

유전알고리즘을 이용한 암반 물성의 최적 평가에 관한 연구

홍창우^{1)*}, 전석원²⁾

Optimal Estimation of Rock Mass Properties Using Genetic Algorithm

Changwoo Hong and Seokwon Jeon

Abstract This paper describes the implementation of rock mass rating evaluation based on genetic algorithm(GA) and conditional simulation technique to estimate RMR in the area without sufficient borehole data. RMR were estimated by GA and conditional simulation technique with reflecting distribution feature and spatial correlation. And RMR determined by GA were compared with the results from kriging. Through the analysis of the results from 30 simulations, the uncertainty of estimation could be quantified.

KeyWords Rock mass properties, Genetic algorithm, Optimization, Geostatistics, Conditional simulation

초 록 터널이나 지하구조물의 건설시 필요한 지보의 설계는 보통 시추에 의한 지반조사결과에 기초하고 있다. 지반조사 자료가 부족한 지역에서의 암반 물성을 보다 객관적이고 추계학적(stochastic)으로 예측하기 위해 유전 알고리즘(genetic algorithm)과 조건부 모사 기법(conditional simulation)을 사용하였다. 지구통계학적 모델링의 방법으로 조건부 모사를 실시한 후에 공간상관관계의 최적화과정을 통해 암반 물성을 구하였다. 유전알고리즘을 이용할 경우 크리깅에 의한 분산의 감소 현상을 극복하고 확률적으로 값을 제시할 수 있었다. 또한 30번의 확률적 등가치(equi-probable) 모사를 통해 유전알고리즘으로 구한 값의 불확실성을 정량적인 확률분포 값으로 제시하였고, 교차검증(cross validation) 방법으로 유전알고리즘의 신뢰도를 검증하였다.

핵심어 암반 물성 추정, 유전알고리즘, 최적화, 지구통계학, 조건부 모사 기법

1. 서 론

암반분류는 암반을 유사한 거동을 보이는 몇 개의 그룹들로 분류하여 각 그룹의 특성을 이해하는데 필요한 기준을 제공하며, 공학적 설계를 위한 정량적 자료를 제공한다(Bieniawski, 1984). 암반분류를 통해 터널에서의 굴착과 보강설계가 이루어지며, 이러한 암반분류를 위해서 설계자는 터널 전 구간에 대한 시추공 자료와 노두조사 자료, 그리고 물리탐사결과 등을 이용한다. 그러나 시추공이나 노두 등을 통해 구한 암반 물성은 한 점에서의 값으로, 시추가 이루어지지 않은 미시추구간에서의 암반 물성을 객관적으로 결정하는 데는 어려움이 있다.

객관적인 암반 물성 추정을 위해 국내에서는 지시크리깅(indicator kriging)을 통하여 암반등급을 산정하는

연구(유광호, 2003)와 순차 지시 시뮬레이션(sequential indicator simulation)을 통해 RMR을 예측한 연구(류동우, 2003), 퍼지 기법과 인공신경망, 크리깅과 RST(random set theory)를 이용하여 암반물성을 객관적으로 추정하는 연구(전석원 등, 2004), SA(simulated annealing) 기법을 이용하여 RMR값을 예측한 연구(Hong & Jeon, 2003), 그리고 몬테카를로 시뮬레이션(Monte Carlo simulation)을 통해 RMR을 역산하고 이를 통해 암반사면의 안정성을 해석한 연구(최성용, 2004)가 있다. 국외에서는 Kim 등(1989, 1991)이 크리깅을 이용하여 지하 석탄평산에서 암반분류와 현지 암반의 불연속면 방향을 예측한 연구가 있고, 지층의 두께를 정규크리깅(ordinary kriging)과 지시크리깅을 이용하여 추정한 연구(Marinoni, 2003), 그리고 3차원 불연속망 구성을 위해 절리 길이를 예측한 연구(Billaux 등, 1989)가 있다.

이전 대부분의 연구는 Fig. 1에 나타난 지구통계학적 모델링의 과정 중 대부분 물성예측을 위해 크리깅을 이용하는 것이 대부분이었다. 전통적인 크리깅 기법은 오차분산을 최소화 하고 편향되지 않은 값을 예측하면서 주어진 자료를 그대로 재생해 낼 수 있는

¹⁾ 서울대학교 지구환경시스템공학부 박사과정

²⁾ 서울대학교 지구환경시스템공학부 부교수

* 교신저자 : qoch@rockeng.snu.ac.kr

접수일: 2005년 1월 17일

심사 완료일: 2005년 2월 22일

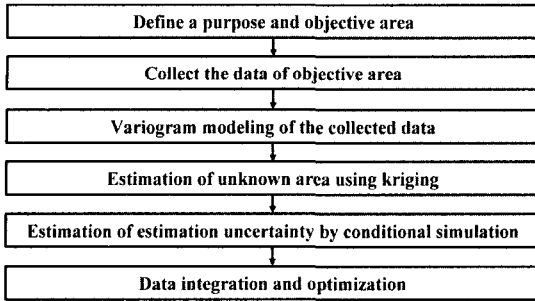


Fig. 1. Procedure of geostatistical modeling

특징이 있다. 그러나 자료의 분포 편차가 큰 경우에 크리깅을 통한 예측값들의 분산이 현저히 감소되는 경향이 있다. 또한 크리깅 기법은 물성값을 예측하는데 있어 결정론적인 성질을 가지고 있다. 즉, 같은 입력자료를 가지고 같은 공간상의 위치에 있는 지점의 값을 예측하면 항상 같은 결과가 나오게 된다(최종근, 2002).

본 연구에서는 조건부 모사 기법 중 순차 지시 시뮬레이션 기법을 이용하여 확률적으로 등기(equi-probability)인 여러 결과를 재생하고 이를 초기해로 사용하여 자료의 공간정보(spatial information)의 최적화 과정을 통해 암반 물성을 추정하였다. 최적화 방법에는 유전알고리즘을 사용하였으며, 베리오그램(variogram)을 사용하여 공간 상관관계를 최적화하는 목적함수를 만들었다.

토목분야에서 유전알고리즘을 사용한 연구로는 Simson and Priest(1993)가 절리밀도의 최대값과 최소값을 구하는 문제에 처음 유전알고리즘을 사용한 이후 Feng 등(2000)이 암반 변위를 예측하기 위한 암반계수를 추정하는데 유전알고리즘을 사용한 연구와 Queipo 등(2002)이 수압파쇄 설계를 위한 최적화 문제에 유전알고리즘을 적용하였다. Kemeny and Post(2003)는 절리 분석을 위한 화상처리기법에서 유전알고리즘을 사용하였으며, Hong and Jeon(2004)은 유전알고리즘을 이용하여 암반의 RMR을 추정하는 연구를 수행하였고, 그리고 Feng 등(2004)이 암반의 비선형 변위예측을 위해 유전알고리즘을 이용한 연구를 수행한 바 있다.

본 연구에서는 시추공에서 얻어진 자료를 입력자료로 하고 조건부 모사 기법과 유전알고리즘을 이용하여 미시추구간의 RMR(rock mass rating)을 추정하였고, 이 결과를 크리깅 결과와 비교하여 각 방법의 특징을 살펴 보았다. 또한 30번의 확률적 등가 모사를 통해 유전알고리즘으로 추정된 값의 정확성을 정량적으로 예측 하였다.

2. 유전알고리즘(GA) 기법

2.1 유전알고리즘의 기본 이론

유전알고리즘은 복잡계(complex system)에서 다차원 함수의 최적해를 찾아내는 탐색(heuristic method) 기법으로 Holland(1975)에 의해 처음 개발되었다(Goldberg, 1989; Mitchell, 1996). 유전알고리즘은 다윈의 진화이론과 적자생존의 원리에 따른 자연계에서의 선택원리와 유사한 기반을 가진 탐색 알고리즘이다. 유전알고리즘에서 하나의 염색체(chromosome)는 하나의 해(solution)를 의미하며, 유전알고리즘 연산자(GA operator)를 사용하여 여러 세대가 지나가는 동안 전체 염색체의 모집단에서 개개의 염색체의 품질이 서서히 향상되도록 한다. 스키마(schema)는 각각의 염색체 문자열(string) 내에서 우세한 형질을 가진 특정위치의 비트들(bits)로 스키마 이론(schema theorem)에 따라 세대를 거치면서 스키마의 크기가 점점 증가하며 전체 염색체의 적합도가 증가하게 되고 일정 시간이 지난 후 최적값을 찾아낸다(Holland, 1975).

2.2 유전알고리즘을 이용한 최적화 과정과 각 단계별 특징

일반적인 유전알고리즘은 초기에 임의의 염색체(해)를 생산한 후 이러한 모집단(population) 내에서 두 개의 부모해(parent chromosome)를 선택(selection)하고 교차(crossover)와 변이(mutation)을 거쳐 구해진 자식해로 모집단을 대체(replacement)하는 반복적인 과정을 거치면서 전체 모집단의 품질을 향상시킨다(Goldberg, 1989). 염색체의 설계도 1차원 이진수나 실수의 문자열(string) 형태를 지니게 되고, 교차 연산자 또한 1점 교차(one-point crossover)와 같은 단순한 형태를 사용한다. 그러나 문제의 형태가 커지게 되고 복잡하게 되면 이러한 단순 유전알고리즘으로는 최적화된 해를 원하는 시간 내에 찾아낼 수 없게 된다(문병로, 2003).

본 연구에서는 문제 해결의 효율성 증대를 위하여 혼합 유전알고리즘(hybrid GA)을 사용하였다. 혼합 유전알고리즘의 두 가지 형태인 Lamarckian과 Baldwinian 중 Lamarckian 혼합 유전알고리즘(Hinton and Nowlan, 1987)을 사용하고, 지역 최적화 알고리즘은 2-OPT(Lin and Kernighan, 1973)를 사용하였으며, 안정상태 유전알고리즘(steady-state GA) 형태로 전체를 설계하였다. 자세한 지구통계학적 모델링의 과정은 다음과 같고 이에 대한 순서도를 Fig. 2에 나타내었다.

① 문제의 해를 하나의 염색체로 디자인한다. 본 연구에서 다루는 암반의 물성은 크기를 비교하는 작업이므로 실수 인코딩(real encoding)을 사용하였으며, 2차원

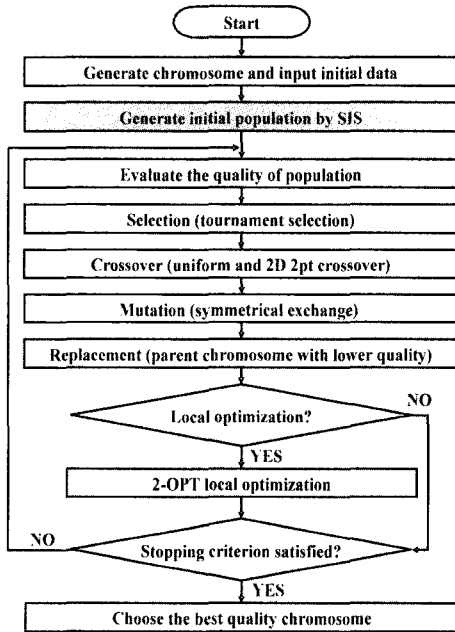
염색체를 고안하여 각각의 자료값이 가지는 공간 상관 관계를 보존하도록 하였다. 보통의 1차원 염색체의 경우 문자열(string) 중 하나의 노드(bit)가 좌우 2개의 노드와 연결된다. 이를 2차원으로 나타낼 경우 하나의 노드

드 주위에 상하좌우 4방향으로 노드가 존재하며 이를 1차원 형태로 표현하기 위해서는 Fig. 3에 나타난 것과 같은 형태가 필요하다. Fig. 3 (a)에서의 7번 노드를 살펴보면 2차원 염색체의 경우 2, 6, 8, 12번과 이웃한 관계에 있고 이를 1차원 형태로 나타내면 Fig. 3 (b)와 같은 형태를 지니고 있어야 한다. 이를 보통의 1차원 염색체로 표현하면 7번 노드는 6, 8번의 두 노드와 이웃하는 관계를 유지할 뿐, Fig. 3 (b)의 Δ 형태의 관계들은 모두 사라지게 된다. Fig. 2차원 염색체는 240개×40개의 노드로 이루어지도록 하였다.

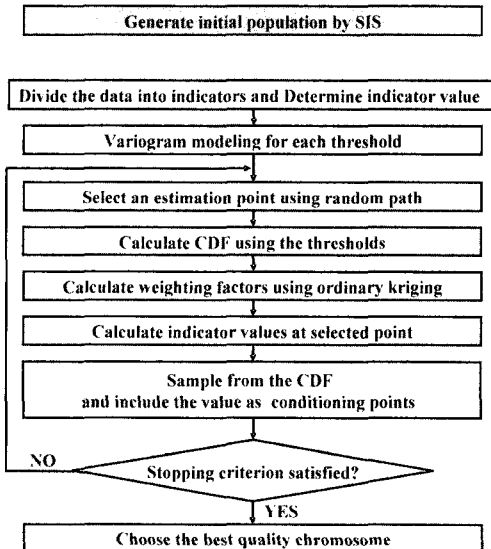
② 초기 염색체를 완성하여 전체 염색체의 집합을 만든다. 해석 대상 지역 전체를 염색체로 표현하였고 보어홀에서 얻어진 입력자료는 자료값이 존재하는 곳에서 가장 가까운 곳의 노드에 입력하였다. 자료값이 없는 지점에서는 입력 자료의 크기 분포를 만족하는 난수를 발생시키는 방법과 순차 지표 시뮬레이션(SIS)을 이용하여 초기해를 만드는 방법 2가지를 사용하였다.

③ 주어진 자료와 재생된 자료를 통해 실험적 베리오그램(experimental variogram)과 이론적 베리오그램(theoretical variogram)을 계산하여 목적함수의 초기값을 계산한다. 목적함수는 실험적 베리오그램과 이론적 베리오그램의 차의 제곱을 이론적 베리오그램으로 정규화한 값으로 정의하였다. 베리오그램의 계산에서 가로 방향과 세로방향의 베리오그램을 다르게 정의하여 방향에 따른 이방성을 고려하였다.

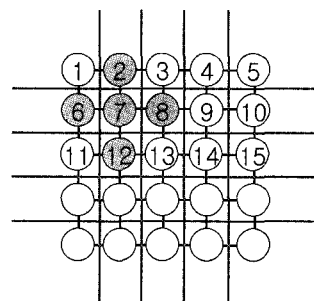
이를 식으로 나타내면 다음과 같다.



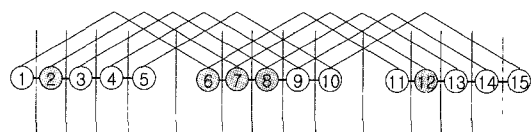
(a) Flow chart of geostatistical modeling using genetic algorithm



(b) Flow chart of sequential indicator simulation to determine a initial solution



(a) 2-dimensional chromosome



(b) Equivalent 1-dimensional chromosome form

Fig. 2. Flow chart of geostatistical modeling

Fig. 3. Comparison between 1D chromosome and 2D chromosome

$$O = \sum_x \frac{[\gamma_x^*(h) - \gamma_x(h)]^2}{\gamma_x^2(h)} + \sum_y \frac{[\gamma_y^*(h) - \gamma_y(h)]^2}{\gamma_y^2(h)} \quad (1)$$

여기서, $\gamma^*(h)$ 는 재생된 값의 실험적 베리오그램, $\gamma(h)$ 는 입력 자료의 이론적 베리오그램이고 첨자는 방향을 의미한다.

④ 선택연산자는 토너먼트 선택(tournament selection)

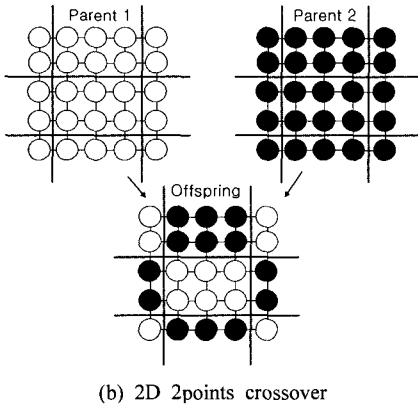
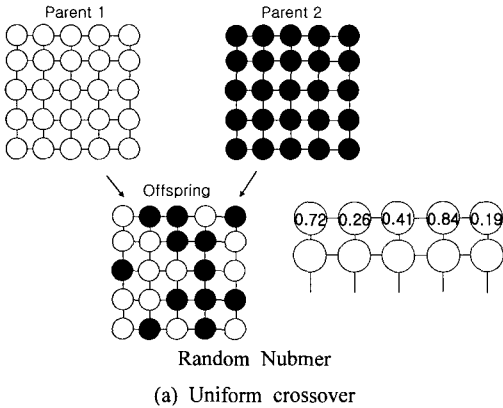


Fig. 4. Uniform crossover and 2D 2points crossover

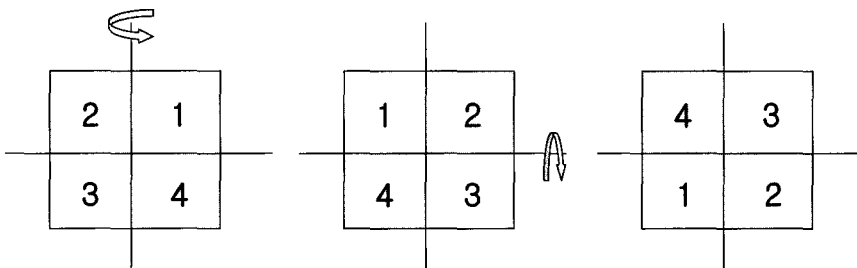


Fig. 5. Procedure of mutation operator

방법(Goldberg, 1989)을 사용하였고, 교차연산자는 균등교차(uniform crossover) 방법(Syswerda, 1989)과 2개의 가로선과 2개의 세로선에 의한 2차원 2점 교차방법을 혼용하였다. 균등교차는 각 노드에서 0과 1 사이의 난수를 발생시켜 임의의 기준값(본 연구에서는 0.5)보다 클 경우는 부모해 1에서 그 노드의 값을 취하고 기준값보다 작을 경우는 부모해 2에서 값을 취하는 방법이다. 교차 확률은 75%로 설정하였으며 교차연산의 방법을 Fig. 4에 나타내었다.

⑤ 변이연산자는 5%의 확률로 임의의 가로선과 세로선에 대해 대칭이동이 발생하도록 하였으며, 이에 대한 그림을 Fig. 5에 나타내었다.

⑥ 전체 세대가 500회 지날 때마다 2-OPT 지역 최적화 알고리즘이 1회 실시되도록 하였다. 2-OPT 알고리즘은 염색체 내에 2개의 임의의 노드를 선택하여 2개 값을 교환하고 적합도를 계산하는 과정을 반복하여 가장 높은 적합도를 가지는 교환방식을 채택하는 방법이다.

⑦ 대체연산자는 두 자식해 중 품질이 뛰어난 해가 부모해중 품질이 나쁜 해를 대체하게 하였다.

⑧ 전체 모집단 중 80% 이상의 염색체가 동일해질 때까지 ④ - ⑦의 과정을 반복하였다.

3. 해석결과

3.1 암반 물성의 추정

해석대상지역은 경부고속철도 13-4공구, STA. 373k110~378k440의 길이 5330 m, 심도 0~900 m의 구간으로 이 지역의 RMR 값에 대한 최적 추정을 실시하였다. 입력자료는 전체 터널구간 중 STA. 373k110~378k440에 해당하는 영역에서 실시한 9개의 시추공 조사자료에서 얻은 110개 지점의 물성값과 7개의 지표지질 조사자료(scanline survey)에서 얻은 382개의 조사자료, 그리고 물리탐사자료 중 전기비저항 탐사로 얻은 자료이다. 이 자료에 대해 22.3 m×22.0 m 간격을 가지는 격자(grid)를 생성하여 해석을 실시하였으며, 격자점의

총 개수는 9600개(240개×40개)였다. 실험적 베리오그램과 가장 잘 일치가 되는 이론적 베리오그램으로 구형 모델(spherical model)을 사용하였다. 이론적 베리오그램의 작성 결과 입력자료에 대한 nugget 값은 130, sill 값은 400, 그리고 range는 600 m로 나타났다. 기법에 따른 특징을 살펴보기 위해 유전알고리즘에 의한 결과와 크리깅에 의한 결과를 비교하여 살펴보았으며, 동일한 조건하에서 확률적으로 등가인 30회의 유전알고리즘을 이용한 모사를 이용하여 추정값의 분포와 이에 따른 불확실성을 살펴보았다. 유전알고리즘 결과는 30회의 결과 중 대표적인 1개의 결과만을 나타내었다.

RMR에 대해 크리깅으로 예측한 결과를 각각 Fig. 6에 나타내었으며, 유전알고리즘에 따른 결과를 Fig. 7에 나타내었다. 유전알고리즘에 의한 결과와 크리깅에 의한 결과를 비교해보면, 크리깅에 의한 결과의 경우 크리깅에 의해 분산이 급격히 감소하여 부드러운 곡선 형태로 등밀도선이 나타나며, 값의 변화가 심도에 따라 비교적 완만하게 나타난다. 또한 어떤 RMR 값 주위에는 그 값과 큰 차이를 보이는 자료가 존재하지 않아 자료가 균질한 분포를 보이게 된다. 유전알고리즘에 의한 결과는 전체적인 경향성은 크리깅에 의한 결과와 비슷하나 입력자료와 동일한 분포를 가지는 값들이 공간적으로 분산되어 나타나며, 이로 인해 자료의 불균질성이 표현되었다. 이러한 불균질성은 조건부 모사에 의한 값

을 공간상관관계의 최적화를 통해 산출한 것으로 보여 홀에서 구해진 자료의 공간상관관계를 만족시키는 값이다.

3.2 터널 계획고를 따른 암반 물성과 이의 신뢰도 평가

확률적으로 등가인 결과를 여러 번 생산하여 추정값의 불확실성을 살펴보기 위해 터널 계획고를 따라 유전알고리즘으로 추정된 RMR에 대한 대표적 3회 시행의 분포를 Fig. 8에 나타내었고, 총 30회 추정된 결과를 종합하여 Fig. 9에 나타내었다. Fig. 9의 어느 한 지점에서 왼쪽에 있는 점들은 30번 유전알고리즘 시행에 따른 추정값들로 이를 정규분포로 가정하여 분포곡선을 같이 나타내었다. 오른쪽에 있는 박스 그래프에서 x 표시는 30번 유전알고리즘 시행결과 나타난 최대, 최소값이고 누적분포 1%에서 99%까지를 박스 그래프의 수직선으로 나타내었다. 박스 그래프는 누적분포 25%에서 75% 구간을 나타내며, 가운데 점은 평균값을 나타낸다. 이러한 확률적 등가 모델에 의한 모사의 반복 시행으로 얻은 결과 중 터널 계획고를 따른 RMR 값과 이의 분산, 그리고 확률적 신뢰구간을 Table 1에 나타내었다. 분산이 작은 구간은 그만큼 추정값의 신뢰도가 큰 것으로 분산이 큰 구간은 추정값의 신뢰도가 떨어진다고 볼 수 있으며, 90% 신뢰구간, 또는 다른 확률을 가지는 신뢰구간을 설정하여 설계자의 판단에 따라 설계에 반영

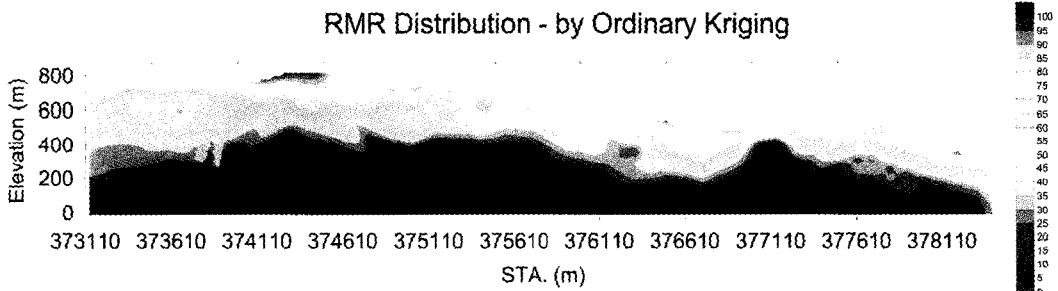


Fig. 6. Contour map of RMR distribution using kriging

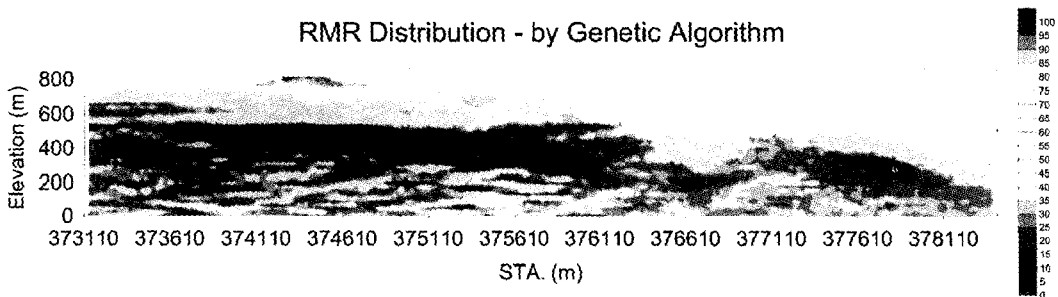


Fig. 7. Contour map of RMR distribution using genetic algorithm

할 수 있을 것으로 판단된다. 매번의 유전알고리즘 시행결과 Fig. 8과 같은 결과가 하나씩 나타나게 되며, 설계자는 이러한 결과들을 종합한 Fig. 9와 Table 1에 나타난 결과를 이용할 수 있을 것이다.

유전알고리즘에 의한 신뢰도 평가를 위해 크리깅에서의 교차검증(cross validation)과 같은 방법으로 추정값의 정확성을 살펴보았다. 교차검증이란 실제 RMR의 값이 있는 지점에서 이 값이 존재하지 않는 것으로 가정하여 추정을 실시하고 이를 원래 존재하던 참값과 비교하는 방법으로 추정방법의 신뢰도가 증가할 수록 참값과 추정값의 오차가 사라져 원점을 지나고 기울기가 1인 직선 주위에 점들이 분포하게 된다. 실제 교차검증 결과를 Fig. 10에 나타내었다. 상관계수(coefficient of variation)는 0.948로 추정값과 실제 참값이 거의 유사한 것을 알 수 있다. 실제 터널이 시공되면서 주변 암반의 물성값을 조사한 자료가 있을 경우 더 좋은 신뢰도 평가가 가능하나 비용문제로 시공 중 물성을 다시 측정할 자료가 존재하지 않아 시추공에서의 100개의 자료를 모르는 것으로 가정하고 해석을 수행하였다.

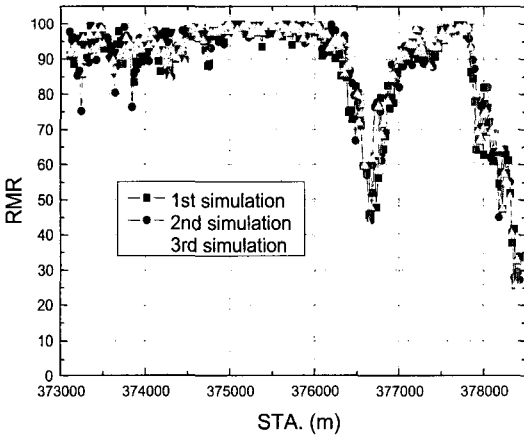


Fig. 8. Three estimation results of RMR values in the planned tunnel area

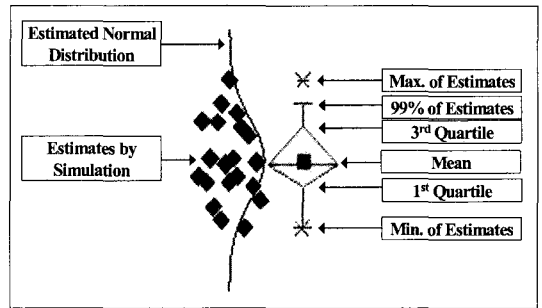
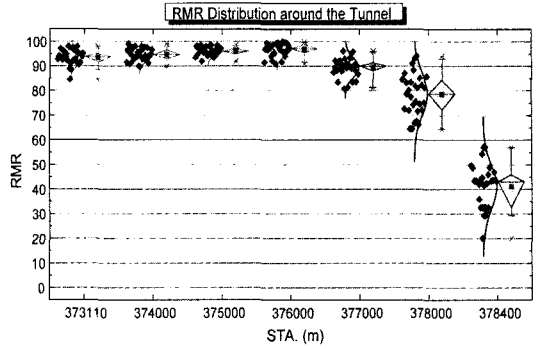


Fig. 9. Box chart and probability distribution function of RMR distribution in the planned tunnel area using genetic algorithm and explanation of each item

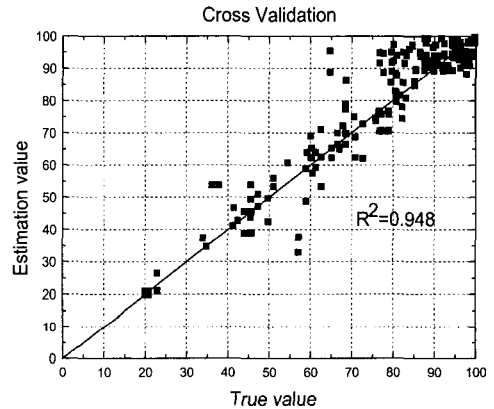


Fig. 10. Cross validation of RMR values in order to verify the reliability of estimation

Table 1. Confidence interval of RMR in the planned tunnel area

Property	STA.	373110	374000	375000	376000	377000	378000	378400
RMR	Mean(μ)	93.42	94.66	96.07	96.73	89.33	78.50	41.07
	SD(σ)	3.02	2.56	1.71	2.59	3.82	8.36	8.71
	Confidence interval (90%)	89.55 - 97.28	91.38 - 97.94	93.87 - 98.26	93.42 - 100	84.43 - 94.22	67.80 - 89.19	29.92 - 52.23
	Kriging value	90.54	92.47	93.46	81.07	81.01	64.75	36.14

4. 결 론

지반조사 자료가 부족한 지역에서의 암반 물성을 보다 객관적으로 추정하기 위해 체계화적인 유전알고리즘 기법을 이용하였다. 이에 대한 결론은 다음과 같다.

- 1) 크리깅과 같은 결정론적인 방법에서 벗어나 유전알고리즘 기법을 이용하여 특정 지역의 RMR 대표값을 제시하고, 만족할만한 불균질성을 가지면서 입력 자료의 크기 분포와 공간적 상관관계를 만족시키는 암반 물성을 예측할 수 있었다.
- 2) 30번의 확률적 등가인 모사(simulation) 결과를 비교하여 원하는 특정 지역에서의 추정값을 확률의 형태로 제시할 수 있었으며 이러한 추정값의 불확실성과 신뢰구간을 정량화 할 수 있었다. 따라서 설계자가 이를 의사결정의 도구로 활용할 수 있으리라 생각된다.
- 3) 추정값의 신뢰도 검증을 위해 교차검증을 실시하였다. 원래의 참값과 추정한 값의 상관계수가 0.948로 추정값의 신뢰도를 확인하였다.

사 사

본 연구는 한국과학재단 목적기초연구(R01-2003-000-10230-0)지원으로 수행되었음.

참고문헌

1. 류동우, 김택곤, 허종석, 2003, RMR의 불확실성 모델링을 위한 지구통계학적 시뮬레이션 기법에 관한 연구, 터널과 지하공간, 13.2, 87-99.
2. 문병로, 2003, 유전알고리즘, 두양사, 103-106.
3. 유광호, 2003, 터널 설계를 위한 암반등급 산정 기법에 관한 연구, 한국지반공학회논문지, 19.5, 319-326.
4. 전석원, 박의섭, 박병기, 홍창우, 이희광, 2004, 지하구조물 최적설계를 위한 암반물성 통합평가시스템의 개발, 건설핵심기술연구개발사업 연구보고서, 건설교통부.
5. 최성용, 정소걸, 2004, Monte Carlo Simulation 기법을 이용한 RMR의 역산 및 그에 의한 암반시면의 안정성 분석, 터널과 지하공간, 14.2, 97-107.
6. 최중근, 2002, 공간정보모델링, 구미서관, 161-163.
7. Bieniawski, Z.T., 1984, Rock mechanics design in mining and tunneling, A.A. Balkema, Rotterdam, 97-136.
8. Billaux, D., Chiles, J.P., Hestir, K. and Long, J., 1989, Three-dimensional statistical modelling of a fractured rock mass—an example from the Fanay-Augères mine, *International Journal of Rock Mechanics and Mining Science & Geomechanics Abstracts*, 26.3-4, 281-299.
9. Feng Xia-Ting, Zhang Zhiqiang and Sheng Qian, 2000, Estimating mechanical rock mass parameters relating to the Three Gorges Project permanent shiplock using an intelligent displacement back analysis method, *International Journal of Rock Mechanics and Mining Sciences*, 37.7, 1039-1054.
10. Feng Xia-Ting, Zhao Hongbo and Li Shaojun, 2004, Modeling non-linear displacement time series of geo-materials using evolutionary support vector machines, *International Journal of Rock Mechanics and Mining Sciences*, 41.7, 1087-1107.
11. Goldberg, D.E., 1989, Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning. Addison-Wesley Publishing Company Inc., Reading, Massachusetts.
12. Holland, J.H., 1975, Adaptation in natural and artificial systems: An introductory analysis with applications to biology, control, and artificial intelligence, University of Michigan Press, Ann Arbor, Michigan.
13. Hong, C. and Jeon, S., 2003, Optiaml Estimation of Rock Joint Characteristics Using Simulated Annealing Technique - A Case Study, *International Symposium on the Fusion Technology of Geosystem Engineering, Rock Engineering, and Geophysical Exploration*, Seoul, Korea, 78-82.
14. Hong, C. and Jeon, S., 2004, Optiaml Estimation of Rock Mass Parameters Using Genetic Algorithm and Conditional Simulation, *EUROCK 2004 & 53rd Geomechanics Colloquium*, Salzburg, Austria, 483-486.
15. Hinton, G. and Nowlan, S., 1987, How learning can guide evolution, *Complex Systems*, 1, 495-502.
16. Kemeny J. and Post R., 2003, Estimating three-dimensional rock discontinuity orientation from digital images of fracture traces, *Computers & Geosciences*, 29.1, 65-77.
17. Kim, Y.C., Cervantes, J.A. and Farmer, I.W., 1989, Predicting rock falls in an underground coal mine using discriminant analysis and geostatistics, *Proc 7th Annual Workshop Generic Mineral Technology Center Mine Systems Design and Ground Control*, Blacksburg, 95-104.
18. Kim, Y.C., Cervantes, J.A. and Farmer, I.W., 1991, Predicting rock falls in an underground coal mine using discriminant analysis and geostatistics, *International Journal of Rock Mechanics and Mining Science & Geomechanics Abstracts*, 28.2-3, A117.
19. Lin, S. and Kernighan, B., 1973, An effective heuristic algorithm for the travelling salesman problem, *Operations Research*, 21.4958, 498-516.
20. Marinoni, O., 2003, Improving geological models using a combined ordinary - indicator kriging approach, *Engineering Geology*, 69.1-2, 37-45.
21. Mitchell, M., 1996, An introduction to genetic algorithms, The MIT Press, Cambridge, Massachusetts.
22. Queipo Nestor V., Verde Alexander J., Canelon Jose and Pintos Salvador, 2002, Efficient global optimization for hydraulic fracturing treatment design, *Journal of Petroleum Science and Engineering*, 35.3-4, 151-166.
23. Simpson Angus R. and Priest Stephen D., 1993, The application of genetic algorithms to optimisation problems in geotechnics, *Computers and Geotechnics*, 15.1, 1-19.
24. Syswerda, G., 1989, Uniform crossover in genetic algorithms, *International Conference on Genetic Algorithms*, 2-9.



홍창우

1999년 서울대학교 공과대학 자원공학과
공학사
2001년 서울대학교 대학원
지구환경시스템공학부 공학석사

Tel: 02-880-9304

E-mail: qoch@rockeng.snu.ac.kr

현재 서울대학교 지구환경시스템공학부
박사과정



전석원

1987년 서울대학교 공과대학
자원공학과 공학사
1989년 서울대학교 대학원 자원공학과
공학석사
1996년 미국 아리조나 주립대학
공학박사

Tel: 02-880-8807

E-mail: sjeon@snu.ac.kr

현재 서울대학교 지구환경시스템공학부
부교수