

유전자 알고리즘을 이용한 최적침투경로 분석

방수남* · 손홍규**† · 김상필** · 김창재** · 허 준**

*국방과학연구소, **연세대학교 사회환경시스템공학부

Analysis of Optimal Infiltration Route using Genetic Algorithm

Bang, Soo Nam*, Sohn, Hyong Gyoo**†, Kim, Sang Pil**, Kim, Changjae**, and Heo, Joon**

*Agency for Defense Development,

**School of Civil & Environmental Engineering, College of Engineering, Yonsei University

Abstract : The analysis of optimal infiltration path is one of the representative fields in which the GIS technology can be useful for the military purpose. Usually the analysis of the optimal path is done with network data. However, for military purpose, it often needs to be done with raster data. Because raster data needs far more computation than network data, it is difficult to apply the methods usually used in network data, such as Dijkstra algorithm. The genetic algorithm, which has shown great outcomes in optimization problems, was applied. It was used to minimize the detection probability of infiltration route. 2D binary array genes and its crossover and mutation were suggested to solve this problem with raster data. 30 tests were performed for each population size, 500, 1000, 2000, and 3000. With each generation, more adoptable routes survived and made their children routes. Results indicate that as the generations increased, average detection probability decreased and the routes converged to the optimal path. Also, as the population size increases, more optimal routes were found. The suggested genetic algorithm successfully finds the optimal infiltration route, and it shows better performance with larger population.

Key Words : Optimal path, Infiltration route analysis, Genetic algorithm.

요약 : 최적침투경로 분석은 GIS 기술을 군사적 목적을 위해 유용하게 사용할 수 있는 대표적인 분야 중 하나이다. 그러나 군사목적의 최적경로분석은 일반적인 최적경로분석이 네트워크 데이터에서 이루어지는 것과는 달리 래스터 데이터에서 이루어져야할 필요가 있으며, 래스터 데이터에서의 연산량은 네트워크 데이터를 사용할 때에 비해 급격히 증가하기에, 연산량은 많으나 일반적으로 네트워크 데이터에서 최적경로 탐색을 위해 사용되는 Dijkstra 알고리즘과 같은 방법을 적용시키기 어렵게 만든다. 따라서, 본 연구에는 최적화문제에서 우수한 성과를 거둔 유전자 알고리즘(Genetic algorithm)을 최적경로분석에 적용시켜 문제를 해결하고자 하였다. 이를 위해 최적침투경로를 적의 탐지에 발각될 확률을 최소화 시킬 수 있는 경로로 결정하고, 래스터 데이터에서의 침투경로분석에 적합한 2차원 2진 배열(2D binary array)형태의 유전자형 및 이들의 교차(crossover) 및 변이(mutation) 방법을 제안하였다. 제안된 방법에 대한 실험은 개체집단의 크기를 500, 1000, 2000, 3000으로 증가시켜가며 각각의 경우에 대해 30번씩 실험을 수행하였다. 실험결

과 세대가 거듭될수록 평균 누적탐지확률이 안정적으로 감소하며 성공적으로 최적침투경로를 찾아 수렴하였으며, 개체집단의 크기가 커질수록 그 성능이 향상되는 것을 확인할 수 있었다.

1. 서론

2000년대에 들어서 고해상 위성영상의 획득이 가능해짐에 따라 비접근지역에 대해서도 손쉽게 상세한 지형공간정보를 구축할 수 있게 되었다. 군사응용분야는 이러한 지형공간정보가 가장 유용하게 활용될 수 있는 분야로써, 특히, 아직까지 북한과 비무장지대를 사이에 두고 대치하고 있으며, 전면적인 전쟁보다는 국지적인 침투에 의한 도발 가능성이 높은 현 상황에서는 군사응용분야 중에서도 최적침투경로 분석이 가장 대표적으로 지형공간정보기술이 사용될 수 있는 분야 중 하나라고 할 수 있다. 최적침투경로에 대한 분석결과는 침투경로를 결정하는 것 외에도, 취약한 지점을 예측함으로써 적의 침투경로를 예상하고 방지할 수 있도록 해주며, 감시장비의 위치에 따른 탐지확률을 계산해냄으로써 적의 침투를 탐지할 수 있도록 감시장비를 최적의 위치에 배치하기 위해 사용될 수 있다.

최단경로분석은 주로 노드를 기반으로 한 네트워크 데이터를 사용하여 이루어지나 경로가 제한되지 않은 기동경로계획 혹은 비행임무계획 등의 분야에 활용되기 위해서는 raster data의 사용을 고려하여야 한다. Kwok 등(1999)은 래스터 확률지도와 동적 프로그래밍(dynammic programming) 기법을 적용하여 최단경로를 분석하는 방법을 제안하였으며, Howard 등(2002)은 지형의 특성에 따라 5개의 등급으로 래스터방식의 퍼지맵(fuzzy map)을 구성하고 A* 알고리즘을 적용하여 행정탐사기의 최적경로를 계산하였다.

Dijkstra 알고리즘은 최적경로분석을 위해 일반적으로 사용되는 알고리즘이나, 이는 매우 많은 연산을 요하는 방법으로, 노드를 기반으로 한 네트워크 데이터가 아닌 래스터 데이터를 사용할 경우 경로의 가능성이 비약적으로 증가하여 이러한 방법으로 최적경로를 분석하는데 연산과 시간적 제약이 발생하게 된다.(방수남 등, 2006) 본 연구에서 사용된 250×260의 영상은 65000개의 노드가 존재하는 network로 생각할 수 있으며, 역방향으로의 이동을 제한하더라도 각 행(row)에서 열(column)만큼의 경로 선택이 가능하므로 260²⁵⁰이라는

무수히 많은 경우의 수가 존재하게 된다. 또한 이는 대상지역이 확대되거나 영상의 해상도가 정밀해질 경우 더욱 급격히 증가한다. 따라서 A* 알고리즘 혹은 유전자 알고리즘과 같이 제한된 시간과 연산 내에서 최적경로에 가까운 발견적(heuristic) 방법들을 통해 최단경로를 탐색하는 방법이 요구된다.

유전자 알고리즘은 자연적인 진화를 모방하여 최적해를 찾는 알고리즘으로 TSP(Travelling Salesman Problem)를 비롯한 다양한 최적화 문제에서 우수한 성능을 보인바 있으며(이경미 등, 1998), 최단경로분석에 유전자 알고리즘을 적용한 연구도 활발히 이루어지고 있으나(안창욱 등, 2002) 일반적인 유전자 알고리즘에 사용되는 열(string)을 기반으로 네트워크 데이터에 적용시킨 사례들로 raster 형태의 data에 적용시킨 사례는 매우 드물다. John 등(2001)은 지역감시정찰을 위한 임무계획 최적화를 위하여 래스터 데이터로부터 직사각형 그리드를 정의하여, 정수 프로그래밍(integer programming) 방법과 함께 유전자 알고리즘을 적용하였고, Behzadi 등(2008)이 래스터 데이터 모델을 바탕으로 최단경로분석에 유전자 알고리즘을 적용한 예가 있으나, network를 바탕으로 임의의 지점에 유전자가 생성되면 생성된 지역을 네트워크를 따라 연결하여 유전자를 생성하는 방식을 기반으로 하고 있어, 정해진 path가 없이 전방위 탐색이 가능한 래스터 데이터에 대한 적용은 불가능하다.

이에 본 연구에서는 미국 국가지형공간정보국(NGA; National Geospatial-intelligence Agency)의 표준성 고품 중 하나인 지형분석도(VITD; Vector product Interim Terrain Data) 및 감시장비의 배치와 지형특성을 바탕으로 생성된 raster 형태의 탐지확률지도 구성하고, 2차원 2진 배열형태의 유전형으로 경로를 표현하는 유전자 알고리즘을 이용하여 최적경로를 분석하는 방법을 제안하였다. 탐지확률지도는 상용소프트웨어인 ArcGIS의 기능을 활용하여 작성하였으며, 최적경로분석 알고리즘은 Visual C++ 언어로 구현하여 연구를 수행하였다.

2. 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 자연계의 생물들이 서로 경쟁하고 환경에 보다 적합한 유전자를 가진 종들이 자손에게 그 유전자를 물려줌으로써, 주어진 환경에 적합하게 적응해가는 다윈의 적자생존 과정을 모방하여 주어진 문제에 최적의 해를 탐색하는 방법으로 John Holland에 의해 1975년에 개발된 알고리즘이다(Holland, 1975).

유전자 알고리즘은 문제에 대한 가능한 해들을 유전형으로 표현한 후 이들을 점차적으로 변형시켜 목표에 보다 적합한 해들을 만들어 낸다. Fig. 1은 유전자 알고리즘의 기본 구조로 유전자 알고리즘에서 자연적 진화 과정을 어떻게 모방하였는지를 보여주는 그림이다.

유전자 알고리즘은 우선 각 개체를 유전형으로 표현하는 방법과 최적화를 위한 목적함수를 정의하여야 한다. 염색체에 해당하는 유전자의 표현형은 일반적으로 열(string) 형태로 표현된다. 목적함수는 유전자 알고리즘을 통해 달성하고자 하는 목표로 유전자의 적합성을 판단하는 기준이 된다. 예를 들어 TSP 문제의 경우 최적경로가 갖추어야할 조건인 여행경비 혹은 이동거리를 최소화 하는 것이 목적함수가 된다. 표현방법과 목적함

수가 정의되면 생성된 초기집단에 대해 목적함수로부터 적합성 여부를 판단 할 수 있으며, 보다 적합하다고 판단된 개체가 보다 높은 확률로 다음 세대에 그 유전자를 전달할 수 있도록 구현된다. 적합도를 바탕으로 선택된 개체들은 교배를 통해 다음 세대로 유전된다. 교배는 복제 혹은 교차를 통해 서로 유전자를 교환하고 새로운 개체를 생산하는 과정이다. 복제는 부모 개체의 유전자를 자식 개체가 그대로 물려받는 과정으로 교차확률을 만족하지 못 할 경우 이루어지며, 확률을 만족할 경우 부모 개체의 유전자를 서로 교환하는 교차가 이루어진다. 교배를 통해 유전자는 보다 적합도가 높은 개체를 생성해 나가나 자연계에서 근친교배가 유전형질이 고착되어 환경에 부적합하게 되는 것과 마찬가지로 제한된 초기 집단 안에서 이뤄지는 복제와 교배는 개체들을 국지적 해(local maxima)로 수렴시킬 가능성을 가지고 있다. 돌연변이는 임의로 염색체의 일부분을 변화시키는 연산을 통해 보다 넓은 해영역을 탐색하게 해 줌으로써 유전자의 고착을 막고 보다 적합한 해를 탐색할 수 있도록 도와주는 과정이다. 복제, 교배, 변이를 통해 생성된 개체들은 다시 적합도를 평가받고 다음 세대에 각 개체의 유전자를 넘겨주는 과정을 통해 보다 적합한 세대로 진화해 간다. 이와 같이 복제, 교차, 변이 등을 통해 새로운 염색체를 만들어 내는 조작을 유전자 연산자(genetic operator)라 부른다. 유전자 연산자의 기본적인 동작은 Table 1과 같다.

유전자 알고리즘은 대상으로 하는 개별적인 문제마다 적합한 유전자의 표현형을 정의해야하고 개체 수, 선택 방법, 교배 방법, 돌연변이의 비율 등 많은 파라미터를 정해줘야 하는 단점이 있으나, 막대한 해집단에서 빠르게 해를 검색해 낼 수 있으며, 적합성의 평가가 가능한 경우 문제의 내부 구조에 대한 이해나 미분 등의 복잡한 연산이 필요치 않다는 장점으로 인해 많은 최적화 문제에 사용되어왔다. 유전자 알고리즘은 TSP 문제, 용

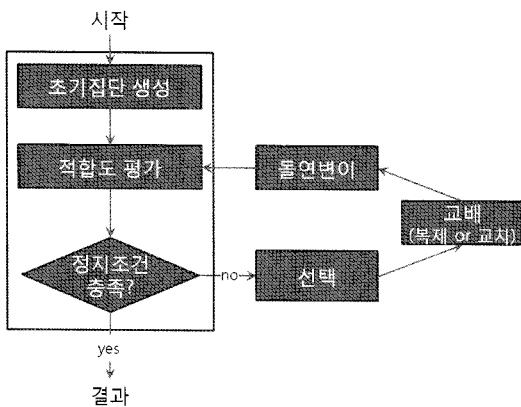


Fig. 1. Flowchart of Genetic Algorithm.

Table 1. Genetic Operator

	복제(reproduction)		교차(crossover)		변이(mutation)	
	A	B	A	B	A	B
부모 개체	1111111	0000000	1111 111	0000 000	1111111	0000000
자식 개체	A	B	A	B	A	B
	1111111	0000000	1111 000	0000 111	1111011	0010000

량 및 플로우 최적화 문제(Leung 등, 1998), 침입탐지 시스템 설계(양지홍 등, 2002), 네트워크 환경에서의 최단경로 라우팅 문제(Mostafa 등, 2000) 등의 다수 연구에 실제로 적용되어 우수한 성능을 보인바 있으며, 최단 경로분석에 활용하고자 하는 연구도 활발히 진행되고 있다.

3. 연구 방법 및 내용

1) 입력자료

최적경로 설정을 위하여 2차원 평면공간을 일정크기(50m×50m)의 정사각형 영역으로 분할하고, 각 영역에 대한 침투자의 탐지확률값을 갖는 래스터 탐지확률 지도를 생성하였다. 탐지확률지도 생성을 위한 입력자료로는 군사용 지형분석도인 VITD와, 1:5000 수치지도의 등고선자료를 이용하여 생성된 수치고도모형을 사용하였다. VITD는 NGA 규격서에 의해 규정된 디지털 성과품으로서 군사작전에 활용하기 위한 지형지물의 상세한 속성자료들을 저장하고 있는 표준지형공간정보 디지털 파일형식이다. VITD는 장애물(OBS), 경사도/지형(SLP), 토질/토양(SMC), 배수(SDR), 수송(TRN), 식생(VEG)의 6개 커버리지(coverage)로 구성되어 있으며, 각 커버리지는 서로 다른 속성값들을 갖는다. 본 연구에서는 OBS 커버리지와 VEG 커버리지에 포함된 속성정보를 이용하였다. OBS 커버리지는 이동 불가능 지역을 선정하는데 사용하였으며, VEG 커버리지는 나무의 지면 차폐율을 적용하였다.

감시장비로서는 열상장비(Thermal Observation Device) TAS-970K 모델에 대해 거리별 탐지확률을 ACQUIRE 모델에 의해 계산된 값을 사용하였다. ACQUIRE 모델은 미 육군 야시장비 연구소에서 개발된 야시장비 성능예측 모델로서 최소분해가능온도차(MRTD : Minimun Resolvable Temperature Difference)를 이용하여 거리별, 기상별로 특정 표적의 탐지확률을 계산하는 모델이다(홍석민 등, 2003).

2) 탐지확률지도 생성

탐지확률지도는 은폐확률 $C(x, y)$ 와 탐지확률 $D(x, y)$ 을 기반으로 생성하였다. 은폐확률은 VITD내의 VEG 커버리지에 포함된 VEGAREA(vegetation area), VGFAREA(vegetation forested area), VGWAREA(vegetation water area)의 레이어 정보를 기준으로 생성하였다. VGFAREA 레이어에 포함된 DMT(Density Measure of % Tree/Canopy Cover) 속성값은 수목에 의해 지면이 차폐되는 확률을 표현한 것으로 25%, 50%, 75%를 경계로 4개의 코드로 저장되어 있다. 실험에서는 각 구간의 중간값으로 은폐확률을 설정하였다. VEGAREA와 VGWAREA는 차폐정도에 대한 확률값이 지정되어 있지는 않으나 완전히 개방되어 있다고 보기는 어려우므로 DMT 속성값에 정의된 가장 낮은 구간과 동일한 값을 사용하였다. 탐지확률은 TOD 장비의 거리별 탐지확률을 계산하고, 수치고도모형에 Xdraw 알고리즘이 적용된 ArcGIS 가시선분석(Viewshed)기능을 적용하여 처리한 결과와 합성하여 생성하였다.

최종적인 탐지확률지도는 은폐확률 $C(x, y)$ 와 TOD

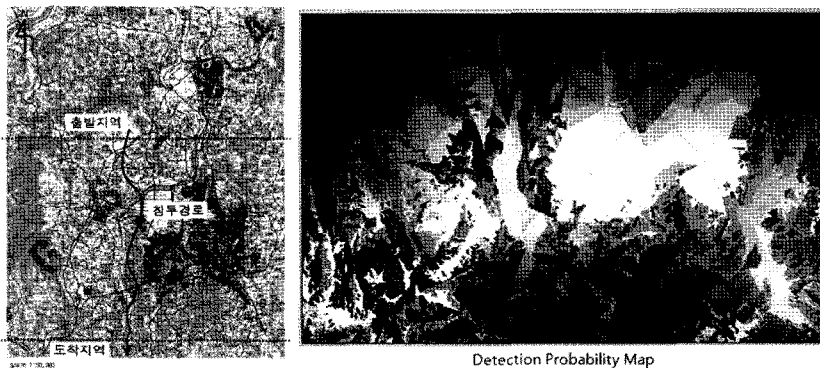


Fig. 2. Detection Probability Map.

장비의 탐지확률 $D(x, y)$ 을 합성하여 생성하였다. TOD 장비의 탐지확률 $D(x, y)$ 는 그대로 탐지확률의 성격을 가지며, 은폐확률 $C(x, y)$ 는 탐지확률에 반비례의 성격을 갖는다. 따라서 두 개의 확률을 최종적으로 합성하기 위한 수식은 식 (1)과 같이 적용하였다. (방수남 등, 2006)

$$P(x, y) = D(x, y)(1 - C(x, y)) \quad (1)$$

Fig. 2는 위 방법에 의해 생성된 탐지확률지도 예를 보여준다.

3) 유전자 표현

일반적으로 유전자 알고리즘에서 각 개체의 유전형은 염기서열을 표현하는 것과 유사하게 열(string) 형태로 표현된다. 그러나 본 연구에서는 침투경로의 적합도의 연산 및 교배를 보다 용이하게 하기 위해 Fig. 3과 같은 2차원 2진 배열 형태로 유전자를 표현하였다. 각 개체는 탐지확률 지도와 동일한 크기의 Fig. 3-(a)와 같은 2차원 배열로 2진 형태로 표현된다. 개체의 각 요소가 가지는 값은, 0은 이동하지 않은 지역, 1은 이동 경로를 나타내며, 이를 영상으로 출력하면 Fig. 3-(b)과 같이 이동 경로를 직접적으로 나타내게 된다. 이동 경로는 상, 하, 좌, 우 네 방향으로의 이동만을 가정하였다.

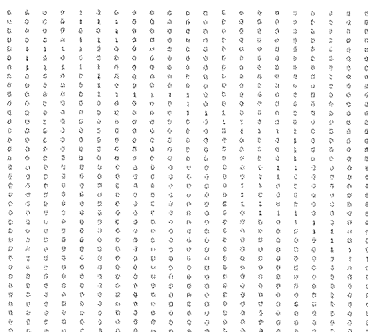
4) 유전자 알고리즘 구조 및 파라미터 설정

본 연구에서의 유전자 알고리즘 구조는 초기집단 생성, 적합도 평가, 선택, 교배, 변이의 일반적인 유전자 알고리즘의 구조를 그대로 따르도록 설계되었다. 유전자 알고리즘에서 초기집단의 크기, 교차 및 변이 확률,

유전 세대 등의 파라미터는 알고리즘의 성능을 결정하는 주요한 파라미터로 본 연구에서는 교차 및 변이 확률은 교차 확률 0.6, 변이 확률 0.001로 유전자 알고리즘에 가장 일반적으로 사용되는 de Jong의 설정을 사용하였다(Jong 등, 1990). 단, 초기집단의 크기는 문제의 해영역이 250^{260} 으로 매우 넓은 관계로 de Jong의 설정에서 사용되는 50개의 초기집단으로는 충분한 탐색이 불가능할 것으로 예상되어 500, 1000, 2000, 3000으로 모집단의 크기를 변경시켜가며 실험하였다. Goldberg 등(1992)에 따르면 유전 세대는 선택, 교배, 낮은 변이 확률을 갖는 기본적인 유전자 알고리즘에서는 약 1000개의 초기집단에서 30~50의 적은 세대에서 수렴하는 경향을 보이며, 실제 실험결과에서도 약 50세대에서 충분히 수렴하는 모습을 보여 별도의 수렴조건 없이 50세대 유전 후의 결과를 해로 간주하였다.

5) 초기집단 생성

초기집단의 생성은 탐색할 해 영역을 결정하는데 매우 중요한 역할을 하는 부분으로, 일반적으로 무작위 초기화 방식과 제약조건을 만족하는 개체들을 선별적으로 생성하는 유도된 초기화 방식으로 나뉜다. 무작위 초기화 방식은 집단의 크기에 비례하여 넓은 해영역을 탐색할 수 있는 방법이며, 유도된 초기화 방식은 미리 환경에 어느 정도 적합성을 가지는 개체들을 선별함으로써 보다 효율적으로 최적해를 탐색하도록 하는 방식이나 자칫 제한된 해영역을 탐색하게 할 위험이 있어 제약조건을 결정하는데 신중해야 한다. 본 연구에서는 무작위 초기화 방식을 사용하였다.



(a) 배열형태의 유전형 표현



(b) 영상으로 출력한 개체의 모습

Fig. 3. Expression of 2D Binary Array Gene.

본 연구에서 사용된 2차원 2진 형태의 유전형에서 시작점에서 도착점까지의 루트를 무작위로 생성하기 위해 첫 번째 행에서 무작위로 출발점을 결정한 후 역방향으로의 이동은 고려하지 않고, 좌, 우, 아래의 세 방향을 무작위로 탐색하여 마지막 행까지 도달하였을 때 종료하는 방식으로 각 개체를 생성하였다.

6) 목적함수 및 적합도 평가

최적경로탐색을 위한 목적함수는 각 개체의 경로를 따라 이동할 때의 누적탐지확률을 최소화 하는 것을 목적으로 하였으며, 각 개체의 유전자를 2차원 2진 배열 형태로 표현하여 이동한 경로의 요소만이 1의 값을 갖게 함으로써 탐지확률지도의 각 요소의 곱으로부터 식 (2)와 같이 누적탐지확률을 계산하여 목적함수를 설정할 수 있었다.

$$Fidelity = \sum_i^{row} \sum_j^{col} C_{ij} \times Pd_{ij} \rightarrow minimize \quad (2)$$

여기서 C_{ij} 는 유전자의 i, j 번째 요소, Pd_{ij} 는 탐지확률지도의 i, j 번째 pixel의 탐지확률

적합도는 위의 식을 이용하여 보다 낮은 누적탐지확률 갖는 경우 적합도가 보다 우수한 것으로 판정하였다.

7) 선택

선택방식으로는 토너먼트 진출방식을 사용하였다. 토너먼트 진출방식은 전체 개체집단에서 임의로 개체를 선택한 후 그 중 보다 적합한 개체를 다음 세대의 부모 개체로 선택하는 방식으로 토너먼트에 참여하는 개체의 수가 증가할수록 선택압이 증가하여 우수한 개체가 유전될 확률은 커지지만, 탐색영역이 제한되는 효과가 있다(Miller 등, 1995). 매우 넓은 해 영역을 탐색해야 하는 본 연구에서는 2 개체만을 경쟁시켜 부모 개체를 결정하였다.

8) 교배

선택된 부모개체 중 교차확률을 만족하지 않는 일부 개체는 복제를 통해 그대로 다음 세대로 전달되며, 일부는 확률적으로 다른 개체와 교차를 일으킨다. 교차확률이 높을수록 보다 다양하게 해 영역을 탐색할 수 있으나, 우수한 유전형질이 다음세대로 전달되지 못할 가능성이 커진다. 본 연구에서는 de Jong의 설정을 따라 유

전자 알고리즘을 사용할 때 가장 기본적인 교차확률로 사용되는 0.6을 교차확률로 하였다.

교차에는 두 부모개체에 교차점이 존재할 때와 존재하지 않을 때로 나누어 교차방식을 구분하였다. 교차점이 존재할 경우 교차방식으로는 하나의 점에서만 교차가 일어나는 일점교차방식을 선택하였다. 교차점을 기준으로 앞, 뒤가 명확한 열(string) 형태의 유전자 표현과 달리 2차원 배열 형태로 표현된 유전자에서의 일점교차를 위해 교차점을 검색하여 교차점의 행과 열을 구하고, 두 부모 개체의 출발점으로부터 교차점까지 경로를 추적하며 이동하여 부모개체를 교차점을 기준으로 위쪽과 아래쪽으로 분할한 후 Fig. 4와 같이 교차하였다.

교차점이 존재하지 않을 경우 출발점의 위치를 비교하여 좌, 우의 개체를 구별하고, 좌, 우 개체중 하나의 개체를 출발 개체로, 다른 개체를 도착 개체로 무작위로 결정하고, 출발 개체에서 도착 개체까지 경로를 무작위로 생성하여 Fig. 5와 같이 교차시켰다. 이 때 교차가 일어나게 하기 위하여 도착개체 방향으로 경로가 방향성을 갖도록 하였다. 방향성은 두 개체 사이의 거리가 클수록 커져야하며, 영상의 마지막 행에 도달하기 전에 교차가 발생하기 위해서는 영상의 마지막 행까지의 거리가 가까울수록 커져야한다. 따라서 두 개체사이의 거리를 Δcol , 출발점부터 영상 마지막 행까지의 거리를 Δrow 라 하면, 방향성을 가지게 하기 위해 추가되는 가중확률 p_{add} 는 Δcol 에 비례하고, Δrow 에 반비례하므로 식 (3)이 성립한다. 이 때 k 는 비례상수이다.

$$p_{add} = k \frac{\Delta col}{\Delta row} \quad (3)$$

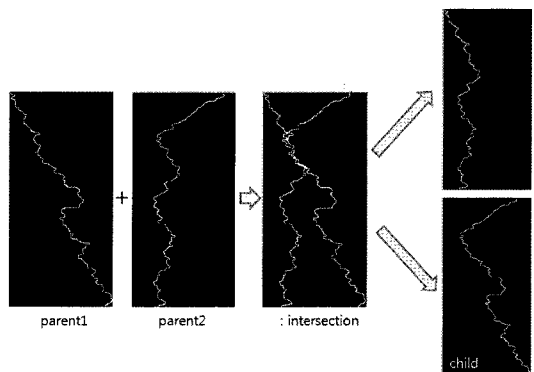


Fig. 4. Crossover of Intersection Case.

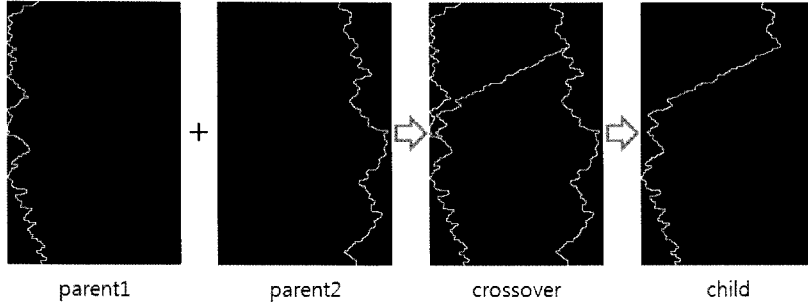


Fig. 5. Crossover of Non-intersection Case.

이 때 교차가 영상의 마지막 행과 지나치게 가까운 곳에서 발생할 경우 도착 개체의 유전형질이 자손에게 제대로 전달되지 못하게 되며, 출발점과 지나치게 가까운 곳에서 발생할 경우 두 개체 사이의 경로를 적절히 탐색하는 능력이 떨어지게 되므로 교차가 일어나는 지점이 출발점과 영상의 마지막 행 사이의 약 1/2 지점에서 교차가 일어나도록 가중확률을 설정하였다.

m_{down} 을 아랫 방향 이동량, m_{app} 를 다른 개체로 접근하는 방향의 이동량, 아래, 접근하는 방향, 떨어지는 방향으로의 방향이 발생할 확률을 각각 p_{down} , p_{app} , p_{sep} 라 하면, 경로 탐색을 위해 n 번 무작위로 방향을 설정하였을 때, 아래 방향 이동량의 기대값은 식 (4), 도착 개체 방향 이동량의 기대값은 식 (5)와 같다.

$$E\{m_{down}\} = np_{down} \quad (4)$$

$$E\{m_{app}\} = n(p_{app} - p_{sep}) \quad (5)$$

기본 이동확률에 가중치 p_{add} 를 더하면 각 방향으로의 이동이 발생할 확률의 비율은 1:1:1+ p_{add} 와 같아지며, 확률의 합이 1이 되어야 하므로 각 확률은 식 (6)과 같은 값을 갖는다.

$$p_{down} = p_{sep} = \frac{1}{1 + 1 + 1 + p_{add}} \quad (6)$$

$$p_{app} = \frac{1 + p_{add}}{1 + 1 + 1 + p_{add}}$$

이 때 Δrow 의 1/2 지점에서 교차가 일어나도록 하기 위해서는 식 (7)의 조건을 만족하면 된다.

$$E\{m_{down}\} = np_{down} = \frac{1}{2} \Delta row \quad (7)$$

$$E\{m_{app}\} = n(p_{app} - p_{sep}) = \Delta col$$

위의 식에 각 확률을 대입하여 정리하면 $k=2$ 의 값을 얻을 수 있다. 따라서, 최종 가중확률은 식 (8)과 같이 설정하였다.

$$p_{add} = 2 \frac{\Delta col}{\Delta row} \quad (8)$$

9) 변이

변이는 초기집단에 포함되지 않은 유전자를 생성하여 해의 탐색영역을 넓혀주는 역할을 하는 과정이다. 본 연구에서는 교차점이 존재하지 않는 경우 무작위로 두 부모 개체 사이에서 경로를 생성하여 해의 탐색영역을 넓

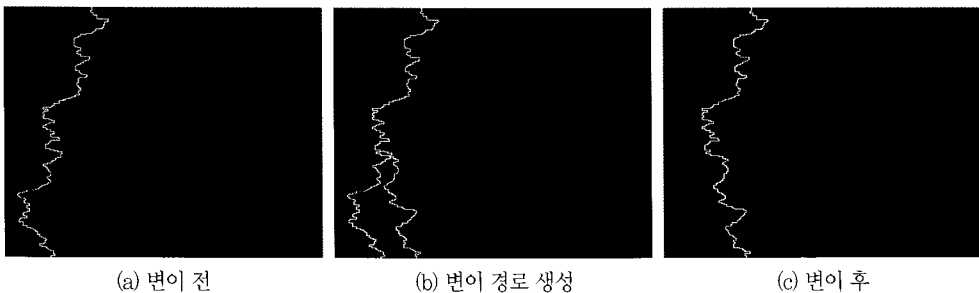


Fig. 6. Mutation in the End Point Direction.

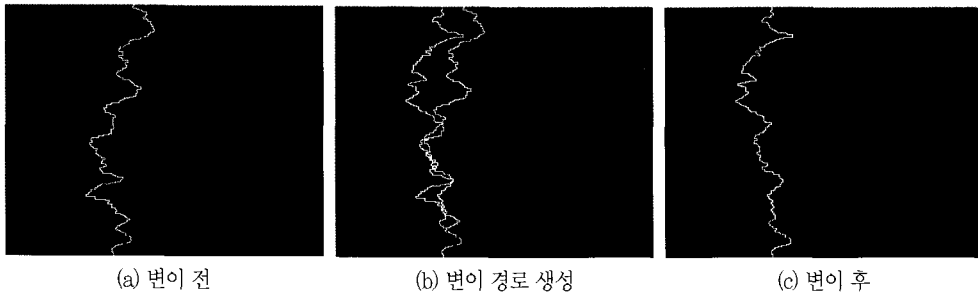


Fig. 7. Mutation in the Start Point Direction.

하는 효과를 가지고 있으나, 유전이 진행될수록 부모 개체들의 유사성이 증가해 근접한 경로가 남아 교차점을 가지고 있을 확률이 높아지므로 유전이 충분히 진행된 이후 국소해로 수렴하는 것을 막기 위한 변이과정이 필요하였다. 변이확률은 de Jong의 설정을 따라 0.001을 변이 확률로 하였으며, 변이 확률을 만족하는 경우 Fig. 6, 7과 같이 부모 개체의 임의의 점에서 유전자를 절단하고, 초기개체를 생성할 때와 마찬가지로 출발점 혹은 도착점 방향으로 무작위로 경로를 생성하였다.

10) 재생산

선택 및 교배를 통해 생산된 자식개체들을 다시 부모 세대로 설정하여 진화 과정을 반복하였다. 별도의 종료 조건은 두지 않았으며, 실험적으로 약 50세대 정도의 진화 후 안정적으로 수렴하는 경향을 보여, 50세대를 진화시킨 후 전체 진화과정을 종료하였다.

4. 실험 및 결과분석

실험에 사용된 지역은 대전지역으로 가상의 군사분계선을 선정하여 탐지확률지도 생성하였다. 탐지확률지도 생성시 영상의 바깥지역 좌우에는 TOD를 배치하지 않아 탐지확률이 중앙에 비해 매우 낮아 최적침투경로가 편향되어 생성되어, Fig. 8과 같이 최종적으로 생성된 400×260해상도의 영상 좌우에 75 pixel씩의 Guard zone을 두어 250×260해상도의 영상을 사용하였다.

Fig. 9는 각 세대에서 개체들의 누적탐지확률의 평균 값을 도시한 결과이다. 개체집단의 수를 500, 1000,



Fig. 8. Guard Zone(75 pixels)

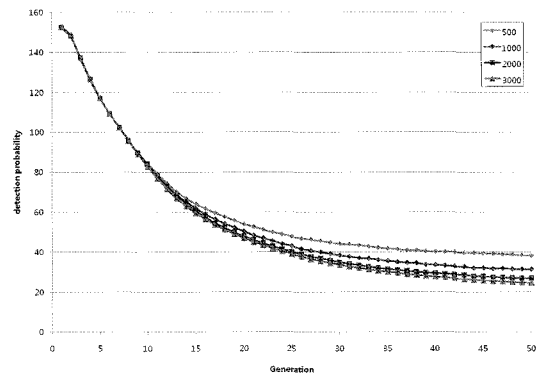


Fig. 9. Average Fitness.

2000, 3000으로 늘려가며 각 경우 당 30번의 실험을 반복한 결과 모든 경우에서 50세대 이전에 안정적으로 수렴하였으며, 개체수가 증가함에 따라 보다 최적해로 수렴하는 경향을 보였다. 50세대를 진화시킨 후 마지막 세대에서 가장 적합도가 높은 개체를 준최적경로로 간주하고, 30회를 수행한 준최적경로들의 평균 누적탐지확률과 최소 누적탐지확률을 비교한 결과 Fig. 10과 같은 결과를 얻을 수 있었다.

500에서 3000으로 개체집단의 크기가 증가함에 따

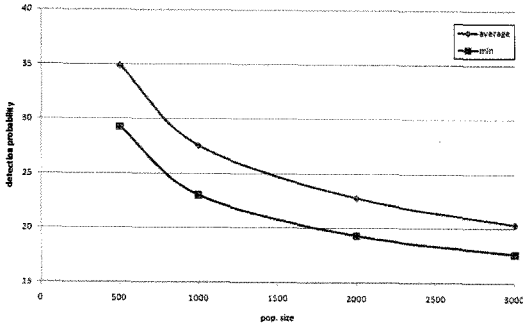


Fig. 10. Cumulative Detection Probability of Optimal Path.

라 준최적경로들의 평균 누적탐지확률은 34.91에서 20.38로, 최소 누적 탐지확률은 29.26에서 17.61로 감소하여 최적경로를 탐색하는 성능이 향상되는 것을 확인할 수 있었으며, 평균 누적탐지확률이 최소 누적탐지확률에 비해 15~20% 높은 값을 가지는 것으로 나타났다. 개체집단의 크기가 3000일 때 30개의 준최적경로를 탐지확률지도상에 표시한 결과는 Fig. 11과 같으며, Fig. 12는 최종적으로 얻은 최적경로를 탐지확률지도상에 표시한 결과이다.

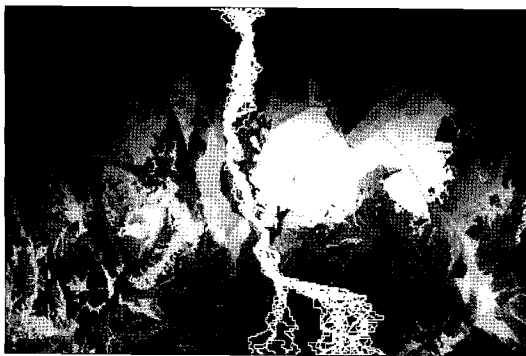


Fig. 11. Suboptimal Route(population size=3000).

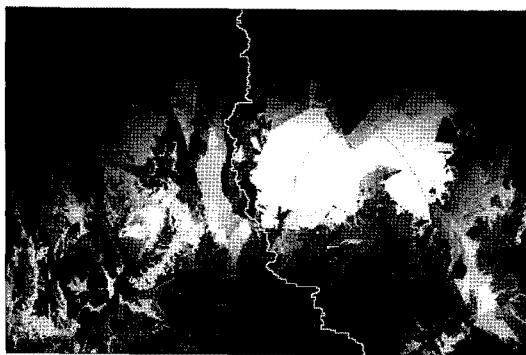


Fig. 12. Optimal Route(Probability=17.616590).

5. 결론

출발점과 도착점 부근에서는 탐지확률이 모두 0 혹은 매우 낮은 값을 가지기 때문에 경로가 분산되었으나 그 외의 지역에서는 30개의 최적경로가 모두 유사하게 나타나 누적탐지확률에 약간의 차이는 있으나 효과적으로 해영역을 탐색한 것으로 확인되었다.

전술 군사작전에서 침투경로분석은 공격측에서는 최적의 침투경로를 결정하기 위해, 방어측에서는 침투에 취약한 지역을 분석해내어 감시장비와 감시위치를 결정하는데 활용할 수 있다. 침투경로분석은 일반적인 최적경로분석이 네트워크 데이터를 이용해 이루어짐과 달리 막대한 연산량을 필요로 하는 래스터 데이터를 이용해야 한다. 따라서, 전시와 같이 급박한 상황이나 여러 번의 시뮬레이션을 통해 감시장비의 위치를 결정해야 하는 상황에는 디익스트라와 같이 많은 연산량을 필요로 하는 최적침투경로를 탐색하는 방법보다 효율적으로 준최적침투경로를 탐색하는 방법이 적합할 수 있다. 이를 위해 본 연구에서는 raster 방식의 확률지도와 유전자 알고리즘을 이용해 준최적침투경로를 분석하였다. 래스터 데이터를 이용한 최적경로분석에 유전자 알고리즘을 적용하기 위해 일반적으로 유전자 알고리즘에 사용되는 2진 스트링 형태의 표현형 대신 2차원 2진 배열 형태의 유전자 표현형과 교차방식 등을 제안하였으며, 실험결과 유전자 알고리즘을 이용해 효과적으로 해영역을 탐색하여 50세대 이전에 안정적으로 수렴하며 탐지확률이 높은 지역을 피해 준최적경로를 탐색할 수 있음을 확인하였다.

보다 넓은 대상지역에 대한 처리가 필요하거나 고해상도 영상을 사용할 경우 연산량이 급격히 증가하므로 Dijkstra 알고리즘과 같이 결정적으로 해를 찾는 방식에 비해 유전자 알고리즘과 같이 준최적해를 찾는 방식이 보다 효과적인 방법이 될 수 있을 것이다. 또한, 병렬화가 용이한 유전자 알고리즘의 특성을 활용할 경우 보다 효율적인 방법이 될 수 있을 것으로 판단된다.

참고문헌

- 방수남, 허 준, 손홍규, 이용웅, 2006. 지형공간정보 및 최적탐색기법을 이용한 최적침투경로 분석, 대한토목학회논문집, 26: 195-202.
- 안창욱, R.S. Ramakrishna, 강충구, 2002. 최단 경로 라우팅을 위한 새로운 유전자 알고리즘, 한국통신학회논문지, 27: 1215-1227.
- 양지홍, 김명준, 한명목, 2002. 유전자알고리즘을 적용한 침입탐지시스템, 한국정보과학회 2002년도 가을 학술발표논문집, 29(2): 517-519.
- 이경미, 이건명, 1998. 방문순서 제약이 있는 순회 세일즈맨 문제를 위한 유전자 알고리즘, 정보과학회논문지, 25(4): 362-368.
- 홍석민, 김창우, 유위경, 최세철, 이주형, 2003. 열상장비 성능분석 결과, 시험평가보고서, TEDC-317-030544, 국방과학연구소.
- Behzadi, S., Alesheikh, Ali A., and Poorazizi, E., 2008. Developing a Genetic Algorithm to Solve Shortest Path Problem on a Raster Data Model, Journal of Applied Sciences, 8(18): 3289-3293.
- de Jong, K. A. and William M. Spears, 1990. An Analysis of the Interacting Roles of Population Size and Crossover in Genetic Algorithms, Proceedings of the 1st Workshop on Parallel Problem Solving from Nature, October 01-03, p.38-47.
- Goldberg, D. E., Deb, K., and Clark, J. H., 1992. Genetic algorithms, noise, and the sizing of populations. Complex Systems, 6: 333-362.
- Holland, J., 1975. Adaptation in natural and artificial systems, University of Michigan Press, Ann Arbor, MI.
- Howard, A., Seraji, H., and Werger, B., 2002. Fuzzy terrain-based path planning for planetary rovers, Fuzzy Systems, 2002, FUZZ-IEEE '02, Proceedings of the 2002 IEEE international Conference on, IEEE, 1: 316-320.
- John, M., Panton, D., and White, K., 2001. Mission Planning for Regional surveillance, Annals of operations research, Baltzer, 108(1/4): 157-173.
- Kwok, K. S. and Driessen, B. J., 1999. Path planning for complex terrain navigation via dynamic programming, American Control Conference, 1999, Proceedings of the 1999, IEEE, 4: 2941-2944.
- Leung, Y., Li, G., and Xu, Z. B., 1998. A Genetic Algorithm for the Multiple Destination Routing Problems, IEEE Transactions on Evolutionary Computation, 2(4): 150-161.
- Miller, B. L. and Goldberg, D. E., 1995. Genetic Algorithms, Tournament Selection, and the Effects of Noise, Complex Systems, 9(3): 193-212.
- Mostafa, M. E. and Eid, S. M. A., 2000. A Genetic Algorithm for Joint Optimization of Capacity and Flow Assignment in Packet Switched Networks, Seventeenth National Radio Science Conference, pp C5-1-C5-6.