

적응 HFC 기반 유전자알고리즘의 새로운 접근: 교배 유전자 연산자의 비교연구

論 文
57-9-24

A New Approach to Adaptive HFC-based GAs: Comparative Study on Crossover Genetic Operator

金 吉 成* · 崔 正 乃** · 吳 聖 權†
(Gil-Sung Kim · Jeoung-Nae Choi · Sung-Kwun Oh)

Abstract - In this study, we introduce a new approach to Parallel Genetic Algorithms (PGA) which combines AHFCGA with crossover operator. As to crossover operators, we use three types of the crossover operators such as modified simple crossover(MSX), arithmetic crossover(AX), and Unimodal Normal Distribution Crossover(UNDX) for real coding. The AHFC model is given as an extended and adaptive version of HFC for parameter optimization. The migration topology of AHFC is composed of sub-populations(demes), the admission threshold levels, and admission buffer for the deme of each threshold level through successive evolution process. In particular, UNDX is mean-centric crossover operator using multiple parents, and generates offsprings obeying a normal distribution around the center of parents. By using test functions having multimodality and/or epistasis, which are commonly used in the study of function parameter optimization, Experimental results show that AHFCGA can produce more preferable output performance result when compared to HFCGA and RCGA.

Key Words : Parallel Genetic Algorithm (PGA), Adaptive Hierarchical Fair Competition-based Genetic Algorithm(AHFCGA), Migration, Crossover, Parameter optimization

1. 서 론

단순 유전자 알고리즘(simple genetic algorithm: SGA)은 유전학과 자연환경에서 일어나는 진화원리를 흉내 낸 적응 탐색법으로써 1975년 Holland에 의해 개발되었으며[1], 초기의 알고리즘임에도 불구하고 해를 찾는 능력이 강인하여 아직도 많은 최적화 문제에 응용되고 있다. SGA를 개선하고 변형한 여러 유전자알고리즘이 끊임없이 연구되어지고 있지만 이들이 채용하고 있는 기본적인 메커니즘은 거의 유사하며 해공간의 표현방식과 선택, 교배, 돌연변이등의 유전 연산자에 대한 연구위주로 진행되어져 왔다[2,5,6,15].

GA는 염색체의 표현방식에 따라 이진코딩(binary coded GA;BCGA), 기호코딩 (symbolic coded GA; SCGA) 그리고 실수코딩 유전자알고리즘(real coded GA ; RCGA)이 있다. 실세계의 문제들은 고정밀도의 해를 요구하고, 해에 대한 사전지식이 결여되거나 복잡한 제약 조건이 존재하는 경우가 많이 있다. BCGA는 적용할 때 정밀도를 높이거나 해에 대한 사전지식의 결여로 탐색공간을 확대하게 되면 염색체의 길이는 길어지며 매우 큰 탐색 공간을 만들게되어 해를 찾는 데 시간이 많이 소요되거나 실패하게 되는 경우가 많이 있는 반면 RCGA는 복호화 부호화 과정이 없고 하나의 변

수 당 유전자가 일대일 대응으로 프로그램이 간편하고 메모리 용량의 축소 및 정밀한 해를 구할 수 있기 때문에 최근에 많이 사용되고 있으며, RCGA에 적합한 선택, 교배 및 돌연변이 연산자에 대한 연구가 진행되어왔다. 특히 교배연산자는 새로운 탐색점을 생성하기 때문에 교배연산자는 RCGA에서 많은 비중을 차지하며 교배연산자에 대한 많은 연구가 이루어졌다[6,10,11,15].

GA에서 가장 고려되어야 할 요소는 개체들의 다양성 유지이다. GA는 전역해를 구할수 있다는 강점으로 인하여 최근 많은 응용분야에 적용되고 있지만 실질적으로는 높은 선택압으로 인하여 초기 생성된 개체 중에서 열등한 개체는 초기에 도태되고 우수한 개체들을 통하여 진화하게되며 세대가 진화 할수록 대부분의 개체는 비슷한 값을 갖게되며 다양성이 결여되고 모든 개체들이 일정지역 안으로 수렴하게 되는 조기수렴 문제를 내포하고 있다. 병렬 유전자 알고리즘(parallel genetic algorithm;PGA)는 이러한 문제를 해결하기 위한 방법으로 제시되었으며 많은 모델들이 연구되어져왔다[13,14]. 그 중에서도 가장 많이 사용되고 있는 모델은 섬모델로써 기존에 하나의 집단만을 사용하는 방식대신 여러개의 독립된 서브집단을 생성하여 각 집단의 개체들은 다른 집단과 격리되어 독립적으로 진화하게 되며 일정세대 간격으로 집단간의 개체가 이주를 하는 방법이다. 본 논문에서는 유전자 프로그램(genetic program)에서 제시되었던 계층적 공정 경쟁 개념을 병렬 병렬유전자 알고리즘에 적용하여 계층적 공정 경쟁 기반 병렬유전자 알고리즘 (Hierarchical Fair Competition Genetic Algorithm:HFCGA)을 구현하고 HFCGA를 개선한 적응형 계층적 공정 경쟁 기반 병렬 유전

* 學生會員 : 水原大學校 電氣工學科 碩士課程

** 正 會 員 : 大林大學 電氣科 教授

† 교신저자, 正會員 : 水原大學校 電氣工學科 教授

E-mail : ohsk@suwon.ac.kr

接受日字 : 2008年 4月 4日

最終完了 : 2008年 6月 9日

자 알고리즘 (Adaptive Hierarchical Fair Competition Genetic Algorithm; AHFCGA)을 제시하였을 뿐만 아니라 RCGA에서 좋은 성능을 갖는 산술교배(Arithmetic crossover), 수정된 단순교배(modified simple crossover) 그리고 UNDX(unimodal normal distribution crossover)등의 다양한 교배연산자들을 적용 분석함으로써 개선된 유전자 알고리즘을 제안하였다. 2장에서는 RCGA와 UNDX, 3장에서는 HFCGA, 4장에서는 제안된 AHFCGA에 대하여 서 설명하고, 5장에서는 다양한 테스트 함수에 적용하여 시뮬레이션 결과를 보인다.

2. 실수코딩 유전자 알고리즘과 교배 연산자의 개관

RCGA는 하나의 염색체가 실수값을 갖도록 코딩하는 방식으로 변수와 유전자간에 일대일 대응하므로 프로그램이 간편해지고 BCGA에서 요구되는 부호화와 복호화 과정이 필요 없게되어 탐색 속도를 높일 수 있고 더 적은 메모리 공간을 요구한다. 또한 같은 고 정밀도의 해를 구할수 있으며 해에 관한 사전지식이 없는 경우에는 매우 큰 탐색 범위를 지정하는 것도 가능하기 때문에 최근 많이 사용되고 있다[3,4]. 그렇지만 재생산연산자는 기존의 BCGA와 동일하게 적용할 수 있지만 교배와 돌연변이 연산자는 실수코딩방식에 적합하도록 고안되어야 한다. RCGA에서 교배연산자는 다른 연산자에 비해 성능에 많은 영향을 미치게 되며 교배 연산자에 대한 많은 연구가 진행되었다. 본 논문에서는 선택연산자는 룰렛 휠방식을, 돌연변이 연산자는 균등돌연변이를 사용하였으며, 교배연산자는 산술적 교배연산자(Arithmetic crossover), 수정된 단순교배(modified simple crossover) 그리고 UNDX 알고리즘을 사용하였다. UNDX는 최근에 제안된 알고리즘으로 다른 연산자보다 성능이 우수함이 알려져 있다[6]. 본 장에서는 UNDX 알고리즘만을 소개한다.

2.1 Unimodal Normal Distribution Crossover (UNDX)

기존의 다른 연산자는 두개의 부모로부터 자손이 생성되는 반면에 UNDX는 다수의 부모(multiple parents)를 이용하여 부모들의 기하학적 중심(geometric center)에 근접하게 정규분포를 이루며 생성된다. 정규분포를 따르므로 작은 확률로 부모들의 중심으로부터 먼 자손들도 생성된다. 그림 1에서 정규분포의 중심은 parent1과 parent2의 중심 점이되고 그 중심으로부터 표준편차를 따르는 랜덤변수(Gaussian random variable)로서 거리가 구해진다. parent3으로부터 parent1과 parent2를 잇는 선분에 수직인 벡터를 구하고 이 벡터와 또 다른 가우시안 랜덤변수와 비례하는 점에 자손이 위치하게 된다. 그림 2는 2개의 부모가 선택되었을 때 교배하여 발생 할 수 있는 자손들의 분포를 보인다. 같은 부모 개체를 사용하여 2000번의 자손을 생성하였다. (b)의 산술적 교배(Arithmetical Crossover)는[10] 두개의 부모를 연결하는 직선상에 있는 자손이 생성되며 (c)의 수정단순교배(Modified Simple Crossover)[11]의 자손은 두 부모를 모서리로 하는 사변과 아랫변에 위치한다. 단순교배 (Simple Crossover)[15]는 2000개의 자손이 단 두 점으로 모임을 볼 수 있다. (b)(c)(d)세 가지의 교배 연산자들의 자손은 발생 범위가 한

정된 것에 비해 다수의 부모를 교배하는 UNDX연산자는 부모들의 중심으로부터 정규분포를 이루며 고르게 발생 가능한 것을 보여준다.

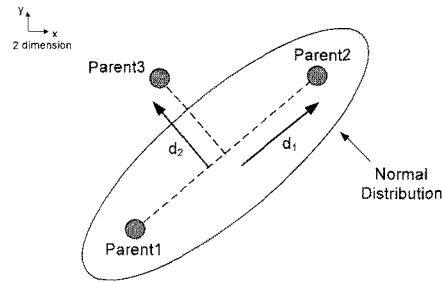


그림 1 UNDX의 기하학적 표현
Fig. 1 A geometric representation of UNDX

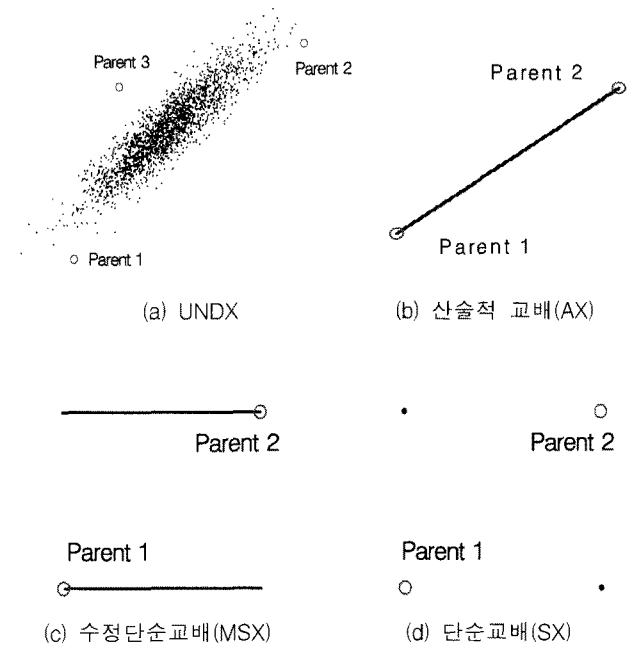


그림 2 교배를 통하여 생성 될 수 있는 자손 개체의 분포
Fig. 2 Distribution of offsprings which can be created through crossover

3. 계층적 공정 경쟁 병렬 유전자 알고리즘

진화알고리즘에서 중심적인 문제 중의 하나는 조기 수렴을 방지하고 균형 있는 탐색을 시도하는 것이다. 진화과정이 진행하면서 집단의 평균 적합도는 점점 더 높아지게 되며, 단지 높은 적합도를 갖는 유사한 새로운 개체들이 생존하는 경향이 있다. 공정하게 탐색 되어진 다른 영역에 있는 새로운 개체는 그들의 유익한 특성이 발생되지 않는 한 일반적으로 낮은 적합도를 갖게 된다. 그래서 RCGA는 점점 더 발견된 지역 극점 근방에서 중점적으로 탐색을 수행하는 경향을 갖게 되며, 지역극점에 빠지게 된다. 이러한 현상은 높은 차수 문제(high-dimensionality problems)와 다봉성을 가진 문제(multi-modal problems)에 있어서 더욱 많이 발생

한다[8]. PGA는 이런 문제를 해결하기 위해 고안되었으며 크게 fine-grained 모델과 coarse-grained 모델로 구분되며 그중 coarse-grained 모델이 많이 사용된다. 이 모델은 섬모델이라고도 불리며 갈리파고섬의 격리된 육종이 진화하는 과정을 모사한 방법이다. RCGA에서는 단일 집단을 사용하는 반면 PGA 여러 개의 소집단으로 구성되었으며 각각의 집단은 다른 집단과 독립적으로 진화하면서 일정세대 간격으로 특정 개체는 다른 집단으로 이주하게 된다. 그림 3에서는 구현된 병렬유전자 알고리즘의 흐름도를 보인다. 진화과정은 RCGA와 거의 유사하며, 단지 이주 알고리즘을 더 포함하고 있다. 각각의 집단은 서로 다른 환경에서 진화하도록 집단크기, 진화연산자(선택, 교배, 그리고 돌연변이) 그리고 다른 파라미터 (교배율, 돌연변이율) 등을 집단 별로 다르게 설정할 수 있도록 구현되었다. Coarse-grained 모델에서의 가장 큰 논점은 이주방법론이다. : 얼마나 많은 소집단을 사용할 것인가?, 어떻게 (얼마나 많이) 개체가 이주하는가?, 이주 방법에 따라 완전네트워크 구조, 링구조, 이웃구조가 있으며 최근에 계층적 공정 경쟁 (HFC) 구조가 제안되었다[8].

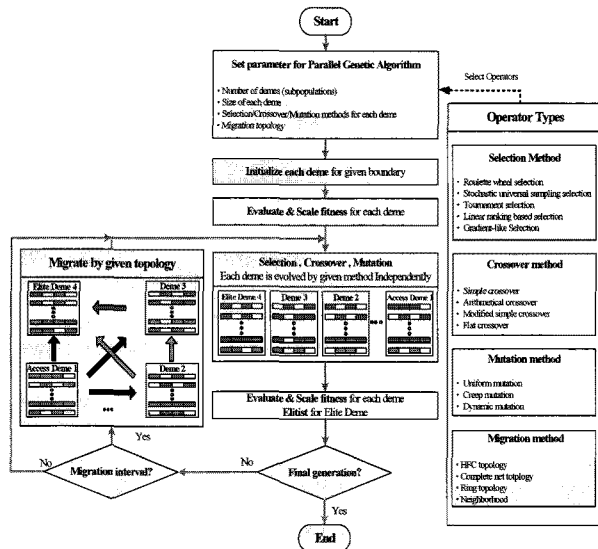


그림 3 병렬유전자 알고리즘의 전체 흐름도
Fig. 3 The flowchart of the parallel genetic algorithm

3.1 HFC 구조 및 이주 방법

HFCGA에서 여러 개의 소집단은 계층적으로 구성되고, 각 집단은 특정 범위의 적합도안에서 개체들을 수용할 수 있다. 그림 4에는 HFC의 구성 및 이주 방법을 도시하였다. 각 서브 집단은 각 집단의 등급의 범위를 의미하는 진입문턱 (admission threshold)을 갖고 있으며 이주할 개체를 저장할 수 있는 진입버퍼(admission buffer)가 존재한다. 초기 생성된 개체들은 평가를 통하여 적합도가 구해지며 각 등급별로 소집단으로 나뉘게 된다. 그 후 각 집단의 개체들은 다른 집단과 독립적으로 주어진 환경(진화연산자, 교배율 및 돌연변이율)에 진화하게 되며 일정 세대동안 진화된 후 집단들 사이에 개체들의 이주가 이루어진다. 이주 시에 모든 집단 내에 있는 개체들의 적합도를 검사하여 상위집단의 허용 문

턱값보다 높은 적합도를 갖는 개체는 상위 집단에 허용되는 진입버퍼에 저장된다. 이때 어떠한 개체도 하위 집단의 버퍼로 저장되지 않고 상위로만 올라가게 되는 단방향성을 갖는다. 이는 대학생이 초등학생이 될 수 없음을 뜻한다. 그 후 진입버퍼에 있는 모든 개체들은 해당 집단의 가장 열등한 개체와 비교를 통하여 교체가 이루어진다. 만약 진입버퍼에 있는 가장 우수한 개체가 해당집단의 가장 열등한 개체보다 우수하지 못하다면 이주하는 개체는 하나도 없게 된다. 여기서 알고리즘의 구현상 개체들은 상위 집단으로 복사가 된다. 또 최하위 집단은 진입버퍼가 없으며 개체들의 다양성 유지를 위하여 모든 개체는 랜덤하게 초기화 된다.

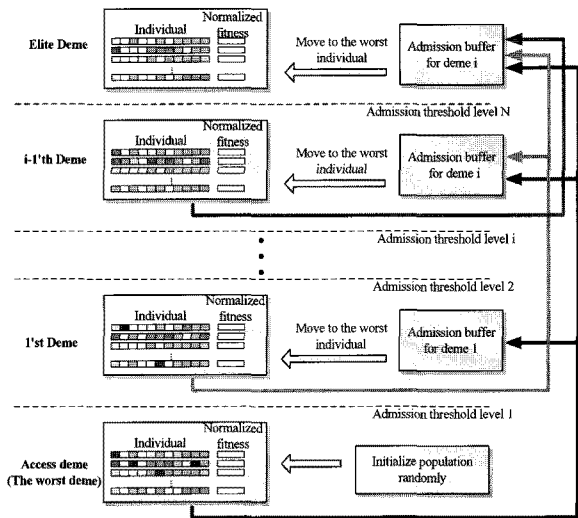


그림 4 HFCGA의 이주방법론 및 구성
Fig. 4 Migration topology and structure of HFCGA

4. 적응형 계층적 공정 경쟁 병렬 유전자 알고리즘

HFCGA는 여러 개의 집단이 계층적으로 구성되어있으며, 각 집단은 특정 범위의 적합도를 갖는 개체들로 구성되어 있으며, 하위수준의 집단으로부터 개체의 진입을 위한 진입 문턱 갖고 있는데 각 집단에 대한 진입문턱의 결정은 많은 시행착오를 통해야 한다. HFCGA는 진입문턱이 고정되어 있기 때문에 어느 정도 진화가 진행되면 대부분의 개체들은 진입문턱을 넘어서게 되고 개체들이 복사가 되기 때문에 모든 집단의 개체가 비슷해지는 문제가 발생된다. 그러므로 HFCGA에서는 진입 문턱값의 결정에 많은 영향을 받게 된다. 본 논문의 이런 문제점을 해결하기 위해 HFCGA에서 모든 개체의 적합도의 최대값과 최소값을 이용하여 정규화하여 진입 문턱값을 [0,1] 사이의 값으로 한정함으로써 시행착오를 줄일 수 있었을 뿐만 아니라 진입문턱값을 고정시키지 않고 적합도의 분포에 따라 변화도록 개선된 Adaptive Hierarchical Fair Competition Genetic Algorithm(AHFCGA)를 제시하였으며 이주 알고리즘도 개선하였다. AHFCGA는 세대가 증가하면서 통계적 계산을 통하여 진입 문턱값을 변화 시켜준다. 각 집단에 대한 진입문턱값

(AT_i)은 매 이주세대에서 다음 식 (1)-(4) 에 의하여 갱신된다. 최하위 집단은 진입 문턱값이 의미가 없으므로 $-\infty$ 값을 사용한다.

$$AT_{N-1} = f_{\max} - \sigma_f \tag{1}$$

$$AT_i = f_u + (i-1)(f_{\max} - \sigma_f - f_u)/(N-2) \tag{2}$$

$$AT_1 = f_u \tag{3}$$

$$AT_0 = -\infty \tag{4}$$

여기서 f_{\max} 는 모든 집단에 가장 큰 적합도이며, f_u , σ_f 는 모든 집단의 모든 개체에 대한 적합도의 평균과 표준편차, N 은 집단수이며 집단에 대한 인덱스 i 는 $2 \leq i \leq N-2$ 이다.

5. 실험 및 결과고찰

본 절에서는 본 연구의 평가로서 AHFCGA와 HFCGA, RCGA에 대하여 UNDX, 산술적 교배(Arithmetical Crossover: AX), 수정단순교배(Modified Simple Crossover: MSX)의 3가지 교배 연산자를 채택하여 4가지 테스트 함수에 대하여 비교 하였다. 본 연구의 테스트 함수로서 function parameter optimization, neural network training, fuzzy set optimization 등의 여러 분야에서 테스트 함수로 사용되는 Rosenbrock Function(F_{ROS}), Rastrigin Function(F_{RAS}), Schwefel Function(F_{SCH}) 그리고 Griewank Function(F_{GR1})을 사용하여 비교 분석을 수행하였다. 표 1에서는 네 가지 함수에 대한 특성을 보여주며 전역해는 모두 0 이다. 각 유전자 알고리즘에 사용된 파라미터는 표 2와 같다. 표 3은 테스트 함수 4가지에 대한 3가지 유전자 알고리즘을 3가지 교배 연산자를 이용하여 실험한 결과이다. F_{RAS} 와 F_{SCH} 에서 MSX를 사용한 두 가지 경우를 제외한 10가지 경우에 대하여 좋은 성능을 보였다. 위의 10가지 경우 중 UNDX를 사용한 4가지 경우가 RCGA에 비해 모두 우수한 성능을 보였다. 그림 5는 F_{SCH} 의 초기 집단 분포를 보여준다. 파란색점은 개체를 나타낸다. 그림과 같은 초기 집단 생성 후 AHFCGA를 UNDX를 사용 개체들을 교배시키며 1000세대 동안 탐색하였다. 500세대를 거쳐 1000세대를 진화하며 각 개체들은 전역해 근처에 분포 하게 된다. 그림 6에서 굵은 선으로 표시된 지역 안으로 500세대 때의 흩어져 있던 개체들이 수렴하고 있다. 그림 7은 1000세대후 전역해가 존재하는 봉우리를 확대시킨 그림이다. 개체들이 전역해를 찾아 수렴한 것을 보인다. AHFCGA + UNDX를 사용하여 우수한 성능을 보이는 경우는 UNDX를 통한 고른 자손 생성으로 개체들이 전역해 근처에 수렴한다. AHFCGA + UNDX 모델이 우수한 성능을 보이는 또 다른 이유는 개체들이 발전함에 따라 알맞게 변화하는 진입 문턱이다. 그림 8은 F_{SCH} 에 대한 실험에서의 AHFCGA의 진입 문턱값의 변화를 보여준다. 가장 높게 위치한 변화선이 엘리트 집단의 진입문턱이다. 90세대 부근에서 우수한 개체가 발생하여 전체적인 진입 문턱값이 크게 상승함을 볼 수 있다.

표 1 테스트 함수

Table 1 List of test function

Functions	Range of x_i	Global minimum	dimension
$F_{ROS} = \sum_{i=1}^{n-1} 100(x_{i+1} - x_i^2) + (1 - x_1)$	[-30, 30]	$x^*=(1, \dots, 1)$ $f(x^*) = 0$	n=10
$F_{RAS} = 10 \cdot n + \sum_{i=1}^n (x_i^2 - 10 \cos(2\pi x_i))$	[-5.12, 5.12]	$x^*=(0, \dots, 0)$ $f(x^*) = 0$	n=20
$F_{SCH} = 418.9829 \cdot n - \sum_{i=1}^n (x_i \sin \sqrt{ x_i })$	[-500, 500]	$x^*=(420.9687, \dots, 420.9687)$ $f(x^*) = 0$	n=2
$F_{GR1} = 1 + \sum_{i=1}^n \frac{x_i^2}{4000} - \prod_{i=1}^n (\cos(\frac{x_i}{\sqrt{i}}))$	[-600, 600]	$x^*=(0, \dots, 0)$ $f(x^*) = 0$	n=10

표 2 유전자 알고리즘에서 사용된 파라미터

Table 2 The parameters of genetic algorithm

Parameters	AHFCGA	HFCGA	RCGA
Generation	1000	1000	1000
Number of demes	5	5	1
Number of individuals	[80, 80, 80, 80, 80]	[80, 80, 80, 80, 80]	400
Crossover rate	[0.7, 0.7, 0.7, 0.7, 0.7]	[0.7, 0.7, 0.7, 0.7, 0.7]	0.7
Mutation rate	[0.1, 0.1, 0.1, 0.1, 0.1]	[0.1, 0.1, 0.1, 0.1, 0.1]	0.1
Mutation	uniform for each deme	uniform for each deme	uniform
Selection	Roulette wheel for each deme	Roulette wheel for each deme	Roulette wheel
Calibration Stage	5 generations	5 generations	X
Migration Interval	10 generations	10 generations	X
Admission threshold	Adaptive	[0.1 0.3 0.5 0.85]	X

6. 결 론

본 논문에서는 계층적 공정 경쟁(HFC) 개념을 유전자 알고리즘에 적용하여 HFCGA를 구현하고 진화 과정에 따라 진입 문턱값을 적응적으로 갱신하는 적응형 공정 경쟁 병렬 유전자 알고리즘을 제안하였다. 또한 다양한 교배연산자를 적용하여 비교 분석을 수행하였다. 제안된 AHFCGA는 시행착오에 의하여 진입문턱값을 구할 필요가 없기 때문에 파라미터 탐색시 많은 시간을 단축 할 수 있을 뿐 아니라 기존의 유전자 알고리즘보다 우수한 성능을 보인다. 또한 UNDX 연산자는 부모 개체로부터 생성될 수 있는 개체의 종류가 다른 알고리즘보다 다양하여 전역해를 찾을 확률이

더욱 높다. 특히 다봉성이 크거나 고차원 문제에서는 AHFCGA가 우수한 특성을 보임을 알 수 있었다. 테스트 함수뿐 아니라 많은 최적화 문제에서도 제안된 알고리즘은 더 우수한 성능을 보일 것으로 사료된다.

표 3 각 테스트 함수에 대한 실험 결과 ; 최소값
Table 3 Results for each test function ; Minimum value

Model	crossover operator	Functions			
		F_{ROS}	F_{RAS}	F_{SCH}	F_{GRI}
AHFCGA	UNDX	0.000025	20.5	$2.5e-5$	0.01978
	AX	0.04950	8.15	$3.6e-5$	0.01566
	MSX	0.00012	28.1	$3.08e-4$	0.01323
HFCGA	UNDX	0.00017	26.9	$2.6e-5$	0.04500
	AX	0.00016	13.4	$2.6e-5$	0.05330
	MSX	0.06879	45.8	$2.7e-5$	0.06224
RCGA	UNDX	0.0249	58.3	$3.6e-5$	0.04690
	AX	0.0512	23.8	$5.7e-5$	0.10842
	MSX	0.2451	24.5	$3.1e-5$	0.0723

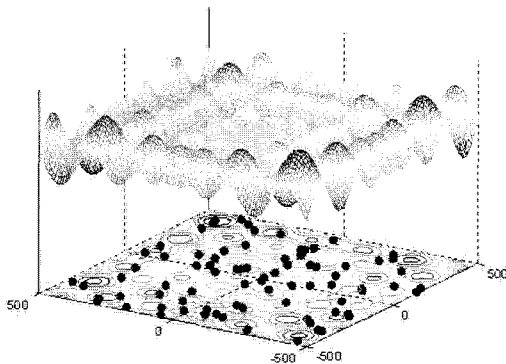


그림 5 초기 세대의 개체 분포
Fig. 5 Initial population

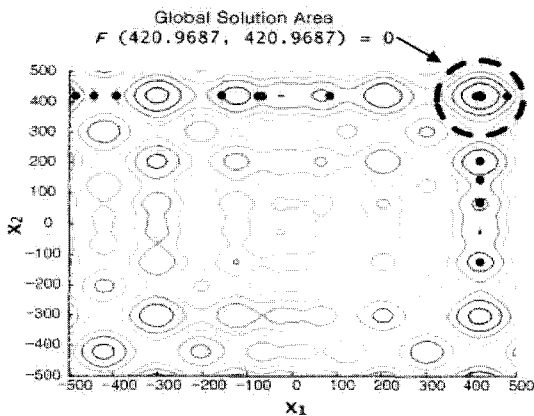


그림 6 500세대 진화 후 개체 분포
Fig. 6 Distribution of individuals (500th)

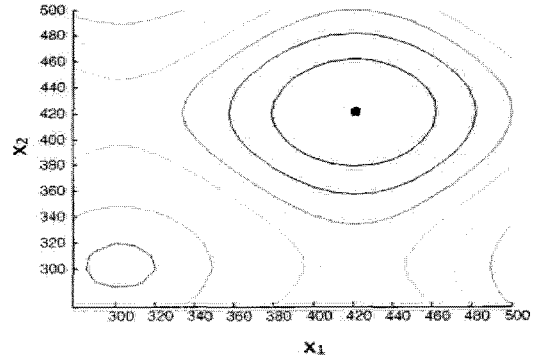


그림 7 전역해 부근 지역
Fig. 7 Global solution area (1000th)

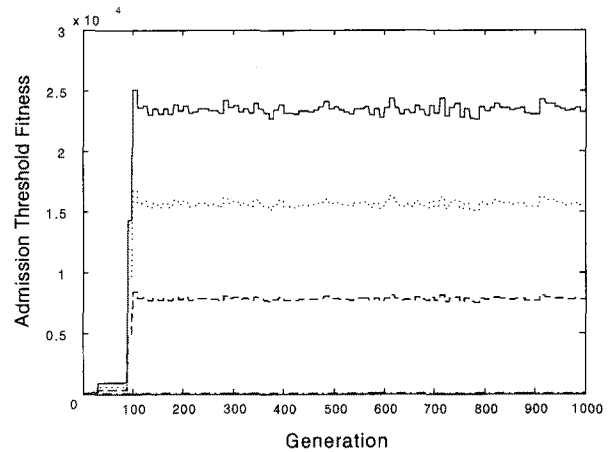


그림 8 전역해 부근 지역
Fig. 8 Global solution area

감사의 글

이 논문은 2007년도 정부(교육인적자원부)의 재원으로 한국학술진흥재단의 지원을 받아 수행된 연구임 (KRF-2007-313-D00710).

참고 문헌

- [1] J. H. Holland, "Adaptation in Natural and Artificial Systems," The University of Michigan Press, Michigan, 1975.
- [2] D. E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning," Addison-Wesley Publishing Co. Inc., N.Y., 1989.
- [3] D. E. Goldberg, "Real-coded Genetic Algorithms," Virtual Alphabets, and Blocking, Complex Systems, No.5, pp.139-167, 1991.
- [4] Davis, L., "The Handbook of Genetic Algorithms," Von Nostrand Reinhold, New York, 1991.
- [5] 진강규, "Genetic Algorithms and Their Applications," 2000.
- [6] Ono, I and Kobayashi, S, "A Real-coded Genetic Algorithm for Function Optimization Using Unimodal

Normal Distribution Crossover," Proceedings of the Seventh International Conference on Genetic Algorithms, pp. 246-253.

[7] Kita, H., and Yamamura, M., "A functional specialization hypothesis for designing genetic algorithms." Proceedings of the 1999 IEEE International Conference on System, Man, and Cybernetics, pp. 579-584, 1999

[8] J. Hu, E. D. Goodman, K. Seo, and M. Pei., "Adaptive hierarchical fair competition (AHFC) model for parallel evolutionary algorithms," Proceedings of the Genetic And Evolutionary Computation Conference New York City, July 9-13, pp.772-779, 2002

[9] OLIVEIRA, A. C. M., LORENA, L. A. N., PRETO, A. J. , STEPHANY, S., "An Adaptive Hierarchical Fair Competition Genetic Algorithm for Large-Scale Numerical Optimization." In: BEC2004 - I Brazilian Workshop On Evolutionary Computation, São Luís. Proceedings of SBRN 2004 - 8th Brazilian Symposium on Neural Networks, 2004.

[10] Z. Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = evolution Programs," Springer-Verla, Berlin Heidelberg, 1996.

[11] 진강규, 주상래, "실수코딩 유전알고리즘에 관한 연구", 제어자동화시스템공학 논문지, 제 4 권, 제 4 호, (2000).

[12] M. Nowostawski and R. Poil. "Parallel genetic algorithm taxonomy." In L. Jain, editor, Proceedings, pages 88-92, Adelaide, August 1999. International conference on knowledge-based intelligent information engineering systems (KES'99), 3, Adelaide(AU), IEEE.

[13] R. Tanese, "Distributed Genetic Algorithms," Proc. 3rd Int. Conf. on Genetic Algorithms, J.D.Schaffer(ed.), Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, pp. 434-439, 1989.

[14] R. Lohmann, "Application of Evolution Stragy in Parallel Populations" Parallel Problem Solving from Nature, Lecture Notes in Computer Science, H.-P. Schwefel and R. M. Männer(Eds), Springer-Verlag, Vol. 496, pp. 198-208, 1991.

[15] A. Wright, "Genetic Algorithms for Real Parameter Optimization," Foundation of Genetic Algorithms 1, G. J. E. Rawlin(Ed.), Morgan Kaufmann Publishers, San Mateo, CA, 1991.

[16] 오성권, "C 프로그래밍에 의한 컴퓨터지능(퍼지, 신경 회로망, 진화알고리즘을 중심으로)," 내하 출판사, 2002.

[17] Jeung-Nae Choi, Sung-Kwun Oh, and Witold Pedrycz, "Identification of Fuzzy Relation Model Using Hierarchical Fair Competition-based Parallel Genetic Algorithms and Information Granulation," IEEE Trans. on Circuits & Systems-I(TCAS-I), 2006 (submitted)

저 자 소 개



김길성 (金吉成)

2007년 : 수원대 컴퓨터학과 졸업.
 2007년~현재 : 동 대학원 전기공학과 석사과정.
 관심분야 : 퍼지추론시스템, 신경회로 망, 유전자 알고리즘 및 최적화이론, 지능시스템 및 제어 등
 Tel : (031) 222-6544
 E-mail : gilsung@suwon.ac.kr



최정내 (崔正乃)

1997년 : 원광대 제어계측과 졸업. 1999년 : 동 대학원 제어계측과 졸업(공학석사). 2004년 : 동 대학원 전기공학과 졸업(공학박사). 2006년~2007 : 수원대학교 전기공학과 Post-Doc. 2008~현재 : 대림대학 전기과 교수. 관심분야 : PID제어, 지능 제어, 최적화 기법, 퍼지이론, 신경망 이론 등.
 Tel : (031) 467-4667
 E-mail : cjn9828@hanmail.net



오성권 (吳聖權)

1983년 : 연세대학원 전기공학과 졸업(공학석사). 1983~1989년 : 금성산전연구소(선임연구원). 1993년 : 연세대 대학원 전기공학과 졸업(공학박사). 1996~1997년 : 캐나다 Manitoba대학 전기 및 컴퓨터공학과 Post-Doc. 1993~2005년 : 원광대 전기전자 및 정보공학부 교수 2005년~현재 : 수원대 전기공학과 교수. 2002년~현재 : 대한전기학회, 퍼지및지능시스템학회 및 제어자동화시스템 공학회 편집위원. 관심분야 : 시스템 자동화, 퍼지이론, 신경회로망 응용 및 제어, 컴퓨터 지능 등.
 Tel : (031) 229-8162
 E-mail : ohsk@suwon.ac.kr