

## 보조 모집단을 이용한 유전자 알고리즘의 수렴속도 개선

이홍규\*, 이재오<sup>1</sup>

<sup>1</sup>한국기술교육대학교 전기전자통신공학부

### Improvement of the GA's Convergence Speed Using the Sub-Population

Hong-Kyu Lee<sup>1\*</sup>, Jae-Oh Lee<sup>1</sup>

<sup>1</sup>School of Electrical, Electronics and Communication Engineering,  
Korea University of Technology and Education

**요약** 유전자 알고리즘은 탐색과 최적화 문제에 대한 효과적인 방법으로 이용되고 있으나 다수의 정점이 있는 다중정점 함수에 대한 응용에 있어서는 지역해에 조기 수렴하여 고착되는 등 전역 최적해를 찾는 데 어려움이 있다. 이러한 문제는 탐색공간을 충분히 탐색할 수 있는 모집단의 다양성이 부족한 데 기인하는 것이며 해결방법으로 니칭 방법과 크라우딩 방법 등이 소개되고 있다. 개체군의 다양성을 증가시키는 방법으로 지역해에 고착되지 않고 전역 최적해로 수렴되도록 하는 데 기본을 두고 있다. 본 논문에서는 다중정점 함수의 전역 최적해에 수렴하고 수렴속도를 높이는 방법으로 진화과정의 매 세대마다 탐색영역에 충분히 분포되도록 임의로 생성된 보조 모집단을 공급함으로써 안정적으로 전역 최적해로 수렴하는 방법을 제안하였다. 컴퓨터 모의실험을 통하여 본 논문에서 제안한 방법을 입증하였다.

**Abstract** Genetic Algorithms (GAs) are efficient methods for search and optimization problems. On the other hand, there are some problems associated with the premature convergence to local optima of the multimodal function, which has multi peaks. The problem is related to the lack of genetic diversity of the population to cover the search spaces sufficiently. A sharing and crowding method were introduced. This paper proposed strategies to improve the convergence speed and the convergence to the global optimum for solving the multimodal optimization function. These strategies included the random generated sub-population that were well-distributed and spread widely through search spaces. The results of the simulation verified the effects of the proposed method.

**Key Words** : Convergence Speed, Genetic Diversity, Genetic Operator, Global Optimum, Multimodal Function

### 1. 서론

유전자 알고리즘(genetic algorithm)은 최적해를 탐색하는 매우 유용한 기법으로 다양한 분야에서 응용되고 있다. 유전자 알고리즘에서 개체군(population)은 다수의 염색체들로 구성되어 있고, 각 염색체의 비트 배열들은 통상 초기화 과정에서 임의로 생성된다. 유전자 알고리즘이 최적해를 구하는 효과적인 방법이기 는 하나 지역해(local optima)에 조기에 수렴하여 더 이상 진화가 이루어

지지 않는 경우에 개체군의 다양성(diversity)이 부족하여 진화특성을 잃게 되고 결과적으로 전역 최적해로의 이동이 이루어지지 않는 문제가 지적되고 있다[1]. Lee 등은 평균해밍거리와 연계하여 진화 연산자들의 값을 변화시킴으로서 개체군이 지속적인 진화특성을 유지하여 전역 최적해로 수렴하는 확률을 높이는 방법을 제안하였다[2-3].

Goldberg 등은 다양성을 보다 오래 유지하고자 하는 목적으로 염색체간의 유사한 정도가 높을수록 적합도를

\*Corresponding Author : Hong-Kyu Lee (Korea University of Technology and Education)

Tel: +82-41-560-1162 email: hongkyu@koratech.ac.kr

Received July 3, 2014

Revised (1st August 28, 2014, 2nd September 3, 2014)

Accepted October 10, 2014

낮게 조정하여 선택연산자에 의하여 선택되는 확률을 조정하는 방법으로, 탐색공간을 확장함으로써 조기수렴을 방지하는 적합도 공유(sharing)방법을 제안하였다[4]. Bae 등은 고정 돌연변이 확률을 사용하면서 수렴 정도나 수렴 속도가 일정 수준 이상에 이르면 정해진 값이나 점진적 또는 기하급수적으로 높은 돌연변이 확률을 사용하고, 수렴속도가 50% 이하가 되면 최초의 낮은 돌연변이 확률을 사용하는 방법으로 탐색공간을 확장하는 방법을 제안하였다[5]. Srinivas 등은 적합도 값에 따라 교차확률과 돌연변이 확률을 적응적인 방법 즉, 적합도가 높으면 낮은 확률, 적합도가 낮으면 높은 확률을 사용하는 방법을 제안하였다[6]. Cedeno 등은 적합도가 낮은 개체군의 일부를 랜덤하게 초기화하여 동시에 여러 다중해를 탐색한 다음 적합도가 높은 순으로 개체군을 대체(replacement)하여 구성하는 크라우딩(crowding)방법 등을 제안하였다[7]. Sareni 등은 크라우딩 거리(crowding distance)를 계산하여 부모보다 높은 크라우딩 거리를 가진 자손이 선택되도록 하였다[8]. 이는 유사한 개체를 배제하고 탐색영역을 확장하여 지역해에 고착되는 것을 방지하고 전역 최적해를 구하는데 중요한 역할을 한다.

본 논문에서는 다중 정점을 가진 함수의 탐색공간의 특성을 분석하고, 다중정점을 가진 함수에 대하여 지역해에 고착되지 않고 전역 최적해에 수렴하는 확률을 높이고, 수렴 속도를 개선하는 방법을 설명하였다. 또한 모집단의 다양성을 유지하기 위하여 사용된 연구결과들과 비교하면서 본 논문의 타당성을 입증하였다.

## 2. 탐색공간과 수렴특성

### 2.1 탐색공간

연속이고 정점(peak)이 하나만 존재하는 함수들에 대해서는 일반적인 유전자 알고리즘의 진화특성으로 언덕 오르기(hill climbing)에 의하여 정점 값까지 탐색이 이루어지고 전역 최적해에 도달하게 된다. 그러나 정점이 다수 존재하는 경우에는 일반적인 유전자 알고리즘에 의해서는 초기 값에 따라 전역에서 가장 높은 정점을 찾을 수 없게 되거나 가장 높지 않은 정점 즉 지역해에 고착되는 경우가 발생된다. 이러한 다중정점(multimodal)의 경우에는 모집단의 탐색 개체들이 정점이 존재하는 모든 구간에 걸쳐 존재해야 전역 최적해를 구할 수 있게 된다.

### 2.2 수렴특성

각 개체의 유사정도를 측정하는 평균해밍거리  $H_{avg}(t)$ 는 비트배열로 표현된 유전자형(genotype)에 대하여  $t$ 세대에서 다음과 같이 측정한다[1].

$$H_{avg}(t) = \frac{\sum_{i=1}^L \sum_{p=1}^{N-1} \sum_{q=p+1}^N (|C_{pi}(t) - C_{qi}(t)|)}{(N(N-1)/2)} \quad (1)$$

여기서  $i$ 는 비트의 위치이고,  $L$ 은 염색체 비트배열의 길이,  $t$ 는 세대를 나타낸다. 또한  $N$ 은 모집단에 속해있는 개체의 수,  $C_{pi}(t)$ ,  $C_{qi}(t)$ 는 모집단의 염색체 중 선택된 2개의 부모(mating pool)를 나타낸다. 돌연변이 확률이 증가함에 따라 수렴된 모집단의 평균해밍거리가 증가하게 되고 모집단의 다양성이 커진다. 교차연산자(crossover operator) 자체는 선택연산자가 사용되기 전까지는 모집단의 평균해밍거리에 영향을 미치지 않고, 수렴속도에만 영향을 미치게 된다[1].

높은 교차확률과 높은 돌연변이 확률은 높은 적합도 값을 찾기 위하여 탐색공간을 확장하는데 유용한 수단이 된다. 그러나 높은 교차확률과 높은 돌연변이 확률은 최적의 해에 도달하거나 유지하는 확률을 또한 낮추게 하는 요인도 된다. 돌연변이는 유용한 스키마들도 유용하지 않은 스키마로 파괴할 수 있기 때문에 엘리트 선택방법과 연동하여 모집단에서 가장 적합도가 높은 개체들을 보존할 필요가 있다. 가장 적합도가 높은 일부 개체가 유전연산자에 의한 변형 없이 후손에 전이 되어야 한다[2].

## 3. 다중정점 함수의 유전연산자

### 3.1 유전자 알고리즘

본 논문에서 사용한 유전자 알고리즘은 [1]에 설명된 내용을 기본으로 하여 다중정점 함수의 탐색영역을 포함할 수 있도록 다양성을 안정적이고 지속적으로 유지하는 보조 모집단 내용을 추가하였다. 이를 단계별로 정리하면 다음과 같다.

- ① 개체군(population)의 염색체(chromosome)의 수(number)와 염색체의 비트수(length)를 정하고, 임의로(random) 초기화한다.
- ② 목적함수(objective function)로부터 적합도 함수

(fitness function)를 정하고, 개체군의 탐색체들에 대한 적합도(fitness)를 평가한다. 최적개체(optimal individual)가 발견되면 종료한다.

- ③ 선택기법(select scheme)을 이용하여 가용한 개체군으로부터 부모(parents)를 선정한다.
- ④ 선택된 부모들(mating pool)로부터 교차(crossover)와 돌연변이(mutation) 연산 과정을 거쳐 자손(offspring)인 새로운 개체를 재생성(reproduce)한다.
- ⑤ 자손의 수가 원하는 수가 될 때까지 ③, ④ 단계를 반복한다. 이 과정에서 전체 개체군에서 적합도가 높은 상위 일정비율의 개체들을 재생성(reproduction) 과정을 거치지 않고 다음 세대로 친이(propagation)시키는 엘리트 방법을 사용한다.
- ⑥ 현재세대의 개체들을 다음 세대의 개체들로 교체한다.
- ⑦ ①항의 개체군을 형성하는 방법과 동일하게 보조 모집단을 구성한다. 탐색체의 수는 임의로 정한다.
- ⑧ ⑥항의 개체들과 ⑦항의 개체들을 합한 개체군에 대하여 적합도가 높은 순으로 ①항의 개체군 크기와 동일하게 선정한다.
- ⑨ 절차 ②에서부터 반복한다.

⑦항과 ⑧항은 다중정점 함수의 전체 탐색영역을 포함하여 탐색할 수 있는 보조 모집단을 구성하는 과정으로 추가된 절차이다.

### 3.2 유전연산자

유전자 알고리즘에서 전역 최적해로 수렴할 확률을 증가시키기 위해서는 교차연산자 교차확률과 돌연변이 확률의 적용은 물론 적어도 하나 이상의 높은 적합도 값을 가지는 개체로 돌연변이 된 개체들이 부모세대의 모 집단으로 선정되어야 한다[2]. 원하는 모집단의 다양성은 평균해밍거리로 표현될 수 있고, 유전자 알고리즘이 수렴하기 위해서는 돌연변이 확률과 교차확률이 (2)식과 (3)식의 범위 내에서 선정되어야 한다[2].

$$\frac{1}{NL} \leq P_m < \frac{1}{L - H_{avg}(t)} \quad (2)$$

$$0 \leq P_c < \frac{L-1}{L - H_{avg}(t)} \quad (3)$$

초기에 지역해에 수렴이 되었다 하더라도 유전연산자에 따라 모집단의 다양성이 변화되어 지역해에서 탈출함으로써 전역 최적해로 친이될 수 있도록 확률을 감소 또는 증가시키는 과정이 필요하다. 이에 의해 세대가 진행됨에 따라 수렴속도를 높게 하고 유전연산자를 이용하여 탐색영역을 넓게 유지하는 것이 가능하다. 즉, 현재 세대로부터 다음 세대로의 유전연산자들은 평균해밍거리와 적합도 값에 따라 (4)식-(6)식과 같이 표현할 수 있다[3].

$$P_m(t+1) = f(f_{hybrid}(t)) \quad (4)$$

$$P_c(t+1) = f(f_{hybrid}(t)) \quad (5)$$

$$P_e(t+1) = f(f_{hybrid}(t)) \quad (6)$$

여기서  $P_m(t+1)$ ,  $P_c(t+1)$ ,  $P_e(t+1)$ 는 각각  $(t+1)$  세대에서의 돌연변이 연산자와 교차 연산자 및 엘리트 연산자를 나타낸다.

보조 모집단을 유전자 알고리즘에 포함시킨 본 논문에서는 보조 모집단과 고정된 돌연변이 확률과 교차확률을 사용하는 방법을 기본으로 사용하는 방법과 보조 모 집단과 가변의 돌연변이 확률과 교차확률 및 친이비율을 융합한 방법 그리고 [3]의 가변 유전연산자를 단독으로 사용한 경우들을 비교 실험하여 다중정점 함수에 적합한 방법으로 보조 모집단을 사용하는 방법이 가장 효과적임을 검증하였다.

## 4. 컴퓨터 모의실험

### 4.1 실험대상 함수

3장에서 설명한 보조 모집단을 이용한 유전자 알고리즘을 입증하기 위하여 다중정점 함수를 대상으로 컴퓨터 모의실험을 수행하였다.

또한 보조 모집단에 대한 개체군의 수, 돌연변이 비율, 교차확률 등 유전자 알고리즘의 파라메타들을 변화시키면서 다양한 조합의 실험을 수행하였다.

모의실험 대상함수로는 [3], [8]에서 실험대상으로 사용된 지역해로 수렴할 가능성이 높은 다수의 지역 최댓 값을 갖는 (7)식-(10)식과 같은 4개의 다중정점(multimodal) 함수에 대하여 전역 최적해로의 수렴특성을 검증하기 위한 실험을 수행하였다.

$$f_1(x) = e^{-2(\ln(2))\left(\frac{x-0.08}{0.854}\right)^2} \sin^6(5\pi(x^{\frac{3}{4}} - 0.05)), \quad 0 \leq x_i \leq 1 \quad (7)$$

$f_1(x)$ 는  $x = 0.08$ 에서  $f_1(x) = 1$ 의 전역 최적해(최댓값)을 가지고, 서로 다른 간격으로 정점(peak)이 존재하며 높기도 서로 다른 특성을 가지는 함수이다.

$$f_2(x) = x + 10\sin(5x) + 7\cos(4x), \quad 0 \leq x_i \leq 6 \quad (8)$$

$f_2(x)$ 는  $x = 1.5732$ 에서  $f_2(x) = 18.5722$ 의 전역 최댓값을 가지고, 높이가 서로 다른 특성을 가지는 함수이다.

$$f_3 = \begin{cases} \frac{160}{15}(15-x), & 0 \leq x < 15 \\ \frac{200}{5}(x-15), & 15 \leq x \leq 20 \end{cases}, \quad (9)$$

$f_3(x)$ 은 트랩(trap) 함수의 하나로서  $x = 20$ 에서  $f_3(x) = 200$ 의 전역 최댓값을 가지는 함수이다.

$$f_4(x) = \text{sinc}\left(\sqrt{\sum_{i=1}^2 x_i^2}\right), \quad -8 \leq x_i \leq 8, \quad (10)$$

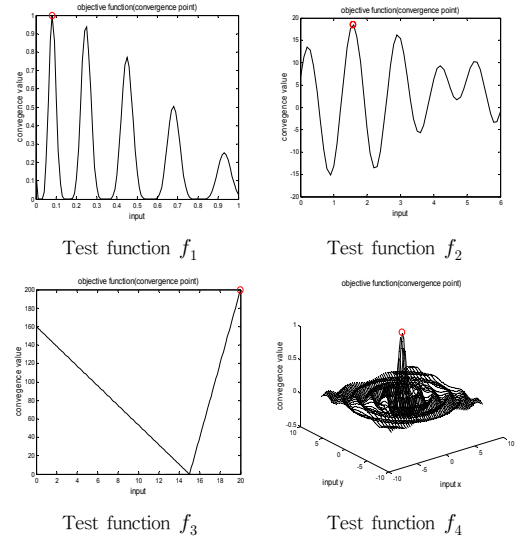
$f_4(x)$ 는 2차원 싱크(sinc) 함수로서  $x_i = 0$ 에서  $f_4(x) = 1$ 의 전역 최댓값을 가지는 함수이다.

## 4.2 실험방법 및 결과

유전자 알고리즘의 선택방법으로는 확률적(stochastic universal) 방법을 사용하였고, 연산자로는 1점(one point) 교차연산자와 비트전환(bit inversion) 형태의 돌연변이 연산자를 사용하였다. 염색체들의 수  $N$ 과 비트수  $L$ 은 수렴특성을 확인하기 위하여 변경이 가능하도록 설정하였다. 적합도 값은 목적함수의 전역 최적해에서의 값(최대)이 1이 되도록 설정하였다.

Fig. 1에서는 각 시험함수의 목적함수와 최종세대에서 각 개체의 위치를 적색의 원형모양으로 나타내고 있는데, 원형모양은 목적함수의 전역 최댓값이며 돌연변이 확률이 낮으면 모든 개체가 한곳에 나타날 가능성이 크고, 돌연변이 확률이 크면 일부 개체들은 다른 위치에 나타날

수도 있다. Fig. 1은 수렴시간이 지난 후에 나타난 결과로서 수렴과정에서는 다양한 위치에 원형모양이 나타난다.



[Fig. 1] Test functions and convergence point

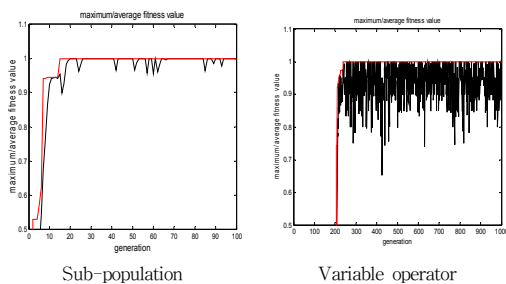
Table 1에 표시한 결과는 개체 수  $N = 20$ , 크로모솜의 길이  $L = 100$ ,  $P_m = 0.001$ ,  $P_c = 0.8$ ,  $P_e = 0.9$ 로서 (2)식-(3)식의 범위 내에서 고정된 값이고,  $N_a$ 는 보조 모집단의 개체수로 설정한 실험결과이다.  $Var P_m$ 은 수렴정도를 비교하기 위하여 헤밍거리와 적합도 값을 고려한 혼합 유전연산자를 이용한 실험결과를 표시한 것이다[3]. Table 1에 기록된 숫자는 각각 30회씩 실험한 결과를 평균한 값이다.

Table 1에서 확인할 수 있는 바와 같이 본 논문에서 제안한 보조 모집단을 이용한 유전자 알고리즘이 전역최적해로의 수렴속도가 [3]에서 제안한 수렴속도보다 매우 빠르다는 것으로 확인할 수 있고, 보조 모집단의 규모  $N_a$ 가 10, 20, 40, 100으로 커질수록 수렴속도가 빨라진다. 보조 모집단의 개체가 탐색영역 전체에 걸쳐 랜덤하게 위치되기 때문에 탐색위치가 인접한 정점 값이 존재하는 간격 내에 보조 모집단의 개체수가 2개 이상 존재하면 수렴속도가 2배 정도의 차이가 나는 것을 확인할 수 있다. 또한 보조 모집단의 개체수가 많아질수록 진화의 시작 위치가 전역 최댓값이 존재하는 곡선의 탐색영역에 존재할 확률이 높아지고 여기에서부터 진화를 시작하므로 수렴속도가 빨라지는 것을 알 수 있다.

[Table 1] Convergence time (average of 30 trials)

| Function | $N_a = 10$ | $N_a = 20$ | $N_a = 40$ | $N_a = 100$ | $Var P_m$ |
|----------|------------|------------|------------|-------------|-----------|
| $f_1(x)$ | 26.5       | 11.9       | 9.6        | 4.7         | 103.0     |
| $f_2(x)$ | 20.2       | 10.4       | 5.4        | 3.7         | 187.7     |
| $f_3(x)$ | 20.8       | 17.1       | 14.4       | 8.6         | 36.0      |
| $f_4(x)$ | 46.3       | 27.6       | 26.8       | 21.9        | 219.0     |

Table 1에서  $Var P_m$ 의 경우는 [3]에서 제안한 혼합 유전연산자에 의한 실험결과이며, 본 논문에서 제안한 방법에 비하여 2배에서 8배 정도 수렴시간이 더 소요되는 것을 확인할 수 있는데 이는 진화 시작위치가 지역 최댓값이 존재하는 위치에서 교차연산자와 돌연변이 연산자에 의하여 전역 최댓값이 존재하는 위치로의 이동에 많은 세대가 필요한 것으로 해석된다. 이 경우에도 시작위치가 전역 최댓값이 존재하는 곡선의 위치에서 진화가 시작되는 경우에는 보조 모집단을 사용하는 경우와 유사한 수렴속도로 동작되었다. 또한 본 논문에서 제안한 방법이 [2]와 [3]에서의 경우보다 최대적합도와 평균적합도의 차이가 조기에 유사해짐을 확인하였다.



[Fig. 2] Maximum/average fitness value for test function  $f_4$

Fig. 2는 시험함수  $f_4$ 에 대하여 각 세대에서의 개체들에 대한 최대적합도(적색)와 평균적합도(흑색)를 나타내고 있는데, 고정 유전연산자와 보조 모집단을 사용하는 경우에는 가변 유전연산자를 사용하는 경우에 비하여 조기에 수렴하고, 수렴한 후에 적합도 값의 변화가 적은 것을 확인할 수 있으며, 가변 진화연산자의 경우에는 초기에 전역 최적해 근처에서 탐색하지 않는 경우 전역 최적해가 존재하는 영역에 도달하는데 많은 세대가 소요되는 것을 확인할 수 있었다. 또한 진화연산자의 변화로 평균적합도 값이 많이 변하는 것을 확인할 수 있다.

본 논문에서 제안한 보조 모집단을 이용하는 방법과 [2-3]에서 제안한 유전연산자를 평균해밍거리와 적합도 값에 따라 변화시키는 방법을 복합하여 사용하는 경우에는 수렴속도 면에서는 유사한 결과를 얻었으며, 지속적으로 다양성을 유지해야하는 경우에는 복합하여 사용하는 것이 보다 효과적이다.

또한 조기에 수렴하거나 지역 정점 값에 고착되어 있는 경우 돌연변이 확률을 높게 설정하면 탐색공간을 확장하는 효과가 있으나 모집단의 다양성 증가로 인한 발산현상이 발생할 수 있으므로 본 논문에서 제안한 방법으로 탐색공간을 확장하면 안정적으로 진화특성을 유지할 수 있게 되어 안정도 면에서 매우 유리한 방법이 된다.

### 5. 결론

다중 정점을 갖는 대상이나 연속이 아닌 대상에 대하여 전역 최적해를 구하기 위해서는 모집단의 각 개체가 탐색영역 전체에 고르게 잘 분포되고, 충분한 밀도를 유지해야 한다. 본 논문에서 제안한 유전자 알고리즘은 각 세대마다 공급되는 보조 모집단에 의하여 탐색하고자 하는 전체에 걸쳐 탐색을 가능하게 함으로서 유전자 알고리즘의 고유특성과 융합되어 전역 최적해로의 안정적인 수렴특성을 가지고 있다. 또한 유전자 알고리즘이 가지고 있는 지역해에 수렴하여 고착되는 현상을 개선하는 효과적인 방법이 된다. 컴퓨터 모의실험 결과 본 논문에서 제안한 보조 모집단을 이용하여 탐색영역을 확장하는 방법이 수렴 확률과 초기단계에서부터 전역 최적해로의 수렴속도를 높이는 효과적인 방법임이 확인되었다.

앞으로는 본 연구결과를 활용하여 ANFIS 제어기 등에서 최적의 파라미터를 찾는 문제에 적용하는 방법을 연구할 계획이다.

### References

[1] Hong K. Lee, D.-H. Lee, Z. Ran, G. Lee, and M. Lee, "On Parameter Selection for Reducing Premature Convergence of Genetic Algorithms," in *Proceeding of 23rd International Conference on Computer and Their Applications in Industry and Engineering*, Las Vegas: NV, pp. 214-219, Nov. 2010.

- [2] Hong K. Lee, "On Sweeping Operator for Reducing Premature Convergence of Genetic Algorithms," *Journal of Institute of Control, Robotics and Systems*, Vol. 17, No. 12, pp. 1210-1218, Dec. 2011.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.5302/JICROS.2011.17.12.1210>
- [3] Hong K. Lee, "Hybrid Genetic Operators of Hamming Distance and Fitness for Reducing Premature Convergence," *The Journal of Korea Navigation Institute*, Vol. 18, No. 2, pp. 170-177, Apr. 2014.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.12673/jant.2014.18.2.170>
- [4] D. Goldberg and J. Richardson, "Genetic algorithms with sharing for multimodal function optimization," in *Proceeding of the 2nd International Conference on Genetic Algorithms and their Applications*, Hillsdale, NJ, pp. 41-49, July, 1987.
- [5] S.-H. Bae and B.-R. Moon, "Mutation rates in the context of hybrid genetic algorithms", in *Proceeding of the Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Seattle: WA, pp. 381-382, June, 2004.
- [6] M. Srinivas and M. Patnaik, "Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithms," *IEEE Trans. on Systems, Man and Cybernetics*, Vol. 24, No. 4, pp. 656-667, Apr. 1994.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.1109/21.286385>
- [7] W. Cedeno, V. Vemuri, and T. Slezak, "Multi-niche crowding in genetic algorithms and its application to the assembly of DNA restriction-fragments," *Journal of Evolutionary Computation*, Vol. 2, No. 4, pp. 321-345, 1995.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.1162/evco.1994.2.4.321>
- [8] B. Sareni and L. Krähenbühl, "Fitness Sharing and Niching Methods Revisited," *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, Vol. 2 No. 3, pp. 97-101, Sept. 1998.  
DOI: <http://dx.doi.org/10.1109/4235.735432>

**이 흥 규(Hongl-Kyu Lee)**

[정회원]



- 1977년 2월 : 서울대학교 전자공학과 (공학사)
- 1979년 2월 : 서울대학교 전자공학과 (공학석사)
- 1989년 8월 : 서울대학교 전자공학과 (공학박사)
- 1979년 3월 ~ 1992년 2월 : 국방과학연구소 선임연구원
- 1992년 3월 ~ 현재 : 한국기술교육대학교 전기전자통신공학부 교수

<관심분야>

유전자 알고리즘, 이동로봇, 전자전

**이 재 오(Jae-Oh Lee)**

[정회원]



- 1993년 2월 : 광운대학교 전산학과 졸업(공학박사)
- 1994년 3월 ~ 1995년 2월 : 코오롱 정보통신 연구소 과장
- 1995년 2월 ~ 2000년 12월 : KT 선임연구원
- 1999년 9월 ~ 2002년 8월 : (주) 웨어플러스 연구소장
- 2002년 8월 ~ 현재 : 한국기술교육대학교 전기전자통신공학부 교수

<관심분야>

네트워크 제어/관리 및 IMS, 객체 지향 분산 처리기술, QoE 제어플랫폼, 개인화서비스, M2M, SDN