

# 대전 액션 게임에서 유전자 알고리즘을 이용한 지능 캐릭터의 복수 경로 탐색

이면섭\*

요약

본 논문에서는 대전형 액션 게임에서 지능 캐릭터의 복수 이동경로를 탐색하기 위하여 유전자 알고리즘을 적용하였다. 유전자 알고리즘에서 근접한 여러 개의 경로를 탐색할 때 문제가 발생하기 때문에 본 논문에서는 이를 해결하기 위해 근접밀도를 도입하였다. 탐색된 경로들 간의 간섭을 배제하기 위하여 간섭도를 적용하였다. 그리고 탐색 성능이 저하되는 것을 방지하기 위하여 엘리트 보존 전략도 적용하여 시뮬레이션 하였다. 시뮬레이션 결과 간섭이 없는 복수 경로를 탐색하였으며 엘리트 보존 전략을 도입한 경우에 경로수가 많아질수록 성능향상을 보였다.

## Genetic Algorithm based Multiple Paths Search for Intelligent Character in Fighting Action Game

Myun-Sub Lee\*

ABSTRACT

This study applied genetic algorithm in order to search an intelligence character's multiple paths in fighting action game. There arises a problem when searching several adjoining routes in genetic algorithm. This study introduced proximity density to solve such a problem. In addition, this study applied interference density in order to exclude the interference between the searched routes. In addition, this research carried out simulation by applying the elite preservation strategy to prevent the lowering of searching capability. As a result of conducting simulation, this research searched interference-free multiple paths, and in case the elite preservation strategy was applied, the more the number of routes, there came out an increase in capabilities.

Keywords : Genetic Algorithm, Intelligence Characters, Game, Routing, Artificial Intelligence

---

\* 인천대학교 컴퓨터공학부(✉nantian@incheon.ac.kr)

· 제1저자(First Author) : 이면섭 · 교신저자(Correspondent Author) : 이면섭

· 접수일(2011년 1월 12일), 수정일(1차 : 2011년 2월 11일), 게재확정일(2011년 2월 15일)

## I. 서론

대전 액션게임에서 캐릭터의 이동은 2차원 좌표 지점을 따라 이동하고 있다. 그러나 캐릭터의 이동을 자연스럽게 처리하기 위해서는 2차원 공간에서 좌표를 따라 이동하는 것이 아니라 자유롭게 공간을 이동할 수 있어야 한다. 게임에서 지능 캐릭터의 경로 탐색에 인공지능을 적용할 경우 여러 개의 캐릭터가 동시에 이동하게 되면 대부분의 캐릭터가 이동이 용이한 경로를 따라 이동하게 되며 거의 유사한 경로를 탐색하게 된다. 결국 다양한 형태의 경로를 이용하지 못하는 결과가 발생된다. 경로상에서 하나 이상의 캐릭터가 일정한 간격을 유지한 채로 경로를 탐색하기 위해서는 경로들 사이에 간섭(충돌이 발생하거나 너무 가까이 근접한 경우)이 없는 복수 경로를 생성할 필요가 있다.

일반적으로 고전적인 경로 탐색법인 Dijkstra법이나 A\*에서는 최단 거리 경로 탐색이 보장되지만 복수의 다른 경로를 구하는 것은 어렵다[1,2]. 만약 이 방법들을 이용하여 모든 경로를 탐색하려고 하면 탐색 공간의 크기에 비례해서 지수 차수의 계산량이 요구되기 때문에 실제 게임에는 적용할 수 없다. 그러므로 생명의 진화를 모델로 한 탐색 기법인 유전자 알고리즘에 의한 탐색 방법이 제안되고 있다[3,4]. 이 방법은 대규모의 탐색 공간에 대해서도 준 최적해를 빠른 시간에 탐색이 가능할 뿐 아니라 문제 특유의 제약 조건을 쉽게 조합하여 적용할 수 있기 때문에 이동 캐릭터의 경로 탐색에 적합하다. 또, 유전자 알고리즘에서는 탐색점을 집단으로 보유하려는 특징이 있으므로 여러 개의 후보해를 동시에 탐색하는 것이 가능하다. 따라서 본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 이동 캐릭터의 복수 경로를 동시에 탐색하였다.

그러나, 유전자 알고리즘에 의해 복수의 경로 탐색을 할 경우에 알고리즘 특성상 유사한 경로만을 탐색하는 문제가 발생된다. 본 논문에서는 다양성 유지 전

략으로 간섭이라고 하는 제약 조건과 근접밀도에 기초하여 경로사이에 간섭도의 개념을 도입하였다. 여기서 근접 밀도는 집단내에서 어느 경로 가까이에 존재하는 다른 경로의 수를 말하며, 간섭도는 경로사이가 일정 거리 이내로 접근되거나 교차되는 곳의 수로 하였다. 매 세대에서 얻어진 복수경로를 후보를 하여 가장 좋은 염색체는 반드시 다음 세대에 유전되도록 하는 엘리트 보존 전략을 적용하여 탐색시간을 단축하였고 탐색 성능도 향상시켰다.

## II. 복수 이동 경로의 탐색방법

게임에서 지능 캐릭터의 이동 경로는 시작점을 출발하여 목적지까지 최단 경로를 탐색하게 된다. 이 때 인공지능을 이용하여 캐릭터의 이동경로를 탐색하게 되면 하나의 캐릭터일 경우에는 문제가 되지 않지만 이동 캐릭터가 여러 개일 경우 모든 캐릭터가 최단 거리를 선택하여 이동하려고 하는 경향이 있어 모두 유사한 경로를 탐색하게 된다. 그러므로 여러 개의 캐릭터가 움직이는 경우에는 시작점과 도착점 사이에 여러 경우 지점을 반드시 통과하도록 하여 여러 개의 캐릭터가 다양한 경로를 통하여 이동할 수 있도록 할 필요가 있다. 본 논문의 목적은 비용함수가 적은 최단거리를 탐색이 목적이 아니라 다양한 복수의 경로의 탐색이 목적이다. 여기서 복수 이동 경로는 동일한 시작점에서 출발하여 같은 도착점으로 도착하는데 다른 경로를 선택하는 것을 의미한다.

그림1은 캐릭터의 이동경로를 표시하고 있다. 여기서  $X_i(x_i, y_i)$  ( $i=1, \dots, n$ )는 경우 지점의 위치,  $n$ 은 하나의 경로에서 중간 경우지점의 개수,  $S$ 는 시작점,  $G$ 는 도착점이고  $P_i$ 는  $X_i$  부터 시작점과 도착점을 연결하는 선분  $SG$ 의 수직선과 교차점을 나타내고 있다. 본 모델에서는 선분  $SG$ 에 수직하는 직선상에 중간 경우 지점이 위치한다. 따라서 그림1에서 거리 간격  $s_i$  및  $h_i$ 을

지정함으로써 경유 지점을 지정하였다.

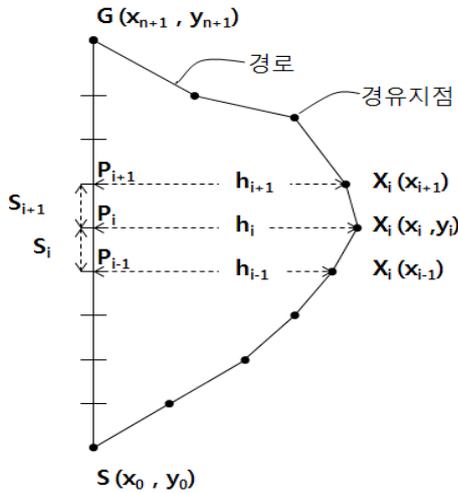


그림 1. 이동 경로 모델  
Fig. 1. Model of route

또, 복수의 이동 경로를 본 모델에서 표시할 경우 중간 경유 지점의 수 n 및 거리 간격 s<sub>i</sub>를 일정하게 하면 다른 경로간의 경유지점이 직선상에서 평행하게 되므로 간섭도의 체크를 쉽게 할 수 있다. 경로 탐색방법에서 탐색의 목적함수로는 다음과 같이 비용함수를 이용하였다. 비용은 적용하고자 하는 문제에 따라서 다르게 정의할 수 있지만 본 연구에서는 간섭도가 적은 것을 비용으로 하였다.

$$f_{\text{cost}}(k) = \sum_{i=0}^n f_{\text{path}}(X_i^k, X_{i+1}^k) \quad (1)$$

$$F = \frac{1}{m} \sum_{k=1}^m f_{\text{cost}}(k) \quad (2)$$

식(1)에서 X<sub>i</sub><sup>k</sup>의 위 첨자 k는 k번째 경로에 속하는 경유 지점을 나타낸다. 또, 경로 k에 속하는 경유 지점

의 집합 X<sup>k</sup>={X<sub>i</sub><sup>k</sup>; i=1,...,n}에서 경로 k를 나타낸다. 식(1)의 함수 f<sub>path</sub>는 경로 k에 속한 2개의 인접한 경유 지점(X<sub>i</sub><sup>k</sup> 및 X<sub>i+1</sub><sup>k</sup>)사이의 경로 비용이고 함수 f<sub>path</sub>의 합계인 f<sub>cost</sub>(k)는 단일 경로 k에 의해서 비용을 나타낸다. m은 탐색하고자 하는 경로 개수이고, F는 m개의 복수 경로의 평균 비용으로서 탐색의 목적 함수이다. 즉, 경로사이에 간섭이 일어나지 않으면서 식(2)의 F를 최소화하는 복수 경로의 경유 지점의 집합은 식(3)과 같다.

$$X = \{X_{i+1}^k; i=1, \dots, n, k=1, \dots, m\} \quad (3)$$

### III. 복수 경로의 탐색법

유전자 알고리즘을 이용한 경로탐색에서 대부분 단일 경로를 구하는 방법이 제안되고 있다[5]. 2차원 좌표상에서 지그재그로 움직이는 경로는 경유지점이 많을 뿐만 아니라 좌표 구조상 직선거리 이동이 어렵다는 문제점이 있다. 또, 다른 방법으로서 자동차 네비게이션의 경로 탐색에서는 복수 경로 후보를 얻기 위해 탐색 영역을 미리 분할하고 가중치를 주어 한 번에 하나의 경로를 구하는 방법을 제안하고 있다[6]. 본 논문에서는 비용함수를 이용하여 이동 캐릭터의 경로 탐색 문제에 있어서 사전에 탐색 영역의 분할을 하지 않고 한 번에 복수 경로를 구하는 방법을 제안한다.

본 논문에서 제안한 복수의 이동 경로 탐색 문제는 경로 사이에 간섭이 없는 것을 제약 조건으로 하고, 비용을 최소화하는 경로의 탐색을 목적으로 한다. 본 절에서는 간섭의 총 합을 평가하기 위하여 간섭도를 정의하고 간섭도=0을 비용이 최소가 되는 복수경로에 대하여 설명한다. 간섭도는 경로사이의 근접 개수 및 교차 개수의 수를 나타내는 지표로서 간섭도=0의 경로는 접근이나 교차가 없는 것을 의미한다. 일반적으로

로 유전자 알고리즘을 이용하여 최적화 문제를 해결하는 경우 제약 조건을 페널티로 하여 적합도에 적용하는 방법이 사용된다. 그러나 페널티에 의한 제약이 매우 엄격한 경우, 제약 조건으로 페널티를 사용하면 대부분 제약 조건을 만족하지 못하는 후보해가 나타날 수 있으며, 또 어떠한 실행 가능해가 나타나더라도 그 이상의 개선의 여지가 없을 가능성이 있다고 지적되고 있다.[7] 간섭도=0은 엄격한 제약조건으로 탐색이 이루어지 않을 가능성이 있다.

본 논문에서는 탐색을 2단계로 나누어 진행하였다. 제1단계에서는 경유 지점의 위치 좌표를 유전자 알고리즘의 개체(bit열)에 할당하고, 멀티 탐색[8]이라고 하는 특징을 이용하여 복수 경로를 생성하였다. 표준적인 유전자 알고리즘을 그대로 적용하게 되면 유사한 경로가 얻어질 확률이 높기 때문에 경로의 근접 밀도에 의한 적합도를 수정법을 적용하였다. 이는 근접 밀도를 낮추는 것이 간섭을 낮추는 효과가 있기 때문이다. 다만 근접 밀도에서 경로의 교차에 대해서는 평가하지 않으므로 간섭도 보다 덜 엄격한 기준을 적용하였다.

제2단계의 복수 경로 탐색에서는 유전자 알고리즘에서 얻어지는 후보로부터 간섭도를 제1목적함수로, 비용을 제2목적 함수로 하여 복수 경로를 탐색하여 간섭이 없는 복수 경로를 구하였다. 복수 경로 선택에서 탐색 성능을 향상시키기 위해 각 세대마다 전 탐색으로 얻어진 복수 경로를 메모리에 기억시켜 놓고 기억되어 있는 복수 경로를 다음 세대에 반드시 유전되도록 하여 복수 경로 탐색의 후보 개체로 사용하는 엘리트 보존 전략을 적용하였다.

근접밀도로의 정의는 다음과 같다. 2차원 공간  $R^2$  상에서  $d(x,y) < \epsilon$  ( $\epsilon < 0$ )을 만족하는 점  $y \in R^2$ 의 집합을  $x$ 의 근접이라 하고  $U(x)$ 로 표시한다. 여기서  $d(x,y)$ 는 유클리드 거리이다. 거리  $X^k$ 에서 근접밀도  $ND(X^k)$ 를 식(4)와 같다.

$$ND(X^k) = \sum_{\substack{l=1 \\ k \neq l}}^M \rho(X^k, X^l)$$

$$\rho(X^k, X^l) = \frac{q}{n} \tag{4}$$

여기서  $M$ 은 개체수, 함수  $\rho(X^k, X^l)$ 는 경로  $X^k, X^l$  사이의 근접도이고,  $n$ 은 경유 지점수,  $q$ 는  $X_i^l \in U(X_i^k)$ 를 만족하는 경유 지점수를 나타낸다.

간섭도는 복수경로에 있어서 근접의 정도 및 교차되는 빈도를 평가하는 지표이다. 즉, 간섭도가 0이라는 것은 너무 가까이 근접하여 충돌 위험성이 없는 안전한 경로를 의미한다.  $m$ 개의 경로 집합  $X$ 에 대해서 간섭도는 식(5)와 같다.

$$I(X) = \sum_{k=1}^m \sum_{\substack{l=1 \\ k \neq l}}^m I_R(X^k, X^l)$$

$$I_R(X^k, X^l) = \sum_{i=1}^m I_w(X_i^k, X_i^l) + nc$$

$$I_w(X_i^k, X_i^l) = \begin{cases} 1 & d(X_i^k, X_i^l) < d_{if} \\ 0 & otherwise \end{cases} \tag{5}$$

여기서  $I_R(X^k, X^l)$ 는 경로  $X^k$ 와 경로  $X^l$ 사이의 간섭도를 구하는 함수이고 간섭거리  $d_{if}$ 는 너무 가까이 근접되는 거리이고,  $I_w(X_i^k, X_i^l)$ 는 경유 지점  $X_i^k$ 와  $X_i^l$ 사이의 거리가 간섭도  $d_{if}$ 보다 가까운지를 결정하는 함수이다. 또  $nc$ 는 거리  $X^k$ 와  $X^l$ 사이에서 교차되는 빈도를 나타낸다. 그리고 근접 밀도에 근거하여 수정 적합도  $f_k$ 는 식(6)과 같이 표시하고, 이를 이용하여 시뮬레이션 하였다. 여기서,  $MAX\_COST$ 는 정수이고,  $a$ 는 근접 밀도에 의한 적합도를 수정하기 위한 파라미터이다. 또, 여기서 식(7)에서  $f_k \leq f_k$ 를 만족하기 위해 근접

밀도  $ND(X^k) < 1.0$ 의 경우는 1로 적용하였다

$$f_k = 1 - \frac{f_{\text{cost}}(k)}{\text{MAX\_COST}} \quad (6)$$

$$f'_k = \frac{f_k}{ND(X^k)^a} \quad (7)$$

그 외 유전자 알고리즘의 구성에 관해서 코딩은 그림1에서의 파라미터  $h_k$ 를 바이너리 코딩으로 하고, 유 지점 수  $n$  및 파라미터  $s_k$ 는 탐색 중에는 변하지 않도록 하였다. 초기화는 랜덤하게 초기화 하였으며 교배 방법으로는 블록 균등교배[9]를 사용하였다. 그림2는 블록 균등교배를 도식화 한 것으로 각각의 셀은 유전자의 집합인 블록을 나타낸다. 먼저 부모 염색체 (P1,P2)를 가로, 세로 I\*J 블록으로 분할한다. 이때 분할되는 블록의 수는 매 교배 연산시마다 무작위로 결정되며 하나의 블록을 구성하는 염색체 크기도 무작위로 결정된다. I\*J로 블록으로 분할된 각 블록에 대해서 난수를 발생시켜 0또는 1의 값을 얻은 다음 0이면 P1에서, 1이면 P2에서 하나의 블록을 차례대로 가져와서 C1을 구성한다.

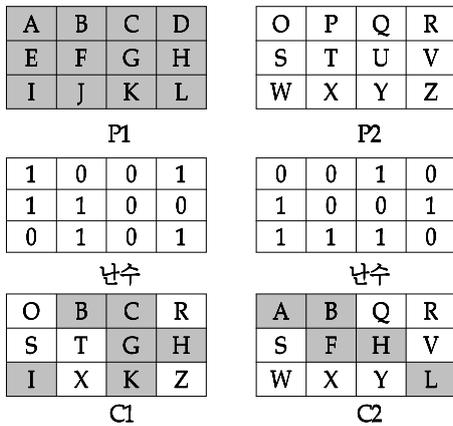


그림 2. 블록 균등 교배  
Fig. 2 Block Uniform Crossover

그림2에서 C1은 난수가 1-0-0-1, 1-1-0-0, 0-1-0-1일 때이다. 여기서 난수의 발생은 SEED값에 따라 영향을 받는다. 선택 방법은 토너먼트 방법을 적용하였다. 토너먼트 방법은 집단 중에서 일정한 개수의 개체를 임의로 선택하고 이들 중에서 가장 적합도가 높은 개체를 다음 세대를 위해 선택하는 것이다.

다음은 복수 경로 선택 방법에 대한 설명이다. 복수 경로의 선택은 집단으로부터 복수의 개체(m개)를 선택하는 경우 그 조합의 수가 확대되기 때문에 근접 밀도를 기본으로 하여 수정 적합도에 따라 후보의 선택한다. 즉, 수정 적합도에 의한 상위  $m'$  개체를 선택하고,  $m'C_m$ 의 조합으로부터 간섭도가 최소가 되는 복수 경로를 우선 구한 후, 간섭도가 같은 것이 있으면 그 중에서 평균 적합도  $\bar{f}$ 가 최대가 되는 복수 경로를 전 탐색에 의해 구한다. 여기서 평균 적합도로서는 근접 밀도를 기본으로 하여 수정을 하기 전 적합도  $f_k$ 의 평균을 이용하였다. 또, 복수 경로 선택에서 전 탐색으로 구해진 복수 경로를 다음 세대에 반드시 유전되도록 하는 엘리트 개체 보존 전략을 적용하였다. 적합도가 가장 좋은 개체를 다음 세대의 집단에 추가하기 위해서 간섭도가 최소가 되는 복수 경로를 우선 구하고, 그 중에서 평균 적합도가  $\bar{f}$ 가 최대의 복수 경로를 엘리트 후보로 메모리에 보관하지만 유전자 알고리즘의 개체에는 보관하지 않는다. 본 방법을 적용할 경우 전 탐색의 후보수는 유전자 알고리즘에서 구해진 후보  $m'$ 개에 엘리트 후보  $m$ 개를 추가하여  $m'+m$  개가 되고 전탐색의 조합의 수는  $m'+mC_m$  이다.

#### IV. 시뮬레이션 및 평가

시뮬레이션에서 필요로 하는 유전자 알고리즘의 파라미터는 다음과 같다. 개체수는 100, 세대수 500, 교배율은 0.6~1.0 사이에서 0.1 간격으로, 돌연변이율은 0.01~0.1 사이에서 0.01 간격으로 실행하여 적합도가

좋은 파라미터를 선택하여 사용하였다. 근접 밀도 파라미터  $a$ 는 0.20~0.39(0.01간격)으로 20개의 파라미터를 이용하여 경로수를 변화시키면서 조정하였다. 또, 근접함을 나타내는  $\epsilon=8.0$ , 간섭거리  $d_{if}=12.0$ , 거리 간격  $s_i$ 는 같게 하였다.

#### 4.1 경로의 수와 성능에 관한 평가

여기서는 경로의 수가 변화하는 경우의 시뮬레이션 결과에 대해서 분석한다. 그림3에 경로수가 변할 때의 성능을 표시하였다.

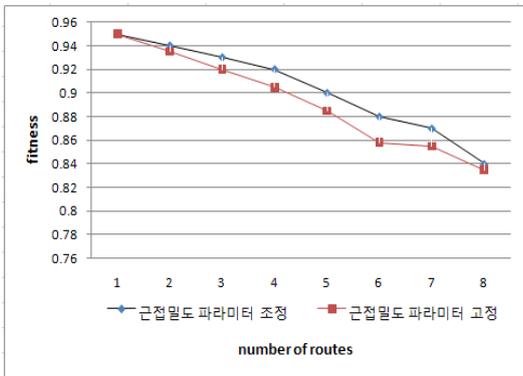


그림 3 경로수에 대한 적합도의 성능  
Fig.3. Performance of Fitness on paths

그림3에서 경로수마다 근접밀도 파라미터를 변하게 한 경우와 고정된 경우의 성능도 표시하였다. 경로수  $m=1$ 일 때 적합도는 단일 경로의 적합도이고, 경로수  $m=2\sim 8$ 일 때의 값은 간섭이 없는 복수 경로의 적합도 평균치이다. 여기서 단일경로와 복수경로 어느 것을 비교하더라도 평균 적합도가  $m=2$ 에서 0.8%,  $m=3$ 에서 1.3%,  $m=4$ 에서 3.0%,  $m=5$ 에서 4.3%의 감소를 보여 양호한 성능을 보여주고 있다. 한편  $m=6$ 에서 5.9%,  $m=7$ 에서 7.8%,  $m=8$ 에서 12.1%의 감소되어 성능 저하가 다소 크게 되는 경향이 나타났지만 간섭이 없는 복수경로의 생성은 성공적이다.

한편 고정된 근접밀도 파라미터를 적용한 결과에서는 경로수마다 근접밀도 파라미터 파라미터를 조정할 경우와 비교해서 적합도의 감소가 나타났다.

그림4는 각 경로에서 세대수에 따른 적합도의 수렴상태를, 그림5에는 세대수가 증가함에 따라 간섭도의 변화를 보여주고 있다.

그림4에서 100세대 이전에서 도중에 적합도가 낮아지는 부분(리플)이 발생하지 않는 것은 엘리트 보존 전략을 적용하였기 때문이다. 그림5의 간섭도 추이와 비교하면 알 수 있듯이 적합도가 개선되었으므로 간섭도가 낮아진 것을 알 수 있다. 적합도, 간섭도 모두 경로수의 증가할수록 수렴하는데 시간이 걸리는 것을 알 수 있다.

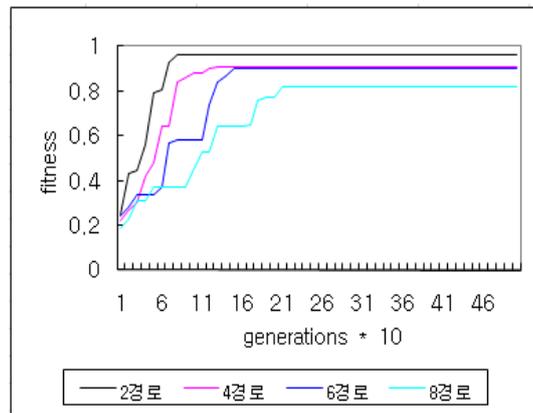


그림 4 적합도에 대한 성능 비교  
Fig.4. Comparison of convergence of fitness

그림5에서 세대수가 증가할수록 적합도가 계속 증가하다가 일정하게 유지되는 이유는 다음과 같다. 매 세대마다 가장 좋은 유전자는 반드시 다음 세대에 유전되도록 하여 감소가 없이 계속 증가하다가 최적의 상태가 되면 더 이상 증가 없이 일정하게 유지된다. 그러나 세대수를 늘려 계속 진행된다면 약간의 증가는 있을 것으로 예상된다.

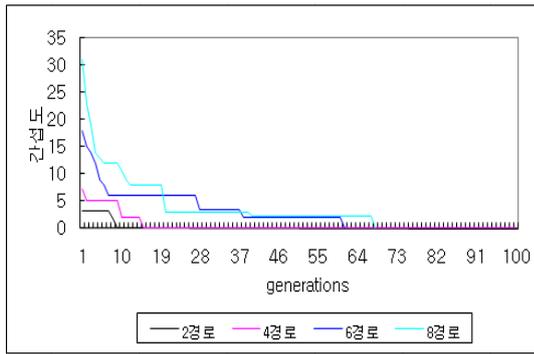


그림 5 간섭도에 대한 성능 비교  
Fig.5. Comparison of convergence of interference degree.

### 4.2 엘리트 보존 전략의 효과

본 절에서는 엘리트 보존 전략을 적용하였을 때의 결과에 대하여 설명한다. 그림6은 엘리트 보존 전략을 적용했을 때와 적용하지 않았을 때의 적합도를 각각의 경로에서 표시하였다. 두 가지 방법의 성능을 비교해 보면 경로수  $m=2$ 에서 0.6%,  $m=3$ 에서 2.1%,  $m=4$ 에서 5.6%,  $m=5$ 에서 11.7%의 개선 효과가 이루어졌다. 경로수가 5이상에서 경로수가 증가 할수록 커다란 성능 차를 보이고 있다.

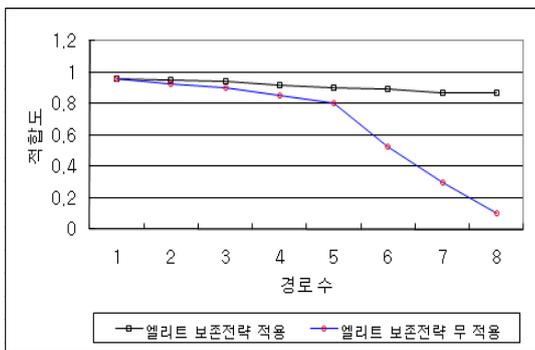


그림 6 엘리트 보존전략의 성능 비교  
Fig.6. Comparison of elitist preserving strategy

실험 결과에서 경로수가 증가하면 적합도의 감소 되는 이유는 다음과 같다. 첫째, 출발점 및 도착지점에서 각각의 경로에서는 같고, 경로수가 증가하면 탐색 거리가 증가하기 때문에 증가된 경로만큼 경로의 길이가 증가되어 비용이 증가되기 때문에 적합도가 낮아진다. 또, 엘리트 보존전략 적용에서는 매 세대마다 가장 좋은 개체와 새로운 유전자 알고리즘으로 구한 후 다음 세대의 개체 후보로부터 보다 우수한 개체를 탐색하게 하였다.

### V. 결론

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 지능 캐릭터가 경로의 간섭이 없이 복수의 이동 경로를 생성하는 방법을 제안하였다. 유전자 알고리즘에서는 한 번에 복수의 경로를 탐색할 때 구해진 경로가 아주 근접한 경로일 경우가 발생 할 수도 있다. 본 논문에서는 이러한 문제를 해결하기 위해 근접 밀도 도입하였고, 탐색된 경로들 간의 간섭을 배제하기 위하여 간섭도를 도입함으로써 동시에 복수의 이동 경로를 탐색하도록 하였다. 또, 복수 경로의 선택에서 엘리트 보존 전략을 도입함으로써 탐색성능을 향상시켰다. 시뮬레이션 결과 각각의 경로가 근접하지 않고 교차되지 않는 경로를 탐색하는 것을 확인하였다.

### 참고문헌

[1] Korns, Michael Large-Scale, Time - Constrained, Symbolic Regression - Classification, in Genetic Programming Theory and Practice V. Springer, New York. 2007  
[2]. D. Whitley, R. Beveridge, C. Guerra and C. Graves. "Messy Genetic Algorithms for Subset Feature Selection", International Conference on Genetic Algorithms 1997.

[3] Darrell Whitley, "An Overview of Evolutionary Algorithms". Journal of Information and Software Technology 43:817~831, 2005.

[4]Shu-HengChen, Genetic Programming: An Emerging Engineering Tool,International Journal of Knowledge-based Intelligent Engineering System, 12(1): 1-2, 2008.

[5] Micheal van Lent and john Laird, "Developing an artificial Intelligence Engine," Proc. of the Game Developers Conference, 1999, pp. 577~588

[6] john E. laird and john C. Duchi, "Creating Human-like Synthetic Characters with Multiple Skill Levels" Symposium AAAI 2004.

[7] Brian Magerko, John E. Laird, Mazin Assanie, "AI Character and Directors for Interactive Computer Games," Proc. AAAI 2004,

[8] Laura Barbulescu, Jean-Paul Watson and Darrell Whitley, "Dynamic Representations and Escaping Local Optima: Improving Genetic Algorithms and Local Search", Seventeenth National Conference on Artificial Intelligence (AAAI) 2000. pp: 879-884.

[9] L. Bai, M. Eyyurekli, D. E. Breen. Proceedings of the 10th annual conference on Genetic and evolutionary computation. Automated Shape Composition Based on Cell Biology and Distributed Genetic Programming. 2008.

[10]. T.N.Bui and B.R.Moon, "On multi Dimensional encoding/crossover," International Conference on the Genetic Algorithms. pp49-56, 1995

### 감사의 글

본 논문은 2010년도 인천대학교 학술연구조성비 지원에 의해 연구되었음.

### 저자소개

#### 이면섭(Myun-Sub Lee)



1985년 국민대학교 전자공학과 (공학사)  
1987년 인하대학교 전자공학과 (공학석사)  
2005년 국민대학교 전자공학과 (공학박사)

1990 ~ 2010.2 인천전문대학 컴퓨터 정보과  
전임강사, 조교수, 부교수

2010.3 ~ 현재 : 인천대학교 컴퓨터공학과 교수

※ 관심분야 : 유전자알고리즘, 게임, 컴퓨터그래픽