

Reviewer Recommendation Algorithms in Journal Manuscript Submission and Review Systems

Yong-Jin Jeong[†] · Kyoung-Han Kim^{**} · Hyun-Kyo Lim[†] · Yong-Hwan Kim^{***} · Youn-Hee Han^{****}

ABSTRACT

In journal manuscript submission and review systems, authors can submit their manuscript at any time and editorial members are struggling to find proper reviewers for the submitted manuscripts and assign them to such reviewers. In order to solve this problem, we propose a greedy algorithm and a genetic algorithm to recommend proper reviewers for the submitted manuscripts. The proposed algorithms evaluate reviewers' speciality for the submitted manuscripts by using the submitted manuscripts' keywords and the reviewers' expertises. In addition to that, they take the fairness among the reviewers' speciality and the review frequency for consideration. To verify the proposed algorithms, we apply them to the JIPS manuscript submission and review system that the Korea Information Processing Society has operated, and present the results in this paper. By performing the performance evaluation of the proposed algorithms, we finally show that the genetic algorithm outperforms the greedy algorithm in terms of the recommended reviewers' fitness.

Keywords : Greedy Algorithm, Genetic Algorithm, Reviewer Recommendation, Journal Review System

저널 논문 투고 및 심사 시스템에서 심사위원 추천 알고리즘

정 옹 진[†] · 김 경 한^{**} · 임 현 교[†] · 김 옹 환^{***} · 한 연 희^{****}

요 약

현재 저널 논문 투고 및 심사 시스템에서 저자는 언제든지 논문 투고가 가능하며 그에 따라 저널 편집위원들이 투고된 논문들에 가장 적절한 심사위원들을 찾아 지정하는 데에 어려움을 겪고 있다. 본 논문에서는 편집위원들의 이러한 심사위원 선정의 어려움을 해결하기 위하여, 투고된 논문들에 적절한 심사위원들을 추천하는 탐욕 알고리즘과 유전 알고리즘을 제시한다. 제안하는 두 알고리즘에서는 투고 논문들의 키워드(Keyword)와 심사위원들의 전문지식 태그(Expertise Tag) 정보를 활용하여 심사위원들의 전문성을 평가하고, 추천되는 심사위원들 간의 공정성 및 심사 참여빈도를 고려하여 심사위원들에게 심사기회가 균등하게 이루어지도록 한다. 제안하는 알고리즘을 검증하기 위하여 본 논문에서는 한국정보처리학회에서 운영하고 있는 JIPS 논문 투고 및 심사 시스템에 추천 알고리즘을 적용해보고 이의 결과를 제시한다. 마지막으로, 제안하는 두 알고리즘의 성능 분석을 수행하여 유전 알고리즘이 탐욕 알고리즘에 비해 추천 심사위원들의 적합도 측면에서 더 좋은 성능을 나타냄을 제시한다.

키워드 : 탐욕 알고리즘, 유전 알고리즘, 심사위원 추천, 저널 논문 투고 시스템

1. 서 론

추천 시스템은 다양한 정보를 기반으로 하여 사용자의 관심도와 관련성이 크고 좀 더 유익하고 흥미로운 정보를 제공하여 선택의 방향을 제시해주는 시스템을 말한다. 최근

아마존(Amazon), 넷플릭스(Netflix), 구글(Google) 등과 같은 서비스는 추천 시스템을 적용하여 서비스의 품질을 높이는 경우가 증가하고 있다[15-16].

한편, 저널 논문 투고 및 심사 시스템은 논문 투고, 접수, 심사비 납부, 심사 의뢰, 심사, 심사의견서 취합, 수정 의뢰, 재심사 등 복잡한 일련의 논문 투고 및 심사 과정을 온라인 서비스로 제공해주는 시스템이다. 2004년 중반 이후부터는 많은 수의 저널에서 온라인 논문 투고 및 심사 시스템을 통하여 논문을 투고받고 심사를 진행 중이다[9]. 이러한 저널 논문 투고 및 심사 시스템에서 각 투고 논문들에 적절한 심사위원들을 추천하는 방안은 저널 편집절차의 운영의 용이성 및 저널의 품질을 높이는 데 있어서 도입해 볼만한 방안

※ 본 연구는 교육부 한국연구재단의 창의지역인력양성사업(2014H1C1A1066391) 프로그램 지원의 연구결과로 수행되었음.

† 준 회 원 : 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 석사과정

** 비 회 원 : 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 석사과정

*** 정 회 원 : 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 박사수료

**** 종신회원 : 한국기술교육대학교 부교수

Manuscript Received: May 21, 2015

First Revision: July 17, 2015

Accepted: July 24, 2015

* Corresponding Author: Youn-Hee Han(yhhan@koreatech.ac.kr)

이다. 특히, 저널의 편집위원들은 투고 논문들에 적절한 심사위원들을 선정하는 데 많은 애로를 겪고 있는 것으로 알려져 있기 때문에 심사위원 추천 시스템이 도입되면 그러한 편집위원들의 애로사항을 줄일 수 있을 것이다. 이러한 추천 시스템에서 중요 핵심 문제는 투고 논문의 주제 및 분야에 대하여 전문성을 지닌 가장 적절한 심사위원을 추천하는 것이다.

기존의 심사위원 추천 방안들에서는 투고 논문에 대한 전문성만을 고려하여 심사위원을 추천하는 데 주안점을 두고 있다. 그러나 기존 방안들은 심사위원들의 과거 심사 참여빈도를 고려하지 않고 있다. 이에 따라, 소수의 심사위원들에게 논문 심사가 집중되어 제한 기간 내에 심사가 원활하게 이루어지지 못하거나 특정 연구자들에게는 심사가 회갈 잘 주어지지 않는 상황이 발생되기도 하는 단점이 있다. 또한, 투고된 논문에 대하여 추천 심사위원들의 전문성에 대한 균형을 고려하지 않기 때문에, 편집위원은 각 추천 심사위원들이 보내온 심사 결과를 전문성의 정도에 따라 차별적으로 살펴보아야 하는 불편함이 있다. 마지막으로, 기존 방안들이 산출하는 추천 심사위원들에 대해서는 우선순위 정보가 포함되지 않기 때문에, 편집위원이 추천된 심사위원 정보를 활용하여 실제로 심사위원을 선정할 때 막연하게 그 결과를 이용할 수밖에 없다.

본 논문에서는 저널 논문 투고 및 심사 시스템에서 투고된 논문의 키워드와 심사위원들의 전문지식 태그 정보를 기반으로 해당 논문의 심사위원들을 추천하는 알고리즘을 제안한다. 앞서 설명한 기존 방안들의 단점을 개선하기 위하여 심사위원들의 공정성과 참여빈도도 함께 고려하여 추천 심사위원을 선정하고 각 추천 심사위원들에 대한 우선순위도 함께 산출되도록 한다. 본 논문에서 제안하는 심사위원 추천 방법으로 탐욕 알고리즘과 유전 알고리즘을 개발하였으며 이 두 알고리즘 간의 성능 비교를 제시한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2절에서는 기존의 심사위원 추천 및 할당에 대한 연구들에 대하여 기술하고, 논문 키워드와 심사위원들의 전문지식 태그 사이에 유사도를 비교하기 위하여 기존에 개발된 문자열 유사도 측정 방안들에 대해 소개한다. 3절에서는 본 논문에서 해결하고자 하는 심사위원 추천 문제에 대해서 구체적으로 설명한다. 4절에서는 전문성을 기반으로 공정성과 참여빈도를 활용한 탐욕 알고리즘 및 유전 알고리즘에 대하여 자세히 설명한다. 5절에서는 실제 한국정보처리학회 저널 논문 투고 및 심사 시스템에 제안 알고리즘을 적용한 실험 결과를 제시하고, 제안하는 두 알고리즘의 성능을 보여준다. 마지막으로 6절에서는 본 논문에 대한 결론을 짓는다.

2. 관련 연구

투고 논문에 대한 심사위원 선정에 관한 문제는 크게 심사위원 할당(Assignment) 문제와 심사위원 추천(Recommendation) 문제로 나뉜다. 심사위원 할당 문제는 주로 학술대회 논

문 심사에 적용되며, 미리 지정된 심사위원 그룹(Technical Program Committee)이 존재하고 주어진 기간까지 제출된 모든 논문에 대해 심사위원들의 전문성을 고려하여 자동으로 심사 논문들을 심사위원들에게 할당하는 문제이다. 기존에 이러한 심사위원 할당 방안을 연구한 결과[1-2]가 존재하며, 본 논문은 이와 같은 심사위원 할당 문제가 아닌 주로 저널에서 활용하는 심사위원 추천 문제에 대한 연구 결과를 담는다.

2.1 논문 심사위원 추천 문제

심사위원 추천 방안은 주로 편집위원에게 심사위원 선정에 대한 편의성을 제공하기 위한 목적으로 투고된 논문에 대하여 최대한 전문성이 높은 심사위원을 선별하여 제시하는 문제이다. J. Lee, K. Lee[7] 등은 아마존 등에서 제공하는 추천 서비스와 같이 논문에 대한 주제, 내용 등 여러 가지 정보를 기반으로 분석, 탐색 수행을 통하여 관련된 논문들을 추천하는 방법을 제시했다. Yun-hong, Xi-tong[3] 등은 심사위원 선정에 있어서 기준이 될 부분을 연결성, 연관성, 우수성의 세 가지 차원의 정보를 기반으로 해야 한다고 주장하였다. 연관성은 심사위원이 논문의 주제에 관하여 전문지식을 가지고 있는지에 대한 판단이며, 우수성은 심사위원의 해당 전문지식에 대한 관련 정도를 나타낸다. 연결성은 심사가 요구되는 논문의 투고자와 심사위원과의 이해관계에 대한 것으로, 과거 논문의 공동저자이거나 같은 프로젝트에 참여하는 등의 연결 관계에 대하여 판단하는 것을 의미한다.

학술정보 분석 서비스를 기반으로 하여 여러 서비스를 제시한 연구[4, 6]는 온톨로지 구성을 중점적으로 제시하고, 이를 사용하여 심사위원 추천 및 연구 성과 분석을 시도하였다. 온톨로지 구성은 학문 분야 개념들 간의 연결 관계에 대하여 구성된 것으로, 2001년부터 5년간 학술진흥재단에 신청된 과제의 과제정보를 대상으로 색인어를 추출하여, 학문분야에 대한 개념이 동시에 나타난 경우, 두 개념이 나타난 맥락이 유사한지에 대한 정도를 판단하는 등 개념들 간의 연관성을 기반으로 온톨로지를 구성한다. 또한, 연구자들을 노드로 하고 연구자들 간의 사회적 관계를 링크로 모델링 하여 연구자 네트워크를 구성하고, 이를 활용한 심사위원 추천 방안을 제시한다.

앞서 설명한 기존 심사자 추천 방안들은 심사위원들의 전문성을 고려하여 투고된 논문의 기술 분야에 적합한 심사위원 추천을 하고 있지만, 심사위원들의 과거 심사 참여빈도, 추천 심사위원들의 전문성 간의 공정성 및 추천 심사위원들의 우선순위 부여 등은 간과하고 있다.

2.2 문자열 유사도 측정

투고 논문에 대한 심사위원 추천에 있어서 투고 논문의 키워드와 심사위원의 전문지식 태그 간의 유사성이 활용된다. 이때, 두 문자열 간의 유사도 측정이 판단의 기반으로

활용되므로 기존의 문자열 유사도 측정 방법에 대하여 소개한다.

임의의 두 문자열에 속한 각 문자 및 그 문자들의 순서가 완전히 동일하면 두 문자열은 동일하다고 볼 수 있지만, 두 문자열에 속한 각 문자 및 그 문자들의 순서가 약간 다르더라도 유사도가 높으면 동일하다고 판단이 가능하다. Jaro-Winkler Distance(JWD)[10]는 두 문자열 사이의 유사도를 측정하는 대표적인 기법으로, 두 문자열에 대한 JWD 수치는 0~1의 수치를 가지며 0일 경우 유사성이 없는 것을 의미하며 1인 경우 정확히 같음을 의미한다.

두 문자열 s_1, s_2 에 각각 속한 문자 a_1 와 a_2 이 서로 매칭(matching) 된다고 함은 a_1 과 a_2 가 동일한 문자이면서 각각 s_1 과 s_2 에서 정확하게 동일한 위치에 있거나 다음 Equation (1)에서 정의하는 tr 값과 같거나 더 작은 위치 차이로 존재하는 것을 의미한다.

$$tr = \left\lfloor \frac{\max(|s_1|, |s_2|)}{2} \right\rfloor - 1 \quad (1)$$

한편, 두 문자열 s_1, s_2 에 각각 속한 문자 a_1, a_2 가 전위(transposition)되어있다고 함은 a_1 과 a_2 가 동일한 문자이면서 그 위치가 정확하게 동일하지 않지만 위 Equation (1)에 정의된 tr 값과 같거나 더 작은 위치 차이로 존재함을 의미한다.

JWD 수치를 구하기 위하여 우선 Jaro 수치를 구해야 하며, 임의의 두 문자열 s_1, s_2 간의 Jaro 수치 d_j 는 다음과 같이 정의된다.

$$d_j = \begin{cases} 0 & \text{if } m = 0 \\ \frac{1}{3} \left(\frac{m}{|s_1|} + \frac{m}{|s_2|} + \frac{m-t}{m} \right) & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2)$$

위 식에서, m 은 매칭 되는 문자(matching character)의 수이며, t 는 전위(transpositions)된 문자 수의 절반을 나타낸다. 예를 들어, 두 문자열 “MARTHA”와 “MARHTA”에서 정확하게 그 위치가 동일한 문자는 M, A, R이며, Equation (1)에 의하여 $tr=2$ 이므로, 매칭 되는 문자 수인 $m=6$ 이며, 전위된 문자 수의 절반인 $t=1$ 이다. 그러므로 Jaro 수치 d_j 는 $17/18 \approx 0.94$ 이다.

한편, JWD 수치는 두 문자열의 앞부분(prefix)에서 더 많은 문자 매칭이 이루어지면 유리한 수치를 제공하여 더 높은 유사성을 의미하는 것으로 판단하기 위하여 Jaro 수치에 추가적인 계산이 부여된다. 우선 l 을 두 문자열 s_1, s_2 의 앞부분에서부터 각각 속한 문자들이 동일한 문자이면서 위치까지 동일한 개수로 정의하며, 최대 4를 넘지 못하도록 제한한다. 한편, p 는 그러한 앞부분 동일성 고려를 어느 정도까지 반영할지에 관한 스케일링 상수로서 0.1을 보통 사용한다. 이와 같은 l 과 p 를 활용하여 JWD 수치는 다음 Equation (3)과 같이 d_w 로 정의할 수 있다.

$$d_w = d_j + (lp(1 - d_j)) \quad (3)$$

앞선 예에서 두 문자열 “MARTHA”와 “MARHTA”에 대해 M, A, R이 각 문자열에서 앞부분에서부터 동일한 문자이면서 위치까지도 동일하므로 $l=3$ 이다. 그러므로 JWD 수치는 $0.94 + 3 \times 0.1 \times (1 - 0.94) = 0.958$ 이다.

3. 저널 투고 논문 심사위원 추천 문제

본 논문에서 해결하고자 하는 논문 심사위원 추천 문제는 저널에서 논문 투고가 상시 이루어지는 특성에 기반하여, 투고된 논문에 가장 적절한 심사위원을 선정해야 하는 투고 논문 심사위원 추천 문제이다. 본 논문에서는 일정한 주기를 정하고 각 주기가 돌아오는 시점(Epoch)마다 해당 주기 동안 투고된 논문들의 집합 P 를 우선 정의한다. 한편, 심사위원들의 집합 R 은 이미 본 논문에서 고려하는 논문 투고 및 심사 시스템에 등록되어있다고 가정한다. 또한, 해당 주기가 돌아오는 시점 이전에 편집장은 임의의 투고 논문에 대해 직접 몇 명의 심사위원들을 이미 할당해놓을 수 있다. 이렇게 투고 논문 p 에 대해 편집장이 이미 심사 할당된 심사위원들의 집합을 R_p 라고 가정한다.

결국, 본 논문에서 해결하고자 하는 문제는 임의의 주기가 돌아오는 시점마다 현재까지 투고된 임의의 논문 $p \in P$ 에 대해 이미 편집장이 심사 할당된 심사위원들을 제외한 나머지 심사위원 집합에서 가장 적합한 심사위원 $r \in R - R_p$ 를 찾아 추천하는 문제이다.

또한, 본 문제를 해결하여 산출되는 해집합은 다음과 같은 제한 사항($\theta_1 \sim \theta_4$)들을 만족해야 한다.

- θ_1 : 투고된 논문 p 에 대해 k 명의 심사위원이 추천되어야 한다.
- θ_2 : 각 심사위원 r 은 동시에 최대 n 개의 논문을 할당받아 심사할 수 있다.
- θ_3 : 각 심사위원 r 은 동시에 최대 m 번 추천될 수 있으며, 이미 심사위원 r 이 t 개의 논문을 할당받아 심사 중이라면, $m = n - t$ 이다.
- θ_4 : 논문 p 에 대하여 심사가 가능한지에 대한 자격이 충족된 심사위원 r 을 추천할 수 있다. 예를 들어, 심사 자격이란 박사학위가 있어야 되며, 논문 투고자와 소속기관이 달라야 하는 등의 조건이 된다.

4. 제안하는 알고리즘

저널 투고 논문 심사위원 추천 문제를 해결하기 위하여 본 논문에서는 투고 논문과 심사위원 사이의 전문분야 유사성과 심사위원의 심사 참여빈도를 기반으로 투고 논문에 적합한 심사위원들을 추천한다. 앞으로 투고 논문의 주제를 나타내는 주제어를 키워드(Keyword)라 지칭하고, 심사위원

의 지식에 관련된 주제어를 전문지식(Expertise)이라고 지칭한다. 심사위원의 전문지식을 채집하는 방안은 여러 가지 방법이 존재하며 본 논문의 주제와 관련성이 적기 때문에 간략하게 설명한다. 본 논문에서 심사위원의 전문지식은 해당 심사위원이 이전에 투고했던 논문을 분석한 키워드와 심사 참여한 논문의 키워드를 심사위원의 전문성과 관련이 있다고 보고 전문지식 태그로 추가하는 방안을 활용하였다.

우선 “논문 p 와 심사위원 r 사이의 유사도(Similarity between Paper p and Reviewer r , 이하 SPR)”는 임의의 논문 p 의 키워드 집합과 임의의 심사위원 r 의 전문지식 태그 집합이 얼마나 유사한지를 나타내는 함수이며 다음 Equation (4)와 같다.

$$SPR(p, r) = \frac{|K_p \cap K_r|}{|K_p|} \tag{4}$$

위 식에서 K_p 는 논문 p 의 키워드 문자열 집합이며, K_r 은 심사위원 r 의 전문지식 태그 문자열의 집합이다. 각 키워드 문자열과 전문지식 태그 문자열의 비교는 Jaro-Winkler distance 알고리즘을 활용한 JWD 수치를 활용하며, 두 문자열에 대해 JWD 수치가 주어진 임계값 κ 보다 높으면 두 문자열은 일치한다고 판단하고 그 두 문자열이 K_p 와 K_r 에 동시에 속하면 $SPR(p, r)$ 값은 높아진다.

임의의 투고 논문 p 에 대해 이미 심사 할당된 심사위원들의 집합을 R_p 라고 정의하자. 이때, 투고 논문 p 와 심사위원 집합 R_p 간의 유사도는 다음 Equation (5)와 같이 정의된다.

$$SPR(p, R_p) = \frac{|K_p \cap \bigcup_{s \in R_p} K_s|}{|K_p|} \tag{5}$$

투고 논문 p 에 새로운 심사위원 r 을 추가적으로 추천하려는 판단에 있어서 $SPR(p, R_p \cup \{r\})$ 은 새로운 심사위원 r 이 R_p 에 속한다고 가정할 때 투고 논문 p 와 추천 심사위원 집합 $R_p \cup \{r\}$ 간의 유사도를 나타낸다.

투고 논문 p 의 기존 심사위원 그룹 R_p 에 새로운 심사위원 r 을 참여시킬지를 결정하는 기준으로서, “논문 p 와 새로운 심사위원 r 이 포함되는 심사위원 집합 간 적합도” $G(p, r)$ 를 고려해보자. 이 적합도 함수는 다음과 같은 두 가지 고려사항을 기반으로 구성할 수 있다.

- 새로운 심사위원 r 이 심사위원 집합에 포함됨으로써 투고 논문과 심사위원 집합 간의 유사도가 가능하면 높아져야 한다.
- 새로운 심사위원 집합 $R_p \cup \{r\}$ 에 속한 각 심사위원들과 투고 논문 간의 유사도가 가능하면 대체적으로 비슷한 수준을 지녀야 한다.

위 고려사항 중 두 번째는 심사위원 간의 공정성을 기하

기 위하여 추가되는 사항이며, 임의의 투고 논문 p 에 대해 각 심사위원 s 사이의 $SPR(p, s)$ 값의 표준편차가 가능하면 낮을수록 그러한 공정성이 높다고 볼 수 있다. 위 두 가지 고려사항을 기반으로 Equation (6)과 같이 함수 $G(p, R_p, r)$ 를 정의한다.

$$G(p, R_p, r) = SPR(p, R_p \cup \{r\}) - \sqrt{\frac{\sum_{s \in R_p \cup \{r\}} (SPR(p, s) - SPR(p, s))^2}{|R_p \cup \{r\}|}} \tag{6}$$

다음 Equation (7)은 투고 논문 p 와 심사위원 r 간의 단순한 유사도 및 해당 논문 p 에 대하여 이미 심사 할당된 심사위원 집합 R_p 에 새로운 심사위원 r 이 포함된 심사위원 집합 간의 적합도를 동시에 고려한 심사위원 r 의 추천 적합도 (Fitness) 함수를 나타낸다.

$$f(p, R_p, r) = \gamma \cdot SPR(p, r) + (1 - \gamma) \cdot G(p, R_p, r) \tag{7}$$

위 식에서 γ 는 추천 적합도 함수의 내부 가중치 파라미터이다.

임의의 투고 논문 p 와 해당 시점에 고려될 수 있는 모든 후보 심사위원 집합 $R - R_p$ 에 대해 Equation (7)의 적합도를 고려하여 선정되는 모든 심사위원 집합을 \hat{R}_p 라고 가정하자. 이때, 제안 알고리즘이 수행되어야 할 각 주기가 돌아온 시점마다 고려해야 할 투고 논문 집합 P 에 있는 임의의 논문들에 대해 다음 Equation (8)과 같은 전역 적합도 함수 $F(P, R)$ 를 정의한다.

$$F(P, R) = \frac{\sum_{p \in P} \sum_{r \in \hat{R}_p} f(p, R_p, r)}{|P|} \tag{8}$$

마지막으로, Equation (9)는 임의의 심사위원 r 에 대해 최근 특정 기간 동안의 심사 참여빈도를 나타내는 심사 활동 지수 FR_r 을 정의하고 있다. 임의의 논문 p 에 대하여 임의의 두 심사위원이 비슷한 추천 적합도 함수 값을 지닐 경우, 심사 참여빈도가 낮은 심사위원을 우선적으로 추천하여 심사위원들 간의 심사기회를 균등하게 부여하도록 한다.

$$FR_r = \frac{N_r}{T} \tag{9}$$

위 식에서 T 는 단위 기간을 나타내며, N_r 은 단위 기간 T 동안 심사위원 r 이 실제 심사에 할당된 횟수를 나타낸다.

결과적으로 제안하는 알고리즘은 기본적으로 식 $F(P, R)$ 의 전역 적합도 값을 가장 최대로 산출할 수 있는 각 논문당 심사위원들을 선정하는 문제로 귀결된다. 이후, 심사 참

여빈도를 통하여 우선순위를 조정한다.

본 논문에서는 이와 같은 문제에 대한 해결책으로서 탐욕 (Greedy) 알고리즘 및 유전자(Genetic) 알고리즘을 각각 제안한다.

4.1 탐욕(Greedy) 알고리즘

다음 Table. 1은 임의의 투고 논문에 대한 추천 심사위원을 선별하는 탐욕 알고리즘을 보여준다. 제안 알고리즘이 최대 $k \cdot v$ 명의 심사위원을 추천한다고 할 때, 알고리즘에서 사용되는 변수에 대한 설명은 다음과 같다.

- P : 임의의 시점까지 새롭게 투고된 논문 집합
- R : 심사위원 후보 집합
- RRS (Recommended Reviewer Set) : 최종 결과로 선정된 심사위원들의 집합
- FRS (Filtered Reviewer Set) : 적합도 함수 $f(p, R_p, r)$ 를 통해 1차적으로 만들어진 심사위원들의 집합
- FMS (Fitness Max Set) : FRS 에서 적합도 함수 $f(p, R_p, r)$ 수치가 최대인 심사위원들의 집합
- ϵ : 1차적인 심사위원 집합 FRS 을 구성할 때 적합도 함수 $f(p, R_p, r)$ 수치의 기준으로 사용될 임계값
- k : 각 논문당 추천 심사위원 명수 (θ_1 제한 사항 참고)
- v : 추천 심사위원 명수에 대한 배수

Table 1. Reviewer Recommendation Greedy Algorithm

```

Algorithm 1
1: Input:  $P, R$ 
2: output:  $RRS_p$  for all  $p \in P$ 
3:  $FRS = \{ \}$ 
4: for  $p \in P$  do
5:   for  $r \in R$  do
6:     if  $(f(p, R_p, r) > \epsilon$  and  $b_{pr} = true)$  then
7:        $FRS.add(r)$ 
8:     end if
9:   end for
10:  if  $(|FRS| > k \cdot v)$  then
11:    for  $i \in [1 \dots (k \cdot v)]$  do
12:       $FMS = \text{argmax}_r f(p, R_p, r)$  for  $r \in FRS$ 
13:       $\hat{r} \leftarrow \text{argmin}_r FR_r$  for  $r \in FMS$ 
14:       $RRS_p.add(\hat{r})$ 
15:       $FRS.remove(\hat{r})$ 
16:    end for
17:  else
18:     $RRS_p \leftarrow FRS$ 
19:  end if
20:   $FRS = \{ \}$ 
21: end for
    
```

제안하는 알고리즘에서는 Equation (7)을 이용하여 해당 문제에 대하여 유사성 정도가 ϵ 값보다 높은 심사위원들을

선별한다(라인 5~9). 이때 b_{pr} 은 논문 심사위원 추천 문제의 제한사항 $\theta_1 \sim \theta_4$ 들을 만족하는지에 대한 여부를 판단하는 부분을 나타내는 것으로, 그러한 제한사항을 모두 만족해야만 선별될 수 있다. $k \cdot v$ 는 최종적으로 추천할 심사위원의 수를 나타내며 최종 추천 심사위원 수는 최소 추천 심사위원 수인 k 의 v 배수이다.

한편, 위와 같이 1차적으로 선정된 추천 후보들의 수가 $k \cdot v$ 보다 많다면, 추천 적합도 함수를 나타내는 Equation (7)의 수치가 최대이면서 심사 참여빈도가 낮은 심사위원이 먼저 선별된다(라인 11~16).

4.2 유전(Genetic) 알고리즘

본 절에서는 최적화 문제를 해결하는 대표적 기법인 유전 알고리즘을 적용하여 투고 논문에 대한 추천 심사위원을 선별하는 유전 알고리즘을 제시한다. 유전 알고리즘에 대한 각 고려 사항은 다음과 같이 설정한다.

P \ R	1	2	...	m
1	0	1	...	0
2	1	0	...	1
...
n	0	0	...	1

Fig.1. Chromosome Format

- 유전자 형식 : 투고 논문들의 집합 P 와 심사위원 후보들의 집합 R 로 이루어진 2차원 배열의 형식으로 표현한다. 이때 요소의 값으로 1은 추천 심사위원으로 선정된 것이며, 0은 선정되지 않은 상태를 의미한다. Fig. 1은 유전자 형식의 예시를 나타낸다.
- 해 집단(Population) 초기화 : 유전 알고리즘을 적용하여 진행하기 위한 처음 1세대의 해 집단을 초기화하여 한 세대의 유전자 집합의 수를 나타내는 pop_size 만큼의 유전자를 생성한다. 해 집단에 속한 각 유전자들은 임의로 생성되며, 이때, 제한사항 $\theta_1 \sim \theta_4$ 를 모두 만족시키며 생성된다.
- 선택(Selection) : 우선, 엘리트(Elite) 보존 선택을 통하여 전역 적합도 함수 $F(P, R)$ 값이 큰 상위 2%의 유전자를 보존하여 다음 세대 부모 해 집단에 포함시킨다. 또한 각 유전자의 $F(P, R)$ 값 순위에 따른 확률로 선택하여 부모 해 집단에 포함시키는 순위(Rank) 기반 선택을 함께 적용하여 전체적으로 20%의 해를 부모 해 집단에 선택하여 보존한다. 이로 인하여, 우수한 해를 보존하며 $F(P, R)$ 값이 낮은 유전자에게도 선택의 가능성을 두어 다양한 형태의 해가 생성될 수 있도록 한다.
- 교차(Crossover) : 위 선택 기법에 의하여 선택된 두

개의 유전자를 교차시켜 새로운 유전자를 생성한다. 교차 연산은 교배를 통하여 다음 세대의 해를 만들어내는 과정을 나타내며, 예를 들어 투고 논문이 4개, 심사위원이 4명일 때 제안하는 유전 알고리즘의 교차 방법은 Fig. 2와 같다. 본 논문에서는 각 투고 논문의 추천 심사위원 수를 유지하기 위하여 투고 논문을 나타내는 행을 기준으로 교차 연산을 수행한다. 부모 유전자로부터 한 행씩 번갈아가며 교차되어 새로운 자식 해를 만들어 내며, 결과적으로 절반씩 조합되어 만들어진다. 교차가 수행된 이후 제한 사항 θ_1, θ_4 는 여전히 만족이 되지만 θ_2 와 θ_3 은 만족하지 못할 수 있다. 이에 대한 사항은 이후 조정(Fix)과정을 통하여 만족시키도록 한다.

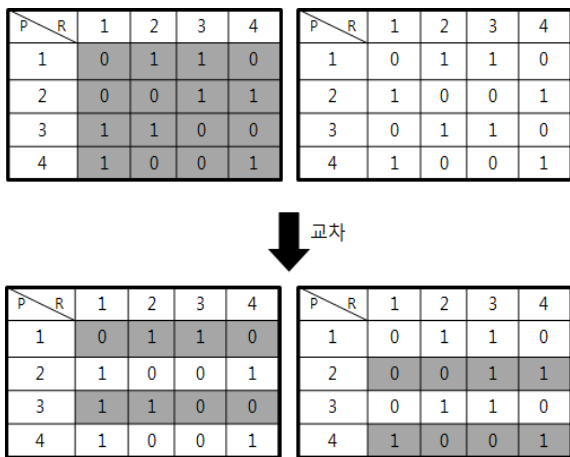


Fig. 2. Crossover Operation

- 변이(Mutation) : 임의로 선택된 변이를 적용할 유전자에서 임의의 투고 논문 p 를 선택한 후, 해당 논문의 임의의 추천 심사위원과 추천 상태가 아닌 임의의 심사위원을 교체한다. Fig. 3은 변이 과정의 예시를 나타낸다. 임의의 선택으로 논문 p_2 의 심사위원 r_1 이 선택되었을 때, 추천 심사위원으로 선정되지 않은 r_2, r_3 중에 임의로 선택하여 선정을 바꾸도록 수행한다. 이때, r_2, r_3 에 대하여 제한사항 θ_4 를 만족하는지 확인 후에 만족하는 대상들 중 하나를 선택하여 변이를 진행한다. 현재의 예시는 r_3 이 선택된 것 형태를 나타낸다. 변이가 수행된 이후 θ_1, θ_4 는 여전히 만족이 되지만 θ_2 와 θ_3 는 만족하지 못할 수 있다. 이에 대한 사항은 이후 조정(Fix)과정을 통하여 만족시키도록 한다.

- 조정(Fix) : 교차, 변이 등의 과정은 각 유전자의 행 단위로 수행되기 때문에 논문 추천 심사위원 수를 나타내는 θ_1 은 지속적으로 만족이 된다. 한편, 교차에서는 θ_4 도 자연스럽게 만족되고, 변이에서는 θ_4 를 만족시키는지를 검사하며 수행하기 때문에 결과적으로 θ_4 는 만족하는 상태가 된다. 그러므로 교차 및 변이 수행 이후

에는 심사위원당 가능한 최대 추천 수에 대한 제한사항 θ_2 및 θ_3 을 만족시키지 못하는 경우가 발생할 수 있다. 이에 따라, 제한사항 θ_3 의 m 수치보다 초과된 추천 수를 가진 심사위원은 초과 논문을 m 수치보다 적은 추천 수를 가진 심사위원에게로 변경하는 조정 작업이 필요하다. 조정작업에서는 θ_2 및 θ_3 을 위반한 심사위원의 논문들 중에 임의의 논문을 선택한 후 제한사항들을 만족하는 임의의 심사위원을 선택하여 해를 조정한다. Fig. 4는 조정 연산에 대한 예시를 보여준다. 해당 예시에서는 m 수치가 초과된 심사위원 r_1 에게 선정된 논문들 중 임의로 논문 p_4 가 선택되어 제한사항을 만족하는 r_3 으로 변경되며 조정되는 과정을 나타낸다.

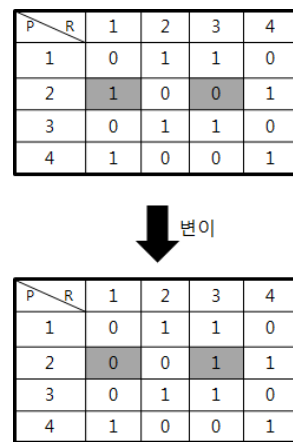


Fig. 3. Mutation Operation

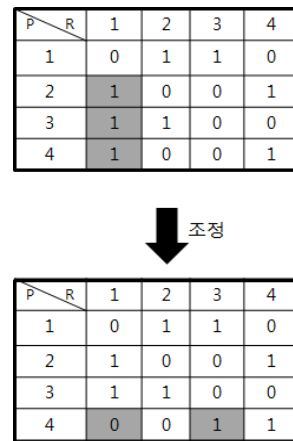


Fig. 4. Fix Operation

위와 같은 교차, 변이, 조정을 통하여 만들어진 새로운 유전자는 다음 세대 해 집단에 추가되며, 이러한 추가 과정은 pop_size 만큼의 동일하지 않은 유전자가 추가될 때까지 지속한다.

다음은 최대 세대 값을 max_g 으로 정할 때 유전 알고리즘 기법의 심사위원 추천 알고리즘이다. 최종 출력은 마지막

세대의 해 집단에서 전역 적합도 함수 $F(P,R)$ 수치가 가장 큰 해를 반환한다. 이때, 반환하는 해에 대하여 각 투고 논문별 심사위원들의 심사 활동 지수를 비교하여 추천 우선순위를 조정하는 과정을 거친다.

Table 2. Reviewer Recommendation Genetic Algorithm

Algorithm 2	
1:	Input: P, R
2:	output: RRS
3:	initialize $population_0$;
4:	$g \leftarrow 1$
5:	while $g \leq max_g$ do
6:	$parents \leftarrow \text{Elitist_Select}(population_{g-1})$
7:	$parents \leftarrow parents \cup \text{Rank_Select}(population_{g-1})$
8:	$population_g \leftarrow parents$
9:	$k \leftarrow parents $
10:	for $i \in [k+1 \dots pop_size]$ do
11:	$p_1 \leftarrow \text{Random}(parents)$
12:	$p_2 \leftarrow \text{Random}(parents)$
13:	$c \leftarrow \text{Crossover}(p_1, p_2)$
14:	$c \leftarrow \text{Fix}(c)$
15:	$c \leftarrow \text{Mutate}(c)$;
16:	$c \leftarrow \text{Fix}(c)$
17:	if $c \notin population_g$ then
18:	$population_g.append(c)$;
19:	end if
20:	end for
21:	$g \leftarrow g + 1$;
22:	end while
23:	$FRS \leftarrow \text{argmax}_s F(P, R)$ for $s \in population_g$
24:	for $p \in FRS$ do
25:	for $i \in [1 \dots (k \cdot v)]$ do
26:	$FMS = \text{argmax}_r f(p, R_p, r)$ for $r \in FRS$
27:	$\hat{r} \leftarrow \text{argmin}_r FR_r$ for $r \in FMS$
28:	$RRS.add(\hat{r})$
29:	$FRS.remove(\hat{r})$
30:	end for
31:	end for

5. 실험 결과 및 분석

5.1 실험 환경

1) 실험 데이터 집합

실험 데이터 집합은 실제 한국 정보처리학회 저널 논문

투고 및 심사 시스템[14]에서 추출한 투고 논문과 심사위원들의 집합을 사용하였다. Table 3은 본 실험을 위하여 마련한 각기 다른 크기의 3가지 실험 데이터 집합 내용을 제시한다. 각 데이터 집합에서 투고 논문 수는 임의의 시점에서 심사가 요구되는 논문의 수를 의미한다. 실험 수행시간의 단축을 위해, 후보 심사위원의 수는 실제 시스템에 등록된 후보 심사위원들 중 해당 시점에서의 모든 투고 논문들에 대하여 적합도 함수 $f(p, R_p, r)$ 의 값이 0 이상인 심사위원만 후보 심사위원 대상으로 선정하였다.

Table 3. Composition of Dataset

실험 데이터 집합	투고 논문 수	후보 심사위원 수
A	6	38
B	5	63
C	19	56

2) 파라미터 설정

해당 실험에서 JWD 알고리즘을 위해서 $\kappa=0.7$ 이 사용되고, 탐욕 알고리즘에서 사용된 파라미터 값은 각각 $k=3, n=3, v=2, \gamma=0.7, \epsilon=0.3$ 이며, 유전 알고리즘에서 해 집단 전체 크기(pop_size)는 1000이며, 최대 세대 값 max_g 도 1000을 사용하였다.

5.2 정성적 분석

다음 Table 4는 실제 저널 논문 투고 시스템에 제안 탐욕 알고리즘을 적용 후 도출된 심사위원 추천 결과목록 중 임의의 예시 추천 결과를 보여준다.

추천 결과를 살펴보면, 논문의 키워드와 유사한 전문지식 태그를 보유하고 있는 심사위원들을 대체적으로 올바르게 추천하고 있으며 더 많은 공통 주제를 가진 심사위원에게 높은 추천 순위를 부여함을 볼 수 있다.

Table 5는 Table 4에 사용되었던 데이터에 대하여 제안 유전 알고리즘을 적용 후 도출된 임의의 예시 추천 결과를 보여준다. 유전 알고리즘의 진행에 따라서 더 많은 공통 주제를 가진 심사위원들로 인하여 추천 순위가 변경되기도 하는 결과를 보여준다.

5.3 정량적 분석

본 논문에서 성능 분석은 성능평가의 동작을 수행하는 전역 적합도 함수 $F(P,R)$ 와 수행시간을 기반으로 평가한다. 각 데이터셋에 대하여 탐욕 알고리즘을 실시한 결과에 대한 $F(P, R)$ 및 유전 알고리즘의 진행에 따른 수치 값의 변화를 우선 비교하고, 두 알고리즘의 수행시간에 대해서도 비교한다.

Fig. 5-7은 각각 3가지의 데이터셋에 대하여 세대진행에 따라 전역 적합도 함수의 수치 변화를 보여준다. 데이터셋의 크기에 따라 세대진행 수 차이가 있지만, 모든 데이터셋에 대해 세대가 진행될수록 유전 알고리즘의 $F(P, R)$ 수

Table 4. Result List of Greedy Algorithm

심사 논문	탐욕 알고리즘	
	(추천순위) 추천심사위원	키워드 - 전문지식 태그
1207		E-governance F1-measure. Personalized and group recommendations Trie data structure Web recommender system
	(1) 606	Collaborative Recommender Systems Job Recommendation Personalized Information Retrieval ⋮
	(2) 537	Social Network-Based Recommendations E- Commerce Information Personalization ⋮
	(3) 292	Movie Recommendation System Collaborative Recommender Systems ⋮
	(4) 895	Web Semantic ⋮
	(5) 290	E-Governance ⋮
1165		Decoding Landmark Mandarin Segment Model Speech Recognition
	(1) 327	Face Recognition Numeral Recognition Object Recognition Expression Recognition ⋮
	(2) 243	Segmentation Driving Models Speech recognition ⋮
	(3) 343	Prostate Segmentation Video Coding Gait Recognition ⋮
	(4) 251	Gesture Recognition Gait Recognition ⋮
	(5) 307	Speech Recognition ⋮

치가 점차 탐욕 알고리즘의 $F(P, R)$ 에 도달하여 결국은 초과하는 것을 알 수 있다. Table 6는 Fig. 5-7에서 나타내는 최종 $F(P, R)$ 수치들을 보여주며 유전 알고리즘이 산출한 결과가 보다 적합도가 높음을 확인할 수 있다.

Table 7은 제안 알고리즘의 수행시간을 나타낸다. Table 7에 제시된 수행시간은 각 데이터셋에 대하여 탐욕 알고리

Table 5. Result List of Genetic Algorithm

심사 논문	유전 알고리즘	
	(추천순위) 추천심사위원	키워드 - 전문지식 태그
1207		E-governance F1-measure. Personalized and group recommendations Trie data structure Web recommender system
	(1) 606	Collaborative Recommender Systems Job Recommendation Personalized Information Retrieval ⋮
	(2) 537	Social Network-Based Recommendations E- Commerce Information Personalization ⋮
	(3) 292	Movie Recommendation System Collaborative Recommender Systems ⋮
	(4) 2085	Design Structure Matrix Energy Management ⋮
	(5) 290	E-Governance ⋮
1165		Decoding Landmark Mandarin Segment Model Speech Recognition
	(1) 327	Face Recognition Numeral Recognition Object Recognition Expression Recognition ⋮
	(2) 243	Segmentation Driving Models Speech recognition ⋮
	(3) 343	Prostate Segmentation Video Coding Gait Recognition ⋮
	(4) 247	Segmentation Gait Recognition ⋮
	(5) 251	Gesture Recognition Gait Recognition ⋮

즘과 유전 알고리즘 적용 시의 $F(P, R)$ 수치를 기준으로 탐욕 알고리즘보다 더 좋은 성능을 보이는 순간까지의 수행시간을 나타낸다. 데이터셋에 포함된 투고 논문 수 및 심사위원 수가 증가할수록 두 알고리즘의 수행시간도 함께 점점 증가함을 알 수 있고, 또한 성능 향상을 위해 유전 알고리즘을 사용하는 것은 탐욕 알고리즘을 사용하는 것보다 수행

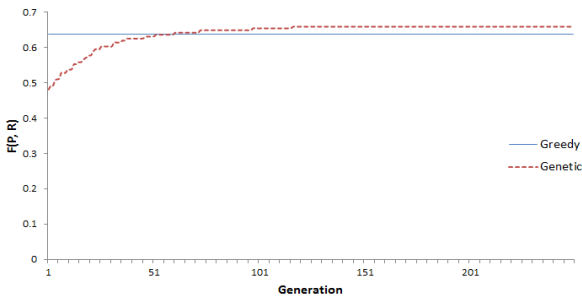


Fig. 5. Value of Performance Evaluation Function on Dataset A

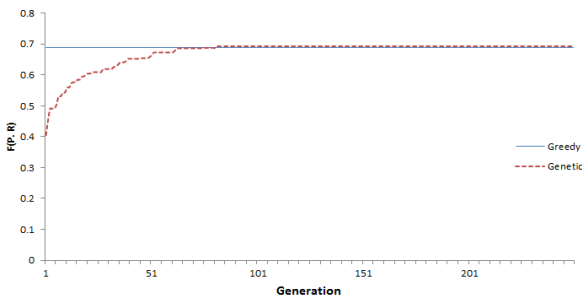


Fig. 6. Value of Performance Evaluation Function on Dataset B

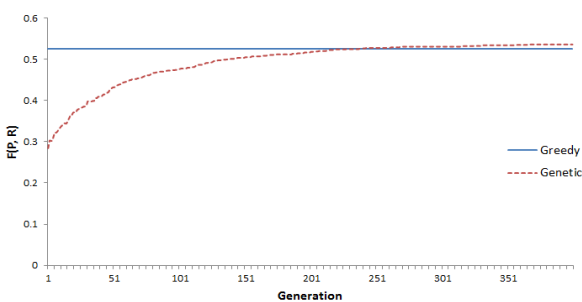


Fig. 7. Value of Performance Evaluation Function on Dataset C

시간을 더 요구하고 있음을 알 수 있다. 하지만, 논문 투고가 상시 일어나는 저널 논문 투고 및 심사 시스템에서는, 투고된 논문들에 대해 편집위원이 심사위원을 선정할 때까지 일반적으로 하루 이상의 시간이 소요되기 때문에 심사위원 추천 알고리즘의 수행시간이 빨라야 할 필요는 없다. 따라서 논문이 투고된 시점 혹은 그 이후에 주기적으로 유전 알고리즘을 수행하여 추천 심사위원들을 편집위원에게 제공한다면 더 좋은 성능을 기반으로 심사위원들을 선정하는 데 도움이 될 것이다.

6. 결론

본 논문은 저널 논문 투고 및 심사 시스템에서 투고 논문에 대한 심사위원들을 추천하는 방법을 제시했다. 이와 같은 목적으로 탐욕 알고리즘과 유전 알고리즘을 제안하였으

Table 6. Value Comparison of $F(P, R)$

데이터셋	탐욕 알고리즘	유전 알고리즘
A	0.6370	0.6593
B	0.6878	0.6933
C	0.5254	0.5363

Table 7. Performance Time of Algorithm (s)

데이터셋	탐욕 알고리즘	유전 알고리즘의 $F(P, R)$ 수치가 탐욕 알고리즘의 $F(P, R)$ 수치를 넘어설 때
A	16	187
B	12	255
C	28	2128

며, 이 두 알고리즘 모두 주제유사성 비교를 기반으로 하여 해당 논문의 분야에서 보다 더 전문적인 심사위원을 추천한다. 유전 알고리즘에 비하여 탐욕 알고리즘이 빠른 수행시간 내에 결과를 산출하지만, 유전 알고리즘의 산출 결과가 적합도 측면에서 탐욕 알고리즘보다 우수함을 알 수 있다. 유전 알고리즘의 수행시간이 매우 길다는 점은 단점이지만, 저널에서 논문이 투고가 된 시점 이후 실제로 편집장이 심사위원을 선정하기까지는 일반적으로 하루 이상의 시간이 소요되기 때문에 유전 알고리즘의 긴 수행시간은 큰 문제가 되지 않는다. 제시한 방안은 기존의 추천 방안과 달리 추천 심사위원들에 대해 우선순위를 부여하고, 전문성에 대해 고려 이외에, 비슷한 전문성을 지닌 심사위원들의 심사참여 공정성도 고려하고 있으며, 심사위원들의 참여빈도까지도 고려하여 적합한 심사위원들을 추천하기 때문에 제한 기간 내에 심사진행이 원활히 될 수 있도록 유도하고 있다.

본 논문에서 제안하는 방안을 활용하면 저널 논문 투고 및 심사 시스템에서 편집위원들이 각 투고 논문들에 대한 우수하고 적합한 심사위원들을 추천받을 수 있으므로, 전반적인 투고 논문 관리 및 처리 과정을 용이하게 진행시킬 수 있을 것으로 기대된다.

References

- [1] C. Long, R. C. Wong, Y. Peng, and L. Ye, "On Good and Fair Paper-Reviewer Assignment," *IEEE 13th International Conference on Data Mining*, 2013.
- [2] X. Liu, T. Suel, and N. Memon, "A Robust Model for Paper-Reviewer Assignment," *the 8th ACM Conference on Recommender systems*: 25-32, 2014.
- [3] X. Yun-hong, G. Xi-tong, X. Liang, C. Yu, Z. and Yong-yao, "Research Analytics for Reviewer Recommendation," *International Conference on Management Science & Engineering (19th)*, 2012.

[4] J. Lee, J. Lee, H. Jung, I. Kang, S. Shin "Automatic Recommendation of Panel Pool Using a Probabilistic Ontology and Researcher Networks" *Journal of the Korean Society for Information Management*, Vol.24, No.3, pp.43-65, 2007.

[5] [Internet] <http://www.manuscriptlink.com/journals/jips>.

[6] P. Kim, S. Lee, I. Kang, H. Jung, J. Lee, W. Sung "The Academic Information Analysis Service using OntoFrame-Recommendation of Reviewers and Analysis of Researchers' Accomplishments" *Journal of KIISE : Computer Systems and Theory*, Vol.35, No.7, pp.431-441, 2008.

[7] J. Lee, K. Lee, and J. G. Kim, "Personalized Academic Research Paper Recommendation System," *arXiv preprint arXiv:1304.5457*, 2013.

[8] C. Basu, H. Hirsh, W. W. Cohen, and C. Nevill-Manning, "Technical Paper Recommendation: A Study in Combining Multiple Information Sources," *Journal of Artificial Intelligence Research*, Vol.14, pp.231-252, 2001.

[9] 김진권 "KFMA Online 논문투고/심사 시스템 안내" *Journal of fluid machinery*, Vol.8, No.1, pp.81-85, 2005.

[10] W. W. Cohen, P. Ravikumar, and S. E. Fienberg, "A comparison of string metrics for matching names and records" *KDD Workshop on Data Cleaning and Object Consolidation*, Vol.3, pp.73-78, 2003.

[11] D. C. Conry, "Recommender Systems for the Conference Paper Assignment Problem," *the ACM Conference on Recommender Systems*, 2009.

[12] J. Goldsmith and R. H. Sloan, "The AI Conference Paper Assignment Problem," *In Pref. Handling for AI, Papers from the AAAI Workshop*, 2007.

[13] T. Kolasa and D. Kro,l "A Survey of Algorithms for Paper-reviewer Assignment Problem," *IETE Technical Review (Medknow Publications & media Pvt. Ltd.)*, 2011.

[14] [Internet] <https://www.manuscriptlink.com/journals/jips>.

[15] J. Park, Y. Cho "Social Network Analysis for the Effective Adoption of Recommender Systems" *Journal of Intelligence and Information Systems*, Vol.17, No.4, pp.305-316, 2011.

[16] S. Lee "Personalized Contents Recommendation System Based on Social Network" *Journal of Broadcast Engineering*, Vol.18, No.1, pp.98-105, 2013.



정 용 진

e-mail : jyjin989@koreatech.ac.kr
 2013년 한국기술교육대학교 컴퓨터공학부 (학사)
 2013년~현재 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 석사과정
 관심분야: Recommendation Algorithm, Social Networks



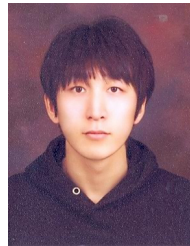
김 경 한

e-mail : goslim@koreatech.ac.kr
 2015년 한국기술교육대학교 컴퓨터공학부 (학사)
 2015년~현재 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 석사과정
 관심분야: Mobility Management, Future Internet, Machine Learning



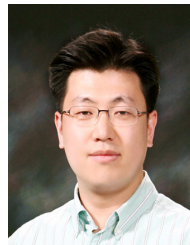
임 현 교

e-mail : gleem89@koreatech.ac.kr
 2015년 한국기술교육대학교 컴퓨터공학부 (학사)
 2015년~현재 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 석사과정
 관심분야: Mobility Management, Future Internet, Machine Learning



김 용 환

e-mail : cherish@koreatech.ac.kr
 2008년 한국기술교육대학교 공학(학사)
 2010년 한국기술교육대학교 정보미디어 공학과(석사)
 2014년 뉴욕주립대(SUNY) 컴퓨터학과 방문 연구원
 2010년~현재 한국기술교육대학교 컴퓨터공학과 박사수료
 관심분야: Mobility Management, Social Networks, Sensor Networks



한 연 희

e-mail : yhhan@koreatech.ac.kr
 1996년 고려대학교 수학과(이학사)
 1998년 고려대학교 컴퓨터학과(이학석사)
 2002년 고려대학교 컴퓨터학과(이학박사)
 2002년~2006년 삼성종합기술원 전문연구원
 2006년~2012년 한국기술교육대학교 조교수
 2013년~2014년 뉴욕주립대(SUNY) 컴퓨터학과 방문교수
 2012년~현재 한국기술교육대학교 부교수
 관심분야: Mobility Management, Sensor Networks, Social Networks, Future Internet, Machine Learning