

채널할당을 위한 효율적인 유전자 알고리즘

Efficient Genetic Algorithm for Channel Assignment

김 성 수* 김 근 배**
Kim, Sung-Soo Kim, Kun-Bae

Abstract

The objective of this paper is to develop an efficient genetic algorithm (GA) to find a channel assignment method for minimum interference among the channels within reasonable time. The series of specific channel number is used as a representation of chromosome. We use minimum-channel-distance encoding scheme within the same cell to consider cosite channel interference (CSI) when chromosomes are generated. The cell base crossover is also used. This proposed method improves solution quality within limited time.

키워드 : 효율적인 유전자 알고리즘, 채널 할당

Keywords : *efficient genetic algorithm, channel assignment*

1. 연구의 배경 및 목적

무선 통신 서비스에 대한 폭발적인 수요와 제공할 수 있는 제한된 채널에 대한 문제는 이제 더 이상 새로운 것이 아니다. 제한된 채널로 고객의 수요를 충족시키기 위해서는 채널을 효율적으로 재사용함으로써 최적 할당하는 것이 요구된다. 그러므로 채널 할당 문제는 더욱 더 중요하다. 채널 할당의 목적은 각 셀의 수요를 만족시키면서 각 셀과 채널간의 간섭현상을 최소화 하는 것이다. 여기서 셀은 네트워크상의 특정한 지역으로서 각 셀 내에서 매 순간마다 급변하게 수요가 발생하는 것이다. 셀의 수요를 충족시키기 위해 채널을 할당하게 되는데 채널 할당이 최적으로 이루어지지 않으면 채

널들간의 간섭현상과 채널 자원의 비효율성이 발생하게 된다. 채널간의 간섭은 다음의 세 가지로 분류할 수 있다. 즉, co-channel interference(CCI), co-site interference(CSI), adjacent-channel interference(ACI)이다. CCI는 서로 다른 셀에서 사용자들이 같은 채널을 사용할 경우 발생하는 간섭 문제이다. CSI는 같은 셀 내에서 사용자들이 서로 다른 채널을 사용할 경우의 채널간의 간섭의 정도를 나타내는 것이다. ACI는 서로 다른 셀 간에 할당되어 있는 서로 다른 채널간의 간섭의 정도를 나타낸다. 이 세 가지 간섭 현상을 고려하여 채널을 최적으로 설계해야 한다. 이 간섭의 현상은 적합 행렬을 사용하여 표현되는데, 셀의 수를 행과 열로 하는 2차원 행렬의 형태로 표현되어진다.

본 논문의 목적은 무선통신 네트워크에서 채널의 수요를 충족시키고, 채널들 간의 간섭의 정도를

* 강원대학교 산업공학과 조교수, 공학박사

** 강원대학교 산업공학과 대학원 석사과정

최소화하는 것이다. 이 목적을 위해 기존 채널 할당 방법의 문제점을 분석 평가하여 원인을 규명하고, 개선책을 제시하여 기존 방법과 비교 평가하고자 한다. 특히, 염색체를 셀 내의 간섭이 없이 생성하여 우수한 염색체를 확보하고 1차원 염색체 사용과 변별력 있는 평가함수 적용과 함께 셀 단위의 교배 방식을 채택함으로써 효율적인 유전자 알고리즘을 개발하는 것이 본 논문의 목표이다.

2. 채널 할당에 대한 기존 연구

부선 통신에서 채널의 수요는 시간적 공간적으로 변화가 심하여 변화된 수요가 있을 때 필요시 채널을 할당하여 수요를 충족시켜야 한다.

채널할당문제는 NP-hard로 간주되어 최적값의 근접값을 찾아내는 알고리즘이 적용되어 왔다. 최근에는 simulated annealing, neural networks 그리고 유전자 알고리즘(GA)과 같은 탐색기법을 사용하여 최적해를 구하고자 하는 연구가 많이 진행되고 있다[2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9]. 유전자 알고리즘은 방향성 있는 탐색과 확률탐색의 요소가 결합하여 많은 문제에 성공적으로 적용되어 왔다. 그러나 유전자 알고리즘은 세대를 반복함으로써 우성 염색체를 확률적으로 진화시켜 최적해를 찾는 알고리즘이므로 세대 반복 수를 증가시키면 우수한 해를 찾을 확률이 높아지지만 수행시간이 비례적으로 증가한다. 따라서 유전자 알고리즘은 특정 시간 내에 해를 얻을 수 있으나, 해의 우수성은 제한된 시간에 따라 다를 수 있다. 그러므로 최적해의 정확도와 필요시기에 따라 유동적으로 제한시간을 조절할 수 있다.

유전자 알고리즘을 적용하기 위해 먼저 몇 가지 고려해야 할 문제가 있다. 염색체를 어떻게 표현할 것인가? 교배와 돌연변이는 어떤 방법으로 할 것인가? 염색체를 평가할 수 있는 평가함수는 무엇인가? 등이 그 문제이다. 이러한 문제는 프로그램의 수행시간과 메모리의 사용률, 그리고 최적해에 가까워지는 수렴성에 큰 영향을 주어 신중하게 결정해야 하는 문제이다.

Smith(1998)는 염색체를 표현하는 데 2차원 행렬을 이용하였다. 전체 셀의 크기를 행으로 하고 할당이 가능한 모든 채널 수를 열로 하여 각 셀에 특정 채널이 할당이 되면 1을 표시하고 할당이 되지 않으면 0을 표시하여 나타내었다. 평가 함수 값은 각 채널과 다른 채널간의 간섭 정도의 차이를

계산하여 표현하였다[9]. 이 논문의 장점은 평가 함수 값이 좋은 염색체와 나쁜 염색체를 변별하는데 유리하다는 것이다. 그러나 염색체를 2차원 배열로 표현하여 기억용량의 소비가 많고 이로 인해서 계산시간이 오래 걸리는 단점이 있다. 이것은 셀의 크기와 채널의 수가 증가할수록 계산시간과 기억용량이 지수함수의 형태로 증가하므로 빠른 시간에 최적해를 찾는 것이 쉽지 않다.

Lai와 Coghil(1996)은 염색체를 1차원 배열로 표현하였다. 각각의 셀에 필요한 채널 수의 합을 길이로 하여 각 할당구역에 채널을 각각 할당하였다. 교배방법은 두 점 교배를 하였고, 교배과정에서 셀 내의 채널의 중복을 피하기 위해 PMX방식을 사용하였다. 돌연변이는 하나의 채널을 임의의 채널로 변환하였다[8]. 이 논문의 장점은 염색체 표현을 1차원으로 표현하여 상대적으로 계산시간과 기억용량의 효율성이 좋다는 것이다. 그러나 염색체의 평가 함수 값을 채널간의 간섭현상이 발생하지 않으면 1을, 간섭이 발생하면 0의 점수를 주어 계산하므로 좋은 염색체와 나쁜 염색체의 변별력이 떨어지는 단점이 있다.

김성수의 2명의 논문(2001)은 위의 두 논문의 장점을 살리고, 단점을 보완하여 유전자 알고리즘을 개발하였다. 먼저 기억용량의 효율성이 좋은 1차원 배열로 염색체를 표현하였는데, 각각의 셀 내에 같은 채널이 할당되지 않도록 하였다. 그리고, 염색체간의 변별력을 높이기 위해 염색체의 어느 한 채널을 기준으로 다른 각각의 채널들과의 간섭의 정도를 계산한 총합을 평가 함수 값으로 하였다. 교배는 두 점 교배와 셀 내의 채널의 중복을 피하기 위해 PMX(Partially Matched Crossover)방식을 사용하였다. 돌연변이는 하나의 채널을 셀 내의 중복을 일으키지 않는 임의의 다른 채널로 변환하였다[2]. 이 논문은 기존의 두 채널할당 논문의 장점을 효율적으로 적용하고 단점을 보완하여 기존의 논문보다 효율적인 결과를 보였다. 그러나 교배과정에서 사용한 PMX 방식으로 인해 계산시간의 비효율성을 초래할 수 있다.

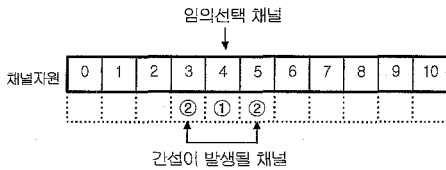
본 논문에서는 유전자 알고리즘을 사용하여 채널할당을 하는 위 논문들의 문제점을 해결하기 위하여 메모리 사용률이 적은 1차원 염색체를 사용하였고 간섭량이 적은 우수한 초기 염색체를 생성하는 방법을 제안하였다. 또한, 변별력이 우수한 평가함수를 적용하였고, 계산 시간을 줄이면서 최적해를 찾을 수 있는 셀 간 교배방법을 제시하였

다. 4절에서 25개 셀 예제를 통하여 본 논문에서 사용한 평가함수가 우수함을 검증하였고, 1차원 염색체를 사용하고 셀간 교배를 사용함으로써 최적해 또는 근접해를 찾아내는데 효율적임을 증명하였다.

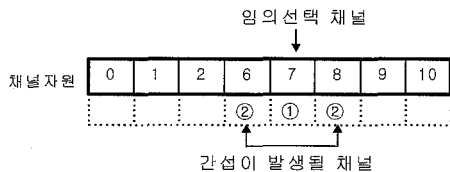
3. 효율적인 유전자 알고리즘을 이용한 채널할당 방법

3.1 염색체 표현방식과 초기 염색체의 생성방법

염색체는 1차원 배열로서 각각의 셀에 필요한 채널의 수를 연속적으로 배열하여 표현하고, 할당이 가능한 채널 자원 내의 채널을 할당하여 염색체를 완성한다. 본 논문에서는 염색체에 채널을 할당하는 과정에서 두 가지 제약사항을 두었다. 첫째, 각 셀 내에 같은 채널이 할당이 되지 않도록 한다. 둘째, 각 셀 내에 이미 할당된 채널로 인하여 간섭이 발생하는 채널이 할당이 되지 않도록 한다. 이 두 가지 제약사항을 고려하여 채널을 할당하는 방법이 아래의 그림에 나타나 있다.



(a) 채널 할당 전의 채널자원



(b) 채널 4 할당 후의 채널자원

그림 1. 할당 가능 채널의 선택

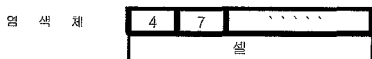


그림 2. 셀 내에서 염색체의 채널 할당과정

그림 1. (a)에서 총 할당이 가능한 채널 자원은

11개 채널이고, 셀 내의 간섭이 발생하지 않는 최소 채널 간격이 2인 경우, 채널 자원 중에 임의의 채널 4를 선택하여 그림 2.와 같이 염색체에 할당하고, 그림 1. (a)에서 ①로 표시된 할당된 채널과 ②로 표시된 할당된 채널로 인하여 간섭이 발생할 채널 3, 4를 선택이 되지 않도록 고려한 그림 1. (b)의 채널 자원 중에서 임의의 채널 7을 선택하여 그림 2.와 같이 같은 셀의 다음 채널을 할당하였다.

이런 방식으로 할당한 초기 염색체는 다음의 장점이 있다. 먼저, 각 셀에 같은 채널이 할당되지 않도록 한가지만 고려하여 생성한 초기 염색체에 비해 CSI가 없는 염색체가 생성되어 염색체의 총 간섭의 정도가 많이 줄어든 염색체를 생성할 수 있다. 그리고, 이미 염색체의 셀 내에는 CSI가 존재하지 않기 때문에 두 셀 기준의 교배방식을 적용함으로써 최적해 또는 근접해를 구하는데 계산 시간이 많이 줄어든다. 이 내용은 3.4 절에서 구체적으로 설명하기로 한다. 마지막으로 염색체의 간섭의 정도가 많이 줄어든 우수한 초기 염색체 생성으로 인하여 최적해로의 수렴성을 향상시킬 수 있다. 이 내용은 4절에서 25개 셀 예제를 적용하여 기존 방법들과 비교 분석하여 검증하였다.

3.2 채널간의 간섭의 정도에 따른 평가 함수

염색체의 평가 함수는 염색체의 우열을 가리기도 하지만 진화 프로그램의 진행 과정에서 상대적으로 열등한 염색체는 자연 탈락하고, 우수한 염색체는 교배와 돌연변이 과정을 통해 보다 우수한 염색체로 진화할 수 있도록 유도하는데 중요한 잣대가 된다. 그러므로 염색체의 평가는 우수한 염색체와 그렇지 않은 염색체의 구분이 뚜렷하게 나타나도록 해야 한다.

식 (1) 은 김성수의 2명의 논문에서 제시한 평가 함수이다. 이 평가함수는 염색체의 하나의 채널을 기준으로 그 채널과 다른 각각의 채널들의 간섭 정도의 합을 나타낸다.

$$\text{Minimize } \sum_{i=1}^N \sum_{k=1}^{D_i} \sum_{j=1}^N \sum_{l=1}^{D_j} P_{ij}(1 + |x_{ik} - x_{jl}| + 1) \quad (1)$$

제약식

$$P_{i,j,m+1} = \max(0, P_{i,j,m} - 1) \quad (2)$$

$$P_{i,j,1} = \begin{cases} C_{ij} & \text{if } i \neq j \\ 0, & \text{if } i = j \end{cases}$$

$$\begin{aligned}
 & i, j = 1, 2, 3, \dots, N \\
 & k = 1, \dots, D_i \\
 & l = 1, \dots, D_j
 \end{aligned}$$

위의 식에서,

N : 셀의 개수

X_{ik} : i 번째 셀의 k 번째 유전자에 할당 된 고유 채널 번호, 사용할 수 있는 채널의 범위에서 선택, 만약 채널수가 M 개라면 $1, 2 \dots M$ 중에서 선택

P_{ijm} : 채널 X_{ik} 와 X_{jl} 채널간의 채널차이 $(m-1)$ 가 적합행렬에 위반될 때 갖는 벌점

C_{ij} : 적합행렬

D_i : 셀 i 의 채널 수요량

식 (2)에서 $P_{i,j,m+1} = \max(0, P_{i,j,m} - 1)$ 은 셀 i 와 j 의 채널간에 최소 채널 간격보다 작을 경우 벌점이 1만큼씩 감소한다고 가정된 것이다(간섭의 정도가 감소한다).

3.3 염색체 재 선택 및 Elitist Pool방식의 적용

유전자 알고리즘에서 염색체의 선택은 적합도 값에 기초한 확률적인 방법에 의해 새로운 것을 선택하는 룰렛 휠 방식을 사용한다. 룰렛 휠 방식을 적용하기 위해 본 논문에서는 객관적이고, 변별력이 우수한 적합도 값 p_i 을 사용하였다.

$$t_i = \frac{\max_{1 \leq i \leq n} (F_i) - F_i + \min_{1 \leq i \leq n} (F_i)}{\dots} \quad (3)$$

$$\begin{aligned}
 T &= \sum_{i=1}^n t_i \\
 p_i &= t_i / T \quad (4)
 \end{aligned}$$

n = 염색체 수

F_i : 염색체 i 의 평가값 F

t_i : 염색체 i 의 조정 값

$\max_{1 \leq i \leq n} (F_i)$: 1에서 n 까지의 염색체 중에서 평가값 F 가 가장 큰 값

$\min_{1 \leq i \leq n} (F_i)$: 1에서 n 까지의 염색체 중에서 평가값 F 가 가장 작은 값

식 (3)에서 t_i 값은 염색체 집단에서 가장 좋은 염색체의 평가 함수 값과, 가장 나쁜 염색체의 평가 함수 값을 기준으로 평가 함수 값이 작은 염색체가 큰 수의 값을 갖도록 조정된 것이다. 즉, 가장 좋은 평가 함수 값의 t_i 값은 가장 나쁜 평가 함수 값으로 표현되며 다른 t_i 값들은 가장 좋은 평가 함수 값과의 차이만큼 작은 값으로 표현된다. 이렇게 구한 t_i 값의 총 합인 T 에 대한 각 t_i 의 상대적인 비율을 구하여 적합도 값으로 정하였다.

식 (4)의 적합도 함수 값을 각 세대마다 구한 평가 함수 값들 사이의 차이를 고려한 값이므로 객관적이고, 변별력이 우수하다.

선택의 강도와 염색체 집단의 다양성은 초기세대에서는 염색체의 다양성을 강하게, 선택의 강도를 약하게 시작하여 지역 최적치의 해가 선택될 확률을 줄이고, 세대가 진행할수록 선택의 강도를 강하게, 다양성의 강도를 줄이면서 빨리 최적치에 수렴할 수 있도록 하였다. 이를 위해 본 논문에서도 Elitist Pool 방식을 사용하였다.

3.4 교배방식

1차원으로 표현된 염색체의 두 점 교배 (two-point crossover) 방식은 염색체 임의의 두 위치를 정하여 두 점 사이의 채널을 교환하는 방법이다. 이 방법은 교배로 인하여 같은 셀에 같은 채널이 할당이 될 수 있다. 따라서 두 점 교배 방식에서는 같은 셀에 같은 채널이 할당이 되지 않도록 PMX 방법을 사용하였다[2, 8]. PMX 방법은 교배되어 들어온 유전자들이 같은 고유의 채널 번호를 같은 셀 내에서 가지면 중복된 유전자의 번호를 빠져나간 유전자 번호로 변환하는 것이다. 이 교배 방식은 셀의 교환과 셀 내의 채널 교환이 동시에 이루어져 셀 간의 간섭의 정도와 셀 내의 채널간의 간섭의 정도를 동시에 개선할 수 있다. 그러나, 채널의 중복을 피하기 위해 교배과정에서 교배점이 포함된 셀의 모든 채널과 교배되어 들어올 유전자들의 비교과정이 필요하고, 이 결과 계산 수행 시간이 길어지는 단점이 있다.

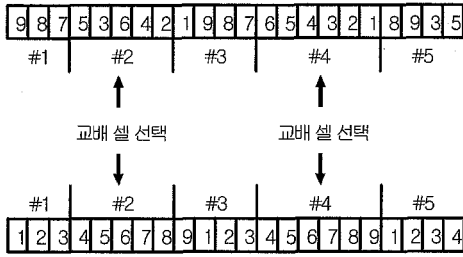


그림 3. 셀 단위의 교배

본 논문에서 제안한 개선된 방법은 생성한 염색체가 CSI가 없는 염색체로써 셀 내의 채널간의 간섭은 존재하지 않는다. 따라서 PMX 방법이 필요 없는 두 셀 기준의 교배 방식을 적용할 수 있다. 그림 3.과 같이 두 셀 교배는 두 셀 사이의 완전한 셀 교환이 이루어지므로 교배 과정에서 셀 내에 같은 채널번호가 존재하는지 채널간의 비교과정이 없어 계산량이 줄게되며, 프로그램의 수행 시간이 상당히 줄어들게 된다.

3.5 돌연변이 방식과 돌연변이율의 변화

돌연변이는 먼저 돌연변이 될 염색체와 셀을 랜덤하게 선택한다. 그리고, 선택된 셀 내의 각 채널에 난수를 발생시켜 돌연변이율보다 작은 값을 갖는 염색체를 선택하여 최종적으로 돌연변이에 참여할 채널을 선택한다. 이 선택된 채널을 임의의 다른 채널로 변경하여 돌연변이를 진행한다.

본 논문에서는 돌연변이 과정에서도 같은 셀 내에 같은 채널이 할당되지 않도록 하고, 간섭을 발생시키는 다른 채널이 할당이 되지 않도록 하여 셀 내에 채널간의 간섭을 발생시키지 않으면서 개선이 이루어지도록 하였다.

돌연변이는 염색체의 다양성을 추구하여 지역 최적치에 수렴하는 것을 방지하기 위한 과정이다. 그러나 세대수가 많이 진행된 후에는 돌연변이에 의한 다양성이 오히려 최적해로의 수렴에 방해가 될 수 있다. 따라서 본 논문에서는 초기에는 돌연변이율을 크게 하여 다양성을 강조하고, 지역 최적치에 수렴하는 것을 방지하였다. 그리고, 세대가 진행될수록 점점 돌연변이율을 감소시켜 최적해에 더욱 빨리 수렴할 수 있도록 하였다.

4. 채널할당 방법의 적용

4.1 실제 문제의 적용

지금까지 기억용량과 계산시간의 문제를 개선하기 위한 방법들을 설명하였다. 프로그램은 같은 과정으로 진행하지만 초기 생성과정과 교배와 돌연변이 방법을 개선하여 계산시간을 단축시키고, 평가함수 값은 더욱 빨리 수렴하도록 하였다. 이번 절에서는 기존에 적용했던 같은 예제에 본 논문에서 제안한 방법을 적용시켜 설명하기로 한다.

4개의 셀로 구성된 무선통신네트워크에서 각 셀의 채널 수요는 [1, 1, 1, 3]으로 총 6개이다. 현재 할당 가능한 채널은 0~10 번 채널까지 총 11개의 채널이고, 적합 행렬은 다음과 같이 주어진다.

$$C = \begin{pmatrix} 5 & 4 & 0 & 0 \\ 4 & 5 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 5 & 2 \\ 0 & 1 & 2 & 5 \end{pmatrix}$$

위 행렬의 행과 열은 셀을 나타내며, 숫자는 셀들 간의 간섭이 발생되지 않는 최소 채널 간격을 의미한다.

표 1. 초기 염색체 군

개체	할당 채널	간섭의 정도	t_i	적합도 값
v_0	10 0 0 0 5 10	3	2	0.09090909
v_1	0 10 3 5 10 0	1	4	0.18181819
v_2	9 8 1 5 10 0	4	1	0.045454547
v_3	2 0 1 10 5 0	4	1	0.045454547
v_4	2 0 9 0 5 10	4	1	0.045454547
v_5	5 10 9 5 10 0	2	3	0.13636364
v_6	8 3 7 10 5 0	2	3	0.13636364
v_7	1 5 10 0 5 10	3	2	0.09090909
v_8	5 9 9 5 10 0	1	4	0.18181819
v_9	1 0 2 5 10 0	4	1	0.045454547
합계		28	22	1

초기 염색체는 셀 내에 같은 채널과 간섭을 일으킬 수 있는 채널을 할당이 되지 않도록 하여 10 개 생성하였다. 위 문제에서 1~3 번 셀은 1개의 채널 수요가 있기 때문에 임의의 채널을 선택하여 할당하고, 4번 셀의 경우는 먼저 임의의 채널 번호를 할당 한 후 적합행렬의 최소 채널간격내의 채널이 할당이 되지 않도록 하고, 그 나머지 채널 번

호 중에 임의의 채널 번호를 할당하였다. 이 문제에서 셀 내의 최소 채널 간격이 할당이 가능한 채널에 비해 크기 때문에 초기 채널 할당이 다소 어렵지만 실제와 가까운 큰 문제에서는 할당이 가능한 채널의 수가 크고, 그에 비해 상대적으로 셀 내의 최소 채널 간격이 작으므로 큰 문제가 되지 않는다.

초기 염색체는 식 (1)을 적용하여 각 염색체의 총 간섭의 합을 구하고, 식 (3)과 식 (4)를 적용하여 적합도 값을 구한다. 이 방법으로 초기 염색체 집단이 표 1.과 같이 얻어졌다. 그리고, 적합도 값에 기초해 톨렛 휠 방법으로 염색체를 재 선택하였다.

Elitist Pool 적용을 위해 가장 좋은 적합도 값을 가지는 염색체를 Elitist Pool 공간에 저장하였다. Elitist Pool 공간의 염색체는 세대가 진행할 때마다 가장 좋은 적합도 값을 염색체를 기존의 Elitist Pool 공간의 염색체와 비교하여 추가시켰다. 세대가 반복될 때마다 모든 염색체를 Elitist Pool 공간의 염색체와 비교하여 추가하는 것은 우수한 염색체 군을 얻을 수는 있으나 비교 과정에서 프로그램의 수행시간이 오래 걸리는 단점이 있다. 그러나 한 세대의 염색체 중에서 가장 좋은 염색체 하나를 비교하여 추가하면 초기에는 염색체 군이 다소 우수하지 않을 수 있으나 유전자 알고리즘에서 세대 수 반복이 적지 않기 때문에 세대를 반복할수록 Elitist Pool 의 염색체 군은 모든 염색체를 비교하여 얻은 것과 거의 유사한 결과를 얻을 수 있다. 그리고 물론 계산 시간에서 상당히 유리하다.

위와 같이 현재 세대까지의 가장 좋은 특정 수의 염색체 군을 유지하고, 열성 염색체와 교환하여 수렴성을 증가시키도록 유도하였다.

다음은 교배와 돌연변이 과정이다. 교배와 돌연변이 확률은 0.3으로 하였다. 재 선택된 염색체에 각각 [0,1] 사이의 난수 b 를 배정하고, $b < 0.3$ 인 것을 선택하여 교배가 이루어질 염색체를 결정하였다. 교배는 쌍으로 이루어지므로 홀수 개의 염색체가 선택이 되면 임의의 염색체 하나를 탈락시켰다. 염색체 선택 후 임의의 두 셀을 선택하여 교배가 이루어질 위치를 정하고, 이 두 셀 사이의 채널교환을 하였다.

돌연변이는 교배과정과 같은 방법으로 돌연변이가 이루어질 염색체를 결정하고 임의의 셀을 선택한 후 셀 내의 각 채널에 [0,1] 사이의 난수 b 를 배정하고, $b < 0.3$ 인 것을 선택하여 돌연변이를 하

였다.

교배와 돌연변이 과정을 거친 후 새로운 염색체를 평가하고 적합도 값을 구하였다. 한 세대 진행 후 총 간섭의 정도는 28에서 23으로 개선되었고, 위 결과에서 간섭이 0인 최적해를 찾지 못하였기 때문에 반복 수행한다.

반복 과정은 위와 같이 적합도 값에 기초해 재 선택 과정을 진행하고, 교배와 돌연변이의 과정을 반복하여 진화시킨다. 세대를 반복하여 진화하는 과정에서 최적해 즉, 간섭의 정도가 0인 염색체가 나오면 정지한다. 채널간의 간섭이 없는 최적해는 표 2.와 같다.

마지막 염색체의 총 간섭의 합은 14이고, 최적의 염색체는 v_1 이고 1번 셀에 8번 채널, 2번 셀에 3번 채널, 3번 셀에 7번 채널, 마지막으로 4번 셀에 10번, 5번, 0번 채널을 할당하여 총 간섭의 합이 0이 나오는 결과를 얻었다.

표 2. 최종 염색체 군

개체	할당 채널	간섭의 정도	t_i	적합도 값
v_0	2 6 1 5 10 0	1	3	0.115385
v_1	8 3 7 10 5 0	0	4	0.153846
v_2	0 10 3 10 5 0	1	3	0.115385
v_3	7 10 3 5 10 0	2	2	0.076923
v_4	2 6 9 0 5 10	1	3	0.115385
v_5	0 10 3 5 10 0	1	3	0.115385
v_6	0 10 3 5 10 0	1	3	0.115385
v_7	5 2 9 5 10 0	2	2	0.076923
v_8	9 8 1 5 10 0	4	0	0
v_9	2 6 9 0 5 10	1	3	0.115385
합계		14	26	1

4.2 25개 셀의 무선 네트워크에서 채널할당 결과 분석

본 논문에서 예제로 사용한 무선통신 네트워크는 기존의 논문에서 사용했던 benchmarking 문제로 25개 셀로 구성되었고, 총 할당이 가능한 채널의 수는 73개이다. 각 셀의 수요는 [10, 11, 9, 5, 9, 45, 7, 4, 8, 8, 9, 10, 7, 7, 6, 4, 5, 5, 7, 6, 4, 5, 7, 5]로 총 167개의 채널 수요가 있다. 이 문제의 적합 행렬은 그림 4.와 같다.

```

2 1 1 0 1 0 1 1 1 1 0 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 2 1 0 1 0 1 1 0 0 0 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 1 2 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0 1 2 0 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 1 1 1
1 1 1 0 2 0 0 0 0 0 1 1 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0
0 0 1 0 0 2 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 1 1 1 0 1 2 1 1 1 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 1 1 1 0 1 1 2 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0
1 0 1 1 0 1 1 2 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1
1 1 1 1 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0 1 1 0 1 0
0 0 1 1 1 0 1 1 1 2 0 1 1 1 1 1 0 1 1 1 1 1 1 1 1
1 1 1 1 1 0 1 1 1 1 0 2 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0
1 1 1 1 1 0 1 1 0 1 1 2 1 1 1 1 1 1 1 0 0 0 0 0 0
1 1 1 0 1 0 0 0 0 0 1 1 1 1 2 1 1 1 1 1 1 0 0 0 0
1 1 0 0 1 0 0 0 0 0 1 1 0 1 1 2 1 1 1 1 1 1 0 0 0
0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 1 1 0 1 1 2 1 1 1 1 0 0 0 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 1 1 2 1 1 0 0 0 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 1 1 1 1 1 1 2 1 1 1 0 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 1 1 1 1 1 1 1 2 1 1 1 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 1 1 1 1 1 1 1 2 1 1 1 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 1 1 1 1 1 1 1 2 1 1 0 0
0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 1 0 0 0 1 1 1 2 1 1 1
0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 1 0 0 0 0 0 0 0 1 1 1 1 2 1 1
0 0 0 1 0 0 0 0 1 1 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 2 1
0 0 0 1 0 0 0 0 1 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 2
0 0 0 1 0 0 0 0 1 0 1 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 1 1 1 2
    
```

그림 4. 적합 행렬

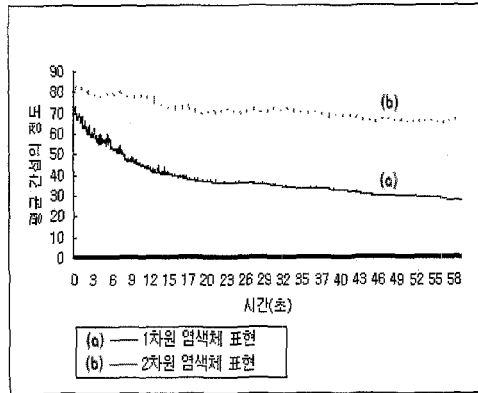


그림 6. 계산 시간에 따른 평균 간섭 정도

이 문제를 기존의 방법과 비교하여 그래프로 표현하였다.

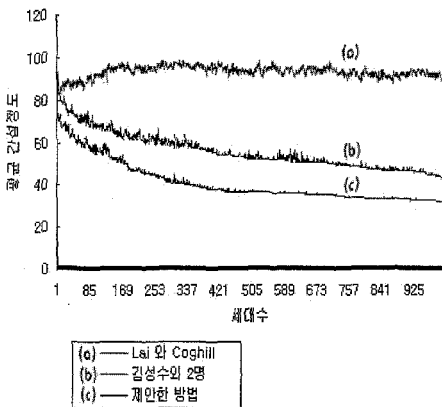


그림 5. 각 세대의 평균 간섭 정도

그림 5.의 세대수에 따른 결과를 비교해 보면 먼저 Lai와 Coghill(1996)은 염색체를 평가하는 데 2개의 특정 채널간의 간섭이 발생하면 0, 그렇지 않으면 1을 주어 모든 채널간의 간섭 유무를 판단하고 총 합을 평가하였다. 이 방법은 채널간의 간섭이 존재하는 가 또는 존재하지 않는가만을 평가하기 때문에 염색체의 변별력이 떨어져 그림 5.의 (a)와 같이 수렴성이 거의 없는 결과를 보인다. 김성수와 2명의 논문은 그림 5.의 (b)와 같이 (a)의 결과보다 수렴성이 상대적으로 좋은 결과를 보인다. 그러나 본 논문에서 제안하는 염색체 생성 방법과 교배 방법을 적용한 결과로 얻은 것을 기존의 두 결과와 비교하여 보면 그림 5.의 (c)와 같이 초기 염색체의 간섭의 정도가 우월하고, 수렴성도 우수한 것으로 나타났다.

그림 6.은 2차원 염색체 표현과 본 논문에서 사용한 1차원 염색체 표현 방법을 적용할 때 소요되는 수행시간에 따른 비교 결과를 나타낸 것이다. 1차원 염색체 표현 방법을 적용했을 때 결과와 비교해 2차원 염색체 표현의 결과는 60초의 제한된 수행 시간동안 반복한 세대수가 적기 때문에 결과값이 들쭉날쭉한 것을 확인할 수 있다. 즉, 본 논문에서 제안한 방법을 적용할 때 상대적으로 최적해 또는 근접해를 찾아내는 소요시간이 효율적임을 나타낸 것이다.

5. 결론

본 논문의 목표는 기존의 연구 결과를 분석하여 장·단점을 파악함으로써 장점은 더욱 좋은 결과를 보이도록 개선하고, 단점은 보완하여 현실 문제의 네트워크에 적용하였을 때 간섭은 최소화하고 채널 수요를 만족시키는 것이다.

지금까지 효율적인 유전자 알고리즘을 적용하는데 새로운 방법으로 염색체를 생성하였고, 수렴성이 우수하도록 평가 함수와 적합도 함수를 개선하였고, 교배와 돌연변이 과정에서 계산량을 줄여 시간을 단축시키고, Elitist Pool과 돌연변이율의 조절로 다양성과 수렴성을 고려하였다. 마지막으로 기존 연구 논문에서 사용한 예제를 통해 본 논문의 우수함을 검증하였다

참 고 문 헌

- [1] 공성곤 외 4명, 유전자 알고리즘, 그린, 1996
- [2] 김성수, 한광진, 이종현, "무선통신 네트워크에서 동적채널할당을 위한 진화프로그램의 개발", IE Interfaces, Vol. 14, No 3, pp.227-235, 2001.
- [3] Beckman, D. and Killat, U., "A new strategy for the application of genetic algorithms to the channel-assignment problem", IEEE Transactions on Vehicular Technology, 48(4), 1261-1269, 1999.
- [4] Chakraborty, G. and Chakraborty, B., "A Genetic Algorithm Approach to Solve Channel Assignment Problem in Cellular Radio Networks", IEEE Midnight-Sun Workshop on Soft Computing Method in Industrial Applications, 34-39, 1999.
- [5] Duque-Anton, M., Kunz, D. and Ruber, B., "Channel Assignment for Cellular Radio Using Simulated Annealing", IEEE Transactions on Vehicular Technology, 42(1), 14-21, 1993.
- [6] Kim, J. S., Park, S. H, Dowd, P. W. and Nasrabadi, N. M., "Cellular Radio Channel Assignment Using a Modified Hopfield Network", IEEE Transactions on Vehicular Technology, 46(4), 957-967, 1997.
- [7] Kunz D., "Channel Assignment for Cellular Radio Using Neural Networks", IEEE Transactions on Vehicular Technology, 40(1), 188-193, 1991.
- [8] Lai, W. K. and Coghill, G. G., "Channel Assignment Through Evolutionary Optimization", IEEE Transactions on Vehicular Technology, 45(1), 91-96, 1996.
- [9] Smith, K. A., "A Genetic Algorithm for The Channel Assignment Problem", Proceedings of the Globecom , 4, 2013-2018, 1998.