

# 유전알고리즘과 Tabu탐색법에 의한 제진판의 최적설계

양 보 석\*, 0전 상 범\*\*, 유 영 훈\*, 최 병 근\*\*

## Optimum Design of Damping Plate by Combined Method of Genetic Algorithm and Random Tabu Search Method

S. B. Jeon, B. S. Yang, Y. H. Yu, B. G. Choi

### Abstract

This paper introduces a new combined method by genetic algorithm and random tabu search method as optimization algorithm. Genetic algorithm can search the global optimum and tabu search method is very fast in speed. The optimizing ability of new combined method is identified by comparing other optimizing algorithm and used for optimum design of damping plate.

### 1. 서론

현재 최적화 알고리즘으로 사용되고 있는 방법으로서 유전알고리즘(Genetic Algorithm, GA)과 Random Tabu 탐색법이 있다. 유전알고리즘은 생물진화의 원리와 유전학에 착상을 얻은 확률적 탐색법으로서, 특히 방대한 해공간 속에서도 강인한 탐색능력을 가지고 있으며, 다양화 최적화문제에서 이 알고리즘의 유용성이 입증되고 있다. 또한 Tabu탐색법은 Glover에 의해 순회 salesman문제 등 조합최적화 문제를 풀기 위해 개발된 방법으로서, 이 알고리즘은 탐색속도가 대단히 빠른 장점이 있으나 넓은 해공간과 다변수 최적화문제에서 최적해 탐색능력이 낮은 단점이 있다. 본 논문에서는 유전알고리즘과 Tabu탐색법을 함께 이용해서 각 알고리즘의 장점을 이용하여 보다 빠르고 정확한 최적해 탐색법을 제안하고, 제진판의 최적설계에 적용하였다.

### 2. 유전알고리즘과 Tabu 탐색법

#### 2.1 유전알고리즘

유전알고리즘은 우수한 적응도(fitness)를 가진 개체가 주위환경, 즉 주어진 구속조건하에서 더 큰 생존확률을 가지고 더 많은 교차조합에 참가하여 다음 세대에 우수한 개체를 생성한다는 자연계의 법칙과 번식, 교차, 돌연변이의 과정을 수행하는

유전학에 착상을 얻은 최적화방법이다<sup>1)</sup>. 유전알고리즘의 과정은 다음과 같다.

- 1) 유전알고리즘은 해를 표현하는 방법으로서 생물의 염색체의 개념을 사용한다. 염색체의 유전자로서 이진수(0과 1)를 이용하고, 이를 이용하여 하나의 개체를 표현한다.
- 2) 위와 같은 방법으로 초기에 지정된 개수만큼 임의로 개체를 만들어서 초기집단을 만들어낸다. 그리고 초기집단의 각각의 개체에 대해서 목적함수를 이용하여 적응도를 계산한다.
- 3) 계산된 적응도에 따라서 적응도가 높은 개체 2개가 선택되고, 이들을 교차확률에 따라서 일부분을 교차시킨다. 또한 돌연변이확률에 따라서 임의로 한 부분을 바꾸는 돌연변이조작을 수행한다.

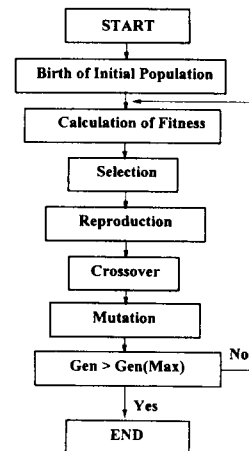


Fig. 1 Flowchart of genetic algorithm

\* 부경대학교 기계공학과

\*\* 부경대학교 대학원 기계공학과

4) 3)의 조작을 통해서 다시 지정된 개수만큼의 개체를 만들어 내고 다시 적응도를 계산하여 3)의 계산을 반복한다. 이 과정을 가장 우수한 최적해를 찾아낼 때까지 반복한다. 이 과정을 Fig. 1에 나타내었다.

## 2.2 유전알고리즘의 조작연산자

### 1) 번식(reproduction)

개체의 초기집단을 생성하고 집단의 각 개체의 적응도를 목적함수를 이용하여 계산한다. 그리고 교차에 사용되는 개체들을 선택하는 방법으로 적응도비례전략을 사용하였다. 이 방법은 개체의 적응도에 비례해서 적응도가 높은 개체중에서 임의로 교차에 참여할 개체를 선택하게 된다. 그리고 엘리트보존전략을 사용하여서 이전 세대에서 만들어진 우수한 개체가 다음 세대에 보존되도록 하는 방법도 사용했다. 이 방법을 이용하게 되면 세대가 진행됨에 따라서 적응도가 계속 좋아지도록 하는 효과가 생긴다. 본 논문에서는 이를 약간 변형하여 이전 세대의 개체들과 새로 만들어진 세대의 개체들을 비교해서 현 세대보다 더 우수한 개체가 이전세대에 있다면, 모든 우수한 개체들을 보존시키는 방법을 사용하였다.

### 2) 교차(crossover)

교차는 번식과정에서 선택된 개체들에 대해서 수행된다. 먼저 각 개체의 적응도에 따라서 2개의 개체가 선택되고 지정된 교차확률에 따라서 개체의 일부분을 교환하여 새로운 2개의 개체를 만들어 낸다. 교차방법으로서 많이 사용되는 것중에는 1점교차법(one-point crossover), 다점교차법(multi-point crossover), 일정교차법(uniform crossover) 등이 있다.

### 3) 돌연변이(mutation)

교차의 과정을 거친 개체는 돌연변이확률에 따라서 임의로 변화된다. 유전알고리즘에서 돌연변이는 진화의 초기에 집단의 다양성을 높이기 위한 것으로, 넓은 해공간을 탐색하기 위한 방법이다. 돌연변이는 진화의 초기에 뛰어난 성능을 발휘하지만, 진화의 후반부에는 높은 적응도를 바꿔버릴 수도 있다. 즉 탐색된 우수한 최적해가 사라질 수도 있다. 따라서 여기에서는 세대가 진행됨에 따라서 돌연변이확률이 지수적으로 감소하는 방법을 주로 사용하였다.

## 2.3 Random tabu 탐색법<sup>2)</sup>

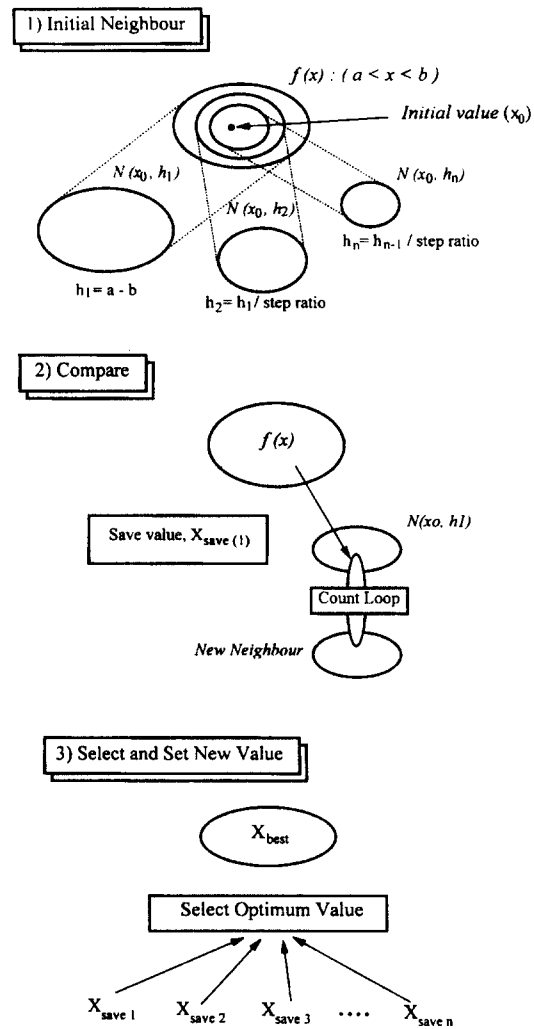


Fig. 2 Flowchart of random-tabu search method

Hu는 Glover가 고안한 Tabu탐색법을 개량한 random tabu탐색법(R-Tabu)을 제안하고, 그 방법을 일반적으로 구속조건이 있는 최적화문제에 적용했다. 어떤 목적함수  $f(x)$ 를 구속조건하에서 최소로 하는 문제를 고려한다. R-Tabu탐색법에서는 새로운 step수, count수의 2개의 정수를 정의한다. Step수는 탐색을 하고자 하는 근방영역의 개수이고, count수는 하나의 근방영역을 탐색하는 횟수의 상한치를 나타낸다. 제약조건을 만족하는 해의 제 1근사해(초기치)를  $x_0$ 로 하고,  $x_0$  주위에 근방영역  $N(x_0, h_i)$ 을 설정한다. 여기서  $h_i$ 는 step이다. R-Tabu탐색법의 아이디어는 각각의 근

방영역 중에서  $x$ 를 임의로 발생시키고, 그것에 의한  $f(x)$ 가  $f(x_0)$ 보다 적으면, 그 점을 영역내의 최소점으로서 기억한다. 이 과정을 반복해서 전체 근방영역에서 선택된 최소점들 중에서 가장 작은  $x$ 를 제 2차 근사해  $x_1$ 으로 하고,  $x_1$ 주위에 다시 근방영역을 설정하여 탐색을 반복하는 것이다. 기본적인 생각은 Hooke-Jeeves들이 제안한 직접탐색법의 패턴탐색법과 격자탐색을 조합한 방법이 가깝지만, 개량 step폭 대신에 근방영역을 설정한 것과 그 크기가 다른 것을 복수개 설정하는 점에서 다르다.

이 방법의 특징은 탐색영역을 크기가 다른 여러 영역으로 분할해서 탐색을 하므로 맹목적인 탐색을 피할 수 있고 따라서 탐색에 필요한 횟수를 줄일 수 있다. 그리고 랜덤탐색을 해서 국소적 최적해에 빠지는 것을 막을 수 있고, 다목적 최적해를 탐색하는 것이 가능하다. 또한 수렴속도가 대단히 빠른 장점이 있다.

### 3. 유전알고리즘과 R-Tabu탐색법의 결합

#### 3.1 알고리즘

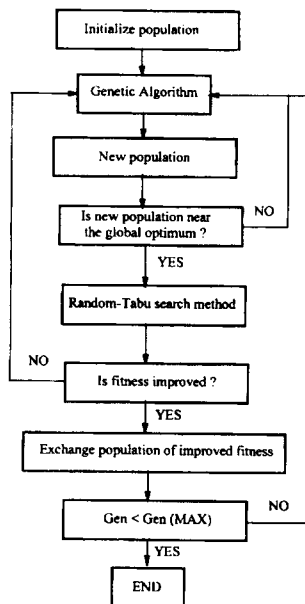


Fig. 3 Flowchart of combined method by GA and random-tabu search method

유전알고리즘의 장점은 대국적인 최적해에 대한 탐색능력이 우수하다는 것이다. 그러나 대국적 최

적해 근처에서는 수렴속도가 현저하게 느려지게 되므로 어느 정도 세대가 진행되어서 대국적 최적해에 근접한 때부터 R-Tabu탐색법을 이용하도록 하는 방법을 사용한다. 이 시점 이전까지는 유전알고리즘만을 이용해서 최적해를 탐색하고 지정된 세대 이후부터는 유전알고리즘과 R-Tabu탐색법이 한 번씩 교대로 사용되는 결합방법을 이용하였다. 이 때부터는 먼저 유전알고리즘을 통해서 번식, 교차, 돌연변이과정을 통해서 지정된 개체수만큼 해를 만들어 낸다. 그러면 R-Tabu탐색법에서는 유전알고리즘에서 만들어진 해를 탐색을 시작할 초기치로 설정한다. R-Tabu탐색법은 해공간이 넓어지면 탐색시간이 오래 걸리는 단점이 있기 때문에 지정된 초기값을 중심으로 아주 작은 탐색범위를 설정하고, 이 탐색범위 내에서 해의 탐색을 시작한다. 지정된 step수와 count수만큼 해를 탐색하고 난 후에 찾아낸 최적해가 GA에서 찾아낸 최적해보다 우수하다면 이를 교체하고, 그렇지 않으면 다시 다른 개체로 넘어가서 R-Tabu탐색을 실시하게 된다. 하지만 이와 반대로 최적화문제의 특징에 따라서 R-Tabu탐색을 진화의 전반부에 실행할 수도 있다. R-Tabu탐색법을 적용할 때에는 모든 개체들에 적용하는 것이 아니라 적용도가 우수한 상위 그룹에만 적용하도록 하여 낮은 적용도를 가진 개체들은 아예 R-Tabu탐색법으로 탐색되지 않도록 하였다.

#### 3.2 최적해 탐색능력 비교

이상과 같이 만들어진 조합알고리즘을 가장 간단한 유전알고리즘, 유성생식방법을 사용하는 유전알고리즘과 최적해 탐색능력을 비교하였다. 목적함수로는 2변수문제로서 대역최적해주위에 수많은 국소최적해가 있는 다음의 함수를 사용했다.

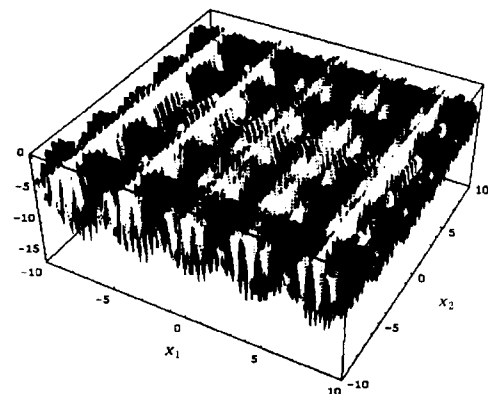


Fig. 4 Trial object function

$$f(x_1, x_2) = (\cos 2\pi x_1 + \cos 2.5\pi x_1 - 2.1) \\ \times (2.1 - \cos 3\pi x_2 - \cos 3.5\pi x_2) \\ (-10 \leq x_1 \leq -10, -10 \leq x_2 \leq -10)$$

이 함수의 형태는 Fig. 4와 같다. 함수의 최소값은  $f_{opt} = -16.09172$ 이다. 이 문제에 적용한 GA파라메터와 R-Tabu탐색법의 파라메터는 Table 1과 같다.

Table 1 Parameter of GA and R-Tabu

GA	
Length of chrom.	20
Full Eliticism + Roulette wheel selection	
Crossover probability	70%
Number of chrom.	200
Number of generation	500
Mutation probability	exponential step uniform
Random tabu search method	
Step	5
Count	10

Table 2 Comparison of optimizing ability

Exponential mutation probability			
	optimum	time(sec)	
SGA	-16.089002	7	
SRGA	-16.091719	116	
R-Tabu	-16.091720	1	
SGA, R-Tabu	-16.091720	20	
Step mutation probability			
SGA	-15.996010	3	
SRGA	-16.091720	17	
R-Tabu	-16.091720	1	
SGA, R-Tabu	-16.091720	2	
Uniform mutation probability			
Probability	optimum / time(sec)		
	SGA	SRGA	SGA,R-Tabu
0.05	-16.07746/62	-16.09172/16	-16.091720/15
0.1	-16.09035/8	-16.09171/36	-16.091720/17
0.15	-16.09155/8	-16.09166/342	-16.091720/2
0.2	-16.08921/2	-16.09166/148	-16.091720/22
0.25	-16.08503/60	-16.09140/235	-16.091720/98
0.3	-16.08355/60	-16.09144/251	-16.091720/71
0.35	-16.09170/30	-16.08903/128	-16.091720/6
0.4	-16.09076/41	-16.08926/251	-16.091720/26
0.45	-16.09136/85	-16.09144/149	-16.091720/137
0.5	-16.08540/17	-16.09115/285	-16.091720/10

이상의 파라메터를 가지고서 각 알고리즘에 적용해서 비교해 보았다. 그중에서 특히 이 2차원문

제에서 GA의 수렴정도와 속도에 많은 영향을 미친 여러 가지 돌연변이확률의 변화에 대한 결과를 Table 2에 나타내었다.

또한 유전알고리즘의 파라메터인 개체수에 대해서는 개체수가 적은 경우보다는 많은 경우가 최적해를 더 빨리 찾아내는 것을 알 수 있었다.

위의 비교에서 유전알고리즘과 R-Tabu탐색법을 조합한 알고리즘이 각각 한가지 알고리즘만을 사용한 것에 비해서는 훨씬 우수한 최적해 탐색능력을 가지고 있다. 단, R-Tabu탐색법을 단독으로 사용했을 때는 탐색속도가 대단히 빨랐지만, 변수의 개수가 많은 다변수문제에 적용해 본 결과 그 탐색능력이 현저히 떨어지는 것을 알 수 있었다.

#### 4. 제진판 최적설계

##### 4.1 제진판 최적설계의 개요<sup>3)</sup>

제안된 유전알고리즘과 R-Tabu탐색법의 조합알고리즘의 실제적인 최적해 탐색능력을 조사하기 위해서 제진판 최적설계문제에 적용하였다. 이것은 제진판의 손실계수비가 최대가 되도록 모드와 경계조건을 고려해서 제진판의 배치형태를 탐색하는 것이다. 대상모델의 구조와 좌표계를 각각 Fig. 5와 Fig. 6에 나타낸다.

경계조건 : 단순지지, 고정지지  
모드 : (1,1), (1,2), (1,3)모드  
판의 크기 : 20 × 20

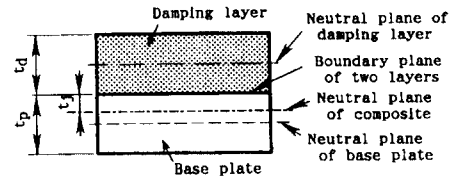


Fig. 5 Structure of damping plate

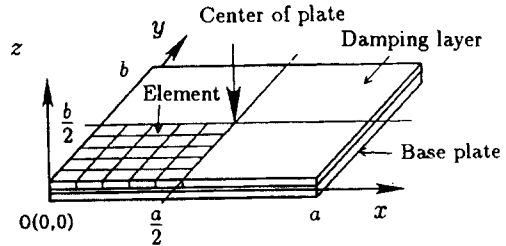


Fig. 6 Coordinate of damping plate

이 경우의 목적함수는 제진판의 손실계수의 비이다. 이 식은 다음과 같다.

$$\eta = \frac{E_r \sum_{j=1}^N C_j F_j^x + D_j F_j^y}{\sum_{j=1}^N A_j F_j^x + B_j F_j^y + E_r (C_j F_j^x + D_j F_j^y)}$$

여기서  $\eta$ 는 전체 판의 손실계수이고,  $\eta_d$ 는 제진판의 손실계수이다. 즉 이 손실계수의 비를 최대화하는 제진판의 배치형태를 찾아내는 것이다. 기타 변수들에 대한 내용은 참고문헌 [3]과 동일하므로 여기서는 생략한다.

#### 4.2 유전알고리즘과 R-Tabu탐색법의 적용

2차원형태의 제진판조각이 배치되어 있는 모양을 GA에서 사용하는 개체의 형태로 표현하기 위해서 염색체의 구조를 정수를 이용한 2차원 배열 형태를 이용하였다. 즉, Fig. 7과 같이 2차원배열이 있고 그 안의 요소는 그 위치에 놓여 있는 제진판의 단위조각수가 된다.

1	2	0	3	4
1	3	3	1	2
4	3	1	2	3
3	2	0	4	2
1	3	4	0	2

Fig. 7 2-dimension structure of chromosome

또한 일반적인 유전알고리즘이 1차원의 스트링을 염색체로 사용하는 데 반해서 여기서는 2차원 구조의 염색체를 사용하므로 교차방법은 2차원의 블록교차(block crossover)를 사용하였다.

구속조건으로서는 전체 제진판조각의 수를 고정시키는 것이다. 이러한 구속조건이 있으므로 돌연변이 조작에 의해서 마음대로 제진판의 조각수를 바꾸지는 못하므로 임의의 지점 2곳을 선택해서 교차하는 방법과, 교차 등의 과정을 통해서 전체 조각수가 바뀌는 경우에 대해서 이를 보정하는 수단으로 돌연변이조작을 사용하였다.

현재 사용한 판모델은 20×20개의 격자로 나누어져 있는데 판의 가운데를 중심으로 해서 대칭이 되기 때문에 1/4로 나눈 10×10의 모델로 축소해서 적용했다.

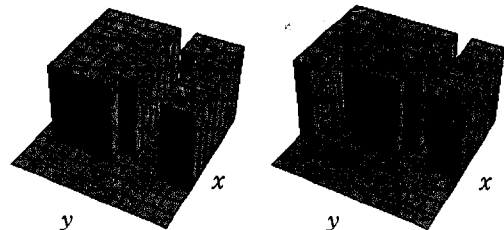
이 제진판 최적설계문제의 경우는 염색체의 요소가 간단한 정수형태로 되어 있다는 특수성이 있다. 그래서 앞에서 설명한 것과 같이 어느 시점 이후에 Tabu탐색법을 적용하는 것이 아니라 처음부

터 어떤 시점까지 Tabu탐색법을 적용하는 것이다. 이것은 판의 최적배치형상을 찾아갈 때에 후반부에 국소 최적해에 빠진 경우가 발생한다면 Tabu는 이 지점들을 중심으로 해서 탐색을 하려고 할 것이다. 실제로 진화의 끝까지 최적해를 찾지 못한 경우가 있었다. 따라서 이 문제에서는 진화의 초기에 Tabu탐색을 사용하여 진화의 초기에 발생할 수 있는 국소최적해들을 배제하고, 유전알고리즘의 진화를 더욱 강력하게 하도록 하였다. 그리고 진화의 후반부에서는 유전알고리즘만을 이용해서 해를 탐색하도록 하였다.

#### 4.3 시뮬레이션 결과

Table 3 Fitness of simulation

	Ref. 3	SGA	SGA/R-Tabu
C-C-C-C (1,3) mode	0.236	0.239	0.239
S-S-S-S (1,3) mode	0.227	0.229	0.229



(a) all edge simply supported (b) all edge clamped supported

Fig. 8 Optimum shape of damping plate (1,3)mode

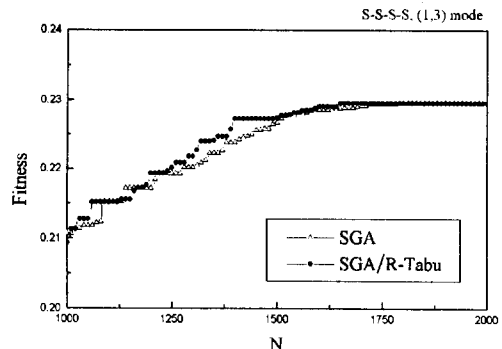


Fig. 9 Comparison of algorithm

Table 3에는 각각의 알고리즘을 이용하여 얻은 최적값을 나타내었다. Fig. 9는 단순지지 (S-S-S-S), (1,3)모드인 경우에 대해 SGA와 조합 탐색법의 진화과정을 비교해 놓은 것이다. 전체적으로 조합탐색법이 더 빨리 정확한 해를 찾아 가는 것을 볼 수 있다.

#### 4. 결론

본 논문에서는 유전알고리즘의 뛰어난 대국적 최적해 탐색능력과 R-Tabu탐색법의 빠른 탐색속도를 조합한 최적해 탐색알고리즘을 제안하고, 그 탐색능력을 검토하였다. 그러나 GA에서 사용되는 돌연변이확률, 개체수 등의 파라미터는 시행착오를 통해서 확인해야 하는 단점이 있고, 이것은 R-Tabu탐색법도 마찬가지이다. 하지만 이 조합 알고리즘은 적용문제의 특징에 맞춰서 각 알고리즘을 장점을 적절히 이용하기 때문에 최적해 탐색능력이 우수해서 해공간이 복잡하거나 다변수문제인 제진판 최적설계와 같은 문제의 경우에 위와 같은 조합알고리즘의 적용가능성을 확인하였다.

또한 현재 조합된 방법에 사용된 유전알고리즘 가장 단순한 SGA(simple genetic algorithm)이다. 하지만 이를 좀 더 개량한 유전알고리즘을 사용하면 더욱 우수한 알고리즘을 개발할 수 있을 것이다.

#### 5. 참고문헌

- 1) Goldberg, D. E., Genetic Algorithm in Search, Optimization & Machine Learning, Addison-wesley Pub. Co., 1989
- 2) Yang, B. S., et al., Learning Improvement of Neural Network by Tabu Search Method, 2nd Int. Conf. on Acoustical and Vibratory Surveillance Methods and Diagnostic Techniquess, CETIM, France, 1995.
- 3) Yu, Y. H., Yang, B. S. and Nakagawa, N., An Optimum Passive Vibration Control of Elastic Plate with an Unconstrained Viscoelastic Damping Layer, Machine Vibration, vol.5, 45-51, 1996.