

# 생명체 간의 상호작용 분석을 위한 계산 시뮬레이션 모델 연구

배경민\*, 여은지\*\*, 김철수\*, 마진현\*, 지정규\*, 김형선\*, 이정형\*, 임효상\*\*

\*배재고등학교 컴퓨터과학 프로젝트 팀

e-mail : williambae1@gmail.com, {charles1996, akwlsngus, chatterboy, hs10041215}@naver.com, garamljh@hanmail.net

\*\*연세대학교 컴퓨터정보통신공학부

e-mail : {ejyeo, hyosang}@yonsei.ac.kr

## Study of a Computational Simulation Model for Analyzing Species Interactions in Bio-ecosystem

Kyungmin Bae\*, Eunji Yeo\*\*, Chul-soo Kim\*, Jin-hyun Ma\*, Jeong-gyu  
Chi\*, Hyung-seon Kim\*, Jeong-hyeong Lee\*, Hyo-sang Lim\*\*

\*Computer Science Project Team, Paichai High School

\*\*Computer and Telecommunications Engineering Division, Yonsei University

### 요 약

본 논문에서는 생명체 간의 상호작용으로 형성된 안정된 생태계의 요인을 분석할 수 있는 계산 시뮬레이션 모델을 제안한다. 그리고, 실제 시뮬레이션 프로그램을 개발하고 이를 통해 얻은 실험 결과를 제시함으로써, 계산 시뮬레이션 분야와 생명과학 분야의 융합 가능성을 보인다. 제시한 계산 시뮬레이션 모델은 1) 하나의 커다란 생태계로 이루어진 세계, 2) 다수의 작은 생태계로 이루어진 세계, 3) 생태계가 미형성된 세계를 유전 알고리즘을 사용하여 모델링 하였으며, 실험 결과는 2)번 모델이 생태계를 가장 안정적인 상태로 오래 유지하는 결과를 보였다. 이를 통해서 충분한 에너지가 존재하거나 공급되는 환경에서는 생물 밀도가 높으면서 에너지 순환이 빠른, 작은 규모의 생태계가 가장 안정적이라는 생물학적인 결론을 도출할 수 있었다.

### 1. 서론

우리가 접하고 살아가고 있는 생태계는 균형을 이루어 안정적으로 유지된다. 만약 생태계가 안정되지 않았다면 생물 종의 멸종이 빈번하게 일어나면서 생태계는 유지될 수 없다. 본 논문에서는 이러한 생태계의 안정이 생명체 간의 상호작용에 의해서 이루어진다는 것에 착안하여 이를 시뮬레이션 할 수 있는 계산 모델을 제시한다. 그리고, 실제 시뮬레이션 프로그램을 개발하고 이를 통해 얻은 실험 결과를 제시함으로써, 계산 시뮬레이션이 생명과학 분야와 융합할 수 있는 가능성을 보인다.

생태계는 수많은 생물학적 요소와 비생물학적 요소들로 이루어져 있기 때문에, 이러한 모든 요소들을 고려해서 직접 관찰하는 것은 어려운 일이다. 또한 생태계의 변화는 오랜 기간에 걸쳐 일어나기 때문에 이를 계속해서 추적하는 것도 불가능에 가까운 일이다. 따라서, 계산 시뮬레이션은 이렇게 직접 관찰이 어려운 생물학 분야에 있어서 유용하게 활용될 수 있다. 본 논문에서는 연구의 단순화를 위하여 수많은 변수가 있는 온도의 변화나 지각 변동과 같은 비 생물적 요소는 제외하고 비교적 쉽게 예상할 수 있는 상위 포식자가 피식자를 잡아먹는 행위와 같은 생물

적 요소에 집중하여 시뮬레이션 모델을 개발하였다.

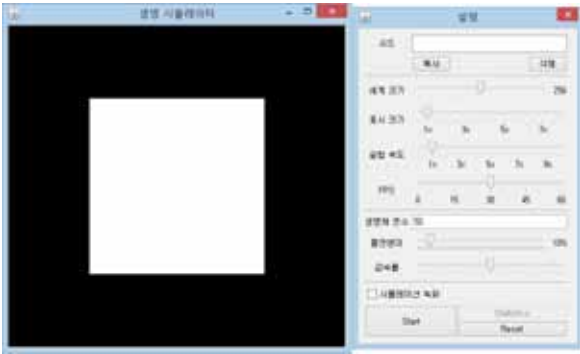
본 논문의 구조는 다음과 같다. 먼저, 2장에서는 본 논문에서 개발한 계산 시뮬레이션 모델과 개발한 프로그램을 소개한다. 3장에서는 실험 결과 분석을 통하여 계산 시뮬레이션이 어떻게 생물학적 연구의 결과를 도출할 수 있는지 보인다. 마지막으로, 4장에서 결론을 제시한다.

### 2. 생태계 계산 시뮬레이션 모델

#### 2.1 배경지식

본 시뮬레이션 모델은 유전 알고리즘을 기초로 제작되었다. 유전 알고리즘이란 “일련의 배열로써 표현되는 다양한 상태들에서의 확률적인 검색 절차”[1]로써, 자연 선택의 원리에 따라 주어진 조건에 가장 적합한 상태를 찾는 알고리즘이다. 본 모델에서는 조건을 “다른 생명체와의 상호작용”으로, 상태를 “유전자”, 즉 생명체의 특성으로 결정하였다. 이러한 시뮬레이션 모델은 유전자를 가지는 생물들이 서로 상호작용을 한다는 점에서 실제 세계와 유사성을 갖는다. 모든 생명체는 각각 자신의 유전자를 가지며, 종끼리 생식과 경쟁을 하면서 생태계의 상호작용을 드러낸다.

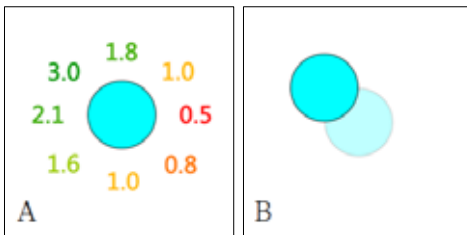
그림 1은 이러한 시물레이션 모델을 실제 개발한 프로그램의 수행 화면이다. 시물레이션 세계의 생명체들은 물리법칙에 따라 움직이며, 물리적 연산을 위해서 2D 물리 엔진 중에서 널리 사용되는 Box2D를 사용하였다.



(그림 1) 시물레이션 프로그램

### 2.2 선호도 모델링

본 모델에서는 다른 생명체의 종을 색상으로 구분한다. 자신과 다른 종에게는 공격하거나 공격받을 수 있고, 같은 종은 교배를 하여 번식할 수 있다. 위와 같은 행위에 의해 다른 생명체에 대한 선호도라 부르는 수치를 가지게 된다. 이 수치는 다른 생명체와 접촉할 때마다 변화하고, 선호도가에 따라서 그 생명체의 방향으로 다가가거나 반대로 멀어지려고 하는 경향을 보이게 만들었다.



(그림 2) 선호도에 따른 이동 방향 결정

생명체의 이동 방향 선택은 확률적으로 이뤄지나, 생명체 시야 내에 있는 다른 생명체에 대한 선호도에 따라 확률이 변동된다. 그림 2의 B에서 표현된 생명체는 왼쪽 위 방향으로 이동했는데, 그림 위의 선호도 배치를 보면 우측에 자신이 기피하는 개체가 있고 좌측 위에 선호하는 개체가 있음을 보여준다. 이 선호도의 차이는 이동 확률의 차이로 이어진다.

생명체의 이동은 자신의 시야에 들어온 다른 생명체들에 대한 선호도를 이용해 다음 식을 통해서 8방향 각각에 대한 확률을 구한다. 확률을 항상 0보다 크게 만들기 위해 지수함수를 이용하여 계산한다.

$$P = E \times B^{\sum A(C \times \frac{p}{d^2}, \theta)}$$

$P$ : 현재 방향으로 이동할 확률  
 $E$ : 지수 상수, 2.0 사용함  
 $B$ : 밑 상수, 1.2 사용함  
 $C$ : 선호도 상수, 2.0 사용함  
 $A(x, \theta)$ : 각도 보정 함수

$\theta$ : 발견한 생명체와 이루는 각도  
 $p$ : 발견한 생명체에 대한 선호도  
 $d$ : 발견한 생명체와의 거리

만약 생명체가 두 방향 사이에 걸쳐져있다면 생명체와 이루는 각을 구하여 다음의 각도 보정 함수에 대입해 가까운 방향에 선호도를 더 많이 배분한다.

$$A(x, \theta) = \begin{cases} x & (\alpha = 0(\theta \text{가 현재 방향과 일치하는 경우})) \\ \frac{x}{\frac{1}{\alpha} + \frac{1}{\beta}} \times \frac{1}{\alpha} & (\theta \text{가 현재 방향에 인접한 경우}) \\ 0 & (\theta \text{가 현재 방향에 인접하지 않은 경우}) \end{cases}$$

$\alpha = |\text{계산하는 각도} - \theta|$   
 $\beta = |\text{나머지 각도} - \theta|$

그림 2의 A 경우에는 좌측 위로 움직일 가능성이 가장 높다. 그러나 모든 방향에 대해 이동할 확률은 항상 0보다 크기 때문에 오히려 우측으로 다가갈 가능성도 있으며, 그러면서 종종 기피하던 생명체를 공격하여 선호도가 역전되는 상황도 발생한다. 우리는 이 선호도가 생명체들의 지능적인 움직임을 약간이나마 표현하여 흡사 먹이를 따라가거나 천적에게서 피하는 것과 같은 양상을 보여주면서 현실에서의 먹이사슬을 재현하여 생태계 시물레이션에서 중요한 역할을 한다.

### 2.3 유전자 모델링

모든 생명체는 고유한 유전자를 가지고 있다. 현실에서도 교배를 통해서 자손에게 유전자가 전달되는 것처럼, 본 시물레이션 모델에서도 유전자를 구현해내었다.

<표 1> 생명체의 유전자 정보

유전자	속성 이름	설명
①	크기	생명체의 크기
	탄성	생명체의 탄성 정도
②	이동 속도	생명체가 이동하는 속도
	번식 속도	생명체가 교배를 할 때 걸리는 시간
	대사량	생명체가 한 번 이동할 때마다 소모하는 에너지
③	최대 에너지	생명체가 최대 가질 수 있는 에너지
	세기	다른 생명체와 충돌 할 때, 자신이 가할 충격의 정도
④	시야	다른 생명체를 인식할 수 있는 최대 거리
	이동 빈도	생명체가 다음 이동을 할 때까지 걸리는 시간 간격
⑤	수명	생명체가 살아있을 수 있는 기간, 번식에도 영향을 줌
	번식 빈도	한 번 번식을 한 뒤 다시 번식을 할 때까지 걸리는 시간
⑥	색상	생명체가 가지는 색상을 결정, 색상으로 종이 구별됨

각각의 유전자에 대해서는 표 1에 설명되어있다. 각각의 유전자에서 두 형질은 서로 반비례하고, 2번 유전자에 대해서는 이동 속도와 번식 속도가 서로 비례하며 대수량과는 반비례한다.

이 시뮬레이션에서 유전자는 같은 종간의 교배를 통해서 자손에게 전달되며, 수치로 나타낼 수 있다. 유전자의 분석을 위해서 시뮬레이션 실행 중에 생명체의 유전자 정보를 그림 3과 같이 확인할 수 있도록 했다.



(그림 3) 생명체의 현재 유전자 정보

### 2.4 에너지 모델링

시뮬레이션 상의 모든 생명체는 에너지를 가지고 있다. 생명체가 이동을 할 때나 다른 종의 생명체와 충돌할 때 에너지에 변동이 생기고, 에너지가 0에 이르면 생명체가 사망, 즉 사라진다. 생명체가 가질 수 있는 최대의 에너지 양과 이동을 할 때 소모되는 에너지의 양은 유전자에 기록되어있으며 유전의 대상이 된다. 중요하게 보아야 할 점은 다른 종과의 충돌이 일어날 때의 상황인데, 생명체는 3번 유전자에 기록된 세기와 자신이 이동하던 속도에 따라서 에너지를 얼마나 빼앗거나 빼앗길지 결정된다. 에너지를 뺏거나 빼긴 양에 따라서 해당 종에 대한 선호도에도 변동이 생긴다.

### 2.5 돌연변이 모델링

돌연변이라 일컬어지는 현상은 유전자가 어떠한 요인에 의해서 원본과 달라지는 현상을 말한다. 다른 연구의 결과에 따르면, 70% 가량의 돌연변이는 해롭지만[4] 그 이외의 변이는 중립적이거나 유리한 것으로 나타났다. 하지만 돌연변이의 영향은 환경에 따라 달라진다. 유전적으로 해로운 돌연변이라도 환경에 따라서 유리하게 작용할 수도 있다[4].

돌연변이를 통해서 유전적 다양성을 늘려 생태계에 적응하고 안정화가 예상되기 때문에, 본 시뮬레이션에서는 돌연변이가 일어날 확률을 조절할 수 있도록 하였다. 생물체가 번식을 할 때 확률적으로 돌연변이가 생성되는데 이것은 분화되기 전의 생물체의 유전자 하나가 변화하는 것이다. 색상 유전자(6번 유전자)도 제한적으로나마 돌연변이의 대상에 포함되며, 따라서 이 과정 중에 생물체의 종족적 구분까지도 어느 정도 변할 수 있다. 만약 이 돌연변이 생명체가 다른 종과 적절한 균형을 이루어 안정적인 생태계를 형성한다면 의미를 가질 것이라고 예측한다.

<표 2> 시뮬레이션 프로그램의 환경 변수

이름	설명
시드	시뮬레이션을 재현하기 위한 값, 시드 값을 똑같이 넣으면 시뮬레이션이 그대로 재현됨
세계 크기	생명체가 움직이는 세계의 크기
생명체 개수	실험을 시작할 때 무작위로 생성되는 생명체의 개수
돌연변이	돌연변이가 일어날 확률, 각각의 유전자에 개별적으로 적용
감속률	생명체가 움직일 때의 마찰, 낮을수록 관성이 더 오래 유지됨



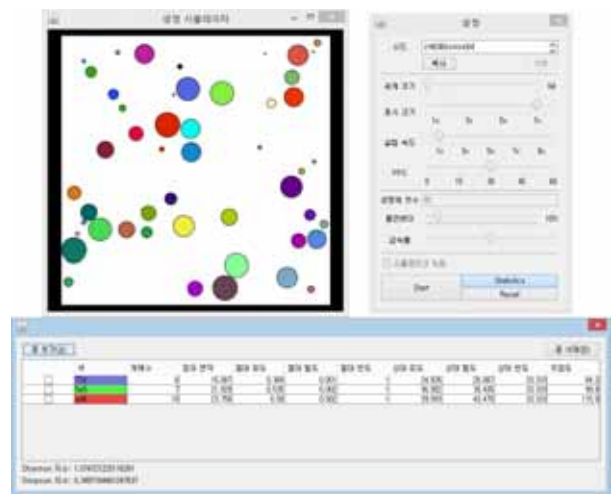
(그림 4) 생태계 환경 설정 창

### 2.6 생태계 환경 모델링

시뮬레이션 상에서 생명체가 살아가는 환경에 대해서 몇 가지 조건을 설정할 수 있다. 프로그램에서 설정할 수 있는 변수들은 표 2에 설명하였다. 그림 4는 생태계 환경을 설정하는 창의 화면이다.

### 3. 시뮬레이션 실험 결과 및 분석

그림 5는 시뮬레이션을 수행한 결과 화면으로, 추가한 종에 대한 정보를 수집해 자동으로 해석한 결과를 표시한다. 생태계의 종 다양성을 나타내는 지수인 Shannon 지수



(그림 5) 시뮬레이션 결과 분석 창

[2]와 Simpson 지수[3]를 계산하는 기능도 포함되어있다.

개발한 시뮬레이션 프로그램을 통하여 백여 번의 실험을 수행하고 그 내용을 분석한 결과, 다음과 같은 생태계가 관찰되었다.

• 큰 생태계 형성

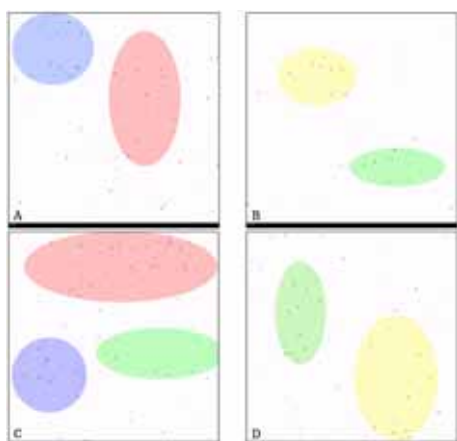
일부 실험 결과에서는 그림 6과 같이 생명체 군집의 이동이 발견되고 포식과 피식의 관계가 결정되어 계층적인 구조가 형성되었다. 이 상태에서 대체로 피식자의 유전자는 이동 속도와 번식 속도, 번식 빈도 쪽에, 포식자의 유전자는 세기와 시야 쪽에 치중되어 있었다. 결과적으로 생태계는 균형을 이루어 비교적 오랜 시간동안 개체수가 일정하게 유지되었다. 특히, 그림 6의 D와 같이 시간이 지남에 따라 점차적으로 작은 생태계로 갈라지는 경우도 발견된다.



(그림 6) 생명체들이 하나의 큰 생태계를 형성

• 부분적인 생태계 형성

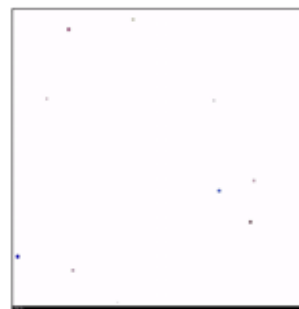
가장 많이 나타난 결과는 그림 7과 같이 부분적으로 생태계를 형성한 경우이다. 이와 같은 사례는 대부분 세계의 크기가 클 때 발생했다. 이러한 생태계는 주로 어떤 종에 이끌린 다른 종이 유입되어 좁은 범위 내에서 생태적으로 균형을 이루어 형성되며, 그에 따라 좁은 범위 내에서 생태계를 형성하여 거대한 생태계보다는 짧지만 단순한 생물 군집에 비해서 오랜 시간동안 안정적으로 유지되었다.



(그림 7) 생명체들이 부분적 생태계를 형성

• 생태계가 형성되지 않은 경우

마지막으로, 그림 8과 같이 어떠한 생태계도 형성되지 않고 멸종된 경우가 있다. 이것은 주로 종의 가짓수가 적을 때나 한 종이 다른 종에 비해 과도하게 강할 때 일어났다. 두 상황 모두 하나의 종이 일방적으로 포식을 하면서 나머지 종이 멸종하거나, 포식 종에 대해 극단적으로 낮은 선호도를 가지면서 항상 피해 다녀 군집이 형성되지 않았다.



(그림 8) 생태계 미 생성

4. 결론

본 논문에서는 생태계를 계산 시뮬레이션을 통해서 모델링함으로써, 생명체들 간의 상호작용을 분석하는 연구를 수행하였다. 제시한 시뮬레이션은 생명체의 행동과 유전자를 모델링하고 생태계 환경의 변수를 자유롭게 설정할 수 있도록 하여, 실제 자연계 관찰을 통해서 쉽게 얻을 수 없는 실험 결과를 빠르게 얻을 수 있다는 장점을 가진다. 이러한 연구를 통해서 컴퓨터 과학 분야의 계산 시뮬레이션이 다른 자연과학 분야에서 어떻게 유용하게 활용될 수 있는지 제시한다. 향후 연구로는 비생명적인 환경 변수도 고려하여 시뮬레이션 모델을 확장할 계획이다.

참고문헌

[1] David E. Goldberg, John H. Holland, 1988, Genetic Algorithms and Machine Learning, Machine Learning 3: 95-99  
 [2] Shannon, C. E. (1948) A mathematical theory of communication. The Bell System Technical Journal, 27, 379 - 423 and 623 - 656  
 [3] Simpson, E. H. (1949) Measurement of diversity. Nature, 163, 688  
 [4] Stanley A. Sawyer, John Parsch, Zhi Zhang, Daniel L. Hartl, 2007, Prevalence of positive selection among nearly neutral amino acid replacements in Drosophila, PNAS vol.104 no.16: 6504-6510