JANT 한국항행학회논문지
Journal of Advanced Navigation Technology

기반기술

J. Adv. Navig. Technol. 18(2): 170-177, Apr. 2014

조기수렴 저감을 위한 해밍거리와 적합도의 혼합 유전 연산자

Hybrid Genetic Operators of Hamming Distance and Fitness for Reducing Premature Convergence

이 홍 규
한국기술교육대학교 전기전자통신공학부

Hong-Kyu Lee

School of Electrical, Electronics & Communication Engineering, Korea University of Technology and Education, Cheonan 330-708, Korea

[요 약]

유전 알고리즘은 강인한 탐색과 최적화 기술이기는 하나 조기 수렴과 국부 최적해에 수렴하는 문제점들을 내포하고 있다. 모집단의 다양성이 작은 값으로 수렴할수록 탐색능력이 감소하고, 국부 최적해에 수렴하지만, 모집단의 다양성이 높은 값으로 수렴할수록 탐색능력이 증가하고 전역 최적해에 수렴할 수 있으나 유전 알고리즘은 발산할 수도 있다. 유전 알고리즘이 전역 최적해에 수렴하는 것을 보장하기 위해서는 유전 연산자가 적절하게 선정되어야 한다. 본 논문에서는 조기 수렴으로부터 벗어나기 위하여 모집단의 다양성을 유지하도록 평균해밍거리와 적합도 값을 혼합한 함수를 이용한 유전 연산자들을 제안하였다. 모의실험을 통하여 다양성의 유지를 위한 돌연변이 연산자와 수렴 특성의 향상을 위한 다른 유전자들의 효과를 확인할 수 있었으며, 본 논문에서 제안한 유전 연산자들이 조기 수렴이나 국부 최적해에 수렴하는 경우를 피하는데 유용한 방법임이 확인되었다.

[Abstract]

Genetic Algorithms are robust search and optimization techniques but have some problems such as premature convergence and convergence to local extremum. As population diversity converges to low value, the search ability decreases and converges to local extremum but population diversity converges to high value, then the search ability increases and converges to global optimum or genetic algorithm may diverge. To guarantee that genetic algorithms converge to the global optima, the genetic operators should be chosen properly. In this paper, we propose the genetic operators with the hybrid function of the average Hamming distance and the fitness value to maintain the diversity of the GA's population for escaping from the premature convergence. Results of simulation studies verified the effects of the mutation operator for maintaining diversity and the other operators for improving convergence properties as well as the feasibility of using proposed genetic operators on convergence properties to avoid premature convergence and convergence to local extremum.

Keywords: Fitness function, Hamming distance, Hybrid genetic operators, Mutation/crossover, Premature convergence.

http://dx.doi.org/10.12673/jant.2014.18.2.170

This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-CommercialLicense(http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Received 7 April 2014; **Revised** 20 April 2014
Accepted (Publication) 20 March 2014(30 April 2014)

***Corresponding Author; Hong-Kyu Lee**

Tel: +82-41-560-1162
E-mail: hongkyu@kut.ac.kr

I. 서 론

유전 알고리즘(genetic algorithm)은 최적해를 구하는 유용한 기법으로 많은 영역에서 응용되고 있다. 유전 알고리즘은 선택(selection), 재결합(recombination) 그리고 평가(evaluation)의 3단계를 거치면서 높은 적합도 값을 가진 염색체가 생존할 확률이 높은 특성을 가지고 있기 때문에 세대가 경과함에 따라 모집단에 속해 있는 모든 염색체들이 유사한 비트배열을 가지게 된다[1]. 유전 알고리즘이 매우 효과적인 방법이기는 하나 국부 최적해(local extremum)에 조기에 수렴하여 더 이상 진화가 이루어지지 않는 경우 모집단(population)의 다양성(diversity)이 부족하여 진화특성을 잃게 되고 결과적으로 전역 최적해로의 이동이 이루어지지 않는 경우가 문제점으로 지적되고 있다[2].

국부해로 수렴하는 원인을 분석하고 각 연산자에 의한 영향을 분석한 연구가 있었으며[3], Chakraborty는 모집단을 크게 하고 엘리트선택 방법의 사용으로 국부 최적해에 고착되는 정도를 낮추는 방법을 제안하였고[4], Pelikan은 세대와 세대 사이의 평균적합도 값의 변화정도를 이용하여 수렴에 소요되는 시간을 예측하고, 수렴을 위해서는 모집단의 크기가 어느 정도 규모 이상이 되어야 한다는 것을 주장하였다[5]. Lee 등은 평균해밍거리와 연계하여 진화연산자들의 값을 변화시킴으로서 모집단이 지속적인 진화특성을 유지하여 전역 최적해로 수렴하는 확률을 높이는 방법을 제안하였다[6]-[7]. Jones 등은 비트배열사이의 해밍거리들을 적합도 값들과 비교하는 fitness distance correlation 접근방법을 제안하였고[8], Rudolph는 CGA (Canonical Genetic Algorithm)의 기본 특성은 전역 적해에 수렴하는 것을 보장하는 것이 아니고 최선의 해를 구하는 것이며, 돌연변이 연산자만이 전역최적해로 수렴할 가능성을 부여하는 요소라는 것을 주장하였다[9].

Goldberg 등은 다양성을 보다 오래 유지하고자 하는 목적으로 염색체간의 유사한 정도가 높을수록 적합도를 낮게 조정하여 선택연산자에 의하여 선택되는 확률을 조정하는 방법으로, 탐색공간을 확장함으로서 조기수렴을 방지하는 공유(sharing)기법을 제안하였다[10]. Bae 등은 고정 돌연변이 확률을 사용하면서 수렴 정도나 수렴 속도가 일정 수준 이상에 이르면 정해진 값이나 점진적 또는 기하급수적으로 높은 돌연변이 확률을 사용하고 수렴속도가 50% 이하가 되면 최초의 낮은 돌연변이 확률을 사용하는 방법으로 탐색공간을 확장하는 방법을 제안하였다[11]. Srinivas 등은 적합도 값에 따라 교차확률과 돌연변이 확률을 적응적인 방법 즉, 적합도가 높으면 낮은 확률, 적합도가 낮으면 높은 확률을 사용하는 방법을 제안하였다[12]. Zhang 등은 적합도가 높은 집단은 교차율과 돌연변이 비율을 그대로 유지하여 좁은 영역을 탐색하게 하고, 적합도가 낮은 집단은 교차율과 돌연변이 비율을 높게 하여 넓은 영역을 탐색하도록 하는 방법을 제안하였다[13].

조기 수렴을 방지하고 모집단의 다양성을 증대시키는 방법으로 Wang 등은 적합도가 가장 높은 염색체에서 돌연변이가 발생하도록 하여 지역해에 머물지 못하게 하는 방법을 제안하였고[14], Rocha 등은 유전적 다양성 증대를 위하여 편차(standard deviation)가 미리 정한 값에 도달하지 못하면 돌연변이 비율을 증가시키고, 지역해에 수렴하면 최고 적합도를 가진 염색체 하나만 남기고 나머지는 모두 초기화하여 모집단의 다양성을 증가시키는 방법을 제안하였다[15].

다중해(multimodal)에 대한 최적해를 구하는 적소(niche) 방법으로 Goldberg와 Richardson의 적합도 공유(sharing)[10], Cedeno 등의 적합도가 낮은 모집단의 일부를 랜덤하게 초기화하여 동시에 여러 다중해를 탐색한 다음 적합도가 높은 순으로 모집단을 대체(replacement)하여 구성하는 크라우딩(crowding)[16], Zhang의 가장 유사한 두 염색체 중에서 적합도가 낮은 하나를 버리는 과정을 반복하여 모집단을 구성함으로서 모집단의 다양성을 유지하는 새로운 크라우딩 방법 등이 연구되었다[17].

ANFIS제어기의 파라미터들을 오프라인에서 유전 알고리즘으로 최적으로 선정하고 온라인으로 궤적의 추적을 추적하는 방법 등에 활용되고 있다[18].

본 논문에서는 유전 알고리즘이 가지고 있는 조기수렴 문제를 방지하고 국부 최적해에 수렴하는 경우에도 진화특성을 계속 유지하여 최종적으로는 전역 최적해에 수렴할 수 있도록 평균해밍거리와 적합도 특성이 혼합된 함수 값으로 표현된 돌연변이 연산자와 교차연산자 및 엘리트 연산자를 세대가 증가함에 따라 수렴정도에 따라 변화시키는 방법을 제안하였다.

II. 평균해밍거리와 적합도

유전 알고리즘에서는 선택과정에서 높은 적합도 값을 가진 염색체들이 생존하는 확률이 높기 때문에 진화가 진행됨에 따라 모집단의 모든 염색체들은 유사한 배열을 가지게 된다. 결과적으로 염색체 배열이 가지고 있는 평균해밍거리와 적합도의 측정이 중요하고, 모집단의 다양성을 유지하는 파라메타로 활용할 수 있다.

2-1 평균해밍거리

각 개체의 유사정도를 측정하는 평균해밍거리 $H_{avg}(t)$는 비트배열로 표현된 유전자형(genotype)에 대하여 t세대에서 다음과 같이 측정한다[2].

$$H_{avg}(t)=\sum_{i=1}^{L}\sum_{p=1}^{N-1}\sum_{q=p+1}^{N}(|C_{p_i}(t)-C_{q_i}(t)|)/(N(N-1)/2) \qquad (1)$$

여기서 i는 비트의 위치이고, L은 염색체 비트배열의 길이, t는 세대를 나타낸다. 또한 N은 모집단에 속해있는 개체의 수, $C_{pi}(t)$, $C_{qi}(t)$는 모집단의 염색체 중 선택된 2개의 부모(mating pool)를 나타낸다. 돌연변이가 없이 수렴된 모집단의 평균해밍거리는 영(0)이 된다. 그러나 돌연변이가 있는 경우에는 돌연변이 확률이 증가함에 따라 수렴된 모집단의 평균해밍거리가 증가하게 되고 모집단의 다양성이 커진다. 교차연산자(crossover operator) 자체는 선택연산자가 사용되기 전까지는 모집단의 평균해밍거리에 영향을 미치지 못하고, 수렴속도에만 영향을 미치게 된다.

스키마 이론에서는 빌딩블록(building block)이 성장하기 위한 조건은 다음과 같이 정의된다[9].

$$\frac{m(H,t+1)}{m(H,t)} \geq \frac{f(H,t)}{f(t)}[1-P_c\frac{\delta(H)}{L-1}-o(H)P_m] \quad (2)$$

여기서 $m(H,t+1)$은 $t+1$세대에서의 스키마 인스턴스 H의 수, $m(H,t)$는 t세대에서의 스키마 인스턴스 H의 수, $f(H,t)$는 t세대에서 측정된 스키마의 평균적합도 값, $\overline{f(t)}$는 t세대에서 모집단내에 있는 모든 개체들의 평균적합도 값이다. $\{\delta(H),\ o(H),\ P_c,\ P_m\}$들은 각각 스키마의 길이, 스키마의 차수, 교차 확률 및 돌연변이 확률을 나타낸다. 모집단이 수렴하는 경우에는 스키마 차수 $o(H)$가 최댓값 L까지 증가하게 된다. 그러므로 성장속도(growth rate)가 1보다 큰 값을 가지기 위해서는 P_m을 아주 작은 값으로 선택할 필요가 있다.

수렴특성만을 고려하면 돌연변이 확률을 작은 값으로 정해야 하나 유전자의 다양성을 유지하기 위해서는 적정한 크기의 돌연변이 확률이 적용되어야 한다. 교차 연산에 의한 진화인 경우에는 단지 선택압에만 영향을 미치게 되고, 해당 스키마가 선택될 확률이 높아져 해당 블록이 모집단 내에 많아지게 되는 효과를 가져 온다. 따라서 수렴특성을 관찰하는 데는 모집단 전체에 대한 평균해밍거리를 수렴특성의 지표로 사용하는 것이 효과적이다. 일반적으로 교차연산자만을 사용하는 경우에 모집단은 빠르게 수렴하고, 국부 최적해에 고착될 가능성이 높아진다. 따라서 돌연변이는 조기수렴 현상을 방지하고 국부 최적해에 고착되었다 하더라도 전역최적해로 천이할 수 있도록 유전자의 다양성을 유지시켜주는 매우 중요한 파라미터가 된다.

2-2 적합도

수렴특성을 측정하는 방법으로는 평균해밍거리 방법 외에 적합도 값에 의한 측정방법이 있다. 모집단의 최대 적합도 값 $Fit_{\max}(t)$과 평균적합도 값 $Fit_{avg}(t)$의 관계에서 $Fit_{\max}(t)-Fit_{avg}(t)$의 값은 전역이나 국부 최적해에 수렴하는 경우 0으로 수렴하게 된다. 전역 최적해로 수렴하기 위해서는 $Fit_{\max}(t)-Fit_{avg}(t)$에 반비례하게 유전 연산자들을 설정할 필요가 있다[12]. 결과적으로 높은 적합도 값의 경우에는 작은 P_c와 P_m으로, 작은 적합도 값의 경우에는 높은 P_c와 P_m으로 설정함으로서 국부 최적해에 고착되지 않고 전역 최적해로 수렴할 수 있다.

높은 교차확률과 높은 돌연변이 확률은 높은 적합도 값을 찾기 위하여 탐색공간을 확장하는데 유용한 수단이 된다. 그러나 높은 교차확률과 높은 돌연변이 확률은 최적의 해에 도달하거나 유지하는 확률을 또한 낮추게 하는 요인도 된다. 돌연변이는 유용한 스키마들도 유용하지 않은 스키마로 파괴할 수 있기 때문에 엘리트 선택방법과 연동하여 모집단에서 가장 적합도가 높은 개체들을 보존할 필요가 있다. 가장 적합도가 높은 일부 개체가 유전연산자에 의한 변형 없이 후손에 천이 되어야 한다.

III. 해밍거리와 적합도를 혼합한 유전 연산자

3-1 모집단의 크기

조기 수렴의 가능성을 줄이기 위해서는 모집단의 크기를 크게 할수록 유리하나 실제응용에 있어서는 적용이 어려운 점이 있다. 따라서 모집단의 크기를 고려하여 진화특성을 유지하는 정도의 돌연변이 확률을 선정하여 모집단의 다양성을 유지하도록 하는 방법을 사용한다[6]. 높은 돌연변이 확률은 모집단의 다양성을 증가시켜 주기는 하지만 유용한 스키마들을 파괴할 가능성 또한 높아지므로 높은 돌연변이 확률을 사용하는 경우에는 유용한 스키마들이 파괴되지 않도록 엘리트 비율을 높게 유지할 필요가 있다.
여기서 모집단의 크기가 클수록 사용 가능한 돌연변이 범위는 넓어지게 된다. 또한 전역 최적해로의 수렴할 확률을 증가시키기 위해서는 적어도 하나 이상의 높은 적합도 값을 가지는 개체로 돌연변이 된 개체들이 부모세대의 모집단으로 선정되어야 한다[6]. 원하는 모집단의 다양성은 평균해밍거리로 표현될 수 있기 때문에 돌연변이 확률의 최댓값은 식 (3)의 범위에서 선정할 수 있다[6].

$$\frac{1}{NL} \leq P_m < \frac{1}{L-H_{avg}(t)} \quad (3)$$

3-2 유전 연산자

엘리트 선택방법은 복제과정에서 적합도가 높은 개체가 파괴되지 않기 때문에 세대를 거치면서 국부 최적해로 수렴된 모집단이라도 엘리트 염색체의 천이비율을 돌연변이 확률 함수와 연계하여 모집단의 다양성을 크게 하는 선택방법을 사용함으로서 돌연변이에 의하여 발산되는 현상을 완화시켜 전역 최적해로 수렴하게 할 수 있다[7].

교차연산자만을 사용하는 경우에는 알고리즘은 빠르게 수렴하며 국부 최적해에 수렴할 확률이 높아지며 평균해밍거리가 0으로 수렴되고, 더 이상의 진화는 이루어지지 않는다. 교차확률은 식 (4)의 범위 안에서 선정할 수 있다[6].

$$0 \le P_c < \frac{L-1}{L-H_{avg}(t)} \tag{4}$$

국부 최댓값 또는 최솟값에 조기 수렴하는 것을 방지하기 위해서는 유전 알고리즘의 초기단계에서는 교차 연산자가 탐색에 주로 작용을 하고, 돌연변이의 영향은 최소가 되도록 하고, 세대가 진행됨에 따라 교차 연산자보다 돌연변이 연산자의 영향이 크도록 한다.

본 논문에서는 평균해밍거리와 적합도 함수를 혼합한 함수를 기반으로 유전 연산자 즉, 돌연변이 확률, 교차확률 및 엘리트 비율 등을 높은 수렴특성과 높은 돌연변이 확률의 탐색범위의 확대 등의 효과가 복합적으로 나타나도록 하는데 중점을 두었다. 국부 최적해에 조기에 수렴하는 것을 방지하고 전역 최적해로 수렴되도록 유전 연산자를 평균해밍거리와 적합도 값에 따라 가변시키는 방법을 제안하였다.

유전 연산자에 적용할 평균해밍거리와 적합도 값에 따라 가변되는 함수를 (5)식과 같이 정의한다.

$$f_{hybrid}(t) = \alpha f(H_{avg}(t)) + \beta f(Fit_{\max}(t), Fit_{avg}(t)) \tag{5}$$

여기서 II장에서 설명된 바와 같이 $f(H_{avg}(t))$는 다양성을 유지하기 위하여 수렴정도에 반비례하는 함수이며, $f(Fit_{\max}(t), Fit_{avg}(t))$는 최대 적합도와 평균 적합도 값의 차이에 반비례 하도록 구현된 함수이다. α와 β는 평균해밍거리와 최대 및 평균적합도 값에 따른 영향에 대한 가중치와 유전 연산자의 설정 범위에 따라 결정되는 계수이다.

교차 연산자와 돌연변이 연산자 및 엘리트 연산자 들은 다음의 (6)-(8)식과 같이 평균해밍거리와 적합도 값에 따라 가변되는 함수로 정의하였다.

$$P_m(t+1) = f(f_{hybrid}(t)) \tag{6}$$
$$P_c(t+1) = f(f_{hybrid}(t)) \tag{7}$$
$$P_e(t+1) = f(f_{hybrid}(t)) \tag{8}$$

여기서 $P_m(t+1)$, $P_c(t+1)$, $P_e(t+1)$는 각각 $(t+1)$세대에서의 돌연변이 연산자와 교차 연산자 및 엘리트 연산자를 나타낸다.

유전 연산자에 따라 모집단의 다양성이 변화되도록 초기에 국부 최적해에 수렴이 되었다 하더라도 국부 최적해에서 탈출하여 전역 최적해로 천이될 수 있도록 확률을 감소 및 증가시키는 과정이 (6)-(8)식에 따라 변화되도록 하였다. 또한 초기에 세대가 진행됨에 따라 수렴속도를 높게 하고 점차 유전 연산자를 이용하여 탐색영역을 넓게 하여 조기 수렴의 경우나 국부 최적해에 수렴된 경우에도 다양성을 유지함으로서 전역 최적해로의 천이가 가능하도록 하였다. 높은 돌연변이 확률을 사용하는 경우에는 높은 적합도 값을 가지고 있는 개체들의 보존을 위하여 엘리트 천이 비율을 높게 유지하도록 하였다.

또한 돌연변이에 의한 탐색영역을 넓게 하면서 엘리트 유전자의 천이비율도 높게 하여 탐색영역의 확대에 의하여 발산되는 가능성을 낮추도록 하였다.

선정된 각각의 파라미터들의 조합에 대하여 컴퓨터 모의실험을 통하여 앞에서 제안한 개념들의 효용성을 입증하였으며 수렴특성의 확인은 평균적합도 값과 평균해밍거리를 척도로서 사용하였다.

IV. 컴퓨터 모의실험

컴퓨터 모의실험에서는 III장에서 제안한 평균해밍거리와 적합도를 혼합한 함수를 이용한 돌연변이 연산자에 대하여 실험하고, 혼합교차연산자, 혼합엘리트연산자들에 대해서도 효과를 확인하였다.

모의실험 대상함수로는 [7]과 [14]에서 실험대상으로 사용된 국부해로 수렴할 가능성이 높은 다수의 국부 최댓값을 갖는 (9)-(12)식과 같은 4개의 멀티모달(multimodal) 함수에 대하여 전역 최적해로의 수렴특성을 검증하기 위한 실험을 수행하였다.

$$f_1(x) = e^{-2(\ln(2))(\frac{(x-0.1)}{0.8})^2} \sin^6(5\pi x), \ 0 \le x_i \le 1 \tag{9}$$

$f_1(x)$은 $x = 0.1$에서 $f_1(x) = 1$의 전역 최적해(최댓값)을 가지고, 동일한 간격으로 정점(peak)이 존재하며 높이가 서로 다른 특성을 가지는 함수이다.

$$f_2(x) = x + 10\sin(5x) + 7\cos(4x) \ , \ 0 \le x_i \le 6 \tag{10}$$

$f_2(x)$는 $x = 1.5732$에서 $f_2(x) = 18.5722$ 전역 최댓값을 가지고, 높이가 서로 다른 특성을 가지는 함수이다.

$$f_3 = \begin{matrix} \frac{160}{15}(15-x), \ 0 \le x < 15 \\ \frac{200}{5}(x-15), \ 15 \le x \le 20 \end{matrix} \ , \tag{11}$$

$f_3(x)$은 트랩(trap) 함수의 하나로서 $x = 20$에서 $f_3(x) = 200$의 전역 최댓값을 가지는 함수이다.

$$f_4(x) = \mathrm{sinc}(\sqrt{\sum_{i=1}^{2} x_i^2}\ ),\ -8 \le x_i \le 8, \qquad (12)$$

$f_4(x)$는 2차원 싱크(sinc) 함수로서 $x_i = 0$에서 $f_4(x) = 1$ 의 전역 최댓값을 가지는 함수이다.

유전 알고리즘의 선택방법으로는 확률적(stochastic universal)방법을 사용하였고, 연산자로는 1점(one point) 교차연산자와 비트전환(bit inversion) 형태의 돌연변이 연산자를 사용하였다. 염색체들의 수 N과 비트수 L은 수렴특성을 확인하기 위하여 변경이 가능하도록 설정하였으며, 돌연변이 확률 P_m, 교차확률 P_c 및 엘리트 비율 P_e 는 식 (6)-(8)과 같이 평균해밍거리와 최대 및 평균적합도에 따라 가변되도록 하였다.

그림 1과 그림 2에서는 개체수 $N=20$, 크로모좀의 길이 $L=100$, 최대 세대수 500으로 설정한 실험결과이다.

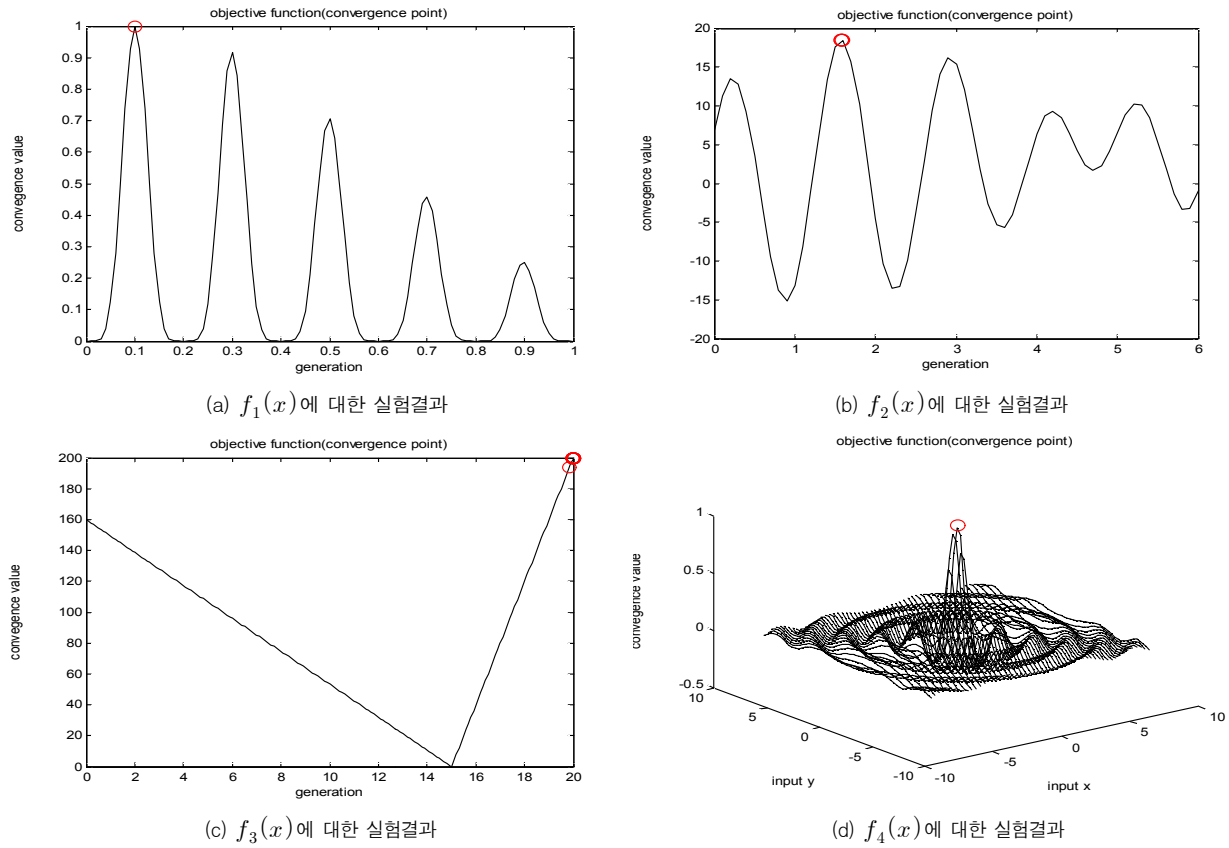
그림 1에서는 각 시험함수의 목적함수와 최종세대에의 각 개체의 위치를 적색의 원형모양으로 나타내고 있다.

그림 2에서는 세대가 진행함에 따른 각 세대에서의 평균해밍거리를 나타내고 있다. 그림 3에서는 개체수 $N=50$, 크로모좀의 길이 $L=100$, 최대 세대수 100으로 설정한 실험결과이며, 적합도 값은 목적함수의 전역 최적해에서의 값(최대)이 1이 되도록 설정하였다. 적합도 값에서 적색은 각 세대에서의 최댓값을 나타내고 검은색은 각 세대에서의 평균적합도를 나타낸다.

적합도에 의한 수렴특성이 확인될 수 있도록 개체수를 50으로 2.5배 증가시키고, 세대수를 100까지 낮추어 확인하였다.

그림 1에서 원형모양은 전역 최댓값으로서 모집단에 속한 개체들의 최종세대에서의 위치들을 나타내는데, 개체수를 50으로 증가시킨 경우에는 일부 개체가 최댓값이 아닌 위치에 존재하는 것이 보다 효과적으로 확인되었으며 이는 모집단의 다양성이 유지된다는 것을 나타낸다.

모의실험 결과 수렴정도가 높을수록 교차확률 P_c가 낮은 값을 가지게 되어 좋은 스키마가 파괴될 수 있는 확률을 낮아지는 것이 확인되었고, 돌연변이 확률 P_m은 수렴정도가 높을수록 높게 되어 다양성(diversity)이 증가하게 되는 것을 확인할 수 있었다. 엘리트 비율에 있어서는 수렴정도가 높을수록 천이되는 비율을 낮게 하여 교차연산자와 돌연변이 연산자에 의한 진화에 많이 노출되는 것이 확인되었다.



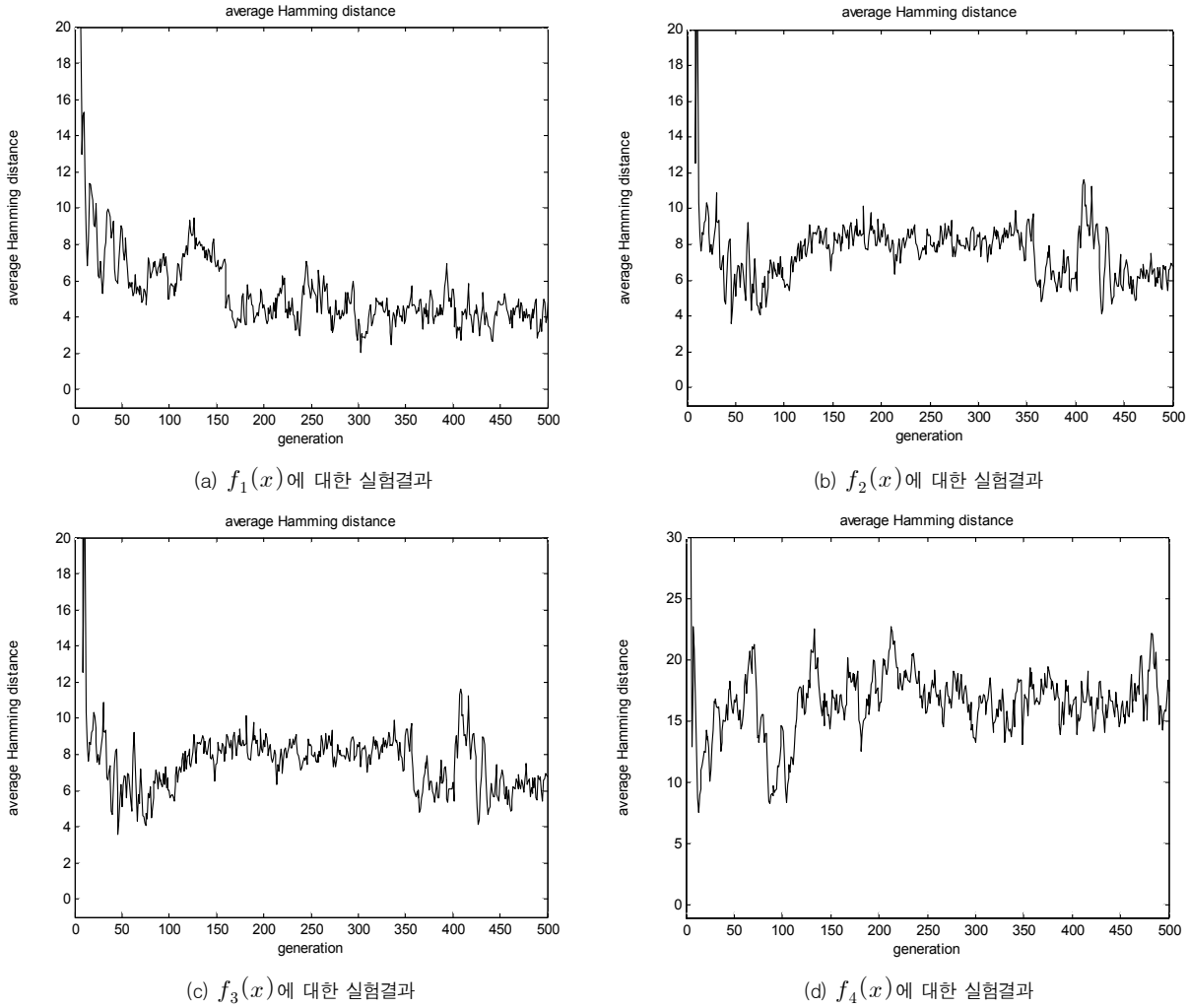
(a) $f_1(x)$에 대한 실험결과

(b) $f_2(x)$에 대한 실험결과

(c) $f_3(x)$에 대한 실험결과

(d) $f_4(x)$에 대한 실험결과

그림 1. 시험함수들과 수렴 위치 (개체수 20, 세대수 500)
Fig. 1. Test functions and convergence point (individual 20, generation 500).



(a) $f_1(x)$에 대한 실험결과

(b) $f_2(x)$에 대한 실험결과

(c) $f_3(x)$에 대한 실험결과

(d) $f_4(x)$에 대한 실험결과

그림 2. 시험함수들에 대한 평균해밍거리 특성 (개체수 20, 세대수 500)
Fig. 2. Average Hamming distance Properties of test functions (individual 20, generation 500).

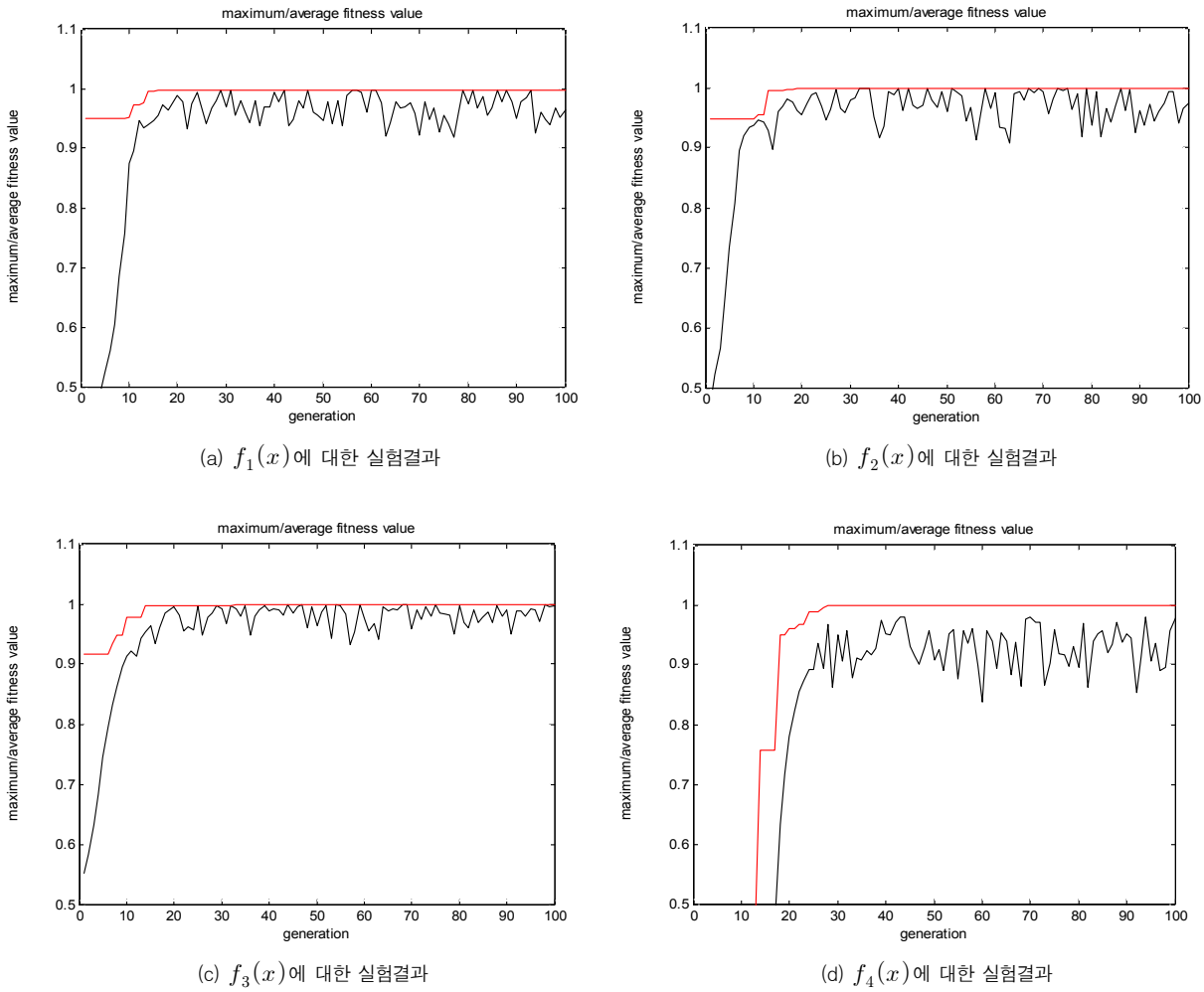
II장에서 모집단의 다양성을 측정하는 방법으로 제안된 평균해밍거리 특성은 그림 2에서 알 수 있는 바와 같이 5-15정도로서 크로모좀의 비트수를 100으로 하였기 때문에 다양성의 적절한 수준은 5-15%정도로 확인되었다. 또한 모집단의 수렴특성을 측정하는 방법으로 제안된 적합도 특성은 그림 3에서 알 수 있는 바와 같이 진화 초기에는 최대적합도(적색)와 평균적합도의 차이가 크지만 진화가 진행되면서 일정 범위 내에서 변화되는데 이는 다양성이 유지되는 것을 의미한다. 모집단의 규모에 대해서는 개체의 수가 많을수록 좋은 수렴특성이 나타남을 확인하였다.

다양성의 적절한 수준은 5-15%정도로 확인되었다. 또한 모집단의 수렴특성을 측정하는 방법으로 제안된 적합도 특성은 그림 3에서 알 수 있는 바와 같이 진화 초기에는 최대적합도(적색)와 평균적합도의 차이가 크지만 진화가 진행되면서 일정 범위 내에서 변화되는데 이는 다양성이 유지되는 것을 의미한다. 모집단의 규모에 대해서는 개체의 수가 많을수록 좋은 수렴특성이 나타남을 확인하였다.

단일해(unimodal)를 갖는 함수들의 경우에는 유전 연산자들에 대하여 비교적 민감하지 않은 수렴특성을 보이고 있으나, 다중해(multimodal)를 갖는 경우에는 단일해의 경우에 비하여 전역 최적해로의 수렴특성이 나빠지고, 함수의 형태에 따라 수렴특성이 달라진다[7]. 소인함수를 이용하여 지역해에 고착되지 않도록 주기적으로 높은 P_m을 사용하여 전역 최적해에 수렴하는 확률을 높게 하였다[7].

모집단의 수가 많고 돌연변이 확률이 클수록 전역 최적해에 수렴할 확률이 높아지며, 높은 돌연변이 확률을 사용하는 경우에는 높은 엘리트 천이비율 또한 효과적으로 작용된다. 이 경우에도 (3)식의 범위를 만족해야 한다.

조기 수렴의 경우나 수렴하지 않고 넓은 영역의 탐색공



(a) $f_1(x)$에 대한 실험결과 (b) $f_2(x)$에 대한 실험결과

(c) $f_3(x)$에 대한 실험결과 (d) $f_4(x)$에 대한 실험결과

그림 3. 시험함수들에 대한 적합도 특성 (개체수 50, 세대수 100)
Fig. 3. Fitness properties of test functions (individual 50, generation 100).

간에 염색체들이 분포할 경우에는 평균적합도 값이 작게 나타나는 것이 확인되었다. 조기에 수렴하지 않고 전역최적해로 수렴하기 위해서는 돌연변이 확률과 엘리트 천이비율의 변화에 있어서 돌연변이 확률이 높을 때에는 천이되는 엘리트 개체의 수를 많게 하는 방법이 효과적인 것으로 확인되었다. 또한 조기에 수렴하거나 국부 최적해에 고착되어 있는 경우 돌연변이 확률을 높게 설정하면 탐색공간을 확장하는 효과가 있으나 모집단의 다양성 증가로 인한 발산현상이 발생할 수 있다. 이 경우 엘리트 개체들을 그만큼 많이 천이되게 함으로서 유전 알고리즘이 발산하는 현상을 감소시킬 수 있으며 전역 최적해로 수렴할 수 있는 요인으로 작용됨을 알 수 있다. 결과적으로 전역 및 국부 최댓값을 갖는 멀티모달(multimodal) 함수에 대한 전역 최적해를 구하는 방법으로 본 연구에서 제안한 평균 해밍거리와 적합도 값을 혼합한 함수에 근거한 유전 연산자를 이용하여 수렴특성과 다양성을 적절히 유지하는 효과적인 방법이 된다.

V. 결 론

조기 수렴이나 지역 최적해에 수렴하는 문제점을 해결하고 전역 최적해로의 수렴특성을 개선하는 방법으로 평균 해밍거리와 최대 및 평균적합도 값을 혼합하여 유전 연산자를 가변시키는 방법을 제안하였다. 컴퓨터 모의실험 결과 본 논문에서 제안한 혼합 유전 연산자 방법이 수렴성능에서 우수한 것으로 확인되었으며, 초기단계에서는 전역이나 국부 최적해로의 수렴속도에 중점을 두고 세대가 진행됨에 따라 점차 가변 유전 연산자에 의하여 탐색공간을 확장하여 전역 최적해로의 수렴특성을 향상시키는 효과적인 방법으로 확인되었다. 수렴특성의 확인은 평균적합도 값과

평균해밍거리를 척도로서 사용하였다.

앞으로는 본 연구결과를 이용하여 ANFIS 제어기 등의 파라메타 최적화에 활용하는 연구를 계획하고 있다.

참고문헌

[1] S. Nolfi and D. Floreano, *Evolutionary Robotics*, Cambridge, MA: MIT Press, 2000.

[2] Hong K. Lee and G.-K. Lee, "Convergence properties of genetic algorithms," in *Proceeding of the ISCA Int'l Conference on Computers and Their Applications*, Seattle: WA, pp. 172-176, Mar. 2004.

[3] Hong K. Lee, "Improvement of convergence properties for genetic algorithms," *The Journal of Korea Navigation Institute,* Vol. 12, No. 5, pp. 412-419, Oct. 2008.

[4] B. Chakraborty, and P. Chaudhuri, "On the use of genetic algorithm with elitism in robust and nonparametric multivariate analysis," *Austrian Journal of Statistics*, Vol. 32, No. 1&2, pp. 13-27, 2003.

[5] M. Pelikan, D. E. Goldberg, and E. Cantu-Paz, "Bayesian optimization algorithm, population sizing, and time to convergence," in *Proceeding of Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Las Vegas: NV, pp. 275-282, July, 2000.

[6] Hong K. Lee, D.-H. Lee, Z. Ran, G. Lee, and M. Lee, "On parameter selection for reducing premature convergence of genetic algorithms," in *Proceeding of 23rd International Conference on Computer and Their Applications in Industry and Engineering*, Las Vegas: NV, pp. 214-219, Nov. 2010.

[7] Hong K. Lee, "On sweeping operator for reducing premature convergence of genetic algorithms," *Journal of Institute of Control, Robotics and Systems (in Korean)*, Vol. 17, No. 12, pp. 1210-1218, Dec. 2011.

[8] T. Jones and S. Forrest, "Fitness distance correlation as a measure of problem difficulty for genetic algorithms," in *Proceeding of the 6th International Conference on Genetic Algorithms*, San Francisco: CA, pp. 184-192, July, 1995.

[9] G. Rudolph, "Convergence analysis of canonical genetic algorithms," *IEEE Trans. on Neural Networks: Special Issue on Evolutionary Computation*, Vol. 5, No. 1, pp. 96-101, Jan. 1994.

[10] D. Goldberg and J. Richardson, "Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization," in *Proceeding of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms and their Applications*, Hilsdale: NJ, pp. 41-49, July, 1987.

[11] S.-H. Bae and B.-R. Moon, "Mutation rates in the context of hybrid genetic algorithms," in *Proceeding of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Seattle: WA, pp. 381-382, June 2004.

[12] M. Srinivas and M. Patnaik, "Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithms," *IEEE Trans. on Systems, Man and Cybernetics,* Vol. 24, No. 4. pp. 656-667, Apr. 1994.

[13] J. Zhang and Y. Shang, "An improved multi-objective adaptive niche genetic algorithm based on pareto front," in *Proceeding of IEEE International Advance Computing Conference*, Patiala: India, pp. 300-304, Mar. 2009.

[14] H. Wang, Y. Liu, and S. Zeng, "Opposition-based particle swarm algorithm with cauchy mutation," in *Proceeding of IEEE Congress on Evolutionary Computation*, Singapore, Singapore, pp. 4750-4756, Sept. 2007.

[15] M. Rocha and J. Neves, "Preventing premature convergence to local optima in genetic algorithms via random offspring generation," in *Proceeding of the 12 International Conference on Industrial and Engineering Applications of Artificial Intelligence and Expert Systems*, Cairo: Egypt, pp. 127-136, May, 1999.

[16] W. Cedeno, V. Vemuri, and T. Slezak, "Multi-niche crowding in genetic algorithms and its application to the assembly of DNA restriction-fragments," *Journal of Evolutionary Computation*, Vol. 2, No. 4, pp. 321-345, 1995.

[17] Y. Zhang and H. Zhang, "A novel niche genetic algorithm for multimodal optimization," *Journal of Convergence Information Technology*, Vol. 6, No. 6, pp. 255-262, June, 2011.

[18] Gordon K. Lee, "On the use of Hamming distance tuning for the generalized adaptive neural network fuzzy inference controller with evolutionary simulated annealing," in *Proceeding of the IEEE Int'l Conference on Information Reuse and Integration*, Las Vegas: NV, pp. 172-176, Aug. 2011.

이 홍 규 (Hong Kyu Lee)

1977년 서울대학교 전자공학과 (공학사)

1979년 서울대학교 전자공학과 (공학석사)

1989년 서울대학교 전자공학과 (공학박사)

1979년~1992년 국방과학연구소 선임연구원

1992년~현재 한국기술교육대학교 교수.

※관심분야 : 진화로봇, 유전 알고리즘, 전자전