

최단 경로 라우팅을 위한 새로운 유전자 알고리즘

정희원 안창욱*, R.S. Ramakrishna*, 강충구**

A New Genetic Algorithm for Shortest Path Routing Problem

Ahn Chang Wook*, R.S. Ramakrishna*, Kang Chung Gu** *Regular Members*

요약

본 논문은 최단 경로 라우팅 문제의 해결을 위한 새로운 방식의 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm)을 제안한다. 이를 위해 가변길이(variable-length) 염색체(chromosome) 구조와 그에 따른 유전자 부호화(genes coding) 기법을 설계하고, 부분 염색체(partial-chromosome)를 교환하는데 있어서 교차점(crossing-site)에 의존성이 없는 교배(crossover) 기법과 개체군(population)의 다양성(diversity)을 유지하는 돌연변이(mutation) 기법을 개발한다. 또한, 모든 부적합(infeasible) 염색체를 간단하게 치료할 수 있는 복구 함수(repair function)를 제안한다. 제안 교배 기법과 돌연변이 기법의 상호 동작은 제안 알고리즘이 개체군의 다양성을 유지하면서 해-표면(solution -surface)을 효과적으로 탐색할 수 있도록 하여 해의 최적성(optimality) 및 수렴(convergence) 속도의 향상을 도모한다. 제안 알고리즘에 의해 계산된 경로의 최적성은 유전자 알고리즘을 이용하는 기존의 알고리즘보다 우수하고, 수렴 속도도 빠르다는 것을 컴퓨터 시뮬레이션을 통해 확인한다. 이 결과는 대부분의 출발지와 도착지 쌍에 대해 기존의 유전자 알고리즘 기반의 최단 경로 라우팅 알고리즘에 비해 네트워크 토폴로지에 비교적 덜 민감한 것으로 나타난다.

ABSTRACT

This paper presents a genetic algorithmic approach to shortest path (SP) routing problem. Variable-length chromosomes (strings) and their genes (parameters) have been used for encoding the problem. The crossover operation that exchanges partial chromosomes (partial-routes) at positionally independent crossing sites and the mutation operation maintain the genetic diversity of the population. The proposed algorithm can cure all the infeasible chromosomes with a simple repair function. Crossover and mutation together provide a search capability that results in improved quality of solution and enhanced rate of convergence.

Computer simulations show that the proposed algorithm exhibits a much better quality of solution (route optimality) and a much higher rate of convergence than other algorithms. The results are relatively independent of problem types (network sizes and topologies) for almost all source-destination pairs.

I. 서론

인터넷(Internet) 또는 Mobile Ad-hoc Network와 같은 다중-홉(multi-hop) 네트워크에서 출발지와 도착지간의 최적 경로를 탐색하는 라우팅 알고리즘은 시스템의 지연 및 수율 성능을 직접적으로 결정하는 매우 중요한 요소 기술이다^{[1][2]}. 이상적인 라우팅 알고리즘은 짧은 시간 내에 시스템의 수율을 극대화하는 동시에 평균 패킷 지연 시간을 최소화하는

최단 경로(Shortest Path: SP)를 찾는 것이다^{[2]-[4]}. 일반적으로 Dijkstra의 최단 경로 알고리즘을 통해 최적 경로를 계산할 수 있으나^[1], 네트워크 노드의 수가 많거나 실시간 서비스를 지원하는 네트워크 환경에서는 높은 계산 시간의 복잡도(computational time complexity)로 인하여 적합하지 않다^{[3][4]}. 이를 해결하기 위한 대표적인 발견적(heuristic) 방법들로서 신경망(Neural Network)^{[2]-[4]}과 유전자 알고리즘(Genetic Algorithms)^{[5]-[12]}이 고려되고 있다. 이는

* 광주과학기술원(K-JIST) 정보통신공학과 박사과정

** 고려대학교 정보통신대학 전파통신공학과 부교수

※ 본 논문은 2002년 4월 JCCI 학술대회에서 우수논문으로 선정되어 게재 추천된 논문입니다.

최단 경로 문제가 제한 조합 최적화(constrained combinatorial optimization) 문제로 귀결되며, 신경망이나 유전자 알고리즘이 이를 해결하기에 적합한 새로운 방법으로서 인지되기 때문이다^{[2][17]}. 컴퓨터 네트워크를 포함한 다양한 네트워크 환경에서 최단 경로 라우팅 문제^{[5][17]}, 멀티캐스팅(multicast) 라우팅 문제^{[8][9]}, ATM 상의 대역 할당(bandwidth assignment) 문제^[10], 용량 및 플로우 할당(capacity and flow assignment) 문제^[11], 그리고 동적 라우팅(dynamic routing) 문제^[12]를 해결하기 위해 유전자 알고리즘을 접목한 다수의 연구들이 수행되었다. 이러한 문제들은 모두 제한 조합 최적화 문제로 정식화(formulation)되며, 이를 위한 효율적인 해결책으로서 유전자 알고리즘을 고려하였다. 이동 ad-hoc 네트워크(Mobile ad-hoc network)는 이동단말들간의 다중 홉(multi-hop)을 통해 패킷 통신이 이루어지는 무선 네트워크로서, 경제적인 측면에서 유선 네트워크를 구성하기 어렵거나 또는 네트워크를 구성한 후에 단기간 사용하는 경우에 적합한 네트워크 구성 방식으로 고려되고 있다. 특히, 네트워크 단말의 이동에 따른 제약이 상대적으로 적고, 별도의 기간망과 중앙의 접속점(access point)이 필요하지 않기 때문에 네트워크의 구성이 신속하고 망 구축 비용이 저렴한 것을 장점으로 들 수 있다^[1]. 따라서, 전시에 필요한 군사적인 용도에서부터 학교, 병원, 생산공장, 전시장, 응급 구조 상황 등 매우 다양한 분야에 적용 가능하며, 이동 단말의 급증과 관련된 응용 서비스의 출현에 따라 그 필요성도 높아지고 있다^{[1][2]}. 또한, IEEE 802.11 및 Bluetooth 등과 같은 무선 LAN 및 초단거리 통신을 표준 규격에서도 이와 같은 이동 ad-hoc 방식의 망 구성을 기본적으로 지원하고 있다.

Yang은 전형적인 제한 조합 최적화 문제에 해당하는 TSP (Traveling Salesman Problem)을 유전자 알고리즘을 이용하여 접근하였다^[13]. 그 후, Munetomo는 가변길이(variable-length) 염색체 구조의 유전자 알고리즘을 이용한 최단 경로 라우팅 알고리즘을 제안하였다^[5]. 하지만, Munetomo 알고리즘은 교배(crossover) 동작에서 동일한 대립형질(allele)을 갖는 유전자 위치에 의존하여 제한적으로 생성되는 교차점(crossing sites)으로 인하여 해-표면(solution-surface)의 탐색 능력이 열악하다. 또한, 계산 시간의 복잡도가 높은 Dijkstra 최단 경로 알고리즘을 돌연변이(mutation) 동작에 적용할 뿐만 아니라, 돌연변이 동작의 핵심적인 역할인 개체군(popula-

tion)의 유전적 다양성(genetic diversity) 유지를 수행하지 못하고 있다. 한편, Munetomo 알고리즘을 보완하기 위한 방식으로써 Inagaki는 고정길이(fixed-length)의 염색체 구조의 유전자 알고리즘을 제안하였다^[6]. 비록 Inagaki 알고리즘은 경로상에 위치하는 노드의 관점에서 교차점의 위치 의존성을 경감하였으나, Inagaki의 교배 기법은 우수한 해를 개척하는 역할보다는 해-표면을 무작위적으로 탐색하는 역할이 매우 크다. 따라서, 우수한 염색체의 유전 인자들이 제대로 상속되지 못하고 도태되는 확률이 높아져서 수렴(convergence) 속도가 느릴 뿐만 아니라, 해의 최적성(optimality) 성능도 열악해진다. 한편, Inagaki는 돌연변이 기법에 대해 구체적으로 서술하지 않았지만, 전형적인 돌연변이 기법을 사용할 수 있다. 이러한 관점으로 볼 때, Inagaki 알고리즘은 오히려 Munetomo 알고리즘에 비해 성능이 저하될 높은 가능성을 지니고 있다. 덧붙여, 기존의 어떤 알고리즘들도 경로의 최적성 및 수렴 성능에 대해서 구체적인 비교 및 분석은 이루어지지 않았다.

따라서, 본 논문에서는 [5] 및 [6]에서 고려한 유전자 알고리즘 기반의 최단 경로 알고리즘의 최적성 및 수렴 성능을 향상시키는 새로운 형태의 유전자 알고리즘을 제안하고, 각 성능을 비교 및 분석한다. 즉, 제안 유전자 알고리즘은 가변 길이 염색체 구조와 그에 따른 유전자 부호화(genes coding) 기법을 보유하고, 부분 염색체(partial-chromosome)를 교환하는데 있어서 해-표면을 효과적으로 탐색할 수 있도록 교차점에 의존성이 없는 교배 기법과 개체군의 다양성을 유지하는 돌연변이 기법을 제안한다. 또한, 모든 부적합(infeasible) 염색체를 간단하게 치료할 수 있는 복구 함수(repair function)를 제안한다. 제안 교배 기법과 돌연변이 기법의 상호 동작은 제안 알고리즘이 개체군의 유전적 다양성을 유지하면서 해-표면(solution-surface)을 효과적으로 탐색할 수 있도록 하여 해의 최적성 및 수렴 속도 성능의 향상을 도모한다.

본 논문의 II 절에서는 유전자 알고리즘에 대해 간략히 소개하고, 이를 이용한 기존 최단 경로 라우팅 알고리즘의 문제점을 고찰한다. III 절에서는 제안하는 유전자 알고리즘 기반의 최단 경로 라우팅 알고리즘에 대해 기술하고, IV 절에서는 다양한 네트워크 환경에서 모의 실험을 통하여 제안 알고리즘의 성능을 비교 및 분석한다. 마지막으로, V 절에서 결론을 맺는다.

II. 유전자 알고리즘을 이용한 최단 경로 알고리즘의 개요

1. 유전자 알고리즘의 개요

유전자 알고리즘은 자연 생태계의 자연 선택(natural selection) 원리에 기반을 두고 개체군을 이용하여 전역적인 탐색을 통해 최적 해(optimal solution)를 찾는 확률적 탐색 알고리즘(stochastic search algorithm)이다^[14]. 기본 원리로서 다윈(Darwin)의 진화 이론인 적자 생존의 원칙을 모방하고 있기 때문에 우수 형질의 유전자는 후손에게 상당부분 유전되지만, 열성 형질의 유전자는 상당부분 도태된다.

유전자 알고리즘은 적합도 함수(fitness function), 유전 연산자(genetic operator), 그리고 문제의 해를 표현하는 염색체(chromosome)로 구성되며, 이 염색체는 세대를 거쳐 진화됨으로써 최종 수렴 해를 얻게 된다. 유전자 알고리즘의 유전 연산자는 선택(selection) 또는 재생산(reproduction), 교배(crossover), 그리고 돌연변이(mutation)의 세 동작으로 구성된다^{[14][15]}.

선택(selection)은 인위적 형태의 자연 선택 기법으로서 적합도의 비율에 따라 교배와 돌연변이를 위해 중간 세대(intermediate generation)로 현재 세대의 염색체가 복사되는 과정을 지칭한다. 따라서, 우수한 적합도를 지닌 염색체는 자신의 우수 유전 인자를 다음 세대의 더 많은 후손에게 상속시키기 위해서 중복하여 중간 세대에 복사된다.

교배(crossover)는 선택된 두 부모 염색체로부터 무작위적으로 결정되는 교차점을 기준으로 각각의 부염색체(sub-chromosome)를 교환하여 두 개체의 새로운 자식(children) 염색체를 생성하는 과정을 지칭한다. 자식 염색체는 부모 세대로부터 우수 형질 또는 열성 형질의 유전자를 상속받게 되는데, 열성 형질을 상속받은 자식 염색체는 다음 세대로의 진화를 거치는 과정 중에 열악한 적합도를 지니게 되어 도태된다. 즉, 교배는 이러한 방식으로 부모 세대로부터, 보다 우수한 품질의 해가 존재하는 방향으로 해-표면의 새로운 영역을 개척하는 자식 세대를 생성하는 역할을 한다.

돌연변이(mutation)는 선택된 부모 염색체중에서 무작위적으로 선택된 유전자의 대립형질(allele)을 변화시키는 동작을 지칭한다. 그래서, 돌연변이를 겪은 염색체는 돌연변이를 일으키기 전의 염색체

특성과 동일한 많은 유전 형질을 보유한다. 한편, 돌연변이의 가장 중요한 역할은 개체군의 유전적 다양성을 유지시켜서 유전자 알고리즘이 해-표면을 부분 탐색(local search)하는 것을 저지하여 최적해로 수렴하는 확률을 증가시키는 것이다^{[6][14][15]}.

2. 기존의 유전자 알고리즘 기반의 최단 경로 알고리즘

최근에 유전자 알고리즘을 이용하여 최단 경로 라우팅 문제를 접근한 Munetomo^[5]는 가변길이의 염색체 구조를 설계하고, 그에 따른 유전자 부호화 기법을 설계하여 주어진 출발지-목적지 노드 사이에서 최단 경로를 찾는 방법을 제안하였다. 이때, 가변길이 염색체는 출발지 노드부터 목적지 노드에 이르는 일련의 노드-열(node-sequence)을 유전자의 대립형질에 순차적으로 할당함으로써 부호화된다. 한편, 교배를 수행하기 위한 교차점은 동일한 대립형질(동일한 노드를 의미함)을 갖는 유전자가 염색체 상에서 동일한 위치(locus)에 있는(경로 상에서 출발지 노드로부터 동일한 홉의 수만큼 떨어진 경우를 의미함) 경우에만 형성된다. 따라서, Munetomo가 제안한 교배 기법은 유전자의 위치에 절대적인 의존성을 갖게 되어서 교차점의 개수 및 교배가 가능한 염색체의 조합에 대한 경우의 수를 감소시키기 때문에, 해-표면을 효과적으로 탐색할 수 없게 되어 발견 해의 최적성이 저하되는 문제점이 있다. 즉, 각 염색체가 탐색하는 경로들 중에서 동일 노드가 출발지에서부터 동일한 홉의 수만큼 떨어진 거리에 위치할 때만이 부분 염색체(부분 경로)를 서로 교환할 수 있기 때문에 해-표면의 탐색 능력이 열악해진 것이다. 또한, 돌연변이 동작에 있어서 염색체(라우팅 경로) 상의 한 유전자(노드)를 무작위적으로 선택한 후에 이와 연결된 노드들에 한 노드를 역시 무작위적으로 선택하고 이를 “돌연변이 노드(mutation node)” 이라 한다. 그 후, 출발지 노드에서 돌연변이 노드에 이르는 최단 경로를 Dijkstra 알고리즘을 이용하여 찾고, 돌연변이 노드에서 목적지 노드에 이르는 최단 경로도 동일한 알고리즘에 의해 발견하는 절차에 의해 돌연변이 염색체를 생성한다. 하지만, 계산 시간의 복잡성이 높은 Dijkstra 알고리즘을 이용하고 있으며, 동시에 돌연변이 동작의 가장 핵심적인 역할인 개체군의 유전적 다양성 유지 역할을 수행하지 못하는 문제점이 있다.

Munetomo 알고리즘이 갖는 교차점에 대한 위치

의존성을 경감(경로 상에 위치하는 노드의 관점임) 하고 보다 간단한 방법으로 돌연변이 동작을 수행하기 위한 방식으로, Inagaki^[6]는 고정길이(fixed-length)의 염색체를 설계하고 그에 따른 유전자 부호화 기법을 제안하였다. 염색체는 위치(locus) 번호와 동일한 ID를 갖는 노드와 링크가 형성된 노드들에 의해서 부호화된다. 즉, 염색체의 첫번째 위치 번호는 출발지 노드를 의미하고, 첫번째 염색체는 출발지 노드에서 시작한 경로가 경유하는 첫번째 노드로 부호화된다. 다음으로 첫번째 유전자와 동일한 위치 번호의 유전자는 라우팅 경로의 두번째 노드로 부호화되며, 이러한 절차는 목적지 노드에 이를 때까지 계속된다. 그리고, 이러한 절차에 의해 부호화되지 못한 유전자는 각 위치 번호에 해당하는 노드와 링크가 형성된 한 노드를 무작위적으로 선택하여 부호화시킨다. 따라서, 각 염색체는 하나의 경로와 네트워크 토폴로지 정보의 일부를 포함하고 있다. 하지만, Inagaki의 교배 동작에 의해 생성된 자손은 부모 염색체의 특성을 일부분 지니고 있지만, 우수한 형질만을 상속받을 확률이 작다. 즉, 교배 동작은 염색체간의 상호 교환 동작으로부터 더 좋은 해를 개척하는 역할을 수행해야 하지만, Inagaki가 제안한 교배 기법은 해-표면을 탐색하는데 있어서 더 우수한 해를 개척하는 역할보다는 무작위적으로 탐색하는 역할이 비교적 큰 비중으로 수행된다. 따라서, 우수한 염색체의 유전 인자들이 제대로 상속되지 못하고 도태되는 확률이 높아져서 수렴 속도가 느려질 뿐 만 아니라, 해의 최적성 성능도 열악해 지는 문제점이 있다. 그리고, Inagaki는 돌연변이 기법을 제안하지 않았지만 전형적인 돌연변이 기법을 사용할 수 있다. 하지만, 본 논문에서는 공정한 비교측면에서 본 논문에서 제안하는 돌연변이 기법을 Inagaki 알고리즘에 적합하도록 수정하여 적용한다.

한편, 최근 들어 다중 목적지(multiple destination)^[7] 또는 멀티캐스팅(multicasting) 라우팅^{[8][9]} 문제를 해결하기 위해 유전자 알고리즘들이 개발되었다. 하지만, 본 논문에서 고려하는 단일 목적지(one destination) 또는 유니캐스팅(unicasting) 라우팅 문제를 자연스럽게 위와 같은 종류의 라우팅 문제로 확장 가능하므로, 본 논문에서는 이에 대해 별도로 고려하지 않는다.

III. 제한 유전자 알고리즘 기반의 최단 경로 알고리즘

1. 문제의 정식화 (Problem Formulation)
 전형적으로 네트워크에서 출발지 노드 S 부터 목적지 노드 D 까지 최단 경로를 찾는 라우팅 문제는 네트워크 토폴로지를 N 개의 노드(node)와 L 개의 링크(link)를 지닌 방향성 그래프(directed graph) $G = (N, A)$ 에서의 최단 경로 문제로 정의할 수 있다^{[1][4]}. 이때, 각 링크 (i, j) 는 그에 상응하는 비용 C_{ij} 를 갖는데, 이는 노드 i 에서 노드 j 로 경로 설정시 소요되는 비용을 수치화한 값이다. 예를 들어, 컴퓨터 통신망의 경우에는 특정 패킷을 노드 i 에서 노드 j 로 전송했을 경우에 발생하는 큐잉(queueing) 및 전송 지연(transfer delay) 시간이 이에 해당하는 비용이 될 수 있다. 출발지 노드 S 에서 목적지 노드 D 를 연결하는 일련의 노드들을 방향성 경로(directed path) $P_{S \rightarrow D}$ 라고 정의하고, 이를 식 (1.a)과 같이 표현한다면, 경로 $P_{S \rightarrow D}$ 에서의 총 경로 비용 C_T 는 식 (1.b)와 같이 각 노드간 비용의 합과 같다^{[2][4]}.

$$P_{S \rightarrow D} : S \rightarrow I \rightarrow J \rightarrow K \rightarrow \dots \rightarrow R \rightarrow D \quad (1.a)$$

$$C_T = C_{SI} + C_{IJ} + C_{JK} + \dots + C_{RD} \quad (1.b)$$

한편, 최단 경로 설정 문제를 유전자 알고리즘을 이용하여 정식화하기 위해서는 최단 경로가 염색체의 최종 수렴 상태에서부터 결정되도록 하는 적당한 방안을 도출해야 한다. 즉, 네트워크상에 N 개의 노드가 존재한다면, 비용 행렬(cost matrix)은 대각 항이 존재하지 않는 $(N \times N)$ 행렬로 구성되며, 이 두 행렬은 유전 연산자를 수행할 때 네트워크 토폴로지 정보를 제공하는 역할을 수행한다. 또한, 모든 링크에 대해 I_{ij} 로 표현되는 경로 포함 식별자(route inclusion identifier)를 갖는데 이는 식 (2)와 같이 정의된다.

$$I_{ij} = \begin{cases} 1, & \text{if } \text{like}(i, j) \in P_{S \rightarrow D} \\ 0, & \text{elsewhere} \end{cases} \quad (2)$$

위의 정의를 이용하여 최단 경로 라우팅 문제는 다음과 같은 제한 조합 최적화 문제로 정식화될 수 있다.

$$\text{minimize } \sum_{i=S}^D \sum_{j=S}^D C_{ij} \cdot I_{ij} \quad (3.a)$$

subject to

$$\sum_{j=S}^D I_{ij} - \sum_{j=S}^D I_{ji} = \begin{cases} 1, & \text{if } i=S \\ -1, & \text{if } i=D \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \text{ and}$$

$$\sum_{j=S}^D \begin{cases} \leq 1, & \text{if } i \neq D \\ = 0, & \text{if } i = D \end{cases}, I_{ij} \in \{0, 1\}$$

for all i (3.b)

여기서 식 (3.a)는 경로를 구성하는 총 비용의 합을 목적 함수로 하여, 이를 최소화하고자 하는 것이다. 한편, 식 (3.b)는 특정 노드로 도착하는 (incoming) 경로들의 수를 그 특정 노드에서 출발하는(outgoing) 경로의 수와 같도록 하는 조건으로서, 출발지 노드에서 시작한 경로가 목적지 노드까지 루프를 형성하지 않고 도달이 가능하도록 하는 역할을 한다. 패킷 통신망의 관점에서는 특정 노드에 입력되는 패킷의 수와 그 노드에서 출력되는 패킷의 수가 동일하여 트래픽 흐름이 보존(flow conservation)된다는 조건에 해당한다. 본 논문에서는 유전자 알고리즘 기반의 최단 경로 설정 알고리즘을 설계하기 위해서 다음과 같은 염색체 구조, 적합도 함수, 유전 연산자, 그리고 복구 함수를 제안하였다.

2. 유전자 표현 (Genetic Representation)

제안 유전자 알고리즘의 염색체는 가변 길이를 갖으며, 라우팅 경로가 지나는 노드들의 ID를 나타내는 일련의 번호로써 구성되고, 첫번째 유전자는 항상 출발지 노드를 위해 할당된다. 따라서, 염색체의 위치(locus) 번호는 해당 노드가 라우팅 경로에서 출발지 노드로부터 떨어진 홉의 수를 나타낸다. 그리고, 염색체의 길이가 가변적이지만, 최대 길이 N 을 초과할 수 없으며, 여기서 N 은 네트워크 상의 노드의 숫자를 나타낸다. 이는 출발지-목적지 노드 간의 라우팅 경로가 네트워크상의 노드의 숫자를 초과하여 형성될 수 없기 때문이다. 한편, 염색체의 부호화는 비용 행렬 같은 네트워크 토폴로지 정보 DB (Database)를 기반으로 수행된다. 그러한 정보는 유선 및 무선 네트워크 환경에서 RIP^[16], OSPF^[17], DSDV^[18], DSR^[19], 그리고 VCRP^[20]와 같은 경로 설정 프로토콜(Routing Protocol)에 의해 실시간으로 수집 및 운용이 가능하다.

한편, 출발지 노드 S 에서 목적지 노드 D 에 이

르는 라우팅 경로에 대해 염색체를 부호화한 예는 그림 1과 같다. 즉, 예시된 경로 $S \rightarrow N_1 \rightarrow \dots \rightarrow N_k \rightarrow D$ 를 경유하면서 노드들의 번호가 염색체의 유전자에 순차적으로 부호화된다. 여기서 m 은 라우팅 경로를 형성하는 노드들의 수를 나타낸다.

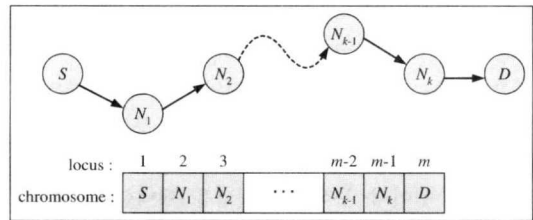


그림 1. 라우팅 경로 및 부호화 기법에 대한 예

그림 1에 예시된 바와 같이, 첫번째 위치의 유전자는 출발지 노드 S 에 의해서 부호화되고, 두번째 위치의 유전자는 출발지 노드 S 와 물리적 링크가 형성된 노드들 중에 무작위적(random) 또는 발견적(heuristic) 방법으로 선택된 노드에 의해 부호화된다. 그리고, 선택된 노드는 2회 이상 경로에 포함되는 것을 방지하기 위해서 토폴로지 정보 DB에서 삭제한다. 이러한 절차는 목적지 노드가 선택될 때까지 반복된다.

3. 개체군 초기화 (Population Initialization)

일반적으로 유전자 알고리즘의 개체군 초기화를 수행할 때 고려해야 할 2가지 요소가 있다. 첫번째는 개체군 크기(population size)이고, 두번째는 개체군을 초기화하는 절차이다^{[14][15]}. 초기 개체군의 크기에 대해 초창기 연구에서는 우수한 품질의 해를 얻기 위해서 문제의 복잡도에 비례하여 기하 급수적으로 개체군의 수를 증가시키는 것이 보편적으로 고려되었다. 하지만, 최근 연구에서는 허용 가능한 품질의 해를 가능한 적은 수의 개체군으로부터 얻을 수 있는 방안이 바람직한 것으로 고려되고 있다. 즉, 많은 개체군은 우수한 품질의 해를 얻을 수 있도록 하지만, 많은 저장 용량과 높은 계산 복잡도를 요구한다^{[14] [15]}. 따라서, 적절한 개체군 크기의 결정은 유전자 알고리즘의 성능을 극대화시키는 매우 중요한 요소이지만, 본 논문의 범주를 벗어나므로 이에 대한 문제는 다루지 않는다. 다만, 기존 유전자 알고리즘과의 공정한 비교를 수행하는데 초점을 둔다. 왜냐하면, 어떠한 형태의 알고리즘을 막론하고 공정한 비교를 수행한 결과, 보다 우수한 알고리

ضمام이 입증된다면 최적의 동작 조건에서도 해당 알고리즘이 우수한 성능을 보유하기 때문이다.

한편, 일반적으로 개체군을 초기화하는 방법에는 무작위적 초기화(random initialization)와 발견적 초기화(heuristic initialization)의 2가지 방식이 있다. 비록 발견적 초기화 방식은 초기의 평균 적합도가 전반적으로 높기 때문에 무작위적 초기화 방식을 이용하는 유전자 알고리즘보다 빠르게 최종 해를 찾을 수 있다. 하지만, 이는 개체군의 유전적 다양성을 부족하게 만들어 해-표면의 부분 탐색만을 수행할 수 있으므로 최적 해를 얻지 못할 가능성이 존재한다¹¹⁵⁾. 따라서, 본 논문에서는 개체군을 초기화하는데 있어서 무작위적 기법을 채택한다. 여기서 무작위적 초기화는 III.2 절에서 설명했던 방식으로 염색체를 부호화하는데 있어서 토폴로지 정보 DB로부터 무작위적으로 노드를 선택하는 방식을 의미한다.

4. 적합도 함수 (Fitness Function)

적합도 함수(fitness function)는 염색체가 갖는 유전적 형질의 품질을 물리적 수치로써 평가하는 역할을 한다^{7) 115)}. 그러나, 적합도 함수는 염색체의 품질을 정확하게 평가할 수 있어야 하므로, 적합도 함수의 설계는 유전자 알고리즘의 성능을 좌우하는 매우 중요한 요소이다¹¹⁵⁾. 다행히도 최단 경로 라우팅 문제에서의 적합도 함수는 매우 간단하고 정확한 형태로 설계가 가능하다. 이는 최단 경로 계산은 결국 최소 비용을 갖는 경로를 찾는 문제로 귀결되기 때문이다. 따라서, 계산의 효율성이 우수하고 염색체의 품질을 정확하게 평가할 수 있는 형태의 적합도 함수를 다음과 같이 설계했다.

$$f_i = \left(\sum_{j=1}^{m-1} C_{g(j), g(j+1)} \right)^{-1} \quad (4)$$

여기서 f_i 는 염색체의 적합도 값을 나타내고, m 는 i^{th} 염색체의 길이를 의미하며, $g_j(j)$ 는 i^{th} 염색체의 j^{th} 위치의 유전자를 나타내고, C 는 노드 간의 링크 비용을 의미한다.

일반적으로 적합도 함수는 주어진 문제에 대한 목적 함수와 밀접한 연관 관계를 갖는데⁷⁾¹¹³⁾¹¹⁴⁾, 이러한 맥락으로 볼 때 적합도 함수 (4)는 본 논문에서 다루고자 하는 문제의 목적 함수 (3.a)를 완벽하게 반영하고 있다. 다만, 목적 함수 (3.a)는 최소화의 관점인 반면, 적합도 함수 (4)는 최대화의 관점이라는 것이 차이점이다. 한편, 평가된 적합도는 염

색체의 선택 동작을 위한 기준을 제공한다.

5. 선택 (Selection)

선택(selection) 또는 재생산(reproduction)은 우수한 품질의 염색체가 다음 세대에 유전되는 가능성을 증가시켜 개체군의 평균 품질을 향상시키는 역할을 한다¹⁴⁾¹¹⁵⁾. 그래서 선택은 해-표면상에서 최적 해가 존재 가능한 영역을 집중 탐색할 수 있도록 한다.

선택 방식에는 일반적으로 비율-기반 선택(proportion-ate-based selection)과 순서-기반 선택(ordinal-based selection)의 2가지 방식이 있다¹⁵⁾. 비율-기반 선택은 개체군의 염색체들의 평균 적합도에 대한 각 염색체의 적합도의 상대적 비율을 기반으로 염색체를 선택하는 방식을 의미한다. 비율적 선택(proportion selection), 확률적 잔여분 선택(stochastic remainder selection), 그리고 확률적 통괄 선택(stochastic universal selection) 등이 대표적인 방식에 속한다. 한편, 순서-기반 선택은 개체군에 있어서 염색체의 등급을 기반으로 염색체를 선택하는 방식을 의미한다. 따라서, 이 방식에서 선택 강도(selection intensity)는 개체군의 적합도 분포(distribution)와는 독립적이다. 여기서 선택 강도는 적합도가 높은 염색체의 유전이 선호되는 정도(degree)로써 정의되고, 이는 선택 동작이 종료된 후에 기대되는 개체군의 평균 적합도를 의미한다. 승자진출 선택(tournament selection), (μ, λ) 선택, 절단 선택(truncation selection), 그리고 선형 등급 선택(linear ranking selection)등이 대표적인 방식에 속한다.

한편, 무교체 승자진출 선택(tournament selection without replacement)은 선택 잡음(selection noise)을 가능한 최소화하려는 방식이다. 여기서 무교체 승자진출 선택이란, 서로 다른 개의 염색체를 개체군으로부터 선택하여 가장 우수한 적합도를 갖는 염색체를 다음 세대의 부모 염색체로 선택하는 방식을 의미한다. 전형적으로 승자진출전의 크기(tournament size)는 2이며, 이는 pair-wise 승자진출 방식이라 지칭한다¹⁵⁾. 이는 적절한 선택 강도를 보유하고 있어서 해의 최적성이 우수하며, 수렴 성능도 열악하지 않은 기법으로 간주되고 있다. 따라서, 제안하는 유전자 알고리즘은 무교체 pair-wise 승자진출 선택 방식을 채택한다.

6. 교배 (Crossover)

교배(crossover)는 두 부모 염색체의 부분 염색체 (partial chromosome)를 교환하여 보다 우수한 형질을 지닌 자식 염색체를 생성하는 역할을 한다^{[14][15]}. 즉, 교배는 유전자 알고리즘이 최적 해의 존재 가능성이 높은 영역의 해표면을 탐색하도록 하는 방법이다.

일반적으로는 n -점 (n -point) 교배 방식이 고려되는데, 이는 두 개의 염색체를 개의 교차점을 기준으로 $n+1$ 개의 조각으로 분할하고, 각 부분 염색체를 번갈아 가며 교환하는 방식이다. 원칙적으로 유전자 알고리즘은 단일점(one-point) 교배를 사용하나, 이는 각 염색체의 머리(head)와 꼬리(tail)에 분포하는 형질이 동시에 하나의 자식 염색체에 유전될 수 없다는 단점이 있다. 한편, n -점 교배 방식의 효율성은 유전자의 위치에 의존된다는 단점을 지니고 있으며, 이를 해결할 수 있는 방법으로는 균일 교배 (uniform crossover)가 있다. 균일 교배는 부모 염색체간의 각 유전자를 무작위적으로 교환하는 방식을 의미한다^[15].

한편, 단일점 교배 기법은 위에 언급한 것과 같은 단점이 있음에도 불구하고 제안 유전자 알고리즘을 위한 적합한 기법으로 고려된다. 왜냐하면, 가장 우수한 성능을 보유하고 있는 균일 교배는 본 논문에서 고려하는 염색체 구조와 부호화 특성상 사용할 수 없으며, 2-점 이상의 교배를 고려할 경우에 두 부모 염색체가 2-점 이상의 교차점을 갖는 확률이 작아서 해표면을 탐색할 수 있는 능력이 오히려 저하되기 때문이다. 즉, 2-점 이상의 교배로부터 얻는 이득보다는 해표면의 탐색 능력의 저하가 심각하여 전체적으로 유전자 알고리즘의 성능이 떨어지게 된다. 또한, 2-점 이상의 교차점을 기준으로 교배를 수행하는데 있어 매우 복잡한 절차가 필요하게 된다. 따라서, 최단 경로 라우팅 문제에 있어 단일점 교배는 두 염색체가 갖는 각 부분-경로(출발지 노드 → 교차점 노드, 교차점 노드 → 목적지 노드)를 간단한 절차에 의해 교환하도록 하여 자식 염색체가 더욱 적은 비용을 지닌 새로운 경로를 발견할 수 있도록 한다.

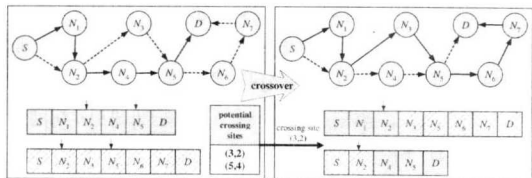
하지만, Munetomo의 알고리즘^[5]과 같이 전형적인 단일점 교배 방식처럼 염색체상의 동일 위치에 서만 교차점이 형성되어 교배를 수행하는 기법 (출발지 노드로부터 동일한 홉의 수만큼 떨어져 존재하는 노드들간에만 교배가 가능한 기법)은 해표면의 탐색 능력을 극대화하지 못하는 단점을 보유하고 있다. 따라서, 본 논문에서는 그림 2에 제시된

것과 같은 유전자 위치에 의존성이 없는 교배 방식을 제안한다. 그림 2 (a)는 제안 교배 방식에 대한 pseudocode를 나타내며, 그림 2 (b)는 제안 교배 방식의 구체적 동작 절차를 예시한다.

```

/* C1, C2 : Input, C1*, C2* : Output */
/* n1: length of chromosome, n2: length of chromosomes */
for (all i, j) { /* Find the potential crossing sites */
    /* if a node is commonly included in two chromosomes */
    if ( C1[i] == C2[j] ) {
        /* Construct a set of potential crossing sites */
        sp[k] = (i, j); }
}
/*Randomly choose a crossing site */
sc = rand-choose (sp);
C1* = C1[1:sc(1)] // C2[sc(2)+1:n2]; /* 1st exchange */
C2* = C2[1:sc(2)] // C1[sc(1)+1:n1]; /* 2nd exchange */
    
```

(a) 제안 교배 방식에 대한 Pseudocode



(b) 제안 교배 방식의 동작 절차에 대한 예

그림 2. 제안 교배 방식에 대한 전반적 동작 절차

그림 2 (b)에 예시된 바와 같이, 우선 제안 교배 기법은 선택된 두 염색체의 유전자 위치에 관계없이 동일한 노드(대립 형질)를 포함하고 있는 유전자의 위치 쌍(locus -pair)에 대한 집합을 형성하고, 이를 [5]에서의 같이 잠재 교차점(potential crossing points)이라 지칭한다. 그 후, 잠재 교차점으로부터 하나의 쌍을 무작위적으로 선택하는데, 이는 교배 동작을 수행할 때 교차점이 되고 동일한 유전자의 위치에는 의존하지 않는다. 즉, 그림 2 (b)에서 잠재 교차점은 (3,2)와 (5,4)이며, 교배가 이루어지는 교차점은 (3,2)로 서로 다른 염색체 위치를 기준으로 교배가 수행되었다.

한편, 교배 동작 중에 제약 조건 (2.b)의 위반으로 인해 경로상의 루프(loop)가 발생가능하며, 이러한 경로에 해당하는 염색체를 부적합 염색체 (infeasible chromosome)라고 한다. 물론, 이러한 염색체는 여러 세대를 거치면서 자연 도태되지만, 유

전자 알고리즘의 수렴 속도 및 최적성 성능을 위해 서 간단한 대처 방안이 요구된다. 이를 위한 방안으 로는 복구(repair)와 벌칙(penalty)의 두 방법이 존재 하고 이에 대한 설명은 III.8 절에서 상세히 다룬다.

7. 돌연변이 (Mutation)

일반적으로 돌연변이(mutation)는 염색체의 유전 자를 다른 대립형질로 돌연변이 시켜서 개체군의 유전적 다양성을 유지하는 역할을 수행한다^{[14][15]}. 즉, 돌연변이는 유전자 알고리즘이 준최적 해로 수렴하는 것을 방지하고 최적 해를 찾도록 모든 해-표 면을 탐색하도록 하는 방법이다. 그렇지만, 많은 수 의 염색체를 돌연변이 시킬 경우에는 최적해를 향 해 탐색 영역을 집중시키지 못하고 오히려 최종 해 를 향해 수렴중인 개체군을 해-표면 상에 무작위적 으로 분산시킬 수 있기 때문에 수렴 및 최적성 성 능이 열악해질 수 있다^[14]. 따라서, 보편적인 돌연변 이 확률은 각 유전자에 대해 0.01 또는 0.05의 값 을 갖는다. 한편, 돌연변이 동작은 유전자 알고리즘 의 수렴 성능을 약간 감소시킬 수는 있지만, 기존 개체군으로는 탐색할 수 없는 영역의 해-표면을 탐 색할 수 있는 형태로 변형된 염색체를 생성하므로 준최적 해로의 수렴 가능성을 줄여준다.

물리적으로, 최단 경로 라우팅 문제에서 개체군 의 유전적 다양성을 유지하는 형태와 동일한 의미 를 지닌 돌연변이 기법은 경로의 특정 부분을 다른 부분 경로로 대체하는 것이다. 따라서, 본 논문에서 는 그림 3에 제시된 것과 같은 돌연변이 기법을 제 안한다. 그림 3 (a)는 제안 돌연변이 방식에 대한 pseudocode를 나타내며 그림 3 (b)는 제안 돌연변 이 방식의 구체적 동작 절차를 예시한다. 그림 3 (b)에 예시된 바와 같이, 돌연 변이를 위해 선택된 염색체의 한 유전자 N_2 가 무작위적으로 선택되고, 이러한 유전자를 “돌연변이점(mutation point)” 이 라 지칭한다. 그 후, 돌연변이점과 링크가 형성된 노드들 중에서 한 노드 N_1 를 무작위적으로 선택하 여 유전자 N_4 를 대체한다. 이러한 절차를 목적지 노드가 선택될 때까지 지속한다.

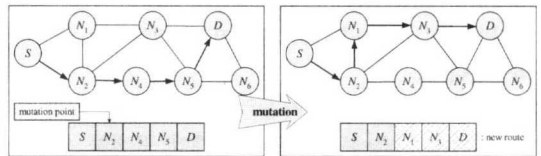
한편, 돌연변이점을 중심으로 출발지 노드지 방 향으로의 상위 부분 경로(upper partial-route)는 돌 연변이 절차를 거치더라도 생존하기 때문에 돌연변 이 동작 전에 해당 노드들을 토폴로지 정보 DB에 서 삭제하고, 또한 돌연변이 과정 중에서 선택된 노 드도 토폴로지 정보 DB에서 삭제해야 한다. 이는 동일 노드가 라우팅 경로에 2회 이상 포함되는 현

상을 방지하기 위한 절차이다.

```

/* C: Input, C*: Output, T: Topological information DB */
/* Randomly choose a node as a mutation point */
sm = rand_choose(C);
/* Delete the nodes of upper partial-route from T */
delete(T, C, sm);
/* Put the upper partial-route to the mutation chromosome */
C* = C[1:sm];
while (1) {
    /* Choose a node from T & delete the node from T */
    C*[sm+1] = choose_rand_delete(T, C*[sm]);
    if (C*[sm+1] == destination) break;
    sm++; /* increment the sm */
}
    
```

(a) 제안 돌연 변이 방식에 대한 Pseudocode



(b) 제안 돌연 변이 방식의 동작 절차 예

그림 3. 제안 돌연 변이 방식에 대한 전반적 동작 절차

8. 복구 함수 (Repair Function)

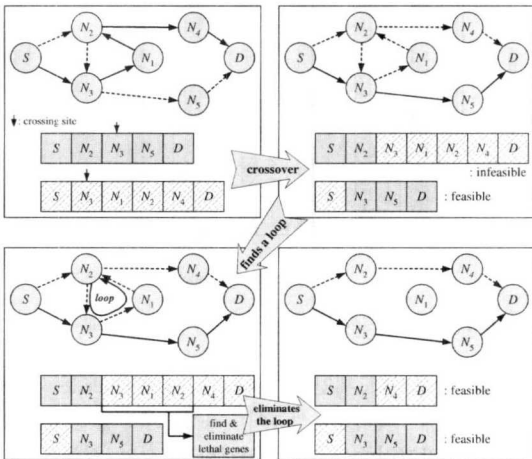
교배는 제약 조건 (3.b)를 위반하여 경로상의 루 프를 포함하는 부적합 염색체를 형성할 가능성을 지닌다. 하지만, 개체군 초기화 절차나 돌연변이 연 산자는 결코 부적합 염색체를 생성하지 않는데, 이 는 한번 선택된 노드를 토폴로지 정보 DB에서 제 거함으로써 동일한 노드가 2회 이상 선택될 가능 성을 제거했기 때문이다. 한편, 보편적으로 이러한 염 색체에 대한 대책은 복구(repair)와 벌칙(penalty)의 두 방법이 있다. 비록 복구 방법이 널리 사용되지 만, 항상 부적합 염색체를 간단히 복구하지는 못 한 다. 이러한 경우에는 전형적으로 벌칙 함수를 적용 하는데, 계산의 복잡도를 증가시키지 않으면서 빠른 수렴 성능과 우수한 최적성 성능을 발휘할 수 있도 록 적절한 벌칙 함수를 설계하는 것이 어렵다는 문 제가 있다. 이러한 상황에서 다행히도 제안 유전자 알고리즘에서는 사멸(lethal)한 유전자들을 (경로상의 루프를 형성하는 노드를 나타냄) 제거함으로써 모든 부적합 염색체를 복구할 수 있다. 즉, 제안 유전자 알고리즘에서는 계산의 복잡도를 심각하게 증가시키 지 않고 경로상의 루프를 찾아서 제거하는 복구 기

법을 제안한다. 제안하는 복귀 함수에 대한 pseudocode는 그림 4 (a)에 제시되어 있으며, 구체적인 동작 절차는 그림 4 (b)에 예시되어 있다.

```

/* C: Input, C*: Output, n: length of chromosome */
for (all i, j & i < (n-j) )
    if ( C[i] == C[n-j] ) /* Find a loop */
        C* = C[1:i] // C[n-j+1:n]; /* Eliminate the loop */
    
```

(a) 제안 복귀 함수에 대한 Pseudocode



(b) 제안 복귀 함수의 동작 절차 예

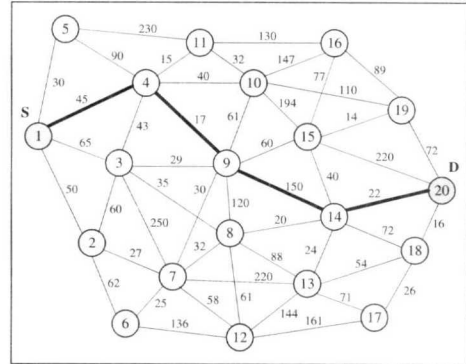
그림 4. 제안 복귀 함수에 대한 구체적인 동작 절차

IV. 모의 실험 결과 및 분석

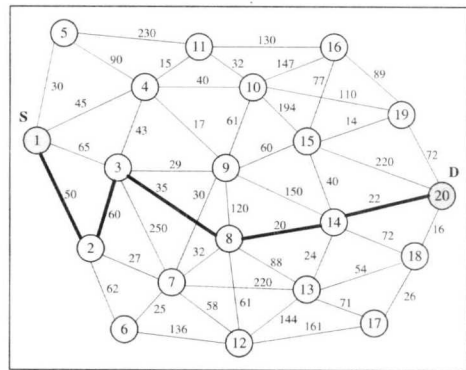
본 논문에서 제안하는 유전자 알고리즘을 이용한 라우팅 알고리즘의 성능을 Munetomo가 제안한 유전자 알고리즘⁵⁾과 Inagaki가 제안한 유전자 알고리즘⁶⁾의 성능과 비교하고, 이를 위해 다양한 형태의 네트워크 토폴로지를 고려한다. 그리고, Dijkstra 알고리즘¹⁾에 의해 결정된 최적 해와 제안 알고리즘이 도출하는 해를 비교하여 최적성(optimality)에 대한 성능 비교와 각 알고리즘에 대한 수렴 속도 성능에 대한 비교도 함께 수행한다. 한편, 모든 실험에 있어 돌연변이 확률은 전형적인 수치 중의 하나인 0.05를 사용하고, 각 유전자 알고리즘의 개체군의 크기는 네트워크상에 존재하는 노드 수와 동일한 크기로 설정한다. 그리고, 개체군의 모든 염색체가 동일한 해에 수렴한 경우에 유전자 알고리즘을 종료한다.

1. 고정 네트워크에 대한 모의 실험 결과

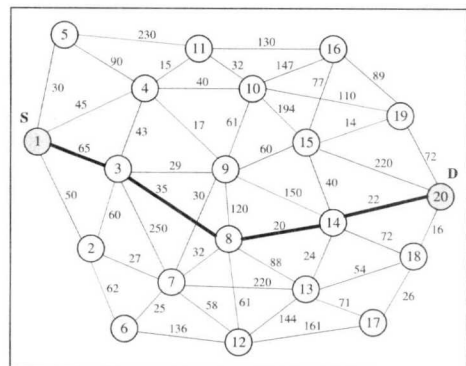
본 실험에서는 20개 노드를 갖는 비중(weighted) 네트워크 토폴로지를 고려한다. 그림 5는 위의 네트워크에 대해 각 알고리즘의 적용 결과 발견된 경로를 도시한 결과로서, 제안 유전자 알고리즘이 발견한 경로는 최적 경로를 발견하는 Dijkstra 알고리즘의 결과와 동일하였다. 그러나, Munetomo 알고리즘과 Inagaki 알고리즘은 모두 준최적 경로를 찾음을 확인할 수 있었다.



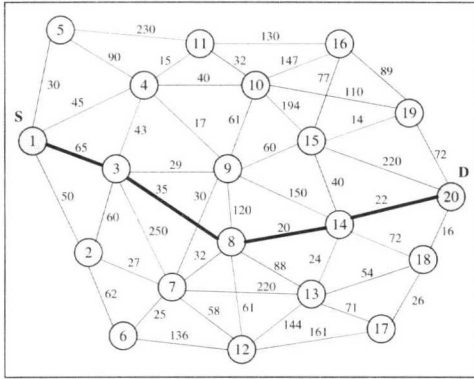
(a) Inagaki 알고리즘 (전체 경로 비용: 234)



(b) Munetomo 알고리즘 (전체 경로 비용: 187)



(c) 제안 알고리즘 (전체 경로 비용: 142)



(d) Dijkstra 알고리즘: 최적 경로 (전체 경로 비용: 142)
 그림 5. 예제 네트워크에서의 최단 경로 탐색 결과

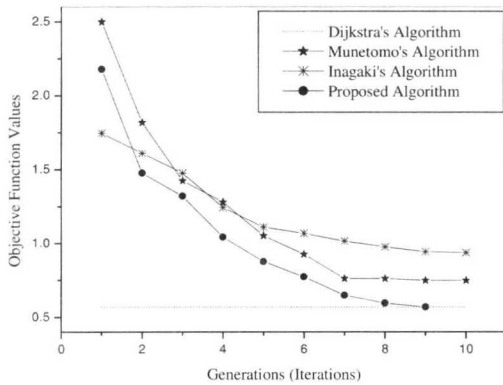


그림 6. 예제 네트워크에서의 목적 함수 진화 경향

한편, 각 알고리즘의 목적 함수 값의 진화 경향은 그림 6과 같다. 그림 6으로부터 제안 유전자 알고리즘은 다소 열악한 출발 위치에도 불구하고 Munetomo 알고리즘과 Inagaki 알고리즘에 비해 가장 적은 세대를 진화한 후에 Dijkstra 알고리즘이 발견하는 최적 경로에 해당하는 목적 함수 값으로 수렴함을 확인하였다. 즉, 이는 모든 알고리즘이 동일한 개체군의 크기를 사용하기 때문에 제안 유전자 알고리즘이 가장 빠른 수렴 속도를 보유한다고 간주할 수 있다. 하지만, 알고리즘의 수렴 성능은 동일한 품질의 해를 찾을 때까지 적합도 함수를 평가한 회수로 비교해야 한다^[21]. 이러한 측면에서 수행되는 수렴 성능의 비교는 IV.2 절에서 다룬다.

2. 랜덤 네트워크에 대한 모의 실험 결과

이번 절에서는 IV.1 절의 고정 네트워크에 대한 모의 실험에서 도출한 결과가 모든 형태의 문제(네트워크 토폴로지)에 대해 유효함을 검증한다. 이를

위해 15부터 50개의 노드까지 5개의 노드씩 증가시키면서 각각에 대해 무작위적으로 0 부터 1 사이의 비용을 설정하고, 1000개의 랜덤 토폴로지를 갖는 네트워크를 생성하여 경로의 최적성과 수렴 속도에 대해서 비교하였다. 우선, 경로의 최적성 성능에 대한 결과는 그림 7과 같다.

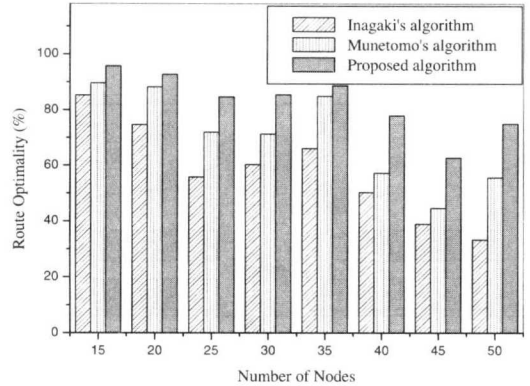


그림 7. 랜덤 네트워크에 대한 경로의 최적성 비교

그림 7로부터 제안 유전자 알고리즘은 모든 경우에 대하여 최적성 성능이 가장 우수했던 반면, Inagaki 알고리즘은 가장 열악한 최적성 성능을 보유함을 확인할 수 있었다. 또한, 구체적인 비교를 위해 위의 실험결과를 요약하면 표 1과 같다.

표 1. 각 알고리즘에 대한 경로의 최적성 비교

항 목		알고리즘		
		Inagaki 알고리즘	Munetomo 알고리즘	제안 알고리즘
경로의 최적성(%)	평균	59.05	70.41	82.88
	표준편차	17.45	16.70	10.67

표 1에서 경로의 최적성은 시뮬레이션을 수행한 랜덤 토폴로지에 대해서 각 알고리즘에 의해 실제로 탐색한 경로가 최적 경로인 비율(%)로 나타낸다. 네트워크 토폴로지의 노드의 수와 동일한 크기로 개체군을 설정하였을 경우에 제안 알고리즘의 최적성은 약 83%로, Munetomo 알고리즘과 Inagaki 알고리즘에 비해 각각 10%와 25% 정도의 성능 향상을 보임을 알 수 있었다. 또한 제안 알고리즘의 표준편차는 기존의 두 알고리즘에 비해 가장 작은 값을 나타냈으며, 이는 네트워크 토폴로지에 대해 제안 알고리즘의 최적성 성능이 가장 강건한(robust) 특성이 있음을 의미한다. 이러한 이득은 제안 교배

기법의 효과적인 해-표면 탐색 능력과 제안 돌이변이 기법의 개체군에 대한 유전적 다양성 유지 능력의 복합적 영향에 기인한 결과이다.

다음으로 각 알고리즘의 적합도 함수 평가 회수를 고려함으로써 수렴 성능을 비교한다. 하지만, 수렴 성능에 대한 공정한 비교를 위해서는 동일한 품질의 해를 도출할 때까지의 평균 적합도 함수 평가 회수를 고려해야 한다^[21]. 그러나, 각 알고리즘에 대해서 동일한 품질의 해를 얻을 수 있도록 개체군의 크기를 설정하는 것이 매우 어렵기 때문에, 각 알고리즘의 최적성 성능의 순위를 지키는 범주 내에서 개체군의 크기를 설정하는 방안을 고려하였다. 따라서, 그림 8에서 확인할 수 있었던 최적성 성능의 순위를 지키면서 유사한 품질의 해를 얻을 수 있도록 개체군의 크기를 설정한다. 왜냐하면, 만약 특정 알고리즘이 다른 알고리즘에 비해 더 적은 회수의 적합도 함수의 평가로 더 우수한 품질의 해를 얻을 수 있다면, 그 알고리즘은 가장 빠른 수렴 성능을 보유한다고 말할 수 있기 때문이다. 그리고, 그림 6과 그림 7에서 제안 알고리즘이 가장 빠른 수렴 성능을 보유하고, Inagaki 알고리즘이 가장 느린 수렴 성능을 보유함을 예측할 수 있었다. 이러한 이유에서 수렴 성능의 비교를 위해 위의 방식으로 개체군의 크기를 설정할 수 있다. 이렇게 개체군의 크기를 설정하고 각 알고리즘을 랜덤 네트워크에 적용하면, 각 알고리즘에 대한 평균 적합도 함수의 평가 회수를 얻을 수 있으며, 이는 그림 8과 표 2에 제시되어 있다.

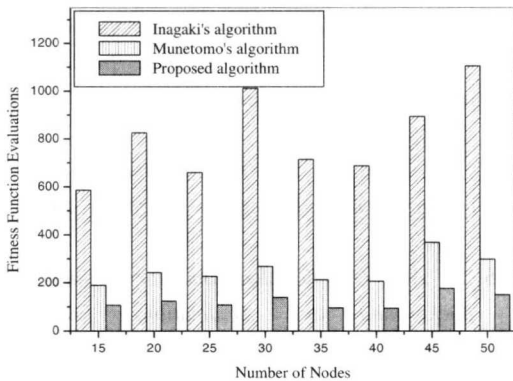


그림 8. 랜덤 네트워크에 대한 수렴 성능의 비교

그림 8과 표 2로부터, 제안 유전자 알고리즘은 모든 경우에 대해서 기존 알고리즘에 비해 빠른 수렴 성능을 보유함을 확인할 수 있다. 왜냐하면, 유

사한 품질의 해 (표 1에서 언급했던 각 알고리즘의 최적성 성능의 순위를 지키고, 수렴 해에 대한 품질의 차이는 최대 4%임)를 얻기 위해 수행했던 적합도 함수의 평균 평가 회수가 가장 적기 때문이다.

표 2. 각 알고리즘에 대한 수렴 성능의 비교

항 목		알고리즘		
		Inagaki 알고리즘	Munetomo 알고리즘	제안 알고리즘
경로의 최적성 (%)		75.62	77.91	79.86
적합도 평가 회수	평균	810.5440	251.9105	122.3158
	표준편차	181.9882	58.9393	31.6627

또한 표 2로부터, 제안 유전자 알고리즘은 평균 122회의 적합도 함수를 평가한 후에 수렴했으며, 이는 Inagaki 알고리즘과 Munetomo 알고리즘에 비해 각각 85%와 50% 정도의 수렴 성능 이득을 얻었다. 하지만, 이러한 이득은 제안 알고리즘의 수렴 성능 이득에 대한 하한 경계 값(lower bound)인데, 이는 제안 알고리즘이 여전히 가장 우수한 품질의 해를 도출하고 있기 때문이다. 그리고, 제안 알고리즘의 수렴 성능에 대한 표준 편차는 기존의 두 알고리즘에 비해 가장 작은 값을 나타냈으며, 이는 네트워크 토폴로지에 대해 제안 알고리즘의 수렴 성능이 가장 강건한 특성이 있음을 의미한다. 이미 언급했듯이, 이러한 이득은 제안 교배 기법의 효과적인 해-표면 탐색 능력과 제안 돌이변이 기법의 개체군에 대한 유전적 다양성 유지 능력의 복합적 결과이다.

IV. 결론

본 논문에서는 유전자 알고리즘 기반의 최단 경로 알고리즘을 제안했다. 가변 길이 염색체 구조에서 단순하면서도 효과적으로 해-표면을 탐색할 수 있도록 유전자의 위치에 무관하게 동일한 대립형질을 갖는 유전자 사이에서 교배를 수행할 수 있는 형태의 교배기법을 제안했다. 또한 염색체가 나타내는 경로상에서 부분 경로를 대체함으로써 돌연변이 본연의 역할인 유전적 다양성을 유지시켜서 준최적 해에 수렴하는 확률을 줄이는 돌연변이 기법을 제안했다. 그리고, 교배 동작에서 발생할 수 있는 부적합 염색체를 극심한 복잡도의 증가 없이 치료할 수 있는 복구 함수를 제안했다.

컴퓨터 시뮬레이션을 통하여 제안 유전자 알고리

즘의 탐색 경로 최적성은 유전자 알고리즘을 이용하는 기존의 알고리즘보다 더 우수하며, 최종 경로의 발견까지의 수렴 성능도 우수함을 확인할 수 있었다. 네트워크 상에 존재하는 노드의 수와 동일한 크기로 개체군을 설정했을 경우에 최적해 성능은 Inagaki 알고리즘과 Munetomo 알고리즘에 비해 각각 25%와 10%의 성능 이득을 얻었다. 그리고, 수렴 성능은 Inagaki 알고리즘과 Munetomo 알고리즘에 비해 각각 85%와 50%의 성능 이득을 얻었다. 또한, 이 결과는 거의 모든 출발지와 도착지 쌍에 대해 기존의 유전자 알고리즘 기반의 최단 경로 탐색 알고리즘에 비해 네트워크 토폴로지에 비교적 덜 민감함을 알 수 있었다.

참 고 문 헌

- [1] W. Stalling, *High-Speed Networks: TCP/IP and ATM Design Principles*, Prentice Hall, Inc., 1998.
- [2] M.K. Ali and F. Kamoun, "Neural Networks for Shortest Path Computation and Routing in Computer Networks," *IEEE Transactions on Neural Networks*, Vol. 4, No. 6, pp. 941-954, November 1993.
- [3] D.C. Park and S.E. Choi, "A Neural Network based Multi-destination Routing Algorithm for Communication Network," *Proceedings of Joint Conference on Neural Networks*, pp. 1673-1678, 1998.
- [4] C.W. Ahn, R.S. Ramakrishna, C.G. Kang, and I.C. Choi, "Shortest Path Routing Algorithm Using Hopfield Neural Network," *IEE Electronics Letters*, Vol. 37, No. 19, pp. 1176-1178, September 2001.
- [5] M. Munetomo, Y. Takai, and Y. Sato, "A Migration Scheme for the Genetic Adaptive Routing Algorithm," *IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*, pp. 2774-2779, 1998.
- [6] J. Inagaki, M. Haseyama, and H. Kitajima, "A Genetic Algorithm for Determining Multiple Routes and Its Applications," *Proceedings of IEEE International Symposium on Circuits and Systems*, pp. 137-140, 1999.
- [7] Y. Leung, G. Li, and Z.B. Xu, "A Genetic Algorithm for the Multiple Destination Routing Problems," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 2, No. 4, pp. 150-161, November 1998.
- [8] Z. Xiawei, C. Changjia, and Z. Gang, "A Genetic Algorithm for Multicasting Routing Problem," *International Conference Communication Technology Proceedings, WCC-ICCT 2000*, pp. 1248-1253, 2000.
- [9] Q. Zhang and Y.W. Leung, "An Orthogonal Genetic Algorithm for Multimedia Multicast Routing," *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, Vol. 3, No. 1, pp. 53-62, April 1999.
- [10] H. Pan and I.Y. Wang, "The Bandwidth Allocation of ATM through Genetic Algorithm," *Proceedings of IEEE GLOBECOM'91*, pp. 125-129, 1991.
- [11] M.E. Mostafa and S.M.A. Eid, "A Genetic Algorithm for Joint Optimization of Capacity and Flow Assignment in Packet Switched Networks," *Seventeenth National Radio Science Conference*, pp C5-1~C5-6, 2000.
- [12] N. Shimamoto, A. Hiramatsu, and K. Yamasaki, "A Dynamic Routing Control Based on a Genetic Algorithm," *IEEE International Conference on Neural Networks*, pp. 1123-1128, 1993.
- [13] R. Yang, "Solving Large Traveling Salesman Problems with Small Populations," *International Conference on Genetic Algorithms in Engineering Systems: Innovations and Applications*, pp. 157-162, 1997.
- [14] D.E. Goldberg, *Genetic Algorithms in search, optimization, and machine learning*, Addison Wesley, Reading, Massachusetts.
- [15] X. Hue, *Genetic Algorithms for Optimisation: Background and Applications*, Edinburgh Parallel Computing Centre The University of Ediburgh, Ver 1.0, February 1997.
- [16] C. Hedrick, Routing Information Protocol, RFC 1058, June 1988.
- [17] J. Moy, Open Shortest Path First protocol, RFC 1583, March 1994.
- [18] C.E. Perkins and P. Bhagwat, "Highly

