

유전자 알고리즘의 수렴 속도 향상을 통한 효과적인 로봇 길 찾기 알고리즘

서민관*, 이재성*, 김대원*

Effective Robot Path Planning Method based on Fast Convergence Genetic Algorithm

Min-Gwan Seo*, Jae-Sung Lee*, Dae-Won Kim*

요약

유전자 알고리즘은 초기 해 집합을 대상으로 해 집합의 평가와 유전자 연산자의 적용, 자연 선택 등의 과정을 반복하여 최적 해를 찾는 탐색 알고리즘이다. 유전자 알고리즘을 설계할 때 사용한 선택 전략, 세대교체 방법, 유전자 연산자 등은 유전자 알고리즘의 탐색 효율성에 영향을 준다. 본 논문에서는 시간 제약이 있는 상황에서의 로봇 경로 탐색을 위해 기존의 유전자 알고리즘보다 빠르게 수렴하는 유전자 알고리즘을 제안한다. 로봇 경로 탐색 시 긴급한 상황에서 유전자 알고리즘은 연산을 위한 충분한 시간을 확보하지 못 하게 되고, 이는 최종적으로 찾아낸 경로의 질을 떨어뜨린다. 제안하는 알고리즘은 빠른 수렴을 위한 선택 전략, 세대교체 방법을 사용하였으며, 유전자 연산자는 전통적인 교차, 돌연변이 외에 경로의 길이를 줄이기 위한 단축 연산자를 추가로 사용하였다. 이를 통해 제안하는 알고리즘은 적은 세대 수에도 빠르게 짧은 경로를 찾아낸다.

▶ Keywords : 유전자 알고리즘, 유전자 연산자, 로봇 경로 탐색, 빠른 수렴

Abstract

The Genetic algorithm is a search algorithm using evaluation, genetic operator, natural selection to populational solution iteratively. The convergence and divergence characteristic of genetic algorithm are affected by selection strategy, generation replacement method, genetic operator when genetic algorithm is designed. This paper proposes fast convergence genetic algorithm for time-limited robot path planning. In urgent situation, genetic algorithm for robot path planning does not have enough time for computation,

•제1저자 : 서민관 •교신저자 : 김대원

•투고일 : 2015. 2. 2, 심사일 : 2015. 2. 16, 게재확정일 : 2015. 2. 24.

* 중앙대학교 컴퓨터공학부(Dept. of Computer Science, Chung-Ang University)

※ 이 논문은 2015년 한국컴퓨터정보학회 제51차 동계학술대회에서 발표한 논문("로봇 경로 탐색을 위한 빠르게 수렴하는 유전자 알고리즘")을 확장한 것임

resulting in quality degradation of found path. Proposed genetic algorithm uses fast converging selection strategy and generation replacement method. Proposed genetic algorithm also uses not only traditional crossover and mutation operator but additional genetic operator for shortening the distance of found path. In this way, proposed genetic algorithm find reasonable path in time-limited situation.

▶ Keywords : Genetic Algorithm, Genetic Operator, Robot Path Planning, Fast Convergence

향후 연구 방향에 대해 논한다.

I. 서 론

로봇 경로 탐색은 주어진 환경에서 시작 지점으로부터 목표 지점까지 장애물에 부딪히지 않는 안전한 경로를 찾는 것을 말한다. 또한 많은 경우 이러한 경로는 거리나 에너지 효율, 위험도 등의 측면에서 최적 경로에 가까울수록 바람직하다. 전통적으로 경로 탐색 문제를 해결하기 위하여 A* [1], Dijkstra [1], D* [2], Floyd 알고리즘 [3] 등이 사용되었으나, 계산 시간에 제한이 있는 경우, 복수의 제약사항을 만족시켜야 하는 경우 등의 문제로 많은 대안들이 탐색되고 있다. 유전자 알고리즘을 이용한 로봇 경로 탐색은 이와 같은 복잡한 제약사항이 존재하는 탐색 분야에서 많은 성공적인 결과를 내었다 [4, 5, 6].

그러나 폭탄 해체 로봇 [7], 로봇 축구 [8]와 같이 긴급한 상황에서의 경로 탐색이나 시각 장애인 안내 로봇 [9]과 같이 복잡하게 움직이는 환경에서의 경로 탐색은 연산을 위한 충분한 시간이 주어지지 않는다. 이런 응용 분야에서는 실행 시간의 제약 안에서 짧은 경로를 찾기 위한 유전자 알고리즘이 필요하지만, 기존 로봇 경로 탐색을 위한 유전자 알고리즘 연구들은 주로 경로의 길이를 줄이는 것에 초점을 두고 있다. 따라서 본 논문에서는 빠른 수렴을 통해 적은 세대 수에서도 짧은 경로를 찾는 유전자 알고리즘을 제안한다. 제안하는 알고리즘은 빠른 수렴을 위한 초기화, 자연선택 방법을 사용하였으며, 유전자 연산자로는 전통적인 교차와 돌연변이 연산자에 추가로 경로 단축을 위한 연산자를 사용한다.

이후의 본 논문의 진행은 다음과 같다. 2장에서는 로봇 경로 탐색을 위한 다른 유전자 알고리즘들의 접근 방향과 이에 따른 효과에 대해 이야기한다. 3장은 제안하는 알고리즘에 대해 서술한다. 4장에서는 다른 유전자 알고리즘과의 비교 실험과 그 결과를 보이고 분석한다. 마지막으로 5장에서는 결론과

II. 관련 연구

유전자 알고리즘은 해 집합(population)을 생성하고 세대의 증가에 따라 해 집합을 개선해 나가는 방식으로 최적 해를 찾는 탐색 알고리즘이다. 유전자 알고리즘은 해를 나타내기 위한 표현형(representation), 새로운 해 집합을 만들어내기 위한 유전자 연산자, 현재의 해 집합과 새로 만들어진 해 집합을 대상으로 다음 세대의 해 집합을 선택하기 위한 자연선택 방법(natural selection), 해의 평가를 위한 적합도 함수(fitness function)로 구성된다 [10, 11]. 유전자 알고리즘의 탐색 속도와 찾아낸 해의 품질은 초기화, 유전자 연산자, 자연선택 방법 등의 영향을 받는다 [10].

로봇 경로 탐색을 위한 유전자 알고리즘에서 초기화 단계는 유전자 알고리즘이 탐색을 시작하기 위한 초기 경로 집합을 생성하는 단계이다. 로봇 경로 탐색을 위해 사용되는 초기화 방법으로는 무작위(random), 무작위 이동(random walk) [12], 정점의 수에 제한을 둔 무작위 방법 [13] 등이 사용된다.

유전자 연산자는 현재의 경로들을 이용해 새로운 경로들을 생성하기 위해 사용된다. 전통적인 유전자 알고리즘은 교차와 돌연변이 연산자만을 사용하지만, 응용 분야의 지식을 기반으로 한 유전자 연산자를 사용할 경우 보다 좋은 성능을 얻을 수 있음이 알려져 있다 [14]. 이러한 추가적인 유전자 연산자들은 특정한 정점이나 간선의 삭제나 수정을 통해 개선된 경로를 생성한다. 하지만 이를 위한 유전자 연산자의 연산량이 너무 많을 경우 유전자 알고리즘이 탐색을 위한 충분한 세대 수를 얻지 못 할 수 있다. 로봇 경로 탐색을 위한 유전자 알고리즘에서 사용된 유전자 연산자들로는 경로의 크기를 고려한 경로 당길 연산자 [15], 장애물을 피하기 위해 새로운 간선을

추가하는 방식의 수정 연산자 [4], 연속된 세 정점(node)을 대상으로 양 끝의 정점들이 이루는 간선의 길이가 더 짧을 경우 가운데 정점이 이루는 간선을 삭제하고 양 끝의 정점들을 직접 연결하는 삭제 연산자 [14], B-스플라인 평활화 방법을 이용하여 두 정점 사이에 새로운 정점을 삽입하는 추가 연산자 [5], 무작위로 정점을 하나 선택 후 경로의 길이가 짧아지도록 해당 정점을 이동시키는 돌연변이 연산자 [12], 경로 내부에서 정점을 무작위로 하나 선택한 후 해당 정점의 일정 반지름 내에 있는 다른 정점으로 바꾸는 교체 연산자 [6] 등 다양한 방법들이 있다.

자연선택 단계는 현재의 경로 집합과 유전자 연산자를 이용해 생성한 경로 집합을 이용해서 다음 세대의 경로 집합을 생성하는 단계이다. 다음 세대의 경로 집합에 새로 생성한 경로를 많이 포함시킬 경우 다양한 경로들을 탐색할 수 있지만 기존 경로들이 개선을 위한 기회를 충분히 얻지 못 할 수 있다. 로봇 경로 탐색을 위한 유전자 알고리즘에서는 현재 경로 집합을 전부 새로 생성된 경로로 교체하는 방식 [14], 유전자 연산자 별로 다음 세대에 포함될 경로의 비율이 정해진 방식 [6], 경로의 길이를 이용한 랭크 기반 선택 방식 [12], 경로의 안전성을 고려한 방식 [16] 등이 사용되었다.

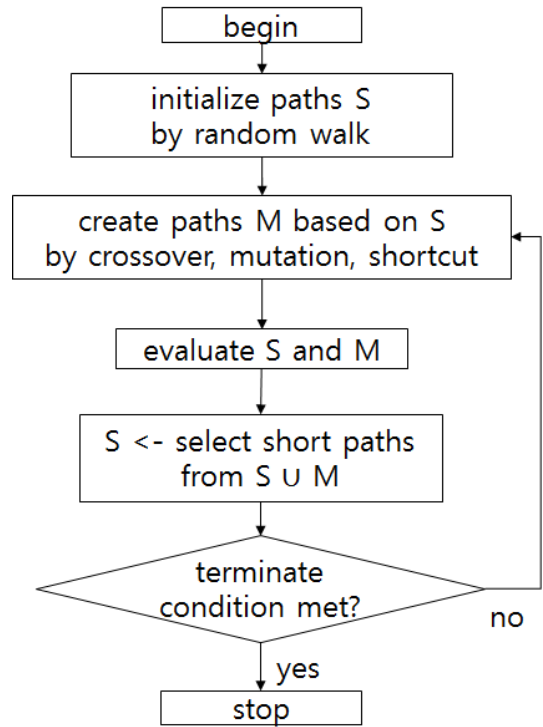


그림 1. 로봇 경로 탐색을 위해 제안하는 유전자 알고리즘의 개요
 Fig. 1. Outline of the Proposed Genetic Algorithm for Robot Path Planning

III. 로봇 경로 탐색 시 빠른 수렴을 위한 유전자 알고리즘

제안하는 유전자 알고리즘은 빠른 수렴을 위한 초기화, 유전자 연산자, 자연선택 방법을 사용하여 알고리즘 전체의 수렴 속도를 증가시켰다. 제안하는 알고리즘의 전체적인 흐름은 그림 1과 같다. (1) 무작위 이동(random walk) [12]을 통해 초기 경로 집합 S 를 생성한다. (2) S 로부터 무작위로 경로를 선택한 후에 연산자의 적용 확률에 따라 교차, 돌연변이, 단축 연산자를 적용하는 방식으로 새로운 경로 집합 M 을 생성한다. (3) 적합도 함수를 이용하여 두 경로 집합 S 와 M 을 평가한다. (4) S 와 M 을 병합한 후 자연선택 방법을 이용하여 다음 세대의 경로 집합 S 를 생성한다. (5) 종료 조건을 만족할 때까지 (2)~(4)의 과정을 반복한다.

1. 경로의 표현형

제안하는 유전자 알고리즘을 위한 경로의 표현형은 다음과 같다. 우선 경로 탐색을 위한 지도가 주어졌을 때 이를 $n \times n$ 개의 정점으로 나누고 각 정점에 $1, \dots, n^2$ 의 번호를

붙인다. 각 정점은 지도상에서 빈 공간이거나 장애물일 수 있다. 경로에 대한 표현형은 임의의 경로 P 에 대해 $P = \langle p_1, \dots, p_k \rangle$ 로 나타낸다. 경로 내부의 $1 \leq i \leq k$ 인 $p_i \in P$ 에 대해 p_i 는 지도의 각 정점이 될 수 있다. 그리고 p_1 은 시작 지점을 나타내고 p_k 는 목표 지점을 나타낸다. 이 때, 경로 내부의 연속된 두 정점을 잇는 간선이 장애물 위에 있다면 P 를 안전하지 않은 경로라고 한다. 반대로 경로 내부의 모든 간선들이 장애물을 포함하지 않을 경우 P 를 안전한 경로라고 한다. 그림 2는 10×10 크기의 지도와 예시 경로이다. 그림의 검은 부분은 장애물을 나타내고 하얀 부분은 빈 공간을 나타낸다. 빨간 부분은 경로의 시작 지점과 목표 지점을 나타내고 노란 부분은 경로의 통과 정점을 나타낸다. 이 때 경로 P 는 8개의 정점을 가지며, 표현형은 $P = \langle 1, 41, 63, 65, 35, 38, 60, 100 \rangle$ 과 같다.

2. 초기화

1(p1)	2	3	4	5	6	7	8	9	10
11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
31	32	33	34	35(p5)	36	37	38(p6)	39	40
41(p2)	42	43	44	45	46	47	48	49	50
51	52	53	54	55	56	57	58	59	60(p7)
61	62	63(p3)	64	65(p4)	66	67	68	69	70
71	72	73	74	75	76	77	78	79	80
81	82	83	84	85	86	87	88	89	90
91	92	93	94	95	96	97	98	99	100(p8)

그림 2. 예시 지도와 경로
Fig. 2. Sample Map and Path

전통적인 로봇 경로 탐색을 위한 유전자 알고리즘에서는 무작위(random) 초기화 방법을 이용하였다 [4, 6, 12]. 하지만 무작위 초기화 방법을 통해 생성된 경로 집합은 안전하지 않은 경로들을 다수 포함하고 있다. 그리고 유전자 알고리즘을 이용한 로봇 경로 탐색 시 안전하지 않은 경로를 섞는 것은 새로운 안전하지 않은 경로들을 생성한다. 이는 유전자 알고리즘의 탐색 효율성을 떨어뜨리고 유전자 알고리즘이 최적 경로를 찾는데 걸리는 시간을 증가시킨다 [17]. 따라서 제안하는 유전자 알고리즘에서는 초기화 시에 무작위 이동 방법을 이용하여 초기 경로 집합을 안전한 경로로 구성하고, 이를 통해 유전자 알고리즘의 탐색 효율성을 증가시키고 생성된 경로 집합이 최적 경로로 수렴하는데 필요한 시간을 줄일 수 있다 [12].

3. 유전자 연산자

제안하는 유전자 알고리즘에서는 유전자 연산자로 교차, 돌연변이 연산자와 새로운 유전자 연산자인 단축 연산자를 사용한다. 전통적으로 사용되는 교차 연산자는 두 경로를 대상으로 이점 교차(two-point crossover)를 이용해 새로운 경로를 생성하고, 돌연변이 연산자는 경로 내부에서 무작위로 한 정점을 잡아서 지도 내의 무작위 정점으로 교체하는 방법으로 새로운 경로를 생성한다.

제안하는 유전자 알고리즘에서 초기화를 위해 사용한 무작위 이동 방법으로 생성된 경로들은 지도 내부를 방향성이 없이 돌아다니다기 때문에 경로 내부에 불필요한 정점들을 다수 포함하고 있을 수 있다. 단축 연산자는 경로 내부의 두 정점을 선택하고 선택된 구간을 삭제하는 방식으로 경로의 길이를 단축시킨다. 단축 연산자의 동작은 다음과 같다. 먼저 주어진 경로의 정점들에 식 (1)을 이용하여 선택 확률을 부여한다.

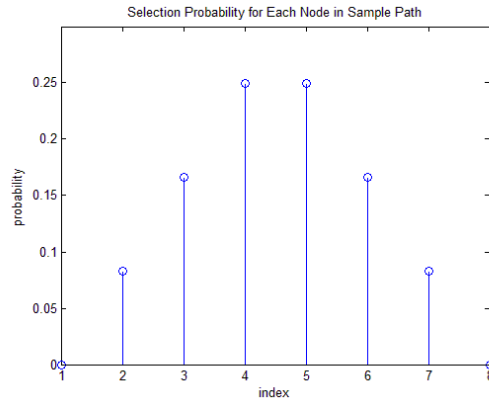


그림 3. 예시 경로의 각 정점들에 대한 선택 확률
Fig. 3. Selection Probability for Each Node in Sample Path

$$f(p_i) = \frac{g(p_i)}{\sum_{j=1}^k g(p_j)} \quad (1)$$

식 (1)의 p_i 는 경로 P 의 i 번째 정점을 나타낸다. $g(p_i)$ 는 식 (2)와 같이 정의된다.

$$g(p_i) = -|i - \frac{l+1}{2}| + \frac{l-1}{2} \quad (2)$$

식 (2)의 l 은 경로 P 에 포함된 정점들의 개수를 나타낸다. 정점 별로 선택 확률이 부여되면 선택 확률에 따라 경로 안에서 두 개의 정점을 선택한다. 정점이 선택되면 두 정점 사이의 다른 정점들을 모두 제거하고 해당 경로를 반환한다. 만약 교차, 돌연변이, 단축 연산자를 적용한 결과로 안전하지 않은 경로가 생성될 경우 연산자를 실행하기 전의 경로를 반환한다. 이는 유전자 연산자의 실행 결과로 안전하지 않은 경로가 생성되는 것을 막기 위해서이다.

그림 3은 식 (1)을 이용하여 경로 $P = \langle 1, 41, 63, 65, 35, 38, 60, 100 \rangle$ 의 각 정점들에 부여한 선택 확률을 나타낸 것이다. 그림의 수평축은 각 정점들의 순서를 나타내고 수직축은 해당 정점의 선택 확률을 나타낸다. 식 (1)은 경로의 가운데 부분에 높은 선택 확률을 부여하고 경로의 양 끝으로 갈수록 선택 확률이 낮아진다. 이러한 선택 확률을 사용하는 이유는 정점들의 선택 확률이 경로의 앞이나 뒤로 치우치지 않게 하면서 경로 내에서 서로 멀리 떨어진 정점들이 선택되는 것을 막기 위해서이다. 무작위 이

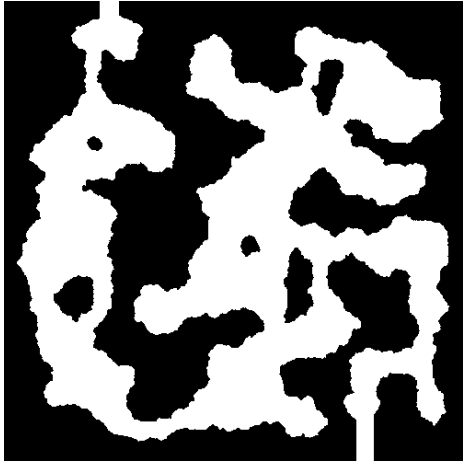


그림 4. 실험에 사용된 예시 지도
Fig. 4. Sample Map used in Experiment

동 방법의 특성상 불필요한 정점들은 경로 전체에 고르게 분포되어 있다. 이 때 단축 연산자에 의해 삭제되는 정점들이 경로의 앞이나 뒤에 치우치게 되면 다른 쪽의 불필요한 정점들이 덜 삭제될 수 있다. 또한 모든 정점들의 선택 확률이 다 같을 경우 경로 내에서 너무 멀리 떨어진 두 정점이 선택될 수 있고 너무 멀리 떨어진 정점들을 연결하는 간선은 안전하지 않을 가능성이 높다. 따라서 제안하는 단축 연산자에서는 경로 전체를 포함할 수 있으면서 너무 멀리 떨어진 정점들이 선택되지 않도록 식 (1)과 같은 선택 확률을 사용하였다.

그림 2의 예시 경로 P 에 단축 연산자를 적용할 경우를 생각해보자. 경로 P 에서 정점 41, 65가 선택되었다고 한다면, 41과 65를 연결하는 간선은 안전하므로 두 정점을 직접 연결하고 41과 65 사이의 정점들을 제거한 새로운 경로 $P = \langle 1, 41, 65, 35, 38, 60, 100 \rangle$ 을 반환한다. 만약 선택된 정점이 35, 60이라면, 두 정점을 연결하는 간선이 안전하지 않기 때문에 원래 경로 P 를 그대로 반환한다.

4. 자연선택

자연선택 단계에서는 현재의 경로 집합과 유전자 연산자를 이용하여 생성된 새로운 경로 집합에서 다음 세대의 경로 집합에 포함될 경로들을 선택한다. 이 때 경로의 길이를 고려하지 않고 선택을 할 경우 안전하지 않은 경로나 불필요한 정점을 포함한 경로가 다음 세대의 경로 집합에 포함될 수 있다. 따라서 제안하는 유전자 알고리즘에서는 다음 세대의 경로 집합을 생성할 때, 현재 경로 집합의 크기를 N 이라고 하면, 현재 경로 집합과 새로 생성한 경로 집합을 병합한 후 평가 값

표 1. 각 유전자 알고리즘의 최단 경로의 길이
Table 1. Distance of Shortest Path for Each Genetic Algorithm

Method	FGA	IGA	KGA	Proposed
Distance	1914	9528	4217	1275

이 우수한 순서대로 정렬하고 N 개의 경로를 선택하는 방식으로 다음 세대의 경로 집합을 생성한다. 이를 통해 평가 값이 우수한 경로, 즉 더 짧은 경로가 다음 세대의 경로 집합에 포함되고 더 많은 개선의 기회를 가지게 되어 유전자 알고리즘의 수렴 속도를 증가시킬 수 있다.

5. 적합도 함수

안전하지 않은 경로가 다음 세대의 경로 집합에 포함되었을 경우 유전자 알고리즘의 탐색 효율성을 떨어뜨릴 수 있으므로 경로의 안전성을 고려한 적합도 함수가 필요하다. 제안하는 알고리즘에서는 식 (3)과 같은 적합도 함수를 이용하여 경로를 평가한다.

$$fit(P) = \sum_{i=1}^{k-1} (d_{i,i+1} + b_{i,i+1}C) \quad (3)$$

식 (1)에서 P 는 k 개의 정점으로 이루어진 경로를 나타내며, $d_{i,i+1}$ 은 경로 P 내부의 i 번째 정점과 $i+1$ 번째 정점 사이의 유클리드 거리를 의미한다. $b_{i,i+1}$ 은 i 번째 정점과 $i+1$ 번째 정점이 이루는 간선이 장애물을 가로지를 경우 1, 아니면 0의 값을 가진다. C 는 해당 간선이 장애물을 가로질렀을 경우의 페널티 상수로 충분히 큰 값을 이용한다.

IV. 실험 결과

1. 실험 설정

제안하는 유전자 알고리즘의 효율성을 보이기 위해 로봇 경로 탐색에 사용되는 다른 유전자 알고리즘들과 성능을 비교하였다. 비교 대상으로 사용된 유전자 알고리즘들은 FGA [16], IGA [12], KGA [14]이다. 유전자 알고리즘들의 초기 경로 집합은 무작위 이동을 통하여 생성한 동일한 경로 집합을 사용하였다. 초기 경로 집합의 크기는 유전자 알고리즘들에 따라 다양한 값들을 사용하는데, 본 논문에서는 초기 경로 집합의 크기를 50으로 설정하였다. 이것은 다른 유전자 알

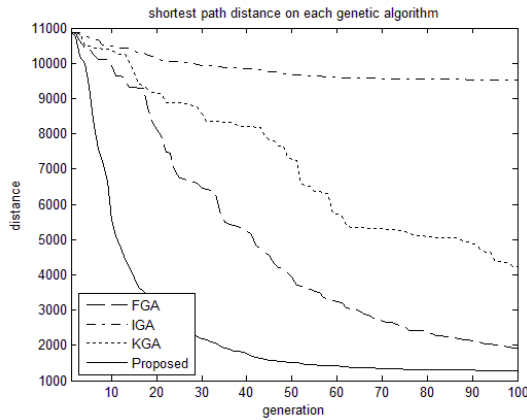


그림 5. 세대에 따른 각 유전자 알고리즘의 최단 경로의 길이

Fig. 5. Shortest Path Distance with the Generation for Each Genetic Algorithm

고리즘들의 실험에서도 이를 넘는 초기 경로 집합의 크기가 없었기 때문이다. 최대 세대 수는 100으로 설정하였다. 각 유전자 알고리즘의 유전자 연산자의 적용 확률은 각 논문에서 사용한 것과 같은 값을 사용하였고, 제안하는 유전자 알고리즘에서는 연산자의 적용 확률을 교차 연산자 0.8, 돌연변이 연산자 0.2, 단축 연산자 0.5로 두고 실험하였다. 또한 유전자 알고리즘의 확률적 특성을 감안하여 모든 실험은 30번씩 반복되었고, 실험 결과에는 반복된 실험들의 평균값을 사용하였다. 실험은 3.2 GHz Intel Core i7 CPU에 64GB 메모리를 가진 컴퓨터에서 Matlab 8.2를 사용하여 이루어졌다. 각 유전자 알고리즘의 성능을 측정하기 위한 지도로는 온라인 생성 툴을 이용하여 무작위로 생성된 20개의 지도를 사용하였다. 각 지도는 500×500개의 노드로 이루어져 있다. 사용된 지도의 샘플은 그림 4에서 확인할 수 있다. 그림의 검은 부분은 장애물을 나타내고 하얀 부분은 빈 공간을 나타낸다. 유전자 알고리즘 간의 비교를 위한 평가 지표로는 다음과 같은 항목들을 사용하였다.

· 최단 경로의 길이

경로 P 에 대한 경로의 길이는 해당 경로 내의 모든 간선들의 유클리드 거리의 합으로 나타난다. 따라서 경로 집합 S 에 대한 최단 경로는 $BD(S) = \min_{P \in S} dist(P)$ 와 같이 나타난다. 작은 $BD(\cdot)$ 값은 S 가 더 짧은 경로를 포함하고 있음을 의미한다.

· 구간 별 최단 경로의 감소량

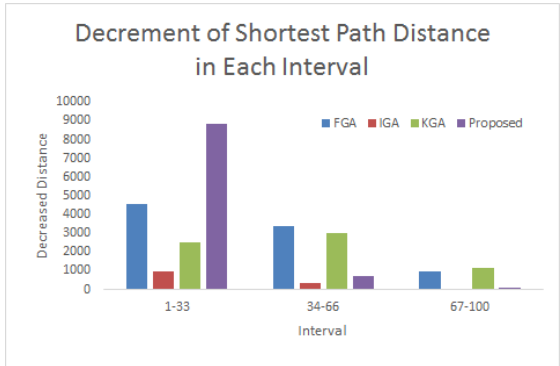


그림 6. 구간 별 최단 경로의 감소량
Fig. 6. Decrement of Shortest Path Distance in Each Interval

전체 100세대를 동일한 크기의 초반(1-33 세대), 중반(34-66 세대), 후반(67-100 세대)의 세 구간으로 나누어서 각 구간의 시작 세대와 끝 세대의 최단 경로의 길이의 차를 측정하였다. 구간 별 최단 경로의 감소량이 크면 해당 구간에서 더 많은 경로의 개선이 이루어졌음을 의미한다.

2. 다른 유전자 알고리즘들과의 비교

본 장에서는 실험 설정에서 언급한 평가 항목들에 대해 다른 유전자 알고리즘들을 대상으로 실험한 결과를 비교한다. 표 1은 각 유전자 알고리즘들의 최단 경로의 길이의 평균값을 보여주고 있다. 이를 보았을 때 제안하는 알고리즘이 찾아낸 최단 경로가 가장 짧음을 알 수 있다. 그림 5는 세대에 따른 최단 경로의 길이의 변화를 보여주고 있다. 그림의 수평축은 유전자 알고리즘의 세대 수를 나타내며 그림의 수직축은 최단 경로의 길이를 나타낸다. 제안하는 알고리즘은 20세대까지 최단 경로의 길이가 빠르게 감소하며 30세대 이후로 최단 경로의 길이의 감소가 완만해지는 것을 알 수 있다. 반면 IGA는 다른 알고리즘들과 비교하였을 때 최단 경로의 길이 자체도 길 뿐만 아니라 최단 경로의 길이 변화도 적어서 수렴 여부도 정확하게 알기 어렵다. FGA와 KGA는 최단 경로를 많이 줄였지만 개선 자체가 전체 세대에 걸쳐 꾸준하게 이루어지고 있어서 역시 수렴 여부를 알기 어렵다.

그림 6은 유전자 알고리즘의 수렴 성향을 조금 더 자세히 보기 위해 전체 세대를 세 구간으로 나누어 구간 별 최단 경로의 감소량을 나타낸 것이다. 수평축은 구간을 나타내고 수직축은 최단 경로의 감소량을 나타낸다. 제안하는 알고리즘은 초반 구간에서 8000 이상의 감소량을 나타내었고, 중반과 후반 구간에서는 감소량이 크게 줄어드는 것을 통해 수렴이 초

반 구간에서 이루어졌다고 볼 수 있다. IGA는 전체 구간에서 감소량 자체가 다른 알고리즘들에 비해 적다. FGA는 감소량 자체는 많지만 중반 구간에서도 많은 감소량을 보이는 것을 통해 제안하는 알고리즘에 비해 수렴 속도가 느림을 알 수 있다. KGA는 오히려 중반 구간에서 가장 많은 길이의 감소량을 보이는 것을 통해 수렴 속도가 느림을 알 수 있다.

따라서 전체적인 실험들을 통해 제안하는 유전자 알고리즘이 다른 유전자 알고리즘에 비해 수렴하는데 훨씬 적은 세대수를 필요로 하면서도 최종적으로 얻어지는 경로의 길이가 훨씬 짧음을 알 수 있다.

V. 결론

본 논문에서는 로봇 경로 탐색 시에 빠르게 수렴하도록 설계한 유전자 알고리즘을 제안하였다. 제안하는 유전자 알고리즘은 빠른 수렴을 위한 초기화, 자연선택 방법과 경로 내부의 불필요한 정점들을 제거하기 위한 단축 연산자를 사용하였다. 그리고 다른 유전자 알고리즘들과의 대조 실험을 통하여 제안하는 유전자 알고리즘이 다른 유전자 알고리즘과 비교하여 로의 단축에 가장 적은 세대를 필요로 함을 보였다. 또한 이렇게 찾아낸 경로의 길이 역시 다른 유전자 알고리즘들에 비해 가장 우수하였다. 따라서 제안하는 알고리즘은 긴급한 상황에서의 경로 탐색이나 변화하는 환경에서의 경로 탐색 등 시간 제약이 있는 상황에서 합리적인 해를 얻어야 할 때 유용하게 사용될 수 있다.

후후 연구 과제는 다음과 같다. 제안하는 알고리즘은 안전한 초기 경로 집합을 얻기 위해 무작위 이동 방법을 활용하였으나 이는 많은 실행시간을 요구하기 때문에 실시간성이 요구되는 경로 탐색 문제에는 적합하지 않다. 그러나 현재 로봇 경로 탐색을 위한 유전자 알고리즘 연구에서 초기화 방법에 대한 연구는 미흡한 편이다. 따라서 전체적인 알고리즘의 속도를 향상시키기 위해서 초기화 방법에 대한 추가적인 연구가 필요할 것이다. 또한 향후 연구에서는 경로의 길이만이 아닌 복수의 제약사항이 존재하는 지도상에서의 경로 탐색에 대한 연구가 필요할 것으로 보인다.

VI. 사 사

이 논문은 2014년도 정부(교육과학기술부)의 재원으로 한국연구재단의 기초연구사업 지원을 받아 수행된 것임 (2014R1A1A2059032)

REFERENCES

- [1] S. Koenig, M. Likhachev, and D. Furcy, "Lifelong planning A*", *Artif. Intell.* Vol. 155, No. 1, pp. 93-146, May 2004.
- [2] A. Stentz, "Optimal and efficient path planning for partially-known environments", *Proc. IEEE Conf. Robotics and Automation*, pp. 3310-3317, San Diego, USA, May 1994.
- [3] H. Liu, N. Stoll, S. Junginger, and K. Thurow, "A Floyd-genetic algorithm based path planning system for mobile robots in laboratory automation", *Proc. IEEE Int. Conf. Robotics and Biomimetics*, pp. 1550-1555, Guangzhou, China, Dec. 2012
- [4] Q. Li., W. Zhang, Y. Yin, Z. Wang, and G. Liu, "An improved genetic algorithm of optimum path planning for mobile robots", *Proc. Int. Conf. Intelligent Systems Design and Applications*, pp. 637-642, Jinan, China, Sept. 2013.
- [5] C. Tsai, H. Huang, and C. Chan, "Parallel elite genetic algorithm and its application to global path planning for autonomous robot navigation". *IEEE Trans. Ind. Electron.* Vol. 58, No. 10, pp. 4813-4821, Jan. 2011.
- [6] M. Naderan-Tahan, and M. Manzuri-Shalmani, "Efficient and safe path planning for a mobile robot using genetic algorithm", *Proc. IEEE Congr. Evolutionary Computation*, pp. 2091-2097, Trondheim, Norway. May 2009.
- [7] S.G. Cui, and J.L. Dong, "Detecting robots path planning based on improved genetic algorithm", *Proc. Int. Conf. Instrumentation, Measurement, Computer, Communication and Control*, pp. 204-207, Shenyang, China, Sept. 2013.
- [8] J.H. Kim, Y.H. Kim, S.H. Choi, and I.W. Park, "Evolutionary multi-objective optimization in robot soccer system for education", *IEEE Comput. Intell. Mag.*, Vol. 4, No. 1, pp. 31-41,

- Jan. 2009.
- [9] S. Tachi, and K. Komoriya, "Guide dog robot", Autonomous Mobile Robots: Control, Planning, and Architecture, pp. 360-367, 1984.
- [10] J.M. Johnson, V. Rahmat-Samii, "Genetic algorithms in engineering electromagnetics". IEEE Antennas and Propagation Magazine, Vol. 39, No. 4, pp. 7-21, Aug. 1997.
- [11] M. Srinivas, and L.M. Patnaik, "Genetic algorithms: A survey", Computer, Vol. 27, No. 6, pp. 17-26, June. 1994.
- [12] A. Tuncer, and M. Yildirim, "Dynamic path planning of mobile robots with improved genetic algorithm", Comput. Electr. Eng., Vol. 38, pp. 1564-1572, Nov. 2012.
- [13] M. Davoodi, F. Panahi, A. Mohades, and S. N. Hashemi, "Multi-objective path planning in discrete space", Appl. Soft Comput., Vol. 13, No. 1, pp. 709-720, Jan. 2013.
- [14] Y. Hu, and S. Yang, "A knowledge based genetic algorithm for path planning of a mobile robot", Proc. IEEE Int. Conf. Robotics and Automation, pp. 4350-4355, New Orleans, USA, May 2004.
- [15] M. Gemeinder, and M. Gerke, "GA-based path planning for mobile robot systems employing an active search algorithm", Appl. Soft Comput., Vol. 3, No. 2, pp. 149-158, Sept. 2003.
- [16] J. Lee, B.Y. Kang, and D.W. Kim, "Fast genetic algorithm for robot path planning", Electr. Lett., Vol. No. 23, pp. 1449-1451, Nov. 2013.
- [17] M. Samadi, and M.F. Othman, "Global Path Planning for Autonomous Mobile Robot using Genetic Algorithm", Proc. Int. Conf. Signal-Image Technology & Internet-Based Systems, pp. 726-730, Kyoyo, Japan, Dec. 2013.

저 자 소 개



서민관

현재: 중앙대학교
컴퓨터정보과 재학
관심분야: 컴퓨터공학, 인공지능,
기계학습, 데이터마이닝
Email : smksyj@gmail.com



이재성

2005: 중앙대학교
컴퓨터공학과(공학사)
2009: 중앙대학교
컴퓨터공학과(공학석사)
2013: 중앙대학교
컴퓨터공학부(공학박사)
현재: 중앙대학교 컴퓨터공학부
BK21 연구교수
관심분야 : 기계 학습, 데이터마이닝,
지능형로봇, 감성 컴퓨팅
Email : jslee.cau@gmail.com



김대원

1997: 경북대학교
컴퓨터공학과(공학사)
1999 : KAIST
컴퓨터공학부(공학석사)
2004 : KAIST 전자전기
컴퓨터공학부(공학박사)
현재: 중앙대학교 컴퓨터공학부 교수
관심분야 : 인공지능, 데이터 마이닝,
의료정보학, 감성컴퓨팅
Email : dwkim@cau.ac.kr