

fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화 모델

Optimization Model for Sewer Rehabilitation Using Fast Messy Genetic Algorithm

류재나¹ · 기범준¹ · 박규홍^{1,*} · 이차돈²

Ryu, Jae-Na¹ · Ki, Beom-Joon¹ · Park, Kyoo-Hong^{1,*} · Lee, Cha-Don²

1 중앙대학교 토목공학과

2 중앙대학교 건축공학과

(2003년 11월 17일 접수 ; 2004년 3월 22일 최종수정논문 채택)

Abstract

A long-term sewer rehabilitation project consuming an enormous budget needs to be conducted systematically using an optimization skill. The optimal budgeting and ordering of priority for sewer rehabilitation projects are very important with respect to the effectiveness of investment.

In this study, the sewer rehabilitation optimization model using fast-messy genetic algorithm is developed to suggest a schedule for optimal sewer rehabilitation in a subcatchment area by modifying the existing GOOSER[®] model having been developed using simple genetic algorithm. The sewer rehabilitation optimization model using fast-messy genetic algorithm can improve the speed converging to the optimal solution relative to GOOSER[®], suggesting that it is more advantageous to the sewer rehabilitation in a larger-scale subcatchment area than GOOSER.

Key words: optimization, sewer rehabilitation, optimal budgeting, fast messy genetic algorithm

주제어: 최적화, 하수관거정비, 최적예산, fmGA

1. 서론

하수관거 종합정비 사업은 수년간 막대한 예산을 들여 장기적이고 체계적으로 진행되어야 하는 만큼 공사의 우선순위 선정은 투자효율 측면에서 대단히 중요한 의미를 가지고 있다. 현재 국내의 관거정비계

획 수립 시 배수분구별 사업 우선순위(환경부, 1997; 환경부, 2001)는 관거의 침입수(inflow)와 침투수(infiltration)로 인한 하수처리장의 유입농도, 관거의 통수능, 하수의 누수에 의한 2차오염의 발생 등에 대하여 평가항목을 설정하여 결정하고 있다.

사업의 우선순위를 결정하는데 가장 중요한 사항은 관거를 정비하는데 소요되는 예산, 정비이후에 불

*Corresponding author Tel: +82-31-670-3340, Fax: +82-31-676-6476, E-mail: kpark@cau.ac.kr (Park, K.)

명수량의 감소에 따른 처리비용의 절감을 반영하는 비용효과 분석이 필수적임에도 불구하고, 외국에서 시행된 몇몇 사례(Reyna, 1993; Burgess, 1994; DeMonsabert et al., 1997; DeMonsabert et al., 1999; Monganathansnan et al., 1998)와 같은 체계적인 최적화기법을 이용한 하수관거정비에 관한 연구는 국내에서는 최근 개발된 GOOSER®(Genetic Optimization of SEwer Rehabilitation; 정철권, 2002)를 제외하고는 이루어지지 않았다.

GOOSER® 모델은 최적화기법으로 널리 이용되고 있는 단순유전알고리즘(Goldberg, 1989; Gen and Cheng, 1997)을 이용하여 하수관거 정비비용의 최적화에 영향을 끼치는 여러 가지 변수 중 불명수처리비용(Inflow/Infiltration Treatment Cost), 관거의 보수·보강비용(Repair Cost) 및 유지관리비용(Maintenance Cost)의 산정을 위한 수식을 수학적으로 정식화하였고, 이들 비용의 합을 최소화화를 통한 하수관거정비 최적화를 실행하도록 하였다.

최근 Goldberg 등(Goldberg et al., 1989; 1990; 1993)은 sGA(simple genetic algorithm)를 발전시켜 fmGA(Fast Messy Genetic Algorithm)를 제안하였다. fmGA는 기존의 유전알고리즘의 최적해의 탐색과정에서의 수렴과정에 대하여 속도와 효율을 향상시킨 알고리즘으로서, 유사연구인 Wu와 Simpson(2001)의 상수관망 최적정비의 연구에서 기존의 알고리즘과 비교한 효율이 입증된 바 있다. 본 연구의 목적은 하수관거정비계획의 최적화를 위해 이미 만들어진 GOOSER® 모델에 sGA 대신 fmGA를 적용하고, 서울시 B배수분구의 68개 관거에 대해 CCTV로 실측된 관거의 결함상태 등의 관거조사자료를 이용하여 본 연구에서 개발된 모델과 기존 모델(GOOSER®)의 비교를 통하여 모델실행시간의 단축효과를 평가하는 것이며, 개발된 모델을 통하여 산정된 하수관거정비의 최적비용과 최적보수시기를 제시하여 그 비용효과를 정량적으로 나타내는 것이다.

2. 하수관거정비최적화를 위한 모델

불명수 처리비용, 관거보수비용, 관거의 유지관리비용의 합을 최소화하는 개념의 하수관거정비 최적화

모델은 $i = 1, 2, \dots, n$, $0 \leq t_i^R \leq t_H$ 인 범위 내에서 설계변수를 $t_i^R = (t_{i,1}^R, t_{i,2}^R, t_{i,3}^R, \dots, t_{i,p}^R)$ 로 하고, 정철권 등(2001), 정철권(2002)의 연구를 발전시켜 다음과 같은 제약조건을 갖는 이산형 최적화 문제로 요약된다.

Minimize:

$$TC_i(\vec{J}; \vec{t}^R) + \sum_{i=1}^{n_i} [RC_i(j_i; \vec{t}_i^R) + MC_i(j_i; \vec{t}_i^R)] \quad \text{식(1)}$$

Subject to:

$$\sum_{i=1}^{n_i} [RC_i(j_i; \vec{t}_i^R) + MC_i(j_i; \vec{t}_i^R)] \leq B_H \quad \text{식(2)}$$

$$UC_i^T = UC^T \cdot e^{-r_N t} \quad \text{식(3)}$$

$$RC_i(j_i; \vec{t}_i^R) = \sum_{n=1}^{p_i} \{UC_{jk}^R \cdot e^{-r_N \cdot t_{in}^R} \cdot L_i\} \quad \text{식(4)}$$

$$MC_i(j_i; \vec{t}_i^R) = \sum_{n=1}^{t_H - p_i} \{UC_{jk}^M \cdot e^{-r_N \cdot t_{in}^R} \cdot L_i\} \quad \text{식(5)}$$

$$II_{0,i}(j_i; \vec{t}_i^R) = \sum_{n=1}^{t_i^R} II_{0,j} \cdot (DR_i^{BR})^n + \sum_{q=1}^{p_i} \left\{ \sum_{n=1}^{(t_i^R - t_{i,q}^R)} [II_{0,i}(DR_i^{BR})^{t_{i,q}^R} - dII_n] \times (DR_{jk}^{AR})^n \right\} \quad \text{식(6)}$$

여기서,

TC_i : 장기계획년도의 총 불명수 처리비용(원)

RC_i : 미래의 시간 t 에 시행될 보수비용에 대한 현재가(원)

MC_i : 하수관거구간 i 의 퇴적물을 세정하기 위한 미래의 시간 t 에 대한 유지관리비용의 현재가(원)

B_H : 장기계획년도의 총예산(원)

UC_i^T : 미래의 시간 t 에 단위하수처리 비용에 대한 현재가(원/m³)

UC^T : 현재의 단위하수처리비용(원/m³)

r_N : 이자율

t : 현재로부터의 경과시간(년)

UC_{jk}^R : 현재의 보수비용단가(원/m 또는 원/개소수)

UC_{jk}^M : 하수관거구간 i 의 퇴적물을 세정하기 위한 유지관리비용의 단가(원/m)

L_i : 하수관거구간 i 의 연장(m)

n_i : 하수관거구간의 총수

$II_{0,i}$: $t = 0$ 일 때 하수관거구간 i 의 연평균 불명수량

($m^3/\text{년}$)

II_{ij} : 임의의 시간 t 에 하수관거구간 i 의 연평균 불명수량($m^3/\text{년}$)

$dIII_{ij}$: 현재부터 시간 t 가 경과한 후 하수관거구간 i 를 보수공법 k 로 보수할 경우의 불명수의 감소량($m^3/\text{년}$)

DR_{ij}^{BR} : 현재($t=0$)부터 시간 t 가 경과할 때까지 보수하지 않을 경우 지속적으로 진행되는 관거결합증가에 따른 연간불명수량의 증가율

DR_{ij}^{AR} : 현재부터 시간 t 가 경과하여 관거구간 i 를 보수공법 k 로 보수한 후 연간불명수량의 증가율

3. 유전알고리즘을 이용한 하수관거정비

1970년대 초 Holland는 자연진화의 법칙인 적자생존과 자연도태의 원리를 연구하여 그 적용 메카니즘을 모방한 유전알고리즘(Goldberg, 1989; Gen and Cheng, 1997)을 만들어냈다. 유전알고리즘은 일반적으로 도태와 복제에 의한 재생산, 교배, 돌연변이의 세 가지 연산자를 사용하여 이전의 세대에서 우수한 적합도를 갖는 개체(Population)들을 다음 세대로 계승한다.

3.1. Fast Messy Genetic Algorithm

1989년 Goldberg는 sGA의 알고리즘의 좋은 적합도를 갖는 유전자군(Building Block)을 찾는 과정을 발달시켜 최적해에 도달하는 속도와 성능을 개선시켜 mGA(Messy Genetic Algorithm)를 소개하였다(Goldberg et al., 1989; 1990; Deb and Goldberg, 1991). 초기의 mGA는 염색체의 개수 n 개를 표현함에 있어서 문자열의 총 길이 l 에 대하여 가능한 모든 유전자군의 조합인 $n = 2^k \binom{l}{k}$ 개의 염색체를 만들어 주었다. 그러나 이는 mGA를 대단위 문제에 적용함에 어려움(Bottleneck)을 가져왔고, 이 Bottleneck 현상을 해결하는 유전자군의 여과의 과정을 포함하는 fmGA로의 발전이 이루어졌다(Goldberg et al., 1993).

fmGA는 기존의 단순유전알고리즘과 마찬가지로 무작위로 개체집단을 형성함으로써 시작되지만, 기존의 알고리즘과 달리 두 개의 루프를 구성되어 있다. 유

전자군의 여과(Building Block Filtering)의 루프에서는 적합도를 산정하는데 있어서 낮은 값을 유발하는 유전자들을 걸러낸다. 좋은 적합도를 유발하는 유전자들로 구성된 초기의 개체집단을 기존의 유전알고리즘과 유사한 연산자들을 사용하여 다음 세대로 계승해주는 루프가 병렬의 단계(Juxtapositional Phase)이다. fmGA는 이 두 개의 루프를 통해 기존의 유전알고리즘보다 빠른 속도로 최적해를 찾아가게 된다. fmGA에서 기본적인 연산자인 재생산, 교배, 돌연변이는 단순유전알고리즘과 비슷하지만 이들은 빠른 속도로 해를 찾아가기 위하여 변형되었으며, 단순유전알고리즘과 구별되는 fmGA의 대표되는 특징은 다음과 같으며 Fig. 1에는 fmGA의 흐름도를 나타내었다.

3.1.1. 길이의 다양함

sGA와 다르게 fmGA는 유전자를 유전자의 위치(Gene Locus)와 유전자의 값(Gene Value)의 쌍(Pair)으로 표현한다. 다양한 길이의 문자열(String)에서 유전자의 위치는 문자열이 나타낼 수 있는 총 길이의 위치, 또는 순차적인 순서를 나타내고, 유전자의 값은 비트(Bit)의 값을 의미한다. 이로 인해 fmGA는 문자열의 최대의 길이에서 최소의 길이까지 좋은 적합도를 가지는 유전자군을 가질 수 있는 유연성을 갖게 된다.

3.1.2. 템플릿

fmGA의 문자열이 다양한 길이를 가지게 되는 특성으로 인하여, 유전자의 위치(Locus)를 통한 염색체(Chromosome)의 표현에 있어서 완전한 길이의 문자열보다 적은 길이를 가지는 문자열(Underspecified String) 또는 총 문자열의 길이보다 많은 길이를 가지는 문자열(Overspecified String)이 생기게 된다. 총 문자열의 길이보다 많은 길이를 가지는 문자열은 선행 문자열취득(First-Come-First-Served)을 통하여 염색체 내의 유전자들의 배열에서 앞 쪽에 위치한 유전자 위치가 나타내는 값을 취하여 적합도를 산정하게 되며, 문자열의 총 길이보다 적은 길이를 가지게 되는 문자열은 문자열이 나타낼 수 있는 총 길이의 유전자를 가진 템플릿(Template)으로부터 같은 유전자의 위치가 나타내는 값을 이용하여 적합도를 산정하게 된다. 템플릿의 유전자의 값들은 두 개의 루프를 실행

하기 전 초기에 발생된 난수들로 채워지나, 세대를 계속하면서 좋은 적합도를 가지는 문자열의 값들로 변화되어 염색체들의 목적함수 산정에 영향을 미치게 된다.

3.1.3. 유전자군의 여과

유전자군의 여과의 루프는 유전자 삭제 (Gene Deletion) 연산자를 사용하여 적합도를 산정하는데 있어서 낮은 값을 유발하는 유전자들을 걸러낸다. 이를 통하여 다음의 루프인 병렬의 단계에서는 단순유전알고리즘과 비슷한 연산인 선택과 다음의 설명에 나타낸 절단/접합 연산자를 일정한 세대까지 반복해 주어 단순유전알고리즘보다 더 빠른 속도로 최적해의 탐색이 가능해진다(Knjazew, 2000).

3.1.4. 한계값의 선택

염색체의 문자열의 길이를 다양하게 가질 수 있어서 Overspecified 또는 Underspecified된 유전자를 가질 수 있는 특성 때문에 fmGA에서는 한계값 (Thresholding Value)을 찾아주게 된다(Kargupta, 1995). 한계값은 적합도의 비교를 위해 선정된 두 개의 염색체에 대하여 유전자의 위치를 일정한 수 이상을 가졌을 때에만 선택연산을 수행하도록 한다.

3.1.5. 절단/접합 연산자

절단/접합 연산자에서도 fmGA의 문자열의 길이가 다양함으로 인하여, sGA에서 쓰이는 교배 연산자는 동일하게 사용될 수 없다. 교배 연산자 중 일점 교배와 비슷한 역할을 하며 다양한 길이의 문자열에 적용될 수 있도록 만들어진 연산자가 절단/접합 연산자이다. 접합 확률 p_k 를 이용해 두 문자열은 연결되어지고, 절단확률 p_c 를 이용해 문자열은 나누어진다. p_k 를 통해 전체적인 절단 확률 p_c 는 $p_c = (\lambda - 1)p_k$ 로 계산되고, 여기에서 λ 는 현재의 문자열의 길이이고, 확률 p_c 는 $p_c \leq 1$ 로 제한된다.

3.2. 하수관거정비 최적화에 fmGA의 적용

fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화의 과정은 다

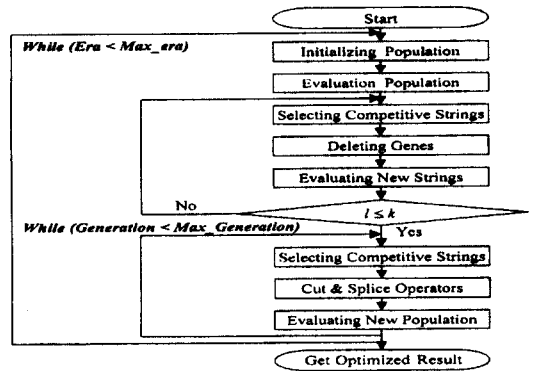


Fig. 1. fmGA의 흐름도

음과 같다.

1) 장기계획년도(t_H)에 따라 각 유전자의 염색체내 대립유전자(Alelle) 수를 산정하고 유전자 길이를 계산한 뒤 fast messy Genetic Algorithm에서 최적해를 나타내는 템플릿의 유전자값을 임의의 값인 0과 1로 지정해준다. 다음 Fig. 2에는 길이 10을 가지는 템플릿을 나타내었다.

2) 산정된 유전자 길이 S_L 에 대해 각각의 반복되는 시대(Era)의 실행시 필요한 유전자의 길이 S_L -iteration을 갖는 n_p 개의 유전자를 생성하고 각 유전자의 위치에 임의로 1과 n 사이의 값을 지정해 주고, 각 유전자의 값에 임의로 0과 1을 지정한다. 다음 Fig. 3에는 총 문자열의 길이 10을 가지는 4개의 염색체를 표현하였다.

3) 주어진 2진수 형태의 문자열을 각각 해당되는 하수관거 또는 단위 면의 보수·보강 연도로 환산한다.

4) 모든 n_p 개의 염색체에 대하여 환산된 연도 및 하수관거별로 적용된 각 공법의 내구연환을 고려하여 전체 목적함수의 값인 $C_m(\vec{f}; \vec{r}^R)$ 을 산정한다. 모든 염색체의 목적함수를 산정할 때 빠져 있는 값은 템플릿의 값을 이용한다.

5) 상기의 법칙에 따라 산출된 $C_m(\vec{f}; \vec{r}^R)$ 값은 i -번째 유전자에 대해 다음과 같이 표준화된 적합도 f 를 산정한다. 모든 염색체의 적합도를 산정할 때 빠져 있

template 1 1 0 1 0 0 3 1 0 1

Fitness 6

Fig. 2. 길이 S_L 을 가지는 템플릿

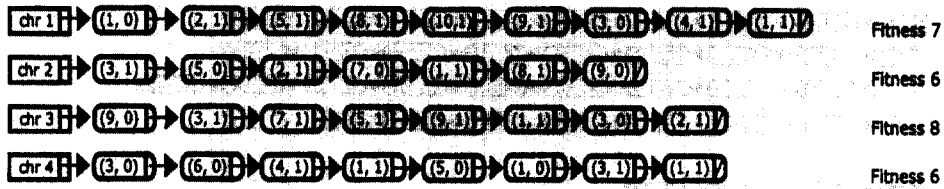


Fig. 3. 임의의 (위치, 값)을 가지는 4개의 유전자

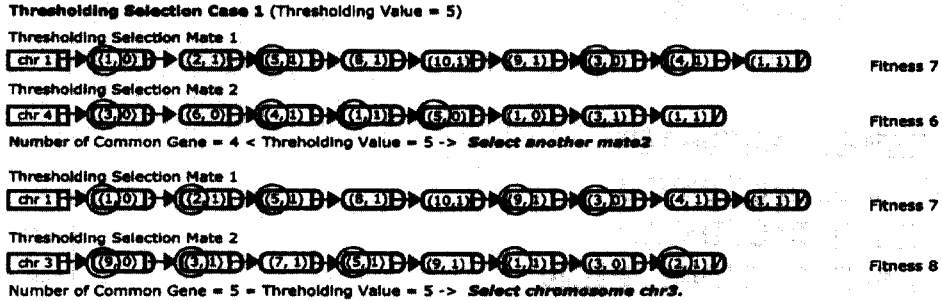


Fig. 4. 한계값의 선택 연산과정

는 값은 템플릿의 값을 이용한다.

$$f_i = \frac{[C_{m,max} + C_{m,min}] - C_{m,i}}{C_{avg}}, \quad i = 1, 2, \dots, n_p \quad \text{식(7)}$$

여기서,

- f_i : i -번째 유전자의 적합도
- C_{avg} : 전체 유전자의 적합성의 평균값
- $C_{m,max}$: $C_{m,i}$ 값에 대한 최대값
- $C_{m,min}$: $C_{m,i}$ 값에 대한 최소값
- $C_{m,i}$: i -번째 유전자의 $C_m(\vec{f}; \vec{t}^k)$ 값

6) 해당유전자의 $C_m(\vec{f}; \vec{t}^k)$ 값이 작을수록 f_i 값이 커지며 이는 높은 적합성을 가짐을 의미한다. 계산된 f_i 를 이용하여 낮은 적합성을 가진 문자열을 도태시키고 높은 적합성을 가진 문자열을 복제하게 되는 한계값의 선택과 정해진 길이만큼 유전자를 줄여나가는 유전자 삭제를 반복하여 좋은 적합도를 갖는 유전자군을 찾는다. 다음 Fig. 4는 한계값의 선택 연산과정을 나타내었다. Fig. 4의 첫 번째 단계에서는 한계값의 조건을 만족하지 못하여 다른 염색체를 선택하여 연산을 수행하는 예를 나타내었으며, 한계값의 조건을 바로 만족시키면 연산을 그대로 수행하게 된다. ○로 표시되어 있는 유전자의 위치는 같은 위치를 가

지는 유전자들의 표현이다.

다음 Fig. 5에는 유전자 삭제의 연산과정을 나타내었다. 처음의 네 개의 염색체에서 ×로 표시되어있는 유전자는 유전자 삭제 연산과정을 통하여 삭제되어질 유전자를 미리 표현하였으며, 그 다음의 네 개의 염색체는 유전자 삭제 연산과정의 실행 후 만들어진 새로운 염색체에 대하여 표현하였다.

7) 6)의 과정을 정해진 길이만큼 모든 염색체의 길이가 줄어들 때까지 반복한 후, 템플릿의 값을 이용하여 모든 염색체의 목적함수와 적합도를 산정한다.

8) 선택과 절단/접합 연산자를 일정한 세대만큼 반복하여 좋은 적합도를 가지는 유전자군을 연결해준다. 다음 Fig. 6에는 선택 연산의 수행 전의 염색체와 선택 연산의 수행 후 새로 구성된 염색체들에 대하여 나타내었다.

다음의 Fig. 7과 Fig. 8는 절단/접합 연산의 예를 나타내었다. Fig. 7에서는 절단 연산의 수행에서 임의의 위치의 절단위치를 지정해 주는데 있어서 그 위치의 자유로움을 나타내었으며, Fig. 8는 단순유전알고리즘의 일점교배와 유사하게 진행되어지는 절단/접합의 연산을 나타내었다.

9) 일정한 세대의 반복 후의 새로운 염색체들에 대해 목적함수와 적합도를 다시 산정하고, 가장 좋은

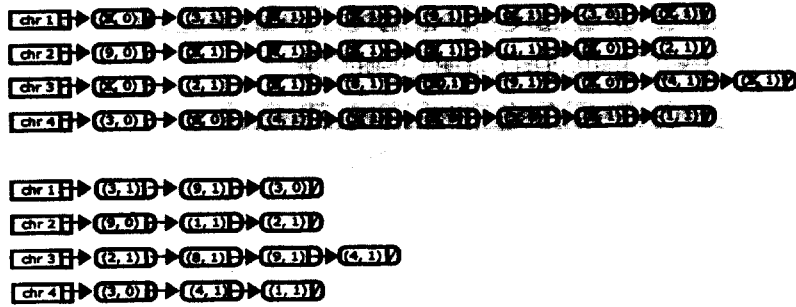


Fig. 5. 유전자 삭제 연산과정



Fig. 6. 선택 연산과정

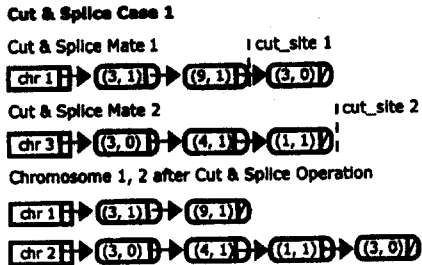


Fig. 7. 절단/접합 연산과정 I

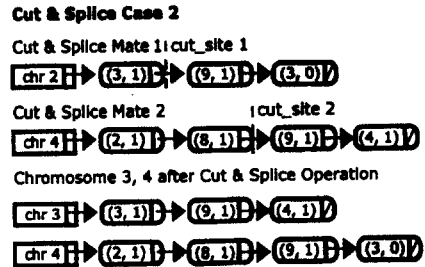


Fig. 8. 절단/접합 연산과정 II

적합도를 가지는 염색체의 적합도와 템플릿의 적합도를 비교하여 이때, 가장 좋은 유전자의 정보로 템플릿의 유전자 정보를 바꾸어준다. 시대의 실행결과의 염색체 중 템플릿보다 좋은 적합도를 갖는 염색체가 없

으면 템플릿의 값을 변화시키지 않고, 다음 단계를 진행한다. 다음 Fig. 9에서는 시대의 실행 후 초기의 템플릿보다 좋은 적합도를 갖는 염색체로 템플릿 값을 변화시켜 주는 과정을 나타내었다.

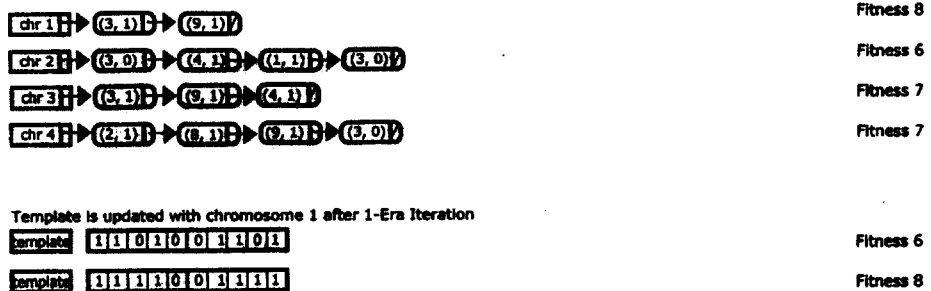


Fig. 9. 변화된 값을 가지는 템플릿

10) 수렴도의 검토 후 최적해에 수렴했으면 종료하고 그렇지 않으면 새로운 유전자들로 구성된 염색체를 만들어주는 과정인 2)번의 과정부터 수렴도의 조건에 부합될 때까지 반복한다.

4. fmGA를 이용한 하수관거 정비 최적화

4.1. GOOSER와 fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델의 비교

하수관거정비 최적화 모델에 실제 현장의 데이터를 적용하기 위해, 서울시 K하수처리장으로 유입되는 B배수분구의 하수관거시스템의 일부를 대상으로 하였다. 차집관거에 연결되기 전에 하수유량 측정지점을 선정하였으며, 그 상류부의 하수관거시스템에 해당되는 배수분구의 면적이 약 31.01ha이고, 이 중 주거지역 24.31ha, 녹지가 6.70ha로 전체의 21.6%를 차지하고 있으며, 인구는 약 4,266명(1997년 현재)이다. 하수관거구간이 총 68개로 총하수관거연장은 3,480m이다. 대상 배수구역의 68개 하수관거 구간 중 29개 구간의 관거는 통수용량부족 또는 경사조정이 필요한 우선정비 대상관거로 반드시 굴착에 의해 경사조정, 관경확대의 조치가 취해져야 하는 것으로 정비의 최우선순위를 가지므로 제외되어 나머지 39개 하수관거구간에 대하여 우선순위를 정하는 문제를 푸는 것이 된다. 배수구역 내 하수량과 불명수량의 측정방법, 발생하수량과 불명수량의 산정과 각 하수관거별로 산정된 불명수량을 배분하는 방법은 정철권 등(2001)과 동일한 방법을 적용하였다.

GOOSER® 모델을 실행하는데 있어서 유전알고리즘의 연산에 크게 영향을 미치는 영향인자로는 염색체의 수, 교배연산에 사용되는 교배확률, 돌연변이 연산에 사용되는 돌연변이 확률, 수렴조건의 만족을 나타내는 수렴도이다. 본 연구에서 비교를 위한 GOOSER® 모델을 실행하는데 사용된 유전알고리즘

의 염색체의 수는 1000개를 사용하였으며, 1000개의 유전자중 상위 20%의 유전자의 적합도가 일치하면 수렴조건을 만족하도록 하였다. 또한 교배 확률은 50%로 설정하여 절반정도의 염색체가 교배 연산을 수행하도록 하였으며, 돌연변이 연산자는 고려하지 않았다.

본 연구에서 제안하는 fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델을 실행하는데 있어서 유전알고리즘의 연산에 크게 영향을 미치는 영향인자로는 염색체의 수, 유전자군의 여파에 사용되는 유전자의 감소율, 절단/접합의 연산에 사용되는 절단율, 접합율과 세대의 수이다. 이 모델을 실행하는데 사용된 유전알고리즘의 염색체의 수는 GOOSER® 모델의 실행시와 동일하게 1000개를 사용하였다. 절단율은 10%로 설정하였으며, 접합율은 100%의 값을 주어 모든 선택된 염색체에 대하여 접합연산을 수행하도록 하였다. 유전자의 감소율은 50%를 적용하였으며, 반복횟수는 유전알고리즘의 한번 루프를 나타내는 Era값에 병렬의 단계에서 사용된 세대값을 곱하여 나타내주었다. 두 모델을 실행하는데 동일한 배수분구의 68개 자료를 사용하였으며, 비용의 산정에 고려되어야할 이자율은 5%를 사용하였다.

다음의 Table 1은 대상지역의 관거에 sGA를 사용하는 GOOSER®의 염색체를 초기화하는 과정에서 난수발생함수를 변화시켜 3번의 실행의 결과를 sGA1, sGA2, sGA3로 구분하여 나타내었다. 세 번의 실행결과 중 목적함수값인 총비용의 평균값 73.0억원을 계산하여 이 값과의 편차가 가장 작은 sGA2의 실행결과를 기준값으로 정한 후, fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델을 실행하여 그 결과를 비교하였다.

Fig. 10은 sGA2의 목적함수값의 수렴과정을 나타내었으며, fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델의 실행결과 중 sGA2의 결과와 비슷한 반복횟수에 템플릿값이 고정되는 경우를 fmGA1, sGA2의 결과와

Table 1. GOOSER® 모델을 이용한 하수관거정비 최적화 실행결과(단위: 억원)

	반복횟수	보수비용	유지관리비용	총보수비용	불명수처리비용	총비용
sGA1	161 회	28.5	19.8	48.3	26.7	75.1
sGA2	186 회	19.3	19.8	39.1	33.9	73.0
sGA3	206 회	18.9	19.8	38.7	32.1	70.8
평균						72.97

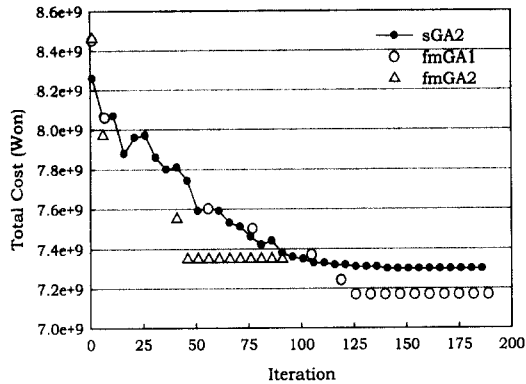


Fig. 10. sGA와 fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델의 수렴속도 평가

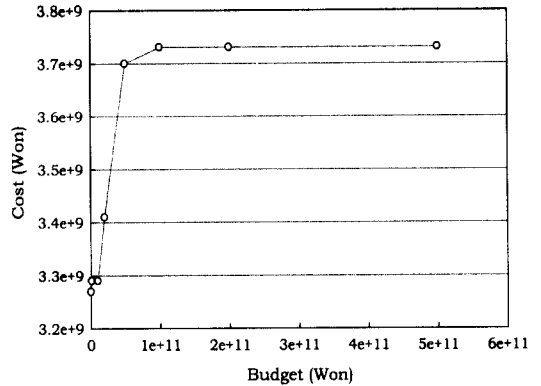


Fig. 11. 입력 값으로 산정 할 예산의 산정

비슷한 비용에 템플릿값이 고정되는 경우를 fmGA2로 나타내었다.

fmGA1의 경우, 반복횟수 1회인 경우 84.5억원의 목적함수값에서 시작하여 sGA2의 목적함수값인 73억원의 값이 처음 나타나는 반복횟수 141회에서는 71.7억원의 값을 나타내며, 횟수가 더해지면 템플릿값이 이 값에 고정되는 것을 볼 수 있다.

fmGA2의 경우, 반복횟수 1회인 경우 84.6억원의 목적함수값에서 알고리즘을 시작하여 sGA2의 목적함수값인 73억원의 값과 유사한 값인 73.5억원이 템플릿에 반복횟수 46회에서 나타나며 횟수가 더해지면서 이 값으로 목적함수가 고정되는 것을 볼 수 있다.

Table 2는 sGA와 fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델의 실행결과로 얻어진 하수관거정비에 소요되는 각 비용항목을 나타내었다. sGA2의 경우 유전 알고리즘의 수렴조건인 상위 20%의 유전자의 적합도가 일치될 때의 반복횟수인 186회에 산정된 비용을 나타내었으며, fmGA1의 경우 sGA2의 목적함수값을 처음 나타낸 반복횟수인 141회에 산정된 비용을, fmGA2의 경우 sGA2의 목적함수값과 유사한 값에 템플릿이 고정되는 반복횟수인 46회에 산정된 비용을

나타내었다.

4.2. fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화 결과

4.2.1. 입력 값으로 사용 할 예산의 산정

다음 Fig. 11은 fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델을 사용하여 동일 배수분구의 관거정비의 최적화를 위해 적정예산을 산정하는 과정을 나타내었다. 입력 값으로 사용할 예산을 산정하기 위하여 예산을 0원부터 500억까지 각각 입력하여 프로그램을 실행하여 예산을 더 이상 투자하여도 비용을 더 이상 요구하지 않는 적정값으로 37.3억이 산정되었으며, 이값을 해당 배수분구 정비에 사용될 예산으로 정하였다.

4.2.2. 비용효과분석

Table 3에는 하수관거정비 시기에 따른 각 경우에 대한 예상비용과 그에 따르는 최적정비시의 비용효과를 분석하였다.

CASE II의 경우 20년간 유지준설비 19.8억원을 포함하여 총관거정비비용이 185.5억원 투자되는 반면 20년간 불명수처리비용은 93.4억원이 소요되며, CASE V의 경우 20년간 유지준설비 19.8억원을 포함

Table 2. sGA와 fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델의 실행결과 비교(단위: 억원)

	보수비용	유지관리비용	총보수비용	불명수처리비용	총비용
sGA2	19.3	19.8	39.1	33.9	73.0
fmGA1	19.0	19.8	38.8	33.7	71.7
fmGA2	17.6	19.8	37.4	36.5	73.5

Table 3. 하수관거 정비시기에 따른 소요비용 및 비용효과분석(이자율 5%, 단위: 억원)

CASE	불명수	불명수처리		관거정비비용			총비용
	처리비용	저감비용	우선정비비용	유지준설비용	순보수비용	소계	
I	102.4	-	-	19.8	-	19.8	122.2
II	93.4 ^㉑	9.0	-	19.8	72.3	92.1 ^㉒	185.5
III	71.6 ^㉓	30.8	11.4	19.8	-	31.2 ^㉔	103.7
IV	18.2	84.2	11.4	19.8	17.1	48.3	66.5
V	39.9 ^㉕	62.5	11.4	19.8	15.9	35.7 ^㉖	75.6
II vs V	㉗ 불명수처리낭비액 = ㉑ - ㉓ = 53.5 ㉘ 관거정비낭비액 = ㉒ - ㉔ = 56.4 ㉙ 예산낭비총액 = ㉗ + ㉘ = 109.9						
III vs V	㉚ 불명수처리낭비액 = ㉓ - ㉕ = 31.7 ㉛ 관거정비낭비액 = ㉔ - ㉖ = -4.5 ㉜ 예산낭비총액 = ㉚ + ㉛ = 27.2						

CASE I: 계획년도 20년 동안 관거정비를 전혀 시행하지 않는 경우

CASE II: 계획년도 20년 중 1-18년 동안 관거정비를 전혀 시행하지 않고 최종년도(t = 19)에 전면보수하는 경우

CASE III: 계획년도 20년 중 첫째(t = 0)에 우선정비대상관거만 보수하고 이후 관거정비를 전혀 시행하지 않는 경우

CASE IV: 계획년도 20년 중 첫째(t = 0)에 모든 하수관거를 전면보수하는 경우

CASE V: 계획년도 20년을 대상으로 최적예산으로 최적정비를 시행하는 경우

하여 총관거정비비용이 35.7억원이 소요되는 한편 20년간 불명수처리비용은 39.9억원이 소요된다. 따라서 관거정비를 지연함으로써 관거정비비용 56.4억원이 추가 소요되는 반면 불명수처리비용 53.5억원이 더 낭비되므로 모두 109.9억원의 예산이 낭비된다고 볼 수 있다. 이것은 관거정비 사업을 지연하게 되면 관거 보수비용은 물론 불명수처리비용의 증가로 엄청난 예산 손실을 입을 수 있다는 사실을 나타낸다.

또한 CASE III의 경우 초기투자비 11.4억, 20년간 유지준설비 19.8억원으로 총 103.7억원이 투자되는 반면 20년간 불명수 처리비용은 71.6억원이 소요된다. 이에 대해 CASE V의 경우 초기투자비 11.4억원, 20년간 유지준설비 19.8억원 이외 관거정비비용이 4.5억원이 추가 소요되는 한편 불명수 처리비용은 31.7억원이 소요되어 최적정비를 시행함으로써 절감할 수 있는 예산은 27.2억원이 된다.

Table 4에는 해당배수분구 68개 관거에 각 적용되는 공법과 fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델의 실행결과로 제안된 계획년도내의 각 관거의 보수시기를 나타내었다.

5. 결론

기본적으로 fmGA는 유전알고리즘의 연산을 수행하는데 있어서, 다양한 길이를 가지는 특성 때문에 기존의 sGA와는 다른 방식을 사용하고 있으며, 또한 수렴에 대하여 프로그램의 실행조건을 결정하는 방법과 연산을 수행하는 방법에서도 그 영향인자가 동일하지 않다. 각 인자들의 값을 변화시킴으로서 나타낼 수 있는 결과는 그 조합에 따라 다르게 변화할 수 있으며, 이로 인하여 sGA와 fmGA의 효율에 대하여 명확하게 평가하는 것은 사실상 불가능하다.

하지만, 본 연구에서는 제한된 조건 하에서 sGA와 fmGA를 이용한 하수관거정비 최적화모델의 비교를 행하여 동일한 목적함수를 산정하는데 있어서 fmGA를 이용한 최적화모델의 실행속도는 약 10분 정도이며, sGA를 이용하는 경우 모델의 수행속도는 약 20분 정도로 절반정도 실행시간을 단축되는 결과를 얻어냈다. 이는 결과적으로 프로그램의 실행 시 컴퓨터상의 메모리의 점유를 줄이고, 수렴속도를 증가시키는 결과를 얻었다. 또한 하수관거정비방안 중 여러 경우를 고려하여 비용효과를 분석해 본 결과 최적화모델을

실행하여 제안된 보수시기에 따라 정비사업을 수행할 경우 상당액의 비용절감효과를 얻을 수 있음을 알게 되었다.

본 연구에서 제시한 최적화모델은 결합증가에 따른 불명수 증가율, 하수관거 조사결과를 이용한 배수구역 내 불명수량의 각 하수관거별 합리적인 배분, 각 공법별 불명수저감효율, 보수비용과 내구연한의 정확한 산정 등 많은 매개변수가 최적해를 구하는데 영향을 줄 수 있기 때문에 차후 이러한 매개변수의 정확한 산정을 위한 지속적인 연구가 필요하다고 사료된다.

참고문헌

- 서울시 (2000) 성내, 탄천 배수구역 하수관거조사 및 정비 기본설계.
- 정철권 (2002) 유전자알고리즘을 이용한 하수관거 정비 우선순위 및 투자비용 최적화, 박사학위논문, 연세대학교.
- 정철권, 박규홍, 정연규 (2001) 유전자알고리즘에 의한 소규모 배수구역 하수관거 정비의 최적화, 대한토목학회 논문집, 21(3-B), pp. 295-304.
- Burgess, E.H. (1994) Planning Model for Sewer System Rehabilitation. In W.A. Macatics (Ed.), *Urban Drainage Rehabilitation Programs and Techniques*, New York, ASCE, pp. 30-38.
- Deb, K. and Goldberg, D.E. (1991) *mGA in C: A Messy Genetic Algorithm in C*, IlliGAL Rep. No. 91008, Illinois Genetic Algorithms Lab., Univ. of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, Ill.
- DeMonsabert, S. and Thornton, P. (1997) A Bender Decomposition Model for Sewer Rehabilitation Planning for Infiltration and Inflow Planning, *Water Environment Research*, 69, pp. 162.
- DeMonsabert, S., Ong, C. and Thornton, P. (1999) An Integer Program for Optimizing Sanitary Sewer Rehabilitation Over a Planning Horizon, *Water Environment Research*, 71(7), pp. 1292-1297.
- Goldberg, D.E. (1989) *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison Wesley Longman, Ind.
- Goldberg, D.E., Deb, K. and Korb, B. (1989) Messy genetic algorithms revisited: studies in mixed size and scale, *Complex Systems*, 4, pp. 415-444.
- Goldberg, D.E., Deb, K. and Korb, B. (1990) Messy genetic algorithms: motivation, analysis, and first results, *Complex Systems*, 3, pp. 493-530.
- Goldberg, D.E., Deb, K., Kargupta, H. and Harik, G. (1993), *Rapid, accurate optimization of difficult problems using fast messy genetic algorithms*, IlliGAL Rep. No. 93004, Illinois Genetic Algorithms Lab., University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, Ill.
- Kargupta, H. (1995), *SEARCH, Polynomial Complexity, And The Fast Messy Genetic Algorithm*, IlliGAL Rep. No. 95008, Illinois Genetic Algorithms Lab., University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, Ill.
- Knjazew, D. (2000), *Application of the Fast Messy Genetic Algorithm to Permutation and Scheduling Problems*, Dimitri Knjazew, IlliGAL Rep. No. 2000022, Illinois Genetic Algorithms Lab., University of Illinois at Urbana-Champaign, Urbana, Ill.
- Monganathansnan, V. and McDermott, G.E. (1998), Optimisation Model for Wastewater Strategic Planning, *Proceedings of the Sixth International Conference on Hydraulics in Civil Engineering, and Third International Symposium on Stormwater Management*; HydraStorm 98, September, Adelaide, Australia, pp. 27-30, 323-328.
- Reyna, S.M. (1993), *Optimal Planning of Sewer Systems Rehabilitation*, Ph.D. Dissertation, Purdue University, USA.
- Wu, Z.Y. and Simpson, A.R. (2001), Competent Genetic-Evolutionary Optimization of Water Distribution Systems, *Journal of Computing in Civil Engineering*, pp. 89-101.