

지능형 도로최적선형설계 프로그램 개발

Intelligent Road Design Optimization S/W Development

서기훈* · 박태권** · 김흥래*** · 지동한****

Seo, Kie Hun · Park, Tae Kwon · Kim, Heung Rae · Ji, Dong Han

1. 개발 개요

국가경제 부흥을 위한 기본적인 3가지 조건 중의 한가지로 잘 계획되고 설계된 도로건설을 꼽을 수 있다. 그 이유는 초기투자비의 집중도가 높긴 하지만 그 효과는 산업전반에 걸쳐 투입건설비의 600배 이상의 고부가가치를 창출할 수 있기 때문에 개발도상국이나 선진외국 할 것 없이 도로건설사업의 중요성을 깨닫고 투자수익 극대화를 위해 각종 설계검토기법을 자국 환경에 맞추어 개발하고 있는 점 등은 우리에게 시사하는 바가 크다 하겠다.

일반적으로 도로설계를 할 때는 시설기준이나, 지방서등에 맞게 기하구조나 구조물 형식 등을 정하여야 하며, 또한 자연적 조건, 사회적조건, 환경조건 등에도 부합되고, 동시에 가장 안전하고 경제적인 설계가 되어야 한다. 즉, 도로설계에 영향을 미치는 수많은 인자들을 동시에 고려하여 최적의 결과를 도출하여야 한다. 경제가 발전하고, 사회 구성원들의 요구가 다양해짐에 따라 고려하여야 하는 인자의 종류나 숫자도 크게 늘어남에 따라 모든 조건을 빠짐없이 합리적으로 고려하여 최적의 도로설계를 한다는 것이 갈수록 어려워지고 있는 것이 현실이다. 더구나 시설기준에 정량적으로 명시되어 있는 기준에 맞추는 것은 그런대로 용이하나 이러한 정량적인 인자보다는 기술자의 경험이나 주관에 의해 판단 될 수 밖에 없는 정성적인 인자들이 훨씬 많다는 것이 최적 도로설계를 더욱 어렵게 하고 있는 것이다. 또한 의사결정이 어려우므로 설계소요기간도 길어지고 그에 따라 인력의 낭비도 초래하게 되며, 오랜 기간 검토를 한 설계 결과에 대한 확신도 어려워지게 된다. 이렇게 기술자 개인의 경험이나 주관적인 판단에 의한 설계가 이루어짐으로 해서 객관성과 합리성을 결여한 설계가 됨으로서 사회구성원들의 집단 민원을 야기하게 되고 국가 예산의 비효율적인 집행과 더 나아가서 부실공사를 초래하게 되는 경우가 빈번하게 발생하게 된다. 그러므로 이를 최소화하는 정보기술을 이용한 새로운 도로설계 시스템의 중요성 및 필요성이 대두되게 되었다.

1.1 기존설계방법과의 비교

기존의 도로설계방법과 지능형 최적선형설계방법의 차이는 다음과 같이 비교될 수 있다.

구분	현행도로설계방법	지능형최적선형설계
현황조사	- 도면, 현장답사, 해당기관 방문 등을 통하여 자료 수집	- 향후 거의 모든 지장물 등의 주체도가 수치지도화 예상 - 자료조사 시간 단축 가능
선형설계	- 현황조사된 자료를 수치지도상에 표현 - 설계자가 S/W를 이용하여 IP위치, 곡선반경 등을 직접 설정 - 종단, 횡단 검토 후 평면 수정 - 위 과정을 계속 반복하여 최적 선형 결정	- GIS 분석을 통해 조사된 모든 조사자료를 정량화 - 탐색알고리즘과 전문가지식 베이스를 이용하여 수만 개의 선형 중에서 최적 선형 선정 - 선형설계시간 단축 - 객관적인 최적 선형 도출 가능

* 평화데이터시스템 대표 · 02-562-2367(E-mail:khseo@dearmwiz.com)

** (주)평화엔지니어링 상임고문 · 공학박사 · 031-420-7210(E-mail:mihyun114@hanmail.net)

*** 정희원 · (주)평화엔지니어링 부사장 · 도로 및 공항 기술사 · 031-420-7920(E-mail:hrkpro@hanmail.net)

**** 정희원 · 한국도로공사 대전~당진 건설사업소 소장 · 도로 및 공항 기술사



1.2 연구개발의 최종목표

1) 전문가시스템 구축

도로설계시 고려해야 하는 정량적, 정성적 인자 및 경험 많은 기술자의 노하우를 지식베이스화 한 전문가시스템 구축

2) 최적선행 탐색 알고리즘 개발

GIS(지리정보시스템), 공간분석기술, 전문가시스템 및 유전자알고리즘을 이용한 최적선행 탐색 알고리즘 개발

3) 최적선행설계 프로그램 개발

신속하고 객관적합리적인 설계가 가능한 지능형 도로최적선행설계 프로그램 개발

1.3 연구개발 개념도

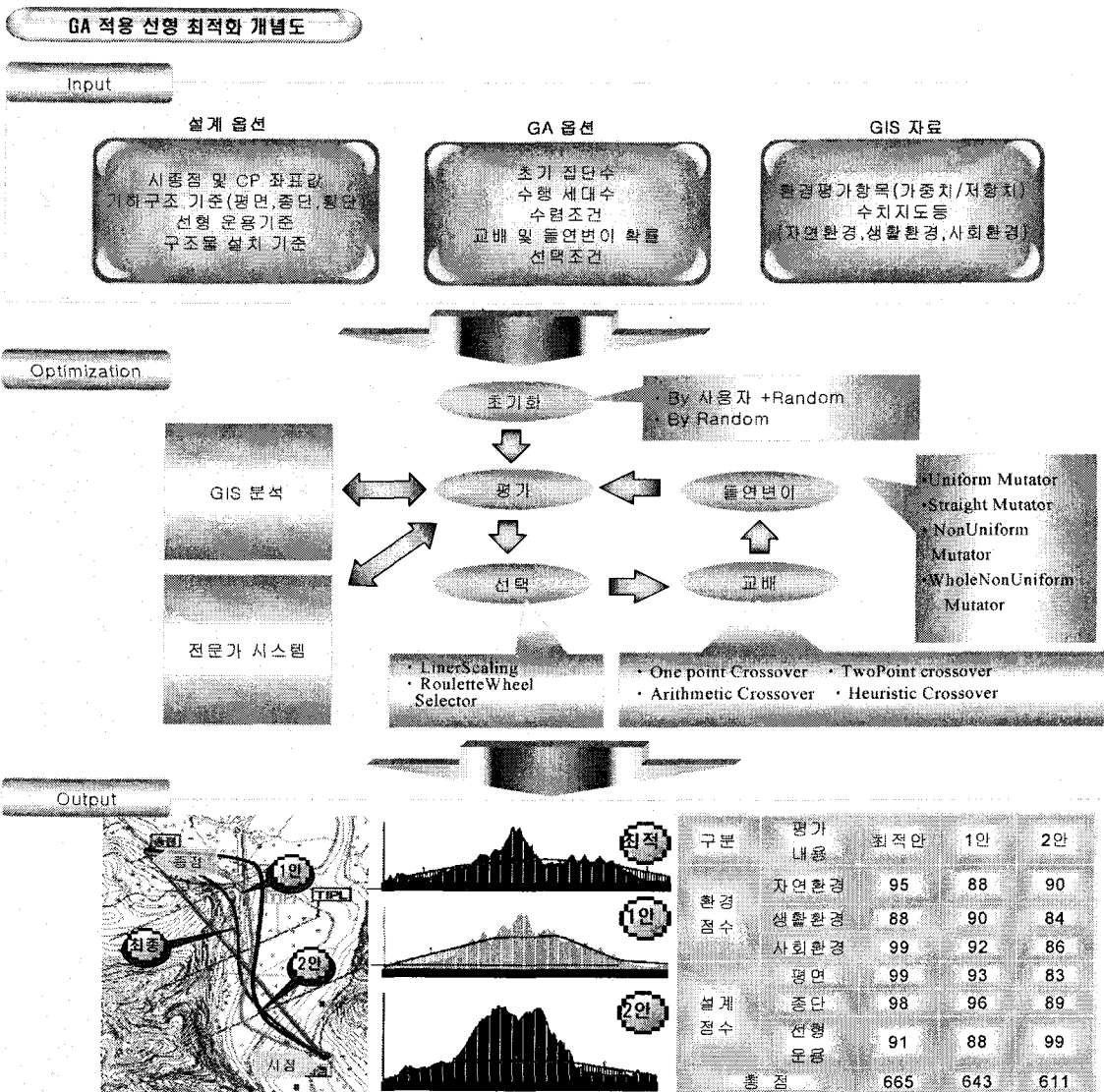


그림 1. GA 적용 선행 최적화 개념도



2. GIS 분석

노선 및 선형의 평가를 위하여 연구에서는 평가항목별 그리드 누적점수 산출기법을 적용 하였으며 GIS 데이터를 생성하기 위하여 설계대상지역의 격자변환(5mX5m) -> 평가항목별 가중/저항치산정 -> 평가그룹별 그룹 가중/저항치산정 -> 평가그룹별 가중/저항치 중첩계산 -> 격자별 누적비용 계산의 과정을 거친다.

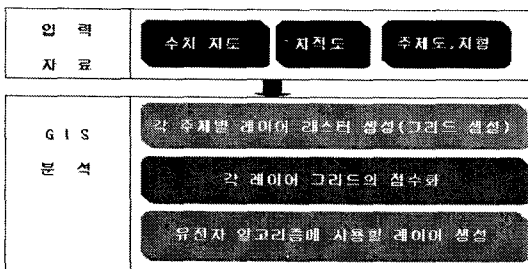
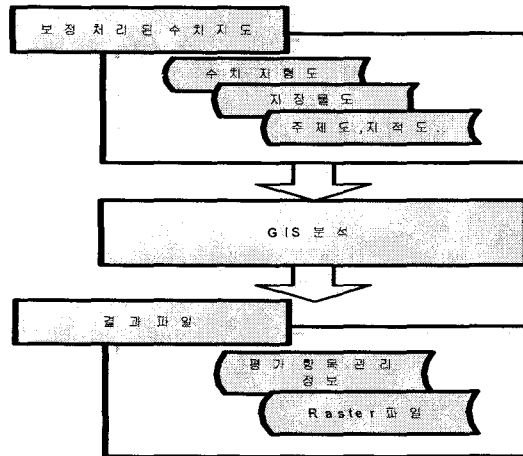
환경점수 산정을 위하여 주제별 평가항목 설정시 자연환경, 생활환경, 사회/경제적환경으로 환경그룹을 분리하였고 평면선형이 평가될 때 각 그룹별로 그리드셀의 누적점수를 합산하여 GA탐색모듈로 결과값을 넘겨주도록 모듈을 작성하였다.

선형탐색시 셀의 갯수는 보통 수천만개에 이르며 대용량의 데이터를 다루는데 있어 컴퓨터 수행속도 개선에 개발의 주안점을 두어 그 결과 벡터방식이 아닌 라스터방식의 접근을 시도하였고 1개의 평면선형 평가에 소요되는 컴퓨터의 계산시간을 1.5-2초로 단축시키는데 성공 하였다.

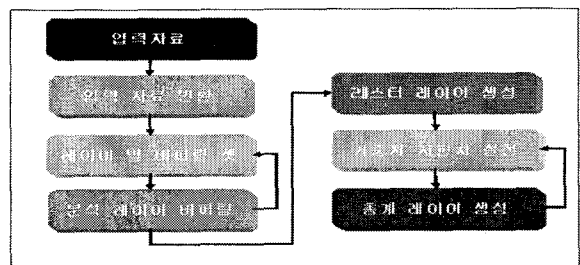
CP/VCP를 적용한 중횡단 동시 평가시 평가선형의 GIS정보를 분석하고 실시간으로 평가에 반영하기 위하여 다양한 방법을 시도하였으며 만족할 만한 수준은 아니지만 개선된 알고리즘을 적용하여 상당한 속도개선을 이루었다.

2.1 GIS 분석 개요

디지털화된 자료를 평가 아이템별로 분류하고 GIS 분석기법을 적용하여 유전자 알고리즘의 목적함수가 최적선형을 평가하는데 사용될 수 있는 자료의 형태로 변환하는 역할을 한다. 이를 수행하기 위해서는 여러 가지 분석 알고리즘과 기법들이 작용되는데 다음과 같다.



(a) 분석 개념도



(b) 프로그램 흐름도

그림 2. 흐름도

1) 지리정보의 공간구성을 표현하는 자료구조에는 기본적으로 라스터 자료구조와 벡터 자료구조가 사용되었는데 본 연구에서는 방대한 자료의 양과 처리속도 등을 고려하여 라스터 자료구조를 채택하였다.

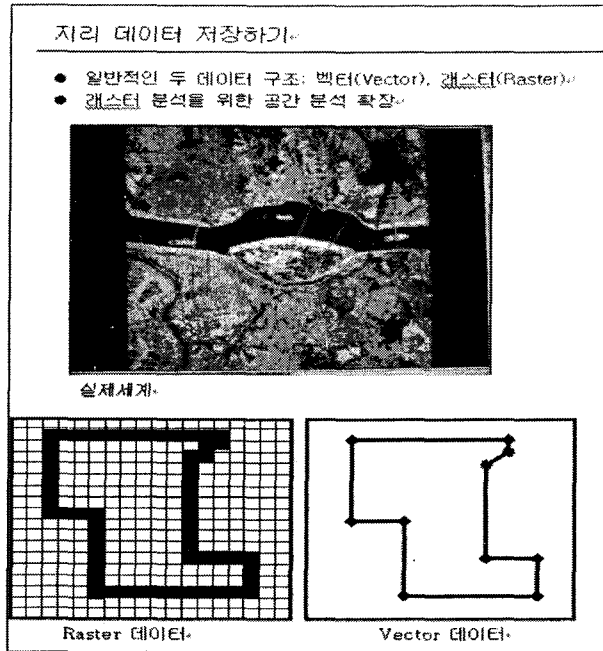


그림 3. Raster, Vector 데이터

표 1. 벡터와 라스터 자료구조의 비교

구분	장점	단점
벡터	<ul style="list-style-type: none"> - 현상적 자료구조의 표현 용이 - 자료구조의 효율적 축약 - 위상관계구축 용이 - 정확한 그래픽의 표현 - 위치와 속성의 일반화가 가능 	<ul style="list-style-type: none"> - 자료구조의 복잡 - 지도중첩 어려움 - 단위별로 위상형태가 다름 - 고가의 장비 필요 - 공간 연산이 복잡
라스터	<ul style="list-style-type: none"> - 공간분석 용이 - 자료구조가 단순명료 - 단위별로 위상형태 동일 - 지도중첩 용이 - 저가의 기술과 빠른 발달 속도 - 원격탐사자료와 연결 용이 	<ul style="list-style-type: none"> - 네트워크 연계 구현 어려움 - 투영변환에 많은 시간 소모 - 그래픽자료의 양이 방대 - 자료축약시 정보의 손실 큼 - 출력의 질이 떨어짐



2.2 GIS 분석

1) 수치지도 Import 및 변환

수치지도를 GIS 데이터 형태로 변환한다.

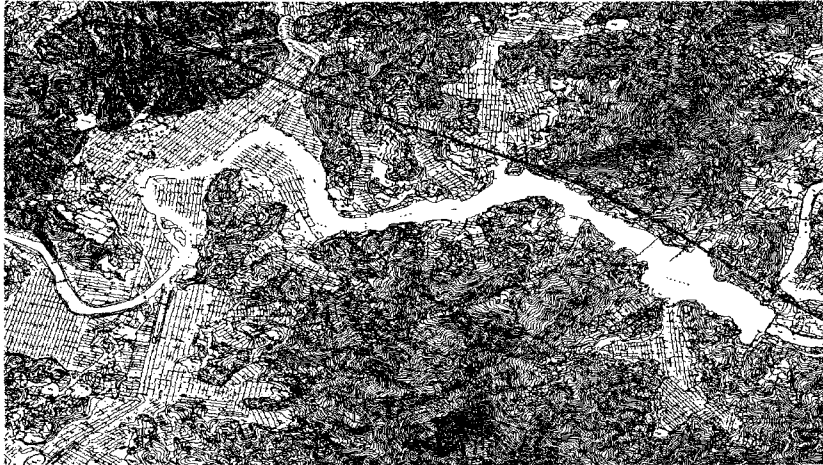
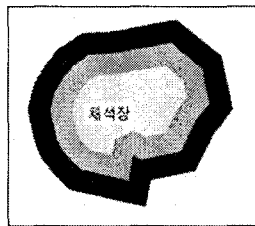


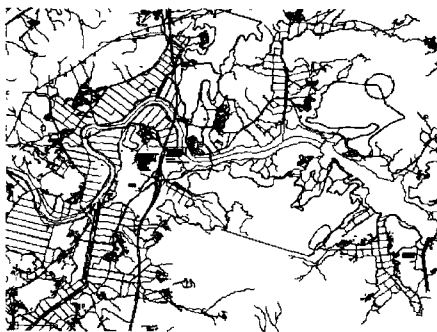
그림 4. 수치지도의 GIS 데이터화

2) 버퍼링

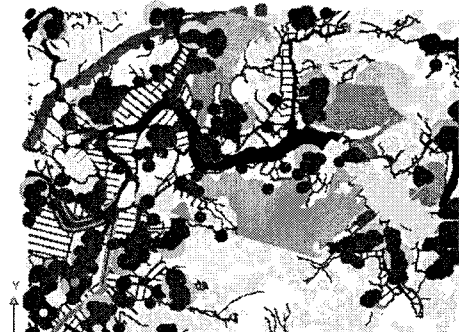
최초 수치지형도를 import하게 되면, 맵 레이어(Map Layer)에 데이터가 추가 된다. 이를 각 레이어별로 버퍼링 사이즈를 할당 하고 이를 반영하여 버퍼링을 진행한다.



항목에 속해 있는 객체는 각 객체 별 지역적 특성 및 주변 여권에 따라 영향범위가 다르게 설정되어진다. 이러한 영향 범위를 계산하는 방식을 버퍼링이라 한다.



(a) 버퍼링 전



(b) 버퍼링 후

그림 5. 버퍼링

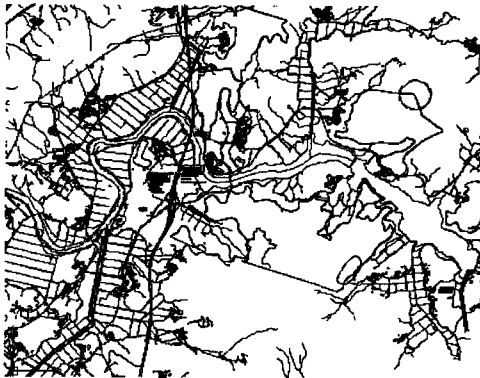
3) 라스터 레이어 생성

버퍼링이 진행된 레이어는 피쳐레이어(Feature Layer)를 생성하게 된다. 이 버퍼링된 데이터만이 GCD 레이어를 생성할 수 있도록 제약을 걸어야 한다. 결과물은 라스터 레이어(Raster Layer)를 생성한다.

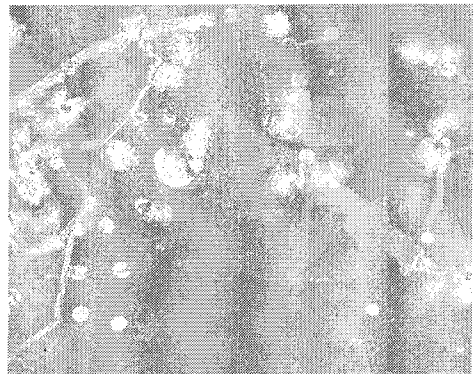
라스터 레이어는 버퍼링 폴리곤이 지나가는 경우, 1의 값을 가지고 그렇지 않은 경우는 0의 값을 가진다.

4) 전체 라스터 SUM 생성

버퍼링 된 레이어를 가지고 각각 라스터 레이어(Raster Layer)를 생성 하였다면, 이를 각 셀별로 더하여 하나의 라스터 레이어를 만들어야 한다. 각 셀은 미리 설정 값이 설정 되어 있고, 이를 가중치 X 저항치 값을 반영하여, SUM 레이어를 생성한다.*



(a) 라스터 변환전



(b) 라스터 변환후

그림 6. 라스터 변환

3. 전문가시스템 (Expert System)

지능형 최적설계프로그램에서 선형을 평가하는 방법은 환경평가점수 와 설계평가점수 및 선형의 개략공사비를 합산한 선형평가점수를 계산한 후 수많은 평가선형 중에서 가장 높은 점수를 가진 선형을 최적 선형으로 도출한다.

환경평가항목은 자연환경(47개 평가항목), 생활환경(136개 평가항목), 사회/경제적항목(95개 평가항목)등 3개의 기준그룹으로 나뉘며 총278개의 평가항목은 전문가그룹으로부터 신중을 기하여 결정 되어졌으며 합리적이고 객관적인 기준도출을 위하여 모의시험을 통한 적용팩터를 구성 하였다.

선형설계평가는 평면설계검사(14개평가항목), 종단설계검사(9개평가항목), 선형의 운용검사(4개평가항목) 등 27개의 항목에 대하여 평가를 수행하며 각 평가항목은 규정치, 권장치, 통계치를 만족하는지를 체크하여 현재 주어진 선형의 설계검사점수를 계산한다. 통계치 검사를 위하여 고속도로 설계분석 D/B를 작성하여 분석결과를 설계점수 평가에 적용하고 분석결과의 업데이트가 가능토록 사용자 인터페이스를 제공하였다.

전문가집단의 지식베이스 구축을 통하여 가중치산정분석표와 저항치계산표를 작성하였으며 고속도로설계 분석DB 및 도로시설기준으로부터 설계검사 기준안을 도출 하였음. 환경점수 및 설계점수 산출을 위한 적용 옵션값의 절적성 및 타당성을 확인하기 위하여 기설계구간선정 -> 본 프로그램적용 -> 결과확인 -> 적용 팩터 수정 -> 재실행(반복) 의 과정을 반복하여 노선선정을 위한 기본모형을 정립하였다.

* 참고자료 "Using GIS, Genetic Algorithms, and Visualization in Highway Development"를 참조



4. GA(유전자 알고리즘)를 적용한 선형 탐색

4.1. 유전자 알고리즘

선형탐색 및 최적화를 위한 핵심모듈로서 8개의 제네틱 오퍼레이터(유전자변형모듈)를 작성하고 각 오퍼레이터의 반응결과를 확인하였으며, 이를 근간으로 평면/종단 최적화 프로그램 모듈을 작성 하였다. 최적선형을 탐색함에 있어 평면, 평면+종단, 평면+종단+횡단등 설계자의 의도에 따라 평가방법을 달리 할 수 있도록 인터페이스를 구성하였고, 선형탐색 과정에서 컴퓨터 수행속도의 한계점을 극복하고자 다양한 방법을 통하여 대단위 데이터의 효율적인 처리방안을 모색 하였다.

수만개의 선형을 평가함에 있어 실시간으로 중/횡단 지반고를 추출하고, 수백만 단면의 물량을 구하는 등의 작업은 결코 적지않은 컴퓨터 수행시간을 요구하게 된다. 이와같은 문제점을 해결하고자 적은 오차범위 내에서 동일한 계산값을 구하면서 연산의 횟수를 줄이는 다양한 연구가 시도 되었으며 특히 종단최적화시 계획고의 허용 오차값을 부여하여 횡단물량을 구하는 방식은 작은 오차범위의 동일한 결과값을 도출하면서 계산시간을 수백분의1로 단축시키는 결과를 가져왔다.

평면 IP 생성시 이븐라인을 생성하지 않고 임의의 포인트로 구성 가능토록 하였으며, 종단의 VIP자동설정 및 VCP도 처리가 가능하며 절성도고와 경간장에 따른 구조물설치가 가능토록 프로그램을 개발하였다. 교량형식별 단위면적당 공사비, 성토고별 시공가능교량형식, 교량형식별 적용 가능 경간장등의 데이터를 D/B화하고 토공 및 구조물 공사비산정에 영향을 미치는 모든 적용값(단가등)을 업데이트 가능 하도록 사용자 인터페이스를 제공하였다.

1) 유전자 알고리즘의 개념과 특징

진화론	적자생존	· 집단 내 개체는 주위 환경에 적합한 형질을 가질수록 생존 할 확률이 높으며 교배와 돌연변이를 통해 더 나은 방향으로 진화.
	자연도태	· 부적합한 형질을 가질수록 진화과정에서 점차 도태됨.
유전자 알고리즘		· 자연진화의 법칙을 컴퓨터의 논리로 모방하여 일반최적화 문제나 탐색문제의 해를 구하는 알고리즘.
특징		· 기존 탐색 기법과는 달리 집단(Population)이라고 불리는 초기해 집단으로부터 출발함. · 집단을 구성하는 각 개체는 게놈(Genome) 혹은 염색체(Chromosome)라고 부르며 유전자알고리즘에서 문제의 해를 표현하는 역할. · 선택(Selection), 교배(Crossover), 돌연변이(Mutation) 연산은 유전자 알고리즘의 기본적인 연산으로서 알고리즘의 메커니즘을 규정하고 효율성에 영향을 미침.

2) 유전자 알고리즘의 기본구조

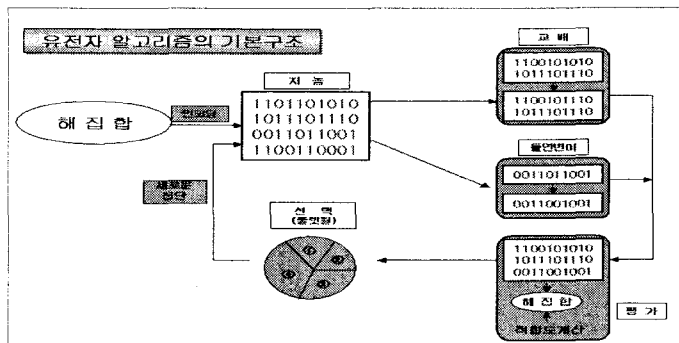


그림 7. 유전자알고리즘의 기본구조



3) 사용 라이브러리 (GALib)

(가) 개념

- ① GALib는 Mathew Wall(MIT)이 C++를 이용하여 만든 유전자 알고리즘의 구현을 위한 라이브러리로써 본 프로젝트에 사용된다.
- ② 45개의 클래스와 400여 개의 함수로 구성되어 있다.
- ③ GALib는 기본적으로 유전자 알고리즘을 구현하기 위한 클래스와 함수들을 제공하지만 주어진 문제에 대한 해를 평가하는 평가함수는 반드시 사용자가 정해주어야 한다. 또한, 필요에 따라서 사용자가 필요한 함수를 재정의하여, GALib에서 제공하는 함수를 대체 할 수 있다.

(나) 특징

- ① DOS/Windows, Windows NT/95/98, MacOS, UNIX 등 다양한 환경에서 사용할 수 있다.
- ② 네 개의 난수 생성기가 포함되어있다. 사용자의 목적에 맞는 것은 선택하여 사용할 수 있다.
- ③ GALib는 다중 CPU상에서 병렬로 집단이나 개체를 진화시키기 위해 PVM(parallel virtual machine)과 함께 사용할 수 있다.
- ④ 사용자는 새로운 유전자 알고리즘 클래스를 라이브러리에 있는 기저 클래스인 GAGeneticAlgorithm 클래스로부터 유도함으로써 쉽게 생성할 수 있다. 필요한 몇 개의 가상함수를 재정의(override)함으로써 구현할 수 있다.
- ⑤ 중복집단에 대한 교체 전략은 부모의 교체, 무작위적 교체, 가장 낮은 적합도를 가진 개체의 교체 중에서 선택할 수 있으며 새로운 교체 연산자를 정의할 수도 있다.
- ⑥ 선택 전략은 랭크(rank), 룰렛 휠(roulette wheel), 토너먼트(tournament), 확률적 잔여 샘플링(stochastic remainder sampling), 확률적 균일 샘플링(stochastic uniform sampling), 결정론적 샘플링(deterministic sampling)을 제공한다.
- ⑦ GALib의 통계 관련 클래스는 on-line 혹은 off-line으로 통계치를 기록하여 최대값, 최소값, 평균, 표준편차, 집단 내 개체 다양성을 기록한다. 사용자는 이중 어떤 통계치를 기록할 것인지, 파일 기록에 얼마의 버퍼를 한번에 할당할 것인지를 설정할 수 있다.
- ⑧ 게놈(genome)은 C++의 모든 데이터 형을 이용하여 만들 수 있다. 라이브러리에서 제공하는 게놈(genome)을 사용할 수도 있고, 주어진 문제의 해를 표현하는데 한계가 있다면 사용자가 자신의 목적에 맞는 게놈(genome)을 새로 유도하여 사용할 수 있다.
- ⑨ 모든 게놈(genome)의 초기화 연산자, 돌연변이 연산자, 교배 연산자, 비교 연산자는 사용자에 의해 정의될 수 있다.
- ⑩ 제공되는 돌연변이 방법으로는 무작위적 플립(flip), 무작위적 교환, 가우시안, 제거, 하위트리교환, 하위노드 교환 등이 있다.
- ⑪ 제공되는 교배 방법으로는 부분 일치 교배, 정렬 교배, 사이클(cycle)교배, 1점 교배, 2점 교배, 짝수점 교배, 홀수점 교배, 균일 교배, 노드 1점 교배, 하위트리 1점 교배 등이 있다.

(다) 구성

- ① 알고리즘 종류(이전세대를 교체하고 새로운 세대를 생성하는 방법차이)*
 - 단순 유전자 알고리즘 : Goldberg가 설명한 단순 유전자 알고리즘(simple genetic algorithm)으로 비 중복 집단을 사용한다. 단순 유전자 알고리즘에는 엘리티즘(Elitism)이 구현되어 있으며 사용은 선택적이다.
 - 정상적 유전자 알고리즘 : 사용자가 지정한 만큼의 집단을 중복시키는 알고리즘이다. 사용자는 교체될 집단의 비율이나 교체될 개체 수를 결정할 수 있고, 둘 중 하나만을 사용해야 한다. 새로 생성된 자손이 집단 내로 도입되고, 집단의 크기를 일정하게 유지시키기 위해 도입되는 숫자만큼 가장 나쁜 개체들을 제거한다.

* 참고자료의 “유전자알고리즘과 응용”에서 더 자세한 내용을 찾아볼 수 있다.



- 증분적 유전자 알고리즘 : 낮은 중복도를 가지는 중복집단을 사용(각 세대에서 하나 또는 두 개의 개체만이 교체됨)하는 유전자 알고리즘이다.
- 덤(Deme) 유전자 알고리즘 : 덤 유전자 알고리즘은 다중의 독립적 집단을 가진다. 각 집단은 정상적 유전자 알고리즘을 사용하여 진화하며 몇몇 개체는 한 wigeksd서 다른 집단으로 이주하게 된다. 이주 알고리즘으로는 각 집단이 그의 이웃 집단으로 고정된 숫자의 최적 개체를 이주시키는 결정론적 방법을 이용하고 있다(stepping-stone migration model). 또한 본 유전자 알고리즘은 각 집단의 최적 개체들로 이루어진 지배 집단(master population)을 별도로 가진다.

② 게놈(genome)의 종류

- 배열형 게놈(Array Genome)
- 이진 스트링 게놈(Binarystring Genome)
- 리스트 게놈(List Genome)
- 트리 게놈(Tree Genome)

4) 유전자의 정의

(가) 개념

본 프로젝트에서 유전자는 하나의 선형을 C++의 자료형으로 표현한 것을 말한다. 시점과 종점을 잇는 선형은 무수히 많이 생성할 수 있다. 그 선형들 중 최적의 선형을 찾아내는 것이 본 프로젝트의 목적이다. 하나의 선형을 하나의 유전자로 표현하였고 이 유전자를 유전자 알고리즘의 진화과정(선택, 교배, 돌연변이)을 거쳐 최적선형을 찾아갈 것이다.

(나) 평면 유전자의 구성

평면 유전자는 시점과 종점 사이에 입력된 범위 안에서 임의의 좌표를 선택하여 IP를 구성하는 방식으로 구성된다. 이로 인하여 평면 선형의 IP 개수가 유동적이다. 또한 CP를 입력한 경우 선형이 반드시 CP를 지나도록 구성하였다.

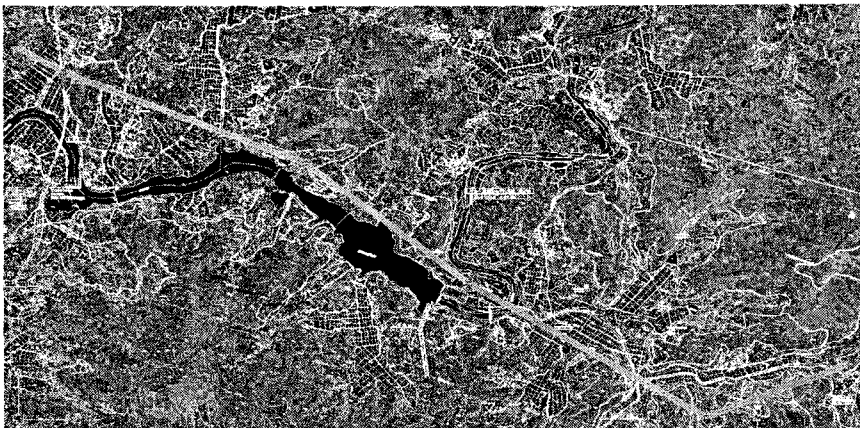
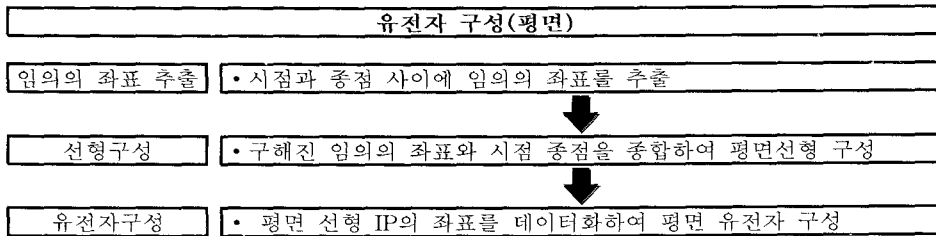


그림 8. 유전자 구성 (평면)



(다) 종단 유전자의 구성

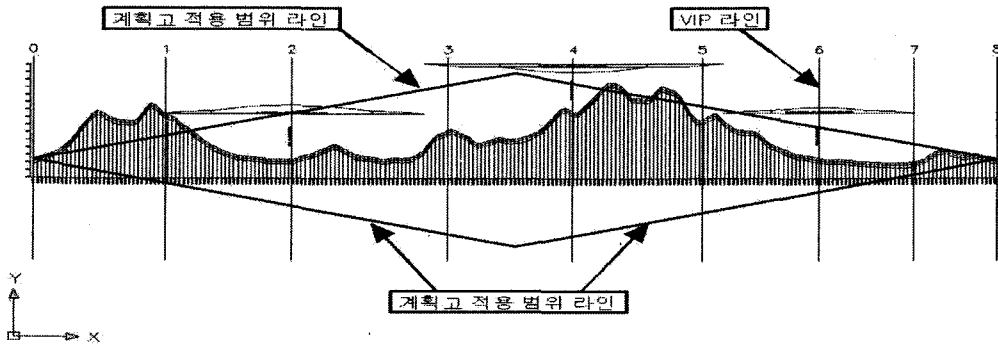
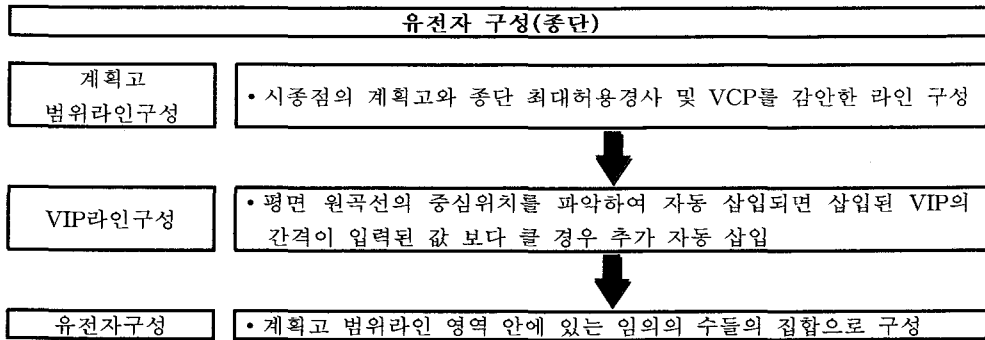


그림 9. 유전자 구성 (종단)

(라) 초기 집단의 생성

집단이라고 불리는 임의의 초기 해집단으로부터 출발하는 것은 다른 탐색 기법들과 구분되는 유전자 알고리즘의 특징이다. 이 절에서는 이미 구성된 유전자들을 가지고 어떻게 초기 해집단을 생성하는지 보여준다.

① 평면

초기 해집단을 생성하는 것은 매우 중요한 일이다. 최종적으로 얻고자 하는 최적 선형에 가까운 선형이 초기 집단에서 생성될 경우 탐색 효율이 극대화되기 때문이다. 이에, 본 프로젝트에서는 사용자 입력 선형이 있는 경우, 평면 CP가 지정된 경우에 따라서 구분되어 초기 집단이 구성된다. 사용자 입력 선형이란, 최적 선형을 탐색을 보다 효율적으로 진행시키기 위하여 자신이 생각하는 선형을 프로그램에 입력하는 것을 말한다.

다음과 같이 초기 집단이 구성된다.

구분	사용자 입력 선형 - 유	사용자 입력 선형 - 무
평면 CP - 유	사용자가 입력한 선형을 초기 집단에 추가하고, CP를 지나는 임의의 선형으로 초기 집단을 채운다.	CP를 지나는 임의의 선형으로 초기 집단을 채운다.
평면 CP - 무	사용자가 입력한 선형을 초기 집단에 추가하고, 임의의 선형으로 초기 집단을 채운다.	임의의 선형으로 초기 집단을 채운다.



- CP가 없는 경우 초기 해집단 구성 : CP가 입력되지 않았을 경우 아래 그림과 같이 시점과 종점 사이에 임의의 점으로 구성된 평면 선형으로 초기 해집단이 만들어진다.

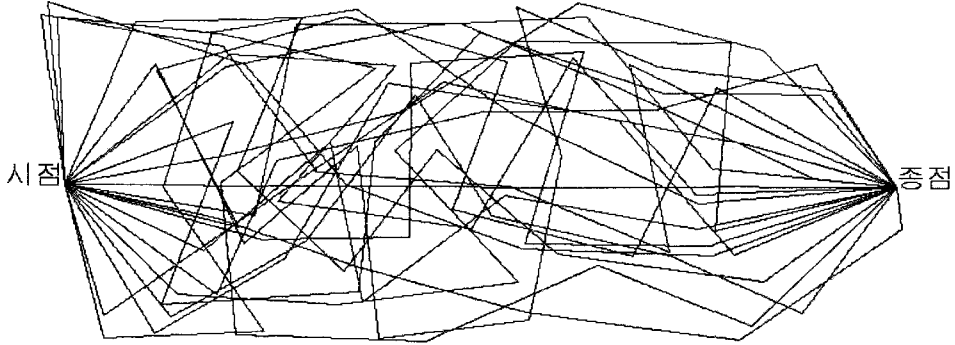


그림 10. CP가 없는 경우 초기 해집단 구성

- CP가 있는 경우 초기 해집단 구성 : CP가 입력되었을 경우 모든 평면 선형은 반드시 CP를 지나가도록 수어된다. 따라서 다음 그림과 같이 초기 해집단이 만들어진다.
- 사용자 입력 선형이 있을 경우 초기 해집단 구성 : 사용자가 초기 선형을 입력한 경우에는 사용자가 입력한 선형으로 초기 해집단을 먼저 구성하고 입력된 집단의 크기보다 사용자 입력 선형의 수가 작은 경우 나머지 부분을 앞서 제시한 방법으로 선형을 구성하여 초기 해집단을 완성한다.

② 중단

기존 도로, 하천 등의 VCP의 고려 대상이 되는 지점을 자동 검색하여 VCP를 고려한 초기 집단을 구성한다.

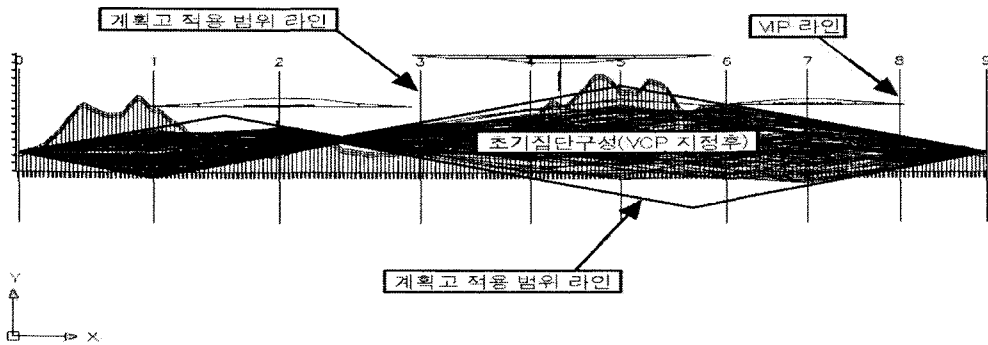


그림 11. 초기 해집단 구성(중단)

(마) 선택과 스케일링

초기 해집단이 구성되면 다음 세대를 위하여 유전자를 선택하고 교배, 돌연변이를 통해 유전자를 변형시킨다. 유전자 변형을 통해 기존보다 더 좋은 유전자들을 만들어 내고 나머지 좋지 않은 유전자들은 현 세대에서 도태되어 다음 세대에 이르지 못 하게 한다. 이런 일련의 과정을 반복하면서 유전자 알고리즘의 진화가 진행된다.



① 선택

유전자 알고리즘에서 현 세대에서 다음 세대로 전해질 유전자를 뽑아내는 작업을 선택이라고 한다. 이 때 개체를 선택하는 연산을 하기 위하여 개체의 목적함수 값이나 적합도를 이용한다. 목적 함수 값이란 평가 함수의 원래의 수행값을 말하며 적합도란 이 수행값을 일련의 과정을 통해 변환된 값을 의미한다.

본 연구에서는 룰렛 휠(Roulette Wheel) 선택 전략을 사용한다.

② 스케일링(Scaling)

유전자 알고리즘에서 선택을 하기 위해 사용되는 개체의 척도는 목적함수 값이 아닌 적합도를 사용한다고 하였다. 그리고 목적함수 값을 적합도로 변환하는 것을 스케일링이라고 한다.

본 프로젝트에서는 Goldberg의 저서에서 소개되어 대표적인 스케일링 방법으로 알려진 선형 스케일링(Liner Scaling)을 사용한다.

(바) 유전자 변형(Genetic Operator)

유전자 변형은 유전자 알고리즘에서 가장 중요한 부분을 차지한다고 볼 수 있다. 이 유전자 변형은 주어진 문제에 대한 최적의 해를 찾기 위한 과정 중에서 선택 전략에 의해 뽑혀진 개체들을 변형시켜 보다 최적해에 가까운 개체로 바뀌어나가는 일련의 과정을 말한다.

본 프로젝트에서도 최적의 선형을 찾아내기 위하여 유전자 변형을 사용한다. 다음 세대를 위하여 선택된 부모 개체를 교배시켜 자손 개체를 만들어 내며 이들 자손 개체 각각을 돌연변이 시키게 된다. 그렇다고 선택된 모든 개체가 교배와 돌연변이를 일으키지는 않는다. 사용자에 의해 입력되어진 교배 확률과 돌연변이 확률을 적용시켜 유전자 변형을 이룬다.

선형의 교배와 돌연변이는 IP의 이동으로 이루어진다. 평면 선형의 경우 유전자 구성 자체가 IP의 좌표로 이루어지기 때문에 유전자 변형을 통하여 평면 선형 자체가 새로운 모습을 갖게 된다.

우리는 최적 선형을 구해내기 위하여 8개의 유전자 변형 연산자를 구현하였다. 이들 연산자는 Jong, j.C., M.K. Jha, M.K. and Schonfeld의하여 기본 개념이 개발되었고, 본 프로젝트에 적용하기 위하여 수정 변형, 보완하여 사용하고 있다.

(사) 평가 함수

목적 함수라고 하기도 하는 평가 함수는 유전자 알고리즘에서 중요한 위치를 차지하고 있다. 이 함수는 어떤 최적해를 탐색하는 과정에서 유전자가 최적해에 가까운지를 판단해 준다. 즉, 본 프로젝트에서는 최적 선형을 구하기 위한 진화 과정 중에 만들어지는 모든 선형이 좋은 형질을 가지고 있는지, 평가 점수가 높은 지역(High Cost 지역)을 선형이 지나는 지를 판단하여 그 선형의 평가 점수를 반환한다. 유전자 알고리즘을 사용한 탐색 기법에서 한 유전자와 다른 유전자 중 어떤 유전자가 얼마나 더 나은가를 나타내는 척도를 이 목적함수가 제공한다. 이 목적함수의 반환값은 스케일링에 의해 적합도로 변환되어 다음 세대를 위한 선택과정에서 사용된다.

목적함수는 GALib에서 제공하지 않으며 주어진 탐색 과정에 따라 사용자가 적절하게 구현해야 한다. 본 프로젝트에서는 여러 평가 항목을 설정하고 각 항목에 대한 평가를 수행한 후 이를 종합하여 한 선형에 대한 평가 점수를 지정한다.

본 프로젝트에서는 공사비 및 유지비를 포함한 경제성에 대한 점수, GIS 분석을 통해 얻어지는 환경 점수, 설계 시 고려되어지는 기준 사항에 대한 설계 점수를 통합하여 평가 점수를 산출한다.



(아) 프로그램 출력 화면

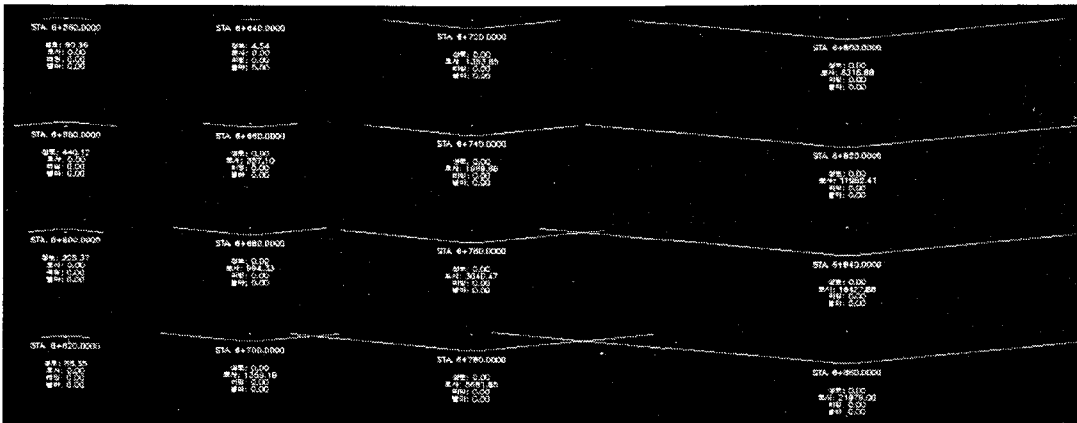
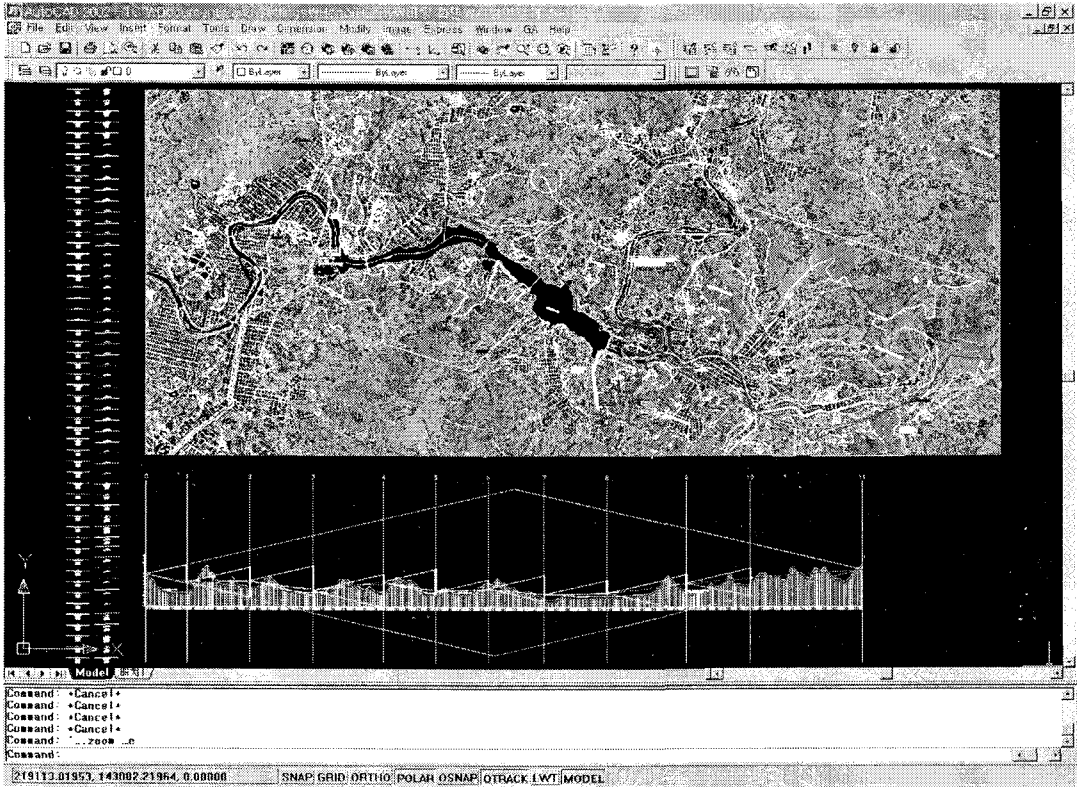


그림 12. 출력화면



5. 결 언

지능형 최적선형설계 프로그램은 크게 구분하여 GA(유전자알고리즘), 공간정보시스템(GIS분석), Expert시스템을 통합 적용하여 컴퓨터 내부에서 수만개의 선형을 비교분석하여 최적의 선형을 도출하는 시스템이다.

특히 GA의 경우 탐색 및 최적화를 위한 핵심모듈로서 8개의 제네틱오퍼레이터(유전자변형 모듈)의 작성을 완료하였으며, 모의실험을 통하여 각 오퍼레이터의 반응결과를 확인 하였고, 이를 근간으로 하여 평면·중단 최적화프로그램 모듈을 작성하였다.

연구를 계속 진행 하면서 처음에 벽처럼 보였던 문제점들을 하나하나 해결해 나갔음에도 불구하고 여전히 몇가지의 숙제를 남겨두고 있다.

대용량 데이터 처리에 따른 컴퓨터의 계산시간을 줄일 수 있는 획기적인 방안(알고리즘개발) 도출 및 수치지도의 무결성 방안 등은 연구개발에 국한하여 처리할 수 있는 문제가 아니라 하드웨어의 발달과 국가 수치지도의 정확도 향상 등 외부요인에 일부 의존하는 측면이 없지 않다.

PC에서 약 10Km의 설계구간에 GA수행 옵션값을 평면 초기선형 200개, 수행세대 100세대, 중단 초기선형 20개, 수행세대 10세대를 세팅하고 최적선형 찾기를 하였을 때 약 49시간이 소요되는데 이중 약 60%는 VCP적용을 위하여 평가선형의 평면 선형정보를 찾아내어 실시간으로 중단평가에 반영하기 위하여 소요되는 시간이다. 이 경우 설계전문가의 경험에 의한 선형을 입력(Control Point를 수치지형도에 선점)할 수 있는 기능을 프로그램에 추가하여, 최적선형 탐색시 평면선형 계층에 설계자가 의도한 선형 정보를 제공한 결과 유전자 알고리즘이 조기 수렴되는 결과를 보였으며 전체적으로 프로그램 수행시간을 약 30%(유전자알고리즘의 특성상 각각 결과가 다를 수 있음) 단축 시킬 수 있었다. 앞으로 사용이 숙련됨에 따라 소요시간이 점차 단축될 것이다.

본 연구의 '도로 최적설계 프로그램'은 현재 단계에서의 도로의 최적 설계를 위한 다분야의 기술을 통합한 것으로, 도로의 최적설계라는 것은 고려 대상 및 시대 상황에 따라 모호성을 지니기 때문에 여기에서 고려되는 대상도 연구과정에서 명확해 지게 되며, 본 연구의 목적인 '도로 최적설계 프로그램'은 본 과업이 완료된 이후에도 도로 건설 사업을 성공적으로 이루기 위해서는 지속적으로 보완 및 수정하여 이 모호성 부분을 최대한으로 줄여야 하며, 향후 LCC 가 고려된 한 단계 더 업그레이드된 다목적 지능형 도로최적 설계 프로그램 개발의 기반 기술이 될 것이다. 또한 그동안 연구를 진행하며 시행착오 끝에 얻은 기술력과 경험이 여기서 그치지 않고 도로설계분야의 새로운 기술로 접목되고 또한 지능형최적설계프로그램의 지속된 업그레이드를 통한 실무 적용성을 제고시켜 나간다면 국내 토목설계 분야의 기술 향상은 물론이고 세계 최초의 도로선형 최적화 기술 보유국이 되어 국가 이미지 제고 및 경쟁력 향상을 이룰 수 있을 것이라 기대된다.

감사의 글

이 연구는 지능형도로 최적설계프로그램 개발(02산학연A01-02) 연구를 통하여 지원된 건설교통부 건설핵심기술연구개발사업에 의하여 수행되었습니다. 연구 지원에 감사드립니다.

참고문헌

1. Melanie Mitchell "An Introduction to Genetic Algorithms", ABradford Book The MIT Press Cambridge, Massachusetts, London, England
2. Manoj K.Jha, Cyrus McCall, Paul Schonfeld "Using GIS, Genetic Algorithms, and Visualization in Highway Development", Computer-Aided Civil and Infrastructure Engineering 16(6) (2001)
3. Jinmu Choi "A Rule-Based Expert System Using an Interactive Question-and-Answer Sequence"
4. 진강규 "유전알고리즘과 그 응용"