색하는데 유리하고, 편승(hitch-hiking)현상을 방지할 기회를 가질 것으로 기대된다. 공생진화 알고리즘에서의 편승현상은 완전해의 적응도에 대한 공헌도가 높지 않은 부분해가 공헌도가 높은 부분해의 공생파트너로 참여하여 마치 공헌도가 높은 것으로 인정되는 현상으로 정의할 수 있다. 임의적으로 공생 환경에 변동을 주면, 다양한 개체들이 공생파트너로 참여하여 이러한 현상을 방지할 기회를 가질 수 있을 것으로 본다. 그러나 임의성을 갖는 전략들은 공생파트너의 잦은 변동으로 인하여 해공간의 안정적 탐색을 유도하지 못하고, 탐색 방향의 일관성 유지가 어려울 것으로 보인다.

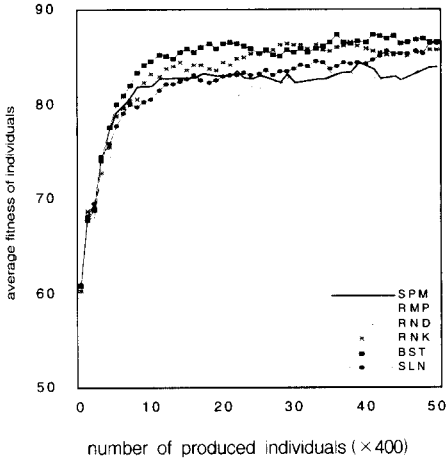
이상과 같이 본 연구에서 고려한 여섯가지의 공생파트너 선택전략들은 각각 많은 장단점을 지니고 있다. 그러나 NKC모델과 이진 스트링 커버링 문제에서는 이러한 장단점이 서로 보완적으로 상호작용하여 특정한 공생파트너 선택전략이 다른 전략들에 비해 우월한 성능을 갖지 않은 것으로 나타났다.

다음으로 세가지 공생진화 알고리즘에서 공생파트너 선택전략들이 보이는 모집단 평균변화와 최선해 갱신경향을 살펴보기로 하자. [그림 4]는 목

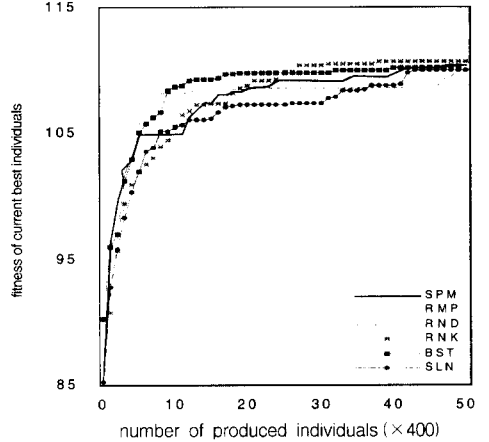
표스트링의 수가 3개이고, 128비트인 이진 스트링 커버링 문제에서 모집단 평균변화와 최선해 갱신 경향을 보인 것이다. [그림 4-a], [그림 4-c], [그림 4-e]에서 알수 있듯이, 적응도를 기준으로 공생파트너를 선택하는 전략들은 적응도를 고려하지 않는 전략들보다 모집단의 평균을 더 높게 한다. 이들은 공생파트너의 변동이 약한 전략들로써, 이들 전략에 의한 모집단 평균이 임의성을 갖는 전략들에 의한 경우보다 높다는 사실로부터 공생환경의 변화가 적을수록 모집단의 평균 측면에서 유리함을 알 수 있다. [그림 4-b], [그림 4-d], [그림 4-f]로부터 임의성을 갖는 전략들은 최선해의 갱신 회수는 적고, 진화과정동안 우연히도 높은 적응도를 부여해주는 공생파트너가 선택되면 이로부터 최선해를 갱신한다. 반면, 적응도를 기준으로 공생파트너를 선택하는 전략들은 최선해의 갱신 회수가 많아 꾸준히 최선해를 갱신해 나간다. 그러나 결국 진화가 안정되면 모든 전략은 비슷한 수준의 해를 탐색하는 것으로 나타났다. 이진 스트링 커버링 문제의 다른 실험문제나 NKC 모델에서도 이와 유사한 경향을 보였다.

한편, 표준편차 측면에서는 적응도를 고려한 전략들이 임의성을 지닌 전략들보다 낮은 값을 보였다. 적응도를 고려한 전략들의 표준편차는 반복실험 평균값의 약 7%미만이었으며, 임의성을 갖는 전략들은 평균값의 약 10~13% 정도의 표준편차를 보였다. 임의성을 갖는 전략들의 표준편차가 상대적으로 높은 것은 환경의 변화 가능성이 높기 때문인 것으로 판단된다. 이와 관련된 구체적인 결과는 지면의 제약상 생략하였다.

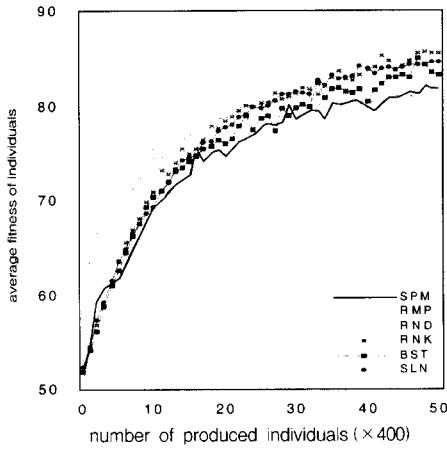
마지막으로, 세가지 공생진화 알고리즘간의 성능을 비교하면, EEA가 SNA, SPA에 비해 모집단의 평균이나 최선해 측면에서 가장 좋은 결과를 보였다. EEA가 다른 두 알고리즘에 비해 좋은 결과를 보인 것은 부분해와 완전해의 공존으로 인한 병렬 탐색과 집중 탐색의 조화가 알고리즘의 탐색 성능을 향상시킨 것으로 판단된다. 특히, EEA는 SNA나 SPA에 비하여 모든 문제에서 반복실험에



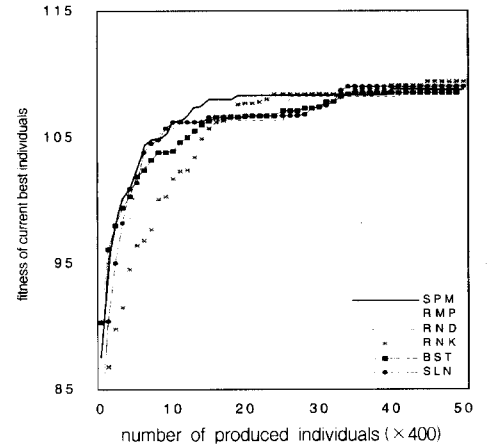
(a) EEA의 모집단 평균변화



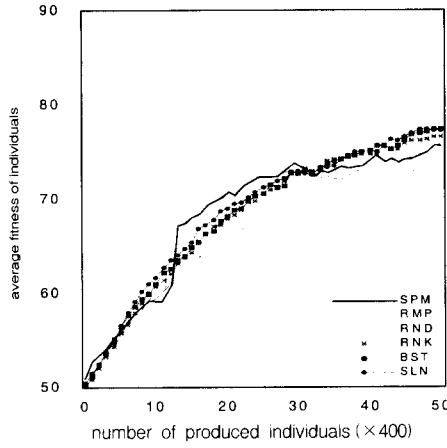
(b) EEA의 최선해 갱신경향



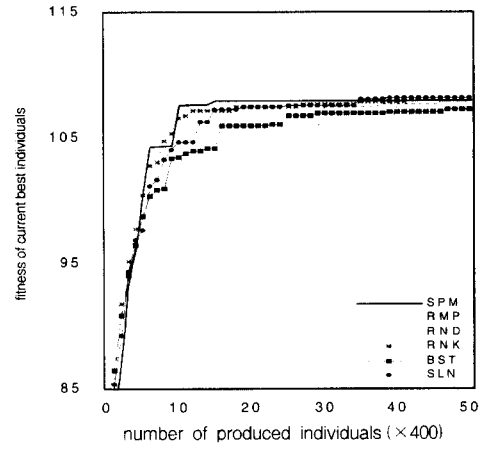
(c) SNA의 모집단 평균변화



(d) SNA의 최선해 갱신경향



(e) SPA의 모집단 평균변화



(f) SPA의 최선해 갱신경향

[그림 4] 모집단 평균변화와 최선해 갱신경향 비교

대한 표준편차가 낮아 안정적으로 해를 탐색하는 것으로 나타났다. SNA와 SPA를 비교하면, SNA가 SPA보다 최선해 측면에서 더 좋은 결과를 보였으며, SPA의 모집단 평균 차이가 가장 낮게 나타났다. 이로써 공생진화 알고리즘에서 이웃진화는 좋은 해로의 탐색을 유도하고, 다양한 해가 모집단에 분포되게 함으로써 좋은 해를 탐색할 가능성을 높인 것으로 여겨진다. 이러한 결과는 <표 2>부터 <표 7>까지의 결과에서도 확인할 수 있으며, Kim et al.[7]의 연구에서도 같은 결과를 얻었다.

## 6. 결 론

본 연구에서는 공생파트너 선택전략이 공생진화 알고리즘 탐색 성능에 미치는 영향을 분석하였다. 이를 위하여 NKC모델과 이진 스트링 커버링 문제를 대상으로 공생진화 알고리즘을 분류하고, 각 알고리즘에 여러 공생파트너 선택전략을 적용하였다. 그리고 공생파트너 선택전략들이 보인 알고리즘 성능 결과를 통계적 기법에 의해 분석하였다.

실험결과, 특성이 다른 두 문제-NKC모델과 이진 스트링 커버링 문제-에 대하여 알고리즘 성능에 대한 공생파트너 선택전략들의 효과는 통계적으로 유의한 차이를 보이지 않았다. 즉, 궁극적으로 좋은 해를 유도할 수 있는 공생파트너는 개체들이 지닌 적응도나 진화정보에 크게 의존하지 않음을 알 수 있었다. 공생파트너 선택전략이 알고리즘 성능에 미치는 효과가 통계적으로 유의한 차이를 보이지 않는다는 실험결과는 자연계에서 진화과정 동안 높은 적응도를 갖는 개체가 반드시 자신의 진화에 유리한 진화파트너를 선택하지 않는다는 주장[1]과 일치한다. 실험 분석 결과는 공생진화 알고리즘에서 공생파트너 선택전략이 해의 성능에 크게 영향을 미치지 않음을 보인다. 이는 공생진화 알고리즘의 설계에 있어서 공생파트너 선택 전략에 신중하게 고려할 필요가 없음을 의미한다. 현재의 진화시간에서 적응도가 높은 완전해를 유도하는 공생 파트너를 찾는다면 많은 계산 시간이 요구

될 것이다. 이 경우, 부분 문제가 많아지면 이에 소요되는 계산시간은 기하 급수적으로 증가하게 된다. 본 연구 결과로부터, 공생파트너는 계산소요시간과 구현의 용이성을 고려한 전략, 예로 임의 선택 전략(RND)을 선택하면 될 것으로 판단된다.

공생진화 알고리즘의 성능은 공생파트너 선택전략보다는 이웃진화 또는 병렬탐색과 집중탐색의 조화와 같은 모집단의 진화 전략이나 높은 적응도를 갖는 개체 결합의 유지 등에 더 영향을 받는 것으로 판단된다.

## 참 고 문 헌

- [1] 김명원, *생명과학 이론과 현상의 이해*, 라이프 사이언스, 1999, p.543.
- [2] Bull, L. and T.C. Fogarty, "Artificial symbiogenesis", *Artificial Life*, Vol.2, (1995), pp. 269-292.
- [3] Bull, L., "Evolutionary computing in multi-agent environments : partners", *Proceedings 7th International Conference on Genetic Algorithms*, East Lansing, (1997), pp.370-377.
- [4] Davidor, Y., "A naturally occurring niche and species phenomenon : the model and first results", *Proceedings 4th International Conference on Genetic Algorithms*, San, (1991), pp.257-263.
- [5] Hillis, W.D., "Co-evolving parasites improve simulated evolution as an optimization procedure", *Artificial Life II*, Vol.10, (1991), pp.313-324.
- [6] Kauffman, S.A., *The origins of order : Self-organization and selection in evolution*, Oxford University Press : New York, Oxford, 1993.
- [7] Kim, J.Y, Y. Kim and Y.K. Kim, "An endosymbiotic evolutionary algorithm for optimization", to appear in *Applied Intelligence*,

- 2000.
- [8] Kim, Y.K., J.Y. Kim and Y. Kim, "A co-evolutionary algorithm for balancing and sequencing in mixed model assembly lines", Vol.13, (2000), pp.247-258.
- [9] Kim, Y.K., S.J. Kim, and J.Y. Kim, "Balancing and sequencing mixed-model U-lines with a coevolutionary algorithm", to appear in *Production Planning & Control*, 2000.
- [10] Koza, J.R., *Genetic Programming*, The MIT Press, Cambridge, Massachusetts, 1992.
- [11] Maher, M.L. and J. Poon, "Modelling design exploration as co-evolution", *Microcomputers in Civil Engineering*, Vol.11, (1996), pp.195-210.
- [12] Moriarty, D.E. and R. Miikkulainen, "Forming neural networks through efficient and adaptive coevolution", *Evolutionary Computation*, Vol.5, (1997), pp.373-399.
- [13] Potter, M.A., "The design and analysis of a computational model of cooperative coevolution", Ph. D. dissertation, George Mason University, 1997.
- [14] Rosin, C.D. and R.K. Belew, "New methods for competitive coevolution", *Evolutionary Computation*, Vol.5, (1997), pp.1-29.
- [15] Whitley, D., "The genitor algorithm and selection pressure : why rank-based allocation of reproductive trials is best", Proceedings 3rd International Conference on Genetic Algorithms, Virginia, (1989), pp.116-121.