

개선된 유전알고리즘에 의한 옷본도형배치의 한가지 방법

리성욱, 정원일

위대한 령도자 김정일동지께서는 다음과 같이 교시하시였다.

《현대생산의 모든 공정은 기술공정이며 따라서 과학기술의 발전을 떠나서는 생산력의 급속한 발전에 대하여 생각할수 없습니다.》(《김정일선집》 증보판 제4권 484~485페이지)

도형들의 배치률을 최대로 하는 목적함수를 평가함수로 하여 유전조작을 진행하는 선행한 방법[1, 2]은 최량풀이를 얻는데서 탐색효율이 높지 못하고 탐색시간도 상당히 오래며 수렴성이 그리 좋지 못한 결함이 있다.

론문에서는 개선된 유전알고리즘에 의한 옷본도형의 배치문제를 연구하고 실험을 통하여 그 효과성을 검증하였다.

1. 최적옷본도형배치를 위한 유전자조작설계

여기서는 2차원도형배치문제를 GA를 리용하여 효율적으로 풀수 있는 합리적인 유전자조작방법에 대하여 논의하는데 그 과정은 다음과 같다.

1) 적응도비례교차연산

유전연산방법은 생물계의 진화과정을 모방한것이므로 조기수렴현상을 극복하기 위하여서는 선택과 교차연산이 생물의 유전과 진화에 더 모방되도록 하여야 한다.

이러한 유전연산방법에서는 적응도에 비례한 개체들의 증식을 선택연산과 교차연산으로 나누어 진행한다.

우리는 선택연산에 의하여 적응도에 비례하는 수만큼 동일한 개체를 증식시켰으며 다음 교차연산에 의하여 선대의 유전적정보를 계승하는 진화를 진행하고 다음과 같은 적응도비례교차연산조작을 진행하였다.

① 개체의 증식된 수를 결정하고 매 개체들의 적응도를 평가하여 그에 따르는 증식될 후대수의 기대값을 결정한다. 즉

$$C_i = \frac{f_i}{\sum_{k=1}^M f_k / M} = \frac{f_i}{\bar{f}}, \quad i=1, \dots, M$$

여기서 \bar{f} 는 개체집단의 평균적응도, M 은 개체집단의 크기, C_i 는 i 째 개체가 증식될 후대수의 기대값, f_i 는 i 째 개체의 적응도이다.

그리고 개체 x_i 의 증식될 후대수의 기대값 C_i 에 대한 옹근수화를 진행하여 증식될 수 E_i 를 결정하는데 이때 집단안의 개체들의 증식될 수에 대해 다음식을 만족시키도록 한다.

$$\sum_{i=1}^M E_i = M$$

② 개체집단안의 개체들을 적응도순서에 따라 다음과 같은 방법으로 교차연산을 진행한다.

먼저 새로운 개체집단 $G'(t)$ 를 만들고 이것을 빈모임으로 한다.

다음 적응도순서에 따라 차례로 $e_i = E_i/2$ 만큼 집단 $G(t)$ 안의 임의의 개체와 쌍짓기 및 교차를 진행하여 그 후대개체들을 개체집단 $G'(t)$ 에 넘긴다.

이때 교차점은 1점교차방법에 따라 쌍짓기한 개체들의 유사성을 표현하는 유전자들 사이 하밍거리 H_{ij} 에 따라 1개의 교차점을 설정하는데 하밍거리 H_{ij} 는 같은 자리에 대응하는 유전자들의 번호의 차이이다. 즉

$$H_{ij}^k = N_i^k - N_j^k.$$

여기서 H_{ij}^k 는 쌍짓기한 개체 X_i 와 X_j 의 k 째 유전자들의 하밍거리, N_i^k 는 개체 X_i 의 k 째 유전자번호, N_j^k 는 개체 X_j 의 k 째 유전자번호이다.

우리는 $\max\{H_{ij}^k\}$ 인 k 를 개체 X_i 와 X_j 의 교차점으로 설정한다.

만일 개체 X_i 의 증식될 수 E_i 가 기수이면 $e_i = E_{i+1}/2$ 만큼 쌍짓기를 진행하여 교차연산을 진행한다.

이때 e_i 번의 교차연산중에서 한번만은 생성된 2개의 후대개체중의 한 개체만을 다른 개체집단 $P(t+1)$ 에 넘긴다. 그리고 $E_i=0$ 인 개체는 피동적인 쌍짓기와 교차연산에만 참가시킨다.

이와 같은 방법으로 개체집단 $G(t)$ 의 개체들을 그 적응도에 비례하는 수만큼 자기와 같지 않은 개체들과 교차를 진행하여 새로운 개체집단 $G'(t)$ 를 만든다.

이때에도 개체집단 $G'(t)$ 의 개체수는 M 으로서 일정하게 된다.

이와 같은 방법으로 유전연산을 진행하면 선택과 교차의 기능을 다 수행하면서도 개체들의 진화에 지장을 주지 않고 조기수렴현상을 극복할수 있다.

그것은 매 개체들이 자기의 적응도에 비례하는 수만큼 자기와 똑같은 개체로 다음 개체집단에 넘어가는것이 아니라 개체집단의 다른 개체들과 적응도에 비례하게 교차를 진행하여 자기를 닮으면서도 발전된 새로운 후대들을 집단에 넘기기때문이다.

그러므로 선택연산후 교차연산을 위한 개체집단을 구하여 형성하지 않으면서도 선택의 기능을 원만히 수행하고 적응도가 높은 개체들의 근방으로 진화를 촉진시킬수 있다.

따라서 선택연산후 개체집단을 형성하는데 걸리는 계산시간이 필요없게 되며 최량개체근방에서의 탐색능력을 보다 높일수 있다. 또한 열등한 개체($E_i=0$ 인 개체)들도 교차에 참가할 가능성을 가지므로 넓은 범위에서 탐색을 진행하여 보다 효과적인 대역적탐색을 할수 있다.

2) 돌연변이조작

유전알고리즘은 최량근사풀이탐색의 하나로서 초기조건에 의존하지 않고 국부최량풀이를 피하여 최량근사풀이를 탐색할수 있는 특징을 가지고있다.

우리는 집단의 다양성을 잃지 않으면서 비루스의 급속한 감염력으로 국부탐색능력을 개선하기 위하여 교잡조작을 그대로 두고 갑작변이조작에 비루스의 감염조작을 조합한 새로운 진화형알고리즘을 연구하였다.

2차원도형배치문제는 임의의 형태의 도형들을 요구되는 배치조건들을 만족시키면서 주어진 영역에 최적으로 배치하는 문제이다. 한편 이 문제는 목적함수를 최적으로 하도록 배치방안들을 배치영역의 크기, 배치간격과 같은 환경에 적응시켜나가는 과정으로 볼수 있다.

2차원도형배치문제에서는 집단의 다양성을 보장하면서 좋은 형질을 발현하는 도형들의 일정한 결합이 유전조작에 의해 진화하도록 다음과 같은 조작을 진행한다.

① 강한 돌연변이

적응성이 좋은 개체는 현실에 보다 적응된 형질을 발현하는 유전자를 가지고있다.

이로부터 첫 유전자로부터 점차 유전자수를 증가시켜나가면서 유전자들의 결합성을 다음식으로 평가한다.

$$\beta = \frac{\sum_{i=1}^p S_i}{S}, \quad (p \leq n)$$

여기서 n 은 유전자수, S_i 는 i 째 유전자의 크기, S 는 p 개의 유전자들의 면적이다.

이때 처음 p 개의 유전자들이

$$1 \geq \beta \geq 1 - \Delta q$$

인 조건을 만족시킬 때 p 개의 유전자들을 재결합하여 새로운 유전자를 결정한다. 여기서 Δq 는 $[0, 0.01]$ 범위의 값으로서 실험에 의하여 결정된다.

이로부터 유전자들은 n 개로부터 $n-p+1$ 개로 된다. 즉 주어진 유전자(도형)들이 점점 결합되어 하나의 유전자로 되어가는 과정이 주어진 유전자(도형)들의 최량배치상태를 탐색하는 과정이라고 볼수 있다.

이와 같이 강한 돌연변이조작을 진행하면 보다 환경에 적응된 형질을 가진 개체들이 산생되어 종국적으로는 최량근사풀이에 반드시 수렴하게 된다.

또한 교차조작때 좋은 결합을 가지는 유전자결합을 보존하여 풀이의 안정성을 보장하고 탐색효율을 높이며 탐색시간을 훨씬 줄일수 있게 된다.

② 미세돌연변이

돌연변이조작때 같은 유전자들이 같은 순서로 이루어지거나 근친쌍을 이루는 개체들을 서로 형질이 크게 달라지게 하기 위하여 개체를 이루는 유전자들의 순서를 국부적으로 변화시켜 적응도를 높이는 조작을 미세돌연변이라고 한다.

강한 돌연변이에 의하여 형질이 크게 달라진 개체들은 진화과정에 집단의 다양성을 감소시킬수 있는데 이것은 미세돌연변이를 적용함으로써 개체들의 적응성을 높이고 다양성을 보장할수 있다. 이 미세돌연변이에는 삽입변이, 역전변이, 교환변이가 있는데 우리는 교환변이를 선택하였다.

2. 개선된 유전알고리즘의 적용

최량요소배열도들을 유전자로 하여 매 배치영역에 따르는 염색체를 코드화한 다음 나란히 이어서 전체 배치영역에 대하여 하나의 개체로 한다.

이로부터 탐색공간은 다음과 같다.

$$\begin{aligned} G_i^k &= g_1 g_2 g_3 \cdots g_j \cdots g_{p_i} \\ X_r &= G_1^1 G_2^1 G_3^1 \cdots G_{n1-2}^1 G_{n1-1}^1 G_{n1}^1 \cdots G_i^k \cdots G_1^n G_2^n G_3^n \cdots G_{nn-2}^n G_{nn-1}^n G_{nn}^n \\ P(t) &= \{X_1, X_2, X_3, \cdots, X_r, \cdots, X_M\} \end{aligned}$$

여기서 g_j 는 k 째 배치영역 i 째 유전자 G_i^k 의 j 째 도형, p_i 는 k 째 배치영역 i 째 유전자 G_i^k 를 이루는 도형개수, G_i^k 는 k 째 배치영역 i 째 유전자, X_r 는 t 세대의 r 째 개체, $P(t)$ 는 t 세대의 개체집단, M 은 개체집단의 크기, nk 는 k 째 배치영역에 놓이는 유전자들의 수이다.

이때 적응도함수는 다음과 같다.

$$f_k = \frac{\sum_{i=1}^{nk} s_i^k}{w_k l_k} \times 100, \quad f_r = \frac{\sum_{k=1}^n f_k}{n}$$

여기서 f_k 는 k 째 염색체의 적응도함수, f_r 는 전체 배치영역에 대한 평균적응도함수이다.

3. 개선된 유전알고리즘에 의한 2차원옷본도형배치문제의 실험 및 평가

실험파라미터로서 집단크기는 10, 교잡률은 0.8, 돌연변이률은 각각 0.02, 0.05로 주었다.

제안된 유전알고리즘에 기초한 2차원옷본도형배치문제의 효과성을 보기 위하여 임의의 형태의 도형들에 대한 배치실험을 하였다.

실험결과로부터 선행한 방법에 기초하면 우선 5번째의 세대에서부터 평균적응도는 급격히 올라가기 시작하며 목적함수의 최대값도 50번째의 세대에서 나타났지만 50세대 이후의 세대에 대해서 평균적응도는 좀처럼 수렴하지 않는다는것을 확인하였다.

그러나 제안한 개선된 유전알고리즘을 도입한 경우 집단의 수렴성은 선행한 알고리즘에 의한 2차원도형배치에 비하여 훨씬 개선되었다.

실험으로 검증된바와 같이 선행한 방법에서는 최량근사풀이에로의 수렴성이 불안정하고 탐색효율도 평균 81.93%로서 낮지만 제안된 방법에 의하면 최량근사풀이에로의 수렴성이 비교적 안정하고 탐색효율도 95.83%로서 대단히 높고 탐색시간도 선행한 방법의 200~300s에 비하여 0.5~2s로서 매우 짧다.

참 고 문 헌

- [1] K. Rashed et al.; Proc of 7th Int. Conf on Genetic Algorithms, 510, 2007.
[2] N. Mori et al.; 7th ICGA, 299, 2007.

주체104(2015)년 6월 5일 원고접수

A Stencil Layout Method by Enhanced Genetic Algorithm

Ri Song Uk, Jong Won Il

We propose a stencil layout method by enhanced genetic algorithm. We solved the problem of stencil layout by new combination of gene of the standard GA. The experimental results show that our method is effective to improve the convergence, search time and search efficiency to the best approximate solution.

Key words: GA, stencil layout