

유전알고리즘을 이용한 궤적 최적화에 관한 연구

최석민*, 손진우*, 원태현**, 배종일***, 이만형****
 *부산대 대학원, **동의공업대 전기과, ***부경대 전기공학과, ****부산대 기계공학부

Trajectory Optimization Using Genetic Algorithm

Seok-Min Choi*, Jin-Woo Son*, Tae-Hyun Won**, Jong-Il Bae***, Man-Hyung Lee****
 *Pusan Nat'l Univ. Grad. Stud., **Donggeui Inst. Tech., ***Pukyong Univ., ****PNU.

Abstract - In this paper, we have suggested the method of genetic algorithm to solve the trajectory optimization. The given nonlinear method is so complex and modeling is not easy. Also, we have suggested the nonlinear programming combined with genetic algorithm. The proposed algorithm gives simple and time-reducing method in solving nonlinear dynamic systems.

1. 서 론

발사체나 항공기, 우주왕복선 등을 다루는 항공우주 분야에서는 오래 전부터 구조파괴가 일어나지 않을 정도의 가속도, 제한된 제어입력 등 여러 가지 형태의 구속 조건을 만족시키며 동시에 성능을 최대화시키고 비용을 최소화시키려는 요구가 절실했고, 이를 해결하기 위하여 다방면에 걸친 연구가 진행되어 왔다.

이러한 문제 중의 하나로 유도무기 분야에서는 지대지 미사일이나 중기유도단계가 있는 중장거리 대공 미사일의 경우, 비행궤적 최적화기법이 다양하게 사용되고 있다.

기존의 방법은 비선형 two point boundary value problem을 이용하여 최급상승법에 기초하여 풀었으나 수렴하기가 매우 어려웠다. 또한, 일반적인 최적 제어 문제를 풀기 위한 수치해석 기법은 성공을 거두지 못하고 있다.

지대지 미사일에서는 사정거리를 최대화시키고 정확도를 높이는 것이 지대공이나 공대공 미사일에서는 최종순간에 명중률을 높이기 위해서 중기유도 단계의 최종속도를 극대화 시키는 것이 중요하다.

본 연구에서는 유도탄이 발사대를 출발하여 표적에 명중하기까지는 여러 가지 제약이 존재할 수 있는데, 그 중에서 사용자가 원하는 조건-명중점에서 유도탄의 속도가 최대, 에너지 소비량이 최소, 최소 거리, 도달시간 최소 등-을 만족하는 최적의 궤적을 구하는 과정이라고 할 수 있다. 유도탄은 비선형성이 강하기 때문에 수학적으로 표현하기 힘들므로 최근에 많이 사용되고 있는 유전알고리즘을 이용하여 풀어보았다.

2. 유전알고리즘

2.1 유전알고리즘의 특징

유전알고리즘이 일반적인 최적화방법과 다른점은 다음의 네가지로 말할 수 있다.

- 1) 목적함수의 설계변수를 직접 조작하지 않고 bit 스트링으로 변환하여 최적화를 수행한다.
- 2) 최적점의 탐색이 하나의 점에 국한되지 않고, 여러 개의 점의 집합을 탐색한다.
- 3) 적합도(Fitness)값만을 사용하며, 미분계수나 기타의 정보를 필요로 하지 않는다.

- 4) 결정론적인 규칙을 사용하는 것이 아니라 확률론적인 지식을 최적화 과정에 이용한다.

2.2 유전알고리즘의 연산자

2.2.1 재결합(reproduction)

고유의 스트링이 그들의 목적함수값 f 에 의해 복제되는 과정이다. 스트링으로 표현되는 탐색점의 적합도에 의한 스트링 복사는 더욱 좋은 적합도를 가진 것 또는 다음 세대의 자손에 기여할 가능성이 높은 값을 가진 스트링을 선택하여 자신의 스트링을 다음 세대에 복제해주는 과정이다. 이때 적합도가 낮은 것은 도태되어 진다.

2.2.2 교차(crossover)

각 스트링의 random하게 선택되어진 위치에서 잘려지고, 두 개의 스트링이 비트를 맞바꿈으로써 새로운 스트링을 만들어 낸다.

교차의 과정이 그림 1에 나타나 있다.

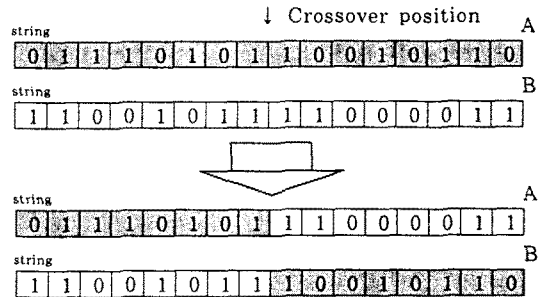


그림 1. 교차의 과정

2.2.3 돌연변이(mutation)

돌연변이 연산자는 스트링이 고유한 유전인자를 잃어 버리는 회복할 수 없는 손실을 막는 것으로, 유전알고리즘에서 돌연변이는 스트링의 특정비트 값을 random하게 변경한다. 돌연변이의 과정이 그림 2에 나타나 있다.

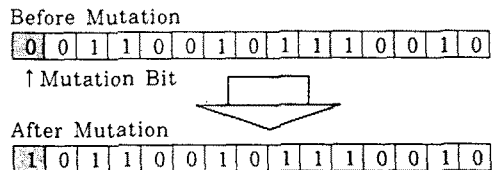


그림 2. 돌연변이의 과정

2.4 알고리즘의 단계

유전알고리즘은 설계변수와 목적함수를 컴퓨터에서 1 또는 0의 값을 가지는 여러 개의 bit로 구성되는 스트링

으로 표현하고, 스트링을 조작하므로써 최적화를 수행하며, 그림 3과 같은 7단계로 이루어져 있다. 각 단계의 주요 내용은 다음과 같다.

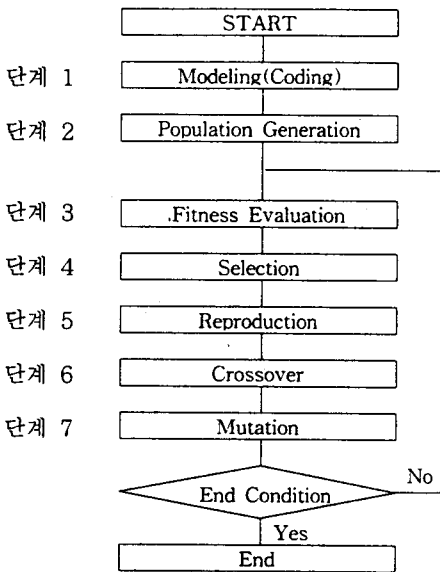


그림 3. 유전알고리즘의 흐름도

단계 1) 유전자 형의 설정

최적화 문제를 컴퓨터가 인식할 수 있도록 기호열로 coding한다. 각 기호열의 요소에 어떠한 숫자, 문자 등을 분배할까 하는 것은 설계자가 결정한다.

단계 2) 유전자 집단의 생성

단계 1)에서 결정한 기호열과 동일한 형태를 갖는, 그러나 각 기호열의 요소가 다른 일정 규모의 기호열의 집단을 랜덤하게 생성한다.

단계 3) 적합도(Fitness) 평가

단계 2)에서 생성된 기호열의 집단은 주어진 환경에 잘 적응할 수 있는 것부터 그렇지 못한 것까지 포함되어 있다. 얼마나 잘 적응하는가 하는 것을 판단하기 위한 것이 적합도(목적함수)이다. 즉, 각 기호열의 적합도를 계산하는 것으로, 단계 1)의 coding에 대한 역변환인 decoding 과정이라 볼 수 있다.

단계 4) 도태

계산된 적합도에 따라 다음 세대에서 살아남을 개체를 선정하고 선정되지 못한 개체는 도태시킨다. 도태비율은 설계자에 의하여 선정되어 진다.

단계 5) 재결합(Reproduction)

적자생존 개념을 유전알고리즘에서 도입한 것으로 단계 4)에서 도태시킨 개체수 만큼 우수한 종의 개체를 복사하여 전체 개체수를 초기의 개체수와 동일하게 만든다. 이렇게 하여 적합도가 높은 것들 즉, 목적함수의 값이 좋은 것은 점점 숫자가 늘어나게 되어 전반적으로 최적점으로 이동하게 된다.

단계 6) 교차(Crossover)

재결합과정에서 적합도가 높아진 개체들을 무작위로 두 개씩 선정하고, 이들 개체들의 기호열 중간부분을 잘라 기호열을 서로 교환하여 새로운 개체를 생성한다. 새롭게 생성된 개체 가운데서 우수한 유전인자를 많이 받은 개체는 적합도가 높아지게 되어 재결합과정에서 자신의 세력을 확장할 수 있게 된다. 이 때 교차시킬 개체의 선정과 교차시키는 위치의 선정은 확률론적 규칙에 따라 랜덤하게 선택한다.

단계 7) 돌연변이(Mutation)

적합도를 높이기 위하여 개체를 구성하고 있는 문자열의 임의의 bit요소를 무작위로 하나 택하여 그 비트값을 바꾼다. 돌발적으로 적합도가 우수한 개체가 생성될 가능성이 있고 다목적함수(Multimodal Objective Function)에서 극부적인 최적해에 빠질 가능성을 줄일 수 있게 하는데 그 목적이 있다.

전체적으로 유전알고리즘은 단계 3)에서 단계 7)까지의 과정을 반복하면서 최적점을 찾아가는 방법이며, 3가지 과정 모두에 Random Number Generation이 깊이 관계된다.

3. 제안된 유전알고리즘

3.1 초기경로 결정 알고리즘

단계 1) 먼저 발사 위치 P(1)을 정한다.

단계 2) K=2

단계 3) P(K-1)에서 도달가능한 격자점 중에서 하나를 임의로 정하고 P(K)로 한다.

단계 4) P(K)가 예상명중지점이면 종료, 아니면 K=K+1로 하고 단계 3)으로 간다.

3.2 적합도 함수

적합도는 경로 스트링의 목적함수(Object Function)이며 경로 계획 과정 중 최적으로 하기 원하는 함수이다. 어떠한 적합도 함수를 선택하느냐에 따라 수렴속도와 적절한 경로 해의 결정에 많은 영향을 준다. 본 연구에서는 예상명중지점에서 유도탄의 속도가 가장 큰 경로를 선택할 수 있도록 적합도 함수를 다음과 같이 하였다.

$$f(x) = T(K) \text{에서의 속도}$$

3.3 경로재결합 연산자

본 연구에서는 각 경로스트링의 유전요소를 이진 값이 아닌 실수 좌표 값으로 구성하였다. 또한, 경로스트링을 구성하는 유전요소의 수가 일정하지 않기 때문에 길이가 변하는 스트링들에 단순 유전알고리즘의 교배 연산자와 같이 부모의 유전요소를 자손들에게 전달할 수 있는 연산자의 개발이 필요하다. 따라서 본 연구에서 새로이 개발한 경로재결합 연산자는 다음과 같다(그림 4).

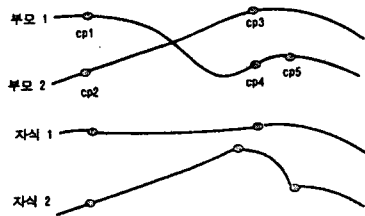


그림 4. 경로재결합 연산자

- ① Roulette Wheel 방법에 의해서 부모1, 2를 선정
- ② cross point를 난수를 이용하여 구하고 그값을 cp1로 설정
- ③ 부모1에서 cp1위치의 유전요소중 x축 값을 cx, y축 값을 cy로 설정
- ④ 부모2중에서 cx값과 x축으로 가장 가까운 것을 찾아 cp2로 설정
- ⑤ 부모2에서 cp2로부터 y축으로 cy와 가장 가까운 봉우리를 찾아 cp3으로 설정
- ⑥ 부모2에서 cp3-1위치의 유전요소중 x축 값을 cx1, y축 값을 cy1으로 설정
- ⑦ 부모1에서 cx1과 x축으로 가장 가까운 것을 찾아 cp4로 설정

- ⑧ 부모1에서 cp4로부터 y축으로 cy1과 가장 가까운 봉우리를 찾아 cp5로 설정
- ⑨ 자식1에는 부모1 중에서 cp1까지와 부모2 중에서 cp3부터를 결합
- ⑩ 자식2에는 부모2 중에서 cp3-1까지와 부모1 중에서 cp5부터를 결합

4. 시뮬레이션 및 결과

4.1 실험환경

예상명중지점은 표적의 조건에 따라 다르나 본 연구에서는 유전알고리즘을 이용하여 과연 어느 정도까지 최적인 궤적이 산출되는지를 보기 위하여 거리 20km, 고도 2km의 예상명중지점을 갖는 직진 표적에 대한 것으로 하였다.

초기의 경로집단은 유도탄의 예상진행방향을 고려하여 그림 6.와 같이 임의적으로 생성하였다.

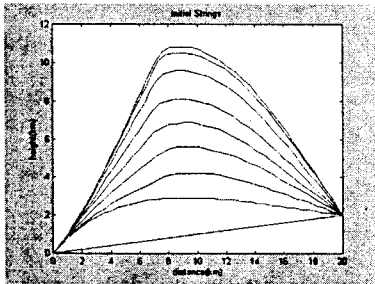


그림 5. 초기경로집단

그리고, 본 연구에서 사용한 유전알고리즘 파라미터는 다음과 같다.

- 세대수 : 100세대
- 개체수 : 40개
- 교차율 : 90%
- 돌연변이율 : 0.5%

4.2 결과

3장에서 제안한 알고리즘을 이용하여 10세대, 40세대, 70세대 진화한 궤적이 각각 그림 6, 7, 8에 나타나 있다.

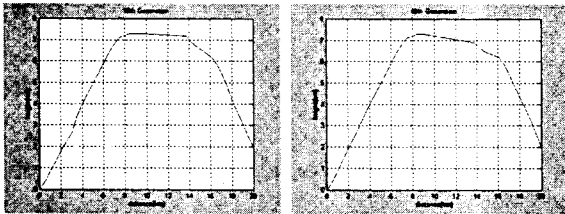


그림 6. 10세대 진화한 궤적 그림 7. 40세대 진화한 궤적

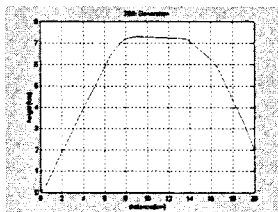


그림 8. 70세대 진화한 궤적

그림 9는 각 세대에서 가장 큰 적합도 값의 변화과정을 나타낸 그림이다.

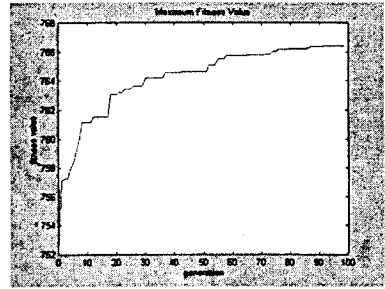


그림 9. 적합도 값의 변화(최대치)

그림 9에서 약 85세대부터는 최대 적합도 값의 변화가 없으므로 100세대에서의 적합도 값이 가장 큰 개체를 최적의 해로 찾아도 무방하다. 그림 10은 100세대 진화한 궤적, 즉 최적의 궤적을 나타낸 것이다.

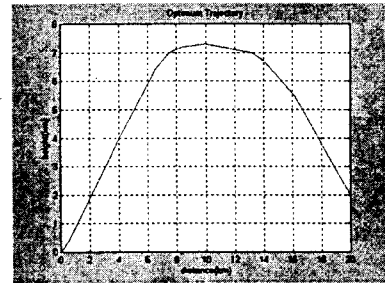


그림 10. 최적 궤적

5. 결 론

본 연구에서 제안한 유전알고리즘은 최적 궤적 설계라는 원래의 목적에 어느 정도까지 만족하는 것으로 나타났다. 기존의 방법들은 수렴하기도 어렵고, 수학적으로 모델링하기도 힘들었는데, 본 연구에서 제안한 방법으로는 쉽게 수렴하고 어려운 수학적 모델링도 필요하지 않아서 사용하기가 쉬웠다. 또한 사용자가 다른 목적의 최적 궤적을 원할 때는 목적함수만 수정해주면 되는 장점을 가지고 있다.

그러나, 최종적으로 구한 궤적이, 존재하는 여러 궤적 중 최적 궤적인지는 수학적으로 해석이 불가능하기 때문에 비교할 수 있는 다른 방법의 최적 궤적 산출법의 개발도 필요하다.

(참 고 문 헌)

- [1] David E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison-Wesley Publishing Co., 1989
- [2] Gregory J. E. Rawlins, "Foundations of Genetic Algorithms", Morgan Kaufmann Publishers, 1991
- [3] John R. Koza, "Genetic Programming", The MIT Press, 1992
- [4] 임영도 외 1명, "퍼지, 신경망, 유전진화", 도서출판 영과일, 1996
- [5] 김도현 외 1명, "요격유도탄의 궤적최적화 연구", 제7차 유도무기 학술대회 논문집, pp. 233-237, 1997
- [6] 김용운 외 1명, "유전자 알고리즘을 이용한 End Game의 수치 해석에 관한 연구", 제어계측·자동화·로보틱스 연구회 합동 학술 발표회 논문집, pp. 149-152, 1998