

## 유전자 알고리즘을 이용한 비행 표적의 궤적 예측 연구

\*이재하, \*오준호, \*\*이상화, \*\*\*박가영, \*박종일<sup>†</sup>  
 \*한양대학교 컴퓨터·소프트웨어학과  
 \*\*서울대학교 뉴미디어통신공동연구소  
 \*\*\*국방과학연구소

\*{jhlee, joh} @mr.hanyang.ac.kr, \*\*lsh529@snu.ac.kr,  
 \*\*\*kayoung@add.re.kr, \*jipark@hanyang.ac.kr

### A Study on Trajectory Prediction of Flight Target using Genetic Algorithm

\*Jaeha Lee \*Jun Ho Oh \*\*Sang Hwa Lee \*\*\*Kayoung Park \*Jong-Il Park  
 \*Department of Computer and Software, Hanyang University  
 \*\*Institute of New Media and Communications, Seoul National University  
 \*\*\*Agency for Defense Development

#### 요 약

일반적으로, 비행 표적의 궤적을 예측하기 위해 회귀분석이 사용되어왔다. 그러나 이 방법은 표적이 매우 다이내믹한 움직임을 보일 경우에는 오차가 크다는 한계가 있다. 이러한 문제를 해결하기 위해 본 논문에서는 다양한 수식을 생산해 내는 유전자 알고리즘을 이용하여 비행 표적의 다음 궤적을 예측해 내는 방법을 제안한다. 유전자 알고리즘을 통해 생산된 예측식을 토대로 비행 표적의 궤적을 3D 형태로 시각화 하였으며, 실제 관측 데이터와 예측된 데이터의 오차를 통해 정확도를 검증하였다.

#### 1. 서론

비행 표적의 궤적에 대한 추적 및 정확한 예측은 군사, 보안, 안전 분야에서 중요한 문제로 다루어 지고 있다. 표적을 추적하기 위해 레이저, 레이더, 카메라 등이 사용되며, 표적의 다음 궤적을 예측하기 위해 전통적으로 회귀분석이 사용되어 왔다[1]. 그러나, 이 방법은 두 가지 한계가 존재하는데 첫째는 표적이 다이내믹한 궤적을 그리며 비행하는 경우 큰 오차를 보인다는 것이며, 둘째는 회귀분석에 있어서 몇 차 회귀분석으로 분석을 실시할지에 대해서 실험자가 사전에 결정해 두어야만 한다는 것이다. 이러한 문제를 해결하기 위해, 본 논문에서는 유전자 알고리즘을 사용하여 비행 표적의 다음 궤적을 예측하는 방법을 제안한다[2].

#### 2. 방법

비행 표적의 궤적을 예측하기 위해서는 먼저 표적을 관측하여 표적의 위치를 획득해야 한다. 본 논문에서는 두 대의 카메라를 사용한 스테레오 시스템을 도입하여 표적의 위치를 획득해 내었다[3].

획득한 표적의 위치 정보들을 이용하여 표적의 다음 궤적을 예측하기 위해 회귀분석 및 유전자 알고리즘을 사용한다. 표적이 비교적 완만하게 비행할 경우 회귀분석을 통한 예측이 속도 면에서 우수한 성능을 보일 것이다. 반면, 표적이 다이내믹한 움직임을 보일 경우 다양한 수식을 생산해낼 수 있는 유전자 알고리즘이 비록 속도는 느리지만 회귀분석 방법보다 더 높은 정확도를 보일 것이다.

본 실험에서는 회귀분석은 2 차 다항식으로 분석을 수행하였다. 유전자 알고리즘은 재생산(선택), 교배, 돌연변이 연산자를 가지며 '덧셈, 뺄셈, 곱셈, 로그(log), 제곱근, 사인(sine), 코사인(cosine), 탄젠트(tangent)'의 수식 노드를 차수 제한 없이 다양하게 가지도록 구성하여 수행하였다. 유전자 알고리즘의 초기 개체군의 크기는 10,000 개로 설정하였으며, 돌연변이 확률은 10%, 교배 확률은 40%, 새로운 개체가 생성될 확률은 5%이고, 최대 500 번까지 진화해 나가도록 설정하였다.

#### 3. 결과

실험은 총 3 회에 걸쳐 시행 되었으며 실험에 사용된 비행 표적을 각각 A1, A2, B3 라 하였다. 실험을 통해 획득한 각

<sup>†</sup> 교신저자

표적들의 위치와 예측 결과를 그림 1, 2, 3 을 통해 나타내고 있다. 그림 1 은 좌우(X 축)에 대한 그래프이고, 그림 2 는 고도(Y 축), 그림 3 은 거리(Z 축)를 각각 나타낸다. 각 그래프에서 굵은 점은 스테레오 시스템을 통해 획득한 실제 표적의 관측 데이터를 나타내며, 가로축은 시간(단위:sec), 세로축은 거리(단위:m)를 나타낸다.

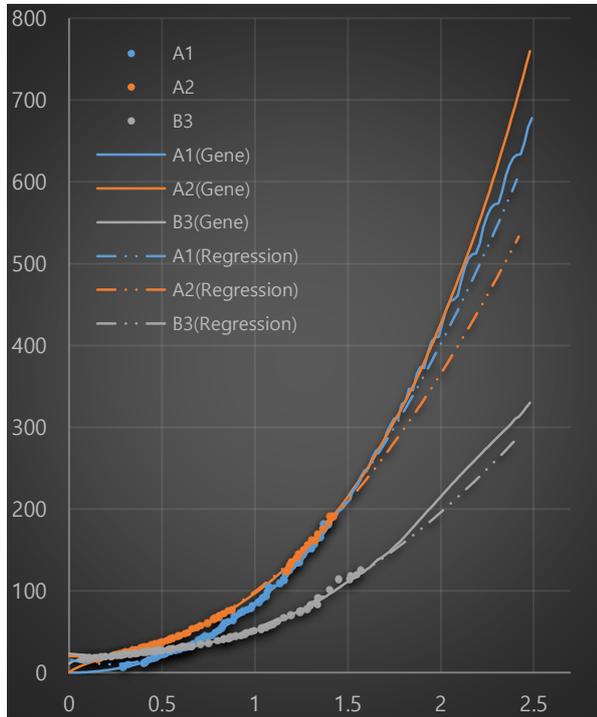


그림 1. 좌우(X 축) 그래프

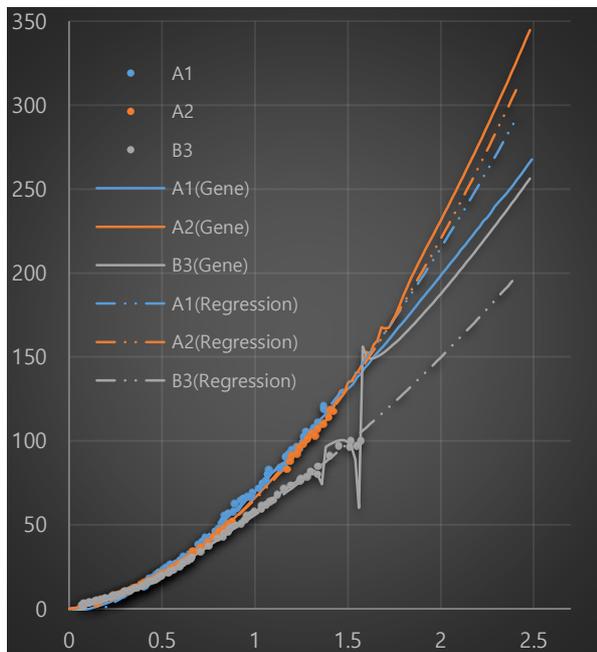


그림 2. 상하(Y 축) 그래프

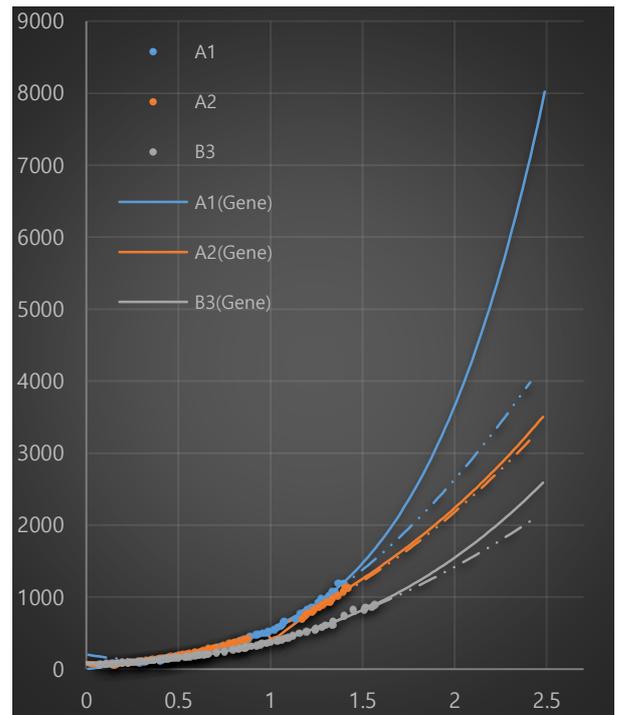


그림 3. 거리(Z 축) 그래프

그림 2 에서, 표적 B3 가 1.5 초 부근에서 흔들리는 값을 갖는 것을 확인할 수 있는데 이는 카메라 특유의 문제에 기인한다. 이로 인하여 유전자 알고리즘의 예측이 과적합(overfitting) 현상으로 인하여 이상하게 나타나는 것을 볼 수 있다.

표 1 과 표 2 는 각각 회귀분석과 유전자 알고리즘을 통해 얻은 예측에 대한 정확도 평가 결과이다. 각각의 X, Y, Z 축 별로 예측된 식과 실제 관측 데이터 간의 오차의 절대값에 대한 평균( $|\eta|$ )과 표준편차( $\sigma$ )를 나타내고 있다.

표 1. 회귀분석으로 추정된 예측식 평가

	X		Y		Z	
	$ \eta $	$\sigma$	$ \eta $	$\sigma$	$ \eta $	$\sigma$
A1	2.01	1.80	1.63	1.14	18.46	14.77
A2	1.47	1.48	0.71	0.63	11.16	12.04
B3	2.53	1.65	1.76	1.08	11.40	9.90

표 2. 유전자 알고리즘으로 추정된 예측식 평가

	X		Y		Z	
	$ \eta $	$\sigma$	$ \eta $	$\sigma$	$ \eta $	$\sigma$
A1	1.58	1.36	1.27	1.12	13.36	10.73
A2	0.86	1.02	0.70	0.75	4.52	6.41
B3	2.48	13.26	1.25	2.13	5.90	9.52

표 1 과 표 2 의 결과를 통해 유전자 알고리즘이 회귀분석보다 평균 30% 가량 더 높은 정확도를 보인다는 것을 알 수 있다. 그러나, 속도 면에서는 회귀분석이 유전자 알고리즘보다 훨씬 더 뛰어난 성능을 보였는데 i7-4790K CPU, 32 GB RAM 의 사양을 가진 컴퓨터에서 회귀분석은 평균 0.1 초가 걸린 반면, 유전자 알고리즘은 약 1 시간이 소요되었다.

그림 4 는 유전자 알고리즘을 이용하여 예측한 결과를 3D 형태로 시각화한 모습이다. 흰색 공은 관측 데이터를 나타내며, 붉은색 공은 예측한 다음 궤적들의 위치를 나타낸다.

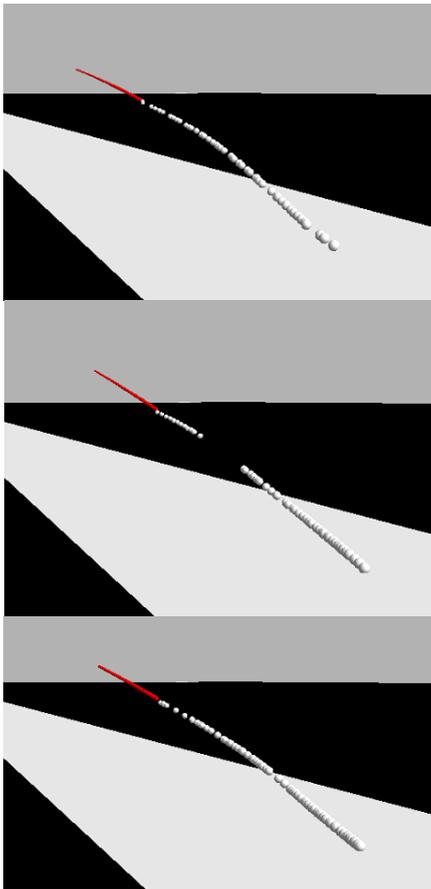


그림 4. 유전자 알고리즘을 이용하여 표적의 다음 궤적을 3 차원으로 시각화한 모습

#### 4. 결론

본 논문에서는 단순히 표적의 비행 궤적에 따른 위치 정보만을 고려하였으나, 표적 자체의 비행 특성과 기상 상태까지 고려한다면 보다 정밀한 표적 추적 및 궤적 예측이 가능할 것이므로 이에 대해 더 많은 연구가 필요하다.

#### 감사의 글

이 논문은 국방과학연구소 지향성 적외선 방해기술사업의 위탁 연구로 지원을 받아 연구되었음(계약번호 UD150019FD).

#### 참고문헌

- [1] N. R Draper, H. Smith, and E. Pownell, "Applied regression analysis," New York: Wiley, vol. 3, 1966.
- [2] H. ALTabtabai and A. P. Alex, "Using genetic algorithms to solve optimization problems in construction," Engineering Construction and Architectural Management, vol. 6, no. 2, pp. 123-132, 1999.
- [3] Z. Zhang, "A flexible camera calibration by viewing a plane from unknown orientations," Proc. of International Conference on Computer Vision, vol. 1, pp. 666-673, 1999.