



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2014-0033572
(43) 공개일자 2014년03월19일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)

G06Q 50/30 (2012.01)

(21) 출원번호 10-2012-0097343

(22) 출원일자 2012년09월03일

심사청구일자 2012년09월03일

(71) 출원인

경희대학교 산학협력단

경기도 용인시 기흥구 덕영대로 1732, 국제캠퍼스 내 (서천동, 경희대학교)

(72) 발명자

이승룡

경기 성남시 분당구 구미로144번길 25, 102동 102호 (구미동, 삼환빌라)

이영구

대전 서구 청사서로 11, 106동 302호 (월평동, 무지개아파트)

이람 파티마

경기 용인시 기흥구 덕영대로 1732, 전자정보대학 351호 (서천동, 경희대학교)

(74) 대리인

특허법인 신지

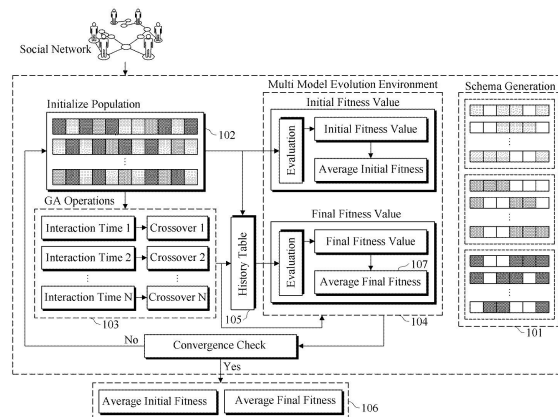
전체 청구항 수 : 총 9 항

(54) 발명의 명칭 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치

(57) 요약

본 발명은 소셜 네트워크의 보다 현실적인 요구에 의해 다중 평가 기준을 가진 다중 정보 전달이 가능한 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치에 대한 것이다. 본 발명에 따른 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치는 다중 정보 모델(multi information model)을 사용하여 스키마를 생성하여 전달하는 스키마 생성부, 소셜 네트워크 내의 모집단을 초기화하며, 상태 스트링에 대한 목적 스코어를 주기 위하여 목적 함수를 정의하는 초기치 설정부, 모집단에 대해 유전 알고리즘을 수행하는 GA 동작부 및 서치 과정을 인도하는 목적 함수를 포함하고, 목적 함수로부터 다른 기준들에 관계된 개인적 기준에 대해 상대적 중요성을 할당하는 유틸리티 함수(Utility Function)를 생성하는 다중 모델 평가 환경부를 포함한다.

대표도



이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호	1415123336
부처명	지식경제부
연구사업명	대학 IT 연구센터 육성지원
연구과제명	동서신의학 u-라이프케어연구센터
기 여 율	1/1
주관기관	경희대학교산학협력단
연구기간	2012.01.01 ~ 2012.12.31

특허청구의 범위

청구항 1

다중 정보 모델(multi information model)을 사용하여 스키마를 생성하여 전달하는 스키마 생성부;
 소셜 네트워크 내의 모집단을 초기화하며, 상태 스트링에 대한 목적 스코어를 주기 위하여 목적 함수를 정의하는 초기치 설정부;
 상기 모집단에 대해 유전 알고리즘을 수행하는 GA 동작부; 및
 서치 과정을 인도하는 상기 목적 함수를 포함하고, 상기 목적 함수로부터 다른 기준들에 관계된 개인적 기준에 대해 상대적 중요성을 할당하는 유틸리티 함수(Utility Function)를 생성하는 다중 모델 평가 환경부;
 를 포함하는 것을 특징으로 하는 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치.

청구항 2

제 1항에 있어서,
 상기 생성된 스키마는 스키마의 비트들 내에서 변화를 갖는 다중 정보를 모델링하는 측면에서 유연성을 주는 이진수 값들의 세트인 것을 특징으로 하는 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치.

청구항 3

제 1항에 있어서,
 상기 스키마 생성부는,
 스키마 생성은 간단한 바이너리 스키마 스트링들(Binary Schema Strings)에서 시작하고 이전 레벨의 스키마를 조합하는 것에 의해 2 및 3 레벨로 복잡해지는 것을 특징으로 하는 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치.

청구항 4

제 1항에 있어서,
 상기 목적 함수는 해결책의 최적성을 정량화하고 좋은 확산 과정의 기본적 측면을 반영하는 최적화 목적을 선택하는 것을 특징으로 하는 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치.

청구항 5

제 1항에 있어서,
 상기 유틸리티 함수는

$$F(X) = \sum_{i=1}^n w_i F_i(x)$$

에 의해 산출되며,

상기 x 는 각각의 개인을 나타내고, 상기 $F(X)$ 는 적합 값의 결합이고, 상기 w_i 는 가중치 인자이고, $F_i(x)$ 는 목적함수인 것을 특징으로 하는 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치.

청구항 6

제 1항에 있어서,
 상기 목적 함수는 다중-평가 목적들의 값을 최대화하는 것인 것을 특징으로 하는 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델 장치.

청구항 7

제 6항에 있어서,

상기 다중-평가의 오브젝트 함수는,

$$f(x) = [w_{score}Score(x)_{max}] + [w_{influence}Influence(x)_{max}] [w_{diversity}diversity(x)_{max}] \quad \text{및}$$

$$f(score)_{max} = \sum_{i=1}^n (Information\ Score_i)$$

$$f(diverse)_{max} = Count(information)$$

$$f(Influence)_{max} = \sum_{i=1}^n (Influence\ Score_i) \quad \text{에 의해 산출되며,}$$

상기 $fScore(x)_{max}$ 는 각각의 정보를 위한 값에 의해 생성된 스키마이고, 상기 $fdiverse(x)_{max}$ 는 정보의 다양성이고, 상기 $f(Influence)_{max}$ 는 정보의 주파수에 의해 결정되는 영향력인 것을 특징으로 하는 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델 장치.

청구항 8

제 1항에 있어서,

상기 GA 동작부는,

바이너리 스트링 탐색체와 원 포인트 크로스오버를 가지는 진화 알고리즘을 사용하는 것을 특징으로 하는 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치.

청구항 9

제 8항에 있어서,

상기 크로스오버 동작은 특정 시간에서 두 개인의 상호작용에 근거하여 두 개인 사이에서 수행되는 것을 특징으로 하는 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치.

명세서

기술 분야

[0001] 본 발명은 소셜 네트워크에서 정보 확산(information diffusion) 분야에 대한 것으로, 보다 구체적으로는 다중 평가 기준을 가진 다중 정보 전달에 대하여 최적화된 확산 과정을 얻기 위한 진화 알고리즘을 사용한 MDM 의 디자인과 관련된다.

배경 기술

[0002] 소셜 네트워크에서 정보의 확산에 대한 연구가 최근 활발하게 진행되고 있다. 네트워크를 통하여 정보 확산을 시험하기 위한 여러 모델들이 소개되고 있다. 선형 문턱값(Linear Threshold, LT) 모델과 독립 캐스케이드(Independent Cascade, IC) 모델은 가장 폭넓게 사용되는 확산 방법이다. 선형 문턱값 모델에서 한 노드는 무게에 따라 각 이웃하는 노드에 의해 영향을 받는다. 각 노드는 [0, 1] 구간에서 임의로 문턱값을 균등하게 선택한다. 이것은 노드가 활성화되기 위하여 활성화되어야 할 이웃 노드들의 가중된 비율을 나타낸다. 문턱값의 임의

선택 값과 활성화된 노드들의 초기 세트가 주어지면, 확산 과정은 불연속적인 단계에서 결정론적으로 펼쳐진다. 단계 t 에서, $t-1$ 단계에서 활성화된 모든 노드들은 활성화 상태로 유지되고 노드 v 의 활성화된 이웃 노드들의 총 무게가 문턱값을 넘게 하기 위하여 어떤 노드 v 를 활성화한다.

[0003] 독립 케이스케이드 모델에서, 확산 과정은 활성화된 노드들의 초기 세트를 가지고 다시 시작하고 이하의 임의의 추출되는 규칙에 따라 불연속적인 단계에서 펼쳐진다. t 단계에서 어떤 노드가 최초로 활성화 될 때, 현재 각 비활성 이웃 노드를 활성화할 수 있는 하나의 기회가 주어진다. 그것은 일정 확률 값에 따라 수행된다. 만약 노드가 활성화에 성공한다면 그 이웃 노드들도 $t+1$ 단계에서 활성화 된다. 그러나 노드의 활성화 여부와 관계없이 후속의 과정에서 이웃 노드들을 활성화하기 위한 추가적 시도는 할 수 없다. 그러나 사전에 지정될 링크를 통하여 전달 확률을 나타내는 파라미터들을 필요로 한다.

[0004] 확산 모델에 기초한 유전 알고리즘은 파라미터 자유 확산 과정에 대한 Holland synthetic hyper plane-defined objective functions의 형식과 비교하여 정준의(canonical) 유전 알고리즘의 이점을 소개한다. 유전 알고리즘에서의 염색체(chromosomes)는 네트워크에서 개인들을 나타내기 위하여 사용되고, 두 염색체 사이의 크로스오버(cross-over) 과정은 두 개인들 사이의 상호작용을 모델링하기 위해 사용된다. 정보 확산은 크로스오버 동작에서 매 순간 진행되고 나타난다.

[0005] 종래의 방법은 단일 목적 최적화 문제로써 확산 과정을 다루고 있다. 이는 다중 정보 전달의 측면에서 실제 소셜 네트워크의 요구에서 벗어난다.

발명의 내용

해결하려는 과제

[0006] 본 발명에서 해결하고자 하는 과제는 소셜 네트워크의 보다 현실적인 요구에 의해 다중 평가 기준을 가진 다중 정보 전달이 가능한 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치를 제공하는 것이다.

과제의 해결 수단

[0007] 본 발명에 따른 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치는 다중 정보 모델(multi information model)을 사용하여 스키마를 생성하여 전달하는 스키마 생성부, 소셜 네트워크 내의 모집단을 초기화하며, 상태 스트링에 대한 목적 스코어를 주기 위하여 목적 함수를 정의하는 초기치 설정부, 모집단에 대해 유전 알고리즘을 수행하는 GA 동작부 및 서치 과정을 인도하는 목적 함수를 포함하고, 목적 함수로부터 다른 기준들에 관계된 개인적 기준에 대해 상대적 중요성을 할당하는 유틸리티 함수(Utility Function)를 생성하는 다중 모델 평가 환경부를 포함한다.

발명의 효과

[0008] 본 발명에 따른 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치를 적용함으로써 네트워크 동작을 보기 위하여 별도로 관계없는 정보를 전달할 필요가 없을 것이고, 실제로 다중 목적 보급 모델 장치는 다중 목적 최적화 솔루션을 달성하기 위하여 진화 알고리즘을 사용하여 동시에 그 정보를 전달할 수 있다.

도면의 간단한 설명

[0009] 도 1은 본 발명에 따른 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치를 나타내는 구성도이다.
 도 2는 본 발명에 따른 소셜 네트워크에서 개인들을 나타내기 위한 β 길이의 염색체를 나타내는 도면이다.
 도 3은 본 발명에 따른 염색체와 연관된 히스토리 테이블을 나타내는 도면이다.
 도 4는 본 발명에 따른 8비트 염색체 상에서 원 포인트 크로스오버(One Point Crossover) 동작을 나타내는 도면이다.
 도 5는 본 발명에 따른 MDM에 대한 알고리즘을 나타내는 도면이다.
 도 6은 본 발명에 따른 매 크로스오버 동작 전후의 평균 정규화된 목적 스코어 계산을 위한 알고리즘을 나타내는 도면이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0010] 이하, 첨부된 도면들을 참조하여 본 발명의 실시예를 상세하게 설명한다. 본 명세서에서 사용되는 용어는 실시예에서의 기능 및 효과를 고려하여 선택된 용어들로서, 그 용어의 의미는 사용자 또는 운용자의 의도 또는 업계의 관례 등에 따라 달라질 수 있다. 따라서 후술하는 실시예들에서 사용된 용어의 의미는, 본 명세서에 구체적으로 명시된 경우에는 명시된 정의에 따르며, 구체적으로 명시하지 않는 경우, 당업자들이 일반적으로 인식하는 의미로 해석되어야 할 것이다.

[0011] 다중 목적 확산 문제에 대하여 수학적 프로그래밍과 발견적 해결방법은 둘 다 그 문제 해결하는데 적용될 수 있다. 본 발명은 그 문제를 해결하기 위하여 발견적 해결방법의 한 형식인 진화 알고리즘(Evolutionary Algorithm, EA) 또는 유전 알고리즘(Genetic Algorithm)을 적용한다. 수학적 프로그래밍 기술들과 비교할 때, 진화 알고리즘은 동시에 가능한 여러 해결방법을 생성하고 불연속적이고 컨케이브(concave)한 해결방법을 쉽게 처리하는 것과 같은 많은 이점을 가진다. 그리하여, 최근에는 다중 목적 최적화에 진화 알고리즘을 적용하려는 노력이 증가하고 있고 많은 성공적 진화 다중 목적 최적화(evolutionary multi-objective optimization, EMO) 알고리즘들이 제시되고 있다. 전통적 알고리즘들은 수적 최적화 문제를 위하여 디자인되었다. 그것이 다중 목적 확산에 대하여 적용될 때, 진화 알고리즘의 많은 컴포넌트들은 다시 디자인될 필요가 있다. 이들 컴포넌트들의 디자인은 직접적으로 알고리즘의 수행을 결정하기 때문에 이는 사소한 임무가 아니다.

[0012] 구체적으로 진화 알고리즘을 갖춘 다중 목적 확장은 이하의 문제에 직면한다. 먼저, 최적화 목적(optimization objectives)의 선택의 문제에 직면한다. 목적 함수(objective functions)들은 별개의 관점들에서 개인들의 의미상 관련 있는 특성들을 반영하여야 한다. 이상적 목적 함수들은 다중 목적의 균형을 통하여 얻어질 수 있는 개인들의 최적의 세트와 같은 본질적 갈등들을 더 포함한다. 두 번째로 효과적인 유전적 표현(genetic representation)의 문제에 직면한다. 그 유전적 표현은 확산 과정의 특성에 따라 직접적으로 디자인되어야 하고, 따라서 그것은 그 알고리즘 수행과 넓은 범위에 대한 확장성을 결정한다.

[0013] 도 1은 본 발명에 따른 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치를 나타내는 구성도이다.

[0014] 도 1을 참조하면, 본 발명에 따른 동적 소셜 네트워크를 위한 다중 목적 보급 모델장치(Multi-objective Diffusion Model, 이하 MDM이라 칭함)는 스키마 생성부(101), 초기치 설정부(102), GA 동작부(103) 및 다중 모델 평가 환경부(104)를 포함한다.

[0015] 스키마 생성부(101)는 다중 정보 모델(multi information model)을 사용하여 스키마를 생성한다. 스키마는 스키마의 비트들 내에서 변화를 갖는 다중 정보를 모델링하는 측면에서 유연성을 주는 이진수 값들의 세트이고, '*'에서는 0 또는 1 어느 것과 매치 시키는 조건(terms)은 상관없다는 것을 나타낸다. 스키마 생성은 간단한 바이너리 스키마 스트링들(binary schema strings)에서 시작하고 이전 레벨의 스키마를 조합하는 것에 의해 2 및 3 레벨로 복잡하게 된다. 다중 정보는 독립적 정보(independent information), 대립적 정보(competing information) 및 상호 배타적 정보(mutually exclusive information)의 세개의 카테고리로 분리된다.

표 1

[0016] 다중 정보 스키마

Info.	S. Pos.	Len.	Encoding	Score
Ind. Info.	04	12	**11*0001*11	0.23
	25	09	11**001*0	0.15
Comp. Info.	15	10	0111**1100	0.26
	15	10	0110**0100	0.36
M.E. Info.	17	07	1*00*01	0.14
	17	07	1*10*01	0.14

[0017] 표 1은 각 정보 형식에 대한 스키마 샘플을 보여준다. 다른 목적 스코어와 같은 인코딩들을 가지는 대립적 정보의 시작과 끝 위치는 같아지게 되는 반면에, 독립적 정보의 인코딩(Encoding)은 제한을 갖지 않는다. 상호 배타적인 메시지의 세트로부터 한 개인은 오직 한번에 그 목적 스코어에 따라 대체될 수 있는 정보를 선택할 수 있다. 상호 배타적 정보는 같은 시작점과 길이 포지션을 갖고 인코딩은 다른, 따라서 어떤 개인은 동일한 값을 갖는 세트로부터 오직 하나의 대립적 정보만을 가질 수 있고 일단 어떤 대립적 정보를 받았다면 그 것을 업데이트

할 수 없는 동일 스코어 정보의 세트이다.

[0018] 초기치 설정부(102)는 모집단을 초기화한다. 동적 소셜 네트워크는 불연속 타임스탬프(discrete timestamps) T의 한 주기 이상 동안 상호작용하는 개인들 $V = \{v_1, \dots, v_n\}$ 의 세트로 구성된다. GA 내에서 소셜 네트워크 내의 모든 개인들을 한 염색체에 대해 맵핑(mapping)하는 것으로 시작한다. 각 개인 S_v 의 상태는 GA 모집단(population) 내에서 길이 β 의 바이너리 염색체가 되게 한다. 이것은 처음에는 모두 0으로 놓을 수 있고, 또는 어떤 임의의 배치에 따라 선택될 수 있다. 초기 상태 스트링에 따라 네트워크 내의 각 개인은 어떤 정보의 일부를 알 수 있다. 또한 어떤 상태 스트링에 대한 목적 스코어를 주기 위하여 목적 함수(objective function) $f(x)$ 를 정의 한다. 타임스탬프 t 에서 소셜 네트워크 내의 모든 �지(edge) (u, v) 에 대하여 일치하는 상태 스트링들은 각각 $S(t)_u$ 및 $S(t)_v$ 가 된다. 처음에는 $S(t+1)_u = S(t)_u$ 및 $S(t+1)_v = S(t)_v$ 로 놓는다.

[0019] GA 동작부(103)은 유전 알고리즘(Genetic Algorithm)을 수행한다. 언제나 개인들의 한 쌍은 상호작용(interact)하고 그들은 임의적으로 크로스오버 동작에 의해 모델링되어진 정보를 교환한다. 정보의 배치와 관련하여 공평(unbiased)하기 때문에 확실적인 크로스오버가 선택되고, 두 페어런츠(parents)로부터 어떤 해결책의 조합을 생성할 수 있다. GA 동작부(103)의 구체적인 설명은 후술하는 도 4에서 설명하도록 한다.

[0020] 다중 모델 평가 환경부(104)는 서치 과정(search process)을 인도하는 목적 함수를 포함한다. 서치 과정(search process)을 인도하는 목적 함수는 MDM 내에서 가장 중요한 컴포넌트 중에 하나이다. 목적 함수는 해결책의 최적성(optimality)을 정량화하고 따라서 좋은 확산 과정의 기본적 측면을 반영하는 최적화 목적을 선택할 수 있다. 정보의 최대량을 보유하는 것은 확산 과정 동안 기본적 성질 측정이 된다. 초기 적합 값(fitness value, 106)과 최종 적합 값(107)은 크로스오버 동작 전후로 측정된다. 유틸리티 함수(utility function)는 다른 기준들에 관계된 개인적 기준에 대해 상대적 중요성을 할당하는 것에 의해 정의된다. 유틸리티 함수의 실질적 정의는 아래의 수학적 식 1과 같이 나타낼 수 있다.

수학적 식 1

$$F(X) = \sum_{i=1}^n w_i F_i(x)$$

[0021]

[0022] 수학적 식 1에서 x 는 각각의 개인을 나타내고, $F(X)$ 는 적합 값의 결합이고, w_i 는 가중치 인자이고, $F_i(x)$ 는 목적함수이다. 스칼라 적합 함수에 대해 다중 목적 함수들을 조합하는 하나의 단순한 방법인 수학적 식 1을 사용하는 것은 다음의 가중된 합에 이르게 된다(모든 목적 함수들은 최대화되었다고 가정한다). 무계들은 각 목적 함수에 할당된다. 더해진 무계들은 다중-기준 환경(multi-criterion environment)에서 서치 방향을 정하는데 도움을 준다. 개인의 총 스코어는 가중된 다중 목적 함수의 합이 된다. 적합성(Fitness)은 정보 확산의 미리 정의된 목적들에 따라 다른 목적 함수를 사용하여 연산된다.

수학적 식 2

$$f(x) = w_1 f_1(x) + \dots + w_i f_i(x) + \dots + w_n f_n(x)$$

[0023]

[0024] 수학적 식 2에서 $f_i(x)$ 는 i 번째 평가 기준이고, n 은 평가 기준의 전체 수이다.

[0025] MDM에서 무계 기준은 에 해당되고 다중-평가 목적 함수는 스코어, 영향력 및 정보의 다양성이 된다. 전체적 목적 함수는 다중-평가 목적들의 값을 최대화하는 것이 된다. 본 발명에서 평가 기준은 정보의 점수(score), 정보의 영향력(Influence) 및 정보의 다양성(Diverse)의 세 가지이다. 점수는 각각의 정보를 위한 값에 의해 생성된 스키마이다. 영향력은 히스토리 테이블에 의해 유지된다. 다양성은 정보의 전체 종류를 측정한다. 즉, 다중 평가 오브젝트 함수(Multi-evaluation object function)는 수학적 식 3과 수학적 식 4로 정의된다.

수학식 3

$$f(x) = [w_{score}Score(x)_{max}] + [w_{influence}Influence(x)_{max}] + [w_{diversity}diversity(x)_{max}]$$

수학식 4

$$f(score)_{max} = \sum_{i=1}^n(Information\ Score_i)$$

$$f(diverse)_{max} = Count(information)$$

$$f(Influence)_{max} = \sum_{i=1}^n(Influence\ Score_i)$$

수학식 3 및 수학식 4에서 $fScore(x)_{max}$ 는 각각의 정보를 위한 값에 의해 생성된 스키마이고, $fdiverse(x)_{max}$ 는 정보의 다양성이고, $f(Influence)_{max}$ 는 정보의 주파수에 의해 결정되는 영향력이다.

도 2는 본 발명에 따른 소셜 네트워크에서 개인들을 나타내기 위한 β 길이의 염색체를 나타내는 도면이다.

도 2를 참조하면, 값이 염색체내에 존재하는 정보의 세트를 나타내는 동안에 로커스(Locus)는 염색체의 인덱스 포인터들(Index Pointers)이 된다. 염색체는 네트워크 내에서 개인의 상태를 나타내기 위한 β 길이의 바이너리 스트링에 의해 표현되는 'N' 정보의 세트이다. 개인적인 정보는 네트워크 내에서 분산되는 메시지를 나타내는 짧은 바이너리 스트링에 의해 표현된다. 정보를 묘사하기 위해 벡터(x, y, l)가 사용된다. 'x'는 시작점을 나타내고, 'y'는 [0, 1] 내에서 실제 값의 형식으로서 그것의 스코어이며, 'l'은 정보의 길이를 나타낸다. 만약 염색체의 길이가 L 이라면, $x + l \leq L$, $x \in [1, L]$ 가 만족된다. 도 2에서 길이 20의 염색체 샘플이 나타난다. 그것은 각각 $I_1(2, 0.25, 7)(202)$, $I_2(12, 0.45, 8)(203)$ 의 두 정보를 포함한다. 만일 하나의 염색체의 코드가 하나의 정보의 코드를 포함한다면, 대응되는 개인은 대응되는 정보를 수반한다고 할 수 있다. 모든 염색체들은 같은 길이를 할당한다. 염색체의 목적 값은 염색체 안에 포함된 정보의 모든 스코어의 합이 된다.

도 3은 본 발명에 따른 염색체와 연관된 히스토리 테이블을 나타내는 도면이다.

도 3에서 보여지는 것과 같이 우리는 Info.ID, 형식, 스코어, 영향력(301)의 기록을 갖는 각 염색체에 대해 히스토리 테이블을 보유한다. 그것은 ID 16, 스코어 0.16 및 인플루언스 0.2(302)를 가진 독립적 정보를 나타낸다.

도 4는 본 발명에 따른 8비트 염색체 상에서 원 포인트 크로스오버(One Point Crossover) 동작을 나타내는 도면이다.

도 4를 참조하면, 크로스오버 포인트 c 는 인티저 레인지(integer range) [1, β] 401로부터 임의로 확률적으로 선택된다. S(t)u와 S(t)v의 말단(tails)을 교환하는 것에 의해 두 개의 새로운 상태 스트링(state strings)들이 생성된다. 말단은 인덱스 c 뒤의 모든 위치들을 포함한 것으로 정의된다. 402, 403. 이 두 개의 새로운 상태 스트링들을 y1 403 및 y2 404로 놓는다. 예를 들어 만약 2가 선택되었다면, 도 4에서 보인 것처럼 해당 포인트의 비트들을 교환한다. (00|101101 및 10|001011 가 00001011 및 10101101으로 된다) 이 생각은 어떤 대립유전자를 교환한 결과에 의한 비트-스트링들(bit-strings)이 칠드런(children)이 되는 것이다. 이는 다중 컷 포인트들(cut points)에 대해서도 할 수 있지만, 하나의 컷 포인트를 사용하는 것이 단순하지만 효과적인 알고리즘이

된다. 만약 소셜 네트워크에서의 엣지가 양방향성 (bidirectional)이면, 즉 u 및 v 의 역할이 바뀐다면, 상기 세 단계를 다시 할 것이다. 만약 한 개인에 대하여 동시간에 다중 상호작용이 있다면, 베이스-염색체(base-chromosome) Sb로서의 각 상호작용에 의해 생성된 미들-염색체(middle-chromosomes) 중 하나를 임의로 선택할 것이다. 이 베이스-염색체는 다른 미들-염색체들 상에 존재하는 모든 다른 유전자들을 채택할 것이고, 이익($Od > 0$)이 될 것이다. 다음 단계에서 개인의 새로운 상태는 Sb 가 된다.

[0035] 각 새로운 차일드(child)의 목적 스코어는 목적 함수 $f(x)$ 에 따라 평가된다. 만약 그 차일드 중 하나가 그들의 페어런츠들 중 어느 하나 보다 더 큰 목적 스코어를 갖는다면, 그 대응하는 페어런츠의 상태 스트링은 다음 반복(iteration) 동안에 대체된다. 기존의 스트링과 새 스트링의 목적 스코어가 같은 경우에는, 기존 상태 스트링은 유지된다. 적합 함수(Fitness function)는 다중 목적 스코어 연산 알고리즘을 사용하여 연산된다.

[0036] 도 5는 본 발명에 따른 MDM에 대한 알고리즘을 나타내는 도면이다.

[0037] 도 5를 참조하면, 알고리즘에 대한 입력은 소셜 네트워크, 반복의 최소값, 반복의 최대값 및 수렴 문턱값이 된다. 출력은 소셜 네트워크의 모든 개인에 대한 최초 및 최후의 정보가 된다.

[0038] 도 6은 본 발명에 따른 매 크로스오버 동작 전후의 평균 정규화된 목적 스코어 계산을 위한 알고리즘을 나타내는 도면이다.

[0039] 이상 바람직한 실시 예를 들어 본 발명을 상세하게 설명하였으나, 본 발명은 전술한 실시 예에 한정되지 않고, 본 발명의 기술적 사상의 범위 내에서 당 분야에서 통상의 지식을 가진 자에 의하여 여러 가지 변형이 가능하다.

부호의 설명

[0040] 101: 스키마 생성부

102: 초기치 설정부

103: GA 동작부

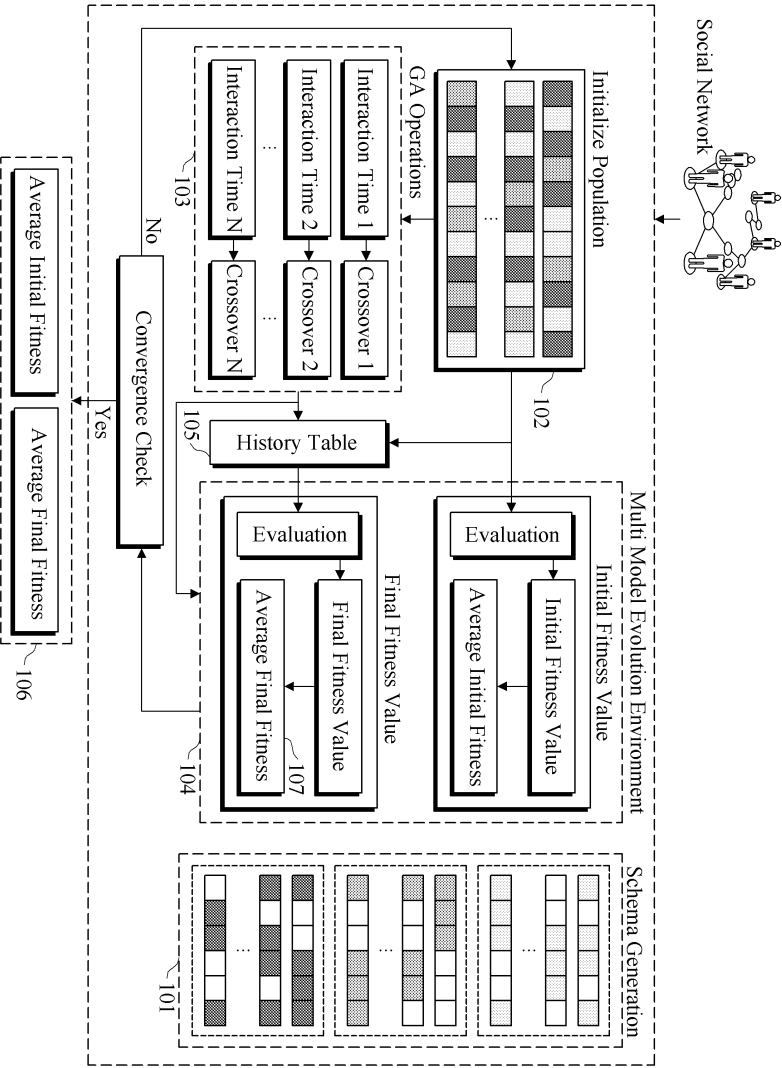
104: 다중 모델 평가 환경부

106: 초기 적합 값

107: 최종 적합 값

도면

도면1



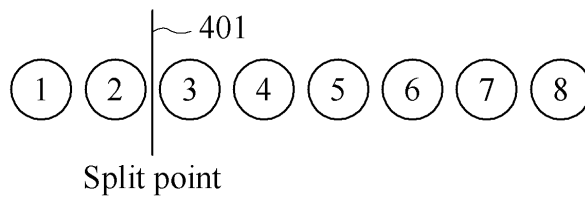
도면2

	B²⁰¹																			
Locus	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
Value	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1
	I₁²⁰²										I₂²⁰³									

도면3

301 Attributes Value 302	Info. ID	Type	Score	Influence
	12	Independent Message	0.16	0.2

도면4



402 ~ Parent A 0 0 1 0 1 1 0 1

403 ~ Parent B 1 0 0 0 1 0 1 1

404 ~ Child 1 1 0 1 0 1 1 0 1

405 ~ Child 2 0 0 0 0 1 0 1 1

도면5

```

Input: SN- Social Network Graph
        MinT- Minimum Trials
        MaxT- Maximum Trials
        ConT-Convergence Threshold

Output: AIF- Average Initial Fitness
        AFF- Average Final Fitness

Begin
1: G = Load(SN)
2: Nv[] =getUniqueNodes(G)
3: Eg[] =getUniqueEdges (G)
4: Ts[] = getUniqueTStamps(G)
5: for 1: MaxT
6:   cls = rand()
7:   sch[] = SchemaGen(cl)
8:   for j = 1: size(ns)
9:     |   ininode = random(ns)
11:    |   InitialPop[i]= ininode || objscore(ininode)
12:   end
13:   AIF[] = ANMSCal(iniPop[], AIF[])
14:   for 1: size(ts)
15:     |   finalPop[] = GAInteraction(iniPop[],sch[],eg[])
16:   end
17:   AFF[] = ANMSCal(finalPop[], AFF[])
18:   if (ConT)
19:     |   break;
20:   else
21:     |   next_iteration()
22:   end
23: end
end

```

도면6

```

Input: Pop-Population
        PANMS- Previous Average Normalized Multi-objective Score
Output: UANMS- Updated Average Normalized Multi-objective
Score
Begin
Function ANMSCal(Pop, PANMS )
1: for j = 1: size(pop)
2:   Max = max(PANMS)
3:   PrevVal= PANMS[j]/Trial
4:   curVal= PANMS[j]/ Max
5:   UANMS [j]= PrevVal+ curVal;
6: end
end

```