

분산 유전알고리즘의 TSP 적용

- Distributed Genetic Algorithms for the TSP -

박유석*

Park Yu Suk

Abstract

Parallel Genetic Algorithms partition the whole population into several sub-populations and search the optimal solution by exchanging the information each others periodically.

Distributed Genetic Algorithm, one of Parallel Genetic Algorithms, divides a large population into several sub-populations and executes the traditional Genetic Algorithm on each sub-population independently. And periodically promising individuals selected from sub-populations are migrated by following the migration interval and migration rate to different sub-populations.

In this paper, for the Travelling Salesman Problems, we analyze and compare with Distributed Genetic Algorithms using different Genetic Algorithms and using same Genetic Algorithms on each separated sub-population.

The simulation result shows that using different Genetic Algorithms obtains better results than using same Genetic Algorithms in Distributed Genetic Algorithms.

This results look like the property of rapidly searching the approximated optima and keeping the variety of solution make interaction in different Genetic Algorithms.

1. 서론

순회 판매원문제는 판매원이 임의의 도시에서부터 시작하여 주어진 도시들을 단 한 번씩만 방문하고 원래의 도시로 돌아오는 최소거리의 방문순서를 찾는 문제이다.

최근까지 순회 판매원문제에 대해 타부서치[13], 모의실험기법[13], 유전알고

* 명지대학교 산업공학과 박사과정 수료

리즘 [11][12][15][19] 등과 같이 효과적으로 해를 탐색할 수 있는 발견적 기법들이 적용되었다. 이중 유전알고리즘의 한 형태인 병렬 유전알고리즘은 전체 모집단에서 분할된 각각의 부분 모집단이 병렬로 진화하면서 주기마다 서로의 정보를 교환하여 다양한 해공간을 탐색할 수 있는 기법이다[4][8].

따라서, 순회 판매원문제와 같은 NP-Hard문제에 병렬 유전알고리즘을 적용한다면, 기하급 수적으로 늘어나는 해공간을 적은 소요시간에 효율적으로 탐색할 수 있을 것이다.

순회 판매원문제에 대한 병렬 유전알고리즘의 적용 연구로는 Heinrich[11]이 동일한 유전알고리즘을 사용한 섬모델방식의 병렬 유전알고리즘을 적용한 연구와, Giuseppe, Dalila와 Germinal[16]이 동기 주/종속(synchronous master/slave)형식의 '전역모델' PDGA(Parallel Distributed Genetic Algorithms)을 적용한 연구가 있다. 또한, Adamidis와 Petridis[15]가 분할된 모집단에 각기 다른 진화방식을 사용하는 CoPDEB(Co-operating population with different evolution behaviours)방식의 병렬 유전알고리즘을 적용한 연구가 있다.

본 연구에서는 순회 판매원문제에 대해 CoPDEB 방식을 사용하며, 각기 다른 연산자들로 구성되어 서로 다른 특성을 갖는 유전알고리즘들을 사용하는 분산 유전알고리즘을 적용하기로 한다. 그렇지만 경로표현에 '자연수'를 사용하기 때문에, 경로표현에 '이진수'를 사용한 기존의 Adamidis와 Petridis[15]의 연구와는 구분되며, 사용할 수 있는 적합한 연산자들도 또한 다르다.

본 연구의 구성은 다음과 같다. 2절에서는 순회판매원문제, 분산 유전알고리즘, 적용된 교차연산자와 돌연변이연산자에 대해 서술하였고, 3절에서는 실험 결과를 비교, 분석하였으며, 4절에서는 결론에 대해 서술하였다.

2. 이론적 고찰

순회 판매원문제는 대표적인 순서 조합문제로서 Np-hard문제이며, 도시수의 규모에 따라 탐색공간이 기하급수적으로 늘어나고, 또한 굉장한 연산시간을 유발한다[8]. 이러한 순회판매원 문제에 대해 유전알고리즘은 매우 효율적인 탐색기법으로서, 기존의 단일점으로 탐색하는 탐색기법과 달리 탐색공간을 다수의 가능해로 이루어진 모집단을 통하여 근사최적해를 찾는 것과 가능해 공간을 폭넓게 탐색하는 것 두 가지를 모두 만족시키는 기법이다.

유전알고리즘의 한 형태인 병렬 유전알고리즘은 몇 개의 서로 다른 부분모집단으로 해를 찾기 때문에 병렬연산에 의해 탐색 소요시간을 줄일 수 있는 잇점이 있으며, 해의 다양성을 유지하여 보다 폭넓은 탐색이 가능하다.

2.1 순회 판매원문제(Traveling Salesman Problem)

순회 판매원문제는 n개의 도시가 주어지고 i, j 도시사이의 거리가 $n \times n$ 거리행렬 (d_{ij})로 주어졌을 때 출발도시에서 가장 최소의 거리로 모든 도시를 단 한번씩 거쳐서 다시 출발 도시로 돌아오는 경로를 찾는 문제이다. 이러한 순회 판매원문제는 대표적인 순서문제로서 도시간의 인접정보와 순서정보를 활용하여 최소 거리경로를 찾을 수 있다.

2.2 분산 유전알고리즘

병렬 유전알고리즘은 하나의 큰 모집단을 여러 개의 부분모집단으로 나누어 서로 격리된 각 부분모집단이 서로 독립적이면서 병렬로 진화해 가는 유전알고리즘이다. 이 알고리즘은 하나의 모집단으로 해를 찾는 것보다 몇 개의 서로 다른 부분모집단으로 해를 찾는 것이 병렬계산에 의해 계산시간을 줄일 수 있으며, 부분탐색이 가능하고, 초개체(Super Individual)가 전체 모집단에 확산되는 속도를 늦춰 다양성을 유지할 수 있는데 기초하고 있다[4].

이제까지 제시된 병렬 유전알고리즘은 크게 섬모델과 이웃모델로 구분된다.

섬모델은 전체 모집단을 몇 개의 부분모집단 나누고 이들 각각의 부분모집단을 독립적으로 일정 세대 동안 진화시킨 후, 지정한 세대마다 부분모집단간의 정보 교류로 진화하는 모델로서 분산 유전알고리즘이라고도 한다. 본 연구에서는 분산 유전알고리즘이라고 하였다.

이웃모델은 전체 모집단의 각 염색체들을 부분모집단으로 설정하고, 이들을 다양한 격자구조로 배치하여 독립적으로 그 이웃에 있는 염색체들과 선택, 교차, 변이연산을 병렬로 행하면서 진화하는 모델로서 Cellular 유전알고리즘이라고도 한다[4].

그림 1은 일반적인 분산 유전알고리즘 수행단계이다.

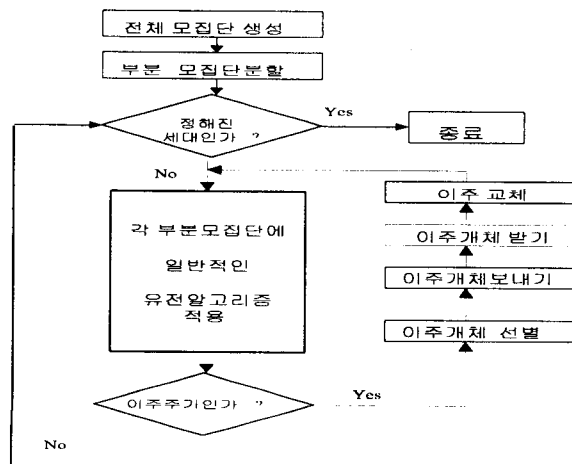


그림 1. 일반적인 분산 유전알고리즘 수행단계

본 연구에서는 단일 컴퓨터 처리시스템상에서 분산 유전알고리즘을 직렬로 구현한 구조를 사용하였고 전체 모집단을 2개의 부분모집단으로 나누고, 모든 이주개체들을 주고받을 수 있는 '완전연결형 섬모델'을 사용하기로 한다.

2.3 CoPDEB(Co-operating population with different evolution behaviours)

일반적인 분산 유전알고리즘이 각 부분모집단에 같은 진화방식을 사용하는 반면, CoPDEB는 각 부분모집단에 다른 진화방식을 사용한다. 이를 위해 각 부분모집단에 다양한 선택기법, 연산자, 정보교류방법, 매개변수들을 사용한다[15].

본 연구에서도 각 부분 모집단에 동일한 유전알고리즘을 적용하는 일반적인 분산 유전알고리즘이 아닌, 각기 다른 연산자들로 구성되어 서로 다른 특성을 갖는 유전알고리즘들을 CoPDEB방식으로 적용한 분산 유전알고리즘을 사용하기로 한다.

2.4 염색체 표현

유전알고리즘의 염색체 표현에는 이진 표현법과 벡터 표현법이 있다. 이진 표현법은 이진수(Binary)를 이용하는 표현법이며, 벡터 표현법은 인접 표현(Adjacency representation), 서수적 표현(Ordinal representation), 경로 표현(Path representation)과 같이 벡터를 이용하는 표현법이다. 여기서, 이진 표현, 인접 표현과 서수적 표현은 순회 판매원문제와 같은 순서 조합문제에서는 복귀알고리즘을 필요로 하여 적합하지 않은 것으로 알려져 있다[20]. 따라서, 본 연구에서는 방문하는 도시를 순서대로 나열하는 경로표현을 사용하였으며, 이에 적합한 유전연산자들을 사용하였다.

2.4 교차연산자 : OX연산자와 GSX연산자

교차연산자는 두 부모 경로간의 정보를 교환, 부모 경로의 특징을 결합하여 두 개의 유사한 자손 경로들을 구성하는 연산자이다.

본 연구에서는 경로표현에 적합한 교차연산자로서 순서정보를 이용하는 OX(Order Crossover)연산자와 인접정보와 거리정보를 이용하는 GSX(Greedy Selection Crossover)연산자를 적용하였다.

첫째, OX연산자[2][3][4][8][20]는 경로표현에서 도시들의 위치대신 순서가 더 중요하다는 사실을 이용한 순서교차 방식으로써, 임의의 두 절단점을 지정하여 한 부모의 중간부분은 그대로 자손에 상속하고, 다른 한 부모에서는 앞 부모의 중간 부분에 있는 인자들을 제외하고 상대적 순서를 보존하여 한 자손을 생산하는 교차이다.

둘째, GSX는 Runwei Cheng 과 Mitsuo Gen[12]이 제안한 휴리스틱(heuristic) 교차 방식으로써, 우선 임의의 도시를 선정하여 자손의 처음 출발하는 도시로 선정하고, 각각의 부모로부터 그 도시와 인접한 도시들의 거리를 비교하여 가장 짧은 거리를 갖는 도시를 선택하고 재배치하는 방법으로 자손을 생성한다.

2.5 돌연변이 연산자 : 역치 연산자와 확률적 연산자

돌연변이연산자는 다양한 해공간의 탐색을 제공하고, 세대 초기에 근사최적해로의 수

럼을 방지하는 역할을 한다.

본 연구에서는 역치 연산자와 확률적 연산자를 적용하였다.

첫째, 역치 연산자[2][3][4][8][20]는 돌연변이율에 의해 임의로 선정된 경로안에서 두 전위점을 선택하고, 선택된 부분경로를 역순으로 재배치시키는 돌연변이연산자이다.

둘째로, 확률적 연산자는 역치 연산자와 3-opt기법[1]을 이용한 3-opt돌연변이연산자[10]를 결합한 돌연변이연산자로서, 돌연변이율에 의해 선정된 임의의 경로에 다시 0과 1의 난수를 발생시켜 만약, 난수가 0이면 3-opt변이연산자를 적용하고, 1이면 역치 연산자를 적용하는 돌연변이연산자이다.

3. 실험 결과 및 분석

실험에 염색체의 표현은 '자연적 자료구조'[20]를 사용하는 순열표현법(permutation representation)을 사용하였고, 도시 경로의 자료는 TSPLIB[14]의 공개자료 중 29개 도시와 52개 도시를 선택하였다.

전체 모집단의 초기경로는 무작위로 작성하였으며, 각각 29개 도시는 80개와 52개 도시는 100개로 설정하였다. 또한, 각각 2개로 분할된 부분모집단의 크기는 40개와 50개이다.

실험에 사용된 유전 연산자들은 라울렛 휠 선택기법, 토너먼트 선택기법, GSX 교차연산자, OX 교차연산자, 역치 변이연산자와 3-opt와 역치를 확률적으로 사용하는 확률적 돌연변이연산자이다. 실험은 Pentium 933MHz에서 Mathematica[5][6][18]로 작성하고 실험하였다.

실험 구성은 다음과 같다.

<구성 A> 라울렛 휠 선택기법, GSX교차연산자와 역치 연산자로 구성된 유전알고리즘

<구성 B> 토너먼트 선택기법, OX교차연산자와 확률적 변이연산자로 구성된 유전알고리즘

<구성 C> 동일한 <구성 A>를 사용한 분산 유전알고리즘

<구성 D> 동일한 <구성 B>를 사용한 분산 유전알고리즘

<구성 E> 각 부분모집단에 각각 <구성 A>와 <구성 B>를 사용한 CoPDEB방식의 분산 유전알고리즘

표 1. 실험 자료 1 : 29개 도시 대상 실험결과

| 실험 번호 | 구성 | 모집단 크기 | 교차율 | 돌연 변이율 | 이주주기/ 이주개수 | 세대수 | 결과치 | 소요 시간 |
|----------|----|-----------|-----|-----------|---------------|-----|---------------------|--------------------|
| 1 | A | 80 | 0.6 | 0.09 | -/- | 150 | 9423 | 186초 |
| 2 | B | 80 | 0.6 | 0.09 | -/- | 150 | 10009 | 115초 |
| 3 | C | 80 | 0.6 | 0.09 | 6/2 | 150 | 9422 | 152초 |
| 4 | D | 80 | 0.6 | 0.09 | 6/2 | 150 | 9723 | 40초 ⁽¹⁾ |
| 5 | E | 80 | 0.6 | 0.09 | 6/2 | 150 | 9094 ⁽²⁾ | 93초 |

(1) 최소 소요시간

(2) 최소 근사해

표 1.의 실험자료 1은 29개 도시를 대상으로 실험한 결과이다. 실험번호 1과 실험번호 2에 교차율은 0.6과 돌연변이율은 0.09를 적용하였고, 실험번호 3부터는 동일한 교차율과 돌연변이율에 적용하고, 이주주기는 6세대와 이주율은 0.05%(이주하는 개체수/부분모집단의 크기)로 하였다. 매개변수의 초기 설정값은 박유석,김병재[7]에서 사용했던 매개변수 값을 토대로 하였다.

실험을 통하여 단일 유전알고리즘으로 구성된 <구성 A>와 <구성 B>보다 분산 유전알고리즘을 적용한 <구성 C>, <구성 D>와 <구성 E>에서 적은 소요시간으로 보나 나온 근사해를 구할 수 있었다. 또한 서로 다른 유전알고리즘들로 구성된 분산 유전알고리즘인 <구성 E>에서 TSPLIB에서 제시된 최적 경로와 동일한 결과치를 구할 수 있었고, 탐색소요 시간은 <구성 D>가 가장 짧았다.

표 2. 실험 자료 2 : 52개 도시 대상 실험결과

| 실험 번호 | 구성 | 모집단 크기 | 교차율 | 돌연 변이율 | 이주주기/ 이주개수 | 세대수 | 결과치 | 소요 시간 |
|----------|----|-----------|-----|-----------|---------------|-----|---------------------|---------------------|
| 6 | A | 100 | 0.6 | 0.05 | -/- | 300 | 5684 | 788초 |
| 7 | B | 100 | 0.6 | 0.05 | -/- | 300 | 6962* | 283초 |
| 8 | C | 100 | 0.6 | 0.05 | 15/5 | 300 | 5664 | 775초 |
| 9 | D | 100 | 0.6 | 0.05 | 15/5 | 300 | 10035* | 176초 ⁽¹⁾ |
| 10 | E | 100 | 0.6 | 0.05 | 15/5 | 300 | 5660 ⁽²⁾ | 487초 |

(1) 최소 소요시간

(2) 최소 근사해

* 증가된 결과치에 대한 비교

표 2.의 실험자료 2는 52개 도시에 대한 결과이다. 실험번호 6과 7은 교차율 0.6과 돌연변이율 0.05를 적용하였고, 실험번호 8에서 실험번호 10까지는 동일한 교차율과 돌연변이율에 이주주기 15세대와 이주율 0.1%를 적용하였다.

실험결과, 실험자료 1과 마찬가지로 <구성 E>에서 TSPLIB에서 제시된 최적 경로와 동일한 결과치를 구할 수 있었으며, 다른 점은 표 2.에 *로 표시한 것처럼 <구성 D>가 <구성 B>보다 탐색시간은 빠른 반면, 근사해 값이 크다는 것이다. 이것은 부분모집단의 크기가 염색체의 길이보다 작기 때문에 해탐색이 원활하지 않은 것으로 보이며[8][9][20], 또한, OX교차방식에 비해 GSX교차방식이 모집단의 크기에 영향을 적게 받는다는 것을 알 수 있다.

다음은 <구성 A>, <구성 B> 그리고 <구성 E>에 대해 그래프로써, 해의 개선과정을 비교 분석하였다.

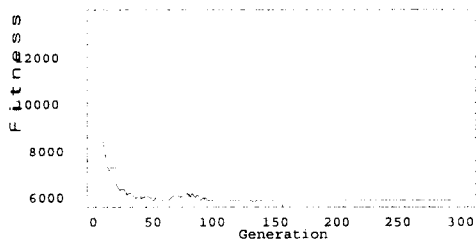


그림 2.<구성 A>만에 대한 결과 그래프

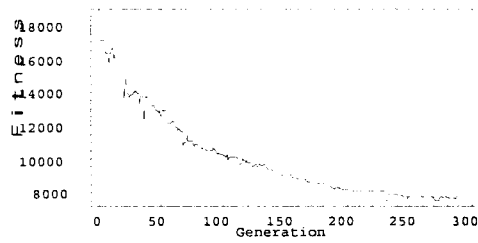


그림 3.<구성 B>만에 대한 결과 그래프

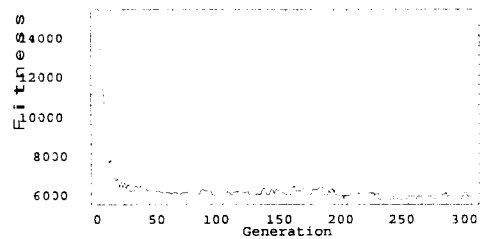


그림 4.<구성E>안의 <구성 A>의 결과 그래프

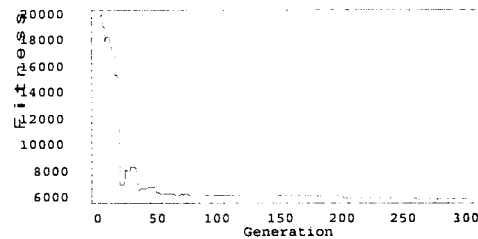


그림 5.<구성E>안의 <구성 B>의 결과 그래프

그림 2.와 그림 3.은 실험번호 6과 7에 대한 결과 그래프이다. 그림 2.에서 <구성 A>은 초기에 빠르게 근사해에 접근하지만 조기 수렴함을 알 수 있고, 그림 3.의 <구성 B>는 해의 개선은 느리지만, 해의 다양성을 유지하는 것을 알 수 있다.

또한, 그림 4.과 그림 5.의 그래프를 보면, <구성 E>안의 <구성 A>는 그림 2.의 <구성 A>와 달리 빠르게 해를 탐색하면서 해의 다양성을 유지하는 것을 알 수 있고, <구성 E>안의 <구성 B>는 그림 3.의 <구성 B>와는 달리 <구성 A>에서 이주해온 개체로 인해 초기에 빠르게 해가 개선되고, 후반부에서는 안정적으로 근사최적해로 수렴함을 알 수 있다.

추가적으로 52개 도시를 대상으로 <구성 A>를 반복적으로 실험한 결과, 모든 실험에서 20세대의 전·후반부까지 급속히 해 개선이 이루어지며, 30세대 후반부터는 완만하게 해 개선이 이루어진다는 것을 알았다. 이것은 <구성 A>가 빠르게 해를 개선할

수는 있지만, 초기에 유의하지 않은 빌딩블록(Building block)[2][3][4][8][20]이 빠르게 형성됨으로써 해의 다양성이 감소되어 조기수렴의 원인이 된다는 것이다. 따라서, <구성 E>에서 동일한 이주율에 15세대의 이주주기를 10세대로 줄여 실험한 결과, 보다 안정적으로 근사최적해로 수렴함을 알 수 있었다.

이상의 실험 결과, 동일한 유전알고리즘을 사용한 분산 유전알고리즘보다 서로 다른 유전알고리즘들을 사용한 분산 유전알고리즘이 각 부분모집단에 사용된 유전알고리즘들이 가지고 있는 각기 다른 특성들의 상호작용에 의해 보다 나은 근사해로 수렴함을 알 수 있다.

4. 결론

본 연구에서는 순회판매원문제에 대해 병렬 유전알고리즘 중 섬모델 방식인 분산 유전알고리즘을 적용하였으며, 분할된 각 부분모집단에 동일한 유전알고리즘을 사용하는 방식과 서로 다른 유전알고리즘들을 사용하는 방식의 두 가지 분산 유전알고리즘을 29개와 52개 도시를 대상으로 실험하였다.

실험 결과, 29개와 52개도시 모두에서 각 분할된 부분모집단에 동일한 유전알고리즘을 사용한 분산 유전알고리즘보다 서로 다른 특성을 갖는 유전알고리즘들을 사용한 분산 유전알고리즘이 만족할 만한 근사최적해를 구했다. 이것은 일정 세대 진화 후, 일어나는 이주(migration)과정에서 각 부분모집단들에 사용된 서로 다른 유전알고리즘들이 가지고 있는 특성간의 정보교환이 잘 이루어졌기 때문이다. 즉, 빠르게 초기 근사해를 탐색하는 특성과 해의 다양성을 유지하는 특성간의 상호작용이 잘 이루어져 만족할 만한 결과를 얻었다.

앞으로 개선된 발견적 유전알고리즘[19], 지역탐색 유전알고리즘[9], 그리고 Lin-Kernihan기법[17]을 적용한 돌연변이연산자등과 같은 다양한 유전알고리즘들과 연산자들을 사용하여 병렬 유전알고리즘 모델을 구성하고, 이를 컴퓨터 병렬처리시스템에 적용함으로써, 충분히 큰 범위의 문제에서도 적은 소요시간으로 근사최적해를 찾기 위한 연구가 필요하다.

5. 참고문헌

- [1] 강맹규 저, 네트워크와 알고리즘, 박영사, 1991.
- [2] 공성곤·김인택·박대희·박주영·신요한 공역, 유전자 알고리즘 입문, 진영사, 1997.
- [3] 기타노 히로아키 편, 조성배 역, 유전자 알고리즘, 대청컴퓨터월드, 1996.
- [4] 김여근·윤복식·이상복 공저, 메타 휴리스틱, 영지문화사, 1997.

- [5] 류재구, 매스매티카, 크라운출판사, 1995.
- [6] 류재구 저, 매스매티카 3.0, 크라운출판사, 1997.
- [7] 박유석, 김병재, “병렬 모집단 진화프로그램을 이용한 강의시간표작성에 관한 연구”, 공업경영학회지 Vol.22, No. 52, pp 275-284, 1999.
- [8] 진강규 저, 유전알고리즘과 그 응용, 교우사, 2000.
- [9] A. T. Jarmo, “On Optimal Population Size of Genetic Algorithms”, *IEEE*, pp.65-70, 1992.
- [10] B. Freisleben and P. Merz, “A Genetic Local Search Algorithm for Solving Symmetric and Asymmetric Traveling Salesman Problems”, in *Proceedings of the 1996 IEEE International conference on Evolutionary Computation*, pp.616-621, 1996.
- [11] B. Heinrich, “On Solving Travelling Salesman Problems by Genetic Algorithms”, *Proceeding of the 1st Workshop*, PPSNI Dortmund, FRG, October 1-3, 1990.
- [12] C. Runwei, G. Mitsuo, “Crossover on Intensive Search and Traveling Slaesman Problem”, *Computers ind. Engng*, Vol.27, Nos1-4, pp.485-488, 1994.
- [13] G. Laporte, “The Traveling Salesman Problem : An overview of exact and approximate algorithms”, *European Journal of Operational Research* 59, 231-247, 1992.
- [14] G. Reinelt, “TSPLIB-A Traveling Salesman Problem Library”, *ORSA Journal on Computing*, Vol.3, No.4, pp.376-384, 1991.
- [15] P. Adamidis, V. Petridis, “Co-operating populations with different evolution behaviours” *Proceedings of the 1996 IEEE International conference on Evolutionary Computation*, pp.188-191, 1996.
- [16] S. A. Giuseppe, M. Dalila, I. Germinal, “Implementation of a Parallel Genetic Algorithm on a cluster of workstation: Traveling Salesman Problem, a case study” *Future Generation Computer System* 17, pp477-488, 2001.
- [17] S. Lin, B. W. Kenighan, “An effective heuristic algorithm for traveling salesman problem, *Operations Research*, Vol.21, pp.498-516, 1973.
- [18] S. Wolfram; Mathematica, Addison-Wesley, 1991.

- [19] Takenaka, Funabiki, "An Improved Genetic Algorithm Using the Convex Hull for Traveling Saleman Problem", *Proc. IEEE Inter. Conf. on System, Man and Cybernetics*, Vol.3, pp.2279-2284, 1998.
- [20] Z. Michalewicz ; Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Springer-Verlag, 1992.

저 자 소 개

박유석 : 명지대학교 산업공학 학사
명지대학교 산업공학 석사
명지대학교 산업공학 박사과정 수료
관심분야 : 조합최적화, 인간공학