

진화알고리즘을 이용한 QUAL2E 모형의 반응계수 추정

○김용구¹⁾, 하수정²⁾, 이한민³⁾, 박성천⁴⁾

1. 서론

하천의 수질모델링은 수계에 유입되는 오염원이 하천의 수질에 미치는 영향을 정량적으로 평가하거나 예측하기 위한 것으로, 계산결과에 신뢰성은 모형의 적정성 및 정확성에 따라 좌우된다. 즉 수체내에서 일어나는 물리적, 화학적, 생물학적인 현상들을 모의하는 수학적 모형의 적정성과 그에 포함된 매개변수들의 정확성이 중요시된다. 따라서, 본 연구는 최적 매개변수 추정을 위한 최적화 도구로서 진화 알고리즘을 이용하여 QUAL2E 모형의 매개변수를 추정하고 일반적으로 적용되는 시행착오법에 의한 매개변수와 비교 분석하였다. 본 연구의 목적을 위하여 탐진강의 수질 모의를 위한 소유역별로 점오염원 및 비점오염원의 오염 부하량을 산정하고, HEC-RAS 모형을 이용하여 수리학적 입력계수를 산정한 후, QUAL2E 모형의 입력자료로 이용하여, K_1 , K_3 , K_4 추정을 시행착오법과 진화알고리즘에 의한 추정법을 활용하여 추정하였다.

2. 대상하천의 개요

탐진강은 하구가 남해안과 직접 맞닿는 하천으로 노령산맥의 지맥이 영산강과 섬진강의 분수계를 이루면서 남으로 뻗어 화악산에 이르러 2개의 소지맥으로 갈라져 하나는 남서쪽으로 뻗어 장흥, 강진, 영광군의 경계점을 이루는 국사봉(EL.613.3m)을 거쳐 월출산(EL.806.7m)과 서기산(EL.511.3m)을 거쳐 만덕산에 이르고, 다른 지맥은 남으로 뻗어내려 삼계봉(EL.603.9m), 가지산(EL.505.8m), 용두산(EL.551.0m)을 거쳐 우리나라 최남단의 주봉인 천관산에 이르는 양지맥 사이에 위치한 유역면적 505.50km², 유로연장 55.0km의 하천이다. 적용구간 Fig. 1 및 Fig. 2와 같이 탐진강 상류부의 송정교를 Head water로 하여 하류부인 석교교까지 6개 하도구간과 62개의 소구획으로 31km 구간에 QUAL2E 모형을 적용하여 모형의 반응계수를 보정과 검증 실시하였고, 탐진댐이 2003년에 완공될 경우 2003년 이후의 예측을 위해서는 탐진댐을 Head water로 하여 하류부인 석교교까지 5개구간의 52개 소구획으로 26km 구간을 적용하였다. 하도 구간의 구분은 수리 및 지형특성을 위주로 분할하였으며, 수질예측과 필요유량을 고려하여 생물학적, 화학적 분해 속도 등이 비교적 일정하고 보정에 이용될 수 있는 수질과 유량측정자료가 비교적 충분한 지점 및 지류합류지점 등을 중심으로 구분하였다.

- 1) 동신대학교 대학원 토목공학과 박사과정
- 2) 동신대학교 대학원 환경공학과 석사과정
- 3) 전남대학교 대학원 토목공학과 박사과정
- 4) 동신대학교 건설환경공학부 부교수

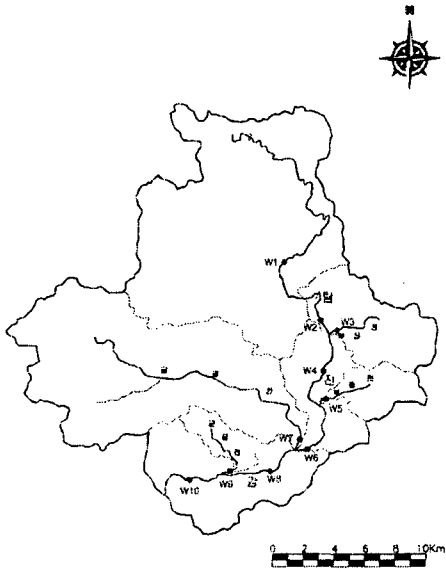


Fig 2.1 탐진강의 유역도

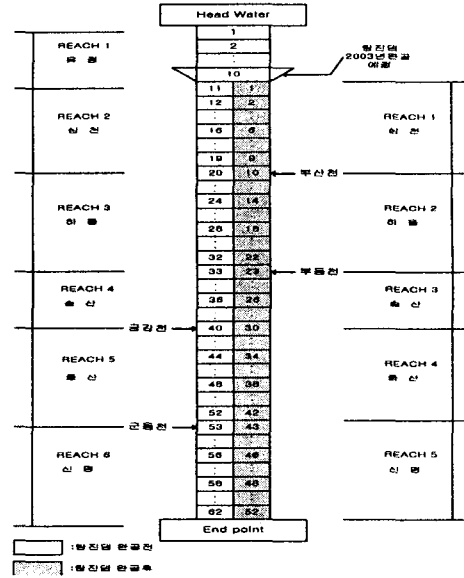


Fig 2.2 대상구간의 모식도

3. 시행착오법에 의한 모형의 보정 및 검증

3.1 모형의 보정

모형의 보정에 사용된 수질 및 유량은 갈수기인 2000년 12월과 2001년 1월 사이의 3회 실측한 측정값을 평균하여 반응계수의 보정에 사용하였으며, 유량은 실측자료를 이용하였다. 그 결과 Fig. 3.1과 Fig. 3.2에서와 같이 각각 DO 농도, BOD 농도의 반응계수 보정 결과로서 각 수질 항목별 예측치가 구간별 대표지점의 실측 수질자료와 유사하게 나타나 좋은 보정 결과를 보여 주었다.

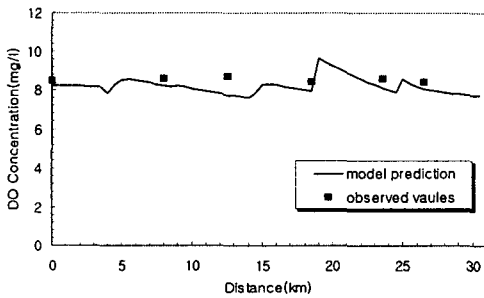


Fig. 3.1 모형의 DO 보정 결과

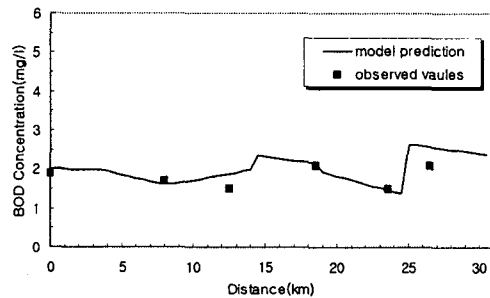


Fig. 3.2 모형의 BOD 보정 결과

3.2 모형의 검증

모형의 검증은 보정에 사용된 자료군으로 정의된 현상범위내에서 보정된 모형을 적절히 예측하는데 사용할 수 있는지의 여부를 판단하는 과정으로 보정에 사용된 수질 및 유량은 2001년 2월의 4차 측정자료를 이용하여 검증하였으며, 그 결과는 Fig. 3.3과 Fig. 3.4와 같으며 보정 결과에서와 같이 예측치가 대표지점의 실측치에 근접할 뿐만 아니라 증감의 형상이

유사하게 나타나므로 좋은 검증 결과를 보여 주었다.

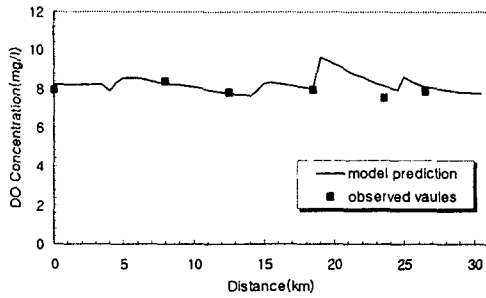


Fig. 3.3 모형의 DO 검증 결과

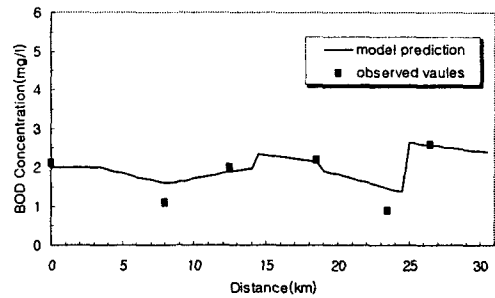


Fig. 3.4 모형의 BOD 검증 결과

4. 진화 알고리즘을 이용한 매개변수 추정

4.1 추정방법

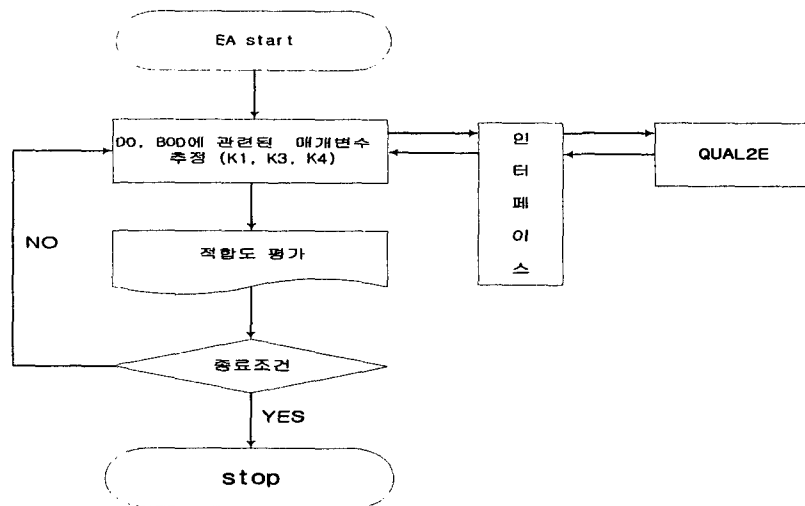


Fig. 4.1 진화 알고리즘의 매개변수 추정 흐름도

시산법을 이용한 매개변수 추정 흐름도는 Fig. 4.1과 같다. 매개변수 추정은 수리학적으로 유사한 구간을 6개로 나누어 각각의 구간에 수질자료를 포함하여 순차적으로 추정하였고, 수질항목은 BOD, DO만을 고려하여 BOD, DO에 관련된 매개변수들인 K_1 , K_3 , K_4 를 추정하였다. 재폭기 계수 K_2 는 QUAL2E에서 제공하는 7가지 관계식 중에 탐진강 본류 구간의 수심과 유속조건에 적합한 O'Conner & Dobbins의 공식을 선택하여 이용하였다. 각 단계에서 추정방법으로는 매개변수의 값을 각각의 범위내에서 변화시켜가며 그에 따른 수질 계산치와 관측치간의 절대편차(absolute error)를 비교하여 적합도(fitness)로 식(4.1)과 같이 정의하였다. 즉, 절대편차가 작을수록 적합도 값이 큰 개체이다

$$fitness = \frac{1}{\sum_{i=1}^n |C_{i,obs} - C_{i,com}|} \dots\dots\dots(4.1)$$

여기서, n = 관측지점 수

$C_{i,obs}$ = i번째 지점에서의 관측치(mg/l)

$C_{i,com}$ = i번째 지점에서의 계산치(mg/l)

5. 매개변수의 선정

EA(Evolutionary Algorithm)를 이용하여 관측치와 계산치의 절대편차가 최소가 되는 개체를 선택하여 시행착오법과 EA를 이용한 반응계수 K_1, K_3, K_4 을 Table 5.1 에 비교하였다.

Table 5.1 시행착오법과 EA로 추정된 매개변수

시행착오법(Trial and error method)							
항 목	매개변수	Reach 번호					
		1	2	3	4	5	6
BOD	K_1	0.01	0.05	0.015	0.14	0.12	0.25
	K_3	0.02	0.05	0.05	0.05	0.05	0.05
DO	K_4	0.02	2.40	7.35	5.50	1.70	8.44

진화알고리즘(Evolutionary Algorithm)							
항 목	매개변수	Reach 번호					
		1	2	3	4	5	6
BOD	K_1	0.045888	0.021250	0.108259	0.063863	0.328869	0.004932
	K_3	0.189211	0.144469	0.000000	0.022602	0.000000	0.130794
DO	K_4	0.090712	1.991422	5.757682	4.739079	1.697817	8.374852

6. 시행착오법과 진화알고리즘(EA)의 비교 · 분석

6.1 시행착오법과 진화 알고리즘에 의한 모형의 보정 및 검증 비교

시행착오법과 진화알고리즘에 의해 추정된 매개변수를 모형에 적용하여 보정 · 검증하였다. 그 결과는 Fig 6.1 ~ Fig 6.4에 나타내었다.

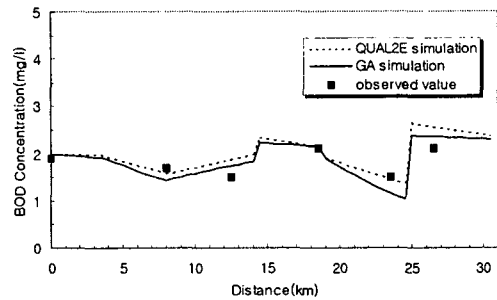
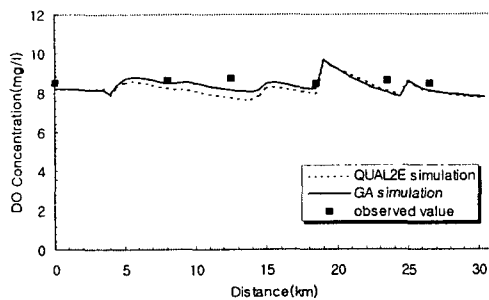


Fig. 6.1 QUAL2E 모형과 EA의 DO 보정 비교 Fig. 6.2 QUAL2E 모형과 EA의 BOD 보정 비교

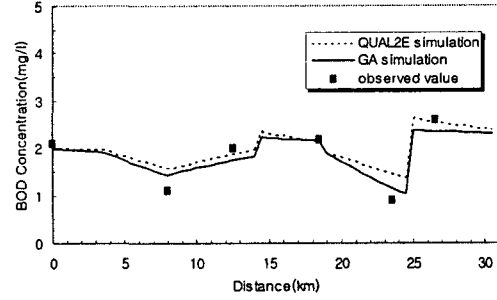
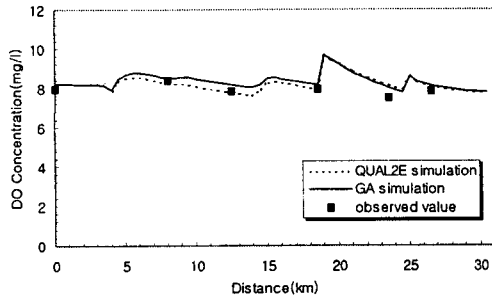


Fig. 6.3 QUAL2E 모형과 EA의 DO 검증 비교 Fig. 6.4 QUAL2E 모형과 EA의 BOD 검증 비교

6.2 시행착오법과 진화 알고리즘에 의한 모형의 보정 및 검증 결과비교

시행착오법으로 추정된 매개변수를 이용하여 모델링한 BOD보정 오차의 절대편차의 합은 1.14, BOD검증 오차의 절대편차의 합은 2.62, DO보정 오차의 절대편차의 합은 2.73, DO검증 오차의 절대편차의 합은 1.39로 나타났고, EA로 추정된 매개변수를 이용한 결과는 BOD 보정 오차의 절대편차의 합은 1.23, BOD검증 오차 절대편차의 합은 1.27, DO보정 오차의 절대편차의 합은 2.01, DO 검증 오차의 절대편차의 합은 1.75으로 나타났다.

BOD의 경우 EA의 보정 오차와 검증 오차의 합이 2.50, DO의 경우 3.76로 시행착오법의 3.76, 4.12보다 최적화된 매개변수가 추정되어 더욱 우수한 수질예측을 보일 것으로 판단된다.

Table. 6.1 시행착오법과 EA로 추정된 BOD의 절대편차 비교 (단위: mg/l)

BOD	Reach	A	B	C		D	E	F	G
				보정	검증				
농도	1	2.00	1.99	1.90	2.10	0.10	0.10	0.09	0.11
	2	1.80	1.58	1.70	1.10	0.10	0.70	0.12	0.48
	3	1.89	1.87	1.50	2.00	0.39	0.11	0.37	0.13
	4	1.93	2.18	2.10	2.20	0.17	0.27	0.08	0.02
	5	1.48	1.04	1.50	0.90	0.02	0.58	0.46	0.14
	6	1.74	2.21	2.10	2.60	0.36	0.86	0.11	0.39
오차합						3.76		2.50	

주) A: Trial-and-error method simulation B: EA simulation C: 관측값 D: Trial-and-error method 보정 오차 E: Trial-and-error method 검증 오차 F: EA 보정 오차 G: EA 검증 오차

Table. 6.2 시행착오법과 EA로 추정된 DO의 절대편차 비교 (단위: mg/l)

DO	Reach	A	B	C		D	E	F	G
				보정	검증				
농도	1	8.23	8.23	8.50	7.95	0.27	0.28	0.27	0.28
	2	8.25	8.39	8.60	8.38	0.35	0.13	0.21	0.01
	3	7.76	8.50	8.70	7.81	0.94	0.05	0.20	0.69
	4	7.98	8.00	8.40	7.95	0.42	0.03	0.40	0.05
	5	8.15	7.89	8.60	7.51	0.45	0.64	0.71	0.38
	6	8.10	8.18	8.40	7.84	0.30	0.26	0.22	0.34
오차합						4.12		3.76	

주) A: Trial-and-error method simulation B: EA simulation C: 관측값 D: Trial-and-error method 보정 오차 E: Trial-and-error method 검증 오차 F: EA 보정 오차 G: EA 검증 오차

7장. 결론

본 논문에서는 진화알고리즘을 이용하여 QUAL2E 모형의 매개변수를 결정하고, 시행착오법에 의한 매개변수 추정방법과 보정 및 검증을 통하여 예측력의 우수성을 비교 분석하였다. 분석결과, QUAL2E 모형의 매개변수를 진화알고리즘과 시행착오법으로 추정한 결과, 시행착오법의 BOD 및 DO의 보정, 검증의 절대편차의 합은 각각 3.76과 4.12로 분석되었으나, 진화 알고리즘의 BOD 및 DO의 보정, 검증의 절대편차의 합은 각각 2.50과 3.76으로 분석되어 진화 알고리즘의 매개변수의 추정방법이 시행착오법보다 우수한 것으로 판단하였다.

또한, 매개변수들의 증감치를 이용한 시행착오법과 진화알고리즘의 수렴속도를 비교하면, 진화알고리즘이 더 빠른 수렴속도를 보이고, 양호한 적합도를 보여주어 수질 모형의 매개변수 최적화에 유용한 방법으로 사용될 수 있을 것으로 판단된다.

참고문헌

- (1) 박성천 외 1인 “광주천의 수질관리에 의한 영산강 수질의 개선 효과”, 동신대학교 공업기술 연구소, pp133~149, 1997,1
- (2) 박성천 외 2인, “하천수의 수질보전을 위한 오염부하량사감을 선정에 관한 연구”, 대한 환경공학회지, 20권 대한 환경공학회, pp327~338, 1998.3월
- (3) 박성천 외 2인 “수질보전을 위한 영산강의 하천유지유량 결정”, 대한토목학회 논문집, 18권 대한토목학회 pp1.~11 1998.1
- (4) 김성태, “GIS기반의 유전자 알고리즘을 이용한 하천수질 예측”, 인하대학교 박사학위 논문 2000.
- (5) 김인선, “HEC-RAS와 QUAL2E 모형을 이용한 하천수 수질예측”, 동신대학교 석사학위논문 2001
- (6) 노경범, “유전자 알고리즘과 신경망의 결합에 의한 유출량 예측”, 전남대학교 석사학위 논문 2001
- (7) 김용구, “진화알고리즘을 이용한 QUAL2E 모형의 반응계수 추정에 관한 연구”, 동신대학교 석사학위 논문 2001
- (8) Michalewicz, “Genetic Algorithms+Data Structures=Evolution Programs“, Springer-Verlag, 1994
- (9) Chipperfield, A. et al., “Genetic Algorithm Toolbox for use with 5. Matlab. Version1.2”, Department of Automatic Control and Systems Engineering, University of Sheffield, 199.
- (10) Mitsuo Gen et al., “Genetic Algorithms and Engineering Design“, John Wiley&Sons, Inc, 1997