

■ 論 文 ■

유전 알고리즘을 이용한 이중목적 최단경로 모형개발에 관한 연구

A Study On Bi-Criteria Shortest Path Model Development
Using Genetic Algorithm

이 승 재

(서울시립대학교 도시공학과 조교수)

장 인 성

(숭실대학교 산업·정보시스템공학과 교수)

박 민 희

(교통개발연구원 연구원)

목 차

- | | |
|---|--|
| <p>I. 서론</p> <p>II. 기존 최단경로 탐색</p> <p style="padding-left: 20px;">1. 단일목적의 최단경로</p> <p style="padding-left: 20px;">2. 이중목적의 최단경로</p> <p>III. 문제의 정식화</p> <p>IV. 유전 알고리즘</p> <p>V. 모형 구성</p> <p style="padding-left: 20px;">1. 개체의 표현</p> <p style="padding-left: 20px;">2. 개체의 평가</p> | <p style="padding-left: 20px;">3. 선택</p> <p style="padding-left: 20px;">4. 교배 및 돌연변이</p> <p>VI. 적용 결과</p> <p style="padding-left: 20px;">1. 모의 네트워크</p> <p style="padding-left: 20px;">2. 중규모형 네트워크</p> <p style="padding-left: 20px;">3. 수행시간</p> <p>VII. 결론 및 제언</p> <p>참고문헌</p> |
|---|--|

요 약

기존의 최단경로 탐색모형은 단일 목적을 대상으로 한다. 그러나 실제로는 통행자가 단일 목적만을 기준으로 경로를 선택하는 경우는 드물며, 경로선택은 통행시간과 비용 등 다양한 목적을 종합적으로 고려해서 결정되어진다. 따라서 최단경로는 여러 가지 목적을 고려해야 한다. 이러한 경우에 이들 목적간의 상충적인 관계로 인해 여러 가지 목적을 모두 만족시키는 최적경로는 존재치 않으며, 통행자가 고려하는 목적들의 중요도에 따라 다양한 경로가 선택되어질 수 있다. 다목적의 최적경로는 여러 가지 목적들의 절충(Trade-Off)을 고려한 다수의 파레토 최적경로(Pareto Optimal Path)가 탐색되어야 한다. 그러나 기존의 다중목적을 고려한 최적경로 탐색 알고리즘은 하나 또는 일부의 파레토 최적경로만을 탐색하며 따라서 다양한 경로를 제공하지 못한다. 본 논문은 두 개의 목적을 고려한 최적경로 탐색 모형을 개발하는 것이다. 파레토 최적경로들은 대체경로로 사용할 수도 있다. 본 연구에서는 다양한 파레토 최적경로를 탐색하기 위해 본 모형의 개발에 유전 알고리즘(Genetic Algorithm)을 적용하였다.

1. 서론

네트워크분야에서 다루어지는 중요한 문제 중의 하나가 최단경로의 선정에 관한 문제이다. 최단경로는 기점과 종점을 연결하는 여러 가지 경로들 중에서 통행자의 목적을 최적화하는 경로이다. 전통적으로 최단경로문제는 선택의 기준으로 시간, 거리 또는 비용과 같은 하나의 목적을 고려하여 그 목적에 적합한 경로를 탐색한다. 최단경로의 탐색해법으로써 매우 다양한 탐색알고리즘이 개발되어져 왔으며, 대표적인 예로는 Dijkstra 알고리즘¹⁾과 심플렉스 알고리즘²⁾이 있다.

그러나 실제로는 통행자가 단일 목적만을 기준으로 경로를 선택하는 경우는 드물며, 경로선택은 통행시간과 비용 등 상충적인 관계를 지닌 다양한 목적들을 종합적으로 고려해서 결정되어진다. 이러한 경우에 통행자는 서로 상충되는 목적들을 복합적으로 고려하여 경로를 선택해야 한다.

다중 목적을 수반하는 최단경로문제에서는 주어진 목적 모두를 최적화하는 경로는 존재치 않으며, 여러 가지 목적들의 절충(Trade-Off)을 고려한 파레토 최적경로(Pareto Optimal Path)가 탐색되어진다. 파레토 최적경로는 다른 경로들에 의해 지배되지 않는 경로(Non Dominated Path)를 의미한다. 파레토 최적경로는 다수 존재하며, 탐색되어진 이들 파레토 최적경로가 대체경로로서 통행자의 다양한 정보로 제공되어질 수 있다. 기존의 다목적 최단경로 탐색 알고리즘은 일부의 파레토 최적경로만을 탐색하며 따라서 다양한 정보를 제공하지 못한다. 따라서 가능한 많은 파레토 최적경로를 탐색할 수 있는 새로운 기법이 요구되어진다.

본 연구에서는 두개의 목적을 수반하는 최단경로 문제를 연구 대상으로 하며, 통행자에게 다양한 정보를 제공하기 위해 존재하는 파레토 최적경로를 가능한 한 모두 효과적으로 탐색할 수 있는 기법을 개발하고자 한다. 두 개의 목적을 수반하는 최단경로문제는 조합최적화문제로서 다수의 파레토 최적경로를 찾는 것은 쉽지 않다. 최근에 조합최적화문제의 효율적인 탐색기법으로 많이 사용되고 있는 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm)³⁾이 있다. 이 방법은 문제에 대한 후보해가 유전자형으로의 표현(Encoding)이 가

능하면 수학적 지식 없이 최적해를 쉽게 찾을 수 있는 방법이다. 또한 유전자 알고리즘은 문제에 따라 유연성이 커서 대상 문제에 적당한 알고리즘을 구성함으로써 다양한 문제에 적용할 수 있다. 유전자 알고리즘의 이러한 장점으로 본 모형에서는 파레토 최적경로 탐색에 유전자 알고리즘을 적용한다. 본 연구에서 사용하는 목적은 상충관계에 있는 시간과 비용을 사용하였다.

II. 기존의 최단경로탐색

1. 단일목적의 최단경로

기존의 최단경로 알고리즘에는 하나의 기점과 하나의 종점을 찾는 알고리즘과 다기점에서 다종점을 찾는 알고리즘 등이 있다. 전자는 Dijkstra's, Moore, D'Esopo 알고리즘 등이 존재하고 후자는 Floyd 알고리즘이 있다.

일반적으로 사용하는 비용함수는 단일목적으로 통행시간 또는 비용 등을 사용하거나 통행시간과 비용 등 2개 이상의 목적을 단일 단위로 통일하는 일반화 비용을 사용하고 있다.

일반화비용을 사용할 경우에는 단위를 통일하기 위한 통행시간가치를 추정해야 한다. 통행시간가치의 정확한 수치를 파악하기가 힘들고 많은 논란의 여지가 존재한다. 또한 이러한 방법은 두 개의 목적을 적용하는 본래의 취지에 어긋나는 것이다. 그러므로 기존의 최단경로 알고리즘은 이중목적의 최단경로에 한계를 가진다.

또한 최근에는 유전 알고리즘을 이용한 단일목적의 최단경로 알고리즘이 개발되고 있다. 서기성, 최규석⁴⁾의 "유전 알고리즘을 이용한 효율적인 대체경로탐색"은 최단경로의 대체경로를 탐색하기 위한 유전알고리즘 적용방안을 제안한 것이다. 이는 유전 알고리즘을 사용하여 대체경로를 구하는 것이다. 그러나 이 방법에 의한 대체경로는 운전자의 선호차이(통행시간, 비용, 경관 등)에 의해서 대체경로가 선택되지 않는다. 즉, 대체경로가 운전자의 선호차이에 의해서 생기는 것이라고 주장하고서 대체경로의 선택은 이를 따르지 않는 단점이 있다. 단지 대체경로가 최단경로와의 경로적 차이를 나타내는 것으로 하고 있다.

2. 이중목적 최단경로

이중목적에 의한 최적경로를 탐색하는 기존의 방법으로 CLIMACO와 MARTINS⁵⁾의 "A Bicriterion Shortest path algorithm"이 있다. 이 논문의 주요 내용을 간략히 소개하면 K-최단경로 알고리즘을 이용하여 목적에 따라 분리해서 K개의 경로를 찾은 후에 따로 구한 경로들 중에서 파레토(Pareto) 최적을 판단하는 것이다.

K-최단경로 알고리즘이 단일목적에 k 개의 순차적인 최단경로를 찾는 것으로 최단경로이외의 제2의 경로 또는 제3의 경로를 구하는 것을 목적으로 한다. 이러한 경로들로 파레토 최적해를 구하기 때문에 최단경로와 비슷한 경로의 해 즉, extreme point 근처의 해만을 찾는 단점이 있다. 이 알고리즘의 또 다른 단점은 K-최단경로의 이중목적으로 두 번 실행하고 파레토 최적경로의 판단을 따로 분리해서 실행하여 알고리즘의 일괄적인 적용이 어렵다.

이러한 단점들을 해결하는 모형을 개발하는 것이 본 연구의 목적이다.

III. 문제의 정식화

상충관계에 있는 두 목적함수는 다음과 같다.

- z_1 : 기종점을 잇는 경로의 총 통행시간의 최소화
- z_2 : 기종점을 잇는 경로의 총 통행비용의 최소화

노드 i와 j를 연결하는 링크의 통행시간을 t_{ij} , 비용을 c_{ij} 로 주어진 네트워크의 기종점을 연결하는 모든 가능한 경로의 집합을 P라고 하고 P안에 있는 임의의 경로를 p 라 하면, 두 개의 목적을 수반하는 최단 경로문제는 다음과 같이 이목적 최적화문제(Two Objective Optimization Problem)로 정식화된다.

$$\min z_1(p) = \sum_{(i,j) \in p} t_{ij} \quad (1)$$

$$\min z_2(p) = \sum_{(i,j) \in p} c_{ij} \quad (2)$$

위 문제의 이상적인 해(Ideal Objective Value)는

각 목적함수를 독립적으로 고려해서 해를 구함으로써 얻어지며, 목적함수 영역(Objective Function Space)에서 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$I = (z_1^*(p), z_2^*(p)) \quad (3)$$

$$\text{s.t. } z_k^*(p) = \min_{p \in P} z_k(p), \quad k=1,2 \quad (4)$$

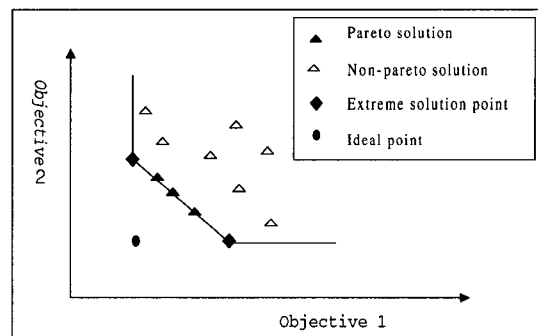
목적함수 $z_1(p)$, $z_2(p)$ 는 서로 상충되어지기 때문에 두 목적함수를 모두 최적화하는 이상적인 해 I에 대응되는 최단경로는 존재하지 않는다. 이러한 경우에 최단경로(최적해)의 개념은 파레토 최적경로(파레토 최적해)의 개념으로 바뀌어져야 한다.

파레토 최적경로의 정의는 모든 경로들의 집합 P에 대해 어떤 특정 경로 p_0 ($p_0 \in P$)의 이중목적에서의 파레토 최적경로 정의는 다음과 같다.

$$\begin{aligned} & z_1(p_k) < z_1(p_0) \text{ and } z_2(p_k) \leq z_2(p_0) \\ & \text{if } p_k (p_k \in P) \text{ do not exist, or} \\ & z_2(p_k) < z_2(p_0) \text{ and } z_1(p_k) \leq z_1(p_0) \\ & \text{if } p_k (p_k \in P) \text{ do not exist} \\ & \text{then } p_0 \text{ is pareto path} \end{aligned}$$

파레토 최적경로는 유일하게 존재하는 것이 아니며, 다수 존재한다. 따라서 두 목적간의 절충을 고려한 다수의 파레토 최적경로가 탐색되어야 한다.

<그림 1>은 목적함수 영역에서의 이상적인 해와 파레토 최적경로에 대응되는 해, $Z = (z_1(p_0), z_2(p_0))$ 를 나타내고 있다. 다수의 파레토 최적경로가 존재하



<그림 1> Pareto 최적해

므로 이에 대응해서 다수의 목적값이 목적함수 영역에 분포되어지며 이들은 파레토 최적 등고선(Pareto Optimal Frontier)을 구성한다.

다목적 최적문제는 조합최적화문제로 쉽게 해를 구하지 못한다. 최근에 다목적 최적화문제의 파레토 최적해를 탐색하기 위해 유전자 알고리즘을 적용하고자 하는 연구들이 제안되고 있다. Nafpliotis⁶⁾는 유전 알고리즘을 사용하여 목표계획법(Goal Programming)에 niched 파레토 개념을 사용하였고 Osyczka, A⁷⁾는 목표계획법에 유전 알고리즘의 적용할 때, 파레토 해의 갱신을 전 세대의 해와 거리를 비교하는 방법을 사용하였다. Murata, T⁸⁾는 목적함수들의 가중치를 사용하여 파레토 최적해를 구하였다. 이들 방법의 기본적인 개념은 주어진 초기 가능해들의 집합(Initial Set)을 자연세계의 진화과정을 모방하여 비파레토 최적해를 파레토 최적해들로 갱신하고자 하는 것이다(그림 1). 이들 방법은 다목적 최적경로에 사용하기에는 경로상의 제약을 표현하지 못하므로 부적절하다.

그러나 이러한 예에서 유전 알고리즘을 다목적 최단경로문제에 적용함으로써 다수의 파레토 최적경로의 효율적인 탐색이 가능한 것으로 판단된다. 다목적 최단경로문제에 적합한 유전 알고리즘의 구성에 많은 어려움이 존재하기 때문에 연구사례가 거의 없다. 본 연구에서는 다목적 최단경로문제에 적합한 새로운 유전 알고리즘을 개발하여 파레토 최적해를 효과적으로 탐색하는 것이다.

IV. 유전 알고리즘

유전 알고리즘⁹⁾은 자연계에 있는 생물의 진화과정을 공학적인 접근방법으로 모형화하여 복잡한 실세계의 문제를 해결하고자 하는 방법이다. 이 방법은 적응적 탐색과 학습 및 최적화를 통한 공학적인 문제의 해결에 많이 이용되고 있다.

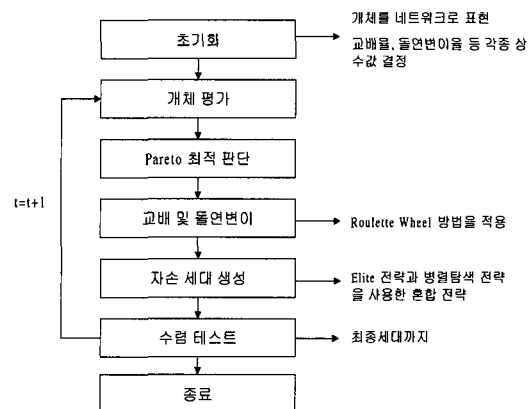
유전자 알고리즘은 확률적 계산모형으로서 전역적(Global)인 최적해를 병렬적으로 탐색하는 기법이다. 유전자 알고리즘에서는 대상이 되는 문제의 후보해를 문자나 기호들의 배열인 염색체(Chromosome)로 표현한다. 이 절차를 코드화(Encoding)라고 하고 염색체를 구성하는 문자나 기호들을 유전자라고 한다. 염색체를 문제의 대응되는 후보해로 변형하는 역의 과정을 디코드화(Decoding)라고 한다. 염색체를 개체

(Individual)라고 하며, 일정한 개체수(Population Size)로 구성되는 모집단(Population)을 생성하여 세대(Generation)를 구성한다. 이들을 점차적으로 갱신함으로써 전역적인 최적해를 탐색하는 것이다. 모집단의 생성과정을 초기화라하며 모집단의 갱신은 유전연산자(Genetic Operators)에 해당되는 선택(Selection), 교배(Crossover), 돌연변이(Mutation)의 세 가지 과정을 통하여 이루어진다. 해의 탐색과정에서 모집단을 이용한 병렬처리를 수행하기 때문에 다양한 해를 찾을 수 있으므로 다목적 최적화문제의 다양한 파레토 최적해를 탐색하기에 적절한 기법이다.

유전자 알고리즘의 일반적인 절차는 초기화 후에, 적응도 평가를 통하여 선택, 교배, 돌연변이 등을 반복하여 최적해를 도출하는 것이다. 초기화된 모집단의 각 개체에 대해 적응도(Fitness) 평가는 각 개체의 우수성을 판정하기 위한 것이다. 선택이란 현재의 모집단을 갱신시키기 위한 준비단계로서, 지정된 전략에 따라 우수한 개체를 다음세대로 복제(Reproduction) 시키거나 교배를 위한 개체의 쌍을 만들기 위해 현재의 모집단을 재편성하는 과정이다. 교배는 해의 공간 내에서 더 좋은 값을 탐색하기 위한 것이고 돌연변이는 미지의 해의 공간을 탐색하는 것으로 이는 국부적(Local)인 최적해로 수렴하는 것을 방지하는 역할을 한다.

V. 모형 구성

본 연구에서는 전체적인 절차는 다음과 같다.



〈그림 2〉 수행절차

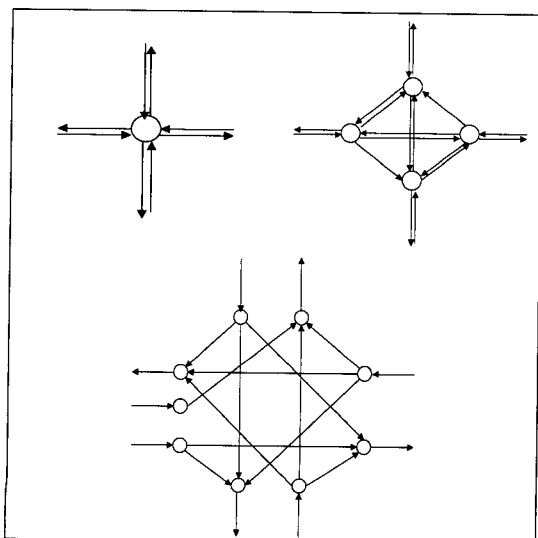
1. 개체의 표현

네트워크는 일반적으로 <그림 3>와 같이 표현된다. 단일 노드로 표시하는 것은 회전의 표현이 미약한 단점이 있다. 그러나 본 연구에서는 회전에 대한 고려보다 이중목적의 최단경로를 탐색하는 것을 주요목적이고 유전알고리즘의 표현이 단일노드의 경우에 쉽게 적용이 가능하여 교차로를 단일노드로 표현한다.

유전 알고리즘을 적용하는 경우 가장 중요한 단계는 대상이 되는 문제의 후보해를 염색체로 어떻게 표현(Encoding)하는가 하는 것이다. 본 연구의 문제는 기종점을 잇는 경로를 탐색하는 것이므로 각 염색체들은 유전자를 이용해 기종점간의 임의의 경로를 나타낼 수 있어야 한다. 그러나 염색체를 직접 경로 나타내는 것에는 많은 제약조건들이 존재한다. 따라서 본 연구에서는 네트워크 자체를 염색체로 표현하는 방법을 선택하였다.

네트워크의 유전자표현은 링크의 수에 따라 쉽게 네트워크를 표현할 수 있다. 본 연구에서의 유전 알고리즘의 네트워크 표현방법은 김현명, 임용택의 "유전 알고리즘을 이용한 전역탐색 최단경로 알고리즘 개발"¹⁰⁾에서 사용한 방법을 이용하였다. 이 방법은 네트워크를 구성하는 링크가 n 개일 경우 n 개의 유전자를 갖는 염색체로 표현된다.

$$C = \{c[1]c[2] \dots c[n-1]c[n]\} \tag{5}$$



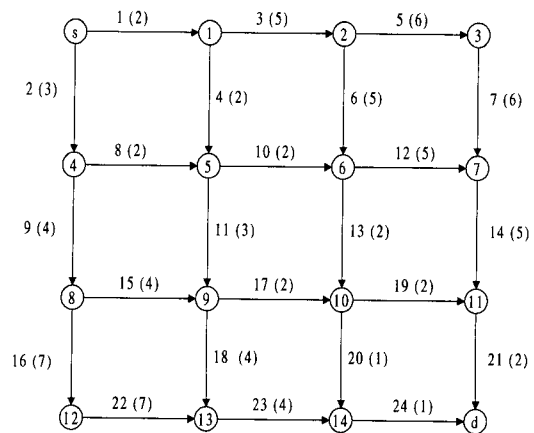
<그림 3> 네트워크 표현

여기서, 염색체의 각 유전자 $c[i](i=0,1,2, \dots, n)$ 의 값은 0과 1사이에서 임의로 초기화한다. 이 값은 링크의 속성값을 부여하는 기준으로 사용한다. 만일 $c[i]$ 가 미리 지정된 값(0.5)보다 크거나 같으면 해당 링크의 통행시간과 비용이 부여되는 실링크(Real Link)로 정의하고 실제 속성값(통행시간과 통행비용)을 나타낸다. 반면에 $c[i]$ 가 0.5보다 작으면 가상링크(Dummy Link)로 정의하고 매우 큰 값의 통행시간 및 비용이 부여한다. 각 개체의 염색체는 실링크와 가상링크로 구성되는 네트워크에 대응되며, 이러한 네트워크들은 원래의 네트워크와는 전혀 다른 속성값(통행시간과 비용)을 갖는 새로운 구조이다. 따라서 각각의 염색체가 서로 다른 속성을 갖는 네트워크를 창출하게 되며 이러한 네트워크로부터 생성되는 최단경로는 서로 다른 경로가 된다. 즉 각 개체의 염색체는 네트워크의 기점과 종점을 잇는 임의의 다른 경로들을 표현하게 된다.

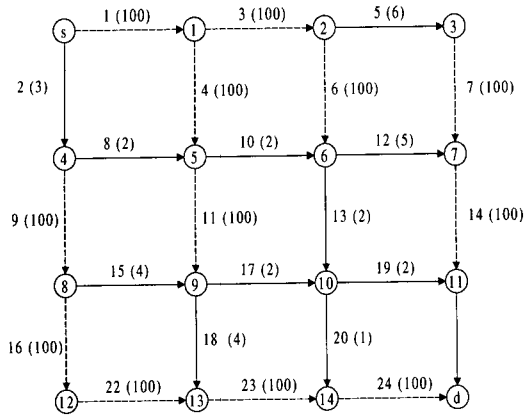
2. 개체의 평가

각 개체의 해로써의 우수성을 평가하기 위해 각 개체의 염색체는 기종점을 잇는 어떤 경로로 변환(decoding)해야 한다. 그 과정을 쉽게 설명하기 위해 단일 목적일 경우를 대상으로 설명한다.

<그림 4>는 24개의 링크와 16개의 노드로 구성된 네트워크로 링크상에 존재하는 숫자는 대응되는 링크 번호이며 괄호안의 숫자는 링크를 통과하는데 소요되는 시간을 나타낸다. 노드 ⑤와 ④는 각각 기점과 종점을



<그림 4> 원 네트워크



〈그림 5〉 재구성된 네트워크

나타낸다. 대상문제의 최단경로는 Dijkstra 알고리즘을 이용해서 쉽게 탐색할 수 있으며, 최단경로는 링크 1-4-10-13-20-24이다.

〈그림 5〉은 염색체 $C=(0.003, 0.735, \dots, 0.113, 0.349)$ 에 의해 재구성된 네트워크를 보여준다. 점선으로 표시되어진 링크들은 링크 이용값이 0.5보다 작은 염색체 C 의 유전자에 대응되며 매우 큰 값의 통행시간이 부여된다. 반면에 실선으로 표시된 링크들은 링크 이용값이 0.5이상인 염색체 C 의 유전자에 대응되며 해당 링크의 원 통행시간이 부여된다. 염색체 C 에 의해 재구성된 네트워크로부터 Dijkstra 알고리즘을 이용해서 기중점을 있는 어떤 경로를 도출할 수 있다. 실선으로만 구성된 경로가 적은 값을 갖는다. 유전알고리즘의 진화과정을 통해 결국은 실선의 링크만으로 구성된 경로를 갖고 있는 염색체들이 탐색되고 이러한 염색체들 중에서 대상 네트워크의 최단경로가 도출되어진다

이중목적 최적경로문제인 경우는 염색체에 의해 재구성된 네트워크의 각 링크와 관련된 통행시간 및 비용의 합을 각 링크의 속성 값으로 설정함으로써 단일목적 최적경로문제의 경우와 동일한 방법에 의해 염색체로부터 임의의 경로를 생성할 수 있다. 즉, Dijkstra 알고리즘은 개체가 나타내는 임의의 경로를 표현하는 것이다.

이러한 방법으로 개체들마다 다른 경로가 표현된다. 경로들은 파레토최적경로의 정의를 통하여 파레토 최적경로들을 구한다.

3. 선택

현 모집단의 우수한 개체(현 세대에서 파레토 경로를

나타내는 개체)는 지정된 선택전략에 따라 그대로 복제되어지거나 교배와 돌연변이를 통해서 다음세대의 새로운 모집단을 구성한다. 일반적인 유전자 알고리즘은 단일 목적을 대상으로 하며 이때 사용되는 대표적인 선택전략으로서 엘리트 보존전략과 Roulette Wheel 전략 등이 있다. 이들 선택전략은 특정 목적함수만을 고려하여 개체의 적응도를 평가한다. 따라서 이중목적 최단경로 문제와 같이 다수의 목적을 동반하는 경우에는 이들 모두의 목적을 반영하는 새로운 선택전략이 적용되어야 한다.

다목적 최적화문제에 유전자 알고리즘을 적용하기 위한 최초의 연구는 병렬탐색 전략을 개발한 Schaffer¹¹⁾에 의해 수행되어졌다. 이 선택전략에 기초로 한 유전자 알고리즘이 다양한 다목적 최적화문제에 응용되어지고 있으나 소수의 파레토 최적해만을 탐색하는 문제점을 갖고 있다.

본 연구에서는 단일 목적의 최적화를 다루는 일반적인 유전자 알고리즘의 엘리트 보존전략과 다목적 최적화를 대상으로 하는 Schaffer의 병렬탐색 전략을 결합한 혼합전략을 사용하여 다양한 파레토 최적경로를 탐색하고자 한다.

1) 엘리트 보존전략

엘리트 보존전략은 앞 세대에서 높은 적응도를 갖는 개체를 다음 세대에 그대로 복제하는 것이다. 이는 적응도가 높은 개체가 교배와 돌연변이를 통하여 소멸되는 것을 막기 위한 것으로서 단일 목적을 갖는 최적화문제를 대상으로 하는 유전 알고리즘의 전형적인 선택전략중의 하나이다. 본 연구의 이중목적 최단경로문제에서는 현 세대에서 파레토 최적경로들을 교배와 돌연변이의 수행 없이 다음세대로 복제하는 개념으로 확장하여 사용한다.

2) Schaffer의 병렬탐색전략

이 전략은 다목적 최적화문제에 유전자알고리즘을 적용하기 위해 고안되어진 것으로서 모집단을 각 목적함수에 대해 균등하게 분배하고, 각각의 목적함수에 대해 독립적으로 선택을 행한다. 이때 선택전략으로서 단일목적 최적화문제에 적용되는 유전자 알고리즘의 전형적인 선택전략들이 사용되어질 수 있으나 본 연구에서는 Roulette Wheel 전략을 사용한다. 즉, 병렬탐색전략은 다목적 최적화문제를 여러 개의 단일목적 최적화문제로 분할해서 선택하는 것이다.

병렬탐색전략을 통해서 파레토 최적해의 일부가 얻어 지나 각 목적함수의 최적화를 도모하기 때문에 목적 함수 영역에서 양 극점에 치우치는 파레토 최적해들이 나타난다. 따라서 모집단의 다양성을 상실하게 되므로 다양한 파레토 최적해의 탐색이 불가능하다.

3) 혼합전략

두 전략을 결합한 혼합전략은 다음과 같은 단계로 수행된다.

Step 1 : 파레토 최적의 정의에 따라 현 모집단으로부터 파레토 최적경로의 후보개체들을 추출한다.

Step 2 : 추출된 파레토 최적경로의 후보개체들의 수가 모집단의 수와 같다면 현 후보개체들에 대해 Schaffer의 병렬탐색 전략을 수행한다. 그렇지 않으면, Step 3을 수행한다.

Step 3 : 추출된 파레토 최적경로의 후보개체 전부를 다음 세대로 복제하고, 나머지 수만큼의 개체를 현 모집단에 대해 Schaffer의 병렬탐색 전략을 수행함으로써 추출한다.

4. 교배 및 돌연변이

교배는 재편성된 모집단으로부터 일정한 교배확률에 따라 교배를 위한 개체의 쌍을 만들어 각 개체의 유전자의 교환을 통해 모체보다 우수한 개체를 생성시키기 위한 단계이다. 본 연구에서 염색체 구조의 특이성으로부터 본 연구에서는 1점 가중합 교배(one-point weighted sum crossover)라는 새로운 교배 연산법을 제안한다. 이 새로운 교배 연산법은 먼저, 교배를 위해 선택된 한 쌍의 개체에 대해 1점 교배를 적용해서 교배위치를 정하고 두 염색체의 유전자의 가중합을 교환함으로써 새로운 개체의 염색체를 생성하는 것이다.

$$A = a[1]a[2] \cdots a[n-1]a[n] \tag{6}$$

$$B = b[1]b[2] \cdots b[n-1]b[n] \tag{7}$$

이 방법은 교배확률(p_c)에 따라서 교배를 위해 선택된 한 쌍의 개체의 염색체 A , B 가 식(6)과 식(7)

인 경우 교배를 통해 생성되는 새로운 두 개체의 염색체는 주어진 네트워크의 링크 수 n 이 짝수라면 다음과 같다.

$$A' = a'[i] = \alpha \times a[i] + (1 - \alpha) \times b[i+k], \text{ if } i \leq k, \\ = a[i], \text{ if } i > k \tag{8}$$

$$B' = b'[i] = \alpha \times b[i+k] + (1 - \alpha) \times a[i], \text{ if } i \leq k \\ = b[i] \text{ if } i > k \tag{9}$$

n 이 홀수인 경우에는 다음과 같은 두 개체의 염색체가 생성된다.

$$A' = a'[i] = \alpha \times a[i] + (1 - \alpha) \times b[k], \text{ if } i < k, \\ = a'[i] \text{ if } i > k \tag{10}$$

$$B' = b'[i] = \alpha \times b[i+k] + (1 - \alpha) \times a[i], \text{ if } i < k, \\ = b[i], \text{ if } i > k \tag{11}$$

여기서, k 는 $n/2$ 의 정수 값으로써 교배 위치를 나타내며 α 는 0과 1사이의 임의의 값이다.

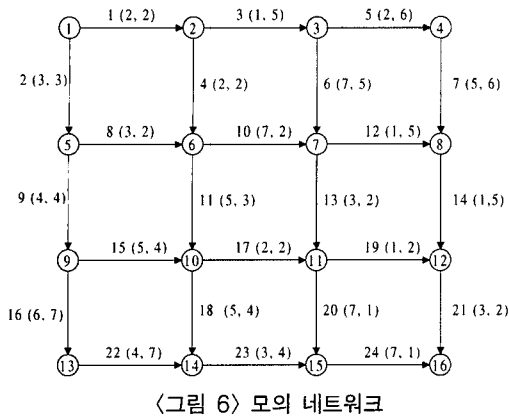
돌연변이 확률이 높을수록 광범위한 영역을 탐색할 수 있어 국지해(local solution)에 수렴할 가능성을 낮출 수 있지만 수렴속도는 늦어지게 된다. 본 연구에서는 모집단의 다양성을 확보하기 위해 돌연변이 확률(p_m)에 의해서 돌연변이가 실시되는 개체의 염색체의 모든 유전자를 0과 1사이의 값을 이용하여 새로운 개체를 생성한다.

Ⅵ. 유전자 알고리즘 적용

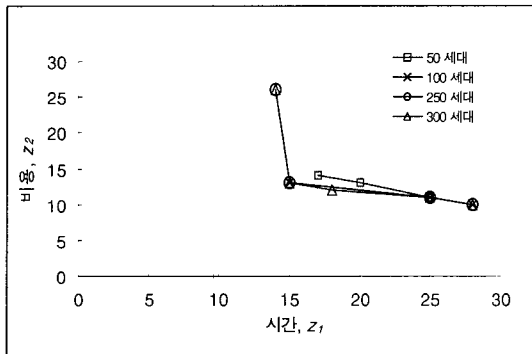
1. 모의 네트워크

다음과 같은 구성을 가진 모의 네트워크를 이용하여 모형을 검증하였다. 두 가지 목적은 서로 상충관계를 가지고 있는 통행시간과 통행비용을 사용하였다.

모의 네트워크는 소규모모형으로 직접 열거에 의해 계산이 가능하여 본 모형의 적용결과를 평가할 수 있다. 직접 열거에 의한 계산한 결과는 20개의 가능한 경로가 존재하고 파레토 최적경로는 5개가 존재하는 것으로 나타났다.



〈그림 6〉 모의 네트워크

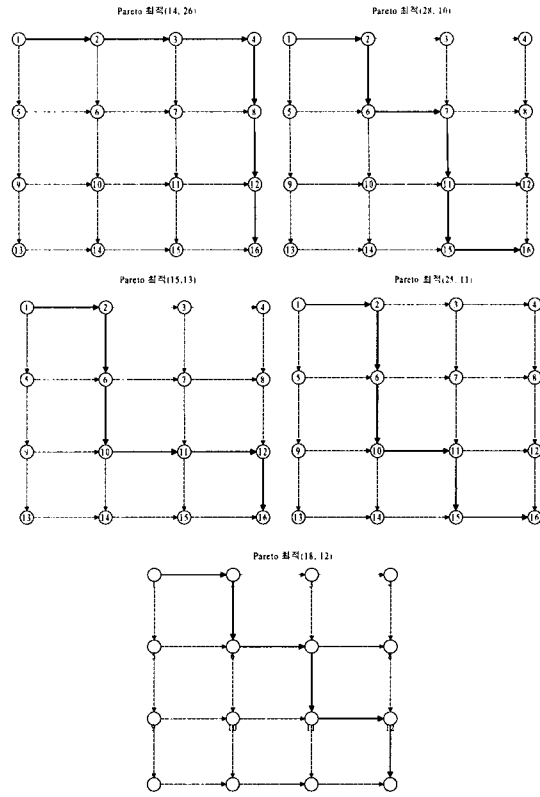


〈그림 7〉 세대별 Pareto 최적해

본 모형은 최종세대를 300 세대로 하고 집단 크기는 20개로 하였다. 교배확률(p_c)은 0.6, 돌연변이확률(p_m)은 0.05로 실행하였다. 이때 가중치(α)는 0.5로 하였다. 실행한 세대별 결과는 〈그림 7〉과 같다.

〈그림 7〉은 세대별 파레토 최적해를 나타낸 것이다. 세대를 거듭하면서 파레토 최적등고선으로 점점 접근하면서 최종결과는 파레토 최적등고선과 일치하였다. 이는 본 유전자 알고리즘이 이목적 최단경로문제의 파레토 최적경로를 효율적으로 탐색하는것을 나타낸다. 파레토 최적경로들을 네트워크에 나타내면 〈그림 8〉과 같다. 단일기준의 경로는 앞의 두 개 이다. 〈그림 8〉에서 파레토 최적경로들은 적절한 대체경로로 사용할 수 있을 것이다.

〈그림 8〉 모형에서 사용한 일점 가중합 교배에서 가중치 α 값에 따라 본 모형의 수렴 정도를 파악하였다. 다른 조건은 동일하게 하고 가중치인 α 값만 변화시켜서 실행한 결과이다.



〈그림 8〉 파레토 최적경로

〈표 1〉 α 값에 따른 파레토 최적해(20개체)

분 류	α (0.1)		α (0.2)		α (0.3)		α (0.4이상)	
	시간	비용	시간	비용	시간	비용	시간	비용
Pareto 최적 경로	15	13	17	14	17	14	25	11
	18	12	25	11	25	11	15	13
			28	10	28	10	28	10
			16	18	16	18	14	26
			15	24	15	24	18	12
			18	12	18	12		

실행한 결과는 α 값이 적을 경우에는 조기에 수렴하여 다른 파레토 최적경로를 찾지 못하였다. 그러므로 α 값은 0.4 이상이 본 모형에 효율적인 것으로 나타났다.

네트워크가 커질 경우에는 가능한 경로가 많아지므로 유전자 알고리즘을 적용하는 경우 집단크기를 증가시켜야 한다. 집단크기가 클 경우에 α 값에 따른 모형의 결과를 평가하였다. 네트워크가 커지면 직접 열거에 의한 계산으로 검증하기가 쉽지 않으므로 예제는 똑같이 하고 집단크기만을 50개로 증가하여 실행하였다. 다음 표는 실행한 결과이다.

〈표 2〉 α 값에 따른 수렴 세대수(50개체)

α 값의 변화	수렴 세대수
0.1	84 세대
0.2	6 세대
0.3	3 세대
0.4	84 세대
0.5	84 세대
0.6	84 세대
0.7	6 세대
0.8	6 세대
0.9	84 세대

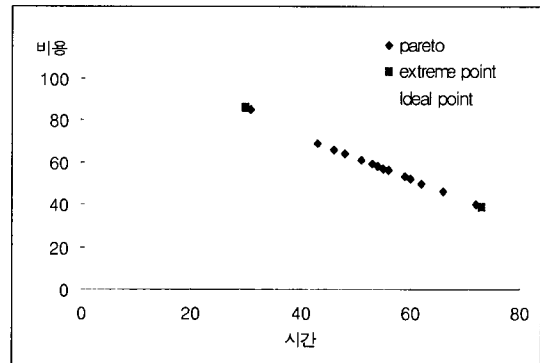
집단크기를 50개로 증가하였을 경우에는 α 값에 관계없이 파레토 최적해를 모두 찾았지만 수렴하는 세대는 차이가 났다. α 값에 따라 10 세대 미만에서 수렴한 것은 초기에 수렴한 것이다. 이는 빨리 해를 찾아서 좋은 결과를 나타내지만 초기에 수렴하여 폭 넓게 탐색할 수 있는 해의 공간을 방해해서 큰 네트워크에서 초기에 수렴하여 좋은 파레토 최적해를 찾지 못할 가능성이 있다. 그러므로 α 값이 0.4에서 0.6 사이가 가장 적당한 것으로 판단된다.

2. 중규모형 네트워크 적용

모의 네트워크의 소규모보다 더 큰 네트워크에서 적용성을 평가하기 위해 64개의 노드와 112개의 링크로 구성된 격자형 네트워크(8×8)에 적용하였다. 격자형은 다양한 경로가 존재하므로 본 모형의 이목적 최단경로 탐색에 좋은 예제로 판단되어 사용하였다. 목적함수는 두 개의 속성인 통행시간과 통행비용을 사용하여 구성하였다. 통행시간은 난수를 발생하였고 비용은 어느 정도 상충관계를 가지도록 값을 발생하였다. 이는 많은 파레토 최적해를 갖도록 한 것이다.

본 모형의 적용방법은 소규모의 네트워크 적용방법과 동일하게 적용하였다. 최종세대를 300, 집단크기는 60개, 교배율(p_c) 0.6, 돌연변이율(p_m) 0.05로 하였고 α 값은 모의 네트워크에서 적절하다고 판단한 0.5로 사용하여 실행하였다.

중규모형 네트워크에 대한 실행한 결과는 양쪽 극점에서는 적게 분포하고 가운데 중심으로 많이 형성되는 것으로 나타났다. 도출된 파레토 최적경로가 본 예제 네트워크의 모든 파레토 최적경로를 나타낸다고



〈그림 9〉 파레토 최적경로의 분포

는 할 수 없지만 파레토 최적등고선에 넓게 분포하므로 본 알고리즘은 좋은 결과를 나타낸다.

3. 수행시간

이중목적 최단경로의 기존 모형은 k-최적경로를 이용한 것이다. 그러나 이 알고리즘은 각각 기준에 따라 분리해서 최단경로를 찾은 후에 그 결과를 이용하여 해를 구하는 것으로 알고리즘이 분리해서 실행되어 정확한 수행시간을 측정하는 것에 무리가 존재한다. 따라서 본 모형의 수행시간만을 측정하였다. 네트워크의 크기가 클수록 개체의 수가 많을수록 수행시간이 많이 걸리는 것을 알 수 있다. 네트워크의 규모가 더 커질수록 수행시간이 급수적으로 커지고 개체 크기가 더 커져야 좋은 결과를 얻을 수 있다. 그러므로 대규모 네트워크에 적용하기 위해서는 더 많은 수행시간이 필요하다.

〈표 3〉 개체 수에 따른 수행시간

	소규모 네트워크 (16 노드 24 링크)	중규모 네트워크 (64 노드 112 링크)
20개체	3.1 초	24.3 초
40개체	6.0 초	35.6 초
60개체	8.6 초	52.3 초

Ⅶ. 결론 및 제언

본 연구에서는 두 개의 목적함수(통행시간과 통행비용)를 수반하는 최단경로의 모든 파레토 최적 경로를 탐색하기 위하여 유전자 알고리즘을 적용하였다.

본 연구에서 구축한 유전자 알고리즘을 테스트하기 위해 두 종류의 네트워크에 적용하였다. 첫째는 소규모 형태의 모의 네트워크로 16개 노드와 24개의 링크로 구성되었으며 직접 계산에 의한 파레토 최적경로의 탐색이 가능한 것이다. 둘째는 중규모의 격자형 네트워크로 다양한 경로를 나타낼 수 있다. 64개 노드와 112개의 링크로 구성된 네트워크가 사용되었다.

모의 네트워크에 본 알고리즘을 실행한 결과 모든 파레토 최적경로들을 찾았다. 이는 열거법에 의한 결과와 동일한 값을 나타내었다. 이는 제안된 유전자 알고리즘으로 소규모의 네트워크의 모든 파레토 최적경로의 탐색이 가능하다는 것을 보여준다.

중규모의 격자형 네트워크에는 파레토 최적 등고선에 넓게 분포한 파레토 최적경로들이 탐색되었다. 이는 본 알고리즘이 중규모 네트워크에서도 두 개의 목적을 가진 파레토 최단경로 탐색이 가능하다는 것을 나타낸다.

본 알고리즘은 두 개의 목적을 수반하는 네트워크의 다양한 파레토 최적경로를 탐색할 수 있으므로 통행자에게 다양한 정보 및 폭넓은 선택권을 제공할 수 있다. 또한 수단간의 통행시간과 비용에 따른 선택에 적용이 가능할 것으로 판단된다.

추후 연구 과제로 첫째, 본 모형을 대규모 네트워크에 적용이 가능하도록 수행시간의 속도 향상이 필요하다. 둘째, 다목적 최단경로문제에 대해서도 적용성을 일반화된 유전자 알고리즘의 개발 연구가 필요하다. 셋째, 통행배분(Assignment)에 적용하기 위한 연구가 필요하다.

참고문헌

1. Dijkstra, E.W., "A note on two problems in connection with graphs", *Numeri Mathematik* 1 (1995) pp. 269~271.
2. Goldfarb, D.E., Hao, J., and Kai, S.-R., "Efficient shortest path simplex algorithms", *Operations Research* 38 (1990) pp.624~628.
3. Michalewicz, Z., *Genetic Algorithm + Data Structure=Evolution Programs*, 2nd ed., Springer-Verlag, New York, 1994.
4. 서기성, 최규석, "유전알고리즘을 이용한 효율적인 대체경로탐색", 한국시물레이션학회 '98 춘계 학술대회 논문집 pp.65~69.
5. Climaco, J.C.N., and Martins, E.Q.V., 1982, "A bicriterion shortest path algorithm", *European Journal of Operational Research* 11.
6. Horn, J., Nafpliotis, N., and Goldberg, D.E., "A niched Pareto genetic algorithm for multi-objective optimization", *Proceedings of the First IEEE Conference on Evolutionary, IEEE*, 1994, pp.82~87.
7. Osyczka, A., and Kundu, S., "A modified distance method for multicriteria optimization, using genetic algorithms", *Computers & Industrial Engineering* 30 (1996) pp. 871~882.
8. Murata, T., Ishibuchi, H., and Tanaka, H., "Multi-objective algorithm and its applications to flowshop scheduling", *Computers and industrial engineering* 30 (1996) pp. 957~968.
9. Gen, M., and Cheng, R., *Genetic Algorithms and Engineering Design*, Wiley, New York, 1997.
10. 김현명, 임용택 "유전 알고리즘을 이용한 전역탐색 최단경로 알고리즘 개발", 대한교통학회 제17권 제2호, 1999.
11. Schaffer, J.D., "Multiple Objective Optimization with Vector Evaluated Genetic Algorithms", *Proceedings of the First International Conference on Genetic Algorithms*, 1985, pp.93~100.