

무기할당문제에서 유전자 알고리즘의 성능을 개선하기 위한 population 초기화 방법에 관한 연구

A Study of population Initialization Method to improve a Genetic Algorithm on the Weapon Target Allocation problem

홍성삼* · 한명목*[†] · 최혁진** · 문창민**

Sung-Sam Hong, Myung-Mook Han[†], Hyuk-Jin Choi, and Chang-Min Mun

*가천대학교 전자계산학과

**국방과학연구소

요 약

무기할당 문제(Weapon Target Allocation : WTA)는 전형적인 NP-Complete 문제로 공중에서 위협하는 표적에 대해 아군의 무기를 적절히 할당하는 문제이다. 이러한 NP-Complete 문제들은 주로 휴리스틱 알고리즘을 이용하여 최적해를 찾는다. 유전자 알고리즘은 대표적인 휴리스틱 알고리즘으로 다양한 도메인에서 우수한 성능을 보여주는 휴리스틱 알고리즘이다. 유전자 알고리즘의 단계 중에 population 초기화는 최초 염색체를 결정하는 문제로 유전자 알고리즘의 해의 질을 높일 수 있고, 탐색 성능을 높일 수 있으나 많은 연구가 이루어지고 있지 않는 분야이다. 따라서 본 논문에서는 WTA 문제를 해결하기 위해 유전자 알고리즘의 성능을 향상시키기 위한 population 초기화 알고리즘을 제안하고자 한다. 제안하는 알고리즘은 초기화할 때 WTA 문제 도메인의 특성을 반영하고, 우성유전자를 상속받는다. 또한, 문제 공간에서의 탐색 공간을 넓게 선정하여 질이 좋은 해를 효율적으로 찾을 수 있도록 하였다. 본 논문에서는 제안하는 알고리즘과 다른 알고리즘과의 다양한 속성의 비교분석 및 실험을 통해 성능을 분석하여 제안하는 알고리즘의 우수성을 검증하였다. 실험 결과 제안하는 알고리즘이 WTA 문제 해결에서 다른 방법들에 비해 좋은 성능을 보였다. 특히, 제안하는 알고리즘은 문제 상황에 따라 RMI 수치를 조정하여 적응성 있게 적용할 수 있기 때문에, 문제의 상황이 다양한 WTA 문제 도메인에 적용하기 적합한 알고리즘이다.

키워드 : 임의 난수 생성, 유전자 알고리즘, 무기할당, 휴리스틱, population 초기화

Abstract

The Weapon Target Allocation(WTA) problem is the NP-Complete problem. The WTA problem is that the threatful air targets are assigned by weapon of allies for killing the targets. A good solution of NP-complete problem is heuristic algorithms. Genetic algorithms are commonly used heuristic for global optimization, and it is good solution on the diverse problem domain. But there has been very little research done on the generation of their initial population. The initialization of population is one of the GA step, and it decide to initial value of individuals. In this paper, we propose to the population initialization method to improve a Genetic Algorithm. When it initializes population, the proposed algorithm reflects the characteristics of the WTA problem domain, and inherits the dominant gene. In addition, the search space widely spread in the problem space to find efficiently the good quality solution. In this paper, the proposed algorithm to verify performance examine that an analysis of various properties and the experimental results by analyzing the performance compare to other algorithms. The proposed algorithm compared to the other initialization methods and a general genetic algorithm. As a result, the proposed algorithm showed better performance in WTA problem than the other algorithms. In particular, the proposed algorithm is a good way to apply to the variety of situation WTA problem domain, because the proposed algorithm can be applied flexibly to WTA problem by the adjustment of RMI.

Key Words : Random Generator, Genetic Algorithm, Weapon-Target Allocation, Heuristic, population Initialization

1. 서 론

접수일자: 2012년 5월 25일

심사(수정)일자: 2012년 9월 10일

게재확정일자: 2012년 9월 11일

† 교신 저자

이 연구는 국방과학연구소의 지원에 의해 수행되었음
(계약번호 UD110057ED)

무기 할당(WTA : Weapon Target Allocation)문제는 아군에게 침투하는 적의 타겟들로부터 받을 수 있는 아군자산의 피해를 최소화하거나, 각 타겟에 대한 격추확률을 최대화할 수 있도록 아군의 방어무기체계를 각 타겟에 적절히 할당하는 방법을 찾는 문제이다. WTA문제는 전형적인 NP-Complete문제로 다양한 최적화 알고리즘들을 이용하여 WTA 문제를 해결하는 연구가 진행되고 있다. 하지만 일반적인 local search 방법이나 exact search 알고리즘들은 정확한 해를 찾아내지만 아주 소규모의 문제해결만 가능하기 때문에, 무기와 타겟 수가 많아지는 상황에는 적용하지 못하는

경우가 많다. 반면, 휴리스틱 알고리즘은 임의로 한해를 선택하여 그 해를 조금씩 개선시켜 나가 진역해를 찾아가는 방법들로 문제수가 많은 NP-Complete 문제들을 해결할 수 있는 방법들이다. 대표적인 휴리스틱 알고리즘으로는 ACO(Ant Colony Optimization)[1], Simulated annealing[2], TABU search[3, 4], PSO(Particle Swarm Optimization)[5], GA(Genetic Algorithm)[6] 등이 대표적인 알고리즘들이다.

휴리스틱 알고리즘에서 많은 분야에 다양하게 활용되는 알고리즘이 유전자 알고리즘이다. 유전자 알고리즘은 이산과 연속 변수들의 문제를 메타 휴리스틱 방법으로 해결하는 알고리즘이다. 여러 개의 individual로 이루어진 population을 형성하여, 교차 및 변이 등의 유전자 연산(Genetic operator)을 통해 최적해 또는 ‘최적에 가까운’ 근사해로 찾아갈 수 있도록 여러 세대를 거치면서 값을 진화시키는 알고리즘이다.

최근 유전자 알고리즘을 이용한 WTA 연구들은 유전자 연산자들인 선택, 교차, 변이, replace를 개선하는 형태[7, 8]나 각 genetic operator의 parameter에 관한 연구들, 또는 Local Search 방법이나 다른 휴리스틱 방법들과 연계하여 성능을 개선시키는 연구는 많이 진행되고 있다, 또한 염색체(해)간의 거리를 고려하는 연구[9]도 있지만 GA의 시작인 population의 초기화에 대한 연구는 거의 이루어지지 않고 있다.

따라서 본 논문에서는 WTA문제 도메인에서 유전자 알고리즘의 문제 해결 성능을 높이기 위해, 새로운 population 초기화 알고리즘을 제안하고자 한다. 이전의 다른 population 초기화 방법들의 문제점을 파악하고, 그 문제점을 개선하고 장점들을 활용할 수 있는 방법을 연구하였다. 그것을 토대로 새로운 형태의 population 초기화 알고리즘을 개발하여, 무기할당 문제에서 유전자 알고리즘의 성능을 향상시켰다. 제안하는 알고리즘의 성능을 분석하기 위해 임의 난수 생성 알고리즘의 평가방법들을 적용하여, 다양한 실험결과를 통해 다른 알고리즘과 제안하는 알고리즘의 성능을 비교 분석하였다. 실험결과 제안하는 population 초기화 알고리즘은 다른 초기화 알고리즘들에 비해 문제공간에 대한 탐색 공간 분산도가 좋고, 전반적으로 해를 찾는 성능이 우수하게 나타났다. 특히, WTA 문제 도메인의 상황에 따라 적용성 있게 적용할 수 있기 때문에 WTA문제 해결에 있어 우수한 성능을 나타냈다.

2. 관련 연구

2.1 WTA Problem Formulation

WTA문제는 Weapon Target Allocation, Weapon Target Assignment라고도 불리며, ‘확인된 위협에 대해 무기 시스템이 반응하여 무기를 할당하는 것[10]’으로 일반적으로 타겟에 대해 공격 가능한 무기를 배치시킴으로써 타겟에 대한 위협수치를 최소화 할 수 있는 최적화된 무기할당을 찾는 것이다. WTA 문제는 간단하게 아래 식 (1)의 함수 값을 최소화하는 것으로 명시할 수 있다[11].

$$\min F = \sum_{i=1}^T V_i \prod_{k=1}^W (1 - P_{ik})^{x_{ik}}, \quad (1)$$

제한 사항으로는 아래 식 (2)가 있다.

$$\sum_{j=1}^T x_{ij} = 1 \text{ for all weapon } i = 1, \dots, W, \quad (2)$$

여기서 변수 x_{ij} 는 아래 식 (3)에 따라 이진수 변수로 정의된다.

$$x_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{if weapon } i \text{ is assigned target } j, \\ 0, & \text{otherwise.} \end{cases} \quad (3)$$

식(1)에서 변수 W 는 아군의 무기 집합 ($W = \{W_1, \dots, W_p\}$)이고, T 는 접근하는 타겟의 집합이다. P_{ik} 는 타겟 i 에 대해 무기 k 가 격추시킬 수 있는 확률이며, V_i 는 타겟 i 에 대한 위협수치이다. 또한 모든 아군의 무기 $W = \{W_1, \dots, W_p\}$ 에 대해 1개의 타겟들이 무조건 할당되어야 한다. 이렇게 정의된 WTA 문제를 ‘The Static Target-Based Weapon Allocation’라고 한다.

$$X = \begin{bmatrix} X_{11} & X_{12} & \dots & X_{1|W|} \\ X_{21} & X_{22} & \dots & X_{2|W|} \\ \vdots & \vdots & & \vdots \\ X_{|T|1} & X_{|T|2} & \dots & X_{|T||W|} \end{bmatrix}$$

여기서 솔루션 X 는 아래와 같이 표현하며, 각 행렬의 값은 0 아니면 1로 1이면 해당 행의 무기에 해당 열의 타겟이 할당되었다는 것이다. 본 논문에서 WTA 문제에 대해 유전자 알고리즘에서 individual을 표현한 형태는 각 무기에 대해 타겟의 번호를 할당하는 것을 순열형태로 표현하며, X 의 인덱스 i 를 W_i , 각 인덱스에 대한 원소 값을 T_k 로 표현하며, 여기서 W_i 는 i 번째 무기이고, $T_{targetNo.}$ 는 targetNo.에 해당하는 타겟을 뜻한다.

$$X = \{ \begin{matrix} W_1 & W_2 & \dots & W_i \\ T_{targetNo.}, & T_{targetNo.}, & \dots & T_{targetNo.} \end{matrix} \}, T_{targetNo.} \in T_{all} \quad (4)$$

예를 들어 아군의 무기수가 4개, 타겟 수가 3개인 상황에서 해 X 가 $X = \{1,2,2,3\}$ 라면, 1번 무기는 1번 타겟, 2번 무기는 2번 타겟, 3번 무기는 2번 타겟, 4번 무기는 3번 타겟을 할당받아 요격을 하는 것이다.

2.2. GA(Genetic Algorithm)

유전자 알고리즘은 휴리스틱 알고리즘에서 대표적인 알고리즘으로 다윈의 진화론을 토대로 해의 값들을 자연적인 선택과 교차 등의 단계를 통한 진화에 의해 최적 해를 찾아가는 진화 알고리즘이다[6]. 유전자 알고리즘의 진행과정은 다음 그림 1과 같다.

유전자 알고리즘은 최초 individual을 무작위로 생성하여 population을 초기화한다. 각 individual은 주어진 문제에 솔루션을 나타내는 변수인 유전자(Gene)로 구성된 염색체(Chromosome)으로 인코딩된다. 특정 최적화 문제에 따라 인코딩 방법이 다르게 적용되며, 대표적으로 이진수 또는

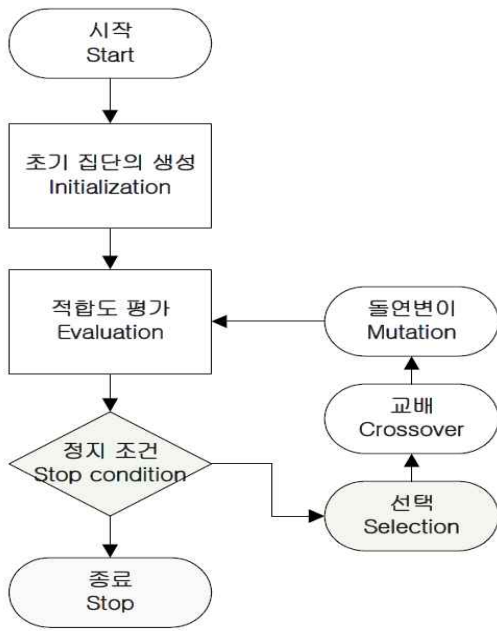


그림 1. 유전자 알고리즘
Fig. 1. Genetic Algorithm

실수로 스키마를 표현하는 방법이 있으며, 표현방법의 선택에 따라 유전자 알고리즘의 성공적인 적용에 큰 영향을 미칠 수 있다. 유전자 알고리즘에서 문제를 표현하기 위해 object function을 설계하며, 각 individual을 object function에 적용하여 얻어진 값을 fitness value라고 한다.

유전자 알고리즘을 설계하는데 있어서 중요한 3개의 연산자(operator)인 선택(Selection), 교차(Crossover), 변이(Mutation)가 있다. 선택 연산자는 현재 세대(Generation)에서 다음 세대에 영향을 주는 individual을 선택하는 과정이다. 선택 operator는 일반적으로 확률적으로 좋은 솔루션(Fitness Value가 높은 individual)을 선택하고 나쁜 솔루션을 제거하는 형태로 설계되어 있으며, 대표적으로 룰렛-휠(Roulette-wheel)방식과 토너먼트 방식(Tournament)이 있다. 교차 연산자는 다음 세대에서 사용할 새로운 individual의 염색체를 생성하기 위해 두 부모 염색체로부터 유전자를 재조합하는 과정이다. 대표적으로 일점 교배, 두 점 교배 등의 방법이 있다. 변이 연산자는 현재 염색체내의 유전자 중 한 개 또는 여러 개를 무작위 방식으로 선택하여 다른 형태로 바꾸는 과정이다. 이러한 유전 연산자 과정을 거치면서 점점 해를 진화시켜 일정한 반복을 수행하면 하나의 근사해로 점점 수렴하게 되고, 제약사항에 따라 유전자 알고리즘의 수행이 종료되면 지금까지 얻어진 해 중 가장 좋은 해를 사용하여 문제를 해결한다.

유전자 알고리즘은 TSP(Traveling Saleman Problem), 작업 스케줄링, 네트워크 레이아웃, 채널 라우팅, 그래프 분할, DB(Database) 질의 최적화 등 여러 분야에서 사용되어 지고 있다. 또한 유사한 영역으로 정보보호 분야에서 악성코드 탐지, 침입탐지분야에서도 사용되어 지능형 침입탐지 시스템[8] 연구로도 활용되고 있다.

2.3. 임의 난수 생성 성능 비교 분석

본 절에서는 WTA문제에서 초기화 방법에 대한 실험 및 성능 분석에 앞서, 일반적인 GA 환경에서 임의 난수 생성

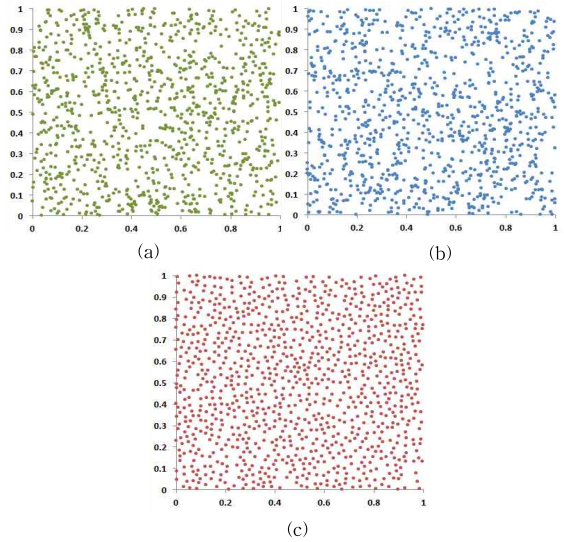


그림 2. 알고리즘 별 2차원 점 (1024개) 분포도: (a) Mersenne twister (b) C library Random (c) SSI
Fig. 2. 2-Dimension Point set of 1,024 point with each Algorithms: (a) Mersenne twister (b) C library Random (c) SSI

알고리즘에 의한 초기화에 따른 GA 성능을 분석하기 위한 속성을 제시하고, 각 알고리즘 별로 그 속성에 대한 특성을 비교 분석하는 방법을 소개한다[9]. 사용한 임의 난수 생성 알고리즘은 pseudo random generator인 메르센 트위스터 [12]와 SSI방법과 C에서 제공하는 라이브러리 임의 난수 생성기이며 각각의 성능을 비교 평가 하였다. 임의 난수 생성 성능의 분석방법들은 GA의 집단초기화가 주로 임의 난수 생성에 의해 결정되기 때문에 초기화 알고리즘의 성능과 밀접한 관계가 있다.

2.3.1 임의 난수 분산 평가

임의 난수가 난수를 생성할 때 얼마나 다양한 수를 생성하여 문제 공간 안에 잘 분포되는지를 판단하는 기준은 2차원을 이용한 점 분포도와 ess(Empty Space Statistic)값을 계산하는 방법 등이 있다.

2.3.1.1 분포도

점 분포도는 임의 난수 생성 알고리즘으로 2, 3차원의 좌표를 생성하여 각 점들을 표시하여 얼마나 지정된 탐색공간 안에 각 난수들이 잘 분포되었는지를 가지적으로 판단할 수 있게 해준다. 각 점들은 GA에서 염색체 즉, 해를 의미할 수 있다. 그림 2는 알고리즘 별 점 분포도를 나타내고 있다. 각 그림의 x축과 y축의 범위는 0부터 1까지이다. 점 분포형태를 보면 메르센 트위스터와 C Rand 함수의 경우 무작위로 점이 분산되며, 곳곳에 점이 집중되는 공간도 나타나고 있다. 반면에 SSI의 경우 제한 거리를 두고 점을 분포시키기 때문에 무작위로 분포하되, 일정거리이상 유지되게 되어 정규하고 고르게 공간 안에 분포되는 모습을 볼 수 있다. 만약 제한거리를 짧게 한다면, 점점 일반적인 random generator와 유사한 점 분포도를 나타낼 것이다.

2.3.1.2 Empty Space Statistic

분포도로는 2차원 또는 3차원까지의 임의 난수 조합만

시각적으로 판단할 수 있지만 4차원이 넘어가면 육안으로 확인하기가 어렵다. 따라서 4차원 이상의 임의의 난수 분산 정도를 평가하기 위해서는 다른 통계적 방법을 필요로 한다. 또한 시각적인 분석보다 수치적인 분석을 통해 난수 분산에 대한 수학적 근거를 제시할 수 있다.

임의로 생성된 점들이 실행가능 범위(Feasible Region)을 얼마나 잘 포함하고 있는지를 평가하기 위해 실험적인 빈 공간 통계 방법인 Empty space statistic function[15]을 사용한다. ess function은 아래 식 (5)로 정의된다.

$$ess(r) = 1 - \Pr(B(x, r) \text{ is empty}) \quad (5)$$

위 식 (5)에서 x 는 임의로 선택된 한 점이며, $B(x, r)$ 은 점 x 를 중심으로 r 크기의 반지름을 가진 구를 뜻하며, \Pr 은 확률을 표시한다.

2.3.2 Genetic Diversity 속성

Genetic Diversity는 유전적인 다양성이 얼마나 초기화에 적용되었는가를 평가하는 속성이다[9]. 유전자 알고리즘에서 population은 교차와 변이에 의해 발전을 하게 되는데 여기서 교차가 크게 영향을 끼친다. Genetic Diversity 속성은 이 교차연산자가 문제 공간 안에서 큰 부분으로 닿을 수 있는가를 평가하는 속성이다. 유전적으로 다양성을 지니도록 population을 초기화하는 것이 좋은 방법이라 판단한다.

2.3.3 속도

난수 생성 알고리즘의 성능이 좋다하여도 계산이 너무 많아 생성 속도가 느리다면, 실질적으로 GA에 적용하여 문제를 해결하는데 실용성이 떨어진다. 생성 속도가 빠르면서 GA의 문제 해결 성능을 개선시킬 수 있는 임의 난수 생성 알고리즘이 좋은 알고리즘이라고 할 수 있다. 혹은 어느 정도 생성시간이 필요하지만 일정 제한 시간 안에 결과가 다른 알고리즘보다 좋다면, 그것 또한 좋은 임의 난수 생성 알고리즘이라 할 수 있다. 이러한 임의 난수 생성 알고리즘을 사용하여 GA 초기화를 한다면 좋은 근사해를 얻을 수 있다. 따라서 알고리즘이 정해진 수를 만들어내는 속도도 분석할 필요성이 있다.

3. 제안하는 Random Mutation Inherit 초기화 방법

3.1 WTA문제에서 GA population 초기화 문제

GA population 초기화는 최초 염색체 population을 만들어내는 과정으로 대부분은 임의의 난수 생성기를 이용하여 임의의 수로 생성하는 경우가 대부분이다. 하지만 이러한 population 초기화 과정은 유전자 알고리즘이 탐색할 문제의 공간을 형성하는 과정으로 공간에 각 염색체를 어떻게 배치하느냐에 따라 유전자 알고리즘의 성능과 효율성에 영향을 줄 수 있다[9].

초기화 문제는 크게 두 가지 고려할 사항이 있는데, 얼마나 문제공간에 탐색공간을 분산시킬 것인가와 빠르게 좋은 해를 찾을 수 있도록 유도할 것인가의 문제를 다루게 된다. 이 두 부분은 서로 상반되는 속성을 가지고 있다.

탐색공간의 분산 문제는 얼마나 문제 공간 내에 효율적이고 광범위하게 탐색 공간(염색체의 다양성)을 분산시킬

것인가에 대한 문제이다. 만약 global optimization 문제에서 탐색공간의 형성이 잘못되어 전역해를 탐색하지 못하여 더 좋은 해를 찾지 못하고(유전 연산자의 잘못된 설계나 유전자 파라미터에 잘못된 설정, 잘못된 염색체 표현방법들도 영향을 줄 수 있다), 지역해로 잘못 수렴하는 경우가 발생할 수 있다. 이렇게 되면 원하지 않게 가장 좋은 근사해가 아닌 잘못 수렴한 해를 얻을 수 있다.

좋은 해를 빠르게 찾을 수 있도록 유도하는 문제는 최초 population 초기화를 수행할 때 전혀 의미 없는 임의의 수가 아닌 도메인의 knowledge를 적용하거나 local search 등의 빠른 탐색 알고리즘을 적용하여, 최초 탐색공간을 근사 해의 주변으로 위치하게 함으로써 그 탐색공간 안에서 좀 더 빠르게 근사해를 찾도록 유도하는 것이다. 유전자 알고리즘의 개념적인 원리로 봤을 때 최초 염색체 population을 형성할 때 유전형질이 좋은(우성 유전자) 염색체 내에 적용하여 우성형질을 이용하여 좋은 해를 빠르게 찾도록 하는 것이라고 볼 수 있다.

이러한 두 가지 고려사항은 각 도메인의 특성이나 제약 사항, 제한사항 등에 따라 적절하게 고려되어 유전자 알고리즘을 사용해야한다. 본 논문에서 다루는 무기할당 문제의 경우 적의 침투가 발생하였을 시 최대한 빠르게 무기를 할당해야 하며, 일정 제한시간 내에 꼭 무기를 할당해야한다. 따라서 초기 population 생성시 도메인의 knowledge나 local search방법 등을 이용하여 초기 population에 우성 유전자를 배포시켜, 빠르게 근사해로 유도될 수 있도록 하는 것이 유리할 것으로 판단된다.

3.2. 기존의 WTA문제에서 GA 초기화 방법

기존의 유전자 알고리즘에서 population 초기화 방법에 관한 연구로 MMR을 이용한 방법과 SSI를 이용한 방법이 소개되어 있다.

3.2.1 MMR(Maximum Marginal Return)을 이용한 초기화 방법

MMR[13]을 이용한 방법은 GA-S(Seed)라고도 하며, MMR을 수행하면 얻어지는 값을 유전자 알고리즘의 초기화에 사용하는 방법이다[13]. MMR로 얻어진 값은 상대적으로 임의로 생성하는 값보다 무기할당 문제의 object function 값이 좋은 솔루션이기 때문에 우성의 유전자를 보유했다고 판단하여, 초기 population에 MMR로부터 얻은 솔루션을 적용하여 우성 형질을 이용하여 좀 더 빠르게 해를 찾고자하는 방법이다.

이 방법의 문제점은 상대적으로 좋은 fitness를 보유한 MMR값을 그대로 최초 population에 사용함으로써 MMR로 얻은 해의 탐색공간의 로컬 탐색 공간 영역을 벗어나지 못하고, 유전자 알고리즘의 수행과 관계없이 단순히 MMR의 솔루션 값으로 지역해의 형태로 수렴해버린다는 것이다. 즉, 많은 세대를 거쳐도 값이 진화하지 못하고(휴리스틱 성질을 상실) 계속적으로 MMR 값으로만 수렴하는 문제가 발생하는 것이다. 휴리스틱 알고리즘의 장점인 경험적인 해의 진화 과정이 나타나지 않는 것이다. 이렇게 되면 MMR 값이 좋은 해일 수도 있지만, 다른 공간을 탐색하지 못함으로써 넓은 영역(다양한 해)을 탐색하지 못한다고 볼 수 있다. 이렇게 초기 집단의 다양성의 부족으로 지역해로 빠르게 수렴할 경우, 더 좋은 최적해나 좀 더 정확한 값을 얻지 못할 수 있다는 문제점이 있다.

3.2.2 SSI(Simple Sequential Inhibition)를 이용한 초기화 방법

SSI 방법은 Random Point Generator 방법으로 정해진 공간 내에 임의의 점들을 배치시키는 방법으로, 하나의 점은 다른 모든 점과의 거리가 정해진 최소거리 Δ 보다 멀게 배치하는 방법이다. 즉, 하나의 점을 중심으로 Δ 크기의 반지름을 가진 구안에는 어떤 다른 점도 있지 않게 임의로 배

표 1. SSI 알고리즘 pseudo code
Table 1. Pseudo code of SSI algorithm

<p>0. Parameter 초기화 : 집단 크기, Max_futile and 차원의 수 n and set futile = 0, k = 0.</p> <p>1. Do until k == population size 또는 futile==Max_futile</p> <p>1.1 Trial Point 생성 (n-차원 unit hyper cube에 pseudo 또는 Quasi 임의의 난수 생성 알고리즘을 이용하여 trial point 를 생성)</p> <p>1.2 trial point의 허용 여부 확인 If 존재하는 모든 individual과 trial point와의 거리가 Δ 보다 크면, trial point를 집단에 추가, 그리고 k값은 1을 더하고, futile은 0으로 설정 Else, futile에 1을 더함.</p> <p>End do</p>

치는 방법이다. SSI 알고리즘의 pseudo code는 표 1과 같다[14].

이 방법을 유전자 알고리즘에서 population 초기화 방법에 적용하면, 각 점은 하나의 염색체가 되게 되고 각 염색체마다 거리를 일정거리 이상 떨어뜨림으로써 문제공간 영역에 골고루 넓게 탐색공간을 가져갈 수 있도록 할 수 있다. 그렇게 되면 세대가 거쳐 감에 따라 더 좋은 해를 찾아 진화할 수 있는 확률이 높아질 수 있다.

하지만 이 방법의 문제점은 각 점이 특별히 도메인의 특성을 반영하지 않고 있어 빠른 시간 내에 좋은 해를 찾는 것보다 어느 정도 시간이 지나야 좋은 해를 찾을 수 있어, 시간제한이 있거나 빠른 처리가 필요한 도메인 환경에서는 적용하기가 어렵다는 단점이 있다.

3.3 제안하는 GA 초기화 알고리즘

본 논문에서 연구 중인 유전자 알고리즘 population 초기화 방법은 위의 소개된 두 가지 방법의 문제점을 개선하고, 각 방법의 장점을 적용하여 좀 더 효율적으로 population을 초기화하여 무기할당 문제를 해결함에 있어서 유전자 알고리즘의 성능을 개선하고자 한다. 제안하고자 하는 초기화 알고리즘은 다음과 같다. 알고리즘에서 사용되는 파라미터는 아래와 같다.

- popSize = population의 크기
- futile = 버려진 염색체 수
- Max_futile = 염색체가 버려질 수 있는 최대 횟수
- pRmi = random mutation inherit 함수의 교환확률
- limitdist = 염색체간 최소 거리

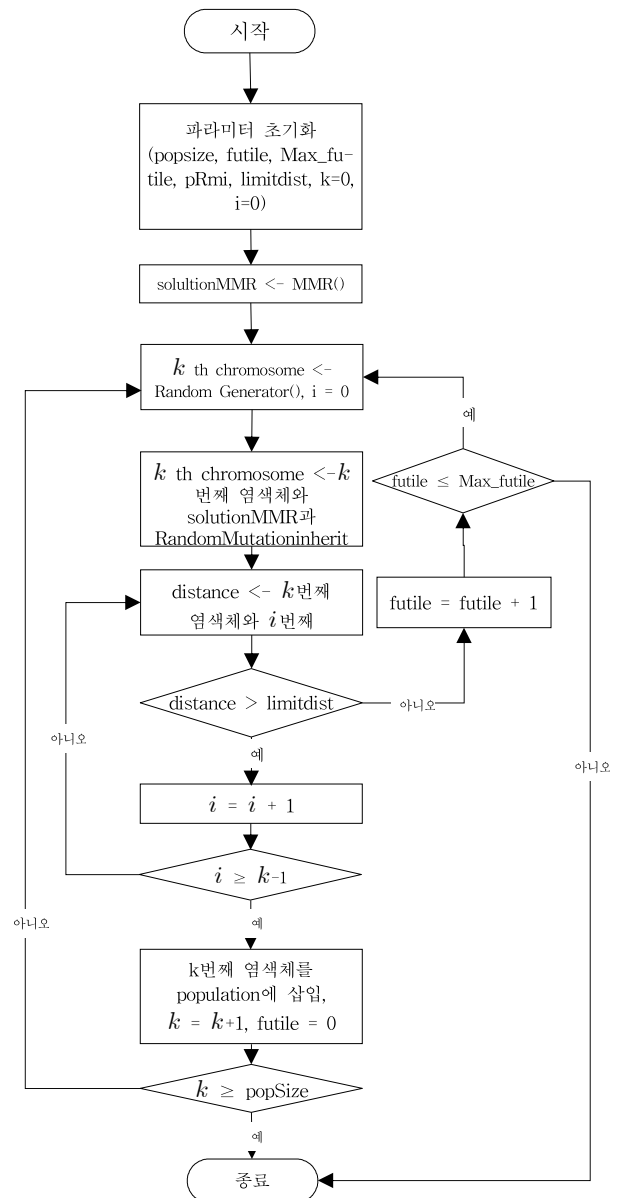


그림 3. 제안하는 알고리즘 순서도
Fig. 3. Flowchart of proposal Algorithm

그런 다음 random generator를 이용하여 k번째 염색체를 생성한다. 생성된 염색체와 solutionMMR 값을 random mutation inherit을 수행하여 새로운 k번째 염색체를 생성한다. 만약 현 iteration에서 새롭게 생성된 k 번째 염색체와 다른 염색체와 거리가 limitdist보다 작을 경우 생성된 k 번째 염색체는 버려지고 futile값을 증가시킨다.

futile값이 Max_futile을 넘어가게 되면 알고리즘은 종료하고 만약 집단의 크기(집단내의 염색체의 총 개수)만큼 염색체가 생성되지 않았다면 나머지 염색체들은 random generator를 이용하여 생성된다. 따라서 Max_futile의 값을 적절히 여유 있게 설정하지 않는다면 쉽게 알고리즘이 종료될 수 있다. 새롭게 생성된 k번째 염색체와 모든 다른 염색체와의 거리가 limitdist보다 크면 해당 염색체는 population의 k번째 염색체로 적용하고, k값을 증가시킨다.

표 2. Random Mutation Inherit의 Pseudo Code
Table 2. Pseudo Code of Random Mutation Inherit

Algorithm Random Mutation Inherit 집단 초기화	
1:	Input : A old chromosome, A solutionMMR, a $pRmi$ (상속률)
2:	Output : A new chromosome
3:	for $i=1$ 부터 염색체의 길이만큼(gene의 개수)
4:	probability = 0~1사이 임의의 난수 생성 값
5:	if probability < $pRmi$ 면
6:	new chromosome의 i 번째 gene = solutionMMR의 i 번째 해(gene)
7:	else
8:	new chromosome의 i 번째 gene = old chromosome의 i 번째 gene (즉, 랜덤 생성값 그대로 사용)
9:	end if
10:	end for
11:	return new chromosome

popSize만큼 염색체가 생성된다면 종료한다. 그림 3은 제안하는 알고리즘 구조를 나타내고 있으며, 여기서 MMR을 초기화에 적용하기 위해 제안하는 알고리즘 함수는 표 2와 같으며 random mutation inherit라 정의한다.

이렇게 population 초기화를 수행하면서 MMR에서 얻은 우성 유전자를 염색체로 상속시키게 되고, limitdist만큼 각 염색체간의 거리를 조절하여 특정 탐색 영역에 염색체들이 물리는 것을 방지하여 문제공간에서의 탐색영역을 넓힐 수 있다. 이렇게 되면 기존의 방법들의 단점을 개선할 수 있다. 즉, MMR의 우성 유전자를 상속받게 되므로 도메인에 대한 성질이 population 초기화시 반영이 되어 좀 더 빠르게 좋은 해를 찾을 수 있으며, 염색체간의 거리를 조절함으로써 탐색

영역을 넓힘으로써 지역해로 급하게 수렴하는 것을 방지할 수 있다.

특히 이 알고리즘의 특징은 random mutation inherit에서 pRmi에 수치가 따라 MMR의 우성 유전자의 상속이 커질 수도 있으며 작아질 수도 있다. 즉, pRmi의 수치를 적절히 조절하여 각 도메인에 성향에 맞게 적응성 있게 적용할 수 있다. 만약 빠르게 좋은 해를 얻고자할 때에는 pRmi 수치를 높여 MMR의 상속확률을 높인다면 일반적인 초기화 방법에 비해 좋은 해를 빨리 얻을 수 있을 것이다. 따라서 WTA 문제와 같은 상황에 따라 시간의 제약사항이 자주 바뀌는 도메인에 적응성 있게 적용할 수 있기 때문에 WTA 문제해결능력을 향상시킬 수 있다.

4. 실험 및 성능 평가

4.1. WTA문제에서 각 population 초기화방법의 초기 population 분포도

본 절에서는 WTA문제에서 GA의 population 초기화를 각 초기화 방법별로 수행하여 구해진 population의 individual 값의 분포정도를 알아본다. 실험에 사용한 알고리즘은 메르센 트위스터, SSI, GA-S(MMR을 이용한 초기화 방법)이며, 실험에 사용된 각 파라미터는 다음과 같다.

- GA
 - population size = 1024
 - Number of Target = 100
 - Number of Weapon = 3
- SSI, 제안하는 알고리즘
 - MAX Futile = 2000
 - Distance = 2.5
 - pRmi = 0.5

여기서 SSI 알고리즘에서 사용되는 Distance의 최대 Distance 크기는 아래 식(6)와 같다. D_{max} 를 최대 Distance라고 한다면,

$$0 < D_{max} < \sqrt{\frac{4 \times T^2}{n \times \pi}}, \quad (6)$$

여기서 T 는 타겟의 수, n 은 population 크기이다. 그림 4는 각 알고리즘 별 3차원 점 분포도를 나타내고 있다. 각 그림에서의 x,y,z축의 범위는 0부터 100이다. 점 분포도를 확인해보면 SSI의 경우 제한 거리를 반영하여 문제 공간 안에 일정한 거리를 유지하면서 정규하게 문제공간을 커버하는 모습을 확인할 수 있다. 메르센 트위스터의 경우 무작위로 분포되지만 대체적으로 문제 영역을 잘 커버하고 있다고 볼 수 있다. GA-S의 경우 일정 개수의 점들이 같은 점으로 생성되어 특정 영역에 집중되어 전체적으로 문제 공간 안에 분포가 적게 되는 모습을 볼 수 있다. 여러 개의 점이 같은 값을 나타내기 때문에 점이 적게 있는 것처럼 보인다. 여기서 특정 영역은 MMR로 얻은 값의 영역이다. 제안하는 알고리즘은 점이 생성되지 않도록 일정 거리를 유지하면서 문제영역에 분포되는 것을 볼 수 있다. 우성 유전자가 있는 MMR 영역에 조금씩 집중되어 분포되는 성향은 있지만 전

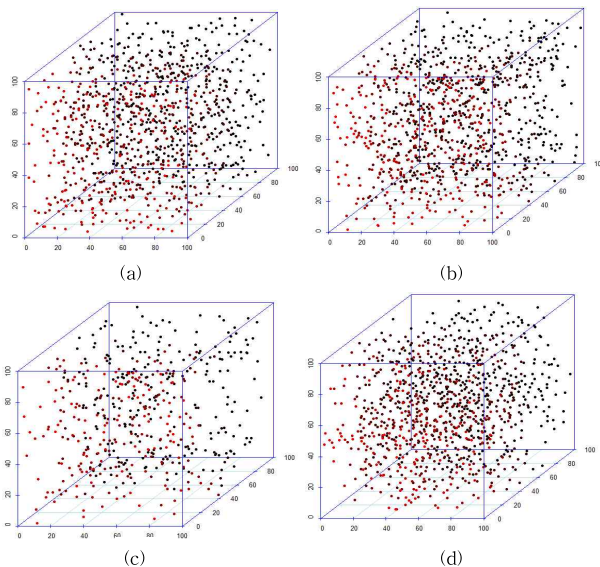


그림 4. 알고리즘 별 3차원 점 (1024개) 분포도: (a) SSI (b) Mersenne twister (c) GA-S (d) 제안하는 알고리즘
Fig. 4. 3-Dimension Point set of 1,024 point with each Algorithms: (a) SSI (b) Mersenne twister (c) GA-S (d) Proposal Algorithm

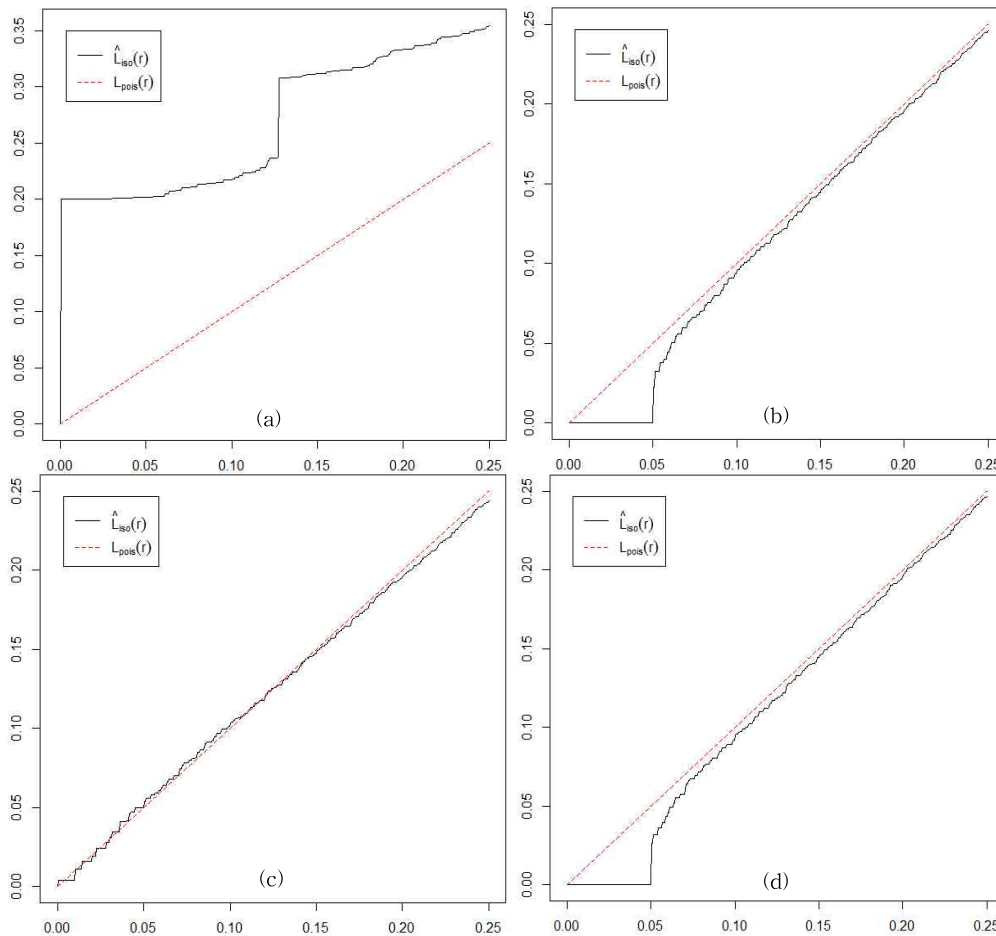


그림 5. 알고리즘 별 L-Function 결과 (x축 - r, Y축 - L(r)): (a) GA-S (b) SSI (c) Mersenne twister (d) 제안하는 알고리즘

Fig. 5. Result of L-Function with each Algorithms(X axis - r, Y axis - L(r)): (a) GA-S (b) Mersenne twister (c) Proposal algorithm (d) SSI

체적으로 점들은 문제 공간에 넓게 분포되어 있다. 그림 4에서 SSI와 메르센 트위스터의 경우 분포도만을 보고 육안으로 차이점을 발견하기 어렵기 때문에 아래 4.2절에서 Genetic Diversity 속성으로 분포 정도를 판단하였다.

표 3. 알고리즘별 population 생성 시간(ms)
Table 3. Time of Generating population with each Algorithms(ms)

알고리즘	W=2 pop=200	W=20 pop=200	W=30 pop=200	W=50 pop=200
GA (M.T)	0.000071	0.000473	0.000716	0.000528
GA-S (MMR)	0.000079	0.000464	0.000873	0.002514
SSL_GA (SSI)	0.007490	0.045239	0.072428	0.127571
Propo- posal	0.01036	0.050336	0.081203	0.145381

※ 알고리즘 안의 ()는 초기화 방법 (MT:Mersenne twister)

4.2. WTA 문제에서 Genetic Diversity 속성 비교

Genetic Diversity 속성은 앞서 설명하였듯이, 교차연산자가 문제 공간 안에서 큰 부분으로 닿을 수 있는가를 평가하는 속성이다. 유전적으로 다양성을 지니도록 population을 초기화하는 것이 좋은 초기화라 판단한다. 이를 평가하는

표 4. 알고리즘별 mean 값
Table 4. Result of mean value with each Algorithms

알고리즘	W×T 20×20	W×T 30×30	W×T 50×50	W×T 30×50
GA (M.T)	276.063 (9.55)	521.99 (16.165)	947.772 (22.59)	1478.473 (20.91)
GA-S (MMR)	147.146 (0.485)	222.821 (0.926)	341.116 (0.405)	1019.95 (0.097)
SSL_GA (SSI)	283.138 (11.273)	529.57 (19.39)	958.8 (22.63)	1491.73 (22.96)
Pro- posal	146.849 (0.297)	222.428 (0.879)	340.62 (0.658)	1019.91 (0.109)

※ 알고리즘 안의 ()는 초기화 방법 (MT:Mersenne twister)

방법으로 Ripley's K-Function[15]을 사용하였다. $K(r)$ 은 임의로 선택되는 점을 중심으로 반지름 r 크기의 구 영역 안에 다른 점의 개수에 대한 기대지수를 나타내는 것이다. 주어진 r 거리 안에 기대되는 점이 없다면, $K(r)$ 값은 0이 된다. 즉, 수치가 높아질수록 해당 r 거리 안에 점들이 군집해있다는 것으로 Genetic Diversity는 낮다고 판단한다. K-Function 값으로부터 얻는 L-Function은 군집 성향을 linear하게 판단할 수 있다. $L(r)=r$ 에 가까울수록 각 점은 독립적이라 판단하여 다양성이 높다고 평가한다.

그림 5는 알고리즘별 L-Function의 결과를 보여주고 있다. 그림 5의 x축은 r 값, y축은 L-Function 값을 나타내며, 범위는 0부터 0.25까지이다. GA-S의 경우 $L(r)=r$ 선에서 급격히 위쪽으로 값이 형성되는 것으로 보아 거리마다 점들이 심하게 밀집되어 지역해에 수렴할 가능성이 높다. 메르센 트위스터의 경우 특별한 조건 없이 값이 임의로 생성되기 때문에 거리별로 $L(r)=r$ 선에 값들이 가깝게 분포되기 때문에 점들이 독립적으로 생성된다고 볼 수 있다(Genetic Diversity가 높음). SSI와 제안하는 알고리즘은 점들이 정해진 거리까지는 거리를 유지하도록 하였기 때문에 그 거리까지는 비독립적으로 생성되는 것처럼 보이나, 그 거리를 벗어나면 값들이 $L(r)=r$ 선에 가까워지면서 독립적으로 임의 생성이 된다는 것을 볼 수 있다. 따라서 SSI와 제안하는 알고리즘의 경우 제한 거리를 줄인다면 전체적으로 점점 $L(r)=r$ 선으로 가까워 질 것이고, 이는 Genetic Diversity를 높일 수 있을 것이다. 따라서 제한거리를 어떻게 설정하는냐가 점(값) 분산과 Genetic Diversity 간의 성향을 조절하는 부분이 될 것이다.

4.3 population 생성 속도 비교

본 절에서는 각 알고리즘 별로 population 초기화에 걸리는 수행시간을 측정하여 비교해보았다. 수행 방법은 population 크기는 200개로 설정하고, 각 무기 개수를 늘려가면서(공간적인 시각으로 보면, 차원(Dimension)을 늘리는 것과 같음) 각각의 속도를 알고리즘 별로 측정하였다. 표 3은 초기화 속도에 관한 실험 결과를 나타내고 있다. 제안하는 알고리즘이 해를 분산시키는 과정과 우성 유전자를 상속하는 과정이 추가되었기 때문에 다른 알고리즘보다 속도는 느리게 나타났다. 하지만 WTA문제를 해결하기 위한 속도로는 충분하다고 판단되며, 무기가 30인 경우에서 약 0.08ms의 시간만 수행하기 때문에 전체적인 과정에 있어서 속도의 차이가 유전자 알고리즘의 성능을 크게 저하시키지 않는다고 볼 수 있다. 표 4에서 나타난바와 같이 2초를 수행한 후 해의 값이 좋게 나오는 것으로 보아 초기화로 인해 추가된 시간이 성능에 크게 영향을 주지 않는다고 판단할 수 있다.

표 3에서 GA는 Mersenne twister, GA-S(GA-Seed[14])는 MMR, SSI_GA는 SSI를 사용하여 초기하였고, Proposal은 제안하는 초기화 알고리즘을 사용한 GA이다. 실험에 사용된 파라미터는 아래와 같다.

- Max_Fuilde = 2000
- PopSize = 200
- pCrossover = 0.8, pMutation = 0.05

4.4 각 휴리스틱 알고리즘별 WTA 성능 비교

실험은 일반적인 GA와 휴리스틱 알고리즘인 PSO, SSI 초기화 그리고 제안하는 알고리즘별로 각각 100회씩 수행

하였다. GA에서 선택 연산자는 룰렛-휠 방식을 사용하였고, 교배방식은 일점 교배를 수행하였다. 실험에 사용된 각 파라미터는 다음과 같다. 표 4에서는 초기화 방법에 따라 알고리즘을 mean 값을 비교하였으며, 각 알고리즘 별 초기화 방법은 위의 표 3과 동일하다.

- Max_Fuilde = 2000
- PopSize = 500
- pCrossover = 0.8, pMutation = 0.05
- 수행 제한 시간 = 2초

실험결과는 위의 표 4와 같다. 실험은 각 무기×표적의 수 별로 수행하였으며 각각 20×20, 30×30, 50×50, 30×50의 경우를 적용하여 실험하였다. 표 4에서 ()안의 값은 표준편차이다. mean값이 낮게 나올수록 좋은 해를 얻었다고 판단할 수 있다. 제안하는 알고리즘이 20×20에서 146.849, 30×30에서 222.428, 50×50에서 340.62, 30×50에서 1019.91로 다른 알고리즘들 보다 좋은 결과를 보이는 것을 알 수 있다.

특히, GA가 30×30에서 276.063, 50×50에서 947.772, 30×50에서 1478.473, SSI를 이용한 GA가 30×30에서 529.57, 50×50에서 958.8, 30×50에서 1491.73을 얻는 것에 비해 상당히 좋은 값을 나타내고 있기 때문에 일반적인 GA나 SSI_GA보다 GA에서 성능이 좋은 초기화 방법이라고 할 수 있다. 또한 표준편차도 크지 않기 때문에 정확도도 높다고 볼 수 있다. 따라서 약 2~3초 정도의 주어진 제한 시간 안에 좋은 해를 얻어 의사결정을 수행해야하는 WTA 문제에서는 제안하는 알고리즘이 다른 초기화 방법들 비해 좋은 결과를 보이며, 표준 편차도 적게 나왔기 때문에 WTA 문제의 의사 결정하는데 있어서 적합한 알고리즘이라고 할 수 있다. 또한, 제안하는 알고리즘이 초기화에 걸리는 수행시간 가장 길지만 제한 시간 안에 의사 결정함에 있어 크게 영향을 주지 않는다는 것을 알 수 있다.

5. 결론 및 향후 연구

본 논문에서는 WTA문제를 해결하기 위해 유전자 알고리즘을 사용하였으며, 유전자 알고리즘의 문제 해결 성능을 높이기 위한 WTA 문제 도메인에 적합한 유전자 알고리즘 population 초기화 알고리즘을 제안하였다.

제안하는 알고리즘은 우성인자를 상속받고, 적절하게 population 내의 염색체들을 문제공간에 분산 초기화시켰다. 그 결과로 좋은 솔루션을 빨리 찾을 수 있고, 많은 탐색 공간을 거치기 때문에 더 좋은 값으로 개선시킬 수 있었다. 특히, 제안하는 알고리즘은 상속확률의 조절을 통하여 탐색 공간과 탐색시간에 따른 솔루션 값을 조절할 수 있기 때문에, WTA 문제와 같은 다양한 변수가 많은 도메인에서 상황에 따라 적응성 있게 적용할 수 있었다. 제안하는 알고리즘은 기존의 난수로 population을 초기화하는 방법과 다른 초기화 알고리즘보다 단시간에 좋은 결과를 얻을 수 있었다. 또한 제안하는 알고리즘에서 사용하는 pRmi 및 distance 수치에 따라 우성 유전자 상속률이나 Genetic Diversity, 분포 정도를 조절할 수 있기 때문에 도메인에 따라 적응성 있게 적용할 수 있다.

본 논문에서 나타난 바와 같이 초기화 방법에 따라 문제에 대한 솔루션을 구하는데 있어서 유전자 알고리즘의 탐색

성능을 개선할 수 있었고, 효율적으로 해를 얻을 수 있었다. 따라서 유전자 알고리즘 연구영역에서 계속적으로 연구할 가치가 있는 분야라고 판단된다. 추후 성능 향상을 위해 다른 임의 난수 생성 알고리즘과의 연동, 유전자 연산자와의 연관성분석, 다른 휴리스틱 및 Local Search 알고리즘과의 연동을 통한 성능 개선, 개선된 형태의 Crossover 및 Mutation 방법에 관한 연구 등을 진행할 예정이다.

References

- [1] Dorigo, M., Maniezzo and Colomi, A., "The ant system : an autocatalytic optimizing process," Technical Report 91-016 Revised, *Dipartimento di Elettronica*, Politecnico di Milano, 1991.
- [2] Kirkpatrick, S, Gelatt, C. D and Vecchi, M. P, "Optimization by Simulated Annealing," *Science* 220, pp. 671 - 680, 1983.
- [3] Fred Glover, "Tabu Search-Part 1," *ORSA Journal on Computing*, vol. 1, no. 2, pp. 190 - 206, 1989.
- [4] Fred Glover, "Tabu Search-Part 2," *ORSA Journal on Computing*, vol. 2, no. 1, pp. 4 - 32, 1990.
- [5] J. Kennedy and R. Eberhart, "Particle Swarm Optimization," *IEEE International Conference Neural Network*, vol. 4, pp. 1942-1948, 1995.
- [6] D.E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley Publishing Company Inc, 1989.
- [7] Kyung-Youb Kwon and Joongseon Joh, "Weapon-Target Assignment Using Genetic Algorithm," *Proceeding of KFIS Fall Conference*, vol. 13, no. 5, 2003.
- [8] Ji-Hong Yang and Myung-Mook Han, "The Intelligent Intrusion Detection Systems using Automatic Rule-Based Method," *Journal of Korean Institute of Intelligent Systems*, vol. 12, no. 6, pp. 531-536, 2002.
- [9] Heikki Maaranen, Kaisa Miettinen and Antti Penttinen, "On initial populations of a genetic algorithm for continuous optimization problems," *Journal of Global Optimization*, vol. 37, no. 3, pp. 405-436, 2007.
- [10] Stephane Paradis, Abder Rezak Benaskeur, Martin Oxenham, and Philip Cutler, "Threat evaluation and weapons allocation in network-centric warfare," *In Proceedings of the 8th International Conference on Information Fusion*, vol. 2, no. 2, 2005.
- [11] George G. den Broeder, R. E. Ellison, and L. Emerling, "On optimum target assignments," *Operations Research*, vol. 7, no. 3, pp. 322 - 326, 1959.
- [12] Matsumoto, M., Nishimura, T, "Mersenne twister: a 623-dimensionally equidistributed uniform pseudo-random number generator," *ACM Transactions on Modeling and Computer Simulation*, vol. 8, no. 1, pp. 3-30, 1998.
- [13] Diggle, P.J., *Statistical Analysis of Spatial Point Patterns*, Academic Press, 1983.

- [14] Fredrik Johansson, *Evaluating the Performance of TEWA Systems*, Ph.D Thesis Orebro University, 2010.
- [15] Ripley, B.D, *Spatial Statistics*, John Wiley & Sons, 1981.

저 자 소 개



홍성삼(Sung-Sam Hong)

2009년 : 경원대학교 전자거래학과 졸업
 2011년 : 경원대학교 전자계산학과 석사과정 졸업
 2011년 2월~현재 : 가천대학교 전자계산학과 박사과정

관심분야 : Security, Network, Optimization, Algorithm
 Phone : 031-750-5818
 E-mail : sungshamhong@gmail.com



한명목(Myung-Mook Han)

1980년 : 연세대학교 공과대학 졸업 (공학사)
 1987년 : 뉴욕공과대학교 컴퓨터공학과 석사 졸업 (공학석사)
 1997년 : 오사카시립대학교 정보공학부 졸업(공학박사)
 1998년~현재 : 가천대학교 IT대학 교수

1998년~ 현재 : 한국지능시스템학회 이사

관심분야 : Security, Algorithm, Data Mining
 Phone : 031-750-5522
 E-mail : mmhan@gachon.ac.kr



최혁진(Hyuk-Jin Choi)

1993년 : 동국대학교 공과대학 컴퓨터공학과 졸업(공학사)
 1995년 : 동국대학교 공과대학 컴퓨터공학과 석사 졸업(공학석사)
 1995년~1998년 : 국방정보체계연구소 연구원
 1999년~현재 : 국방과학연구소 선임 연구원

관심분야 : 육군 방공지휘통제, 무기할당, 최적화알고리즘
 E-mail : mycult@add.re.kr



문창민(Chang-Min Mun)

2009년 : 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 졸업
 2011년 : 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 석사 과정 졸업
 2011년~현재 : 국방과학연구소 연구원

관심분야 : 항적융합, 위협평가, 무기할당
 E-mail : cmmun@add.re.kr