

의사결정 모델을 위한 염색체 비분리를 적용한 가변 염색체 유전 알고리즘

박강문 · 신석훈 · 지승도[†]

The Genetic Algorithm using Variable Chromosome with Chromosome Attachment for decision making model

Kang-Moon Park · Suk-Hoon Shin · Sung-Do Chi[†]

ABSTRACT

The Genetic Algorithm(GA) is a global search algorithm based on biological genetics. It is widely used in various fields such as industrial applications, artificial neural networks, web applications and defense industry. However, conventional Genetic Algorithm has difficulty maintaining feasibility in complicated situations due to its fixed number of chromosomes. This study proposes the Genetic Algorithm using variable chromosome with chromosome attachment. And in order to verify the implication of changing number of chromosomes in the simulation, it applies the Genetic Algorithm using variable chromosome with chromosome attachment to anti-submarine High Value Unit(HVU) escort mission simulation. As a result, the Genetic Algorithm using variable chromosome has produced complex strategies faster than the conventional method, indicating the increase of the number of chromosome during the process.

Key words : Genetic Algorithm, M&S, Variable Chromosome, Artificial Life

요약

유전 알고리즘은 생물 유전학에 기본 이론을 두는 전역 탐색 알고리즘으로, 산업, 뉴럴 네트워크, 웹, 그리고 국방 등의 분야에서 활발히 사용되고 있다. 하지만 기존의 유전 알고리즘은 염색체의 개수가 고정되어 있는 형태여서 시물레이션 도중 초기에 주어진 상황보다 더 복잡한 상황이 주어질 수 있는 경우에는 적용이 힘들다는 한계점이 존재한다. 본 연구에서는 이를 극복하기 위해서 염색체 비분리를 적용한 가변 염색체 유전 알고리즘을 제안하였다. 그리고 염색체 수의 변화가 시물레이션 결과에 영향을 미치는 것을 확인하기 위하여 대 잠수함 HVU 호위 임무 시물레이션에 염색체 비분리를 적용한 가변 염색체 유전 알고리즘을 적용하였다. 시물레이션 결과 기존의 유전 알고리즘과는 달리 가변 염색체 유전 알고리즘에서는 더 복잡한 전술이 더 일찍 등장하였으며, 그에 따라 염색체 수가 증가하는 방향으로 진화가 일어나는 것을 확인할 수 있었다.

주요어 : 유전 알고리즘, M&S, 가변 염색체, 인공 생명

1. 서론

유전 알고리즘은 자연 선택의 원리와 자연계의 생물 유전학에 기본 이론을 두는 병렬적이고 전역적인 탐색

알고리즘이다. 최근 생물의 진화과정, 즉 자연선택과 유전법칙을 적용한 진화전략, 유전 프로그래밍 등의 여러 형태의 이론과 기법들이 활발히 연구되고 있다. 특히 유전알고리즘의 경우, 최적해 탐색 알고리즘이 필요한 공업 및 산업, 뉴럴 네트워크, 그리고 웹 등의 분야에서 시물레이션을 통한 다양한 연구가 이루어지고 있다.^[1,2] 또한 에이전트 기반의 M&S 시스템에서는 높은 자율성을 갖는 전투개체 모델링이 용이하기 때문에, 에이전트 기반의 M&S 시스템과 유전 알고리즘을 사용해서 전술을 생성하는 연구도 진행되었다.^[3,4]

* 이 연구는 해군사관학교 해양학술연구과제 연구비(일부) 지원으로 수행되었습니다.

Received: 13 July 2017, **Revised:** 25 October 2017,

Accepted: 24 November 2017

[†] **Corresponding Author:** Sung-Do Chi

E-mail: sdchi@kau.ac.kr

Korea Aerospace University, Dept. of Software Engineering

하지만 기존 연구에서는 염색체의 개수가 고정되어 있는 방식의 연산 때문에 유전 알고리즘을 통해서 발생될 수 있는 상황이 제한적이라는 한계점이 존재한다. 예를 들면, If-then 규칙 기반의 전술 생성과 같은 시뮬레이션에서는 기존의 유전 알고리즘은 한 개의 염색체가 한 개의 규칙을 의미하기 때문에 한 조건(if) 당 한 개의 결과(then) 만이 존재할 수 있다. 하지만 실제로는 하나의 조건이 여러 형태의 결과로 존재할 수도 있다. 때문에 기존의 유전 알고리즘에서는 제한적인 상황밖에 묘사할 수 없다는 한계점이 존재한다.

본 연구에서는 이를 개선하기 위해서 염색체 수에 가변성을 제공하는 새로운 유전 연산인 염색체 비분리가 추가된 유전 알고리즘을 제안하고, 대 잠수함 HVU 호위 임무 시뮬레이션에 적용하여 염색체 수의 변화와 생성되는 전술의 상관관계에 대해서 비교분석하였다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 관련 연구에 대해서 소개하고, 3장에서는 제안된 가변 염색체 유전 알고리즘에 대해서 소개한다. 4장에서는 가변 염색체 유전 알고리즘을 실제 시뮬레이션에 적용하는 방법에 대해서 설명을 한 후에 가변 염색체 유전 알고리즘이 적용된 시뮬레이션을 수행하고 결과를 분석한다. 마지막으로 5장에서 결론 및 향후 연구에 대해서 이야기한다.

2. 이론적 배경

2.1 생물학적 관점의 진화

종이 진화를 하기 위해서는 시행착오를 겪는 과정이 반드시 필요하다.^[5] 그러한 시행착오는 돌연변이 과정을 통해서 겪게 되는데, 대부분의 돌연변이는 생존에 부적합한 방향으로 일어난다. 그럼에도 불구하고 진화론에서는 특정 상황에서의 돌연변이가 진화를 만들어 낸다고 예측하고 있다.^[6,7,8] 즉, 진화론의 관점에서 볼 때 돌연변이는 진화를 위해서 반드시 필요한 과정이라고 할 수 있다.

돌연변이 과정에는 유전자 돌연변이와 염색체 돌연변이가 있는데, 기존의 유전 알고리즘에서 고려하고 있는 유전 연산들은 전부 유전자 돌연변이이다. 하지만 염색체 수에 변이가 발생하는 염색체 돌연변이에 해당하는 염색체 비분리 현상 또한 매우 중요한 메커니즘이다.^[9] 실생활에서 염색체 비분리는 다운증후군이나 터너증후군 같은 질병을 야기하지만^[10,11] 진화에서는 염색체 수의 변화를 가져다 줄 수 있기 때문이다.

염색체 수의 변화가 진화과정에서는 중요한 것으로 알

려져 있지만, 이러한 진화메커니즘을 활용한 유전 알고리즘에서는 오직 유전자 돌연변이만을 사용하기 때문에 고정된 수의 염색체만을 사용한다는 한계를 갖는다.

2.2 기존의 유전 알고리즘

유전 알고리즘은 농업 및 산업 등 여러 분야에 적용되어 연구되어 왔다. 하지만 보다 높은 신뢰도를 얻거나 다양한 범위의 문제에 적용하기 위해서 유전 알고리즘을 개량하기 위한 여러 연구들이 진행되었다. 대표적으로 가변 길이 염색체 유전 알고리즘 연구^[12]와 JGGA(Jumping Gene Genetic Algorithm) 연구^[13]가 있다.

가변 길이 염색체 유전 알고리즘에서는 염색체 한 개에 포함되어 있는 규칙의 수가 서로 달라도 교차를 통해 자손을 만드는 것이 가능하다. 예를 들면, 부모 a의 염색체에 포함된 규칙의 수가 5개이고, 부모 b의 염색체에 포함된 규칙의 수가 7개라고 하더라도 교차 연산을 통해서 정상적으로 작동할 수 있는 자손을 만들어내게 된다. 그 래프에서 최단거리를 찾는 것과 같이 서로 다른 길이를 가진 자손이 얼마든지 등장할 수 있는 경우에 유용하다. 하지만 단지 다른 길이의 염색체들 사이의 교차 연산을 가능하게 해줄 뿐 스스로 규칙의 수를 늘리거나 줄이는 형태는 가지지 못한다.

JGGA는 점핑 유전자라는 것을 적용한 유전 알고리즘이다. 점핑 유전자란 실제로 생물의 유전자 메커니즘에서 존재하는 것으로, 염색체 내의 특정 유전자가 같은 염색체 또는 다른 염색체의 특정 위치로 이동하는 유전자이다. 이 모습이 점핑을 하는 것 같다고 해서 점핑 유전자라고 불린다. 점핑 유전자를 표현하기 위해서 복사-붙여넣기, 그리고 자르기-붙여넣기라는 유전 연산을 추가하였다. 이를 통하여 자손의 다양성을 강화할 수 있었고, 더 낮은 절대 에러율 내에서 최적해를 구할 수 있었다.

3. 방법론

3.1 유전 알고리즘의 설계

본 논문에서 제안하는 가변 염색체 유전 알고리즘은 세대가 지남에 따라서 하나의 개체가 가지고 있는 염색체의 개수가 변할 수 있는 유전 알고리즘이다. 설계하기에 따라서 하나의 개체가 하나의 염색체만을 가질 수도 있지만, 본 논문에서는 Fig. 1과 같이 여러 개의 염색체를 가지도록 설계한 형태를 가정하였다.

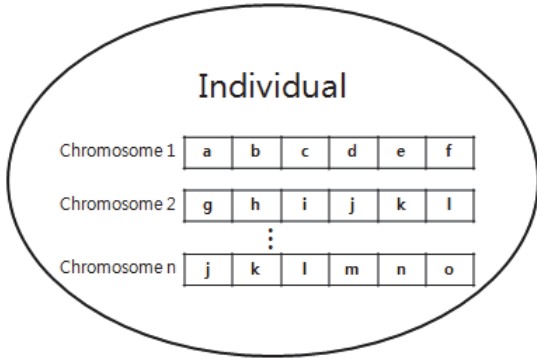


Fig 1. Structure of an individual

3.1.1 선택과 교배

기본적으로는 기존의 전통적인 유전알고리즘에서 제안하는 방법과 크게 다른 점이 없다. 하지만 염색체의 개수에 가변성을 주기 위하여 새롭게 제안한 염색체 비분리 연산을 위해서 교배와 자손을 만드는 과정을 세분화해서 설계하였다.

교배 시 선택되어 다음 세대에 살아남을 개체들은 다음과 같은 다섯 그룹이다.

- ① 전 세대에서 적합도 값 상위 20% 개체
- ② 전 세대에서 적합도 값이 가장 높았던 개체와 상위 20% 중 임의의 한 개체를 교배한 자손
- ③ 전 세대에서 적합도 값이 두 번째로 높았던 개체와 상위 20% 중 임의의 한 개체를 교배한 자손
- ④ 전 세대에서 적합도 값 상위 20% 중 임의의 두 개체를 교배한 자손
- ⑤ 전 세대에서 적합도 값 상위 20% 중 임의의 한 개체와 하위 20% 중 임의의 한 개체를 교배한 자손

위와 같이 교배를 할 부모 개체들을 선택한 후에는 교배 과정에 들어가게 된다. 교배 과정에서는 Fig. 2와 같은 몇 단계를 거치게 된다. ①번 과정에서는 위의 5가지 규칙에 따라서 임의의 부모 한 쌍을 선택한다. 그리고 ②번 과정에서 자식이 각 부모로부터 물려받을 염색체를 선택한다.

Fig. 3.은 Fig. 2.의 ②번 과정을 순서도로 표현한 것이다. 일반적으로 자식은 부모에게 같은 번호의 염색체는 한 개만 받을 수 있다. 따라서 두 부모의 염색체 수가 같은 경우에는 각 염색체 번호마다 하나씩 받아오면 된다. 하지만 염색체 수가 다른 경우에는 개수가 달라진 이후부터 더 많은 쪽의 염색체를 자식이 받아들지 받아오지

않을지 결정해야 한다.

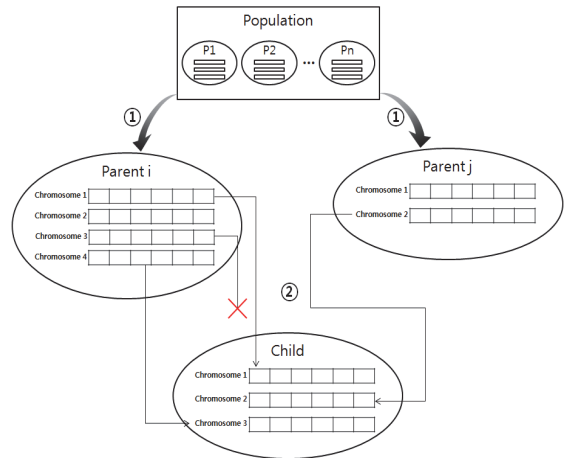


Fig 2. selecting parents and crossbreeding

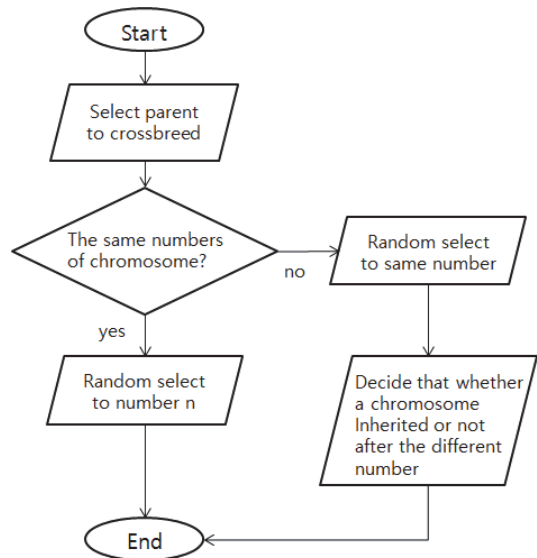


Fig. 3. Flow chart of chromosome selecting

3.2 염색체 비분리 연산

염색체 비분리 연산은 Fig. 2의 ②번 과정에서 일어난다. Fig. 4.(a)에서 보는 것과 같이 일반적인 경우에는 부모가 가지고 있는 염색체 한 쌍 중 하나만을 받아오게 되고 확률에 따라서 Child a 또는 Child b의 형태를 띠게 된다. 또한 자식의 염색체 개수가 유지된다. 하지만 비분리 연산이 실행되면 Fig. 4.(b)에서와 같이 선택된 염색체가 Child a'와 Child b'로 하나씩 배당되지 않고 Child a'와 같이 어느 한 쪽에 몰려서 들어가거나 Child

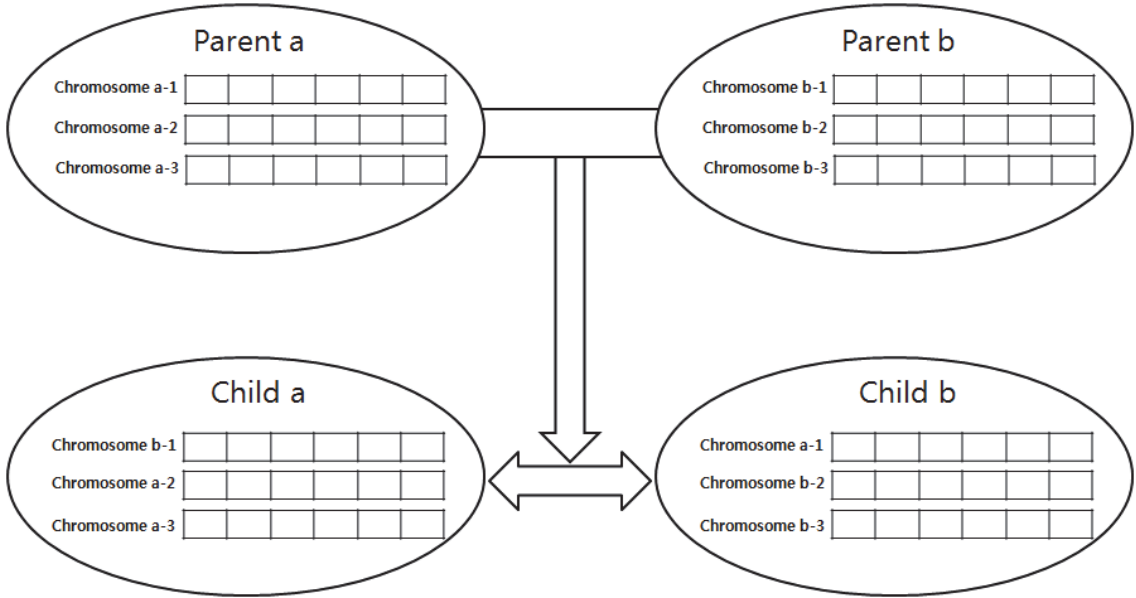


Fig 4.(a) Making children with common crossbreeding

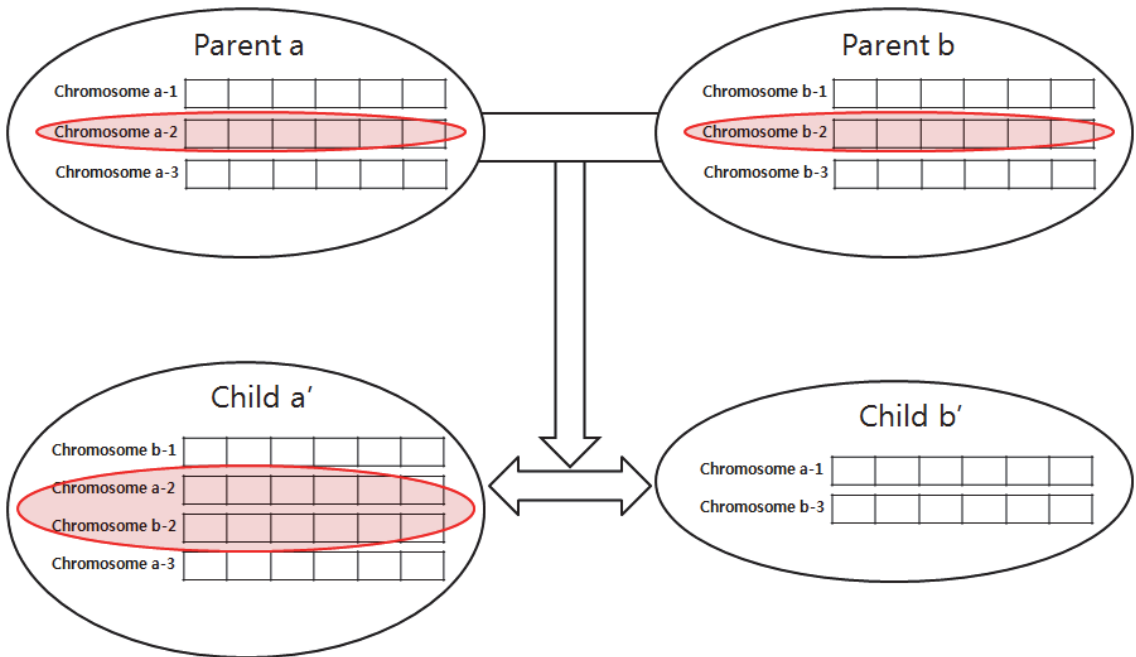


Fig 4.(b) Making children with chromosome attachment

b'와 같이 어느 한쪽에도 들어가지 않는 형태를 가지게 된다. 즉, 비분리 연산이 실행되면 50% 확률로 염색체의 개수가 한 개 증가하거나 감소하게 된다.

염색체 비분리 연산으로 인해서 초기에 예상했던 상황

보다 더 복잡한 상황이 발생한다 해도 염색체 수가 스스로 증가하여 그에 맞춰서 진화하는 것이 가능해진다. 반대로 굳이 초기에 예상했던 수의 염색체가 필요하지 않은 상황이라면 세대가 지남에 따라서 염색체의 개수가

감소하는 방향으로 진화할 것이다.

4. 사례연구

4.1 실험 설계

기존에도 함정 전투 시뮬레이션에서의 전술 생성을 위해서 유전 알고리즘이 적용된 사례가 있다.^[3,4] 본 논문의 사례연구에서도 제안된 유전 알고리즘으로 염색체 개수와 진화 결과의 상관관계를 알아보기 위하여 기존 연구에서 수행한 바 있는 대 잠수함 HVU 호위 임무 시뮬레이션^[14]에 유전 알고리즘을 적용하였다.

시뮬레이션의 복잡도에 따른 차이를 알아보기 위하여 상대적으로 단순한 전술인 생존 우선 전술을 유도하는 시뮬레이션인 실험 1과 상대적으로 복잡한 전술인 공격 우선 전술을 유도하는 시뮬레이션인 실험 2를 수행하였다. 각 실험에 대하여 한 번은 염색체 수의 변화가 없는 기존의 유전 알고리즘을 적용하여 실험을 하고, 다른 한 번은 본 연구에서 제안한 염색체 비분리를 적용한 유전 알고리즘을 적용하였다. 본 연구의 주요 목적은 예상보다 복잡한 상황에서 염색체 비분리를 적용함으로써 얻을 수 있는 이점을 알기 위한 것이므로, 염색체 비분리가 존재하지 않는 기존의 전통적인 유전 알고리즘과의 비교만을 수행하였다.

본 시뮬레이션에서는 두 가지의 전술을 표현하기 위한 형태로 규칙이 구성되어있다. 따라서 기존 연구에서 제공한 사실 집합은 적 잠수함을 무시하고 목적지로 돌진만

하는 생존 우선 전술과 적 잠수함을 우선 탐지 후 섬멸하고 이동하는 공격 우선 전술을 만들 수 있었다. 임무 시나리오는 Fig. 5.와 같다. 5척의 아군 수상함이 1척의 아군 HVU를 1척의 적군 잠수함으로부터 지키는 임무이다.

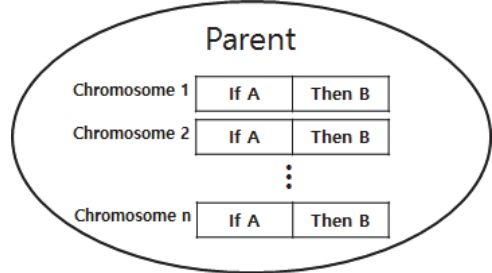


Fig. 6. Construction of parent individual

적합도 값 f 는 식 (1)과 같이 정의한다. 목표 도달율은 시뮬레이션 시작시의 HVU로부터 목표지점까지의 직선 거리(d_{total})대비 시뮬레이션 종료시의 HVU로부터 목표지점까지의 직선 거리(d_{moved})로 표현된다. 아군 생존율은 총 아군 함정의 숫자(n_{ours})대비 살아남은 아군의 함정의 숫자(s_{ours})로 표현된다. 적군 피해율은 총 적군 잠수함의 숫자(n_{enemy})대비 파괴된 적군 잠수함의 숫자(d_{enemy})로 표현된다. 그리고 가중치인 w_1, w_2, w_3 의 합은 항상 1이어야 한다.

$$f = w_1 \cdot \frac{d_{moved}}{d} \dots\dots\dots (1)$$

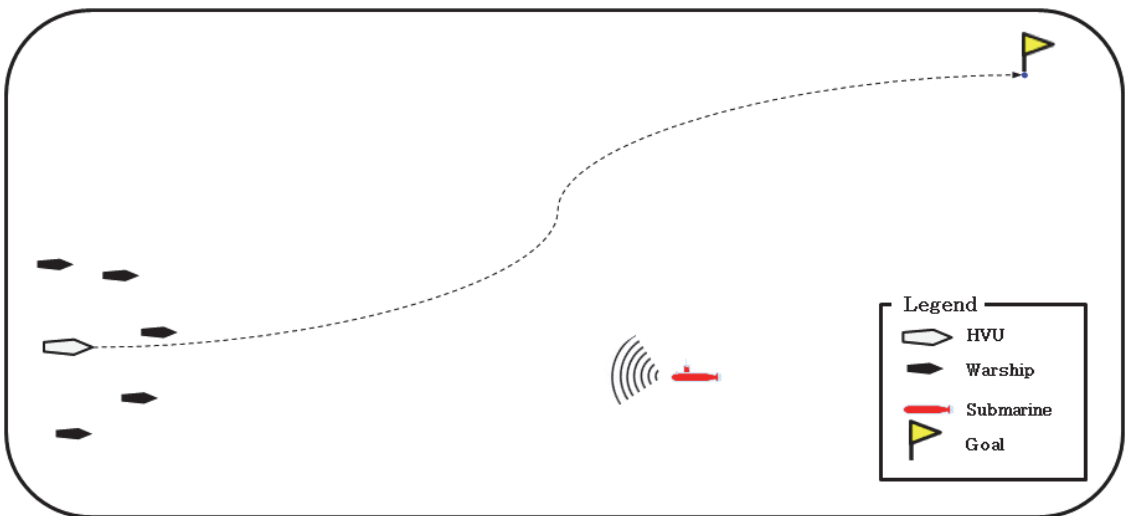


Fig. 5. Mission Scenario

w_1 의 경우에는 목표까지의 이동성을 나타내기에 반드시 필요하다. w_1 이 너무 작다면 목표로 이동하려 하지 않고 시작점 부근에서만 움직이며 전투 자체를 회피하는 형태가 나올 가능성이 높다. 따라서 $\frac{1}{3}$ 보다 약간 큰 값인 0.4를 설정하였다. 그리고 w_2 와 w_3 값에 따라서 두 가지 실험을 진행하였다.

실험 1은 생존 우선 전술이기 때문에 아군 생존율의 가중치인 w_2 는 0.6이고 w_3 은 0으로 설정하여 아군이 살아남는 것을 최우선으로 하는 전술로 진화하도록 유도한 실험이다. 실험 2는 적군 피해율의 가중치인 w_3 은 0.6이

고 w_2 는 0으로 설정하여 적군을 섬멸하는 것을 최우선으로 하는 전술로 진화하도록 유도한 실험이다.

4.2 유전 알고리즘의 적용

전술을 표현하기 위하여 "If-then" 형식의 규칙을 사용하였다.^[3,4,14] 하나의 규칙은 하나의 염색체에 대응된다. 그리고 Fig. 6과 같이 각 염색체들이 모여서 하나의 개체를 구성하게 된다. 하나의 개체는 시뮬레이션에서 하나의 함정 모델에 대응되고 해당 모델들이 모여서 하나의 시뮬레이션을 구성하게 된다.

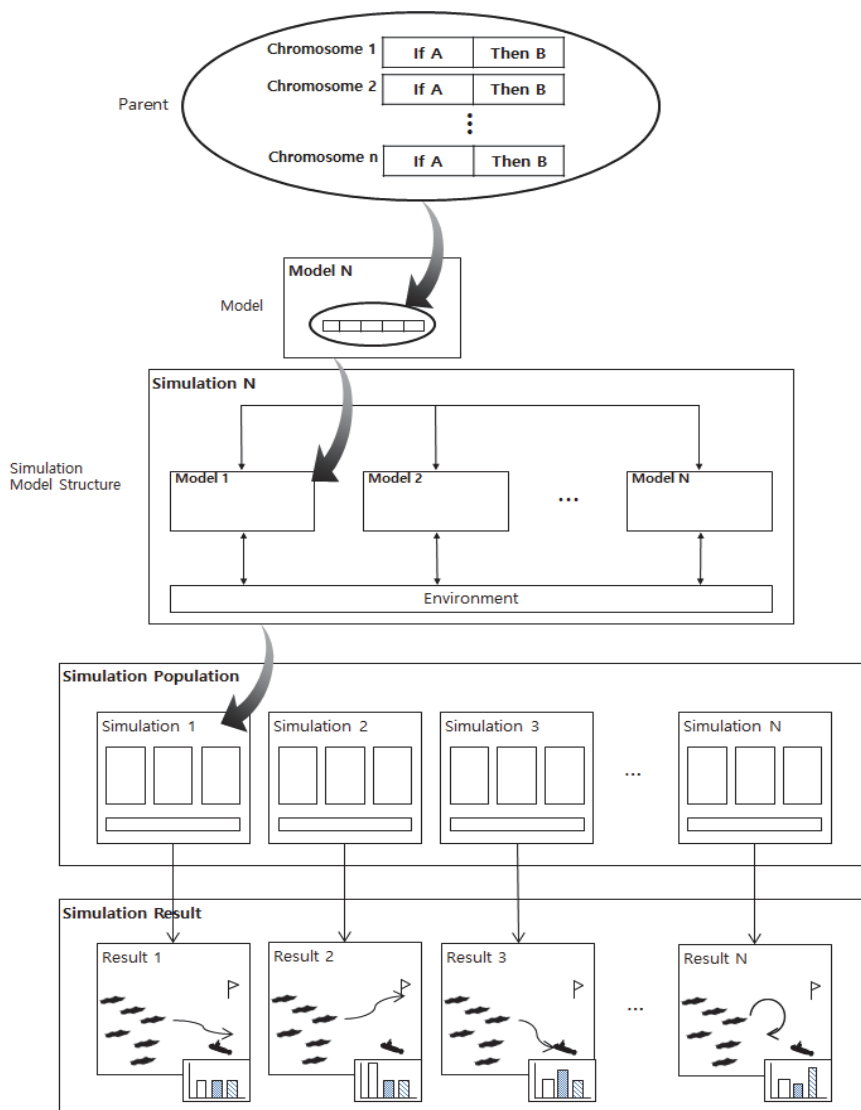


Fig. 7. Structure of simulation model

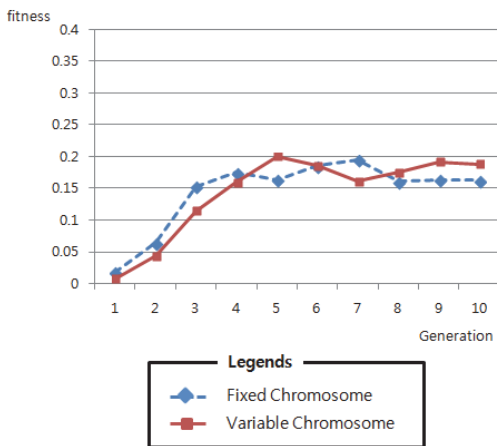
Fig. 7에서와 같이 각 부모 개체들은 각각의 함정 모델을 구성하게 된다. 염색체에 표현된 규칙들이 각 함정 모델의 규칙을 구성하게 되고 함정 모델들은 그 규칙에 따라서 행동하게 된다. 이렇게 구성된 함정들이 모여서 한번의 시뮬레이션을 구성하게 되고, 이 시뮬레이션들의 결과를 유전 알고리즘의 피트니스 값으로 주게 된다.

초기값으로는 유전 알고리즘 최적화를 위한 파라미터 연구^[15]에서 제시한 수치와 유사하게 교차율, 돌연변이율은 2%, 그리고 염색체 비분리율은 10%로 설정하였다. 그리고 한 세대 당 50개의 부모 개체를 두어 50회의 시뮬레이션을 수행하였다.

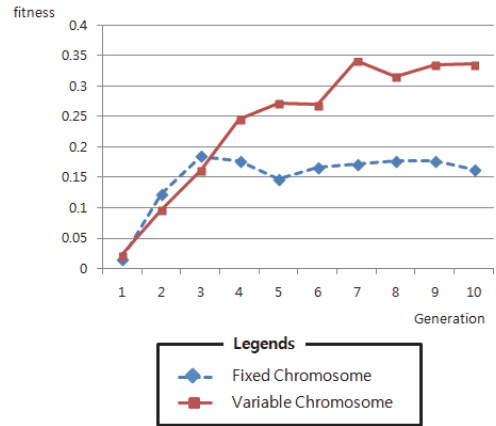
4.3 실험 결과 및 분석

실험 1의 결과는 Fig. 8.(a)와 같다. 주로 아군의 생존율을 고려한 결과 기존의 고정된 개수의 유전 알고리즘과 본 논문에서 제안한 가변 염색체 유전 알고리즘 모두 적합도가 약 0.18정도인 전투 회피 전술로 최종 진화를 하였다. 전투 회피 전술은 적 잠수함을 무시하고 무조건 목표를 향해 이동하는 매우 단순한 형태의 전술이다.

실험 2의 결과는 Fig. 8.(b)와 같다. 주로 적 잠수함의 피해율을 고려한 결과 기존의 유전 알고리즘과는 약간 다른 결과가 나왔다. 기존의 고정 염색체 유전 알고리즘의 경우에는 실험 1에서와 마찬가지로 전투 회피 전술이 최종 형태로 등장하였다. 하지만 가변 염색체 유전 알고리즘의 경우에는 4세대 이후부터 적 잠수함이 나타나면 탐지 후 상황을 판단하여 공격까지 하는 형태의 공격 우선 전술이 등장하였고, 결과적으로 훨씬 높은 적합도 값을 얻을 수 있었다. 공격 우선 전술은 적 잠수함에 대한



(a) fitness value by generations of experiment



(b) fitness value by generations of experiment

Fig. 8. fitness values of experiments

탐지, 식별, 공격 판단, 허위 표적 판단 등의 복잡한 의사결정 과정이 필요한 전술이다.

Fig. 9.은 실험 2의 세대별 평균 염색체의 개수를 나타낸다. 회피 우선 전술의 경우에는 염색체의 개수가 약간 증가하다가 11개와 12개 사이에서 수렴하는 모습을 보인다. 하지만 공격 우선 전술에서는 염색체의 개수가 5세대 이후 폭발적으로 증가한 후 13개와 14개 사이에서 수렴하는 모습을 보인다.

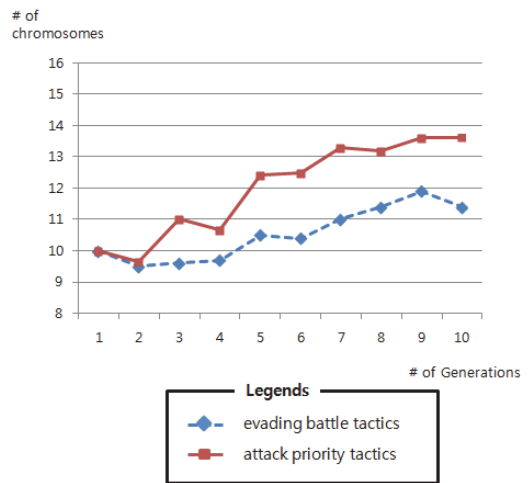


Fig. 9. the number of chromosomes by generations of experiment 2

실험 1의 경우에는 목표로 하는 전술이 너무 간단한 형태여서 기존의 유전 알고리즘과 가변 염색체 유전 알

고리즘의 차이가 거의 없었다. 하지만 실험 2에서와 같이 보다 복잡한 전술을 요구하는 경우에는 기존의 유전 알고리즘은 염색체 개수의 한계로 인해서 복잡한 전술로 진화하는 데 어려움을 겪었지만, 가변 염색체 유전 알고리즘의 경우에는 염색체 개수를 늘려가며 더 복잡한 전술로 진화하는 데 성공을 거두었다.

기존의 유전 알고리즘도 처음부터 적절한 수의 염색체를 설정해준다면 얼마든지 복잡한 형태로 진화할 수 있겠지만, 적절한 염색체의 개수가 몇 개인지 알 수 없는 경우에는 염색체 비분리 연산을 적용하여 염색체 개수에 가변성을 주는 것이 훨씬 유리할 것이다. 또한 가변 길이 염색체 유전 알고리즘이나 JGGA와 같은 개선된 유전 알고리즘의 유전 연산을 추가한다면 보다 낮은 어려움과 높은 확장성도 갖출 수 있을 것이다.

5. 결론 및 향후연구과제

기존의 유전 알고리즘에서는 염색체의 개수를 고정시킨 후 실험을 해야 하기 때문에 처음부터 적절한 염색체의 개수를 알고 있는 상황이 아닌 이상 최적의 결과를 낼 수 없었다. 그렇다고 무턱대고 염색체의 개수를 늘려서 실험을 할 수도 없었다. 이를 극복하기 위해서 본 연구에서는 염색체 비분리를 적용한 가변 염색체 유전 알고리즘을 제안하였다.

실험 결과, 복잡도가 높지 않거나 필요한 염색체의 수를 정확히 예측한 경우에는 기존의 유전 알고리즘과 본 연구에서 제안한 유전 알고리즘 사이에 큰 차이를 발견할 수 없었다. 하지만 상황에 따라서 스스로 염색체의 개수를 늘리거나 줄여가며 진화를 할 수 있기 때문에 최적의 염색체 개수를 모르는 경우에는 적절한 염색체 수를 스스로 찾아가며 기존의 유전 알고리즘보다 더 좋은 결과를 낼 수 있었다.

향후에는 환경의 복잡도에 영향을 주고 더 다양한 전술이 등장할 수 있도록 사실 집합을 구체화하여 실험을 할 예정이다. 또한 가변 염색체 유전 알고리즘을 인공 뉴럴 네트워크에 적용하는 방법에 대해서 연구를 진행할 예정이다.

References

1. Golberg, David E. "Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning." *Addison-Wesley* (1989).

2. Arabali, Amirsaman, et al. "Genetic-algorithm-based optimization approach for energy management." *Power Delivery, IEEE Transactions on* 28.1 (2013): 162-170.
3. Jung, Chan-Ho, et al. "Many-to-Many Warship Combat Tactics Generation Methodology Using the Evolutionary Simulation." *Journal of the Korea Society for Simulation* 20.3 (2011): 79-88.
4. You, Yong-Jun, et al. "Simulation-Based Tactics Generation for Warship Combat Using the Genetic Algorithm." *IEICE TRANSACTIONS on Information and Systems* 94.12 (2011): 2533-2536.
5. Wright, Sewall. *The roles of mutation, inbreeding, crossbreeding, and selection in evolution*. Vol. 1. na, 1932.
6. Leigh, E. G. *Natural selection and mutability*. *Am. Nat.* 104, 301-305 (1970).
7. Ishii, K., Matsuda, H., Iwasa, Y. & Sasaki, A. *Evolutionarily stable mutation rate in a periodically changing environment*. *Genetics* 121, 163-174 (1989).
8. Taddei, F. et al. *Role of mutator alleles in adaptive evolution*. *Nature* 387 700 - 702 (1997).
9. Sanchez Perez, Isabel, et al. "The DASH complex and Klp5/Klp6 kinesin coordinate bipolar chromosome attachment in fission yeast." *The EMBO Journal* 24.16 (2005): 2931-2943.
10. Hall, Heather, Patricia Hunt, and Terry Hassold. "Meiosis and sex chromosome aneuploidy: how meiotic errors cause aneuploidy; how aneuploidy causes meiotic errors." *Current opinion in genetics & development* 16.3 (2006): 323-329.
11. Li, Yun-Ying, et al. "Disruption of mitotic spindle orientation in a yeast dynein mutant." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 90.21 (1993): 10096-10100.
12. Srikanth, Radhakrishnan, et al. "A variable-length genetic algorithm for clustering and classification." *Pattern Recognition Letters* 16.8 (1995): 789-800.
13. Tang, Kit Sang, et al. "A theoretical development and analysis of jumping gene genetic algorithm." *IEEE Transactions on Industrial Informatics* 7.3 (2011): 408-418.
14. Kang-moon Park, et al. "Modeling and Simulation

for Anti-submarine HVU Escort Mission” *Journal of the Korea Society for Simulation* 23.4 (2014): 75-83.

15. Haupt, Randy L. “Optimum population size and

mutation rate for a simple real genetic algorithm that optimizes array factors.” *Antennas and Propagation Society International Symposium*, 2000. IEEE. Vol. 2. IEEE, 2000.



박 강 문 (kmun422@naver.com)

2011 한국항공대학교 컴퓨터공학 학사
2013 한국항공대학교 컴퓨터공학 석사
2016 한국항공대학교 컴퓨터공학 박사과정 수료
2016~ 현재 해군사관학교 조교수

관심분야 : 모델링 및 시뮬레이션, 인공생명, 지능 에이전트



신 석 훈 (ev4shin@naver.com)

2009 한국항공대학교 컴퓨터공학과 학사
2011 한국항공대학교 컴퓨터공학과 석사
2011~ 현재 한국항공대학교 컴퓨터공학과 박사과정

관심분야 : 모델링 및 시뮬레이션, 로봇 에이전트



지 승 도 (sdchi@kau.ac.kr)

1982 연세대학교 전기공학과 학사
1984 연세대학교 전기공학과 석사
1985~1986 두산 컴퓨터 (현 한국 디지털) 근무
1991 미국 아리조나대학교 전기전산공학과 박사
1991~1992 미국 SIMEX Systems and S/W 회사 S/W 담당자로 근무
1992~현재 한국항공대학교 항공전자 및 정보통신공학부 교수

관심분야 : 이산사건 시스템 모델링 및 시뮬레이션, 컴퓨터 보안, 지능시스템 디자인 방법론, 시뮬레이션 기반 인공생명, 교통 모델링