

장애물 밀집 정보 기반 최적 경로계획 기술 개발

Development of Optimal Path Planning based on Density Data of Obstacles

*¹⁾강원석, *김진욱, *김영덕, *이승현, *안진웅

*¹⁾Won-Seok Kang, Jin-Wook Kim, Young-Duk Kim, SeungHyun Lee and Jinung An

Abstract - 본 논문에서는 모바일 로봇이 작업하는 공간상에서 빠르고 안전한 최적 경로계획을 수행할 수 있게 하는 가변적 리드 맵을 이용한 장애물 밀집 정보 기반 경로계획을 제안한다. 모바일 로봇이 작업 공간에 대해서 빠르고 안전한 경로계획을 해 클러스터링 기법을 이용하여 정적 및 동적 장애물의 분포에 대한 맵 정보를 재구성하여 정보화 시킨다. 최적의 경로 계획을 위해서는 재구성된 장애물 밀집 클러스터 데이터를 이용하여 전통적 기법의 GA 방법을 변형한 최적 경로계획을 수행한다. 제안한 기술의 효율성을 검증하기 위해 그리드 기반 경로계획 중의 하나인 A*알고리즘과 다양한 맵을 이용하여 성능 비교를 수행하였다. 실험결과 제안한 경로계획 기술은 기존 알고리즘 보다 빠른 처리 성능과 동적 장애물이 밀집한 지역을 회피하는 최적 경로계획을 수행함을 확인하였다.

Key Words : 유전자알고리즘, 장애물 밀집도, 경로계획, 동/정적 장애물

1 장. 서 론

경로계획 기술은 모바일 로봇을 위해 풀어야 할 중요한 문제 중 하나이다. 이러한 문제를 풀기 위해서 A*, 포텐셜 필드, 신경망 기반 및 유전자 알고리즘(GA:Genetic Algorithm), 개미군집화 알고리즘(ACS:Ant Colony System) 등과 같은 진화 컴퓨팅 기반 기술 접근법이 연구되어져 왔다. 기존 연구의 대부분은 최단 경로계획 및 최소의 로봇의 움직임의 해를 얻기 위한 기술 접근법이 이루어져 왔다. 최적 해를 찾기 위해서 진화컴퓨팅 기반 알고리즘들이 많이 사용되고 있는데, [1]에서는 모바일 로봇의 회전수와 최단 거리를 찾기 위해서 GA 기반 경로계획 기술을 개발하였으며, [2]는 지식(knowledge) 기반 GA 경로계획 알고리즘을 제시하였는데. 여기에서는 유전자 연산자에 대해서 기존의 GA 연산자를 확장하여 추가연산자를 사용하여 최단 거리를 찾는 연구를 수행하였다. [3]에서는 Goldberg와 Richardson이 제시한, 밀집된 개체 지역에서 각 개체들의 평가를 적게 함으로서 탐색 범위를 변경하는, niche 방법론을 이용하여 최단 거리 찾기 및 속도 개선 목적으로 연구가 개발되었다. 그러나 최근 모바일 로봇이 작업해야 될 대상 공간이 넓어지고 다양한 정적 및 동적 장애물들이 작업공간에 분포되어 있어 기존 접근 방법은 실제 모바일 로봇이 경로계획을 수립하는데 방해하는 요소로 작용하여 경로계획을 처리하는데 효율성이 떨어지는 문제점이 있다. 모바일 로봇이 작업하는 공간에 대해서 동적 및 정적 장애물의 특성에 대해서 더 많은 정보를 가지고 있으면 보다 빠르고 안전한 경로계획을 수행할 수 있을 것이다.

저자 소개

* 正會員 : 대구경북과학기술원, 뇌로봇융합연구팀
1)wskang@dgist.ac.kr

본 논문에서는 모바일 로봇이 작업하는 공간상에서 빠르고 안전한 최적 경로계획을 수행할 수 있게 하는 가변적 리드 맵을 이용한 장애물 밀집 정보 기반 경로계획을 제안한다. 모바일 로봇이 작업 공간에 대해서 빠르고 안전한 경로계획을 해 클러스터링 기법을 이용하여 정적 및 동적 장애물의 분포에 대한 맵 정보를 재구성하여 정보화 시킨다. 최적의 경로 계획을 위해서는 재구성된 장애물 밀집 클러스터 데이터를 이용하여 전통적 기법의 GA 방법을 변형한 최적 경로계획을 수행한다. 제안한 기술의 효율성을 검증하기 위해 그리드 기반 경로계획 중의 하나인 A*알고리즘과 다양한 맵을 이용하여 성능 비교를 수행하였다. 실험결과 제안한 경로계획 기술은 기존 알고리즘 보다 빠른 처리 성능과 동적 장애물이 밀집한 지역을 회피하는 최적 경로계획을 수행함을 확인하였다.

2 장. 제안 기법

본 장에서는 다양한 그리드 단위로 맵을 구성하여 장애물 밀집 정보로 맵을 재구성한 정보를 이용하는 유전자 알고리즘 기반 최적 경로계획 기술에 대해 설명한다.

2.1 k-means 클러스터링 기법

k-means 클러스터링 기법은 data mining의 군집화 작업에 주로 사용된다. 이 기법은 N개의 속성으로 구성되는 각각의 레코드를 벡터로 표시하여 N차원의 데이터 공간(space)에 나타낼 때, 유사한 특성을 갖는 레코드들은 서로 근접하여 위치한다는 가정에 근거하고 있다. 여기에서 'k'는 k개의 군집을 의미 한다.

Step 1. k개의 초기 중심점을 선택한다.

Step 2. 각 개체를 가장 가까운 중심점을 갖는 군집으로 할당한 후 새로운 군집의 중심점을 계산한다.

Step 3. 각 개체의 할당에 변화가 없을 때까지 위의 단계를 반복하여 최종적으로 i 개의 군집을 형성한다.

2.2 k-means 작업공간(C-Space) 표현

본 절에서는 모바일 로봇이 작업을 수행하는 공간에 대해서 장애물 정보를 군집화하여 경로계획에 활용할 수 있도록 하는 방법에 대해서 설명한다.

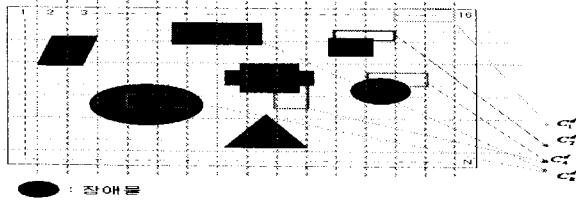


그림 1. C-Space를 위한 기본 데이터 구조

그림 1은 모바일 로봇이 경로계획을 위해서 사용하는 맵 정보에 대해서 K-means 기법에서 활용하기 위해서 기본적이 Cell단위(C_i^d)로 구성하는 것을 나타낸다. 여기서 각 셀에 대해서 장애물 밀집도를 생성한다. 전체 기본 Cell들은 다음과 같이 나타낼 수 있다. Cell에는 d는 장애물 밀집도를 나타낸다. d는 하나의 셀 내에서 pixel 단위를 기반으로 검정색은 장애물, 흰색은 빈 공간으로 표현하여 계산을 한다.

$$\text{Set Cell} = \{C_i^d \mid i \in N*M, N:\text{Column수}, M:\text{Row수}\}$$

표 1은 Cell이 포함하는 데이터 구조 정보이다. 각 Cell은 해당되는 고유 번호인 key, Grid 형태의 Cell 영역 정보를 저장하고 있는 left, top, right, bottom 좌표 정보, 그리고 장애물의 밀집도 정보를 저장하는 densityOfobs로 기본적인 정보를 구성하고 있다. k-means에 의해 군집화 된 정보는 각 k-means 인덱스에 대한 평균 장애물 밀집도 정보인 k_means_density, 해당 k-means 인덱스인 index, 군집 정보의 중앙점인 Centroid x, y 좌표, 마지막으로 초기에 k-means 인덱스가 할당되는 init_CentroidNode 정보를 포함하고 있다.

표 1. k-means 기반 Cell 정보

```
class CGridCell {
public:
    int key; //GridCell index;
    long left; //Left Position of the Cell Square
    long top; //Top Position of the Cell Square
    long right; //Right Position of the Cell Square
    long bottom; //Bottom Position of the Cell Square
    double densityOfobs; //Obstacle Density of the Cell
    public:
        int mid_point_x; //Mid x Position of the Cell Square
        int mid_point_y; //Mid y Position of the Cell Square
        int centroid_x; //Centroid x Position of k-means
        int centroid_y; //Centroid y Position of k-means
        int k_means_index; //Centroid index of k-means
        double k_means_density; //Centroid Obstacle Density of k-means
        BOOL init_CentroidNode; //Centroid init index of k-means
};
```

기본적인 Cell들에 대해서 장애물 밀집도를 계산한 다음 전체 각 Cell에 대해서 k-means 기법을 이용하여 k개의 군집들에게 모두 할당한다. 이에 대한 의사코드는 표 2와 같다. 먼저 초기 Centroid Cell을 선택한다. 그리고 나머지 Cell들에 대해서 수식 1)을 이용하여 초기 Centroid Cell에 포함시킨다. 그리고 다시 Centroid 값을 재계산하고 전체 각 Cell들이 군집 이동이 일어나지 않을 때 까지 반복한다.

$$\log_{\text{cell_width_x}} \left(\frac{|C_{k_index_i}^d - C_{k_index_j}^d|}{\sqrt{(C_{i,x}^d - C_{j,x}^d)^2 + (C_{i,y}^d - C_{j,y}^d)^2}} \right) \quad 1)$$

표 2. k-means 기반 C-Space 구성 Pseudo-Code

```
Begin
While(1) {
    k 개의 초기 Centroid 선택을 위한 랜덤 고유한 Cell index
    변수 생성;
    수식 1)을 이용하여 최소의 값을 가지는 Centroid 노드에
    각 Cell들을 할당;
    if(전체 Cell이 새롭게 할당되지 않으면) Loop 종료;
    k개의 군집에 대해서 Centroid 값 재계산;
}
End
```

2.3 k-means 정보를 이용한 GA 기반 경로계획 알고리즘

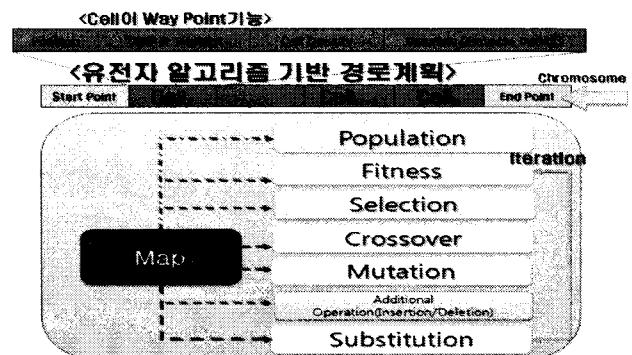


그림 2. k-means 기반 GA

본 논문에서 제안하는 기법은 그림 2와 같은 절차로 수행된다. 2.2절에서 설명했던 각 Cell단위로 작업공간을 Cell단위로 분류하여 장애물 밀집도를 구하고 이를 기반으로 k개의 공간으로 분류한다. 이러한 정보를 기반으로 GA의 전형적인 절차인 Population, Fitness, Selection, Crossover, Mutation 및 Substitution 연산자(Operation)을 수행한다. 그리고 동적인 염색체 크기를 제공하기 위해 기존의 GA Operation에 추가/삭제 Operation을 추가하여 수행한다.

2.4 염색체(Chromosomes) 인코딩

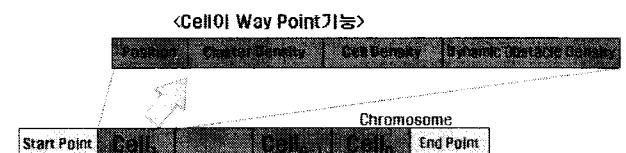


그림 3. GA를 위한 염색체 정보(k-means 정보 포함)

GA를 수행하기 위해서는 염색체 정보를 구성해야 되는데 본 논문에서는 그림 3과 같이 염색체를 구성하여 유전자 알고리즘 연산자 및 추가 연산자를 수행한다. 각 Cell은 Population Operation 단계에서 임의의 Cell을 염색체 사이즈 수만큼 개체를 선택한다. 각 셀은 Position, k-means 인덱스, 장애물 밀집도, 해당 군집의 밀집도 정보 등을 저장하고 있다. 이를 이용하여 GA 연산자에서 선택, 교배, 돌연변이, 대치, 추가 및 삭제 연산자를 수행한다. 하나의 염색체 구성은 출발점을 시작으로 앞에서 설명한 k-means 군집화에 의해 분류된 Cell들이 중간에 링크되어 경유지 역할을 수행하며 제일 마지막 노드에는 도착점으로 구성된다. 본 논문에서는 GA

기반으로 경유지 역할을 수행하는 Cell들이 무수한 반복을 거쳐 최적의 염색체 정보로 구성되는데 목적이 있다.

2.5 유전자 알고리즘 연산자

아래 수식 2)는 적합도 연산자(Fitness operation)에서 사용하는 평가함수이다. 수식 2)에서 ch_s 는 염색체 크기를 나타내면 $k-means-d$ 는 $k-means$ 의 평균 밀집도 정보를 나타낸다. 그리고 a 는 하나의 염색체에서 infeasible path에 대한 확장스케일링 변수이고 FC 는 infeasible path에 대한 카운터정보이다. β 는 거리에 대한 축소스케일링 변수이다.

$$(\sum_{i=1}^{ch_s} FC_i) \times \alpha + \sum_{i=0}^{ch_s-1} E(C_i, C_{i+1}) + \sum_{i=0}^{ch_s-1} \left[\frac{|C_i^{k-means-d} - C_{i+1}^{k-means-d}|}{\sqrt{(C_{i,x}^{d,좌표} - C_{i+1,x}^{d,좌표})^2 + (C_{i,y}^{d,좌표} - C_{i+1,y}^{d,좌표})^2}} \right] \quad 2)$$

본 논문에서 제안하는 경로계획 기술은 수식 2)의 평가함수를 이용하여 개체 생성, 선택, 교배, 돌연변이 및 개체대체 연산자를 최적의 해를 찾을 때 가지 반복 수행한다. 또한 동적 염색체 크기를 제공하기 위해서 추가/삭제 연산자를 개발하여 기존 유전자 알고리즘 수행단계를 변형하여 수행한다.

3 장. 실험 및 평가

본 논문에서 제안하는 알고리즘의 검증을 위해 기본 맵 정보를 고해상도 이미지를 사용한다. 개발환경으로 Visual Studio 6.0과 Windows System를 사용하여 구현하였다.

그림 4는 모바일 로봇이 이동할 때 동적 장애물 정보를 이용하여 최적의 경로 계획을 수행한 것을 나타낸 것이다. 기존의 연구들은 최단 거리에 주목적을 두어 알고리즘을 개발해왔다. 이는 실생활 공간상에 적용하였을 때 로봇의 충돌 등에 따른 2차 영향요소가 더 크기 때문에 비효율적일 수 있다. 그림 4는 고정 장애물 정보만 있는 환경에서 본 논문에서 제안한 기법으로 경로계획을 수행한 결과이고, 아래 그림은 파란색 정보 등이 동적 장애물 정보로 표기하여, 이를 정보를 기반으로 최적의 경로계획을 수행한 결과이다. 실험 결과에서 보듯이 본 논문에서 제안한 기법은 동적 장애물 밀집도가 낮은 지역을 경유지로 선택하여 최적의 경로계획을 수행함을 보여준다.

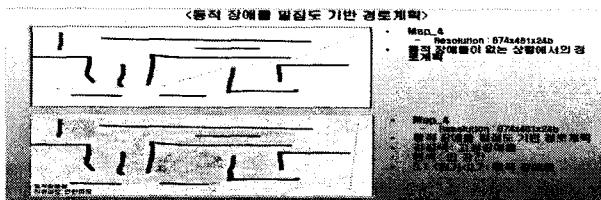


그림 4. 동적 장애물 밀집도 기반 경로 계획



그림 5. 실험 맵: Resolution : 674x461x24b

그림 6과 그림 7은 본 논문에서 제안하는 기법의 효율성을 보이기 위해 기존 Grid 기반 경로계획 알고리즘과 성능 비교

한 결과이다. 맵은 그림 5와 같은 Resolution : 674x461x24b 해상도의 이미지이다.

그림 6에서 분홍색은 시작점을 나타내고 도착점은 각각 녹색, 파란색, 갈색으로 나타내며 제안한 기법은 단위 Cell 크기를 변화 시키면서 실험을 수행하였다. 실험 결과 그림 6에서 보듯이 본 논문에서 제시한 기법은 사무실 환경과 같은 복잡한 맵에서 기존 알고리즘보다 수행 성능에서도 빠르게 처리함을 볼 수 있다.

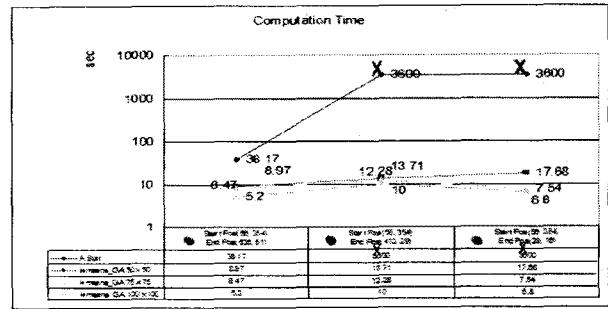


그림 6. 수행 속도 비교

그림 6에서의 x 표시는 12시간 이상 동안 경로계획을 완료하지 못함을 나타낸 것이다. 본 논문에서 제안한 기법은 복잡한 맵 또한 다양한 Grid 크기를 가진 상태에서도 균등한 성능을 보임을 알 수 있다. 그림 7은 최단 경로계획에 대한 성능 비교를 나타낸 것이다. 본 논문에서 제시한 기법은 최단 경로 계획 또한 복잡한 맵에서도 균등하게 수행하는 모습을 볼 수가 있다.

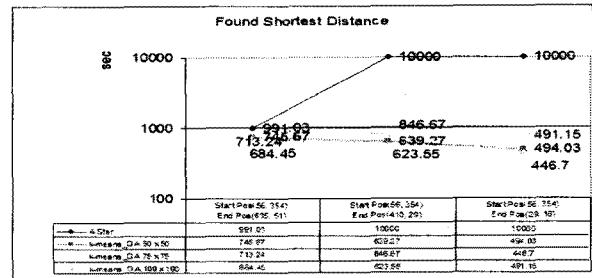


그림 7. 최단 거리 경로 비교

4 장. 결 론

본 논문에서는 모바일 로봇이 경로계획을 수행할 때 안전하게 움직일 수 있는 최적 경로계획 기술을 제안하였다. 시뮬레이션 결과를 통하여 기존의 그리드 기반 경로계획 알고리즘에 비해 다양한 환경 상에서 적용이 가능하며 수행 성능이 우수함을 보였다.

Acknowledgement

교육과학기술부 및 대구경북과학기술원의 기관고유사업의 지원으로 수행되었음.

참 고 문 헌

- [1] Kamran H. Sedighi, Kaveh Ashenayi, Theodore W. Manikas, et al., "Autonomous Local Path Planning for a Mobile Robot Using a Genetic Algorithm", pp.1338~1345, IEEE, 2004.
- [2] Yanrong Hu and et al, "A Knowledge Based Genetic Algorithm for Path Planning in Unstructured Mobile Robot Environments", pp.767~772, ICRB 2004, IEEE.
- [3] Xuanzi Hu and Cunxi Xie, "Niche Genetic Algorithm for Robot Path Planning", ICNC 2007, IEEE.