

염색체의 감수분열을 응용한 변형 유전알고리즘에 대한 연구

이 덕 규[†] · 고 성 준^{††} · 이 석 주^{†††} · 김 유 남^{††††} · 김 학 배^{†††††}

요 약

본 논문에서는 인간 내에 존재하는 염색체의 감수분열을 이용한 변형된 유전 알고리즘에 대해 소개한다. 염색체 배열로 이루어진 개체와 이를 감수분열시켜서 생성한 생식체가 제시되며, 생식체들간의 교배를 통해 새로운 개체를 생성하는 알고리즘을 나타낸다. 이 생식체의 유형은 크게 XX, XY, MM 타입으로 나누었으며 이들의 교배에 의한 효과를 검증하기 위해 비교 대상으로 최근 우수한 알고리즘으로 소개된 R. Storm이 개발한 차분진화 알고리즘의 결과와 비교하였다. 개체의 전체에 대한 돌연변이와 교배의 수행결과로 기존의 유전 알고리즘 보다 유연하고 여타 알고리즘에 비해서 작은 개체집단을 구성해서 운영하여 만족스러운 결과를 얻을 수 있었음을 비교조사 한다.

A Study on Metamorphosed-Genetic Algorithm by Applying the Meiosis for the Chromosome

Deog-Kyoo Lee[†] · Soung-Jun Ko^{††} · Seok-Joo Yi^{†††} ·
You-Nam Kim^{††††} · Hag-Bae Kim^{†††††}

ABSTRACT

In this paper, a metamorphosed genetic algorithm based on the meiosis for human's chromosome is presented. In the algorithm, chromosomes in an individual are divided in half and in the other are divided into other rate. By our definition, they are composed of gametes with X-type chromosomes or Y-type chromosomes or especially M(mutation)-type chromosomes. When two gametes among them are randomly selected and recombined, the new individual is correspondingly generated. Without reducing the searching space significantly, the global solution can be readily searched by new generated individual. The performance of the presented algorithm is examined and evaluated through proper simulation using test functions.

1. 서 론

유전 알고리즘(Genetic Algorithm, GA)은 모든 진화
기반의 탐색 알고리즘 중에서도 가장 널리 알려진 기

법중 하나로 홀란드(Holland)[1]에 의해 제안되었다. 골
드베르크(Goldberg)[2]는 선택과 돌연변이가 결합되면
등반(hill-climbing) 메커니즘 역할을 수행하고 이는 국
부적인 환경에서 주로 이루어지므로 이를 벗어날 수단
으로 선택과 재결합(교배) 연산을 통해 이를 수 있다
고 하였다. 그러나 유전 알고리즘에서는 실수형 파라
미터를 염색체로 이진 코딩해야 하는 변환문제와 염색
체에서 파라미터간의 상관성에 따라 유전자의 위치를
적절히 할당해야하는 또 다른 문제기 적절한 알고리즘

※ 본 결과는 정보통신부의 정보통신 우수시범학교 지원사업에 의
하여 수행된 것입니다.

- † 준 회 원 : 연세대학교 대학원 전기컴퓨터공학과
 - †† 준 회 원 : 연세대학교 대학원 전기컴퓨터공학과
 - ††† 정 회 원 : 한국과학기술연구원 지능제어연구센터 연구원
 - †††† 정 회 원 : 한리대학교 전기전자컴퓨터공학부 교수
 - ††††† 정 회 원 : 연세대학교 기계전자공학부 교수
- 논문접수 : 2000년 1월 21일, 심사완료 : 2000년 5월 24일

의 설계 시 고려되어야 한다. 물론 실수형 유전 알고리즘을 통해 변환문제는 해결된다 하더라도 이진코배보다 작은 폭의 탐색영역을 갖게 되는 단점이 있으며, 또한 파라미터의 상관성을 고려하여 좋은 형질의 유전자들을 보존할 수 있는 교배방법을 결정해야 하는 문제는 여전히 남게된다.

이러한 문제점을 다루기 위해, 본 논문에서는 감수분열 유전 알고리즘(Meiosis Genetic Algorithm, MGA)을 제시한다.

생물계에 있어서 빈식은 교배를 통해 이루어지는데, 인간의 경우에 국한한다면, 부모로부터 각각 성염색체 1개를 포함하여 상동염색체 22개로 이루어진 생식체(gamete)인, 정자와 난자의 결합을 통해서 새로운 생명체가 태어나게 된다. 이때 성염색체(sex chromosome)의 구성은 남자는 XY, 여자는 XX로 구성되어 있는데 이는 성염색체를 구성하는 유전자 형질의 차이 이외에도 일반적인 외형적 차이로 구분할 수 있다. 본 논문은 이러한 염색체의 감수분열과 결합의 원리를 적용하는 것에 초점을 맞춘다. 인간을 유전 알고리즘에서의 개체로 고려하고 감수분열에 의해 생성되는 정자와 난자를 생식체로 하여 유전 알고리즘의 주 연산자로 교배를 통하여 수행하되, 제안된 알고리즘에서는 교배시의 다양한 개체생성을 위해 생식체의 염색체들에 랜덤한 변화를 주고 교배 풀(pool)에서 상대를 임의로 선택하게 한 다음 교배를 통해 새로운 염색체 쌍을 이루는 개체를 생성하도록 한다. 본 알고리즘의 평가 방법으로 R. Storn과 K. Price[3]가 개발한, 차분진화(Differential Evolution, DE)알고리즘의 성능을 평가하기 위해 사용했던 드중의 함수최적화 문제 5개와 4개의 비선형문제에 적용하여 그가 제시하였던 알고리즘과의 성능비교를 수행한다. MGA 알고리즘의 응용분야로는 클러스터링 알고리즘, 적응필터 설계, VLSI 회로 레이아웃등 비용함수를 최소화시키는 문제에 적용할 수 있다. 본 논문에서는 실수형 유전 알고리즘에 대한 설명과 함께 감수분열 유전 알고리즘의 생식체 생성유형과 구성에 대해 서술하고, 이를 평가하기 위한 수치예제에 대한 시뮬레이션과 결론으로 구성하였다.

2. 실수형 유전 알고리즘

최적화 문제에 있어서 목적함수가 비선형이고 미분 불가능할 경우에, 일반적으로 직접탐색접근법이 선택되

는데 이들 중 비교적 널리 알려진 것은 Annealed version of the Nelder&Mead strategy(ANM), Adaptive Simulated Annealing(ASA)과 유전 알고리즘, 진화 알고리즘 등이 있으며 최근에 개발된 DE 등이 있다[3]. 본 논문에서 개발된 알고리즘이 실수형 유전 알고리즘의 변형이므로 실수형 유전 알고리즘에 대해 간략히 설명하고 결과에 있어서 위의 다른 알고리즘들과 비교 평가 할 것이다.

2.1 실수형 유전 알고리즘

이 알고리즘은 표현형인 실수를 그대로 알고리즘에 사용하기 때문에 표현형과 유전형사이의 변환에 필요한 계산을 줄일 수 있는 잇점이 있다. 실수형 유전 알고리즘에서는 이진 유전 알고리즘에서의 같이 적합도에 따른 부모개체 선택방법을 사용하지 않는다. 대신 현재 세대의 각 개체에 대해 랜덤하게 두 개의 개체를 선택하고, 그중 적합도가 우수한(승자승선택) 개체 식 (1)에 아래 식 (2)를 적용하여 교배대상 개체를 발생한다.

$$x_{r,G} = x_{i,G(ann)}, r \neq i \tag{1}$$

$$x'_{i,G} = x_{i,G} + \alpha_{rand} \cdot (x_{i,G} - x_{i,G}) \tag{2}$$

식 (2)는 중간결합 교배연산자와 동일하지만 1과 0 사이의 값을 갖는 α 대신에 각 개체에 대해 $\alpha_{rand} \in [0.1, 1.1]$ 을 사용한다. 그 이유는 통상 0과 1사이 값을 갖는 α 를 사용할 경우 결합된 개체는 결합에 참여한 두 개체사이의 값을 갖게 되므로 교배연산이 새로운 유전 물질을 탐색할 수 있도록 α 대신에 0.1과 1.1 사이의 랜덤값을 갖는 α_{rand} 를 사용한다. 실제 교배연산은 $x_{i,G}$ 와 교배대상 개체로 만들어진 $x'_{i,G}$ 에 적용된다. 또한 교배를 통해 얻어진 개체 $x'_{i,G-1}$ 에 돌연변이 연산이 적용된다. 이때 돌연변이 양에 다양한 변화를 줄 수 있도록 하기 위해 랜덤 돌연변이와 서행등반 돌연변이를 결합하여 사용하는데, 그 여부는 알고리즘 제어파라미터를 정해주는 방식에 따라 결정된다. 식 (3)에서의 서행등반 돌연변이에서는 개체의 형질에 돌연변이 양이 더해지고 진화가 진행됨에 따라 그 양이 줄어들지만 식 (4)에서의 랜덤 돌연변이는 말 그대로 랜덤한 값으로 형질이 대체되기 때문에 돌연변이 양이 크다. 보통 돌연변이 연산 중 서행등반 돌연변이를 0.3 및 랜덤돌연변이를 0.7을 사용한다.

$$x''_{ij} = x'_{ij} + \frac{0.5 \cdot (x_{j-\max} - x_{j-\min}) \cdot r}{1 + \exp \frac{generation}{10000}} \tag{3}$$

여기서 *gennum*은 진화 세대수, $x_{j,-max}$ 와 $x_{j,-min}$ 은 목적변수 x_j 의 최대 및 최소한계를 나타내며, r 은 -1과 1 사이에서 균일 분포로 랜덤하게 선택된 값이다. 이 식은 $i(1 \leq i \leq NP)$ 번째 개체의 각 목적변수 ($1 \leq j \leq D$)에 대해 균일 분포의 랜덤값이 돌연변이율보다 작으면 실행된다. 이때 NP (Number of Population)는 개체 집단의 최대 크기를 의미하며, D(Destination)는 목적변수의 최대 개수를 의미한다.

$$x'_{ij} = x_{j,-min} + (x_{j,-max} - x_{j,-min}) \cdot r \quad (4)$$

여기서 $x_{j,-max}$ 와 $x_{j,-min}$ 은 목적변수 x_j 의 최대 및 최소한계를 나타내며, r 은 0과 1사이에서 균일분포로 랜덤하게 선택된 값이다. 이 식은 $i(1 \leq i \leq NP)$ 번째 개체의 각 목적변수 ($1 \leq j \leq D$)에 대해 균일 분포의 랜덤값이 돌연변이율보다 작으면 실행된다.

교배와 돌연변이를 거친 후 얻어진 개체 $x'_{i,G+1}$ 가 $x_{i,G}$ 의 자식 개체로 다음세대에 살아남을 수 있는지를 결정하기 위해 $x'_{i,G+1}$ 와 $x_{i,G}$ 의 적합도를 비교한다. $x'_{i,G+1}$ 의 적합도가 $x_{i,G}$ 의 것보다 좋으면 $x_{i,G+1} = x'_{i,G+1}$ 로 되고 그렇지 않으면 이전의 값이 그대로 유지되어 $x_{i,G+1} = x_{i,G}$ 가 된다.

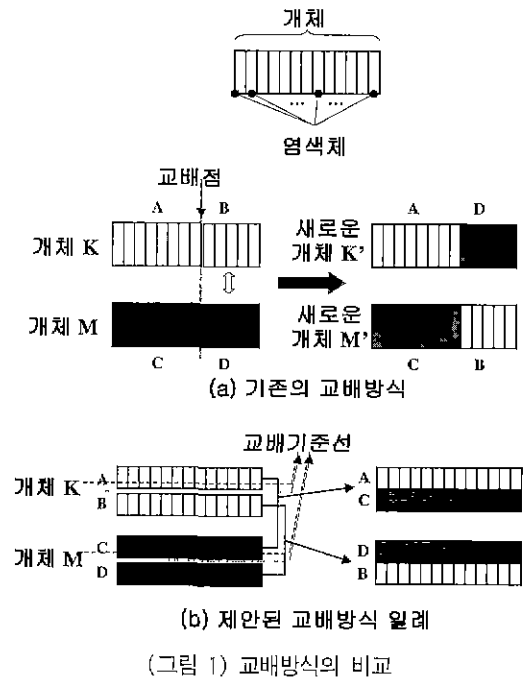
3. 감수분열 유전 알고리즘의 구성

존의 유전 알고리즘에 있어서, 실수형과 이진형 모두, 교배 시에는 개체간에 어떤 특정 교배 선택위치에서 이루어지게 되며, 돌연변이는 개체를 이루는 염색체들 중 일부에 확률적으로 일어나게 한다(그림 1(a)).

이러한 경우, 물론 세대수 증가에 따라 최적해로의 수렴이 이루어질 수도 있으나, 현재의 한정된 개체집단 내에서 우수한 개체가 많은 수의 자손을 발생시키므로 다른 개체들이 줄어들게 된다

이로 인해 공간탐색의 다양성 상실로 국부적 해로 수렴할 가능성도 있으며, 또한 교배나 돌연변이를 수행함으로써 부모의 형질을 잃어버리는 경우가 발생하기도 한다. 유전 알고리즘에서 중요하게 다루어야 할 사항이 이와 같은 선택의 강도와 개체의 다양성의 적절한 조화문제이다. 이러한 문제는 기존의 유전 알고리즘에 있어서 개체간의 일부 유전자 교환이라는 한정된 교배방식에 이유가 있다. 물론 스키마 이론[4]을 이

용하여 좋은 형질의 유전자를 보존하면서 진화를 이룰 수 있는 교배위치를 선택할 수 있다. 그러나 이는 이진스트링의 유전 알고리즘에 국한되며 실수계에서 이진스트링으로의 코딩으로 인한 오차와 연산시간의 증가[5]라는 문제를 야기 시킬 수도 있다.



이와 같은 교배방식의 문제점을 개선하기 위해 생명체의 자손보존 전략인 자율적 교배상대 선택과 감수분열에 의해 생성되는 생식체의 교배를 통한 자손생성의 원리(그림 1(b))를 알고리즘에 적용하였다.

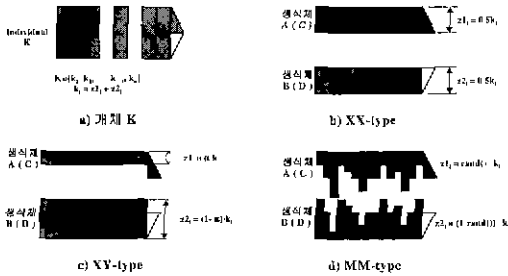
3.1 생식체의 생성 유형

생식체의 생성유형, 즉, 개체의 감수분열 유형은 (그림 2)에서와 같이 세 가지로 나누어 나타내었다. 여기서 XX, XY 타입은 성염색체의 외형적 특징을 이용하여 명명한 것으로, 인간과 같이 성염색체를 따로 갖고 있는 것이 아니라 외형적으로 감수분열되는 비율에 따라 생성되는 생식체를 기준으로 명명한 것이다. 또한, MM 타입 감수분열은 돌연변이(mutation) 유형을 나타내며 인간에 있어서 염색체의 이상현상을 모델로 제안한 것이다.

(그림 2)에서 rand()는 랜덤값을 발생시키는 랜덤함

수를 의미하며, 개체에 대한 생식체 생성유형은 아래와 같이 정의한 감수분열의 기본 형식에 의해 나타낼 수 있으며, 구체적인 각 유형별 특징은 3.1.1-3절에 나타내었다. 먼저 개체 K 는 염색체 $k_i (1 \leq i \leq n)$ 의 1차원 배열로 구성되어있으며, 파라미터 α 는 개체에 대한 감수비율을, θ_i 는 개체를 구성하는 염색체 각각에 대한 랜덤 감수비율을 나타낸다. 이때 파라미터 θ 가 반영된 개체 K 를 K' 라 나타내었다.

$$\begin{aligned} \text{개체 } K &= \{k_1, k_2, \dots, k_{n-1}, k_n\} \\ \text{개체 } K' &= \{k_1', k_2', \dots, k_{n-1}', k_n'\} \\ \text{파라미터 } \theta &= \{\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_{n-1}, \theta_n\} \end{aligned}$$



(그림 2) 생식체의 생성유형

하나의 개체가 분리되어 생성되는 생식체는 두 개가 생성되는데 다음과 같은 식으로 나타낼수 있으며 이때 파라미터의 비율에 따라 유형이 결정되게 된다.

$$\begin{aligned} \text{생식체 } A &= \{z_{11}, z_{12}, \dots, z_{1n-1}, z_{1n}\} \\ \text{생식체 } B &= \{z_{21}, z_{22}, \dots, z_{2n-1}, z_{2n}\} \\ k_i' &= z_{1i} - z_{2i} \\ z_{1i} &= \alpha k_i (1 + \theta_i) \\ z_{2i} &= (1 - \alpha) k_i (1 + \theta_i) \end{aligned}$$

3.1.1 XX type

하나의 개체를 1/2로 감수분열하여 두 개의 동일한 생식체를 생성하는 경우로 이 유형들끼리 교배가 이루어지면 두 개의 온전한 개체의 결합시 수행되는 중간결합의 효과를 나타내게 된다. 이러한 0.5의 감수비율을 갖는 경우 전역적인 최적해가 존재하는 우수한 개체들이 있는 엘리트 집단 내에서 수행되게 되면 완만하게 전역 최적해에 도달할 수 있게 된다.

제안된 알고리즘에서도 엘리트 집단에 대해 XX 유형으로 개체를 나누어 각 염색체의 파라미터 θ_i 에 대

해 미세한 랜덤 변화값 만을 추가, 엘리트 풀에서의 랜덤 선택 교배를 수행하여 최적해에 접근할 수 있도록 하였다. 이때 최적해에 가까워짐에 따라 변화의 폭을 줄여가야 하는데 본 논문에서는 수렴에 따른 변화의 폭을 줄여가기 위한 파라미터로 decay_factor를 정의하고 이 파라미터를 세대수(gen_num)와 현재의 최우수개체의 발생에서 다음 최우수개체의 발생이 있을 때까지의 함수의 평가회수(new_count)로 이루어진 함수를 이용하였다. 이렇게 적용한 이유는 세대수의 증가에 따른 변화폭의 일정한 감소율로 인하여 변화량의 크기가 작아서 새로운 최우수개체의 수렴속도가 늦어지는 것을 방지하기 위함이다. rand(0.5)는 염색체 각각에 대한 감수비율의 랜덤함수로 0과 0.5사이의 랜덤값을 발생한다

$$\begin{aligned} \alpha &= 0.5 \\ \text{decay_factor} &= \text{gen_num} - \text{new_count} \\ \theta_i &= \text{rand}(0.5) / \text{decay_factor}, \quad 1 \leq i \leq n \end{aligned}$$

3.1.2 XY type

동적 풀의 생식체들의 일부를 생성시키는 XY 타입 개체의 분리의 경우, XX 타입에서의 경우와는 달리, 염색체 각각에 대한 감수비율은 없으며, 개체에 대한 감수비율 α 만을 적용하여 생성된다. 따라서 생식체는 염색체간 비율이 부모개체와 같은 비율로 유지되며 이러한 특성을 지닌 생식체들간의 교배를 통하여 현재의 국소값이 있는 부근을 이탈하는 수단으로서 이용될 수 있으며 최적해에의 접근시 수렴의 속도를 증가시키는 효과가 있다. 즉, 작은값이나 큰값의 개체군을 살게 형성함으로써 개체내의 형질 특성을 유지하면서, 공간성의 다른 범위를 탐색을 가능하게 하는 효과를 나타낸다. 아래의 식에서 개체내의 염색체 각각에 대한 변화가 없으므로 θ_i 는 0을 갖게되며, α 는 0에서 1사이의 랜덤값을 갖게된다

$$\begin{aligned} \alpha &= \text{rand}(1) \\ \theta_i &= 0, \quad 1 \leq i \leq n \end{aligned}$$

3.1.3 MM type

돌연변이 생식체 유형인 MM-타입은 동적 풀의 또 다른 생식체 일부로서, 개체내의 모든 염색체들에 대해 랜덤하게 감수비율을 적용함과 동시에 개체에 대해서도 랜덤한 감수비율을 적용하여 개체를 감수분열하

여 생성된 생식체이다. 진화 프로그래밍에서의 돌연변이와 같은 효과를 얻을 수 있으며, 이들의 랜덤 선택 교배 시 생성되는 개체는 새로운 값으로, 변화가 커서 공간적 이동폭이 크며 이에 따라 전역적 탐색의 수단으로서 효과를 나타낸다. 기존의 유전 알고리즘에서의 개체집단의 진화에 따라 집단 전체가 최적해를 갖는 개체들로 채워져 나가게 됨으로써 국부적 해에서의 탈출이 어려운 점을 이것으로 보완할 수 있다. 개체 감수비율인 α 는 0에서 1사이의 랜덤값, 염색체에 대한 감수비율 θ_i 은 랜덤값으로 구간의 상한값과 하한값 사이의 랜덤값을 갖게된다. 이때, ω_i 는 상한값과 하한값 사이의 구간폭을 의미한다.

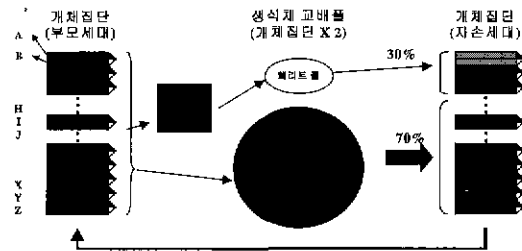
$$\alpha = \text{rand}(1)$$

$$\omega_i = \text{upper bound} - \text{lower bound}$$

$$\theta_i = \text{rand}() \leq |0.5 \cdot (\omega_i)|, 1 \leq i \leq n$$

3.2 감수분열 유전 알고리즘의 구성

감수분열을 이용한 변형된 유전 알고리즘의 구성은 (그림 3)과 같다.



(그림 3) 감수분열 유전 알고리즘의 구성

3.2.1 개체집단

개체집단은 세대가 진화함에 따라 정해진 개체집단의 크기를 갖는 부모세대(parent generation)와 자손세대(children generation)가 번갈아 존재하게 된다. 현세대의 부모세대내의 개체들은 생식체로 분리되어 교배 풀에 전달되며 교배 풀에서 랜덤하게 선택되어 자손세대를 구성하게 된다. 초기 개체집단은 랜덤한 값들로 구성되며 이 개체집단의 개체들에 대한 적합도를 평가하여 초기 최우수 개체를 선정하며 자손세대의 엘리트 집단을 구성하는 엘리트 풀의 종자(seed)가 되어 최우수개체 버퍼에 저장된다. 적합도 계산은 개체집단내의 개체들에 대해 수행되며 이는 곧 연산시간과 비례하게

되므로 작은 개체집단의 크기를 가지는 것이 유리하다. 새로운 개체집단인 자손세대를 구성하기 위해 부모세대내의 개체들은 XX-타입을 기준으로 한 최우수개체 변형 그룹과 XY-타입 감수분열 유형을 적용할 개체그룹, MM-타입 감수분열을 적용할 그룹의 세 가지로 나누어지게 된다. 개체집단과는 별개이지만 최우수개체를 저장하는 버퍼를 두어 그 세대에서 최우수개체값을 보존하게 하였다.

3.2.2 생식체 교배 풀

생식체 교배 풀은 엘리트 풀과 동적 풀 두 가지로 구성되어 있다. 엘리트 풀은 부모세대의 최우수개체에 대해 XX-타입 감수분열 유형을 적용하여 생식체로 분리하고 그 감수분열된 생식체내의 염색체 각각에 미세한 가중치를 부여하여 생성된 생식체들이 있는 저장장소이다. 이 엘리트 풀내의 생식체들간 교배를 수행하게 함으로써 현재 상태의 적합도 부근에서 더 좋은 적합도값을 탐색할 수 있도록 하는 미세 수렴탐색 방법이다. 엘리트 풀에서 교배를 통해 생성된 개체들은 다음세대인 자손세대 개체집단의 30%를 채우도록 하였다.

동적 풀은 부모세대의 개체들을 앞 절에서와 같이 세 가지 유형으로 분리한 생식체들로 이루어져 있으며, 교배 상대의 선택은 생태계의 자율적인 선택에 의거 랜덤한 선택에 의하여 교배를 수행하도록 하였다. 자손세대 개체집단의 70%는 동적 풀에 존재하는 최우수개체를 포함한 부모세대로부터의 생식체들간의 랜덤 교배에 의해 생성된 개체들로 채워지게 된다.

3.2.3 교배 풀에서 생성되는 개체유형

생식체들간의 교배결과 얻을 수 있는 새로운 개체들은 다음 <표 1>과 같다.

<표 1> 생식체간의 결합으로 생성되는 개체유형

Type	X	Y	M
X	XX	XY	XM
Y	XY	YY	YM
M	XM	YM	MM

이때 개체내의 염색체 값이 제한 범위를 벗어나는 경우에는 그 염색체에 대한 경계값을 갖도록 하였다. 경계값을 갖더라도 다음 세대로 진화할 때 랜덤한 유형의 생식체를 만들 수 있기 때문에 경계값으로부터

벗어날 수 있다.

4. 시뮬레이션

감수분열에 의해 구성된 변형 유전 알고리즘의 성능 평가를 위해 드증이 제시한 함수 최적화를 위한 시험용 함수와 4개의 비선형 함수에 대해 시뮬레이션을 하였다. 다음 <표 2>은 알고리즘의 성능평가를 위해 사용된 함수들이다.

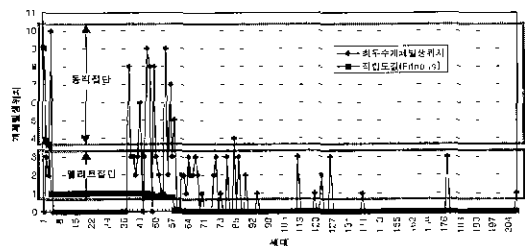
<표 2> 알고리즘 평가를 위한 최적화 시험함수

<p>드중함수 1(sphere) $f_1(x_i) = \sum_{i=1}^3 x_i^2$ $-5.12 \leq x_i \leq 5.12$, 최소값은 $f_1(0,0,0)=0$.</p>
<p>드중함수 2(Rosenbrock의 마나나 함수) $f_2(x_i) = 100(x_1^2 - x_2)^2 + (1 - x_1)^2$ $-2.048 \leq x_i \leq 2.048$, 최소값은 $f_2(1,1)=0$.</p>
<p>드중함수 3(칼연속계단) $f_3(x_i) = 25 + \sum_{i=1}^5 \lfloor x_i \rfloor$, $\lfloor \cdot \rfloor$은 0에 가까운 정수 출력, $-5.12 \leq x_i \leq 5.12$, 최소값은 $f_3(-5-\epsilon, \dots, -5-\epsilon)=0$, $\epsilon \in [0, 0.12]$</p>
<p>드중함수 4(노이즈를 갖는 다항식) $f_4(x_i) = \sum_{i=1}^{30} (i \cdot x_i^4 + rand())$ $-1.28 \leq x_i \leq 1.28$ $rand() \in [0, 1)$: 균일분포랜덤함수 최소값은 $f_4(0, \dots, 0) \leq 30 \cdot E(rand())=15$.</p>
<p>드중함수 5(shekel의 호) $f_5(x_i) = \frac{1}{0.002 + \sum_{j=1}^{25} \frac{1}{j + \sum_{k=1}^4 (x_i - a_{jk})^6}}$ $-65.536 \leq x_i \leq 65.536$ $a_{1j} = \{-32, -16, 0, 16, 32\}$, $j=0, 1, 2, 3, 4$이고 $a_{1j} = a_{i \bmod 5, j}$ $a_{2j} = \{-32, -16, 0, 16, 32\}$, $j=0, 5, 10, 15, 20$이고 $a_{2j} = a_{j \div 5 + 1, 2, 3, 4}$ 최소값은 $f_5(-32, -32) \cong 0.998004$</p>
<p>Corana의 포물선 $f_6(x_i) = \sum_{i=1}^4 (0.15(z_i - 0.05 \operatorname{sgn}(z_i))^2 \cdot d_i$, $x_i - z_i < 0.05$ $z_i = \frac{1}{5} \cdot \left\lfloor \left \frac{x_i}{0.2} \right + 0.49999 \right\rfloor \cdot \operatorname{sgn}(x_i)$, $d_i = \{1, 1000, 10, 100\}$ $-1000 \leq x_i \leq 1000$, 최소값은 $f_6(x_i) = 0$, $x_i < 0.05$, $z = 1, 2, 3, 4$</p>
<p>Griewangk's function $f_7(x_i) = \frac{1}{4000} \sum_{i=1}^{10} x_i^2 - \prod_{i=1}^{10} \cos\left(\frac{x_i}{\sqrt{i}}\right) + 1$, $-400 \leq x_i \leq 400$, 최소값은 $f_7(0, \dots, 0) = 0$.</p>
<p>Zimmermann's problem $f_8(x_i) = 9 - x_1 - x_2$, $x_i > 0$ $(x_1 - 3)^2 + (x_2 - 2)^2 \leq 16$, $x_1 x_2 \leq 14$ 최소값은 $f_8(7, 2) = 0$.</p>
<p>Polynomial fitting problem $f_9(x_i, z_i) = \sum_{i=1}^{16} x_i \cdot z^i$, $z \in [-1, 1]$이면 $f_9(x_i, z_i) \in [-1, 1]$ $z_i = \pm 1.2$이면 $f_9(x_i, z_i) \Rightarrow T_{16}(1.2)$ $-1000 \leq x_i \leq 1000$, 최소값은 $f_9(x_i, z_i) = T_{16}(z_i) \cong 10558.1450229$</p>

본 시뮬레이션에서는 개체집단의 크기를 모두 10으로 고정시키면서 개체집단에서 엘리트집단은 30%를 할당하였다. 물론 이와 같은 가정은 결과의 심각한 변화 없이 일반화시킬 수 있다. 부모세대로부터 동적 교배 풀로 전달되는 생식체 유형은 XY유형과 MM유형을 각각 50%씩 생성시켰다. 엘리트 풀에 대해서 감수 비율을 0.5, 동적 풀을 구성하기 위해 XY유형과 돌연변이 유형에 대해서 감수비율을 0에서 1사이의 랜덤값을 갖게 하였으며 함수에 따라 조정해야할 파라미터를 별도로 두지 않았다.

특히, 변수에 대한 제한값이 있을 때 감수분열 유전 알고리즘의 경우, 교배에 의해 중간값으로 수렴하는 기본적인 성질과 함께 감수분열의 효과로서, XY나 MM 간의 교배에 의해 구간을 이탈하게 되는 경우가 생기는데 이러한 경우에는 구간 경계값을 갖도록 하였다. 구간 경계값을 갖는 개체가 발생하더라도 교배 풀에 들어갈 때 생식체 상태에 변화가 가해지므로 다음 세대에서 경계값으로부터 벗어날 수 있다. 따라서 교배 풀은 항상 동적인 생식체들로 구성되게 된다

(그림 4)는 세대가 진화함에 따라 최적해로 수렴하는 적합도 값과 각 세대에서의 최우수개체가 발생한 위치를 나타낸다. 여기서 개체발생 위치란, 개체집단의 크기가 10일 때 엘리트그룹은 1~3(30%), 나머지 동적 그룹은 4~10(70%)의 위치를 의미하며, 동적 그룹에서의 최우수개체 발생빈도가 높아질수록 최적해로의 수렴이 가속됨을 알 수 있다.



(그림 4) 세대에 따른 최우수개체 발생 위치

개체발생 위치가 0인 경우는 다음세대에서 현재대 적합도값 보다 좋은값을 갖는 개체가 발견되지 않았음을 의미하며, 그 세대까지의 가장 좋은 적합도값이 유지됨을 의미한다.

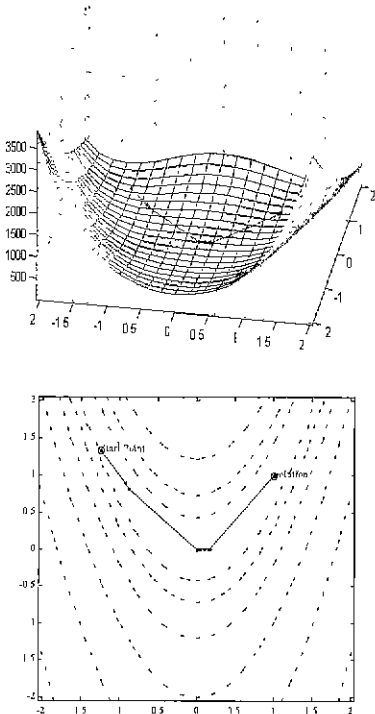
ANM, ASA, DE1, DE2의 결과는 R. Storm의 논문 [3]에서 인용하였다.

<표 3>의 수치는 10번 수행하여 최적해를 찾았을 때의 적합도 계산 횟수에 대한 평균값이다. 결과에서 X는 해를 구하지 못했음을 나타낸다.

<표 3> 전역 최소값을 찾는데 요구되는 평균함수 평가 횟수

f(x)	ANM	ASA	DE1	DE2(F=1)	MGA
1	95	397	490	392	295
2	106	11275	746	615	4154
3	90258	354	915	1300	76
4	X	4812	2378	2873	25
5	X	1379	735	828	2235
6	X	3581	834	1125	475
7	X	X	22167	12804	554
8	2116	11864	1559	1076	12
9	X	X	165680	254824	16965

(그림 4)와 (그림 5)는 드중함수 2에 대해 최적해에 수렴하는 과정을 나타낸 것으로 동적개체 그룹에서의 최우수개체의 발생으로 보통 최적해로의 빠른 접근을, 엘리트 그룹에서의 최우수개체의 발생으로 완만하게 최적해로 수렴하는 특징을 나타내고 있다.



(그림 5) 드중함수 2에서의 최적해로의 수렴경로

5. 결 론

제안된 감수분열 유전 알고리즘은 교배의 관점에서 본다면 기존의 유전 알고리즘의 변형이라 볼 수 있고, 교배 전 돌연변이를 생식체에 적용한다는 관점에서 본다면, 진화 프로그램의 변형이라 볼 수도 있다. 그러나 제안된 알고리즘에서 알 수 있듯이 교배의 확률과 돌연변이 확률은 100%이다. 또한 유전 알고리즘의 장점인 교배와 진화 프로그램의 장점인 돌연변이를 개체를 구성하는 전 유전자에 동시에 적용할 수 있다는 특징이 있다. 개체의 분리와 결합을 위한 선택은 자율성을 주기 위해 랜덤값을 부여하였고, 이에 따라 세대의 개체 진화도 또한 자율적으로 진화하게 하였으며 이러한 감수분열 유전 알고리즘은 <표 1>에서 알 수 있듯이 작은 개체집단에도 불구하고 각 함수에 대한 최적해를 탐색하고 수렴속도가 매우 빠르게 나타났다. 특히 개체집단을 고정하고, 피라미터값 또한 랜덤값을 제외하고는 상수로 처리하였음에도 이러한 결과를 얻을 수 있었음은 로버스트한 알고리즘임을 나타낸다고 볼 수 있다. 특히, 경계값에 해가 존재하는 경우에는 빠른 수렴속도를 나타내었는데, 이는 제안된 알고리즘의 동적 풀의 개체들의 교배에 의해 경계값을 쉽게 얻을 수 있기 때문이다.

물론, 수렴과정에서 동적 풀로부터 최우수개체 발생이 빈번하다면, 더 빠른 최적해로의 수렴이 이루어질 수 있으나, 실제 최적점 근처에서의 수렴에 있어서는 동적 풀에 의한 발생보다는 엘리트 풀에서의 작은 변화에 의한 수렴이 더 빈번히 일어남을 알 수 있다. 결국, 수렴시간을 단축하기 위한 방법으로 첫째로 동적 풀을 구성하는 생식체들에 대해 최적해 주위의 확률적 분포값을 갖게 하는 방법, 둘째로 엘리트 풀에서의 생식체에 대한 변화폭을 조정하는 방법 등이 있다. 첫째의 경우, 해를 알고 있는 문제에 있어서는 어느 정도 좋은 방법이 될 수 있지만, 그렇지 않은 경우에 있어서 개체들의 다양성을 방해하는 제한요소가 되어, 국부적인 해로의 접근을 유도할 수도 있으므로 이러한 방법은 제안된 알고리즘에서 배제하였다. 둘째의 경우는 현재의 최우수개체로부터 생성되는 생식체값에 적용할 변화폭을 결정해야 하는 문제인데, 실제로서 최적해를 알지 못하는 상황에서 이를 결정하는 데에는 어려움이 있다. 하지만, 본 논문에서는 세대 진화수와 최우수개체의 발생에 따른 함수로 변화폭을 부여하여 대체적으로 만족스러운 결과를 산출하였다.

참 고 문 헌

[1] J. H. Holland, 'Adaptation in Natural and Artificial Systems', The University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975

[2] D. E. Goldberg, "The Design of Innovation : Lessons from Genetic Algorithms." Lessons for the Real World, IlliGAL Report No.98004, February, 1998.

[3] R. Storn and K. Price, "Differential Evolution - A simple and efficient adaptive scheme for global optimization over continuous spaces." Technical Report TR-95-012, ICSI, March 1995.

[4] D. E. Goldberg, 'Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning', Addison-Wesley, MA, 1989.

[5] P. J. Angeline, G. M. Saunders and J. B. Pollack. "An evolutionary algorithm that constructs recurrent neural networks," IEEE Trans. Neural Networks, Vol. 5, No 1, pp.54-63, Jan., 1994.



이 덕 규

e-mail : 2thoq@yonsei.ac.kr
 1987년 연세대학교 전기공학과 졸업
 1989년 동대학원 졸업(공학석사)
 현재 동대학원 전기컴퓨터공학 박사과정

관심분야 : 인공지능제어, 인공생명, 유전 및 진화 알고리즘



고 성 준

e-mail : gosun@yonsei.ac.kr
 1999년 연세대학교 전기공학과 졸업
 현재 동 대학원 전기컴퓨터공학과 석사 과정

관심분야 : 웹서버 및 웹 인터페이스, 클러스터링, 네트워크, 리눅스, RTOS, 커널



이 석 주

e-mail : sjyi@amadeus.kist.re.kr
 1991년 연세대 공대 전기공학과 졸업
 1993년 동 대학원 졸업(공학석사)
 1999년 동 대학원 졸업(공학박사)

현재 한국과학기술연구원 지능제어연구센터 박사후 연구원



김 유 남

e-mail : ynkim@hit.halla.ac.kr
 1981년 부산대학교 전기기계 (학사)
 1983년 연세대학교 대학원 전기 공학과(공학석사)

1989년 동 대학원 졸업(공학박사)
 현재 한라대학교 전기전자컴퓨터공학부 교수
 관심분야 : 시스템 제어, 자동차 전자제어



김 학 배

e-mail : hbkim@yonsei.ac.kr
 1988년 서울대 전자공학과 졸업
 1990년 미국 미시간대 대학원 전기 공학과(EECS) 졸업(석사)
 1994년 동 대학원 졸업(공학박사)

1994년~1996년 미국 National Research Council(NRC) Research Associate at NASA Langley Research Center

1996년~현재 연세대학교 기계전자공학부 조교수
 관심분야 : 실시간제어, 자동화공학, 고강도용기법 및 신뢰도 평가