

복잡도가 높고 대규모 실제 교통네트워크에서 다수 최적경로들을 탐색할 수 있는 진화 프로그램의 개발

Development of Evolution Program to Find the Multiple Shortest Paths in High Complex and Large Size Real Traffic Network

김 성 수* 정 종 두** 민 승 기***
Kim, Sung-Soo Jeong, Jong-Du Min, Seung-Ki

Abstract

It is difficult to find the shortest paths using existing algorithms (Dijkstra, Floyd-Warshall algorithm, and etc) in high complex and large size real traffic networks. The objective of this paper is to develop an evolution program to find the multiple shortest paths within reasonable time in these networks including turn-restrictions, U-turns, and etc.

키워드 : 교통네트워크, 유전자 알고리즘, 회전금지, U-턴, P-턴,

Keywords : traffic network, evolution program(EP), turn-restriction, U-Turn, P-Turn

1. 연구의 배경 및 목적

기존 최단경로탐색 알고리즘들은 회전 제약이 없는 단순 네트워크에서의 최단경로 탐색에 유용하고 순환서브경로는 원칙적으로 배제한다. 그러나, 현실적인 도로 교통네트워크는 회전제약 및 교통량 변수에 의해 최적 경로는 회전금지 구역에서 U턴 또는 P턴과 같은 순환서브경로를 필연적으로 포함하게 되는 경우가 종종 발생된다[9]. 또한, 하나의 최적값을 찾는 이와같은 최단경로탐색 알고리즘들을 이용하여 각종제약과 동적교통상황을 고려하여 다수 최적 경로들을 실시간에 도출해내는

것은 계산시간과 기억용량의 한계 때문에 실제적으로 어렵다. 그러므로 각종 제약 사항뿐만 아니라 동적교통상황을 고려하여 큰 공간의 대규모 네트워크의 복잡한 도로 교통네트워크에 대해서 수행시간을 기준으로 출발지에서 목적지까지의 실질적인 다수 최적 경로들을 실시간에 효과적으로 도출해내는 휴리스틱 알고리즘의 개발이 요구된다 [4],[6],[7],[8],[11],[12].

본 연구에서 제시할 알고리즘의 특징은 진화프로그램(Evolution program, EP)에 적용시키기 위한 초기 개체생성에서 출발과 도착점에서 동시에 인접노드를 랜덤하게 생성하면서 매 단계마다 모든 노드의 연결 상황을 확인함으로써 다른 방법보다 초기개체 생성 확률을 높이고 계산시간, 기억용량 등 효율성을 높일 것이다. 또한, 염색체(개체) 표현은 경로 자체를 사용함으로써 개체표현과 경로해석 등을 별개

* 강원대학교 산업공학과 교수, 공학박사
** 넷시큐어 테크놀러지(주) 전임컨설턴트
*** 강원대학교 대학원 산업공학과 석사과정

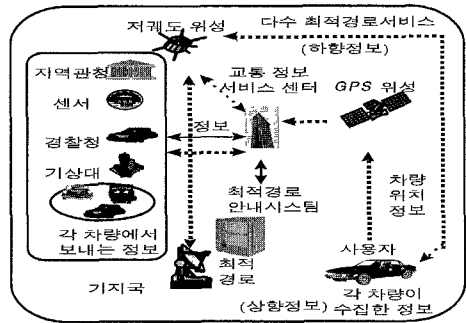
로 함으로써 대규모 네트워크에서 발생할 수 있는 비효율성과 계산시간과 기억용량의 부하를 사전에 제거한다. 알고리즘을 수행하면서 초기과정에서는 다양성을 강조하였고, 세대수가 점점 진행되면서 개체군의 적합도 함수값이 낮은 열성개체들을 제거하고 적합도 함수값이 높은 우성개체들을 선택하여 개체군에 참여시킴으로써 우성개체들간의 교배 확률을 높이고, 또한 돌연변이율도 초기세대에는 상대적으로 크게 설정하고 세대수가 증가할수록 돌연변이율을 점점 낮게 적용함으로써 수렴성을 강조하였다. 이렇게 함으로써 알고리즘이 진행되면서 다양성 강조에서 수렴성을 강조함으로써 최적경로를 찾아낸다. 본 연구의 최종목표는 이와 같은 EP를 적용하여 큰공간의 대규모 실제교통네트워크에서 사용될 수 있도록 회진제약 및 U턴, P턴을 모두 고려하여 동적 교통정보를 바탕으로 하는 차별화된 다수 최적경로를 주어진 제한된 시간 내에 제시하는 것이다. 본 논문에서 제시하는 방법을 C++로 프로그래밍하여 실제교통네트워크에 적용하여 결과를 검증 확인하였다.

2. 첨단교통정보시스템의 최적경로안내서비스

최적경로시스템은 운전자에게 가고자 하는 목적지까지 가장 짧은 소요시간 안에 도착할 수 있도록 정보를 제공하고, 교통혼잡과 안전 운행을 보장하여 주는 시스템이다. 최적경로시스템은 <그림 1>과 <그림 2>를 참조하여 다음과 같이 설명되어 질 수 있다. 교통정보서비스는 각 차량에 장착하고 있는 GPS를 이용하여 각 차량의 그 지점에서의 속도, 교통량, 사고 유무 등의 교통정보를 수집한다. GPS를 사용하여 수집한 도로의 교통 관련 정보를 운영센터에 보내면(상향 정보), 센터에서는 각 차량들로부터 수집되는 정보로 데이터 분석을 통하여 중앙센터에서 차량 운행 및 교통관제와 교통량 분산에 필요한 유용한 정보들을 사용자들에게 제공할 수 있다 다음은 최적경로 서비스 단계이다.

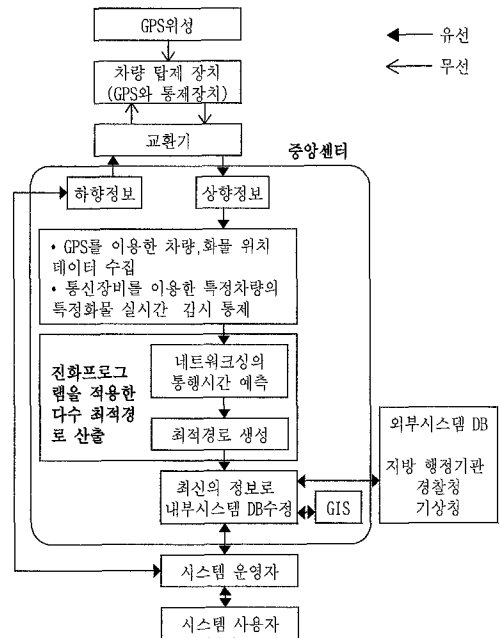
- ① 위치 추적 시스템(GPS)을 사용하여 차량에서 중앙센터로 상향정보를 전송한다.
- ② 이들 정보를 분석하여 유용한 정보로 처리가 공한다. 즉, GPS 데이터 분석을 통한 차량통행 시간을 시시각각 예측하여 이를 바탕으로 실제 교통네트워크에서 본 논문에서 제안한 알고리즘으로 다수최적경로들을 산출해 낼 수 있다.
- ③ 통신 매체를 이용하여 중앙센터에서 차량으로

하향정보(다수최적경로 등)를 제공한다.



< 그림 1 > 최적경로시스템의 교통정보서비스

이 모든 단계는 중앙센터에서 처리되며, 여러 정보 제공처로부터 얻어진 정보들은 교통 상황을 모델링 하는데 사용되고, 예측기법을 이용하여 몇 분 후의 교통상황을 예측하고 최적경로정보 등을 서비스 하게 된다.



< 그림 2 > 유무선 통신을 사용한 최적경로안내시스템의 정보흐름

이렇게 만들어진 새로운 정보는 내부데이터베이스를 최신정보로 수정하는데 사용된다 내부 데이

터 베이스는 경찰청, 도로공사 등 외부 데이터 베이스와 연결되어 있고, GIS와 연결되어 사용자에게 서비스할 수 있다. 예를 들어 화물운송업자는 이 시스템을 사용하여 효과적으로 차량 운행 및 화물운송관리를 할 수 있다. 즉, 화물과 차량의 위치, 특정차량이 신고 있는 특정화물의 이동상태에 대한 정보를 실시간으로 감시 통제 할 수 있다. 그래서 화물 운송업자는 화주에게 실시간으로 화물의 이동현황을 서비스하게 된다. 또한 교통관리 센터에서는 이 시스템을 이용하여 차량운전자에게 최적경로를 서비스하고 교통 분산을 유도하는 등 여러 가지 서비스를 제공할 수 있다[9].

3. 진화프로그램과 적용에 대한 조사 및 분석

EP는 대규모 조합의 최적화 문제와 구속 조건이 많은 공학문제를 겨냥한다. 유전자 기반 탐색방법은 해가 될 가능성이 있는 개체 집단을 유지하지만, 다른 방법들은 탐색공간에서 단 하나의 점을 처리한다는 것이 또 다른 중요한 특징이다. 이 방법들은 해가 될 가능성이 있는 개체집단을 유지함으로써 여러 방향의 탐색을 실행하고 이들 방향간의 정보형성과 교환을 장려한다. 각 세대에서 각각의 염색체를 평가하고, 적합도 값에 기초한 확률분포에 의하여 새로운 개체 집단을 선택하며, 돌연변이와 교배연산자에 의하여 새로운 개체집단의 염색체들을 변화시킨다. 몇 세대 후에 더 이상의 개선이 관찰되지 않으면, 그 세대의 가장 좋은 염색체가 최적해를 나타낸다. 흔히 속도와 자원의 기준에 의해 일정한 횟수만큼 반복 수행한 후에 알고리즘을 정지시킨다.

EP는 특정한 문제에 대해 다음과 같은 다섯 가지의 요소를 가져야만 한다[2].

- 1) 문제의 해가 될 가능성이 있는 것의 유전자적 표현방법
- 2) 해가 될 가능성이 있는 것들의 초기 개체 집단을 만들어 내는 방법
- 3) 환경의 역할을 수행하는, 즉 “적합도”에 의해 해를 평가하는 평가함수
- 4) 자손의 합성을 변화시키는 교배와 돌연변이 연산자
- 5) 유전자 알고리즘이 사용하는 여러 가지 매개변수의 값(개체집단의 크기, 유전 연산자를 적용시키는 확률 등)

다음은 EP를 사용하여 최적경로를 찾고자 하는

기존 연구에 대한 조사 및 분석을 하였다.

Gen, *et al.*(1997)의 논문[6]에서는 모든 노드에 대하여 우선 순위를 중복되지 않고, 랜덤하게 설정하여 하나의 개체를 만든다. 경로를 찾아가는 방법은 노드에 연결된 노드들 중 우선 순위가 가장 높은 것을 선택하는 과정을 반복하여 마지막 도착 노드까지 연결하게 된다. 교배 연산자는 하나의 부모 개체에서 몇 개의 교배위치를 랜덤하게 설정하고, 설정된 유전자는 그대로 두고, 설정되지 않은 우선 순위를 다른 부모 개체에서 순서대로 써주면 하나의 다음 세대 개체가 생성되도록 하였다. 돌연변이 연산자는 부모 개체로부터 두 개의 유전자 위치를 랜덤하게 선택한 뒤, 두 유전자의 위치를 서로 맞바꾸면 돌연변이가 이루어지도록 하였다. 이 논문에서 제시하는 방법은 진화프로그램 진행 과정에서 새로 발생하는 개체들이 시작노드와 도착노드를 포함하는 개체의 완전성이 보장된다는 장점이 있는 반면 개체 집단 생성 시 교통 네트워크가 커지면 불완전한 경로의 경우의 수가 커질 것이라 생각된다. 진화프로그램 알고리즘 진행과정에서 개체로 표현되고 경로로 해석되는 과정이 반복되면서 특히 노드수가 많아질 경우 계산시간과 기억용량에 부하가 생기는 단점이 있다.

Voicu과 Myler(1998)의 논문[12]에서 경로를 찾아가는 방법은 시작노드와 도착노드에서 동시에 랜덤하게 인접한 노드들을 연결하여 서로 만나게 함으로써 경로를 생성해 간다. 이 논문의 특징은 초기 개체 생성부터 유전자알고리즘을 사용하여 교배와 돌연변이를 적용하여 초기 개체 생성에서 보다 다양한 개체 집단을 생성하였다고 서술하고 있으나 개체생성을 위한 유전자알고리즘 적용과정이 불명확하다. 돌연변이 방법은 돌연변이 할 한 노드나 연속된 노드들은 제일 앞 노드를 시작노드로 제일 뒤 노드를 도착노드로 하여 초기 개체생성과 같은 방법을 적용하면 된다.

최규석과 우광방(1997)의 논문[4]에서의 경로생성 방법은 시작점에서 도착점까지 인접한 노드를 랜덤하게 선택하였는데, 이 방법의 단점은 네트워크의 규모가 커졌을 때 개체 생성 가능성이 적으며 비효율적이다. 이 과정에서 설정된 회전제약에 따라 이웃 노드 중 일부를 선택 대상에서 제외, U턴이 가능하도록 한 반면, P턴은 고려하지 못하였다. 교배 연산자는 두 경로의 공유 노드를 중심으로 형성된 구간에서 임의의 서브경로를 선택하여 그 경로간의 노드정보를 상호교환 함으로써 새로

운 두 경로개체를 생성한다. 돌연변이 연산자는 하나의 경로간에 존재하는 임의의 두 노드를 선택하여 이 두 노드를 시작노드와 끝노드로 하는 새로운 서브경로를 경로생성절차에 의거, 랜덤하게 생성하여 대체하였다.

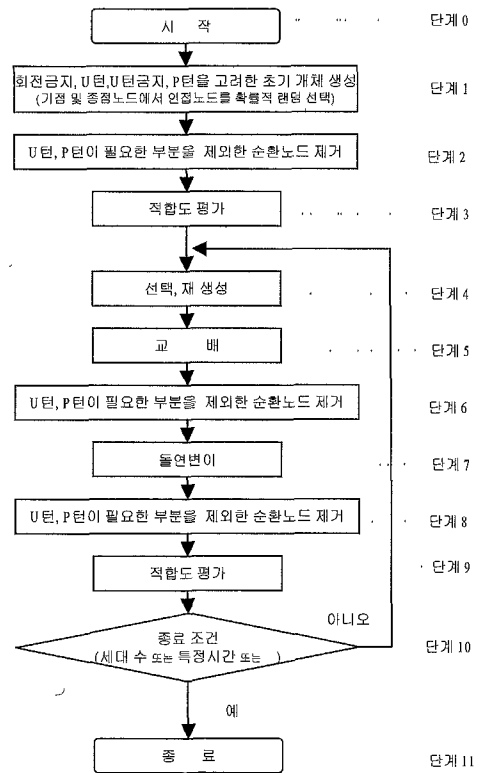
Inagaki, *et al.*(1999)의 논문[7]은 다양한 최단경로를 찾을 때 여러 지역으로 나누고 경로의 길이에 가중치를 두고서 개체를 구성함으로써 차별화된 대안경로를 구하고자 했다. 이러한 방법은 차별화된 다수 최단경로 대안을 제시함으로써 교통량 분산에 도움이 될 수 있는 장점이 있다. 경로생성 방법에서 유전자들은 각각의 노드를 나타내며, 같은 노드의 수만큼의 유전자를 모든 개체가 가지고 있기 때문에 교배와 돌연변이가 수월하다. 반면, 초기 개체생성, 교배, 돌연변이를 통해서 생성되어지는 개체가 완전한 경로를 생성하지 못하는 경우가 생길 수 있다. 또한, 개체로 표현하고 경로 형태로 해석하는 과정을 반복하게 되므로 특히 노드 수가 많아질수록 계산시간 및 기억 용량에 부담이 발생하게 되어 비효율적일 수 있다.

Seo와 Choi(1998)의 논문[11]에서 유전자 알고리즘을 이용하여 차별화된 다수 최적경로를 교통네트워크에서 공통 노드 또는 호의 중복을 최소화하는 방법을 이용하여 제시하였다. 이 차별화된 최적경로들은 교통량을 분산시키는데 효율적으로 사용될 수 있다. 이 논문에서 최적경로로 수렴을 시키면서 공통노드, 호의 중복을 피함으로써 다양성을 갖는 최적경로를 제시한다고 서술하였으나 방법론이 불명확하다. 교배 연산자는 선택된 경로 중 두 경로에서 공통으로 가지고 있는 두 노드를 선택하여 그 노드 사이의 경로를 상호 교환하여 새로운 경로를 생성하였다. 돌연변이 연산자는 하나의 경로간에 존재하는 임의의 두 점을 선택하여 이 두 점을 시작점과 끝점으로 하는 새로운 서브경로를 경로생성 절차에 의거해 랜덤하게 생성하여 이를 원래의 서브경로와 대치시키는 방법으로 하나의 새로운 경로개체를 생성시켰다.

본 절에서는 EP의 일반적인 개념과 방법론에 대하여 서술하였다. 또한 EP 방법론을 네트워크에 적용하여 최적경로를 찾고자 시도한 기존논문들을 요약 분석함으로써 각 논문에서 제시하는 방법들의 장점과 단점을 지적하였다. 다음 3절에서는 이러한 내용을 바탕으로 이 방법들의 장점을 공유하고 단점을 보완하여 최적경로를 제시할 수 있는 새로운 방법론을 제시하고자 한다.

4. 다수 최적경로를 위한 진화프로그램 수행방법

다수 최적경로를 산출해 내기 위해 진화 프로그램 수행 절차를 < 그림 3 >과 같이 요약 정리하여 흐름도를 작성할 수 있다. 이 논문에서 제시한 알고리즘의 특징은 흐름도 단계1에서 개체를 생성할 때 시작점과 도착점에서 동시에 인접교점을 반복적으로 랜덤하게 선택하고, 모든 노드의 연결 상황을 확인함으로써 개체 생성의 확률 및 계산시간과 계산 기억용량의 효율성을 높였다. 또한, 검색체 표현을 경로노드 자체로 사용함으로써 특히 대규모 네트워크에서의 효율성을 향상시켰다. 단계2를 포함하여 교배 후 단계6과 돌연변이 후 단계8에서 회전금지 부분을 고려하여 U턴과 P턴 등 순환 경로를 허용하고 그외의 순환 경로들은 제거하였다.



< 그림 3 > 다수 최적경로를 위한 진화프로그램 수행절차

단계3은 적합도에 의해 개체를 재평가하는 단계로 계산시간을 줄이기 위해 돌연변이, 교배를 통해 검색체의 변형이 일어난 개체만을 재평가하도

복잡도가 높고 대규모 실제 교통네트워크에서 다수 최적경로들을 탐색할 수 있는 진화 프로그램의 개발

록 한다. 임의의 노드 V_i 에서 V_j 까지의 경로는 $(V_i, V_k), (V_k, V_m), \dots, (V_n, V_j)$ 와 같이 각각의 호가 연속으로 연결됨으로써 형성된다. 다시 말해서 경로는 연속된 노드 $(V_i, V_k, V_m, \dots, V_n, V_j)$ 로 나타낼 수 있으며, 경로상에 회진금지인 U턴이나 P턴이 포함되어 있을 경우는 노드의 반복이 있을 수 있다. 최적경로 문제는 임의로 주어진 두점에 대하여 총 비용이 최소값인 경로를 찾는 것이다. 그러므로 Gen, et al.(1997)이 제안했듯이 정수 계획법 모델(integer programming model)로 공식화할 수 있다.

$$x_{ij} = \begin{cases} 1 : & \text{만약 호}(i, j) \text{가 기중점을 포함한} \\ & \text{경로에 포함되어 있을 경우} \\ 0 : & \text{그렇지 않을 경우} \end{cases}$$

w_{ij} =노드 i와 j가 연결된 호의 비용값(소요시간, 거리 등), 양수 값

시작점과 도착점을 포함하는 각각의 탐색체에 대한 최소화 문제를 정립할 수 있다 (n:노드 수)

$$\text{Minimize } \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n w_{ij} x_{ij} \dots \dots \dots (1)$$

개체를 선택할 때 룰렛 휠 방식을 적용하기 위해 평가함수를 식(2)와 같이 표현할 수 있다.

$$F_k = \frac{1}{\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n w_{ij} x_{ij}} \dots \dots \dots (2)$$

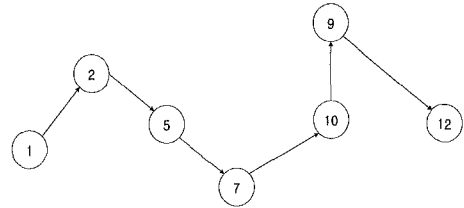
F_k : 개체 k의 평가함수값

< 그림 4 >를 예로 들어보면, 기점 노드1과 종점 노드 12가 연결된 임의의 경로(또는 탐색체) k를 형성한다고 하자. 이 경로 k는 호(1,2), (2,5), (5,7), (7,10), (10,9),(9,12)들로 연결되어 식(1)을 거쳐 다음과 같이 식(2)의 수리적 모형을 제시할 수 있다.

단계4,5,7에서 알고리즘 초기과정에서는 다양성을 강조하였고, 알고리즘 진행되어 세대수가 점점 증가하면 개체군의 적합도 함수값이 낮은 열성개체들을 제거하고 적합도 함수값이 높은 우성개체의 수를 늘려 선택하여 개체군에 참여시킴으로써 우성개체들간의 교배 확률을 높여나간다. 또한, 초기 세대에서는 다양성을 고려하기 위하여 돌연변이율을 높게 적용하고 세대가 증가될수록 수렴

성을 고려하기 위하여 돌연변이율도 점점 낮게 적

$$F_k = \frac{1}{w_{1,2} + w_{2,5} + w_{5,7} + w_{7,10} + w_{10,9} + w_{9,12}}$$



< 그림 4 > 기점노드1과 종점노드12를 포함하는 탐색체의 예

용하였다 이렇게 함으로써 알고리즘이 진행되면서 다양성에서 수렴성을 강조하게 된다

마지막 단계10에서의 종료조건은 몇 세대후에 더 이상의 개선이 관찰되지 않으면, 그 세대의 가장 좋은 탐색체가 최적해를 나타낸다. 흔히 속도와 자원의 기준에 의해 일정한 횟수만큼 반복 수행한 후에 진화프로그램을 정지시킨다[10].

본 논문에서는 < 그림 3 >의 진화 프로그램 수행 절차에 따라 C++언어를 사용하여 진화프로그램 수행 과정을 프로그램 하였다. 이 프로그램은 교통네트워크의 변경이나 고객의 요구에 의해 사용자에게 따라 서로 다른 권한이 부여되고 정보 내용의 입력 데이터 파일을 생성하여 입력하여 주기만 하면 된다. 그리고 시스템 관리자는 간단한 변수 값의 변경으로 고객이 원하는 정보와 교통네트워크의 변경에 대처할 수 있게 작성되어 있다.

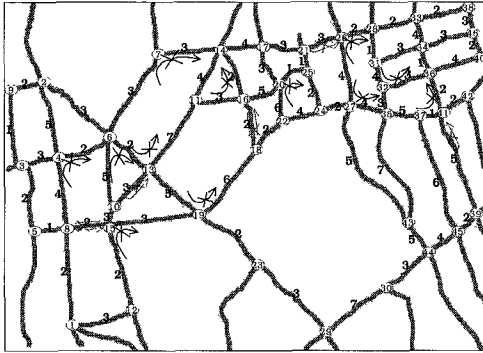
5. 다수 최적경로를 위한 진화 프로그램의 적용

5.1 최적경로를 위한 진화프로그램 검증

< 그림 5 >은 서울시 강북구 교통네트워크를 표시한 것인데, 각 교차로를 노드번호로 표시하였다. 시작노드는 노드1, 도착노드는 노드46로 가정한다. 그리고 각 호의 비용값은 임의로 가정하였다. 우선 < 그림 5 >에서 회진금지와 U-턴금지표시를 없앤 단순교통네트워크에서 Dijkstra와 EP알고리즘을 적용하여 최적경로를 다음과 같이 찾을 수 있었다.

a) Dijkstra 알고리즘에 의한 최적 경로.

1--> 8--> 4--> 6--> 7--> 14--> 17--> 21--> 26--> 28--> 31--> 34--> 46 (최적값: 33)



< 그림 5 > 서울시 강북구의 제약 조건이 있는 교통네트워크

b) EP 알고리즘에 의한 최적 경로:

EP의 매개변수로 초기 개체군의 개체 수를 10, 교배 연산자의 확률값을 0.4, 초기 돌연변이 연산자의 확률값을 0.5으로 설정하고 최적 네트워크를 위한 유전자 알고리즘을 적용하여 초기 개체군의 총 적합도가 558에서 최종단계의 모든 개체의 총 적합도가 421로 개선되었으며 가장 좋은 개체의 평가 값은 Dijkstra 알고리즘을 적용하여 얻은 최단경로값 33과 같은 결과를 얻을 수 있었다.

1 -> 8 -> 4 -> 6 -> 7 -> 14 -> 17 -> 21 -> 26 -> 28 -> 31 -> 34 -> 46 (최적값: 33)

이와 같이 EP로 구한 첫 번째 최적경로가 Dijkstra 알고리즘으로 구한 경로와 같음으로 작은 교통네트워크를 통하여 본 논문에서 제시한 진화프로그램에 대하여 검증하였기 때문에 혼잡도가 큰 경우에도 본 논문에서 제시한 최적경로 알고리즘이 제 역할을 할 수 있음을 유추할 수 있었다. 또한, 노드수가 많아지고, 회전금지, U턴 금지, U턴, P턴등 교통네트워크의 혼잡도가 높아질수록 본 논문에서 제시한 최적경로 알고리즘의 진가는 더욱 높아질 것이다.

5.2 실제 교통네트워크에서 진화프로그램의 적용

<그림5>의 네트워크에서 회전금지 경로

(8 4 6), (10 6 13), (6 7 14),

(6 13 11), (12 15 19), (11 16 14),
 (13 19 18), (22 20 25), (27 26 28),
 (26 27 35), (37 41 36)는 11개 지역으로 임의적으로 정하였고, 실제 교통네트워크에 적용하기 위해 회전금지 중심노드에서도 U턴 금지 (15 8 15), (13 10 13), (16 18 16), (26 21 26), (41 39 41)를 임의적으로 설정하였다. 시작노드는 노드1, 도착노드는 노드46로 가정한다. 그리고 각 호의 비용값 또한 <그림 5>와 같이 임의로 가정하였다.

EP의 매개변수는 초기 개체군의 개체 수는 10, 그리고 교배 연산자의 확률값을 0.4, 초기 돌연변이 연산자의 확률값을 0.5으로 설정하고 최적 네트워크를 위한 유전자 알고리즘을 모의 실험하였다.

유전자 알고리즘을 이용하여 교통네트워크에서 다수 최적경로를 찾아내기 위해 초기화 과정으로 초기 개체군의 염색체를 랜덤하게 선택하여 구성된 초기 개체집단을 형성하고, 식(1), 식(2)를 적용하여 각 개체의 경로길이와 적합도 함수 값을 계산하면 < 표 1 >과 같다.

마지막 세대로 갈수록 다수 최적 경로 탐색과, 표본 추출에서 선택의 강도를 강하게(다양성을 약하게)하기 위해 열성 개체를 우성 개체로 교환하기 위한 자료를 얻기 위해 elitist pool에 우성 개체들을 저장시킨다. 각 염색체가 선택될 확률(p)과 누적확률(q) 값을 구하면 다음과 같다.

개체1의 확률(p_1): 0.08612, 누적확률(q_1): 0.0861

개체2의 확률(p_2): 0.08387, 누적확률(q_2): 0.1699

개체3의 확률(p_3): 0.09229, 누적확률(q_3): 0.2621

개체4의 확률(p_4): 0.13742, 누적확률(q_4): 0.3995

개체5의 확률(p_5): 0.06667, 누적확률(q_5): 0.4661

개체6의 확률(p_6): 0.12663, 누적확률(q_6): 0.5926

개체7의 확률(p_7): 0.11132, 누적확률(q_7): 0.7039

개체8의 확률(p_8): 0.09649, 누적확률(q_8): 0.8003

개체9의 확률(p_9): 0.06523, 누적확률(p_9): 0.86554

개체10의 확률(p_{10}): 0.1345, 누적확률(q_{10}): 1.0000

복잡도가 높고 대규모 실제 교통네트워크에서 다수 최적경로들을 탐색할 수 있는 진화 프로그램의 개발

< 표 1 > 첫 번째 세대의 각 개체 경로, 경로길이 및 적합도 함수 값

개체	경로	경로 길이	적합도 함수값
1	1 8 5 3 9 2 4 6 7 6 10 13 11 14 16 20 22 24 27 35 32 36 40 46	75	0.0133
2	1 8 4 3 9 2 6 13 10 15 19 23 29 30 44 45 39 41 42 41 37 35 32 31 28 33 38 46	77	0.0130
3	1 8 5 3 4 6 13 19 23 29 30 44 43 35 37 45 39 41 36 40 46	70	0.0143
4	1 12 15 10 13 11 14 17 21 26 28 31 34 33 38 46	47	0.0213
5	1 8 4 3 9 2 6 13 10 15 19 18 16 20 17 21 26 28 31 32 35 43 44 45 39 41 42 41 36 34 33 38 46	97	0.0103
6	1 8 5 3 4 6 10 13 11 16 20 17 21 26 28 31 34 46	51	0.0196
7	1 12 15 10 13 19 23 29 30 44 45 37 35 32 36 40 46	58	0.0172
8	1 12 15 8 4 3 9 2 6 10 13 19 23 29 30 44 45 39 41 36 40 46	67	0.0149
9	1 12 15 10 6 7 6 2 6 4 6 13 19 23 19 18 22 24 27 43 35 37 45 39 41 36 32 31 34 46	99	0.0101
10	1 12 15 10 13 11 16 18 16 20 17 21 26 28 31 34 46	48	0.0208
합계		689	0.1549

이제 플렛 월 선택을 10번 할 준비가 되어 있다. 매번 새로운 개체집단을 위하여 하나의 염색체를 선택한다. 범위 [0,1]사이의 10개의 (난수)수열이 다음과 같이 생성되었다.

0.2221 0.3019 0.5581 0.1301 0.4092
0.0354 0.9203 0.0135 0.8746 0.2163

첫 번째 난수 0.2221은 q_3 보다는 작으며, 이는 즉 3번째 염색체가 새로운 개체 집단을 위해 선택된다는 것을 의미한다.

최종적으로 새로운 개체집단은 다음의 염색체들로 구성된다

- 새로운 개체1: < 표 1 >의 개체3
- 새로운 개체2 < 표 1 >의 개체4
- 새로운 개체3: < 표 1 >의 개체6
- 새로운 개체4: < 표 1 >의 개체2
- 새로운 개체5: < 표 1 >의 개체5
- 새로운 개체6: < 표 1 >의 개체1
- 새로운 개체7: < 표 1 >의 개체10
- 새로운 개체8: < 표 1 >의 개체1
- 새로운 개체9: < 표 1 >의 개체10
- 새로운 개체10:< 표 1 >의 개체3

이제 재 조합 연산자인 교배 연산자를 새로운 개체집단의 개체들에 적용할 준비가 되어 있다. 교배 확률은 $p_c = 0.4$ 이고, 다음 방법으로 교배 연산을 행한다. (새로운) 개체집단의 각각의 염색체에 대하여 범위 [0,1] 사이의 난수 r 를 발생하여 만일 $r < 0.4$ 이면, 그 염색체를 선택하여 교배한다.

0.8739 0.9777 0.5638 **0.2339** **0.0764**
0.4761 0.7388 0.5344 0.9894 **0.0201**

이 수열을 통해 교배연산에 선택된 염색체는 개체4와 개체5이다.(선택 개체의 수가 홀수일 경우에는 하나를 제거(개체10)하고, 두 개(짝수 개)의 개체로 교배 쌍을 생성한다.) 따라서, 1번째 쌍(개체4, 개체5)의 공통노드 중 랜덤하게 선택된 두 노드 간을 교배한다.

1번째 쌍의 노드15와 41 사이의 경로를 서로 바꿈으로써 한 쌍의 자손이 된다.

개체4 : 1 8 4 3 9 2 6 13 10 **15 19 23 29 30 44**
45 39 41 42 41 37 35 32 31 28 33 38 46
개체5 : 1 8 4 3 9 2 6 13 10 **15 19 18 16 20 17**
21 26 28 31 32 35 43 44 45 39 41 42
41 36 34 33 38 46

교배된 개체4 : 1 8 4 3 9 2 6 13 10 15 19 18 16
20 17 21 26 28 31 32 35 43 44 45 39
 41 42 41 37 35 32 31 28 33 38 46

교배된 개체5 : 1 8 4 3 9 2 6 13 10 15 19 23 29
30 44 45 39 41 42 41 36 34 33 38 46

다음 단계는 교배를 통해 새로 생성된 개체들 중 순환노드를 찾아 U턴과 P턴의 허용 유무를 판단하여 U턴, P턴이 필요 없는 경우 제거 할 순환노드를 제거한다(개체4).

순환 노드 제거 전 개체4 : 1 8 4 3 9 2 6 13 10 15
 19 18 16 20 17 21 26 **28** 31 32 35 43 44 45
 39 41 42 41 37 35 32 31 **28** 33 38 46

개체4의 노드 28에서 순환이 생겼으나 노드 28이 회전금지의 중심노드가 아니므로 순환노드를 제거하여야 한다. 따라서,

순환 노드 제거 후 개체4 : 1 8 4 3 9 2 6 13 10
 15 19 18 16 20 17 21 26 **28** 33 38 46

과 같은 경로가 형성된다.

이제 제 조합 연산자인 돌연변이 연산자를 새로운 개체집단의 개체들에 적용할 준비가 되어 있다. 돌연변이 확률은 $p_m = 0.5$ 이고, 다음 방법으로 돌연변이 연산을 행한다. 새로운 개체집단의 각각의 염색체에 대하여 범위 [0,1] 사이의 난수 r을 발생하여 만일 $r < 0.5$ 이면, 그 염색체를 선택하여 돌연

변이 한다.

0.7748 **0.4472** 0.8946 0.9943 **0.3898**

0.0566 0.9861 0.5201 **0.0126** **0.3719**

이 수열을 통해 돌연변이 연산에 선택된 염색체는 개체2, 개체5, 개체6, 개체9, 개체10이다. 개체 각각에서 랜덤 난수를 발생하여 하나의 유전자를 선택하여 돌연변이를 시키는데, 여기서는 개체2의 노드15, 개체5의 노드13, 개체6의 노드7, 개체9의 노드26, 개체10의 노드43을 돌연변이 시킨다.

개체2 : 1 12 **15** 10 13 11 14 17 21 26 28 31 34 33
 38 46

돌연변이 후 개체2: 1 12 **1 8 5 3 4 6** 10 13 11 14
 17 21 26 28 31 34 33 38 46

개체5 : 1 8 4 3 9 2 6 **13** 10 15 19 23 29 30 44 45
 39 41 42 41 36 34 33 38 46

돌연변이 후 개체5: 1 8 4 3 9 2 6 **10 6** 10 15 19
 23 29 30 44 45 39 41 42 41 36 34 33 38
 46

개체6 : 1 8 5 3 9 2 4 6 **7** 6 10 13 11 14 16 20 22
 24 27 35 32 36 40 46

돌연변이 후 개체6: 1 8 5 3 9 2 4 6 **10 13** 6 10 13
 11 14 16 20 22 24 27 35 32 36 40 46

< 표 2 > 두 번째 세대의 각 개체 경로, 경로길이 및 적합도 함수 값

개체	경로	경로 길이	적합도 함수값
1	1 8 5 3 4 6 13 19 23 29 30 44 43 35 37 45 39 41 36 40 46	70	0.0143
2	1 8 5 3 4 6 10 13 11 14 17 21 26 28 31 34 33 38 46	54	0.0185
3	1 8 5 3 4 6 10 13 11 16 20 17 21 26 28 31 34 46	51	0.0196
4	1 8 4 3 9 2 6 13 10 15 19 18 16 20 17 21 26 28 33 38 46	57	0.0175
5	1 8 4 3 9 2 6 10 15 19 23 29 30 44 45 39 41 42 41 36 34 33 38 46	68	0.0147
6	1 8 5 3 9 2 4 6 10 13 11 14 16 20 22 24 27 35 32 36 40 46	69	0.0145
7	1 12 15 10 13 11 16 18 16 20 17 21 26 28 31 34 46	48	0.0208
8	1 8 5 3 9 2 4 6 7 6 10 13 11 14 16 20 22 24 27 35 32 36 40 46	75	0.0133
9	1 12 15 10 13 11 16 18 16 20 17 21 25 24 27 35 43 44 45 37 41 42 41 36 40 46	80	0.0125
10	1 8 5 3 4 6 13 19 23 29 30 44 45 39 41 36 40 46	51	0.0196
합계		623	0.1654

복잡도가 높고 대규모 실제 교통네트워크에서 다수 최적경로들을 탐색할 수 있는 진화 프로그램의 개발

< 표 3 > 마지막 세대의 각 개체 경로, 경로길이 및 적합도 함수 값

개체	경로	경로 길이	적합도 함수값
1	1 8 15 19 23 19 18 22 20 16 20 25 21 26 28 33 34 46	51	0.0196
2	1 8 15 19 23 19 18 16 14 17 21 26 28 33 34 46	42	0.0238
3	1 8 15 10 13 11 16 18 22 24 25 21 26 28 33 34 46	45	0.0222
4	1 8 15 19 13 11 16 20 17 21 26 28 31 34 46	45	0.0222
5	1 8 15 19 23 19 18 16 14 17 21 26 28 33 34 46	42	0.0238
6	1 8 15 19 23 19 18 22 20 16 20 25 21 26 28 33 34 46	51	0.0196
7	1 8 15 19 18 22 24 25 21 26 28 31 34 46	34	0.0294
8	1 8 15 19 23 19 18 16 14 17 21 26 28 33 34 46	42	0.0238
9	1 8 5 3 4 6 13 19 23 19 18 22 24 25 21 26 28 33 38 46	48	0.0208
10	1 8 15 19 18 22 24 25 21 26 28 33 34 46	36	0.0278
합계		362	0.2771

개체9 : 1 12 15 10 13 11 16 18 16 20 17 21 **26** 28
31 34 46

돌연변이 후 개체9: 1 12 15 10 13 11 16 18 16 20 17
21 **25 24 27 35 43 44 45 39 41 42 41 39**
45 37 41 42 41 36 40 46 38 33 28 31 34
46

개체10 : 1 8 5 3 4 6 13 19 23 29 30 44 **43** 35 37 45
39 41 36 40 46

돌연변이 후 개체10 : 1 8 5 3 4 6 13 19 23 29 30 44
45 37 35 37 45 39 41 36 40 46

개체들에 대해 순환노드를 제거한다(개체2, 개체5,
개체6, 개체9, 개체10).

제거 전의 개체2 : 1 12 1 8 5 3 4 6 10 13 11 14
17 21 26 28 31 34 33 38 46

제거 전의 개체5 : 1 8 4 3 9 2 6 **10 6 10** 15 19 23
29 30 44 45 39 41 42 41 36 34 33 38 46

제거 전의 개체6 : 1 8 5 3 9 2 4 6 **10 13 6 10 13**
11 14 16 20 22 24 27 35 32 36 40 46

제거 전의 개체9 : 1 12 15 10 13 11 16 18 16 20
17 21 25 24 27 35 43 44 **45 39 41 42 41**
39 **45 37** 41 42 41 36 40 **46 38 33 28 31**
34 **46**

제거 전의 개체10 : 1 8 5 3 4 6 13 19 23 29 30 44
45 37 35 37 45 39 41 36 40 46

개체2의 노드 1, 개체5의 노드 10, 개체6의 노드
10, 개체9의 노드 45와 노드 46, 개체10의 노드 45
에서 순환이 생겼으나 이 노드들이 회전금지
의 중심노드가 아니므로 순환노드를 제거
하여야 한다. 따라서, 다음과 같은 개체가
생성된다.

제거 후의 개체2 : **1 8 5 3 4 6 10 13 11 14 17 21**
26 28 31 34 33 38 46

제거 후의 개체5 : 1 8 4 3 9 2 6 **10** 15 19 23 29
30 44 45 39 41 42 41 36 34 33 38 46

제거 후의 개체6 : 1 8 5 3 9 2 4 6 **10** 13 11 14
16 20 22 24 27 35 32 36 40 46

제거 후의 개체9 : 1 12 15 10 13 11 16 18 16 20
17 21 25 24 27 35 43 44 **45 37 41 42 41 36**
40 **46**

제거 후의 개체10: 1 8 5 3 4 6 13 19 23 29 30 44
45 39 41 36 40 46

지금까지 유전 과정 중 한 세대를 마쳤다. 새로
운 개체집단의 평가 과정의 결과를 살펴보면 다음
과 같다. 평가단계에서 각각의 염색체를 해독하고
이들의 값으로 적합도 함수의 값을 계산하면 <표
2>와 같다.

새로운 개체집단의 총 경로길이의 합은 623으로
이것은 이전 개체 집단의 총 적합도 값 689보다
좋은 값을 얻을 수 있었다.

이제 선택과정을 다시 거치고, 유전 연산자를 적

용하여 다음 세대를 계속적으로 평가한다. 이 진화 프로그램의 종료조건은 몇 세대간 최적값의 변화율이 따른 조건에 의해 종료가 되었으며 그때의 개체집단과 개체의 길이 및 적합도 함수값은 <표 3>과 같다. 즉, 서로 다른 첫 번째(개체7), 두 번째(개체10)등 다수개의 최적 경로를 얻을 수 있다. 새로운 개체집단의 총 경로 길이의 합은 362이고, 가장 좋은 개체의 평가 값은 34로 나타나 새로운 최적의 값을 얻을 수 있었다.

6. 결론

본 논문에서는 첨단교통정보시스템에서 실시간으로 다수 최적경로를 제공할 수 있도록 진화프로그램을 사용하여 동적경로 안내시스템을 설계하고 시스템 프로토타입을 개발하였다. 진화프로그램은 교통네트워크에서 회전금지, U턴, U턴 금지 및 P턴 등을 고려하여 제한된 시간내에 다수 최적경로를 제공할 수 있다. 최적경로를 위한 진화프로그램은 단순경로 형태의 교통네트워크에서 Dijkstra 알고리즘을 사용하여 얻은 최적경로와 비교 확인함으로써 최적경로에 근접한 해를 제공할 수 있음을 검증하였고, 복잡도(Complexity)가 높은 가상네트워크에서도 최적경로에 근접하는 해를 제공할 수 있음을 확인하였다. 이 논문에서 진화프로그램을 서울 강북구 교통네트워크에 적용하여 다수 최적경로를 제공하는 과정도 상세히 서술하였다.

참고문헌

- [1] 강맹규, *네트워크와 알고리즘*, 박영사, 1991
- [2] 공성곤 외 4명, *유전자 알고리즘*, 그린, 1996
- [3] 최규석, 우광방(1997a), 지능형 주행 안내 시스템을 위한 유전 알고리즘에 근거한 최적 경로 탐색 알고리즘, 제어·자동화·시스템공학 논문지
- [4] 최규석, 우광방(1997b), 진화 프로그램에 기초한 기종점간 최적경로탐색 알고리즘의 개발, 전기학회 논문지
- [5] Ben-Akiva, Moshe, Koutsopoulos, Haris N. and Mukandan, Anil, A dynamic traffic model system for ATMS/ATIS operations, IVHS Journal, Vol.1(4), pp.1-19, 1994
- [6] Gen, M., Cheng, R. and Wang, D., Genetic Algorithms for Solving Shortest Path Problems, Proceedings of the 1997 IEEE International 97 Magnetics Conference, 1997
- [7] Inagaki, J., Haseyama, M. and Kitajima, H, A Genetic Algorithm for Determining Multiple Routes and Its Applications, Proceedings of the 1999 IEEE International Symposium on Circuits and Systems, 1999
- [8] KANG, D., HASHIMOTO, H. and HARASHIMA, F., Path Generation for Mobile Robot using Genetic Algorithm, Transactions of the Institute of Electrical Engineers of Japan C - A Publication of Electronics, Information and Systems Society, 1997
- [9] Kim, Sung-Soo and Lee, Jong-Hyun, A Study on Design of Dynamic Route Guidance System Using Forecasted Travel Time Based on GPS Data and Modified Shortest Path Algorithm, IEEE International Conference on Intelligent Transportation Systems, Japan, 1999
- [10] Michalewicz, Z., Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Springer. Verlag, 1999
- [11] Seo, K. and Choi, G., The Genetic Algorithm Based Route Finding Method for Alternative Paths, Proceedings of the 1998 IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics, 1998
- [12] Voicu, L. I. and Myler, H. R., Cloning operator and its applications, Proceedings of the Applications and Science of Computational Intelligence, 1998