

유전자 알고리즘을 이용한 적층복합재료의 최적설계에 관한 연구

(A Study on the Optimal Design of Laminated Composites using Genetic Algorithm)

조 석수*(동아대학교 대학원), 주 원식(동아대학교), 장 득열(삼척산업대학교)

Seok-Swoo Cho(Dong A Univ.), Won-Sik Joo(Dong A Univ.), Deuk-Yul Jang(Sam Chok Univ.)

Abstract

Laminated composite plates have been applied to aircraft structures because their properties are superior to the conventional materials and the laminates have anisotropic elastic properties. However, it is difficult to determine stacking structures using actual design variables for the lack of searching capability of existing optimization technique. GA(generic algorithms) are robust search algorithms based on the mechanics of natural selection and natural genetics. Therefore, this study presents an application of IGA to stiffness and weight optimization design and gives the various stacking structures suitable to constraint conditions.

Key words : Generic Algorithm, Laminated Composite Plates, Structure optimization, Chromosome, Crossover, Mutation.

1. 서론

기계구조물등에서 사용되는 재료(structural materials)의 대부분은 화학 조성이나 열처리등을 이용하여 재료의 강도를 제어하고 있으므로 능동적으로 구조물의 사용조건에 적합한 재료를 만든다는 것은 대단히 어려운 작업이다. 따라서, 단지 외부의 임계 하중에 견딜 수 있도록 만든 수동성 재료의 결점을 보완하고 구조 설계자 레벨에서 재료가 사용되는 역학적 환경에 따라 강도를 설계할 수 있다면 재료에 충분한 역학적기능을 부여할 수 있을 것이다.¹⁾

이러한 선진 재료(advanced materials)중에서 일방향 프리프래그(preprag)를 적층하여 만드는 복합 재료는 비강성, 비강도가 우수하기 때문에 차량뿐만 아니라 항공 우주 기기등과 같은 열악한 환경의 구조 재료로서의 응용이 더욱 더 확대되고 있다. 그러나 이와 같은 재료는 제조 특성상 재료 이방성(material anisotropy)이 현저하기 때문에 적층 배열의 최적화가 요구되고 있다. 따라서 이러한 조건을 역학적으로 만족시키는 가장 간단한 방법은 동일한 판 두께를 가지는 + θ 층과 - θ 층을 반복 적층시킵과 동시에 전체 구조를 사용 재료의 중립면에 대하여 대칭으로 만들어 인장-전단이나 인장-비틀림등과 같은 커플링 효과(coupling effect)를 억제하는 것이다.²⁾ 그러나 이와 같은 수동적 설계 방식을 극복하고

복합재료의 설계 범위를 넓히기 위해서는 적층 각도와 두께라는 자유도를 충분히 활용하여야 한다. 이러한 방향으로의 연구 중 적층복합재료의 강도를 최대화하려는 문제는 대부분 다수의 적층 각도를 지정하고 플라이 두께를 최적화하므로써 해결될 수 있었다. 이와 같이 적층판의 최적화에 적층 각도 대신 플라이 두께를 사용하는 것은 두께에 비하여 각도가 대단히 어려운 비선형적 특성을 지니고 있기 때문이다. Fukunaga등³⁾은 단일 면 내하중을 받는 적층판에 대하여 전단하중이 0이 되는 주하중방향의 대칭 적층판에 대한 최적화 수법을 제안하였다. 대칭 적층판의 경우 면내강성은 플라이 두께에 대하여 일차 함수이고 적층 각도에 대해서는 $x_1 = \cos \theta_1$ 를 설계변수로 한다면 x_1 의 이차 함수로서 표시되며 주하중방향과 대칭 적층재라는 특징을 이용한다면 강성과 적층 각도사이의 비선형 관계를 약화시킬 수 있으므로 초기값에 의존하지 않는 최적 적층 구조를 구할 수 있었다. 그러나 실제의 최적 적층 구조는 구조물에서 발생하는 변형률뿐만 아니라 플라이의 두께를 동시에 제어하여 사용 재료의 중량을 최소화시켜야 되나 상술의 연구에서는 적층복합재료를 최적화시키기 위한 목적 함수에 이러한 두가지 제한 조건을 동시에 포함시키지 못하고 있다. 이것은 최적화 기법에 사용된 알고리즘의 해공간 탐색능력에 한계성을 지니고 있기 때문이라 생

각된다. 따라서 해의 탐색 공간이 넓고 국부적 최소값(local minima)에 잘 빠지지 않는 알고리즘이 요구됨에 따라 각종 물리 현상 및 생물을 모델화하여 유연하면서도 범용적인 최적화 방법이 등장하게 되었다. 이러한 것 중 유전자 알고리즘은 1975년의 John Holland⁴⁾에 의하여 제안되었으며 이것은 자연의 유전학(natural genetics)을 모의한 확률론적 탐색 방법(probabilistic search method)으로서 최근 고전적 방법으로는 최적화시키기 어려운 목적함수의 최적화에 응용되어 많은 효과를 거두고 있다. 그러한 이유로서는 한 점에서 이동하면서 해를 찾는 것이 아니라 여러점에서 동시에 해공간을 탐색하므로 최적해를 찾을 가능성이 높고 목적함수의 미분 가능성에 대해서나 연속성에 관계없이 최적해를 구할 수 있다는 특징을 가지고 있기 때문이다.

따라서 본 연구에서는 적층 복합 재료의 강성 및 중량을 제어하기 위하여 목적함수에 변형률외에 두께를 동시에 포함시키는 유전자 알고리즘을 개발하여 기존의 전문가 시스템을 이용한 최적 설계 방식과 비교함으로써 유전자 알고리즘이 강성과 중량 설계 문제에 응용될 수 있음을 밝히고자 한다.

2. 최적화문제와 유전자 알고리즘

2.1 적층 복합 재료의 최적화 문제

일반적으로 구조 재료는 자체의 고유기능 즉, 강성이나 강도에 견디면서 경량화되는 것이 바람직하기 때문에 강성과 중량 최소화 설계 개념을 토대로 재료에서 발생하는 변형률과 곡률을 제한 변형률 및 곡률이내인 적층 구조로 만드는 문제를 본 연구의 주요 과제로 생각한다. 이러한 문제에 대한 정식화(formulation)는 다음과 같이 수학적으로 표현할 수 있다.

Find θ_i, h_i ($i=1 \sim 6$)

Such that

$$F = \frac{1}{\psi}, \quad \varphi = \sum_{i=1}^6 \alpha_i \left(\frac{\varepsilon_i}{\varepsilon_r} \right)^2 + \beta_i \left(\frac{h_i}{h_r} \right)^2$$

Subject to

$$\alpha_i = \begin{cases} 0.1 & \text{for } |\varepsilon_i / \varepsilon_r| < 1 \\ 1 & \text{otherwise} \end{cases}$$

$$\beta_i = \begin{cases} 0.1 & \text{for } |h_i / h_r| < 1 \\ 1 & \text{otherwise} \end{cases}$$

여기서 θ_i 는 각 플라이의 적층 각도이며 h_i 는 각 플라이

의 두께를 나타낸 것이고 목적 함수 φ 에 포함된 α_i, β_i 는 목적함수의 페널티 계수(penalty coefficient)로서 변형률비 $|\varepsilon_i / \varepsilon_r|$ 와 두께비 $|h_i / h_r|$ 의 값에 따라 달라지게 설정하므로써 제어 대상인 변형률과 두께가 제한 조건에 적합할 때 목적 함수를 최소화시킬 수 있도록 페널티 계수를 설정하였다. 또한 시뮬레이션에 사용하는 하중 조건과 유전자 알고리즘 파라미터 조건을 각각 Table 1, 2에 표시하였으며 이러한 하중조건과 파라미터는 유전자 알고리즘이 적층복합재료의 최적화에 응용되어 최적인 적층 구조를 구할 수 있도록 각종의 유전자 기능을 평가하여 조정하는 데 사용된다.

2.2 유전자 알고리즘

2.2.1 교차(crossover)

교차는 해집단중에서 선택된 1쌍의 염색체를 이용하여 그 염색체의 임의 위치에서 랜덤하게 유전자쌍을 Fig.1(a)에서와 같이 한점에서 서로 교차시키는 한점 교차(single point crossover)가 일반적이며 일정한 교차 확률 φ 에 의하여 생성된다. 이러한 교차는 부모 염색체(parent chromosome)간의 염색체정보를 서로 교환함으로써 새로운 정보를 가진 자손 염색체(offspring chromosome)를 만들어 넓은 해공간을 확보할 수 있게 한다.

2.2.2 돌연변이(mutation)

돌연변이는 그 세대의 각 염색체에서 돌연변이 확률 η 에 따라 랜덤하게 선택된 돌연변이점(mutation point)의 특정 비트를 Fig.1(b)에 나타낸 것과 같이 반전시키는 기능을 말한다. 이러한 기능은 교차에 의하여 발생할 수 있는 염색체이외의 새로운 염색체를 생성시키며 탐색해를 미소하게 변화시킨다.

2.2.3 평가(evaluation)

유전자가 주어진 설계 환경에 얼마나 잘 적응하는가를 평가하기 위해서는 코딩한 염색체형을 표현형으로 디코딩한 값을 목적 함수(objective function)에 대입한 식(1)과 같은 적합도 함수(fitness function)로서 평가한다.

$$F = \frac{1}{\psi} \quad (1)$$

2.2.4 복제(reproduction)

복제는 생물체의 종족 보존기능을 모의한 알고리즘으로서 유전자가 적합도 함수에 따라 부모 염색체들로 부터 N개 랜덤하게 복제된다. 이러한 기능은 자연생태계의 적자생존의 원리를 이용한 것으로 높은 적합도 함수를 가진 염색체일수록 다음 세대(next generation)로 복

제되어 생존할 가능성이 높게 된다. 탐색체의 생존과 사멸을 결정짓는 방법에는 여러 가지 종류가 있지만 주로 룰렛 휠 선택 (roulette wheel selection)방법을 많이 사용하고 있다. Table 3은 룰렛 휠 선택방법을 설명하기 위하여 인의로 각 탐색체의 적합도 함수를 $f(x)=1/x^2$ 이라 두었을 때 각 탐색체에 대한 적합도 함수값을 나타낸 것이다. 적합도 함수 f 는 각 탐색체를 십진수로 변환한 파라미터값을 적합도 함수에 대입하여 구한 값이고 % f_i 는 각 탐색체의 적합도 함수값이 모든 탐색체의 적합도 함수값을 더한 합계의 몇 %비율을 차지할 것인가($=f_i/\sum f_i$)를 나타낸 것이다. Table에서 그 세대의 탐색체 중 다음 세대에 생존할 가능성이 높은 탐색체는 전역 탐색체중 % f_i 가 가장 높은 110110 탐색체가 될 것이다. 그러나 단순 유전자 알고리즘에서 주로 사용되는 이러한 방법은 각 세대에서 탐색체를 확률적으로 선택하기 때문에 반드시 % f_i 가 높은 탐색체가 진화과정동안 생존된다고는 보장할 수 없다.

다음 3장에서는 이러한 단순 유전자 알고리즘을 기본으로 본 연구의 적층 복합재료의 강성 최적화 문제에 맞도록 상술의 각 과정을 수정한 개선 유전자 알고리즘(improved genetic algorithm)을 제안하며 Fig.2에 개선 유전 알고리즘의 기본적 계산과정을 나타내었다. 그림에서 해집단인 탐색체를 전 탐색집에서 인의로 선택한 후 각 설계변수에 해당하는 탐색체를 교차시킨다. 이러한 탐색체를 전 비트중 돌연 변이 확률에 의하여 1개의 비트를 반전시킨 뒤 적응판에 대한 응력 해석을 수행한다. 응력 해석결과 나온 변형률과 두께를 적합도 함수에 대입하며 그 값에 따라 탐색체를 재생할 때 유전자의 생존과 도태를 결정한다.

2.2 적층 복합 재료의 응력과 변형률 관계식

적층판의 응력과 변형률 관계는 고전적층판이론(Classical Laminated Plate Theory : CLPT)을 사용하였으며⁵⁾ 이것은 적층판이 평면응력상태에 있고 선형탄성상태를 나타내는 것으로 가정하여 비가역적 기능이나 비선형적 거동인 소성 및 점성적 거동은 취급하지 않는다.

3. 시뮬레이션 결과 및 고찰

3.1 교차 기능 (crossover operation)

2절에서 밝힌 단순 유전자 알고리즘은 진화 과정(evolution process)동안 탐색체의 새로운 패턴을 생산하기 위하여 한점 교차 기능(single point crossover operation)을 사용하고 있다. 그러나 본 연구에서 사용하는 탐색체는 하나의 후보 해안에 두 부분의 정보로

구성되어 있다. 따라서 이러한 탐색체의 표현 방식은 단순 유전자 알고리즘의 표현 방식과는 다르다는 것을 알 수 있으므로 본 연구에서는 교차 기능을 두 단계로 나누어 수행하는 다점 교차 기능(multipoint crossover operation)도 이용하여 시뮬레이션하였다. Fig.3, 4는 적층 각도와 두께를 나타내는 탐색체의 한점 교차와 다점 교차가 어떻게 수행되는가를 나타낸 것이다. 전자의 경우 적층각도와 두께를 나타내는 부분 탐색체의 한점에서 확률적으로 선택되어지고 후자의 경우는 부분 탐색체와 유니트의 두 단계로 나누어 수행된다. 다점 교차의 첫 단계는 적층 각도와 두께에 관한 정보를 각각 독립적으로 나타내기 위하여 적층 각도와 두께를 나타내는 각각의 부분 탐색체가 다른 부분 탐색체와 정보 교환을 하지 못하도록 부분 탐색체간의 교차를 금지시키는 것이다. 이러한 조작 후 부분 탐색체의 유니트 단계의 교차가 수행되면 그들의 적합도 함수 값에 비례하여 교차되므로써 단순 유전자 알고리즘의 교차 기능과 동일한 개념을 사용하였다. Fig.5는 교차 확률 0.6에서의 적합도 함수에 따른 한점교차와 다점교차기능에 대한 해의 탐색상황을 비교한 것이다. 시뮬레이션 전반부에서는 한점과 다점교차기능에 관계 없이 서로 비슷한 적합도 함수값을 가지므로 초기 해집단의 영향을 받는 것으로 생각되나 후반부에서는 한점교차기능이 다점 교차기능보다 낮은 적합도 함수값을 유지함과 동시에 극부 최소값에 수렴되고 있다. 그러나 다점교차 기능의 경우 시뮬레이션 후반부에서 적합도 함수값이 증가되고 있으므로 다점교차기능이 한점교차기능에 비하여 후반부 탐색에 유효함을 알 수 있다. 이러한 결과는 한점 교차 기능의 경우 탐색체가 가지고 있는 두개의 정보인 적층각도와 두께의 구성성분이 서로 독립적으로 교차되지 않고 혼합되어 일어나므로 유전자 알고리즘의 적합도 함수를 최대화하는 데 방해받기 때문인 것으로 생각된다. 또한 Fig.6은 다점교차기능을 이용하여 교차확률에 따른 1000세대까지의 적합도 함수값을 나타낸 것이다. 교차확률이 너무 낮거나 높은 경우 낮은 적합도 함수값을 보이며 교차확률 0.6에서 최고의 값을 나타내고 있다. 이러한 경향은 교차 확률이 너무 낮을 경우 교차로 인한 해 공간의 확보율이 떨어지기 때문이고 적합도 함수값이 너무 높은 경우는 해 공간의 탐색 이동률이 높기 때문인 것으로 생각된다. 또한 다점 교차 기능의 경우 0.6에서 가장 높은 적합도 함수를 나타내는 것은 Chang⁶⁾등이 제안하고 있는 한점 교차기능에서 취하고 있는 교차 확률 범위 0.6~0.9사이에 들어오고 있어 유니트 단계의 교차 기능이 전체의 교차기능에 크게 영향

을 미침을 알 수 있으며 본 연구에서 사용되는 모든 염색체는 다점 교차 기능을 가지는 것으로 하여 시뮬레이션 수행하였다. 또한 실제의 최적화 문제를 다루는 데 있어서는 세대수보다 오히려 시뮬레이션 시간과 적합도 함수와의 관계가 더 중요하나 본 연구에 있어서는 구조 재료의 안전성을 확보한다는 측면에서 세대수를 기준으로 각종의 유전자 파라미터의 기능을 조사하였다.

3.2 서브엘리티즘 (subelitism)

재생은 각각의 탐색점에서 목적 함수값의 우열에 따라 다음 세대로의 생존확률을 결정하는 과정이다. 단순 유전자 알고리즘의 경우 해집단에 대한 탐색점의 상대적 적합도 함수값을 이용하여 룰렛 휠상에서 난수의 형태로 염색체의 재생이 이루어진다. Fig.7의 nonelitism은 이러한 수법을 이용하여 염색체를 진화시킨 경우로서 최대 적합도 함수 값이 세대수에 따라 진동하고 있어 본 연구와 같은 이변수설계문제에서는 난수에 절대적으로 의존하는 본 방식이 효과적이지 못함을 알 수 있다. Fig.7 중 elitism과 subelitism은 이러한 결점을 극복하기 위해서 진화과정중에 해집단의 염색체중 가장 우수한 염색체 한쌍을 다음의 진화과정중에 남길 수 있도록 하는 엘리티즘 방식 (elitism)과 세대 수가 증가함에 따라 우수한 적합도 함수값을 나타내는 상위 염색체 5%이외에 염색체집단에서 가장 열악한 하위 염색체 5%를 잔존시키는 서브엘리티즘(subelitism)에 의한 결과를 나타낸 것이다. 전자는 초기에 진화 속도가 가속화 되어졌으나 집단의 다양성을 확보하지 못하므로서 후기에는 후자보다 훨씬 더 낮은 적합도 함수값을 나타내어 국소해로 빠지고 있으며 하위 적합도를 가지는 유전자는 비록 적합도는 낮으나 탐색 공간을 확장시키는 데 유효함을 알 수 있다. 따라서 본 연구에서는 염색체의 재생 방식으로 서브엘리티즘을 이용하는 것으로 한다.

3.3 돌연 변이 (mutation)

Fig.8은 세대수를 1000세대로 고정시킨 뒤 일정 돌연 변이 확률 η 에 따른 적합도 함수값을 나타낸 것이다. 돌연 변이는 완전히 확률 η 의 난수에 의존하기 때문에 정량적으로 비교하는 것은 그다지 의미를 가지고 있지 않지만 정성적 평가는 가능하다. 즉, 확률 η 가 작은 경우 탐색 범위가 매우 좁아지기 때문에 적합도 함수의 값을 높이지 못하는 반면 확률 η 가 크다면 탐색 공간이 넓어지기 때문에 적합도 함수 값 자체의 변동 범위가 너무 크게 되어 우연히 최적해 근방의 해를 구할 수 있지만 그렇지 않을 경우도 있기 때문에 탐색의 안전성을

보장할 수 없다. 일반적으로 유전자 알고리즘에서는 세대수가 증가함에 따라 해집단중의 염색체가 비슷하게 되는 경향이 있다. 그래서 본 연구에서는 이러한 것을 극복하기 위하여 전진화기간동안 돌연 변이 확률이 작고 고정되는 방식을 탈피하고자 한다. 즉, 진화 초기에 돌연 변이 확률을 1근방의 숫자인 0.95와 같이 크게 잡고 그 후에 적합도 함수가 증가된다면 단계적으로 감소시켜 나가고 그렇지 않을 경우 현재의 돌연 변이 확률을 그대로 유지시켜 돌연 변이 확률을 변동시켰다. 또한 마지막 단계의 진화 과정에서의 돌연 변이 확률 P_{mfinal} 을 Yang⁶⁾이 제안하는 범위인 0.001~0.01의 최소값인 0.001로 셋팅하여 단순 유전자 알고리즘에서 자주 사용되는 돌연 변이 확률로 고정시켰으며 돌연 변이 변동 폭 P_{mstep} 은 최대 세대 수(maximum generation number) n 에 의존하는 수로서 다음과 같다.

$$P_m(k+1) = P_m(k) - P_{mstep} \text{ if } F_{max}(k+1) > F_{max}(k)$$

$$P_m(k+1) = P_m(k) \text{ if } f_{max}(k+1) = f_{max}(k)$$

$$P_m(k+1) = P_{mfinal} \text{ if } P_m(k) - P_{mstep} < P_{mfinal} \quad (2)$$

단, $P_m(0) = P_{minit}$, $P_{mstep} = \left(\frac{P_{minit}}{k_{max}} \right) / n$

여기서 k 는 탐색점에서의 세대수이고 n 은 설계자가 임의로 주는 수이다. 이러한 최적의 P_{mstep} 을 결정하기 위하여 n 를 0.002에서 0.04까지 변화시켰을 때의 결과와 세대수를 1000세대로 셋팅하였을 때의 최대 적합도 함수값 f_{max} 과 P_{mfinal} 의 관계를 나타낸 것이 각각 Fig.9와 Fig.10이다. 그림에서 n 가 증가할 수록 적합도 함수 값은 비선형적으로 증가함과 동시에 P_{mfinal} 의 값이 0.001에서 벗어나 증가하기 시작하고 n 가 0.008을 경계로 더 이상의 최대 적합도 함수값 f_{max} 이 증가되지 않고 진동하므로 본 연구에서 사용하는 P_{mstep} 의 n 는 0.008로 셋팅하기로 한다. Fig.11은 고정 돌연변이와 변동 돌연변이를 이용한 방식을 비교하기 위하여 세대수에 따른 적합도 함수값을 서로 비교한 것이다. 적합도 함수값은 시뮬레이션 초기부터 전자의 방식이 후자의 방식에 비하여 훨씬 더 적으며 이러한 결과는 변동 돌연변이의 경우 초기에 과도한 돌연 변이 확률을 줌으로서 해공간을 전역적으로 탐색할 수 있는 능력을 부여하기 때문이다. 또한 변동 돌연 변이의 경우 시뮬레이션 후기에는 돌연 변이 확률을 고정시키는 효과와 똑 같으므로 최대 적합도 함수값 f_{max} 이 더 이상 증가되지 않아 최적해가 개선되지 않음을 알 수 있다.

3.4 해집단의 크기

Schmata 정리에 의하면 해집단의 크기는 제한되어 있으므로 유전자 알고리즘이 진화됨에 따라 해의 선택 과정(selection process)에서 높은 적합도 함수값을 가진 유전자들이 많아지게 되며 낮은 적합도 함수를 가진 유전자들은 도태되어 국소 최소해(local minima)에 빠질 염려가 있다. 따라서 Fig.12은 적층복합판의 변형률 제약 문제에 따른 해집단의 크기를 결정하기 위하여 유전자 집단의 크기를 10에서 500까지 변화시킬 때의 적합도 함수값의 변화를 나타낸 것이다. 해 공간은 1.5×10^{18} 정도의 조합 공간(combinatorial space)이고 연색체집단의 크기가 작다면 적합도 함수값이 작아 목적 함수의 제한 조건에 수렴되지 않음을 알 수 있다. 그러나 해집단의 갯수가 증가하게 되면 적합도 함수 값이 비선형적으로 증가되어 적층판의 각층에서 발생하는 변형률과 두께의 제어는 잘 수행되나 시뮬레이션에 필요한 계산 시간(computational time)이 늘어나게 된다. 이러한 결과는 진화과정에서 해집단 크기가 증가하게 되면 해 공간 범위가 빨리 줄지 않음과 동시에 점점 더 넓어져 조기 수렴이 방지되기 때문이라 생각되며 Todoroki등⁷⁾이 단순 유전자 알고리즘을 이용하여 부재의 응력집중부에 관한 강성 최적화를 실시하여 개체수 변화에 따른 적합도 함수값을 조사한 결과와 잘 일치하고 있다. 그러나 해집단의 크기가 증가한다고 하여 계속적으로 적합도 함수가 증가되는 것은 아니며 본 연구의 경우 400개를 기점으로 하여 적합도 함수 증가 폭이 포화되기 시작하므로 400개를 본 유전자 알고리즘의 해집단 크기로 선택하였다.

3.5 개선 유전자 알고리즘에 복합재료적층판의 강성 최적화

Fig.13에서 Fig.15까지는 진화의 개선 유전자 알고리즘(Improved genetic algorithm)을 이용하여 각각의 하중 유형에 따른 적층복합재료의 설계결과를 나타낸 것이다. 그림에서 작용하는 하중형태는 적층복합재료의 단위 두께당 힘 N_i ($i-x, y, xy$)와 모우멘트 M_i ($i-x, y, xy$)이다. 또한 시뮬레이션에 사용한 재료는 carbon/epoxy T300/5208로시 재료정수는 Table 4에 나타내었으며 $E_x, E_y, G_{xy}, \nu_{xy}$ 는 종탄성계수, 횡탄성계수, 전단탄성계수와 주포와송비(major poisson's ratio)를 각각 표시한 것이다. Fig.13은 적층복합재료의 적층각도가 모두 0° 인 일방향 적층판은 플라이를 0.1, 0.2, 0.3 mm로 균일하게 하여 $N_x=150N/mm$ 로 부하한 결과 유전자 알고리즘을 이용하여 구한 적층구조중 가장 적은 x

축 변형률이 0.00082정도의 값을 나타내고 있으므로 일정 두께 0.1mm의 0° 적층복합재료에 비하여 변형률이 10%정도 상승하였다 또한 적층복합재료의 두께비도 동일 두께 0.1mm의 0° 적층복합재료에 비하여 유전자 알고리즘으로 구한 적층구조가 최저 0%에서 최고 18%까지 증가하였다. 한편 X축 하중만 작용함에도 불구하고 개선 유전자 알고리즘에 의한 적층 각도를 살펴보면 $\theta=0^\circ$ 가 아닌 0° 근방으로 분산되어 있음을 알 수 있다. 이러한 경향은 목적함수에서 고려하는 변수가 한계 변형률비와 더불어 최소 중량 설계 개념에 기초한 한계 두께비가 동시에 포함되어져 있기 때문이라 생각된다. 즉, 면내 강성 행렬 A_{ij} 에 미치는 인자는 각도와 적층판 두께 차이의 곱으로 계산할 수 있으므로 이러한 두 인자의 상호 간섭때문에 0° 근방의 각도와 각 적층판의 두께가 상이함을 알 수 있다. 이러한 단축상태에서의 변형률은 대략적으로 주축방향에서 가장 적게 나타내리라 예측되어지며 실제로 본 연구에서도 이러한 가능성을 확인하였다. 그러나 다축응력상태에서는 이러한 가능성을 예측하기는 상당히 어렵기 때문에 2축 응력 상태($N_x=150N/mm, N_y=100N/mm$)하에서 엑스퍼트 시스템으로 적층수와 적층각도를 변화시켜 구한 적층 구조와 본 연구에서 제안하는 유전자 알고리즘으로 적층 각도와 두께를 설계 파라미터로 하여 최적화 시킨 적층구조를 비교하기 위하여 Fig.15에 엑스퍼트 시스템에 의한 적층 구조 및 각각의 시뮬레이션 방법에 따른 변형률 상태를 나타내었다. 그림에서 전문가 시스템으로 적층수와 적층 각도를 제어한 경우와 유전자 알고리즘으로 적층각도와 두께를 제어한 경우를 비교하면 변형률은 x축방향에서는 감소되나 y축방향에서는 동일하였다. 이러한 결과는 전문가 시스템의 경우 현장에서 작업하게 되는 일반적 적층 각도인 $0^\circ, \pm 30^\circ, \pm 45^\circ, \pm 60^\circ, 90^\circ$ 로 구성하여 그 조합에서 최적인 적층각도를 구성하였기 때문에 탐색해 공간이 본 연구에서 고려하는 것보다 훨씬 더 작기 때문에 변형률에 있어서는 유전자 알고리즘보다 더 크게 나타나는 것으로 생각된다. 또한 적층판의 플라이 두께는 유전자 알고리즘으로 설계한 경우와 전문가 시스템으로 최적화한 경우 모두 0.125mm로 동일하므로 본 하중 조건의 최적화 최소 두께인 것으로 생각된다. 한편, 유전자 알고리즘으로 적층각도와 플라이 두께를 제어하는 경우 기존의 전문가 시스템으로 적층 구조를 최적화한 경우에 비하여 시뮬레이션에 적층판 이론만 필요하고 전문가 시스템에서 필요로 하는 경험적 사실은 필요하지 않았다. 그러므로

유전자 알고리즘을 강성과 중량 최적화기법에 응용하는 경우 간단한 응력해석만으로 재료설계가 가능하므로 진분가 시스템에 비하여 간단한 최적화 수법임을 알 수 있다.

4. 결론

1. 강성과 중량 최적화문제에 다점 교차기능을 적용한 결과 단순 유전자 알고리즘의 한점교차기능에 비하여 적합도 함수가 개선됨을 알 수 있다.
2. 진 진화과정동안 상위와 하위 염색체를 동시에 생존시키는 서브엘리티즘 방식이 볼렛 휠 방식보다 적합도 함수가 진동하는 경향을 막을 수 있었다.
3. 고정돌연변이에 비하여 변동돌연변이는 시뮬레이션 초기에 과도한 돌연변이확률을 주므로써 해공간 탐색능력이 향상되었다.
4. 해집단의 크기가 증가할수록 적합도 함수값은 증가되나 과도한 크기는 해공간의 탐색에 한계가 있음을 나타내고 있다.
5. 유전자 알고리즘과 진분가 시스템의 시뮬레이션 결과를 비교하면 진자가 후자에 비하여 해석 방법이 간단함과 동시에 탐색능력이 뛰어난 것을 알 수 있다.

참고문헌 생략

Table 1. Loading condition

N_x (N/mm)	150
N_y (N/mm)	100
N_{xy} (N/mm)	0
M_x (N · mm/mm)	0
M_y (N · mm/mm)	0
M_{xy} (N · mm/mm)	0

Table 2. Simulation parameter in GA

Chromosome length	60 bits	
Population size	100	
Mutation probability	P_{init}	0.95
	P_{final}	0.001
Crossover probability	0.5	
Generation	1000	

Table 3. Fitness function

No	Genotype	Representation type	Fitness	%Fitness
1	001001	9	0.012346	71.7
2	010011	19	0.002770	16.1
3	011011	27	0.001372	8.0
4	100101	37	0.000730	4.2
Total			0.017218	100

Table 4. Mechanical properties

E_x (GPa)	E_y (GPa)	G_{xy} (GPa)	ν_{xy}
181	10.3	7.17	0.28

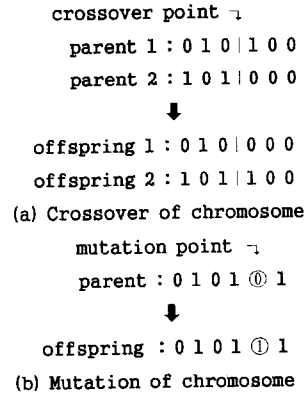


Fig. 1 Generic operation of chromosome

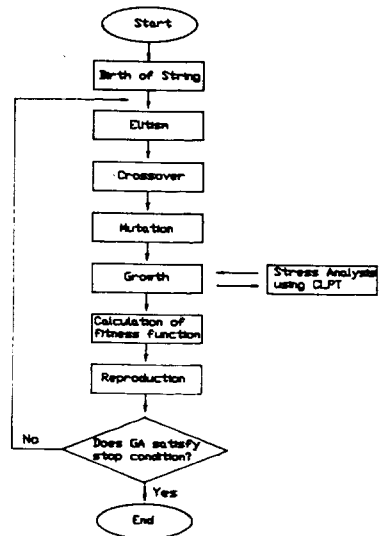


Fig. 2 Flow chart of GA for stiffness and weight optimization

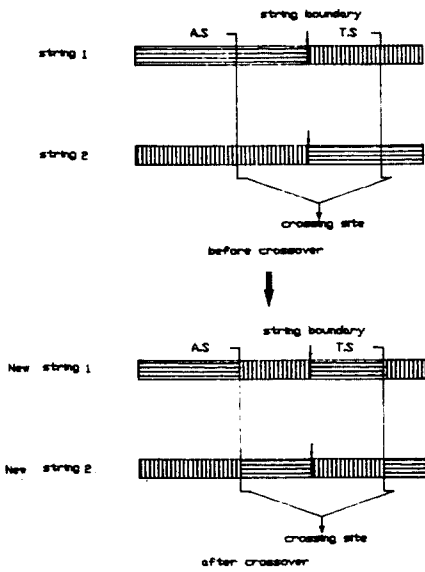


Fig. 3 Single point crossover

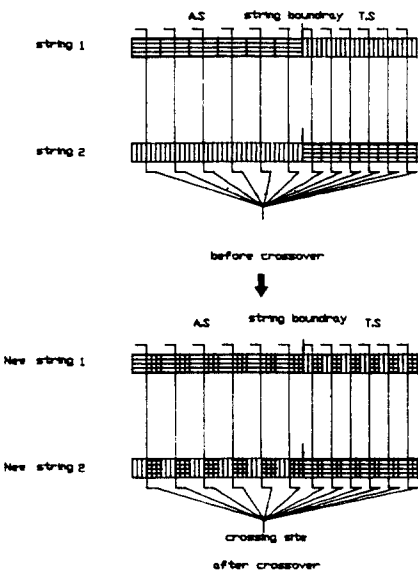


Fig. 4 Multipoint crossover

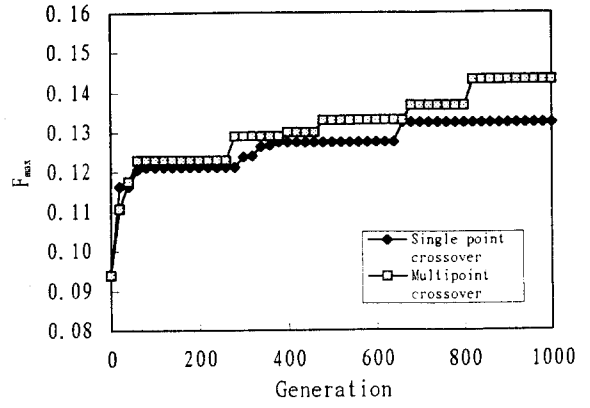


Fig. 5 Comparison of single point crossover with multipoint crossover

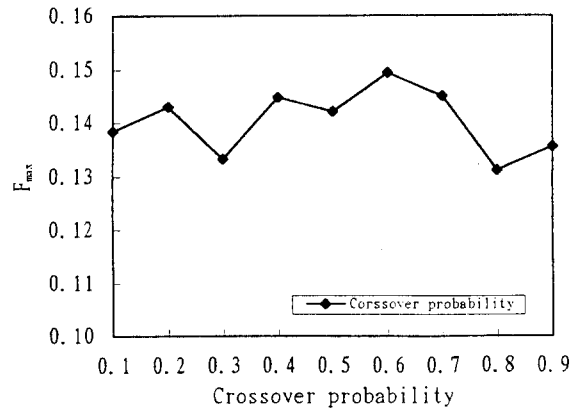


Fig. 6 Relation between crossover probability and maximum fitness function

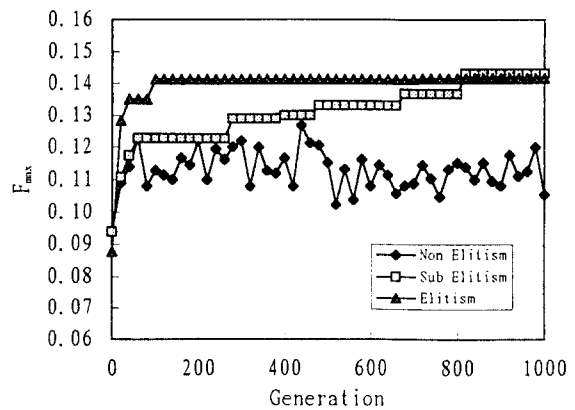


Fig. 7 Reproduction method in genetic algorithm

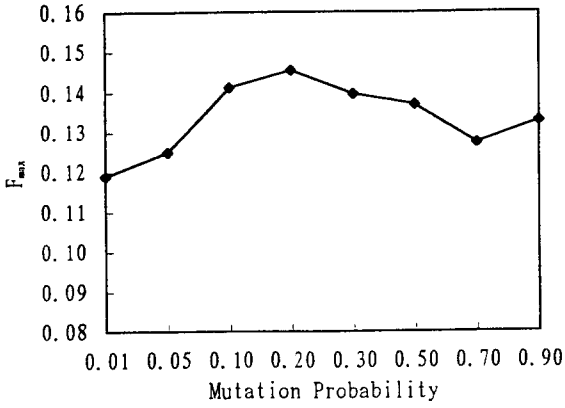


Fig. 8 Relation between fixed mutation probability and maximum fitness function

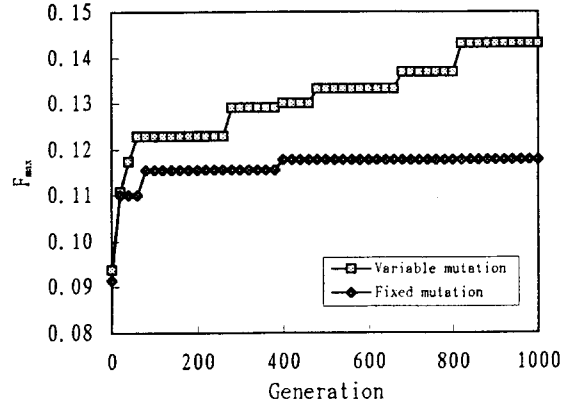


Fig. 11 Comparison of fixed mutation with variable mutation

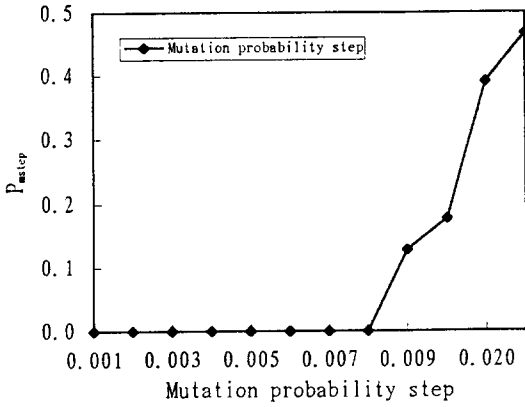


Fig. 9 Relation between P_{mstep} constant n and maximum fitness function

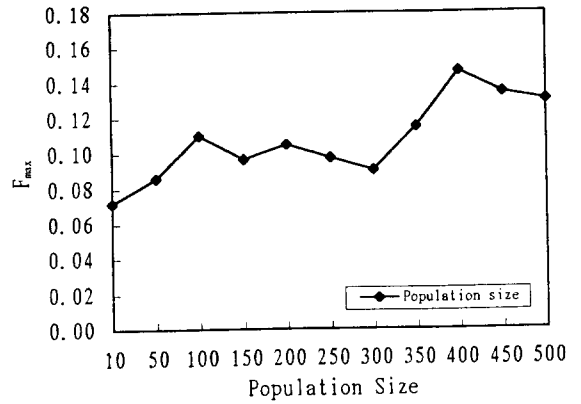


Fig. 12 Relation between population size and maximum fitness function

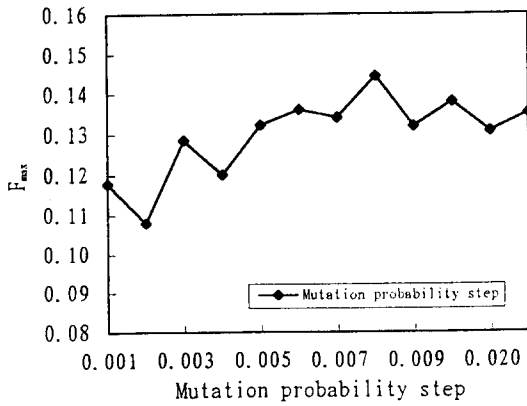


Fig. 10 Relation between final mutation probability and maximum fitness function

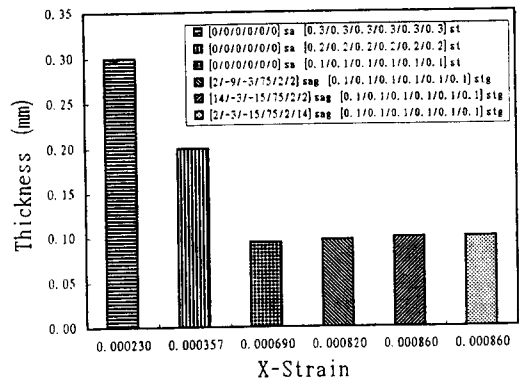


Fig. 13 optimized chromosome structures under $N_x=150N/mm$

Loading condition		Constraint condition	
N_x (N/mm)	150	ϵ_x	0.001
N_y (N/mm)	100	ϵ_y	0.001
N_{xy} (N/mm)	0	ϵ_{xy}	0.001

(a) simulation conditions

Strain	
ϵ_x	0.0009
ϵ_y	0.0008
ϵ_{xy}	-0.00008

75	83	2	2	-43	-37	0.10	0.14	0.10	0.14	0.10	0.10
----	----	---	---	-----	-----	------	------	------	------	------	------

(b) Chromosome structure and strain

Strain	
ϵ_x	0.0009
ϵ_y	0.0009
ϵ_{xy}	0.0005

73	-20	-54	11	-15	14	0.16	0.10	0.13	0.10	0.10	0.10
----	-----	-----	----	-----	----	------	------	------	------	------	------

(c) Chromosome structure and strain

Fig. 14 Optimized chromosome structure under $N_x=150$ N/mm and $N_y=100$ N/mm

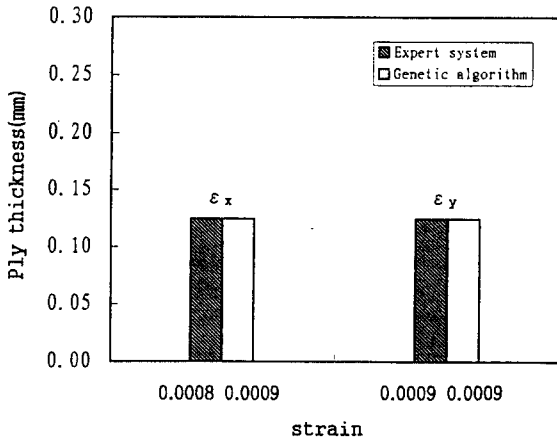


Fig. 15 Comparison of GA with expert system under $N_x=150$ N/mm, $N_y=100$ N/mm