

## 유전자 알고리즘을 이용한 낙동강 유역의 수질 측정망 설계에 관한 연구

박수영\* · 왕수균\*\* · 최정현 · 박석순†

이화여자대학교 공과대학 환경공학과

### Design of a Water Quality Monitoring Network in the Nakdong River using the Genetic Algorithm

Su-Young Park\* · Sookyun Wang\*\* · Jung Hyun Choi · Seok Soon Park†

Department of Environmental Science and Engineering, College of Engineering, Ewha Womans University  
(Received 16 August 2007, Accepted 14 September 2007)

#### Abstract

This study proposes an integrated technique of Genetic Algorithm (GA) and Geographic Information System (GIS) for designing the water quality monitoring networks. To develop solution scheme of the integrated system, fitness functions are defined by the linear combination of five criteria which stand for the operation objectives of water quality monitoring stations. The criteria include representativeness of a river system, compliance with water quality standards, supervision of water use, surveillance of pollution sources and examination of water quality changes. The fitness level is obtained through calculations of the fitness functions and input data from GIS. To find the most appropriate parameters for the problems, the sensitivity analysis is performed for four parameters such as number of generations, population sizes, probability of crossover, and probability of mutation. Using the parameters resulted from the sensitivity analysis, the developed system proposed 110 water quality monitoring stations in the Nakdong River. This study demonstrates that the integrated technique of GA and GIS can be utilized as a decision supporting tool in optimized design for a water quality monitoring network.

**keywords** : Fitness function, Genetic algorithm (GA), Geographic information system (GIS), Water quality monitoring station

## 1. 서론

우리나라는 급속하게 증가하는 물소비와 폐수의 증가로 인해 많은 하천에서 수량 부족과 수질의 악화를 동시에 겪고 있으며, 이러한 현실에 대처하기 위해 새로운 물관리 제도와 기술이 시행되고 있다. 이러한 제도와 기술이 효과적으로 수행되기 위해서는 전국 하천 및 호소 등 공공수역에 대한 수질현황을 종합적으로 파악하여 수질변화 추세를 파악하고 이미 집행된 주요 정책 사업의 효과를 분석하여 장래 수질보전정책수립을 위한 기초자료를 확보하기 위한 수질측정망 운영이 필수적이다(환경부, 2004).

우리나라는 1974년부터 전국의 시·도 보건환경연구소에서 정기적으로 수질측정망을 운영하기 시작하였고, 1983년 이후부터는 환경청 산하 환경지청으로 수질측정의 일부 업무가 조정되어 이관되었으나, 다양한 기관에서 각각의 목적에 따라 정기 또는 비정기적인 수질측정을 실시하였다. 이와같은 분산된 수질측정망 운영으로 측정 지점, 빈도, 자료의

획득과 연속성에 많은 문제점이 나타나 1992년부터 환경처에서 전국의 수질측정관련기관을 총괄 관리하게 되었다. 이후 수질오염이 우려되는 지역의 증가에 따라 그 규모가 계속 증가하여 2004년에는 1,886개 지점의 수질측정망이 운영되고 있다(환경부, 2004).

국내 수질측정망은 체계적이고 과학적인 설계방법이나 계획 등에 의해 설치·운영되고 있다기보다는 수질오염 발생에 따라 임의적으로 위치와 항목이 선정되어 왔으므로 관측된 자료가 수계 전체의 수질 현황이나 변화를 제대로 반영하기 어렵고, 서로 다른 기관에서 같은 지점을 측정하는 중복 측정 등의 문제점을 내포하고 있다. 따라서 현재의 수질측정망은 수질관리를 위해 최근 새롭게 거론되고 있는 오염총량관리제도, 유역통합관리제도 등의 환경 정책이 효과적으로 수행되기 위한 기초 자료를 제공하기 어렵다(박, 2002; 왕 등, 2005).

수질측정망에서 다루고자 하는 수질항목이 대상 수체에 따라 다양하고, 각 항목에 따른 영향인자가 하천 주변의 환경요인에 따라 쉽게 영향을 받으므로, 급속하게 변화하는 하천의 주변 환경으로 인해 측정지점의 중요도도 빠르게 변화하고 있다. 그러므로 하천의 모든 지점에서 가능한 한 많은 항목에 대한 관측을 수행하는 것이 수질관리를 위해

\*현주소, 국립환경과학원 영산강물환경연구소

\*\*현주소, 부경대학교 환경탐사공학과

† To whom correspondence should be addressed.

ssp@ewha.ac.kr

가장 바람직하겠지만 많은 시간과 경비가 소요되므로 과학적이고 합리적인 수질측정망 설계지점 선택을 통해 최소한의 인력과 비용을 이용하여 신뢰도 높은 수질 자료를 확보하는 것이 무엇보다 중요하다고 할 수 있다(경 등, 2006).

본 연구에서는 최근 다양한 분야에서 적용되고 있는 유전자 알고리즘을 사용하여 과학적인 수질측정망을 설계하는 방법을 제시하고자 한다. 컴퓨터 시스템을 기반으로 유전자 알고리즘을 개발하고 지리정보 시스템을 활용하여 구축된 지리 정보와 결합하는 최적의 수질측정망을 설계 방법을 제시하였으며, 제안된 설계 방법을 낙동강 수계를 대상으로 적용하였다.

## 2. 재료 및 방법

### 2.1. 수질측정망

최적의 수질측정망 설계를 위해서는 수질측정망 운영 목적을 명확히 정의한 뒤 이에 부합되는 위치 선정 기준을 세우는 과정이 선행되어야 한다. 수질 측정망 운영의 목적은 장기 및 단기적인 수질 변화 경향을 파악, 수역별로 지정된 수질환경기준의 위반 여부 판단, 수계내 수질의 변화를 야기하는 외부 오염원 파악, 그리고 상수원수나 특정 용도 목적의 용수이용 지원을 들 수 있다(Lettenmaire, 1979; Liebertau, 1979). 또한 최근 국내외에서 도입되어 시행되거나 곧 시행될 새로운 물관리 제도와 기술인 오염총량관리제와 물관리 정보화 구축에도 효과적인 수질측정망의 설치와 운영이 필수적으로 요구되어진다(박, 2002). 이와 같은 목적을 달성하기 위해 수질측정망의 위치선정 시 고려해야 할 수질측정망 설계기준으로 다음의 5가지를 규정할 수 있다.

- (1) 수계대표성
- (2) 수질기준치 준수
- (3) 오염원 감시
- (4) 물이용 감시
- (5) 수질변화 규명

### 2.2. 유전자 알고리즘

인공 유전 시스템인 유전자 알고리즘은 1975년에 John Holland에 의해서 개발된 최적화 알고리즘으로 자연 선택의 원리와 자연계의 생물 유전학에 기본을 두고, 모든 생물은 주어진 다양한 환경속에 적응함으로써 살아남는다는 Darwin의 적자생존(survival of the fittest)의 이론에 기초한 계산 모델이다(진, 2002).

자연계의 모든 생물들은 유전 인자인 염색체(chromosome)에 의해서 생식과 유전 등 진화 과정을 반복하여 발전해 간다. 유전 알고리즘에서는 생물학적 유전 인자인 염색체에 해당하는 문자열을 가지고 생물과 같이 재생산(reproduction), 교배(crossover), 돌연변이(mutation)를 거쳐서 다음 세대의 새로운 자손(offspring)을 만들어 내는 과정을 반복한다. 풀고자 하는 문제에 대한 임의의 해는 유전자 알고리즘이 이

해할 수 있는 염색체 형태로 표현되고, 이 염색체의 집단을 묶어 해집단(population)이라 표현한다. 해집단 내 복수개의 해들은 진화 과정을 거치면서 점차적으로 변형되어 점점 더 좋은 해들을 만들어 내게 된다. 즉, 유전자 알고리즘은 풀고자 하는 문제에 대하여 가능한 해들을 일정한 형태를 갖는 자료구조로 표현한 뒤, 점차적으로 변형하는 과정을 통하여 점점 더 좋은 해를 만들어 낸다(문, 2003).

### 2.3. 연구대상지역

낙동강은 강원도 태백산(1,549 m)에서 발원하여 남동진 하면서 남해로 유입되는 우리나라 제2의 하천으로 국토의 24%에 해당하는 23,817 km<sup>2</sup>의 유역면적과 525.2 km나 되는 본류 유로연장을 가진 방대한 수계이다. 낙동강 유역의 형상은 남북으로 긴 장방형의 하천유역으로 상류의 산악지대에서는 하상경사가 급하고 하류 평야지대에서는 경사가 비교적 완만하다. 낙동강에 유입되는 지천은 직할하천 10개소(유로연장 829.5 km) 지방하천 10개소(유로연장 190.5 km)와 준용하천 805개소(유로연장 6440.2 km)가 있다. 낙동강 유역을 행정구역별로 보면 대부분이 경북과 경남지역이고 대구시과 부산시 그리고 강원도 태백시의 일부와 전북 남원군 일부 그리고 전남 구례군 일부지역이 유역에 포함되어 있다(김 등, 1997; 박 등, 1999).

환경부의 2003 수질측정망 운영계획에 따르면 낙동강에는 총 110개소의 하천수 수질조사지점이 운영되고 있으며

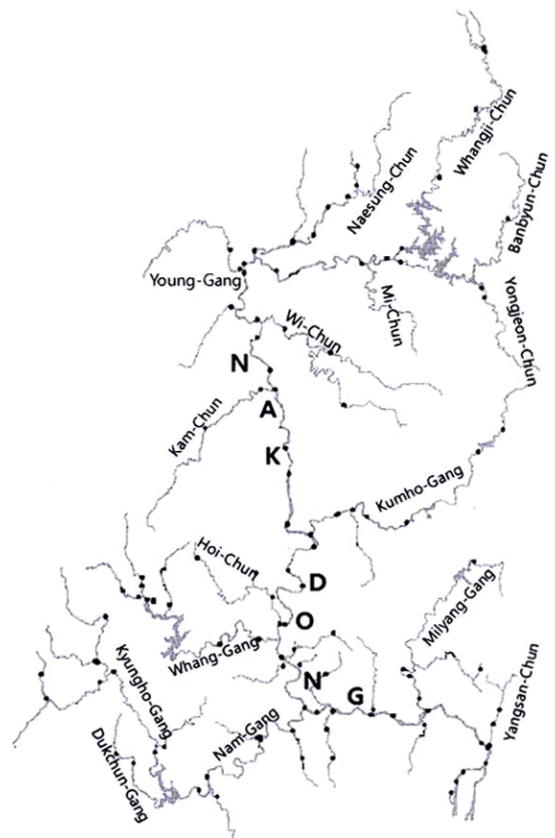


Fig. 1. Water quality monitoring stations located on the Nakdong River.

(Fig. 1), 이 중 환경부가 81개소, 수자원공사 및 농업기반공사를 비롯한 기타기관이 29개소를 운영중이다(환경부, 2003).

2.4. 연구방법

본 연구에서는 낙동강 수계의 여러 지리정보에 관한 속성들을 각각 하나의 레이어(layer)로 나타내어 다양한 공간 분석이 가능하고 방대한 지형정보를 자세하게 파악할 수 있는 GIS를 이용하여 낙동강 수계의 기본 자료를 구축하여, 이를 유전자 알고리즘을 구현한 컴퓨터 프로그램과 연계하여 입력 자료로 활용하였다. 수질측정망 설계를 위한 유전자 알고리즘과 GIS의 연계방안을 개념적으로 제시하였다(Fig. 2).

낙동강 수치지도로부터 (a)의 하천도를 추출하고, 벡터 자료인 하천도를 자료 활용을 위하여 래스터(grid) 형태로 변화시켰다(b). 이와 같은 변화 과정을 통하여 낙동강 유역 전역이 15,000 m × 15,000 m의 격자 크기를 갖는 셀(cell)로 구성되고, 이 각각의 셀들은 적합도를 판단할 지형공간 자료의 기본단위로 사용된다. 각 셀은 처음의 1행 1열부터 마지막 셀인 i행 j열까지 숫자를 부여하고, 여기서 부여된 숫자는 유전자 알고리즘의 염색체(chromosome)를 정의한

유전자(gene)가 되며, 숫자의 집합은 염색체를 나타낸다. 따라서 염색체는 수질측정 지점에 대한 후보지의 집합을 의미하게 된다. (c) 단계는 수질측정망의 운영 목적에 부합하는 설계기준 인자들과 관련된 자료들이 각각의 셀에 부여 되도록 하는 자료 변환 단계이다. 수질측정망 설계기준들을 설명할 수 있는 자료들(Table 1)을 GIS를 이용하여 래스터 형태로 변화시켜 하천도와 동일한 크기 및 개수의 셀을 갖도록 한다. 마지막으로 적합도 함수를 구축하고 앞의 자료들을 입력하여 그 결과로 최종 염색체가 나타난다(d). 위와 같은 과정에 의해 해의 집단인 염색체는 고유의 적합도를 갖고, 이는 유전자 알고리즘에서 개체가 진화되어 가는 과정 중 중요한 지표로 사용된다.

수질측정망 설계 문제에 관한 유전자 알고리즘의 개발을 위해 Visual C++와 GALib를 이용하여 프로그래밍 하였다. 개발된 시스템은 Fig. 3과 같은 과정에 의해 최적의 수질측정망 지점을 찾아내게 된다. 우선, 임의로 난수를 발생시켜 염색체(측정지점의 집단)를 구성하고, 염색체를 구성하는 유전자(측정지점)에 대해 관련 자료들을 분석하여 적합도 함수의 입력 자료로 사용한다. 자연계의 적자생존의 원리를 모방하는 적합도 함수를 통해서 적합도를 부여받은 초기 염색체는 유전자 알고리즘 내의 주요 연산자인 재생산, 교

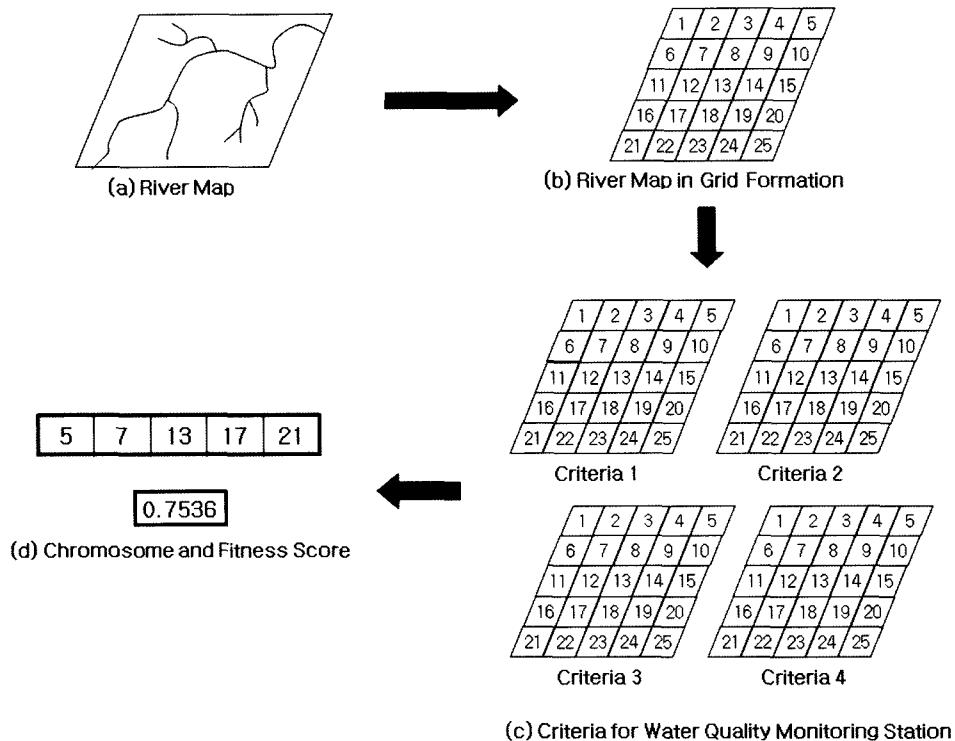


Fig. 2. Linkage of GA (Genetic Algorithm) and GIS.

Table 1. Data for water quality monitoring station design

Data	Objectives	Source	Type
River map	Representativeness of a river system	Ministry of Environment Republic of Korea (2003)	DBF
Water quality data	Compliance with water quality standards	Ministry of Construction & Transportation (2003)	DBF
Water withdrawal station	Supervision of water use	Ministry of Environment Republic of Korea (2002)	SHAPE
Water treatment plant	Surveillance of pollution sources	Ministry of Environment Republic of Korea (2002)	SHAPE
Watershed map	Examination of water quality changes	Kwater (2003)	SHAPE

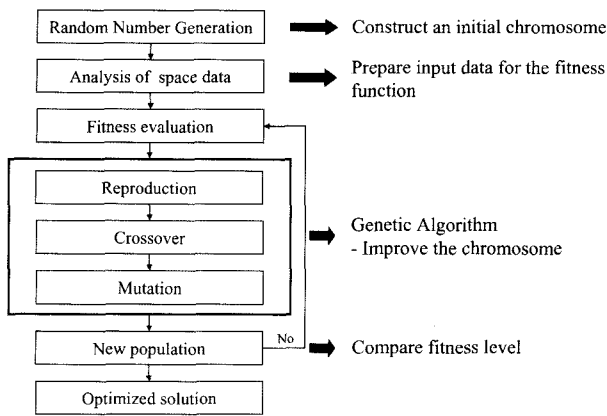


Fig. 3. Flowchart of solution scheme using genetic algorithm.

차, 그리고 돌연변이의 과정을 거친 후, 초기에 사용자에 의해 설정된 조건에 부합하면 과정을 종료하고 그렇지 않은 경우 새로운 개체가 생성되어 위의 과정을 반복하며 진화하여 최종적인 설계지점을 산출하게 된다.

2.5. 적합도 함수

유전자 알고리즘은 자연계의 적자생존의 원리를 모방하여 가능한 해(possible solution)들이 모의진화(simulated evolution)를 일으켜 점점 더 좋은 해들을 만들어 내는 과정으로 각 해들의 생존을 결정하기 위해 적합도 함수(fitness function)를 사용하는 적합도 평가(fitness evaluation)를 하게 된다. 본 연구에서 사용된 최종 적합도 함수는 식 (1)과 같다.

$$\max F = \sum_{i=1}^4 w_i f_i \tag{1}$$

5가지 설계기준 중 수계대표성을 제외한 4가지 기준에 대한 함수식이 요구되므로  $i$ 가 1부터 4의 범위를 갖고  $f_1 \sim f_4$ 는 각각 수질기준치 준수, 물이용 감시, 오염원 감시, 그리고 수질변화 규명에 대해 정립한 함수식이다.  $w_1 \sim w_4$ 는 각각의 기준인자에 대한 가중치를 의미하는 것으로, 잠정적으로 1의 값을 취하도록 하였다. 각각의 함수식에 의해 도출된 값들은 그 의미하는 바가 다르고 값의 범위가 다르기 때문에 단순 합산은 무의미하다. 따라서 각 값들을 표준화(normalization)를 시키고, 가중치를 곱한 후 합산을 하여 결과를 산정하였다.

2.5.1. 수계 대표성

수계 대표성은 대상 수계의 물리적·지리적인 대표성을 의미하며, 이는 적합도 함수를 정립하는 대신 Sanders(1980)가 제시한 방법을 사용하였다. 수질 변화에 영향을 미치는 오염원을 검출하기 위한 수질측정망 설계시 사용되도록 고안되어진 방법으로, 지류를 오염원으로 간주하고 전체 하천망을 비교적 동일한 지류의 수를 갖는 구역으로 세분화하는 Sharp(1971)의 방법에 기초를 두고 있다.

전체 하천망에서 상류에서 하류 방향으로 지류의 차수를

누적한 후 유역의 1차 중심(centroid)을 식 (2)에 의해 계산된 값과 가장 근접한 차수를 갖는 지점에 지정한다.

$$M_1 = \left[ \frac{N_0 + 1}{2} \right] \tag{2}$$

여기서,  $M_1$ 은 1차 중심 차수,  $N_0$ 는 최대 누적 차수, 대팔호는 정수화를 의미한다. 1차 중심에 의해 전체 대상 수계는 상류와 하류 부분으로 구분되게 되며, 두 부분 중 상류부분에 위치하는 2차 이상의 중심 차수는 식 (3)에 의해 계산된다.

$$M_{i+1} = \left[ \frac{M_i + 1}{2} \right] \tag{3}$$

하류부분은 1차 중심을 최상류로 하여 새로운 차수가 부여되며, 하류부분 2차 이상의 차수도 식 (3)에 의하여 계산된다.

이와 같은 방식으로 측정지점의 위치를 지정해 나아가면 측정지점의 총 수는 기하급수적으로 증가하므로, 이 연구에서는 256개를 최대 개수로 지정하였다. 각 셀이 위에서 정한 256 지점의 수질측정 후보지점을 포함할 경우 수계대표성을 갖는 지역이라 판단하여 그 셀의 값이 유효하도록 하였고, 수계대표성을 갖지 않는 지점은 유효하지 않는 지점으로 전제하고 본 연구를 수행하였다. 따라서 수계 대표성에 대한 인자는 수계 대표성을 제외한 나머지 4가지 설계기준에 대한 각각의 함수에 1 또는 0의 값을 가지며 각 적합도 함수 값에 영향을 주었다.

2.5.2. 수질기준치 준수

수질기준치 준수는 현재 각 셀에서 수질측정 자료를 바탕으로 측정치가 수질기준을 만족 또는 위반하는 정도를 바탕으로 후보지의 중요도를 판단함에 기인하여 정립한 식으로 식 (4)와 같이 표현하였다.

$$f_i = Y_{ij} \times \frac{C_{ij} - S_{ij}}{C_{ij}} \tag{4}$$

여기서  $Y_{ij}$ 는 binary variable(1: 수계대표성, 0: otherwise),  $C_{ij}$ 는  $i$ 행  $j$ 열 셀에서 건기의 BOD 측정 농도( $\text{mgL}^{-1}$ ),  $S_{ij}$ 는  $i$ 행  $j$ 열 셀에서 건기의 BOD 수질기준치 농도( $\text{mgL}^{-1}$ )이다. 이 식에 따르면, 현재 각 셀에서의 수질이 환경기준치보다 BOD 농도가 높게 나타나면 그 지점은 수질측정 지점 후보지로서의 적합도가 높아지게 된다.

2.5.3. 물이용 감시

물이용 감시 기준은 각종 용수로 이용되는 하천수의 중요도를 반영하기 위해 수질오염 사고 발생시 하천수에 미치는 영향을 고려하여 현재 낙동강에 위치하고 있는 취수

장과 그 상류에 위치한 후보지점간의 거리를 고려하여 식 (5)과 같이 표현하였다.

$$f_i = Y_{ij} \times \frac{1}{E_{ij}} \quad (5)$$

여기서  $Y_{ij}$ 는 binary variable(1: 수계대표성, 0: otherwise),  $E_{ij}$ 는 낙동강 내 취수장과 그 상류에 위치한  $i$ 행  $j$ 열 셀 사이의 거리(km)이다.

2.5.4. 오염원 감시

오염원 감시 기준은 하천으로 유입되는 오염물질의 특성을 가정한 뒤 적합도 함수를 정립하였다. 초기 농도로부터 그 농도가 지수적으로 감소함에 착안하여 적합도 함수를 정립하여 식 (6)과 같이 표현하였다.

$$f_i = Y_{ij} \times \sum_{k \in S} \left[ \frac{1}{(e^x)_{ij,k}} \right] \quad (6)$$

여기서,  $Y_{ij}$ 는 binary variable(1: 수계대표성, 0: otherwise),  $x_{ij}$ 는  $i$ 행  $j$ 열 셀과 오염원 사이의 거리(km),  $S$ 는 셀 상류에 위치한 오염원의 수이다. 위의 식에서 하천으로의 오염원은 주로 점 오염원이고 유기물의 분해는 1차 반응, 하천의 움직임은 정상상태(steady state)로 가정하였다.

2.5.5. 수질변화규명

수질변화규명 기준은 각 후보 셀과 그 셀이 포함된 단위 표준유역의 유출구와의 거리 개념으로 식 (7)을 표현하였다.

$$f_4 = Y_{ij} \times \frac{1}{L_{ij}} \quad (7)$$

여기서,  $Y_{ij}$ 는 binary variable(1: 수계대표성, 0: otherwise),  $L_{ij}$ 는  $i$ 행  $j$ 열 셀과 유역의 유출구 사이의 거리(km)이다.

3. 결과 및 고찰

유전자 알고리즘에서는 재생산, 교차, 돌연변이의 세 가지 유전연산자를 사용하며, 이러한 연산들은 개체크기(population size), 세대수(number of generation), 교차율(probability of crossover,  $P_c$ ), 그리고 돌연변이율(probability of mutation,  $P_m$ )과 같은 매개변수의 변화에 따라 유전자 진화과정의 환경이 달라지므로 해에 접근하는 속도와 최적의 해에 근접하는 정도가 변한다. 대부분의 경우 적용사례 또는 문제의 특성에 따른 명확한 매개변수의 기준이 없으므로 매개변수에 대한 수차례의 감도분석을 실시하여 최적의 해를 산출하는 매개변수를 정하였다.

Table 2에 나타낸 바와 같이 최적의 매개변수 설정을 위하여 하나의 변수를 3가지 경우에 대하여 변화시키고 나머

Table 2. Alternatives of parameters

Population size	Generation number	$P_c$	$P_m$
300*	3000*	0.80	0.005
500	4000	0.85*	0.01*
700	5000	0.90	0.02

\* : default value  
 $P_c$  : probability of crossover  
 $P_m$  : probability of mutation

지 변수는 고정시킨 뒤 프로그램을 실행시켜 최적의 값을 찾아내는 방식을 취하였다. 유전자 알고리즘에서는 일반적으로 세대의 초기 단계에는 빠른 진화를 나타내며 적합도 값이 상승하나, 세대가 진행될수록 미비한 값의 변화 양상을 보이므로 본 연구에서는 정확한 수렴값을 산출하기 보다는 대략적으로 수렴한 해(approximate solution)를 궁극적으로 선택하여 이를 최종 적합도 값으로 채택하였다.

먼저 적정 개체수를 찾기 위하여 세대수 3000, 교배율 0.85, 돌연변이율 0.01을 고정한 뒤 개체수를 300, 500, 700개로 변경하며 감도분석을 실시하였다(Fig. 4). 개체수 300은 발생 초기에는 끊임없이 진화를 하며 적합도가 증가되면서 후반부에 안정적인 모습을 나타낸다. 한편 개체수 500의 경우는 발생 초기에 빠른 속도로 안정 상태를 보이며 가장 높은 적합도를 갖고, 개체수 700의 경우에 가장 빠르게 수렴하는 양상을 보이나 가장 낮은 적합도 값을 나타낸다. 따라서 최적해를 위해서는 개체수를 500으로 설정하는 것이 적합한 것으로 나타났다.

적정 세대수를 찾기 위해서는 개체수 300, 교배율 0.85, 돌연변이율 0.01을 고정하고 세대수를 3000, 4000, 5000개로 변경하며 감도분석을 실시하였다(Fig. 5). 세대수 3000에서는 적합도 값이 수렴하지 않고 계속 증가하는 양상을 보였으나 세대수 4000과 5000에서는 세대수 3500 이상에서 적정 적합도 값으로 수렴함을 알 수 있다. 세대수는 그 값이 커질수록 높은 적합도 값을 나타낼 수 있으나, 프로그램 실행 시간이 오래 걸리므로, 본 연구에서는 세대수 4000을 최적해를 얻기 위한 세대수 값으로 결정하였다.

교배율에 변화에 따른 적합도의 변화 분석을 위하여 개체수 300, 세대수 3000, 돌연변이율 0.01을 고정한 뒤 교배율을 0.8, 0.85, 0.9의 값에 대하여 실행하였다(Fig. 6). 이 결과 가장 높은 적합도 값을 나타내는 교배율은 0.8임을

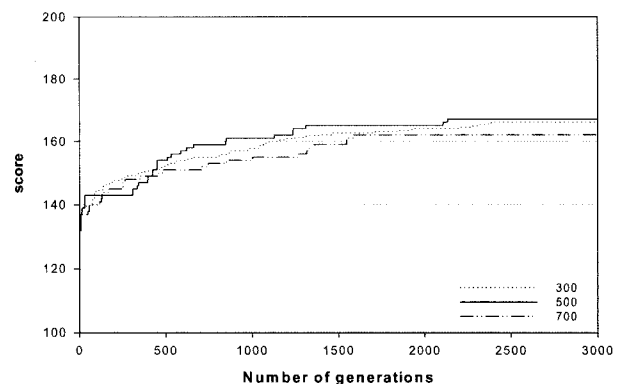


Fig. 4. Comparison of fitness according to the population size.

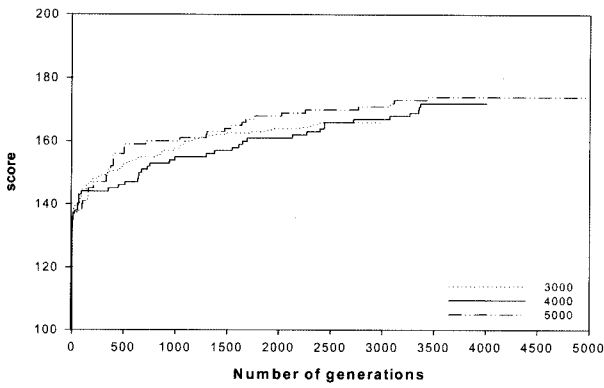


Fig. 5. Comparison of fitness according to the number of generation.

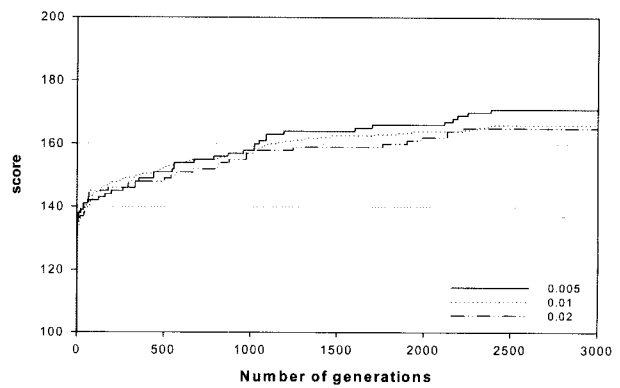


Fig. 7. Comparison of fitness according to the mutation rate.

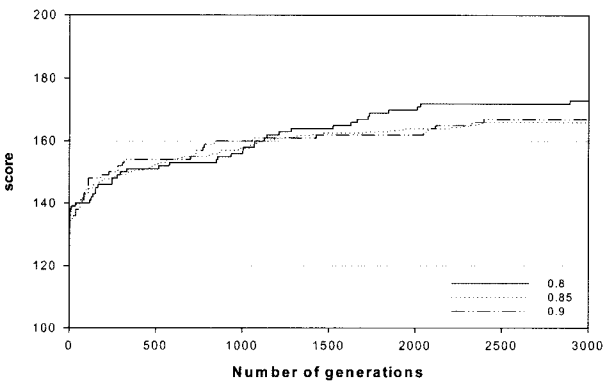


Fig. 6. Comparison of fitness according to the crossover rate.

Table 3. Optimized parameter for developed system

Parameters	Value
Population size	500
Generation number	4000
$P_c$ (probability of crossover)	0.8
$P_m$ (probability of mutation)	0.01

알 수 있었다.

마지막으로 돌연변이율 변화에 따른 감도분석은 개체수 300, 세대수 3000, 교배율 0.85로 고정시키고 돌연변이율 0.005, 0.01, 0.02의 각각에 대하여 실행하였다(Fig. 7). Dejong(1975)의 연구결과와 같이 돌연변이율은 낮게 설정할수록 좋은 결과를 보여 돌연변이율 0.005인 경우 진화가 이루어질수록 적합도가 높아졌다. 하지만 돌연변이율이 지나치게 작게 설정되면 해가 지역적인 극값으로 빠질 위험성이 있으므로, 본 연구에서는 0.01을 최적해를 얻기 위한 돌연변이율로 결정하였다.

따라서, 본 연구를 통해 개발된 수질측정망 설계를 위한 유전자 알고리즘이 최적의 해를 가지며 빠르게 수렴하기 위해서는 Table 3에 나타난 매개변수를 가져야 함을 알 수 있다.

최적의 매개변수를 설정한 후 수질측정망 설계를 위한 유전자 알고리즘 프로그램을 실행시켜 최적의 해를 얻을 수 있었다. 현재 낙동강 내에서 운영되고 있는 하천 측정망과의 비교를 위하여, 본 연구는 수질 측정망 지점으로 110개의 지점을 추출하였다. 연구 결과를 통하여 제안된 110지점은 기존의 수질측정망과 35개 지점이 중복 되었고, 75개 지점은 새로운 지점이 제안되었다(Fig. 8).

국내에서 운영되고 있는 수질측정망은 선진국의 경우에 비하여 그 상대적인 지점수가 부족하여 확장방안이 지속적으로 논의되고 있다. 따라서 본 연구에서는 현재 110개의 지점을 기준으로 하여 40지점씩 확장하는 방안을 제시하고

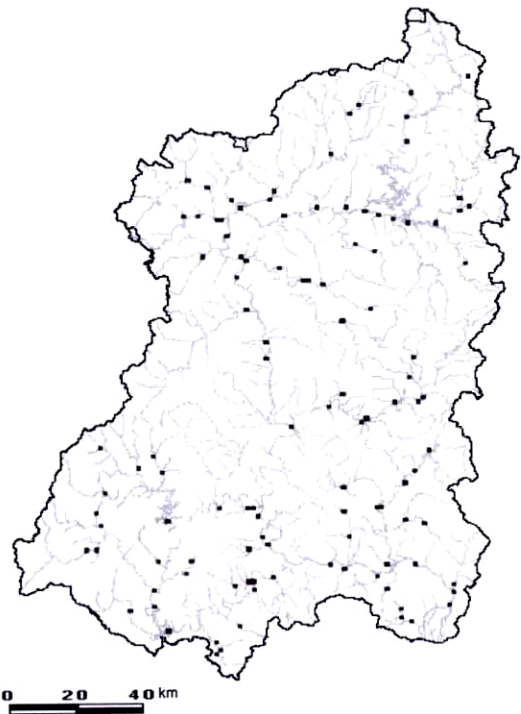


Fig. 8. Optimized locations for 110 water quality monitoring stations.

자 수질측정망 지점이 150지점과 190지점의 경우에 대하여 연구 결과를 제시하였다(Fig. 9). 150지점을 추출한 경우에는 기존의 수질측정망과의 중복 지점이 16개 증가되었고, 190지점을 추출한 경우에는 26개 증가되어 총 61개 지점이 기존의 수질측정망 지점과 중복되었다.

#### 4. 결론

본 연구에서는 유전자 알고리즘을 이용한 수질측정망 설

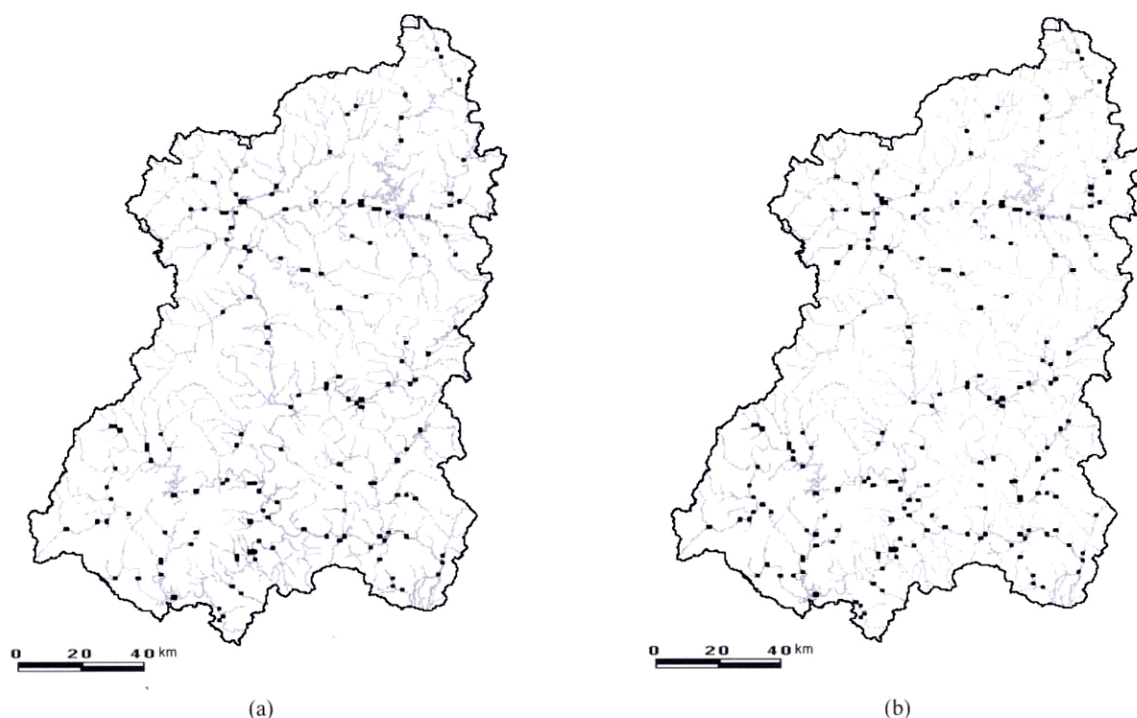


Fig. 9. Optimized locations for 150 (a) and 190 (b) water quality monitoring stations.

계 최적화 방안을 모색함으로써, 기존의 주관적인 지점 선정에서 탈피하여 보다 과학적이고 합리적인 설계 방안을 제시하였다. GIS를 활용하여 연구 대상 지역인 낙동강의 지리·환경·물리적 특성 등이 충분히 반영된 자료를 구축한 뒤 유전자 알고리즘을 구현하기 위하여 개발된 컴퓨터 프로그램을 이용하고 수질측정망 운영 목적과 설계 기준을 만족시키는 적합도 함수를 적용하여 최적화된 수질측정망 설계 지점을 도출하였다. 유전자 알고리즘 프로그램 환경 구축을 위하여, 알고리즘 연산자인 4가지 매개변수(개체크기, 세대수, 교배율, 돌연변이율)에 대한 각각의 감도분석을 통하여 적절한 변수들을 추정하였다. 연구결과 110개의 하천수 수질측정망을 도출하였으며, 이 중 35개 지점만이 현재의 수질측정망과 일치하였다. 지속적으로 거론되고 있는 수질측정망 지점수 부족에 대응하여 지점수 확장을 고려할 경우 본 연구를 통해 도출된 150개와 190개 지점의 단계적 확장방안을 활용할 수 있을 것이다.

이와 같이 유전자 알고리즘을 이용한 수질측정망 설계 최적화 방안을 마련하는 본 연구는 기존의 방법보다 과학적이나 유전자 알고리즘을 적용한 초기 단계의 연구라는 한계점을 갖기에 수질측정 지점 선정 기준 간의 연관성을 나타내는 적합도 함수를 구현하는데 부족함이 있다. 또한 각각의 선정 기준들간의 중요도를 고려하여 적용한다면 좀더 현실적인 결과를 도출할 수 있다고 생각된다. 이러한 사항이 보완된다면 유전자 알고리즘을 이용한 수질측정망 설계 방안은 새로운 물관리 제도의 요구에 부합할 수 있는 과학적인 수질측정 자료 구축을 뒷받침할 수 있을 것이다.

## 사 사

이 연구는 학술진흥재단 BK21사업 “지표수 환경관리기술 인력양성 팀” 사업의 일부 지원으로 수행되었습니다. 연구지원에 감사드립니다.

## 참고문헌

경민수, 김상단, 김형수, 박석근, 통계적 기법을 이용한 경안천 유역의 수질 측정망 구성, *대한토목학회논문집*, **26(3B)**, pp. 291-300 (2006).

김승수, 박석순, 김희성, 특정수계 권역의 수질총량규제 방안 연구, *한국환경정책평가연구원* (1997).

문병로, *유전알고리즘*, 두양사, 서울 (2003).

박석순, 수질측정망 운영 통합관리방안 연구, *국무총리실 수질개선기획단* (2002).

박석순, 이용석, 대형 수계를 위한 수질관리 모델의 개발과 적용, *대한환경공학회지*, **21(10)**, pp. 1837-1848 (1999).

왕수균, 나은혜, 박석순, 한강수계 수질측정망 개선을 위한 목적 지향 설계 방안에 관한 연구, *대한환경공학회지*, **27(5)**, pp. 453-460 (2005).

진강규, *유전알고리즘과 그 응용*, 교우사, 서울 (2002).

환경부, *수질측정망 운영계획* (2003).

환경부, *수질측정망 운영계획* (2004).

Dejong, K. A., An Analysis of the Behavior of a Class Genetic Adaptive Systems, Ph. D. Dissertation, University of Michigan (1975).

Lettenmaire, D. P., Dimensionality Problems in Water Quality Network Design, *Water Resources Research*, **15(6)**, pp. 1692-1700 (1979).

Liebetau, A. M., Water Quality Samplin: Some Statistical Consideration, *Water Resources Research*, **15**(6), pp. 1717-1725 (1979).  
Sanders, T. G., Principles of Network Design for Water

Quality Monitoring, Colorado State University (1980).  
Sharp, W. E., A Topologically Optimum River Sampling Plan for South Carolina. *Water Resources Research*, **7**(6), pp. 1641-1646 (1971).