

# 유전자 알고리즘을 이용한 한국형 미사일 방어체계 최적 배치에 관한 연구

윤승환<sup>1)</sup> · 김수환<sup>\*,2)</sup>

<sup>1)</sup> 52사단 212연대 2대대 작전과장

<sup>2)</sup> 국방대학교 군사운영분석과

## A Study on the Optimal Allocation of Korea Air and Missile Defense System using a Genetic Algorithm

Seunghwan Yunn<sup>1)</sup> · Suhwan Kim<sup>\*,2)</sup>

<sup>1)</sup> 2nd Battalion, 212nd Regiment, 52nd Division, Korea

<sup>2)</sup> Department of Military Operations and Research, Korea National Defense University, Korea

(Received 20 January 2015 / Revised 28 October 2015 / Accepted 27 November 2015)

### ABSTRACT

The low-altitude PAC-2 Patriot missile system is the backbone of ROK air defense for intercepting enemy aircraft. Currently there is no missile interceptor which can defend against the relatively high velocity ballistic missile from North Korea which may carry nuclear, biological or chemical warheads. For ballistic missile defense, Korea's air defense systems are being evaluated. In attempting to intercept ballistic missiles at high altitude the most effective means is through a multi-layered missile defense system. The missile defense problem has been studied considering a single interception system or any additional capability. In this study, we seek to establish a mathematical model that's available for multi-layered missile defense and minimize total interception fail probability and proposes a solution based on genetic algorithms. We perform computational tests to evaluate the relative speed and solution of our GA algorithm in comparison with the commercial optimization tool GAMS.

Key Words : Set Covering(집합 덮개), Genetic Algorithm(유전자 알고리즘), Air and Missile Defense(대공방어)

### 1. 서론

대한민국과 대치중인 북한은 다양한 비대칭 전력을

보유하고 있으며 대표적인 것이 탄도미사일이다. 또한 이러한 탄도미사일에 탑재하여 공격할 수 있는 화학, 생물학 무기도 다량 보유하고 있으며 핵탄두 또한 수기를 확보한 것으로 알려져 있다. 현재 대한민국의 방공전력의 주력인 패트리어트 PAC-2로는 엄청난 속도로 낙하하는 탄도미사일을 요격하기 어렵고 요격에 성

\* Corresponding author, E-mail: kshwan@kndu.ac.kr  
Copyright © The Korea Institute of Military Science and Technology

공한다고 하더라도 생화학 무기를 탑재한 북한의 탄도미사일이 저고도에서 폭발한다면 그 효과는 지상에서 폭발한 것과 다를 것이 없을 것이다. 따라서 고고도 요격무기의 요구가 증대되었고, 최근 대두된 것이 KAMD의 구축이다. KAMD는 최초로 비교적 짧은 한반도 중심을 고려하여 저고도 위주의 방어망 구축으로 논의 되었으나, 북한의 탄도미사일 위협에 효과적으로 대응하기 위해 다층 방어의 개념으로 결정되면서 고고도부터 요격을 시도하는 체계로 구축될 예정이다.

미사일 방어(MD : Missile Defense)는 적의 탄도미사일이 발사되어 아군의 목표물에 탄착되기 전에 요격 미사일로 요격하는 것이다. 탄도미사일이 발사되고 난 후 추진제 연소 종료 시까지 수분 내에 요격하는 추진단계(Boost Phase) 방어, 연소 종료 후 미사일 탄두가 대기권 밖에서 비행하는 동안 요격하는 중간단계(Mid-course Phase) 방어, 그리고 미사일이 대기권으로 재진입하여 목표물에 탄착되기 전에 일정 고도에서 요격하는 종말단계(Terminal Phase) 방어로 구분하고, 종말단계의 요격은 요격고도에 따라 통상 고도 40 km를 기준으로 상층방어와 하층방어로 나눌 수 있다<sup>2)6)</sup>.

KAMD는 한반도의 짧은 중심을 고려할 때 종말단계의 방어체계를 구축예정이며, 요격 단계별 구성은 다음과 같다. 종말단계 하층방어의 구성은 패트리어트 PAC-3 미사일과 중거리 지대공 미사일 M-SAM(Medium-range Surface-to-Air Missile)이다. 하층방어 자산으로 대표되는 패트리어트 요격 체계는 현재 항공기 방어가 가능한 PAC-2 미사일이 전력화 되어 있으며, 탄도미사일 방어가 가능한 PAC-3가 도입될 예정이다. 또한 군이 M-SAM급인 철매-II를 탄도미사일 요격이 가능하도록 개량하고 있어 하층단계에서 2종류의 요격 무기 체계가 배치될 것으로 예상된다.

종말단계 상층방어에서는 미국의 종말단계 고고도 요격미사일인 사드(THAAD : Terminal High Altitude Area Defense) 도입이 논의되었으나, 대등한 요격 능력의 장거리 지대공 미사일 L-SAM(Long-range Surface-to-Air Missile)을 국내 개발하기로 최종 결정되었다. 사드는 사거리 200 km, 요격고도는 최대 150 km로 탄도미사일이 최고속도에 다다르기 이전의 종말단계 고고도에서 요격을 시도하므로 요격확률이 상당히 높은 것으로 알려져 있다. 사드급의 요격 미사일이 전력화 된다면 상층방어에서 뛰어난 방어 효과를 나타낼 수 있을 것으로 예상된다.

군이 L-SAM과 M-SAM을 국내 개발하고, 요격고도

15 km 내외의 탄도미사일 요격이 가능한 패트리어트 PAC-3를 도입하여 실전배치 한다면 KAMD는 사드급 고고도 미사일 방어체계 L-SAM으로부터 PAC-3에 이르는 3중 요격체계를 구축하게 될 예정이다. 따라서 본 연구에서는 도입 혹은 개발이 예정된 탄도미사일 요격체계를 토대로 미사일 다층 방어체계 구축을 위한 미사일 요격 무기 최적 배치 모형을 지역 담당(Set covering) 모형을 활용하여 수리모형으로 수립하고 유전자 알고리즘을 이용한 해법을 제시함으로써 차후 구축될 KAMD의 최적 배치 모형을 제시하고자 한다.

Set covering 문제는 주어진 지역 내에 분포되어 있는 고객들에게 서비스할 설비 수와 위치를 수리적 방법으로 결정하기 위하여 개발되었다. Set covering 문제는 모든 고객이 최소한 하나 이상의 설비로부터 담당 되도록 모형이 구성된다<sup>14)</sup>.

본 연구는 기존의 탄도미사일 방어 모형 연구사례를 살펴보고 이를 바탕으로 3중 요격체계에 맞는 수리모형을 구축한다. 이에 대한 해법으로 유전자 알고리즘을 제시하고 상용 최적화 툴인 GAMS의 결과 비교를 통해 알고리즘의 우수성을 증명한다.

## 2. 기존 연구 분석

기존의 요격 미사일 배치 문제는 set covering 문제를 이용한 배치모형이 주로 제시되었다. 김성인<sup>3)</sup>은 한정된 예산과, 설비 수를 가지고 고객을 담당할 확률의 합을 최대화하는 설비위치 결정을 위한 set covering 문제를 제시하였고, 김영휘 등<sup>5)</sup>은 처음으로 set covering 문제를 패트리어트 미사일 배치에 적용하였는데, 각 고객을 방어해야 할 아군의 방어목표로 설정하고, 아군 목표가 방어될 확률의 합을 최대화하기 위하여 패트리어트를 어느 위치에 어떤 주사격 방향으로 설치할 것인가를 결정하는 모델을 제시하였으며 분지 한계기법으로 최적의 위치를 결정하였다.

김승빈 등<sup>4)</sup>은 패트리어트로 기존 탄도미사일 방어와 항공기 방어를 모두 고려하는 모형을 제시하고 CPLEX를 사용하여 미사일 기지의 최적배치와 방향을 결정하는 모델을 제시하였고, 이상현<sup>10)</sup>은 병렬 신뢰도 모형을 이용하여 항공기 방어가 가능한 기 배치된 호크(Hawk)전력을 고려하여 차기 대공무기 패트리어트(SAM-X) 배치 후보지 결정을 위해 Simulated annealing 기법을 사용하였다.

정인철 등<sup>[10]</sup>은 partial set covering 문제를 이용하여 미사일 방어를 위한 해군의 KDX함정 최적배치모형을 제시하였고, 공자와 방자의 입장을 동시에 고려한 모델링을 실시하였고, 광기훈<sup>[1]</sup>은 기지별 발사되는 미사일 수량을 고려하여 배치되는 미사일 기지의 위치 뿐만 아니라 방어 규모를 포함한 모델링을 실시하고 유전자알고리즘에 기초한 복합-휴리스틱 알고리즘을 이용하여 최적 배치 해법을 제시하였다.

정치영 등<sup>[11]</sup>은 적 항공기 및 스커드 미사일 격추확률 산출절차를 새롭게 제시하고, 적 지역에 위치한 비행기와 스커드기지에서 아군 Target에 대해 항공기와 스커드로 공격한다고 가정 할 때 적 항공기 및 미사일을 요격시킬 수 있는 격추확률을 최대로 하는 최적의 배치위치를 결정하는 모형을 수립하였다.

기존 연구된 미사일 방어 모형에서는 다중 요격 개념이 아닌, 주로 단일 요격 무기체계인 패트리어트 배치가 연구되었다. 본 연구에서는 요격 임무를 고도별로 분리하고 모든 탄도미사일이 3중 요격체계에 의해 요격이 가능한 탄도 미사일 방어 모형을 구축하고자 한다.

### 3. 수리 모형 구축

#### 3.1 모형 수립을 위한 가정

KAMD는 현재 구축이 논의되고 있는 시점으로, 다중 요격이라는 기본 개념에 의거 요격 고도별 3중 요격 무기체계로 구축된다고 가정한다. 각 요격체계는 현재 개발 및 도입 예정이므로 제원은 동종 무기체계를 참고로 임의로 설정한다. 또한 수리 모형 수립을 위해 아래와 같이 몇 가지 가정을 한다.

- 가. 사전 정보 획득을 통해 북한 탄도 미사일 기지별 공격목표를 알고 있다.
- 나. 각 고도별 요격무기체계는 수직발사가 가능하며 지향방향은 요격성능에 영향을 미치지 않는다.
- 다. 배치될 요격 무기체계는 지형, 접근성, 방호 제공 등 전술적 조건에 따라 일정수의 배치 후보지가 선정되어 있다.
- 라. 요격 무기체계는 1개 포대가 요격을 시도하는 것을 1회 요격으로 간주해 포대별 확률을 부여한다.
- 마. 차후 모형 활용에 있어서 탄도 미사일에 대한 각 무기체계별, 배치 위치별 요격확률은 시험평가 자

료를 바탕으로 산출이 완료된 데이터 사용이 가능하다.

본 연구에서는 구성하는 무기체계가 아직 개발단계 혹은 도입단계로써 정확한 요격제원산출이 제한되므로 요격확률에 영향을 미칠 수 있는 탄도 미사일의 속도, 요격 위치 등 공학적 요소 등을 배제하고 임의 방식으로 요격확률을 산출한다.

#### 3.2 탄도 미사일의 비행 궤적과 요격확률 산출

탄도미사일의 비행궤적을 김홍섭 등<sup>[7]</sup>의 연구를 바탕으로 도출하여 종말단계에서 각 요격무기들의 담당 고도별 탄도미사일의 위치와 각 후보지들로부터 요격 거리를 산출하여 요격확률을 부여한다.

유사시 북한이 한반도 전장에서 사용할 것으로 예상되는 탄도 미사일로는 사거리가 300~500 km에 달하는 Scud-B/C 미사일과 사거리가 1,000 km인 노동 미사일이 있으며, 현재 약 600여기의 Scud-B/C 미사일과 약 200여기의 노동 미사일을 보유하고 있다<sup>[6,8]</sup>. 따라서 본 연구의 대상 탄도 미사일은 앞서 소개한 3종류의 미사일로 한정한다.

$x$ 를 탄도미사일의 수평이동거리,  $y$ 를 탄도미사일의 이동거리에 따른 고도라고 하면 탄도미사일 궤적을 (1)과 같은 2차 회귀식으로 표현할 수 있다<sup>[7]</sup>.

$$y = Ax^2 + Bx + \epsilon \tag{1}$$

발사 위치와 목표물간의 거리 즉, 사거리를 S라고 하면 파라미터 A와 B는 식 (2)와 같이 표현되며 그 파라미터는 Table 1과 같다<sup>[7]</sup>.

$$A \text{ or } B = \alpha \times \exp(\beta \times S) + \gamma \times \exp(\delta \times S) \tag{2}$$

Table 1. Parameters of A and B

구분		$\alpha$	$\beta$	$\gamma$	$\delta$
Scud-B	A	-0.0974	-0.0262	-0.0215	-0.006
	B	2.75	-0.0323	2.27	-0.00246
Scud-C	A	-0.0955	-0.0208	-0.0177	-0.00435
	B	2.457	-0.023	2.48	-0.00174
노동	A	-0.0152	-0.0062	-0.00426	-0.00149
	B	41.44	-0.0164	1.797	-0.00059

현 방공무기체계인 PAC-2의 시험평가 자료<sup>[12]</sup>에 따르면 탄도미사일이 포대로부터 거리 00~00 km, 고도 00~00 km 교전공간(Kill Box)내에 위치할 때만 격추확률을 부여할 수 있다. 이에 따라 본 연구에서도 사거리 및 요격고도에 따라 격추가능여부를 판단하며 각 요격무기체계별 최적요격고도 및 사거리는 Table 2와 같이 가상으로 설정한다.

Table 2. Missile capabilities

구분		요격고도(km)	사거리(km)
하층방어	PAC-3	10~30	10~50
	M-SAM	30~50	30~90
상층방어	L-SAM	50~90	60~120

(1)식과 Table 2의 가상 제원을 바탕으로 북한의 탄도미사일과 타격 목표간의 비행 궤적을 산출하면 Fig. 1과 같이 각 요격 단계별 탄도 미사일의 위치를 알 수 있다.

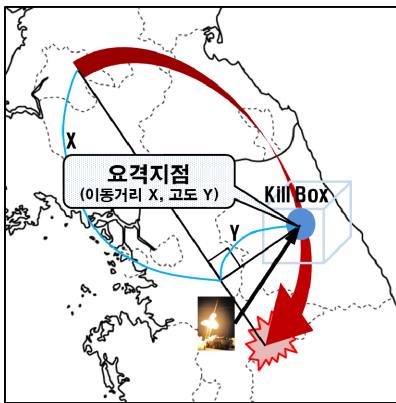


Fig. 1. Calculating the intercept point

이를 바탕으로 본 연구에서는 가상으로 각 요격 무기체계별 일정사거리와 요격고도 범위내에서 가능한 요격에 대해 격추 확률을 부여하였다. 요격 확률 산출 방식은 다음과 같다. 각 요격 무기체계별 요격이 가능한 공간 즉, 일정 사거리와 고도의 범위를 Kill Box라 정의하고, Box의 중심을 최적요격지점이라 하면 최적 요격 지점에서의 최대 요격률을 각 무기체계별 동일하게 80 %로 설정하고 Fig. 2와 같이 요격이 실시되는 지점과 요격무기의 발사지점과의 거리에 따라

요격확률은 감소하고 거리차 1 km당 요격확률은 1 % 감소하는 것으로 가정한다.

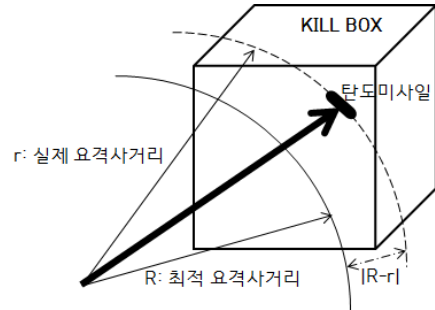


Fig. 2. Range of intercept

이에 따라 요격확률을  $p_{intercept}$ , 어느 무기체계의 최적 요격지점에서의 사거리를  $R$ , 어느 후보지에서 어느 탄도 미사일에 대한 요격 사거리를  $r$ 로 정의 하고 어느 요격 무기체계의 사거리 범위를  $a \sim b$  km라고 하면 산출식은 다음과 같다.

$$p_{intercept} = 0.8 - \{|R - r|/100\}, \quad a \leq r \leq b$$

위의 산출식을 토대로 요격 확률 파라미터를 생성하여 모형 수립에 활용하였다.

### 3.3 최적 배치 수리 모형

본 모형은 각 요격무기체계의 도입된 수량이 한정되어 있고, 각 후보지별로 1개 포대 이상이 배치될 수 없다는 제약하에, 모든 북한의 탄도미사일에 대해 각 요격고도별 1개 포대 이상의 요격무기체계가 요격을 실시하도록 배치한다. 이때, 모든 북한의 탄도미사일에 대해 현실적으로 100 % 요격은 불가능하므로 요격이 실패 할 확률을 최소화 하는 배치를 실시한다.

#### Indices

- s 북한 탄도미사일 공격계획
- i 아 요격무기체계(PAC-3=1, M-SAM=2, L-SAM=3)
- c 요격무기체계 배치 후보지

#### Sets

- S 북한 탄도미사일 공격계획 집합  $s \in S$
- C 무기체계 배치 후보지 집합  $c \in C$
- I 아군 요격무기체계의 집합  $i \in I$

Parameters

- $m_i$  각 무기체계의 전력화된 수량(단위 : 포대)  $i \in I$
- $p_{sci}$  북한 탄도미사일 공격계획  $s$ 에 대해 후보지  $c$ 에서 무기체계  $i$ 가 배치될 경우, 요격확률  $s \in S, c \in C, i \in I$
- $k_{sci}$  북한 탄도미사일 공격계획  $s$ 에 대해 후보지  $c$ 에서 무기체계  $i$ 가 배치될 경우, 요격 가능하면 1 아니면 0

Decision Variable

$x_{ci}$  후보지  $c$ 에 무기체계  $i$ 가 배치되면 1 아니면 0

Objective function

$$Min Z = \sum_{s \in S} \left\{ \prod_{c \in C} \prod_{i \in I} (1 - p_{sci})^{x_{ci}} \right\} \quad (3)$$

Subject to

$$\sum_{i \in I} x_{ci} \leq 1, \forall c \quad (4)$$

$$\sum_{c \in C} x_{ci} \leq m_i, \forall i \quad (5)$$

$$\sum_{c \in C} k_{sci} x_{ci} \geq 1, \forall s, i \quad (6)$$

모든 적 탄도미사일 공격계획  $s$ 에 대한 요격 실패확률은 어느 후보지에 배치된 어떠한 무기체계로도 요격되지 않을 확률이므로 목적식은 식 (3)과 같이 표현되고, 제약식으로 식 (4)는 각 후보지에는 1개 포대이상 배치될 수 없고, 식 (5)는 각 요격 무기체계가 전력화된 수량 내에서 배치되어야 하며, 식 (6)은 적 탄도미사일은 요격 고도에 따라 3중체계가 각각 1회 이상 요격이 담당 되도록 한다.

4. 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 다윈의 진화론에서 영감을 얻어 고안한 발견적 기법으로 유전적 진화과정을 모방한 연산을 통해 해를 개선시켜 나가며 근사해를 찾는다<sup>15)</sup>. 일반적으로 복잡한 대규모 문제의 해법으로 잘 알려졌다. 특히나, 본 문제와 같은 set covering 문제는 NP-

complete문제로 대규모 문제에 있어서는 최적해를 구하기가 어려워 휴리스틱해법이 근사해를 얻으면서도 연산 시간을 크게 단축하여 이 분야의 연구가 꾸준히 수행되어왔다. 본 연구에서는 유전자 알고리즘을 이용한 미사일 방어체계 최적배치 해법을 제시하고자 한다.

4.1 염색체의 표현

본 모델의 해 즉, 결정변수는 어느 후보지에 어느 요격무기체계가 배치될 것인가? 하는 것이다. 따라서 염색체(chromosome)은 1차원 배열로 표현하며 후보지의 수만큼 유전자의 빈칸을 생성한 다음 PAC-3를 “1”, M-SAM을 “2”, L-SAM을 “3”으로 표현하고 배치되지 않으면 “0”으로 표기하여 각 후보지에 각 요격무기체계의 수량 내에서 Fig. 3과 같이 랜덤하게 배치한다.

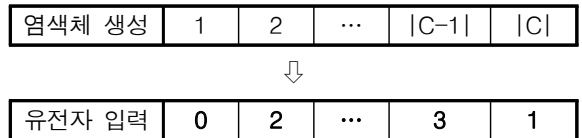


Fig. 3. Encoding

4.2 알고리즘 수행 절차

본 알고리즘의 유전자는 어느 후보지에 어느 종류의 요격무기체계가 배치되는지에 대한 정보가 있으므로 교차, 변이 시 무기체계별 수량 제약에 맞는 개선(repair)이 필요하다. 전반적인 알고리즘의 진행과정은 Fig. 4와 같다.

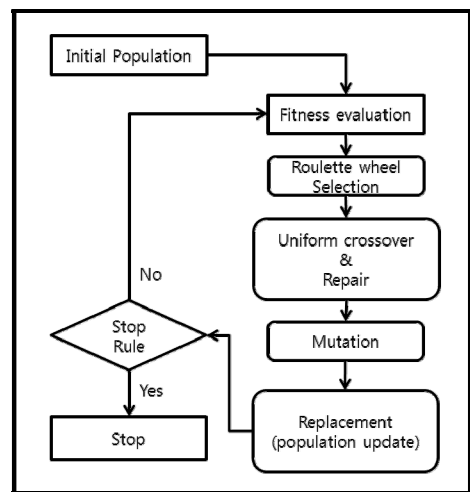


Fig. 4. Flow chart of genetic algorithm

4.3 초기 모집단(Initial population) 생성

초기 모집단은 해의 다양성을 보장하기 위해 각 후보지에 배치되는 무기체계의 종류는 랜덤방식으로 생성한다. 또한 각 개체를 생산 시에 다음과 같은 휴리스틱 룰에 의해 생성한다.

유전자 알고리즘의 속도와 유전자의 우수성을 보장하기 위하여 요격이 가능한 무기체계를 우선 배치하도록 유전자 정보를 입력한다. 가령, 후보지 3번에 PAC-3가 배치되었을 때, 요격 가능한 탄도미사일이 없다면 PAC-3는 3번 후보지에 배치될 필요가 없을 것이다. 따라서 이러한 경우를 제외하고 해당 후보지에서 요격이 가능한 무기체계 종류만 고려하여 랜덤하게 배치함으로써 초기 유전자의 우수성을 보장가능하고, 유전자 진화과정에서도 알고리즘의 성능을 보장할 수 있다.

4.4 적합도 함수(Fitness function)

본 연구에서는 각 탄도 미사일이 요격 실패할 확률을 최소화하는 문제이므로, 유전자의 우수성을 결정하는 적합도 함수는 앞서 제안한 수리모형에서 목적식 식 (3) 값의 역수를 사용한다. 따라서 목적식의 값이 클수록 적합도는 낮아진다.  $j$ 를 모집단을 이루는 각 염색체라고 하면 적합도 함수  $F_j$ 는 다음과 같이 표현할 수 있다.

$$F_j = \frac{1}{\text{objective function value}}$$

목적식의 값과 적합도 함수값은 반비례관계에 있으므로 만약 3중 요격이 불가능한 해 즉, 어느 북한 탄도 미사일에 대해 세 종류의 요격 무기체계 중 어느 하나라도 요격이 불가능한 경우가 포함된 해(요격 확률이 0인 경우)라면 해당 탄도 미사일에 대한 요격 실패 확률이 증가하게 되고 적합도 함수값은 낮아진다. 따라서 이러한 해들은 진화과정에서 자연스럽게 도태되고 세대가 거듭될수록 최소 3중 요격이 가능한 해들로 진화하게 된다.

4.5 선택(Selection)

적합도 함수값이 높은 비율만큼 선택될 확률이 높은 룰렛휠(Roulette wheel)방식을 적용한다. 선택 확률  $P_{selection}$ 은 다음과 같이 표현된다.

$$P_{selection} = \frac{F_j}{\sum_{j=1}^N F_j}, N = \text{pop. size}$$

따라서 우수한 유전자가 부모세대로 선택될 가능성이 확률적으로 높고 비교적 열성의 유전자는 부모세대로 선택될 확률이 상대적으로 작다. 이때 가장 적합도 함수값이 가장 높은 우수한 염색체는 반드시 다음세대로 넘기도록 하는 엘리트(elite) 보존 전략을 사용하여 우수한 염색체가 진화과정에서 소멸되지 않도록 한다.

4.6 교차(Crossover)

교차 방식에는 여러 가지가 있다. 유전자의 한 부분을 중심으로 교차하는 일점 교차(One-point crossover), 두 점을 잡고 두 점내의 부분만 교차하는 두점 교차(Two-point crossover) 등 전통적으로 다양한 방식을 사용하였고 방법별로 장단점이 있다. 본 알고리즘에서는 균등 교차(Uniform crossover)방식을 사용한다. 균등교차는 두점 교차를 일반화한 것으로 Fig. 5와 같이 “0” 또는 “1”을 염색체의 길이만큼 랜덤하게 생성하여 교차 위치를 정한 표인 마스크(MASK)를 준비한다. 그리고 마스크 값이 1인 부분을 상호 교차하여 자식을 생성하는 방식이다<sup>13)</sup>.

교차 실시 후 자식 세대 유전자는 본 수리모델 제약식을 만족하지 않을 수 있다. 따라서 교차 직후에 각 요격고도별 무기체계 수량에 맞지 않는 염색체에 대해서는 랜덤하게 다시 조정하는 과정인 개선을 실시하여 각 염색체가 제약조건을 만족하도록 한다.

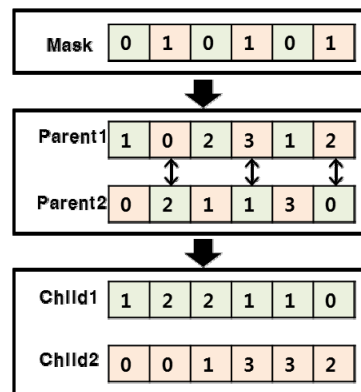


Fig. 5. Uniform crossover

4.7 개선(Repair)

교차와 변이 후 수정된 유전자는 제약조건을 고려하지 않았기 때문에 제약을 만족하는 유전자로 수정해주는 과정이 필요하다. 각 유전자는 각 후보지별 배치되는 무기체계의 정보가 포함되어 있으므로 각 무기체계

의 종류별 수량 제약을 확인한 다음, 초과되거나 모자란 수량을 조정하는 작업을 실시한다.

어느 무기 체계의 수량이 초과시에는 랜덤하게 초과된 후보지를 선택하여 “0”로 놓고 모자라는 무기체계의 수량은 초과되는 수량 조정이후 배치되지 않은 후보지를 랜덤하게 채워준다. 가령 예를 들어 PAC-3의 수량이 2개 초과되고 M-SAM의 수량이 1개 부족한 상황이라면 Fig. 6과 같은 개선과정이 이뤄질 것이다.

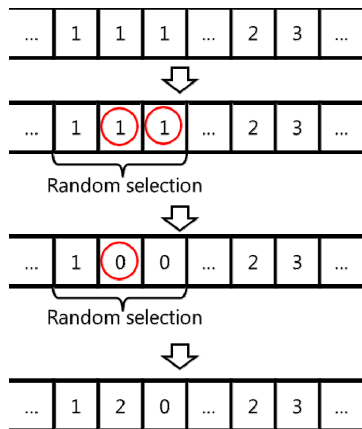


Fig. 6. Process of repair

염색체에서 배치된 “1” 중에서 2개를 무작위로 선택하여 “0”으로 만들고 “2”가 1개 부족한 상황이므로 “0”중에서 랜덤하게 1개를 선택하여 “2”로 채워주는 방식이다. 이때 무기체계별 초과·부족 확인 순서는 염색체별 랜덤하게 선택되도록 한다.

#### 4.8 변이(Mutation)

유전자내에 무기체계 정보가 포함되므로 변이시 수량제약을 초과하게 되는 경우가 발생한다. 이러한 경우를 방지하기 위해서 교환(exchange) 방식을 사용한다. 돌연변이율에 의해 랜덤하게 염색체와 두 유전자가 선택되고 이들의 자리를 바꿔주는 방식으로 하면 수량제약을 그대로 만족하는 변이를 실시할 수 있다.

### 5. 모형 실험

#### 5.1 상황 구성

미 과학자협회(FAS) 자료에 따르면, 현재 북한의 탄도미사일 기지는 북한 전역에 25개소를 운영중이며 이

중 남한지역에 공격 가능한 미사일인 Scud-B, C, 노동 미사일을 보유한 기지 10개소에서 남한지역의 가상 목표 8개소에 대해 각 기지별 타격목표를 1개 이상 설정하여 북한 탄도미사일의 공격을 Table 3과 같이 30가지 상황을 가정하고 한반도 전체를 실험 지역으로 설정하였다.

Table 3. Imaginary attack targets

구분	발사기지	목표	종류	사거리(km)
1	평양	서울	Scud-B	196.76
2	평양	평택		242.62
3	평양	원주		267.08
4	지하리	서울		121.7
5	지하리	평택		180.78
6	지하리	원주		179.66
7	옥평	서울		191.93
8	옥평	원주		221.26
9	옥평	울진		256.81
10	깃대령	원주		178.19
11	깃대령	울진		205.05
12	깃대령	서울	164.98	
13	동창리	평택	Scud-C	385.06
14	동창리	대전		469.06
15	동창리	원주		415.39
16	구성	대전		485.32
17	구성	원주		414.85
18	구성	서울		353.25
19	덕송	대전		452.62
20	덕송	대구		498.54
21	덕송	울진		333.97
22	무수단리	울진		371.19
23	무수단리	원주		413.36
24	무수단리	서울	429.4	
25	청강	광주	노동	728.92
26	청강	대구		663.8
27	청강	부산		757.57
28	청진	대구		679.41
29	청진	광주		803.15
30	청진	부산		761.21

5.2 수치 실험 및 결과 분석

실험은 2가지 상황을 가정하고 상황별 배치되는 무기체계의 수량을 세분화하여 Table 4와 같이 총 4가지 문제유형을 구성하였다.

Table 4. Problem types

구분	탄도미사일 공격계획	후보지	무기체계 수		
			PAC-3	M-SAM	L-SAM
①	20	50	6	8	10
②	20	50	8	10	12
③	30	70	6	8	10
④	30	70	8	10	12

본 유전자 알고리즘은 Microsoft Visual Studio 2012을 사용하여 구현하였으며, PC환경은 Intel Core i5-3470 dual 3.2 GHz CPU & 4.00GB RAM이며, 반복실험을 통한 최적의 유전자 파라미터로 초기 염색체 생성은 80개, 교차율 0.5, 돌연변이율 0.02로 설정하고 유전세대수를 1000세대로 설정하여 실험을 진행하였다. GAMS solver로는 비선형 정수계획법 solver인 BONMIN을 사용하였다.

수치 실험 전 여러 단계에 걸쳐 소형 실험을 실시하였고, 탄도미사일 공격계획 s 중 수도권 및 중부지방을 중심으로 공격하는 1, 4, 6번 북한 탄도미사일 공격계획에 대한 후보지 c를 15개 설정하여 실험한 결과 GA의 목적값 및 요격 무기 체계 배치가 GAMS의 결과와 일치하였다. 4가지 문제유형에 대해서 각 유형별 50회의 실험을 하였으며, 가장 많이 나오는 결과를 해로 하였다(50회중 평균 37회 이상 동일 결과 제공).

Table 5에서는 실험을 확대하여 각 문제 유형별로 각 요격무기체계가 배치된 후보지를 결과로 도출하였다.

북한 탄도미사일 공격계획에 대한 요격을 분석한 결과, 각 탄도미사일은 PAC-3, M-SAM, L-SAM에 의해 3중 요격 가능하였으며, 각 탄도미사일별로 담당 가능한 요격무기체계 종류별 수량은 아래식으로 계산하였으며,

$$\frac{\text{모든 요격무기체계} \times \text{요격 가능한 탄도미사일 공격계획의 합}}{\text{탄도미사일 공격계획수}}$$

Table 5. Experimental results

구분	PAC-3	M-SAM	L-SAM	요격률 (평균)	
①	배치 결과	10,11,14, 15,28,42	2,3,5,6,13, 16,21,45	1,7,23,26, 31,32,33, 34,35,41	99.9 %
	탄도미사일당 평균 담당 포대수	1.15	2.8	1.35	
②	배치 결과	2,8,14,15, 24,41,43, 48	1,3,4,5,12, 13,16,21, 34,40	6,7,10,18, 23,25,26, 28,31,33, 36,44	99.9 %
	탄도미사일당 평균 담당 포대수	1.3	3.2	1.6	
③	배치 결과	8,14,15, 33,42,49	2,3,4,5,34, 35,43,54	1,7,13,23, 25,31,32, 52,56,61	99.9 %
	탄도미사일당 평균 담당 포대수	1.1	2.6	1.2	
④	배치 결과	2,15,36, 41,43,49, 66	3,4,5,6,13, 14,21,32, 35,40	1,19,23,25, 26,31,33, 51,53,54, 55,56,61	99.9 %
	탄도미사일당 평균 담당 포대수	1.3	2.9	1.5	

1.1~3.2개 수준으로 어떠한 탄도미사일이 요격가능한 포대가 각 무기체계 종류별로 1개 이상의 포대에 의해서 요격이 가능하며 단일 요격무기체계에 의해 최대 3개의 포대가 동시에 요격이 가능하다는 의미이다. 또한 각 탄도미사일별 요격확률을 분석해보면, 요격확률은 99 % 이상의 높은 수치를 보였다. 즉, 배치 결과에 따라 각 요격체계를 배치하였을 때 모든 탄도미사일은 3중 요격체계에 의해 요격을 시도하면 평균 99 % 확률로 요격이 가능하다는 것이다. 물론 요격확률은 가정에 의한 것이고 이상적인 배치가 되었을 때의 결과로써 현실적인 요격확률로 보긴 어렵지만 다중 요격이 상당히 높은 요격률을 보장할 수 있다는 것을 알 수 있다.



Table 5의 배치결과를 토대로 Fig. 7은 유전자 알고리즘에 의한 배치결과를 도시화 한 것이다.

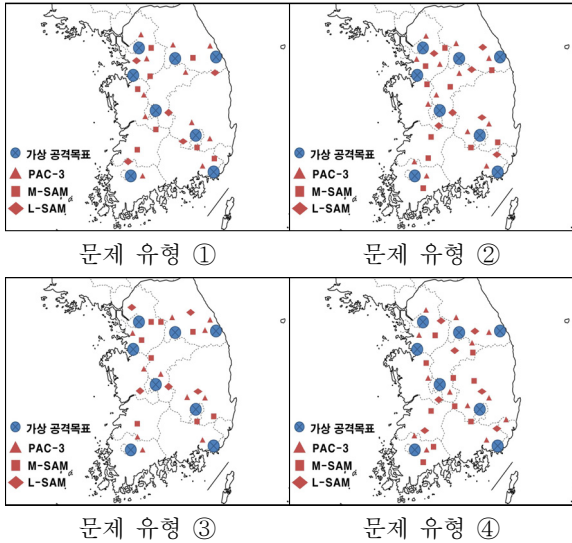


Fig. 7. Results of missile deployment

그림에서 보는 것처럼 각 종류의 무기체계가 전 지역에 걸쳐 북한 탄도 미사일의 공격 목표 주변으로 고루 배치된 것을 확인할 수 있다.

Table 6. Comparison between GA and GAMS

구분		GA	GAMS	GAMS/GA
유형	성능			
①	시간(초)	.334	51.153	153.153
	목적값	.004786	.004784	.999
②	시간(초)	.325	43.103	132.625
	목적값	.002296	.00229	.997
③	시간(초)	.627	198.105	315.957
	목적값	.003008	.002996	.996
④	시간(초)	.63	135.051	214.367
	목적값	.000459	.000443	.965

Table 6은 유전자 알고리즘과 GAMS를 이용한 계산결과를 비교한 것이다. 각 문제 유형별로 GA와 GAMS 목적값 즉, 각각의 북한 탄도미사일에 대해 Fig. 8과

같이 요격 실패할 확률 합의 편차는 거의 없으며 최적해에 근접한 값을 도출해주었다.

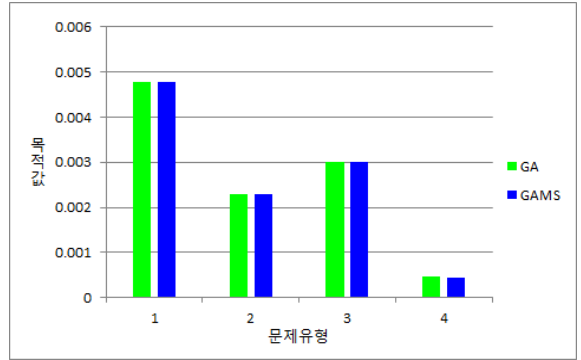


Fig. 8. Objective function values of GA and GAMS

반면, 연산시간은 Fig. 9와 같이 비약적으로 감소한 것을 확인할 수 있다. 따라서 유전자 알고리즘이 본 문제와 같은 대규모 배치 문제에서 근사해를 제공하면서도 빠른 계산 속도를 보장하는 것을 알 수 있다.

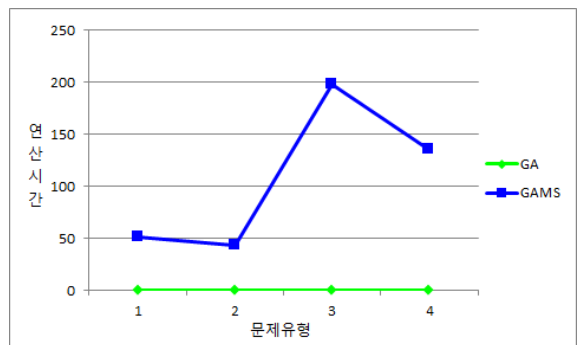


Fig. 9. Running times of GA and GAMS

실험에서 보는 것처럼 인덱스의 수가 증가할수록 계산복잡도가 높아지며 따라서 연산시간도 증가하게 된다. 북한 탄도 미사일의 공격계획 s가 10가지, 배치 후보지가 20개소 증가시에 Table 6과 같이 GAMS를 이용한 계산시간은 두 배 이상 증가하는 것을 알 수 있다. 반면에 GA의 계산시간은 인덱스 증가에 거의 영향을 받지 않는 것을 확인할 수 있다. 따라서 유전자 알고리즘이 문제의 크기가 커질수록 좀 더 효과적으로 사용될 수 있는 알고리즘임을 알 수 있다.

Fig. 10은 유전세대수의 변화에 따른 세대별 최대 적합도 값의 변화를 나타낸 것이다.

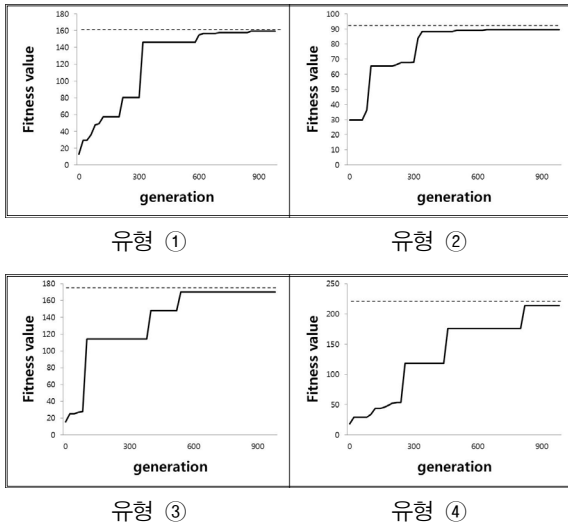


Fig. 10. Fitness values by generation

그래프에서 점선은 각 유형별 GAMS로 도출한 해의 적합도를 의미한다. 각 유형별로 세대수가 증가할 때 각 세대내 가장 우수한 염색체 즉, 엘리트의 적합도 값의 변화를 살펴보면 어느 특정 세대에서 염색체의 적합도가 큰 폭으로 개선되는 것을 알 수 있으며, 이것은 돌연변이와 교차 연산에 의해 우수한 염색체가 생성되면서 세대를 거듭할수록 단계적으로 근사해로 접근하는 유전자 알고리즘의 특성을 확인 할 수 있다.

## 6. 결론

KAMD를 구축하는데 있어서 각 요격체계의 최적배치 방법론을 제시하였다. KAMD의 핵심 개념인 다층요격이 가능하도록 하는 수리모형을 구축하였고, 배치 해법으로 유전자알고리즘을 이용하였다. 기존 연구와는 달리, 본 연구는 탄도미사일에 대해 단계별 요격을 고려한 모형이라는 점이다.

차후 KAMD 구축시 각 단계별 요격이 가능한 요격 무기체계의 배치가 가능할 것이며, 본 모형을 참고하여 시간과 노력을 절약 가능할 것이라 생각한다. 각 후보지별 배치되는 무기체계의 종류와 요격 가능 여부 파라미터인  $k_{set}$ 를 활용하여 배치된 무기체계가 어느 탄도미사일을 요격 담당하는지는 도시기능하다. 따라서 의사결정자는 어떠한 탄도미사일에 대해 요격가능한 각각의 요격무기체계를 이미 알고 있기 때문에 최

적 배치에 따른 탄도미사일 방어계획 작성이 가능하며, 각각의 요격 계획별 즉, 어느 탄도미사일을 어느 후보지에 배치된 어느 요격무기가 요격 할 것인지는 요격확률을 참고하여 탄도 미사일 요격 할당이 가능하다.

본 문제는 set covering 모형을 토대로 수리 모형을 제안 하였다. 또한 수리 모형은 정수 계획(Integer programming)문제이고 동시에 비선형 계획(Non linear programming)문제이다. 이러한 문제는 NP-complete문제로 일반적으로 해를 찾기 어려워 여러 휴리스틱이 제안되었고 그중에서 유전자 알고리즘이 상당히 유용한 알고리즘이라는 것이 증명되어 왔다. 따라서 본 연구에서도 유전자 알고리즘을 이용하여 KAMD 배치 수리 모형에 대한 해법을 통해서 유전자 알고리즘이 대규모 배치 문제에 있어서 유용한 알고리즘임을 증명하였다.

본 연구에서는 앞으로 KAMD 구축하는데 있어서 개념적인 방법론을 제시하였다. 차후 연구에서는 요격확률을 좀 더 신뢰성있는 데이터를 사용하여 탄도 미사일의 비행특성과 시간을 고려한 공학적인 계산을 토대로 요격 확률을 도출하고 이를 파라미터로 사용한다면 본 배치 모형이 유용한 모형이 될 것이다.

또한 본 연구에서 고려되지 않았던 이지스함 탑재 요격 무기체계 SM 미사일을 고려한 요격 무기체계 배치 모형을 고려한다면 종합적인 탄도 미사일 요격 체계가 효과적으로 구축 가능할 것으로 판단된다.

## References

- [1] J. Y. Lee and K. H. Kwack, "The Optimal Allocation for SAM using Multi-Heuristic Algorithm : Focused on Theater Ballistic Missile Defense," IE Interface, Vol. 21, No. 3, pp. 262-273, 2008.
- [2] Y. S. Kwon, "Threat of Ballistic Missile and Defense System," Korea National Defense University, 2000.
- [3] S. I. Kim, "Optimal Location of Military Facilities-Reliability Maximizing Set Covering Model and its Algorithm," Hwarangdae Symposium, 1987.
- [4] S. B. Kim and G. W. Jeon, "An Optimal Allocation Model for SAM-X," Journal of the Military Operations Research Society of Korea, Vol. 30, No. 1, pp. 48-69, 2004.
- [5] Y. H. Kim, S. I. Kim and W. M. Oh, "A Study on

- the Optimal Deployment of Patriot,” Proceedings of the Korean Operations and Management Sciences Society Conference, pp. 29-37, 1994.
- [6] Y. H. Kim, “Its Current Status and South Korea’s Policy Choice,” Te Korean Journal of International Studies, Vol. 50, No. 5, pp. 151-164, 2010.
- [7] H. S. Kim, K. T. Kim and G. W. Jeon, “A Requirement Assessment Algorithm for Anti-Ballistic Missile Considering Ballistic Missile’s Flight Characteristics,” Journal of the Korea Institute of Military Science and Technology, Vol. 14, No. 6, pp. 1009-1017, 2011.
- [8] C. K. Park, “Increasing Ballistic Missile Threats of North Korea and South Korea’s Strategic Response,” The Quarterly Journal of Defense Policy Studies, Vol. 28, No. 2, pp. 7-50, 2012.
- [9] S. H. Lee and J. U. Back, “Efficient Simulated Annealing Algorithm for Optimal Allocation of Additive SAM-X Weapon Sytem,” IE Interface, Vol. 18, No. 4, pp. 370-381, 2005.
- [10] S. H. Lee and I. C. Jung, “Optimal Allocation Model of KDX for Missile Defense,” Journal of the Korea Society for Simulation, Vol. 15, No. 4, pp. 69-77, 2006.
- [11] C. Y. Jung, J. Y. Lee and S. H. Lee, “An Optimal Missile Allocation Problem for Maximizing Kill Probability,” Journal of the Korean Operations Research and Management Science Society, Vol. 27, No. 1, 2006.
- [12] Test and Evaluation Team for SAM-X, “Result Report of the Test and Evaluation for SAM-X,” 2001.
- [13] G. Syswerda, “Uniform Crossover in Genetic Algorithms. Proceedings of the 3rd International Conference on Genetic Algorithms,” Morgan Kaufmann Publishers, pp. 2-9, 1989.
- [14] G. L. Nemhauser and L. A. Wolsey, “Integer and Combinatorial Optimization,” Wiley, 1988.
- [15] M. Mitchell, “An Introduction to Genetic Algorithm,” MIT Press, 1998.