

함수 최적화 알고리즘: C-AGA

(Function Optimization Algorithm: C-AGA)

고명숙* · 김주연**

(Myung-Sook Ko · Ju-Yeon Kim)

요 약

유전자 알고리즘은 전체 탐색 공간을 통해 전역 해를 찾는 최적화 알고리즘으로서 복잡한 상태 공간에서 최적 해를 찾기 위해 전통적인 최적화 기법과는 달리 유향성 임의 탐색을 행한다. 또한, 유전적 탐색과 국부 탐색을 결합시킨 복합 유전자 알고리즘은 최적해로의 수렴 속도를 향상시킬 수 있다.

이 논문에서는 함수 최적화를 위해 학습 속도를 개선한 복합 유전자 알고리즘(C-AGA)을 제안한다. 제안한 최적화 알고리즘의 효율을 기존의 복합 유전자 알고리즘 기법(라마키안 진화 및 볼드윈 효과)과 비교 평가하였다. 다양한 함수 최적화 문제에 대하여 제안한 알고리즘이 기존의 방법보다 더 빨리 전역 최적 해를 찾을 수 있음을 증명하였다.

1. 서 론

유전자 알고리즘(GA: Genetic Algorithm)은 최적화 문제를 풀기 위해 생물학적 진화 과정을 모방한 최적화 알고리즘이다. 유전자 알고리즘은 개체(individual)들로 구성된 집합인 모집단(population)과 모집단에 대해 정의된 유전 연산(genetic operator)들로 구성된다. 전통적인 유전자 알고리즘은 문제 영역을 표현하기 위해 비트 스트링(bit-string)을 사용하며 이때, 각 스트링은 후보 해를 표현한다[1,2]. 유전자 알고리즘은 후보 해 집합 중, 해에 도달할 가능성이 높은 개체들에 유전 연산을 가함으로써 더욱 향상된 후보 해들을 산출해 나가는 방향으로 탐색을 행한다. 또한, 유전 연산자인 교차 연산과 돌연 변이 연산자를 통하여 현 모집단으로부터 한 세대 진행한 후의 개체들의 집단을 만들어 낸다. 이러한 과정은 종료 조건을 만날 때 까지 반복해서 수행된다[1,8,10].

복합 유전자 알고리즘(HGA: hybrid genetic algorithm)은 기존의 유전자 알고리즘과 국부 탐색을 결합시킨 알고리즘이다. 여기서 국부 탐색은 유기체가 환경의 변화에 의한 영향과 그 세대에 획득한 지식, 경험 등을 미래의 다음 세대에도 물려줄 수 있도록 함으로써 유전자 알고리즘이 의미 있는 영역에 대해서 보다 집중적으로 탐색을 가능하게 한다[11,12]. 즉, 이 방법은 그 세대에 행해지는 국부 탐색 자체를 개체가 생존 기간에 얻게 되

는 환경에 대한 학습 개념으로 본 방법이다.

그 대표적인 방법이 라마키안 진화(Larmarkian Evolution)와 볼드윈 효과(Baldwin Effect)이다. 라마키안 진화에 의한 학습 방법은 개체의 코딩 자체에 학습된 결과를 적용시키는 방법이며, 볼드윈 효과는 학습된 결과를 개체 코딩에는 영향을 주지 않고 그 개체의 적합도 함수 값만을 변화시키는 방법이다[3,9]. 그러나 라마키안 진화를 결합시킨 복합 유전자 알고리즘은 상태 공간이 완만한 경우에는 최적 해를 빨리 찾을 수 있도록 탐색을 수행하지만, 골목이 심한 상태 공간에 대해서는 학습이 진행되어도 현 상태에서 기울기 강하에 의한 국부 탐색을 수행하므로 국부 최적 점에 도달한 경우엔, 더 이상의 성능 향상을 기대할 수 없게 된다. 볼드윈 효과에 의한 탐색은 전역 최적해로의 수렴도가 높은 반면 수렴 속도가 느리다는 단점을 가지고 있다.

이 논문에서는 학습 속도를 개선한 새로운 학습 전략인 셀룰러 학습 기법을 기존의 유전자 알고리즘과 결합한 새로운 최적화 알고리즘을 제안하고자 한다. 이 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 기존의 최적화 방법인 라마키안과 볼드윈 기법이 결합된 복합 유전자 알고리즘에 대해 기술한다. 3장에서는 새로운 국부 탐색 전략과 이를 기반으로 하는 최적화 알고리즘을 소개한다. 4장에서는 테스트 함수에 대하여 기존 방법과 제안하는 방법의 성능을 비교 평가해 본다. 마지막으로 5장에서는 결론을 맺고 앞으로의 연구 방향을 제시한다..

* 부천대학

** 부천대학

2. 기존 최적화 알고리즘의 고찰

최적화 방법의 국부 탐색 방법의 하나로서 학습 형태를 취하는 기법으로는 기울기 강하(Gradient descent) 방법을 이용하는 라마키안 진화 방법과 볼드윈 효과가 있다.

2.1 라마키안 진화

라마키안 진화(Lamarckian Evolution) 알고리즘은 기울기 상승 방법인 국부적 언덕 오르기(hill-climbing) 방법을 학습 메커니즘으로 결합시킨 복합 유전자 알고리즘이다. 이 알고리즘은 환경의 변화가 자손에게 물려주는 유기체의 유전 형질(genotype)을 변화시킬 수 있다는 라마키안 이론을 근거로 한다[10]. 이 기법은 각 유기체가 그들의 생존 기간(life time)에 습득한 지식이나 경험과 같은 학습에 의해 획득되어진 향상된 형질들이 그대로 유지가 되게 함으로써 이미 획득된 향상에 대해서는 더 이상의 반복 학습을 필요로 하지 않는다는 특징을 갖는다[13].

교차 연산과 돌연 변이와 같은 유전 연산이 적용된 후의 각 자식 개체들은 현재 그 개체의 상태로부터 국부적인 최적화를 수행한다. 국부 탐색을 적용한 후의 개체는 탐색 전의 개체와는 다른 유전 형질을 가지게 되는데 이는 국부 탐색을 수행하는 동안 탐색 공간에서의 이동 거리 및 변화가 개체 자체에 반영됨을 의미한다. 탐색 후의 개체는 지역적으로 최적 해에 해당하는 상태 공간에 있게 되며 결과적으로 국부 최적 해에 도달할 수 있도록 학습되는 것이다. 각 개체가 학습한 내용이 다음 세대에 전달되도록 하기 위해 기존의 국부 최적화 방법으로 학습을 시킨 후에 평가와 선택을 수행한다. 국부 탐색의 기반이 되는 언덕 오르기 알고리즘은 다음 그림 1과 같다.

```
bias_value = 1; // bias_value의 초기화
bias_value = bias_value
                + variant_of_bias_value( $\Delta f^t$ ,  $\Delta f^{t-1}$ );
// 목적 함수값의 변화량( $\Delta f^t$ ,  $\Delta f^{t-1}$ )에 의한 bias_value의 결정
IF (( random() < (#of generations/threshold)2 ) &&
    ( $\alpha$  < (CHROM_LENGTH-threshold)))
THEN
    f(t,y) = CHROM_LENGTH * (( MAX_GEN - t )/MAX_GEN )
            + threshold;
// 세대 t, 최대 세대수 MAX_GEN, 개체 길이(CHROM_LENGTH)가
// y일때, 해인 거리를 이용한 bias_value 수정
//  $\alpha$  : bias_value의 최소 하한값
ELSE
    f(t,y) = threshold; // bias_value의 하한값 제어 변수
    bias_value = position(hamming_distance=f(t,y));
```

그림.1. 언덕 오르기 알고리즘
Fig. 1. Hill-climbing algorithm

2.2 볼드윈 효과

볼드윈 효과(Baldwin Effect)는 학습의 또 다른 형태로서 국부 최적화를 통하여 얻은 향상이 개체의 유전적 형질은 변화시키지 않고 그대로 유지하면서 개체의 적합도 함수 값을 변화시키면서 학습해 나가는 방법이다[10]. 볼드윈 효과는 학습이 진화의 방향을 결정지을 수 있다는 가정으로부터 출발하였으며, 다음과 같은 관찰을 그 근거로 한다[4,16].

1) 가변 환경에서 종(species)이 진화할 때, 생존 기간 동안 학습할 수 있는 능력을 갖는 개체가 더 선호되는 진화 압력(evolutionary pressure)이 생긴다.

2) 많은 특징들을 배울 수 있는 개체는 고정된 특징과 관련된 유전 형질을 가지게 될 확률이 낮아진다.

선택 압력(selective pressure)은 학습된 행동이 진화 방향을 결정하거나 그렇게 되도록 영향을 미친다. 이 특성은 최소화 문제에서 국부적 탐색 형태의 학습을 결합시켰을 경우, 유전자 알고리즘에 의한 전체 탐색과 국부 탐색에 의한 미세한 튜닝(fine-local tuning) 효과에 의해 전체적인 탐색 효율을 높일 수 있다.

n단계의 국부 탐색을 적용했을 경우와 완전한 국부 탐색을 적용한 경우에 대한 탐색 후의 변화된 함수의 모형을 보여준다. 적합도 함수의 모형은 점점 털 복잡한 최적화 문제로 수렴되고 있을 알 수 있으며, 탐색의 방향은 무 학습 단계에서의 유인소(basins of attraction)들로 향하고 있음을 볼 수 있다. 완전한 국부 탐색을 수행시킨 후의 적합도 함수의 모형을 보면 유인소(국부 최적점) 근처에 있는 모든 개체들이 동일한 적합도 함수 값을 가짐을 알 수 있다. 즉, 국부 탐색의 수렴 성질에 의해 다중 모드(multi-modal) 함수가 일정 간격에 대한 상수 함수들 조합으로 변형됨을 볼 수 있다.

라마키안 진화 방법보다 볼드윈 효과를 이용한 탐색 전략이 전역 해에 잘 수렴함을 볼 수 있는데 [3], 볼드윈 효과에서의 수렴 속도의 저하는 학습 과정에서 변화되는 적합도 함수 값 값들 간의 차가 작기 때문이다(유인소 근처에서 거의 같은 값을 가지게 됨).

본 논문에서는 전역 최적해로의 수렴도와 학습 속도를 향상시키기 위한 국부 탐색 방법으로서 적합도 함수 값 변화를 이용하여 국부 탐색을 수행하는 새로운 학습 전략을 제시하고자 한다.

3. 새로운 최적화 알고리즘의 제안

3.1 셀룰러 학습

셀룰러 오토마타는 단계적으로 그 상태를 변화시키는 수학적 유한 상태 장치이다[5]. 오토마타를 실행시키기 위해서는 각 셀들의 초기 상태(시작 계층)와 규칙들의 집합이 필요하다. 이 규칙들은 다음 새로운 단계에서 각 셀들의 상태가 이전 계층의 셀들의 상태로부터 어떻게 변화될지를 결정하게 된다.

셀룰러 오토마타에서의 중심 셀은 이웃하는 셀들의 alive 또는 dead 상태에 따라 규칙의 적용 결과에 의해 alive 또는 dead 상태로 변하게 된다. 본 논문에서 제안하는 셀룰러 학습에서는 하나의 중심 셀이 alive 또는 dead 상태로의 변화가 아니라 현재 그 개체의 적합도 함수 값이 주위의 개체들의 적합도 함수 값에 의해 어떤 방향으로 변하는지에 대한 규칙을 만들기 위해 셀룰러 오토마타에서의 생명 규칙 게임을 학습 전략의 기반으로 하였다. 즉, 생명 게임 규칙에서처럼 하나의 셀이 이웃 셀들에 의해 다음 단계(step)에서의 생존 여부가 가려지는 것이 아니라 셀에 해당하는 하나의 개체의 적합도 함수 값이 그 세대에서 어떤 값을 가지게 되는지의 결정을 이웃 크기 내에 있는 개체들(여기서는 가상의 개체들)에 의해 결정하는 것을 말한다. 각 세대마다 규칙을 적용하게 되는 모집단을 구성하는 개체들이 선택 결과에 의해 달라지고, 따라서 각 개체의 적합도 함수 값에 영향을 미치는 이웃 크기 내에 있는 가상의 개체들도 달라지게 된다. 주기성을 가지게 되는 이유는 셀룰러 오토마타에서 단계의 변화에 따라서 alive 또는 dead 상태의 셀들이 특정 패턴을 형성하듯이 제안하는 학습의 결과 또한 적용할 대상이 되는 개체들은 변화하지만 단계별 학습 결과는 특정 함수 값(여기서는 응용 문제에 적합한)으로 수렴하기 위해 모집단을 구성하는 각 개체들이 주기적으로 어떤 일정 함수 값 분포를 가지게 됨을 의미한다.

다수성(majority) 규칙은 세 개의 이웃하는 셀 그룹에 의해 한 셀의 새로운 상태가 셀 그룹의 투표(vote)에 의해 결정된다는 규칙을 기반으로 하는 오토마타의 수렴 특성을 잘 나타내는 규칙이다. 임의의 셀의 8-이웃 중 5개 이상의 셀의 상태가 같은 경우 그 셀은 여전히 같은 상태로 남게 되거나 이웃하는 셀의 상태로 변하게 되는 결과를 얻는다 [7]. 즉, 8-이웃이 중심이 되는 셀이 이웃 셀들의 다수성을 결정하는 주된 역할을 한다고 볼 수 있다. 이 규칙의 특성은 임의의 상태 값으로부터 출발하여 일정 단계가 반복된 후에는 더 이상의 상태 변화를 보이지 않고 특정 패턴으로 수렴하게 됨을 볼 수 있다.

각 세대 별로 비교해 본다면 모집단을 구성하는 어떤 개체든지 그 개체의 적합도 함수 값이 특정 함수 값(여기서는 최대화 또는 최소화 응용에 따

라서)으로 편향되어가는 현상을 볼 수 있다. 이 현상은 일반 유전자 알고리즘에서의 수렴 현상과 비슷하지만 차이점은 다음과 같다. 먼저 일반 유전자 알고리즘은 선택 과정에서 적합도 함수 값이 높은 개체들을 그 다음 세대에 모집단 구성원으로 선택할 확률이 높음으로 인해 모집단을 구성하는 개체들이 특정 값으로 수렴하는 것이다(이 경우에는 개체들의 유전 형질도 서로 비슷하게 됨). 반면에 본 논문에서의 수렴 현상은 선택 압력에 의한 것이 아닌 각 개체가 그 세대에서 셀룰러 학습을 통하여 유전 형질은 그대로 보존하면서 적합도 함수 값이 변하는 것이므로 모집단을 구성하는 개체들에 대한 다양성이 유지될 수 있으며 또한 모집단을 구성하는 적합도 함수 값이 돌연 변이와 같은 특정 유전 인자의 변화에 의한 적합도 함수 값의 변화 이외에는 일정 세대동안의 학습과 진화를 거친 후에는 세대의 진행에도 더 이상 변화되지 않게 되는 것이다.

생명 게임 규칙에 의한 셀룰러 오토마타는 일정 단계 동안 규칙들이 반복적으로 적용되었을 때 일련의 셀 그룹이 주기적인 패턴을 나타내는 양상을 보인다. 다수성 규칙이 적용된 셀룰러 오토마타는 단계가 진행됨에 따라 특정 패턴으로 수렴함을 볼 수 있다. 본 논문에서는 오토마타의 이러한 특징들을 국부 탐색 과정에서 적합도 함수의 변이에 반영함으로써 함수의 수렴을 유도하고자 한다.

셀룰러 학습은 개체의 유전 형질은 변화시키지 않고 향상된 정도를 적합도 함수 값에 적용시킨 학습 전략이다. 각 단계마다 규칙에 따라서 한 개체의 적합도 함수 값은 이웃 크기 내에 존재하는 각 개체 중 가장 높은 적합도 함수 값을 갖는 개체의 적합도 함수 값으로 대체된다. 이 규칙은 이웃 크기 내에 속하는 여러 개체들의 적합도 함수 값에 의해 영향을 받으므로, 항상 고정된 값을 산출하지 않고 이웃 크기가 변함에 따라 적응적으로 그 값이 변화한다. 셀룰러 학습 알고리즘은 다음 그림 2와 같다.

```

S = ∪i=1n {Island(Ii)}
// S : 섬의 전체 집합
B = { }
// 집합 S의 n개의 섬으로부터의
// best_solution의 집합
// max_island_number : 최대 섬의 수
// max_island_size : 섬의 크기
for i = 1 to max_island_number {
  for j = 1 to max_island_size {
    S' ji = optimum(s j-1i, s ji, s j+1i)
    // s ji의 이웃 크기내에서의 최적값
  }
}

```

```

    bi = best_solution in s'i
    B = B ∪ { bi }
}
for i = 1 to max_island_number {
    Ii ← s'i
}
reduced_number = 0
for i = 1 to max_island_number {
    if ( | bi - bi+1 | < α ) {
        Ii = { Ii } ∪ { Ii+1 }
        reduced_number = reduced_number + 1
    }
}
max_island_number ← max_island_number -
reduced_number
// α: threshold

```

그림 2. 셀룰러 학습 알고리즘
Fig. 2. Cellular learning algorithm

이웃하는 섬에 대해 각 섬을 대표하는 개체의 적합도 함수 값의 차가 임계 값보다 작을 경우, 이웃하는 두 섬은 한 개의 섬으로 합쳐지게 된다. 따라서 학습이 진행되어 감에 따라 섬의 개수는 점차 감소하며 또한 그 크기는 커지게 된다. 그 효과로는 하나의 섬으로 합쳐진 개체들은 두 섬 내의 개체들 중에서 최대값(최대화 문제의 경우) 또는 최소값(최소화 문제의 경우)으로 수렴하게 됨을 볼 수 있다.

셀룰러 학습에 의한 국부 탐색 방법의 장점은 다음과 같이 요약할 수 있다. 첫째, 개체의 형질에 영향을 주지 않으므로 학습이 진행되어도 개체의 다양성 유지가 가능하며, 선택 압력에 의한 국부 최적 값(local optimum)에 빠지는 현상을 막을 수 있다. 둘째, 이웃 크기 내에서의 학습은 셀룰러 학습이 수행하는 단계 반복 개념을 이웃 크기의 증가로 대체할 수 있기 때문에 기울기 강하 기법에 의한 학습보다 학습 속도의 향상을 유도한다. 셋째, 전체 탐색 공간에 대한 균등 탐색을 가능하게 하는 섬 분할에 의한 학습은 이웃 크기 내에서의 학습을 통한 지역적 탐색(exploitation)과 동시에 각 섬을 대표하는 개체들 간의 유전 연산을 통한 전역 탐색(exploration)의 효과를 적절히 결합시킬 수 있다.

3.2 셀룰러 학습 기반 유전자 알고리즘

본 논문에서 제안하는 셀룰러 학습 기반 복합 유전자 알고리즘(C-AGA: Cellular Adaptive Genetic Algorithm)은 단일 교차 연산과 wheel of fortune 선택 메커니즘을 사용하였으며 다음과 같은 9개의 요소로 구성되어 있다. 각 요소에 대한

설명은 다음 그림 3.2와 같다.

```

C-AGA = (P0, λ, l, s, Q, f, t, b, I)
P0 = ( a10, ..., al0 ) ∈ Il, I = {0,1}l : 초기 모집단
λ ∈ N : 모집단 크기
l ∈ N : 개체의 길이
s : Il → Il : 선택 연산자
Q ⊆ { ω : I × Il → P → I } : 유전 연산자
(여기서, P = { p : I → [0,1] } )
f : I → R : 적합도 함수
t : Il → (0, 1) : 종결 조건
i ∈ [ 1 .. l/2 ] : 섬 크기 제어 변수

```

그림 3. C-AGA 알고리즘의 구성 요소
Fig. 3. Components of C-AGA

임의 초기화와 상관 계수 값에 의해 경계 초기화를 적용한 후 셀룰러 학습 및 유전 연산을 수행하는 전체 알고리즘을 단계별로 기술하면 다음과 같다.

[단계 1] 임의 초기화

초기 모집단을 임의로 초기화 시킨다.

[단계 2] 상관 계수 측정

단계 1에서 구성한 모집단에 대한 상관 계수를 구한다.

[단계 3] 경계 초기화

단계 2로부터 얻은 상관 계수에 의해 섬의 개수를 결정하고 실제 부-모집단 1을 구성한다.

[단계 4] 셀룰러 학습

이웃 크기 값을 1로 초기화 시킨 후 부-모집단 1에 대한 셀룰러 학습을 행하고 개체의 실제 적합도 함수 값을 계산한다.

[단계 5] 적합도 확률 분포에 의한 선택

i) 각 개체 v_i ($i = 1, \dots, \text{pop_size}$) 에 대한 적합도를 계산한다.

$$\text{eval}(v_i) = f(x), i = 1, \dots, \text{pop_size}$$

ii) 모집단의 전체 적합도를 구한다.

$$F = \sum_{i=1}^{\text{pop_size}} \text{eval}(v_i)$$

iii) 각 개체 v_{ii} ($i = 1, \dots, \text{pop_size}$) 에 대해 선택 확률 P_i 를 계산한다.

$$P_i = \text{eval}(v_i)/F$$

iv) 각 개체 v_i ($i = 1, \dots, \text{pop_size}$) 에 대한 누적 확률 분포 값 q_i 를 계산한다.

$$q_i = \sum_{j=1}^i P_j$$

v) 난수 발생기에 의해 구간 $[0 .. 1]$ 사이의 값 r 에 대해, r 값이 q_i 값보다 작으면 첫 번째 개체 (v_i)를 선택하고, 그렇지 않을 경우에는 다음 조건을 만족하는 개체 v_i ($2 \leq i \leq \text{pop_size}$)를 선택한

다.

$$a_{i-1} < r \leq a_i$$

[단계 6] 돌연 변이

개체 $v_i^t = \langle u_1, \dots, u_n \rangle$ 에 대해서 돌연 변이 확률 P_m 에 의해 돌연 변이 연산을 적용한다. 난수 발생기에 의해 얻은 구간 $[0 .. 1]$ 사이의 값 r 에 대해 r 값이 돌연 변이 확률 P_m 보다 작을 경우 돌연 변이 연산이 수행된다. 연산이 적용된 후의 개체는 다음과 같이 표현되며, 여기서 개체를 구성하는 위치 k 에 있는 유전 형질이 u_k' 로 바뀐 결과이다.

$$v_i^t = \langle u_1, \dots, u_k', \dots, u_n \rangle$$

[단계 7] 부-모집단 1과 부-모집단 2 구성

각 점을 대표할 수 있는 최대 적합도 값을 갖는 개체들만 부모집단 1로부터 추출하여 부-모집단 2를 구성한다.

[단계 8] 부-모집단 2에 대한 유전 연산

부-모집단 2에 대해 단일 교차 연산을 수행한다.

[단계 9] 종료 조건

성능 향상이 거의 없거나 최대 세대에 도달한 경우에 종료하고 아니면 단계 4로 간다.

4. 성능 평가

이 장에서는 제안하는 셀룰러 학습 전략의 성능을 기존의 국부 탐색 방법인 라마키안 진화와 볼드윈 효과와 비교하여 평가하고자 한다. 최적화 실험에 많이 사용되는 드종과 쉘퍼에 의해 제안된 테스트 베드 함수들[4]을 대상으로 실험을 행하였다. 실험에 사용된 함수들은 다음 표 4.1과 같다. 유전자 알고리즘에 사용된 매개 변수들의 값은 다음 표 1과 같다.

표 1. 테스트 함수
Table 1. Test functions

함수	함수	변수 범위	참고
F1	$f_1(x_1, x_2) = 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2(20\pi x_2)$	$-3.0 \leq x_1 \leq 12$ $4.1 \leq x_2 \leq 5.$	[8]
F2	$f_2(x) = x (\sin 10\pi x) + 1.0$	$-1.0 \leq x \leq 2.0$	[8]
F3	$f_3(x_1) = 100(x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2$	$-2.048 \leq x_1 \leq 2.$	[13]

수렴도를 측정하는 방법 중의 하나로서 최적해로 수렴해 나가는 과정에서 모집단 내의 평균 적합도 함수 값(Favg)과 최대 적합도 함수 값(Fmax)을 이용하여 수렴도를 측정할 수 있다[2]. 각 세대에 대한 Fmax와 Favg값을 계산하면 최적값(최대값 또는 최소값)으로 가까워질수록 그 계산 값이 작아지는 현상을 이용하여 실험 함수에 대한 수렴 곡선을 구하는 것이다[2].

평균 적합도 함수 값은 세대가 진행됨에 따라

모집단 내의 개체들이 더 높은 적합도 함수 값을 얻게 되므로 그에 비례하여 높아지며, 각 세대에 대한 가장 높은 적합도 함수 값(Fbest)을 가지는 개체는 다음 세대에도 그대로 유지되도록 하였으므로 여기서, 세대 진행에 따른 Fbest, Fmax-Favg, Favg값의 변화를 살펴보는 것도 성능을 비교할 수 있는 중요한 척도가 될 것이다. 다음 그림 4와 그림 5는 라마키안 진화와 볼드윈 효과에 의해 학습을 결합시킨 유전자 알고리즘의 수렴도를 측정하기 위한 테스트 결과로서 함수 F1에 대한 Fbest, Favg값의 분포를 보여주는 그림이다.

그림에서 각 알고리즘의 세대가 진행됨에 따른 각 세대에서의 Fbest값의 변화와의 변화를 보여주는 그림이다. 볼드윈 효과와 셀룰러 학습에 의한 탐색 결과에 대한 Favg값이 상대적으로 낮게 나타나는 이유는 탐색이 진행되는 동안 개체의 다양성이 잘 유지되고 있음을 의미한다.

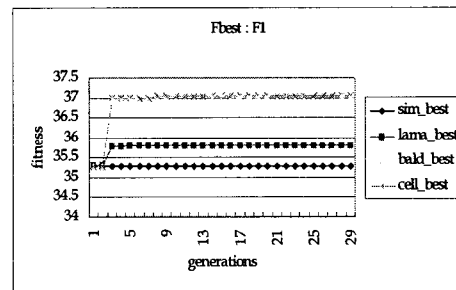


그림 4. Fbest 값의 분포
Fig. 4. Distributions of Fbest

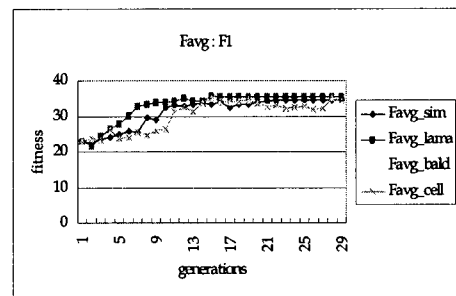


그림 5. Favg 값의 변화
Fig. 5. Variations of Favg

다음 표 2는 함수 F2, F3에 대해서 각 알고리즘을 30회 수행시켰을 때 전역 최적 해를 찾은 횟수를 나타내는 표이다. 함수 F2에 대해서는 비교적 잘 수렴되었지만 함수 F3에 대한 실험 결과를 보면 단순 유전자 알고리즘은 최적 해를 찾지 못하였으며 라마키안 알고리즘은 최적해 수렴 확률이 볼드윈 효과와 셀룰러 학습에 의한 결과보다 낮음을 볼 수 있다. 함수 F2에 대해서는 실험 함수의

상태 공간이 국부 최적 점을 비교적 적게 포함하는 특성으로 인하여 라마키안 알고리즘도 좋은 성능을 보였는데, 이로부터 상태 공간에 대한 정보를 미리 알고 있으면서 빠른 학습 효과를 요구하는 문제에 대해서는 라마키안 학습도 비교적 좋은 결과를 제공하여 줄 수 있으리라는 것을 예측할 수 있다.

표 2. 테스트 함수의 수렴 횟수
Table 2. The number of convergence

함수 번호	SGA	LGA	BGA	CGA
F2	0	30	30	30
F3	0	9	19	20

5. 결 론

이 논문에서는 함수 최적화를 위한 알고리즘으로서 기존 방법인 유전자 알고리즘에 셀룰러 오토마타의 성질을 국부적 향상에 적용시킨 새로운 최적화 알고리즘을 제안하였다.

셀룰러 학습에서의 국부 탐색은 유전자 알고리즘의 각 단계에서 행해지는 유전 연산 중 재생산 과정에서 개체가 다음 세대로 전달될 때 표현형 인자의 값에 학습 시 얻어진 결과를 반영시킴으로써 적용되어진다.

제안하는 복합 유전자 알고리즘은 기존의 단순 유전자 알고리즘이나 라마키안과 볼드윈 결합 최적화 알고리즘 보다 수렴 속도 면에서 월등히 뛰어난 실험을 통해 알 수 있었고, 기존 방법의 단점으로 대두되어왔던 국부 최적 점에 빠지는 비율을 현저히 낮출 수 있음을 알 수 있었다. 또한, 복합 최적화 문제에 대한 상태 공간을 나타내는 드-종의 테스트 함수에 대한 실험을 통하여 제안하는 최적화 알고리즘이 수렴 속도면과 전역해로의 수렴 면에서 기존 알고리즘 보다 월등히 뛰어나도록 볼 수 있었다.

본 논문에서 제안하는 국부 탐색 학습 전략은 복잡한 상태 공간을 나타내는 함수를 완만한 형태의 공간으로 근사 시켜 나가면서 최적해로 수렴할 수 있도록 해주는 학습 전략이다. 이때, 개체의 형질을 그대로 보존 시키고 적합도 함수 값만을 이웃하는 개체의 값에 의해 보정해 나감으로써 모집단의 다양성을 유지하여 지역 최적 해에 수렴할 확률을 줄일 수 있었다. 또한 근사화 시키는 학습 알고리즘에 의해 전역 최적 해를 찾는 수렴속도의 향상을 꾀할 수 있었다.

앞으로의 연구 방향은 다중 최적화에 대한 제안 알고리즘의 적용과 탐색 공간상에서의 변이에 대한 기존 학습 전략 간의 비교에 대한 연구이다.

- [1] M. Srinivas and L. M. Patnaik, "Genetic Algorithms: A Survey," IEEE Trans. Computers, June, pp. 17-26, 1994
- [2] M. F. Bramlette, "Initialization, Mutation and Selection Methods in Genetic Algorithms for Function Optimization," Proc. 4th Int. Conf. on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Pub., pp. 128-135, 1991
- [3] D. Whitley, V. S. Gordon and K. Mathias, "Lamarckian Evolution, The Baldwin Effect and Function Optimization," Parallel Problem Solving from Nature - PPSN III, Springer-Verlag Pub., pp. 6-15, 1994
- [4] D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning, Addison Wesley Pub., 1989.
- [5] F. Gruou and D. Whitley, "Adding Learning to the Cellular Development of Neural Networks: Evolution and the Baldwin Effect," MIT Journal on Evolutionary Computation, Vol. 1, No. 3, pp. 213-233, 1997
- [6] M. Lipsitch, "Adaptation on Rugged Landscapes generated by Iterated Local Interactions of Neighboring Genes," Proc. 4th Int. Conf. on Genetic Algorithms, Morgan Kaufmann Pub., pp. 128-135, 1991
- [7] H. O. Peitgen, H. Jurgen and D. Squepe, Chaos and Fractals - New Frontiers of Science, Springer-Verlag New York, Inc., 1992.
- [8] Z. Michalewicz, Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Springer-Verlag Pub., 1992.
- [9] D. Whitley, "Modeling Hybrid Genetic Algorithms," Genetic Algorithms in Engineering and Computer Science, John Wiley Pub., pp. 191-201, 1995
- [10] M. Mitchell, An Introduction to Genetic Algorithms, MIT Press, 1996.
- [11] M. Syrjakow and H. Szczerbicka, "Combination of Direct Global and Local Optimization Methods," IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation, Vol. 1, pp. 326-333, 1995
- [12] F. Vavak, K. Jukes and T. C. Fogarty, "Learning the Local Search Range for Genetic Optimization in Non-stationary Environments," IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation, Vol. 1, pp. 355-360, 1995