

맵리듀스 환경에서 유전자 알고리즘 기반의 동적 무기할당 알고리즘

A Dynamic Weapon Allocation Algorithm using Genetic Algorithm in Mapreduce Environments

박준호, 김지은, 조길석
국방과학연구소 제기술연구본부

Junho Park, Jieun Kim, Kilseok Cho
The 1st(PGM) R&D Institute, Agency for Defense Development

요약

동적 무기할당 문제는 전형적인 NP-완전 문제로서 위협하는 표적에 대해 아군의 무기를 적절히 할당하는 문제이다. 이는 매우 시간 제약적인 문제로서 가능한 단 시간 내에 적절한 무기할당 및 대응을 도출하여야 하지만 매우 유동적인 전장 환경에서 이는 쉽지 않다. 최근 이와 같이 높은 복잡성을 가진 빅데이터를 기반으로 하는 응용에서 분산 처리 시스템을 활용한 분석 및 처리에 대한 연구가 큰 주목을 받고 있고, 대표적인 프레임워크로서 맵리듀스가 활용되고 있다. 그러나 맵리듀스는 전체 데이터에 대한 일괄 처리 기능만을 제공하므로 동적 데이터에 대한 유전자 알고리즘의 수행이 쉽지 않고, 최종 결과 도출에 여전히 많은 시간을 필요로 한다. 본 논문에서는 맵리듀스 환경에서 유전자 알고리즘 기반의 동적 무기할당 알고리즘을 제안한다. 제안하는 기법에서는 맵리듀스 환경에서 유전자 알고리즘의 연속적인 데이터 처리의 지원을 위해 새롭게 추가 및 제거된 무기-표적 데이터만을 분석하고, 이를 기 분석 완료된 데이터와 결합하여 최종 결과를 도출한다. 이를 통해, 신속한 동적무기할당의 수행이 가능하다.

I. 서론

동적 무기할당 문제(Dynamic Weapon Allocation: DWA)는 방어 무기체계의 신속하고 정확한 교전결심을 지원하기 위한 핵심적인 기술로서, 다수의 표적이 아군을 위협하는 상황에서 다수의 표적을 효과적으로 요격할 수 있도록 제한적인 무기자산을 효율적으로 할당하여 최적의 해를 찾는 문제이다. 기존 연구에서는 전형적인 NP-완전 문제[1]인 동적 무기할당 문제의 최적화된 결과 도출을 위해 유전자 알고리즘(Genetic algorithms), 모의 담금질 알고리즘(Simulated annealing), 타부 검색 알고리즘(Taboo search algorithm)과 같은 휴리스틱 알고리즘(Heuristic algorithm)을 활용하였다[2-4]. 그러나 무기할당 응용은 매우 시간 제약적인(Time-constrained) 문제로써 가능한 최단 시간 내에 적절한 무기할당 및 대응을 수행하여야 하지만 다수의 표적과 아군의 무기자산이 존재하는 매우 유동적인 실 전장 환경에서 이러한 휴리스틱 알고리즘을 기반으로 단 시간 내에 무기할당을 도출하는 것은 쉽지 않다.

최근 이와 같이 높은 복잡성을 가진 대규모의 데이터를 기반으로 하는 응용에서 데이터의 관리와 처리를 위한 분산 저장 및 처리 시스템의 연구가 큰 주목을 받고 있고, 이에 대한 대표적인 분산 저장 및 처리 프레임워크로서 하둡(Hadoop)[5]이 널리 활용되고 있다. 그러나 기존 하둡 프레임워크에서 데이터 처리를 수행하는 맵리듀스(Mapreduce)[6]는 전체 데이터에 대한 일괄 처리 기능만을 제공하므로 동적 데이터에 대한 유전자 알고리즘의 수행이 쉽지 않고, 최종 결과 도출에 여전히 많은 시간을 필요로 한다.

이러한 문제점을 고려하여, 본 논문에서는 맵리듀스 환

경에서 유전자 알고리즘 기반의 동적 무기할당 알고리즘을 제안한다. 제안하는 기법에서는 맵리듀스 환경에서 유전자 알고리즘의 연속적인 데이터 처리의 지원을 위해 새롭게 추가 및 제거된 무기-표적 데이터만을 분석하고, 이를 기 분석 완료된 데이터와 결합하여 최종 결과를 도출한다. 이를 통해 연속 데이터 처리 수행 중에 새롭게 수집된 데이터를 즉시 분석에 적용하여 최종 결과를 도출하므로 높은 정확도의 동적 무기할당의 신속한 수행이 가능하다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 제2장에서는 제안하는 동적 무기할당 알고리즘을 기술하고, 마지막으로 제3장에서는 결론과 향후 연구 방향을 제시한다.

II. 제안하는 동적 무기할당 알고리즘

본 절에서는 맵리듀스 환경에서 유전자 알고리즘 기반의 동적 무기할당 알고리즘을 제안한다. 제안하는 유전자 알고리즘을 고려한 동적 무기할당 알고리즘의 수행 과정을 요약하면 아래와 같다.

단계 0: 염색체의 정의

- 염색체의 구성: TargetID, WeaponID, PositionID

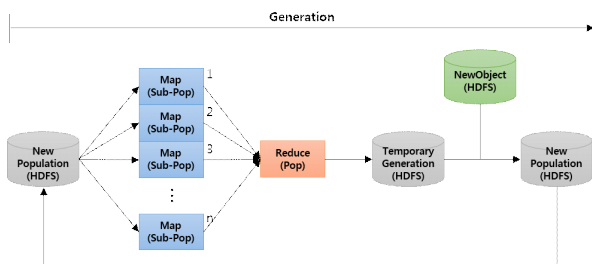
	Gene-1	Gene-2	Gene-3	Gene-4	Gene-5	Gene-6	Gene-7	Gene-8	Gene-9	Gene-10	Gene-11	Gene-12	Gene-13	Gene-14
Target ID	3	2	5	7	12	11	6	1	10	13	4	9	14	8
Weapon ID	2	2	5	8	3	2	1	3	10	7	9	5	11	12
Position ID	1	3	7	4	3	5	2	6	5	7	4	4	9	2

▶▶ 그림 1. 제안하는 알고리즘의 염색체 구성

- 단계 1: HDFS(1) - 초기 세대(Population)의 생성 및 저장
 - 세대를 구성하는 염색체의 수: N개
 - 염색체 길이: (최대 목표물의 수 + 2 × 임의의 목표물의 수)
- 단계 2: HDFS(2)-저장된 세대 데이터를 여러 개의 작은 데이터 집합(Sub-population)로 분할 한 후, 맵퍼(Mapper)에 할당
- 단계 3: Map(1)-할당된 데이터의 모든 염색체(Chromosome)에 대해 유효성(Validation) 및 적합도(Fitness) 평가 수행
 - 유효성 평가: 탄약, 연료, 시간, 사거리 유효성
 - 적합도 평가: 적중률
- 단계 4: Map(2) - 맵퍼는 적합도가 가장 우수한 N개의 유전체를 선정하여, 리듀서로 전송
- 단계 5: Reduce(1) - 리듀서는 맵퍼로부터 우수한 유전체를 수집하여 정렬
- 단계 6: Reduce(2) - 수집된 유전체에 대한 유전 연산의 수행을 통한 새로운 세대 생성
 - 유전연산 : 교배연산, 변이연산
- 단계 7: Reduce(3) - 유효성(Validation) 평가 수행
- 단계 8: Reduce(4) - 생성된 새로운 세대를 HDFS에 저장
- 단계 9: 설정된 세대 수 혹은 적합도 한계에 달성할 때까지 단계 2~단계 8을 반복 수행

위와 같이 동적 무기할당을 위한 유전자 알고리즘은 정해진 객체들에 대해 유전체를 생성하고 반복적인 세대 생성을 통해 적합도를 높여가는 것이 가능하다. 그러나 동적 무기할당 응용의 경우, 지속적으로 새로운 객체가 추가되거나 삭제되는 경우가 빈번하게 발생하므로 이를 반영하는 것이 쉽지 않다. 뿐만 아니라, 기존 맵리듀스는 전체 데이터에 대한 일괄 처리 기능만 고려하였으므로, 새로운 데이터가 추가되었을 때엔 전체 데이터에 대한 재분석을 수행하여야 하는 문제가 존재한다.

그림 2는 연속적인 데이터 처리 수행 과정의 예를 보여준다. 연속적인 유전자 알고리즘 수행을 위한 유전체 데이터 생성 모듈은 유전자 알고리즘의 수행을 통해 생성된 임시 세대(해집단)를 기반으로 새롭게 수집(목표물 이동에 따른 감지 범위 내 진입)되거나 삭제(기 사격 명령을 통한 요격 성공 혹은 목표물 이동에 따른 감지 범위 외 이탈)된 목표물 정보를 반영한 새로운 세대를 생성한다. 먼저, 연속적인 유전자 알고리즘 수행을 위한 유전체 데이터 생성 모듈은 임시 세대의 모든 유전체 데이터에 대해 유효성 검사를 수행하여 삭제된 목표물 정보를 반영한 유전자 정보를 새롭게 변경하도록 한다. 또한, 임시 세대에서 존재하는 객체에서 새로운 객체가 추가되었을 경우, 그림 3과 같이 식(1)을 기반으로 임시 세대의 모든 염색체에 새로운 유전자를 추가한다. 새롭게 추가하는 유전자는 임시 세대에 존재하지 않았던 새로운 객체만을 대상으로 생성하며, 이러한 과정을 통해 모든 염색체가 수정되었을 경우, 완전히 새로운 세대의 생성이 완료된다.



▶▶ 그림 2. 연속적인 데이터 처리 수행 과정(단일 세대)

	Gene-1	Gene-2	Gene-3	Gene-4	Gene-5	Gene-6	Gene-7	Gene-8	Gene-9	Gene-10	Gene-11	Gene-12	Gene-13	Gene-14
Target ID	3	1	9	10	13	6	12	5	7	4	11	14	8	2
Weapon ID	9	3	5	10	7	1	3	10	8	9	8	11	12	2
Position ID	7	6	4	5	7	2	1	5	4	4	5	3	3	3

▶▶ 그림 3. 새로운 객체 정보를 반영한 유전자의 추가

$$\text{신규 유전자의 수} = \text{신규 객체 수} + 2 \times \text{임의의 신규 객체 수} \quad \text{식(1)}$$

제안하는 아키텍처를 통해 새롭게 수집된 데이터를 분석 중인 중간 결과에 반영하여 연속적인 데이터 분석이 가능하다. 이는 기 수행된 유전자 알고리즘을 통해 도출된 높은 적합도를 가진 유전체 정보를 최대한 활용함으로써 더욱 빠르게 높은 정확도를 가진 동적 무기할당의 수행이 가능하다.

III. 결론 및 향후 연구

본 논문에서는 맵리듀스 환경에서 유전자 알고리즘 기반의 동적 무기할당 알고리즘을 제안하였다. 동적 무기할당 문제에서 최적의 해를 도출하기 위해 주로 활용되는 유전자 알고리즘을 맵리듀스 환경에 적용하고, 지속적으로 추가 및 제거되는 무기 및 표적 데이터를 반영한 연속 데이터 처리의 지원을 위한 아키텍처 및 분석 알고리즘을 제안하였다. 이를 통해 연속 데이터 처리 수행 중에 새롭게 수집된 데이터를 즉시 분석에 적용하여 최종 결과를 도출하므로 높은 정확도의 동적 무기할당의 신속한 수행이 가능하다. 향후 연구로는 실제 맵리듀스 환경에서 다양한 성능 평가를 통해 제안하는 기법의 우수성을 입증하는 것이다.

■ 참고 문헌 ■

- [1] S. P. Lloyd and H. S. Witsenhausen, "Weapons allocation is NP-complete," Proc. of the IEEE Summer Computer Simulation Conference, pp. 1054-1058, 1986.
- [2] R. K. Ahuja, J. B. Orlin and A. Tiwari, "A Greedy Genetic Algorithm for the Quadratic Assignment Problem," Computers and Operations Research, Vol. 27, No. 10, pp. 917-934, 2000.
- [3] C. A. Cullenbine, "Tabu Search Approach to the Weapons Assignment Model," Ph.D. Dissertation, Air Force Institute of Technology (USA), 2000.
- [4] H. R. Li and Y. Miao, "WTA with the Maximum Kill Probability based on Simulated Annealing Algorithms," Proc. of the Conference Special Committee C2 and Computer of Electronic Technology Academic Committee of China, Ship Engineering Society, pp. 436-440, 2000.
- [5] "Welcome to Apache Hadoop!," <http://hadoop.apache.org>.
- [6] J. Dean and S. Ghemawat, "MapReduce: Simplified Data Processing on Large Clusters," Communication of the ACM, Vol.81, No.1, pp.107-113, 2008.