

트러스구조물의 형태해석에 유전알고리즘의 응용

Application of Genetic Algorithm for Shape Analysis of Truss Structures

문 창 훈* 한 상 을**
Moon, Chang-Hoon Han, Sang-Eul

Abstract

Genetic Algorithm(GA), which is based on the theory of natural evolution, has been evaluated highly for their robust performances. The optimization problems on truss structures under the prescribed displacement are solved by using GA. In this paper, the homologous deformation of structures was proposed as the prescribed displacement. The shape analysis of structures is a kind of inverse problems different from stress analysis, and the governing equation becomes nonlinear. In this regard, GA was used to solve the nonlinear equation. In this study, the shape analysis method in which not only the positions of the objective nodes but also the layout and sectional area of the member are encoded to strings in the GA as design parameters of the structures is proposed.

1. 서 론

인공 유전 시스템인 유전알고리즘(genetic algorithm)은 다윈이 주장한 자연진화법칙인 적자생존(survival of fitness)과 자연도태의 원리를 토대로 하여 정립된 최적화 알고리즘으로 홀란드(Holland)에 의해 1975년 개발된 전역적 병렬 탐색의 최적화 알고리즘이다^{1,2)}. 유전알고리즘은 풀고자 하는 문제에 대한 가능 해들을 정해진 형태의 자료구조로 표현한 다음에 이들을 점차 변형시켜 점점 적합도가 높은 해들을 만들어 내게 된다. 유전알고리즘에서는 생물학적 유전인자인 염색체에 해당하는 문자열을 가지고 생물과 같은 재생산(reproduction), 교배(cross-over), 돌연변이(mutation)를 거쳐서 다음 세대의 새로운 자손을 인공적으로 만들게 되며, 이들 세 가지 연산자들을 반복적으로 적용시켜 적합도가 좋은 해를 탐색할 수 있다. 유전알고리즘은 경사값이나 기타 보조정보가 아닌 확률정보를 사용함으로 최적화 함수 정보를 필요로 하지 않을 뿐만 아니라, 병렬 탐색으로 인해 전역 최적해를 찾을 가능성이 매우 높다. 일반적으로 트러스구조물의 형태해석문제는 구조물의 절점의 위치에 기인하여 고도의 비선형성을 나타낸다. 따라서 최적해가 국부 최적해로 수렴될 위험성이 대단히 크다. 유전알고리즘은 이러한 문제를 상당히 개선시킬 수 있는 훌륭한 탐색도구로 쓰일 수 있으며, 본 연구에서는 그 적용 가능성을 규명하고자 한다.

대공간구조물의 형태에 관한 기존의 연구는 크게 두 가지로 분류한다. 하나는 불안정구조물로부터 안정된 구조물로의 안정화이행과정에서 형태를 구하는 형태탐색(shape finding)의 문제이고,

* 인하대학교 건축공학과 공학석사

** 인하대학교 건축공학과 교수

다른 하나는 주어진 제약조건을 만족하는 구조물의 형태를 구하는 형태해석(shape analysis)의 문제이다. 본 연구는 형태가 안정된 구조물에서 변위제약모드를 만족하는 구조물의 형태를 구하고자 하므로 형태해석에 속한다. 형태해석에 관한 연구로는 처음으로 항가이(Hangai Y.)^{3,4)}가 변위 제약을 만족하는 구조물에 대한 형태해석법을 제안하였다. 요시카와(Yoshikawa N.)⁵⁾는 민감도해석을, 쩌안(Qian)과 항가이⁶⁾는 BFGS(Broyden - Fletcher - Goldfarb - Shanno)법을 이용하여 절점좌표뿐만 아니라 부재의 단면적도 함께 변수로 하여 해를 구하였다. 토사카(登坂宣好)⁷⁾는 유전 알고리즘을 이용하는 등 이 분야에 대한 연구가 최근에 많이 진행되고 있다.

국내에서는 뉴턴-랩슨법을 이용한 트러스구조물의 형태해석이 있었으나 이것은 초기점의 선택에 의해서 해를 구하지 못하는 경우가 있었다⁸⁾. 또한 유전알고리즘에 관한 연구로는 복합 적층보의 최적설계에 관한 연구⁹⁾가 있다. 형태해석을 수행함에 있어서 절점의 위치 뿐만 아니라 부재의 단면적까지도 변수로 고려할 수 있었다. 본 연구에서는 유전알고리즘을 이용하여 제약조건을 만족하는 트러스구조물의 형태를 구함으로써 유전알고리즘이 형태해석을 하는데 효과적임을 보이고자 한다. 연속형과 이산형 그리고 부울린변수(Boolean variable)¹⁰⁾를 함께 이용한 혼합유전알고리즘을 적용하였다. 구조물의 절점좌표는 연속형 변수로 부재의 단면적은 이산형 변수로 그리고 구조물의 위상은 부울린변수로 하였다.

2. 유전알고리즘과 형태해석

2.1 유전알고리즘의 정의

그림1과 같은 구조로 이루어진 유전알고리즘은 생명체의 자연진화법칙을 일반최적화문제에 적용한 방법으로서 설계영역에 다수의 설계점을 분포시켜 목적함수값과 제한조건의 위반정도에 따라 각 설계점에 적합성을 부여한다. 적합성이 클수록 다음 단계인 교배와 돌연변이의 과정에 참여할 확률을 크게 하여 적합성이 좋은 설계점에 비슷한 형질을 가진 설계점들이 다음 단계에 보다 많이 형성되어 과정이 진행될수록 전체 설계점들은 좋은 방향으로 탐색이 진행된다. 적합성이 좋은 점들을 계속 활용하는 것은 기존의

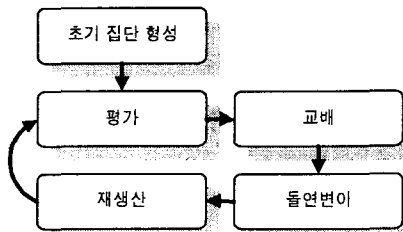


그림1. 유전알고리즘의 구조

의 최적화 방법에서 미분값을 이용하는 것과 유사하며, 교배와 돌연변이과정을 진행시켜서 최적점을 찾아나가는 것은 기존의 임의탐색법과 유사하기 때문에 범용성과 유용성이 높은 알고리즘으로 표현된다.

2.2 유전알고리즘의 요소

(1) 재생산(복제)

재생산은 각각의 개체가 가지는 적합도에 따라 그 개체를 복제하는 과정이며, 적합도가 높은 개체일수록 다음 세대에 더 많은 자손을 가질 확률이 높게되는 자연원리를 구현하게 된다. 이를 위한 개체 선택 도구로는 룰렛-휠선택(roulette-wheel selection)과 토너먼트선택(tournament selection) 그리고 비례선택(proportional selection) 등이 있다. 룰렛-휠선택은 각 개체들의 평가함수값을 현 세대의 모든 개체들의 평가 함수값으로 나누어 선택확률을 계산하는 방법이다. 본 연구에서는 일반적인 방법인 룰렛-휠선택을 사용하였다.

(2) 교배

교배과정을 통해 적합성이 높은 설계점과 비슷한 형질의 설계점이 많이 생성되어 계산이 되풀

이 될수록 가장 좋은 설계점 주위에 다수의 설계점이 집중하게 된다. 이 값은 클수록 탐색속도를 빠르게 하지만 너무 큰 값의 경우에는 좋은 성능을 낼 수 있는 구조의 개체가 다른 개체들을 발전시키기 이전에 사라질 수도 있다. 일반적으로 0.4~0.8의 값을 사용하며, 본 연구에서는 0.4를 선택하였다.

(3) 돌연변이

재생산과 교배과정은 집단의 개체들이 현재 가지고 있는 정보들을 이용해서 탐색하는 것에 비해 돌연변이 과정은 현재 집단에 존재하지 않는 새로운 정보를 제공해 주며, 집단의 다양성을 높여 주는 제2의 탐색연산자이다. 그러나 너무 큰 값의 경우에는 방향성 없는 무작위 탐색이 된다. 일반적으로 0.002~0.05의 값을 사용하며, 본 연구에서는 0.005를 선택하였다.

2.3 스키마 정리(schema theorem)

스키마 정리는 유전알고리즘의 근간을 이루는 이론으로 위에서 언급한 유전알고리즘을 보다 수학적으로 기술한 것이다. 스키마란 유전자 문자열의 임의 위치에서의 유사성을 기술하기 위한 것으로 세가지 문자의 집합 $\{0, 1, *\}$ 을 써서 나타낸다. 유전알고리즘에 의한 최적의 문자열을 탐색하는 과정을 여러 스키마들 간의 경쟁과정으로 볼 수 있다. 스키마 H 의 최초 고정비트와 최종 고정비트사이의 비트 간격수를 스키마길이 $\delta(H)$ 라 하고, 스키마에서 0 또는 1로 고정되어 있는 비트들의 수를 스키마차수(schema order) $O(H)$ 라 하자. $m(H, t)$ 를 세대 t 에 있어서 집단 중에 존재하는 스키마 H 의 개수, $f(H)$ 를 스키마 H 를 포함하고 있는 모든 문자열들의 평균적합도라 하고, \bar{f} 를 집단 중에 있는 문자열 전체의 평균적합도라 하면 다음 세대 $t+1$ 에 존재하는 스키마 H 의 추정개수는 식(1)과 같다.

$$m(H, t+1) = m(H, t) \frac{f(H)}{\bar{f}} \quad (1)$$

그러나, 스키마는 교배나 돌연변이에 의해서 파괴될 가능성이 있기 때문에 교배와 돌연변이에 의한 스키마의 생존 확률을 식(1)에 고려하면 추정 스키마 개수는 식(2)와 같이 된다.

$$m(H, t+1) \geq m(H, t) \frac{f(H)}{\bar{f}} \left[1 - P_c \frac{\delta(H)}{l-1} - O(H)P_m \right] \quad (2)$$

여기에서 l 은 문자열 길이이다. 결국 스키마길이 $\delta(H)$ 가 짧고, 차수 $O(H)$ 의 값이 작으면서 평균치 이상의 적합도를 가진 스키마의 개수는 세대가 변함에 따라 지수 함수적으로 증가한다는 것을 알 수 있다.

2.4 형태해석의 정의

형태해석은 여러 의미로 사용될 수 있으나 본 연구에서 다루는 형태해석은 형태설계과정에 있어서의 수치해석법을 의미한다. 입력되는 원인에 따라 그에 대한 결과를 구하는 문제를 순문제라 한다면, 반대로 어떤 결과가 있을 때 이 결과가 나오게 되는 원인을 추정하는 것을 역문제라 한다. 즉, 역문제는 어떤 것을 결정해야 할 필요가 있으나 직접적인 방법에 의해서 해결되지 않을 경우에 발생한다.

일반적인 응력해석은 부재의 크기, 절점의 위치 그리고 하중의 작용점과 크기가 주어졌을 때 이에 의하여 부재의 응력과 절점의 변위를 구하는 과정을 거치며 순문제의 형태를 갖는다. 본 연구에서 다루는 형태해석은 구조물에서 일부 절점의 변위가 제한된 상태에서 변위제약을 받는 나머지 절점들의 위치를 구하게 되므로 역문제의 형태가 된다. 형태해석은 특별한 경우를 제외하고는 기초방정식이 비선형방정식이므로 해의 존재성과 유일성을 보장할 수 없는 비선형문제이다. 따라

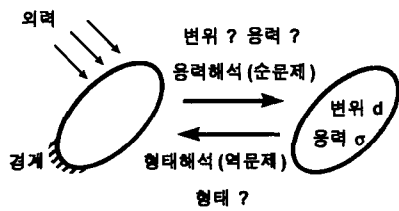


그림2. 순문제의 역문제의 비교

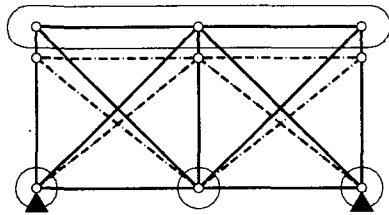


그림3. 호몰로지변형

기 전에 구조물의 형상은 실선으로 표시하였으며, 변형된 후에 구조물의 형상은 점선으로 표시되어 있다.

3. 유전알고리즘을 이용한 형태해석의 정식화

본 연구에서는 설계변수의 최소값과 최대값 사이의 가능한 해집합을 이진수로의 코드화 작업(encoding)을 통해 요구되는 수 만큼의 문자열 즉, 개체들로 이루어진 하나의 집단을 무작위로 생성하였다. 한편, 탐색과정에 있어서 유전알고리즘의 연산자들(재생산, 교배, 돌연변이)과 스키마 정리에 의거하여 세대수의 증가에 따라 집단은 적합도가 높은 개체들로 복제되면서 갱신되어 간다. 유전알고리즘의 탐색성능을 좋게 하기 위해서 다음과 같이 매개변수를 적절하게 선택하였다.

3.1 집단의 크기와 문자열의 길이

일반적으로 유전알고리즘을 도입하는데 있어서 요구되는 조건으로 해의 후보는 모두 염색체로서 표현이 가능해야 한다. 따라서 요구되는 수 만큼의 초기 설계점들을 설계공간내에 발생시켜야 하며, 이 때 각 설계변수의 값은 최소값과 최대값 사이에서 무작위로 발생시켜야 한다. 본 연구에서는 집단의 크기는 20으로 하였고 문자열의 길이는 다음의 조건에 맞게 취하였다. 여기에서 문자열의 길이는 요구되는 정밀도에 따라 달라질 수 있다.

(1) 연속형 설계변수의 경우

p 를 정밀도라 하고 x^u 와 x^l 을 각각 설계변수 x 의 상한치와 하한치라 두면, 문자열의 길이 λ 는 식(3)에 의해서 결정된다.

$$\lambda \geq \log_2 \left(\frac{x^u - x^l}{p} + 1 \right) \quad (3)$$

(2) 정수형 설계변수의 경우

$$2^\lambda \geq (x^u - x^l) + 1 \quad (4)$$

(3) 이산형 설계변수의 경우

$$2^\lambda \geq \text{이산값들의 수} \quad (5)$$

서 이러한 문제를 해결하기 위해서 유전알고리즘을 사용하여 해결하였다. 또한 역문제는 순문제와는 달리 구해진 근사해가 하나 이상이 될 수 있으며, 해석결과 여러 개의 근사해가 존재함을 알 수 있었다.

2.5 호몰로지변형

호몰로지변형을 고려한 구조물의 해석은 커다란 원형안테나와 같이 스펠이 큰 구조물에서 자중에 의해 변형이 발생하였을 경우 본래의 형태를 유지하기 위한 연구로서 시작되었다. 대공간구조분야에서는 응용은 돔이나 볼트와 같이 기둥이 없이 공간을 형성하는 구조물의 규모가 커짐에 따라 이에 대한 연구가 진행되었다.

여기에서 호몰로지변형이란 구조물 또는 구조물의 일부가 변형전과 후에 지정된 형상과 똑같이 되는 것을 의미하는 것으로 그림3에서 호몰로지변형을 설명하고 있다. 변형되

3.2 목적함수와 적합도

호몰로지변형이 구조물의 제약조건으로 고려되었으며, 제약을 받는 절점간 처짐의 차이가 없어야 구조물이 호몰로지변형을 하게 된다. 목적함수는 상부절점 1, 2, 3(그림4)에서 연직방향변위를 각각 $d(1)$, $d(2)$, $d(3)$ 으로 하는 식(6)으로 표현된다(이하에서 절점 1의 Y축좌표값은 $Y(1)$ 로 표시한다).

$$f = (d(1) - d(2))^2 + (d(2) - d(3))^2 + (d(3) - d(1))^2 \quad (6)$$

여기에서 목적함수 f 를 0 또는 최소로 하는 구조형태를 표현하는 유전자를 탐색하였다. 최소화문제를 구하므로 적합도는 식(7)처럼 계산하였다. 여기에서 F 는 적합도 함수이고 f 는 목적함수이다.

$$F = 1/(1 + f) \quad (7)$$

3.3 설계매개변수의 코드화

(1) 절점좌표의 코드화

$Y(4)$ 가 구간 $[x', x'']$ 의 사이에 있는 것으로 한다. 좌표의 코드화를 위해서 $Y(4)$ 의 가능한 값을 16비트인 경우에 0에서 65535로 2진수로 표현하고 이것을 좌표를 표현하는 유전자라 한다. 따라서 유전자와 $Y(4)$ 의 사이에는 다음의 관계식이 성립한다. 여기에서 N 은 유전자가 의미하는 0에서 65535의 10진수이다.

$$Y(4) = x' + N(x'' - x')/65535 \quad (8)$$

(2) 위상의 코드화

트러스의 부재배치를 유전자로 코드화하는 경우, 토사카의 경우는 코드화를 간단히 하기 위하여 4가지 부재구성에 대하여 2비트의 2진수로 표현하였다⁷⁾. 이렇게 하면 부재의 구성이 2진수의 크기에 따라 고정되거나 해를 알기 어려운 문제에서는 부재의 구성을 미리 정할 수 없는 경우가 발생할 수 있다. 따라서 본 연구에서는 부울린변수에 의하여 부재의 유무를 표현하면 부재의 구성을 미리 알 수 없는 문제에도 적용이 가능할 뿐만 아니라 부재의 구성방식을 인위적으로 제한하는 것이 아니라 구성방식도 유전알고리즘에 의하여 자연스럽게 결정되게 할 수 있었다. 부울린변수는 1비트로 되어 있으며 0은 부재가 존재하지 않는 상태를 1은 부재가 존재하는 상태를 나타낸다.

표1. 단면적의 크기에 따른 코드 (단위 : cm²)

단면적의 크기	7/14	9/14	11/14	13/14
2진수 코드	000	001	010	011
단면적의 크기	15/14	17/14	19/14	21/14
2진수 코드	100	101	110	111

(3) 부재단면적의 코드화

부재의 단면적은 이산형 변수이며 해석에서 고려된 단면적의 크기는 표1과 같이 3비트의 2진수로 표현하였다.

4. 수치해석결과

앞에서 설명한 이론의 정확성과 유효성을 검증하기 위하여 그림4와 같이 모델을 설정하여 해석하였다. 부재들은 완전한 핀으로 접합되었으며, 각 부재들의 단면적과 재질은 동일하다고 가정하였다. 그러나 단면적이 변수로 고려된 경우에는 초기 세대부터 단면적이 부재마다 다른 모델로 가정한다. 상부절점 1, 2, 3에서 Y축 방향으로 동일한 크기의 하중이 작용하고 변위제약모드는 Y축으로만 1.0:1.0:1.0인 경우에 호몰로지변형을 만족하는 구조물의 형태를 구하였다.

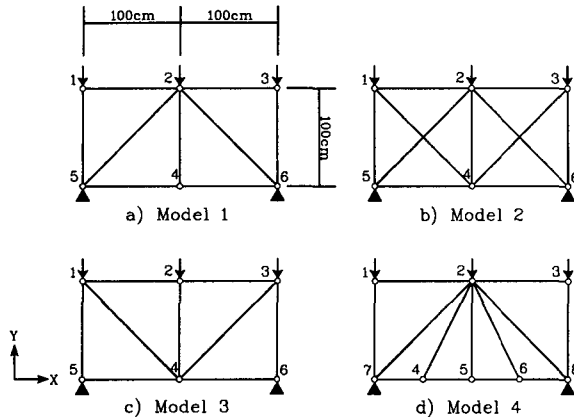


그림4. 해석모델의 종류

(1) 모델 1의 해석결과

모델 1의 해석결과 Y(4)의 구간 [-100, 100]에서 3개의 최적해를 구할 수 있었으며, 각각의 해는 -85.113, -99.988, 48.437이다. 절점좌표를 나타내는 비트수를 16으로 하였는데 이 수를 크게 하면 더 정확한 해를 구할 수 있으나 해석을 수행하는데 걸리는 시간은 상대적으로 증가하게 된다.

(2) 모델 2의 해석결과

모델 2는 구간안에서 호몰로지조건을 만족하는 최적해를 1개 구할 수 있었으며 그 해는 Y(4)=53.158이다.

(3) 모델 4의 해석결과

모델 1과 2는 Y(4)만을 고려한 것이나 모델 4는 3절점의 Y축좌표를 변수로 하였다. 해석결과로 최적해를 구할 수 있었으며, 모델 4의 경우에는 최적해의 집합이 무수히 많음을 알 수 있었다. 그림8과 9는 모델 4에서 절점 4, 5, 6의 Y축좌표를 변수로 고려하여 해석한 결과의 일부이다. 절점의 위치만을 고려하여 해석한 결과 전체적으로 초기세대부터 해에 구하였고 평균적합도도 최대적합도에 접근함을 알 수 있었다.

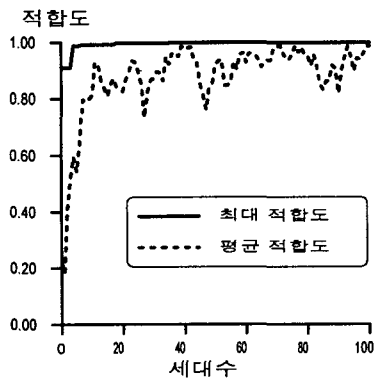


그림8. 적합도와 세대수의 관계

4.1 절점의 위치만을 고려한 경우

개체수는 20개 그리고 최대세대수를 100으로 하여 해석을 수행하였다. 모두 100세대이전에 적합도가 1.00에 달하는 해를 구하였으며, 각각의 모델에 대한 결과는 다음과 같다.

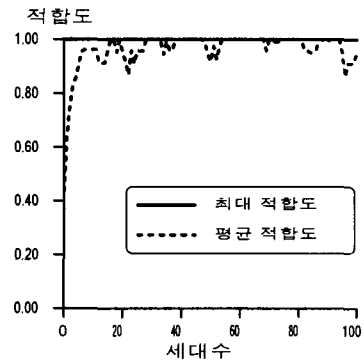


그림5. 적합도와 세대수의 관계

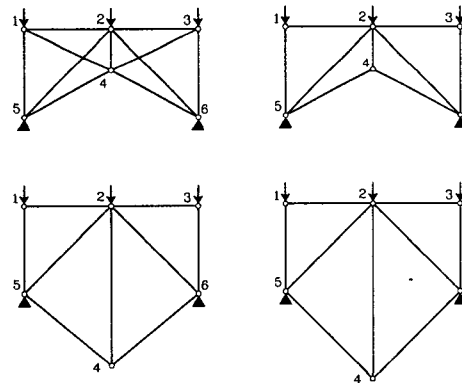


그림7. 모델 1과 2에서 해석결과로 구어진 형상

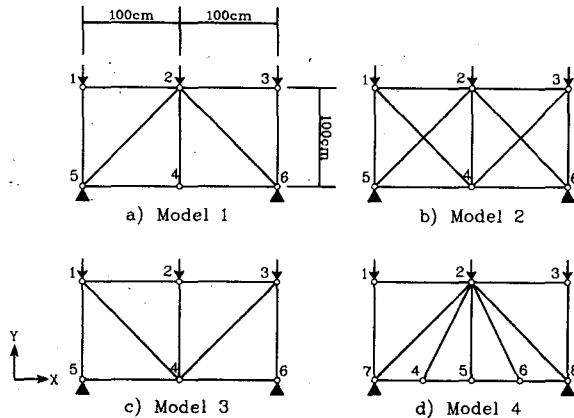


그림4. 해석모델의 종류

(1) 모델 1의 해석결과

모델 1의 해석결과 Y(4)의 구간 [-100, 100]에서 3개의 최적해를 구할 수 있었으며, 각각의 해는 -85.113, -99.988, 48.437이다. 절점좌표를 나타내는 비트수를 16으로 하였는데 이 수를 크게 하면 더 정확한 해를 구할 수 있으나 해석을 수행하는데 걸리는 시간은 상대적으로 증가하게 된다.

(2) 모델 2의 해석결과

모델 2는 구간안에서 호몰로지조건을 만족하는 최적해를 1개 구할 수 있었으며 그 해는 Y(4)=53.158이다.

(3) 모델 4의 해석결과

모델 1과 2는 Y(4)만을 고려한 것이나 모델 4는 3절점의 Y축좌표를 변수로 하였다. 해석결과로 최적해를 구할 수 있었으며, 모델 4의 경우에는 최적해의 집합이 무수히 많음을 알 수 있었다. 그림8과 9는 모델 4에서 절점 4, 5, 6의 Y축좌표를 변수로 고려하여 해석한 결과의 일부이다. 절점의 위치만을 고려하여 해석한 결과 전체적으로 초기세대부터 해에 구하였고 평균적합도도 최대적합도에 접근함을 알 수 있었다.

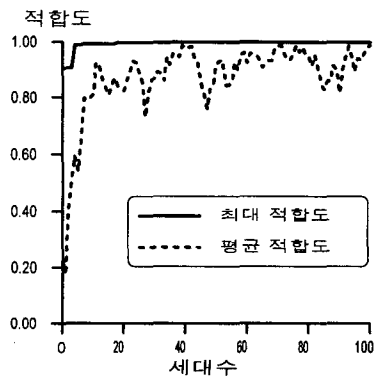


그림8. 적합도와 세대수의 관계

4.1 절점의 위치만을 고려한 경우

개체수는 20개 그리고 최대세대수를 100으로 하여 해석을 수행하였다. 모두 100세대이전에 적합도가 1.00에 달하는 해를 구하였으며, 각각의 모델에 대한 결과는 다음과 같다.

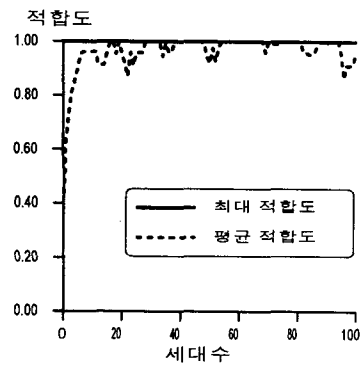


그림5. 적합도와 세대수의 관계

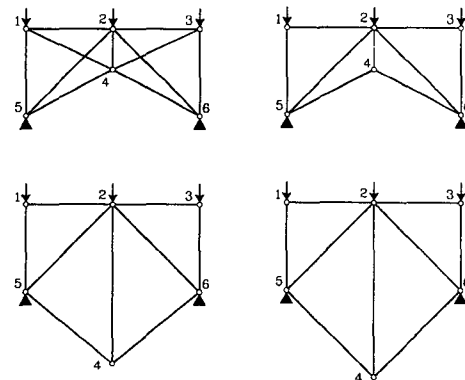


그림7. 모델 1과 2에서 해석결과로 구하여진 형상

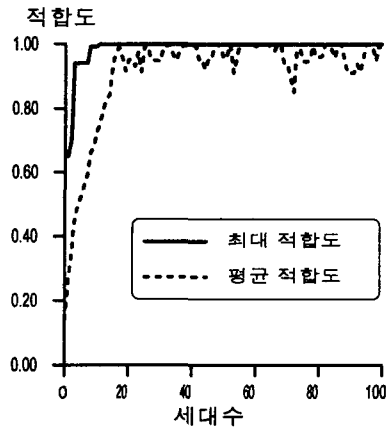


그림6. 적합도와 세대수의 관계

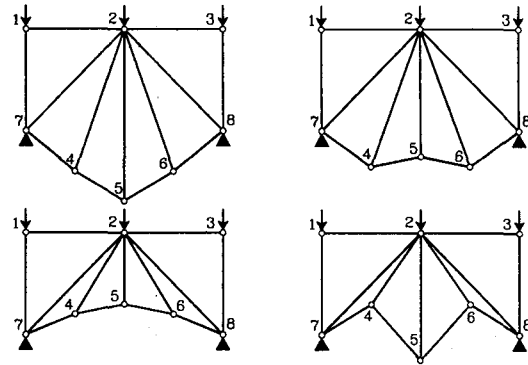


그림9. 모델 4에서 해석결과로 구하여진 형상

4.2 절점좌표와 부재의 위상을 고려한 경우

앞서 구조물의 위상을 결정하여 놓고 절점좌표만을 구한 방법은 간단한 구조물의 경우에는 효과적이거나 구조물의 위상이 결정되지 않은 경우에는 가능한 구조물의 경우에 대하여 모두 해석해보아야 하므로 비효율적이다. 개체수는 20개 그리고 최대세대수를 100으로 하여 구조물의 위상과 절점좌표를 구하였다. 구조물의 위상은 모델 2에서 절점 6개에 기본적인 골격을 제외한 나머지 4개의 사재의 존재 유·무로 하였다. 여기에서 절점의 위치를 나타내는 비트의 길이를 18로 하였고 구조물의 위상은 각 부재당 1로 하였다. 결국, 개체의 길이는 22가 되었다. 초기 임의의 수를 30번 변경하여 각각의 경우에 대하여 해석을 한 결과 4개의 해를 구할 수 있었다. 첫 번째는 모델 1의 위상과 $Y(4)=48.710$, 두 번째는 모델 1의 위상과 $Y(4)=-85.098$, 세 번째는 모델 1의 위상과 $Y(4)=-99.989$, 네 번째는 모델 2의 위상과 $Y(4)=53.027$ 이며, 구하여진 형상은 그림 7과 같다. 이것으로 앞서 구한 모델 1과 2의 해와 일치함을 알 수 있었고 부재위상을 같이 고려하는 경우에도 훌륭하게 적용이 가능함을 알 수 있었다.

4.3 절점좌표와 부재의 단면적을 고려한 경우

표2. 부재의 연결

부재번호	1	2	3	4	5
절점번호	1 2	2 3	4 5	4 6	1 5
부재번호	6	7	8	9	
절점번호	1 4	2 4	3 4	3 6	

표3. 해석결과로 구한 부재단면적 (단위 : cm²)

부재번호	1	2	3	4	5
부재의 단면적	0.500	1.071	1.071	1.214	0.643
부재번호	6	7	8	9	
부재의 단면적	0.643	1.500	0.500	0.643	

개체수는 20개 그리고 최대세대수를 100으로 하여 해석을 수행하였고, 모델 3에서 부재의 연결 상태는 표 2와 같다. 절점의 위치만을 변수로 고려한 경우에는 모델 3에서는 호몰로지변형을 만족하는 해를 구할 수 없었다⁸⁾. 그러나 본 논문에서 변수로 부재의 단면적과 절점좌표를 함께 고려하여 해를 구할 수 있었다. 이는 유전알고리즘이 여러 가지 공학적인 문제에 쉽게 적용이 가능하다는 사실을 단적으로 보여주는 것으로 목적함수만을 '변경시킴'으로서 적용이 가능하였다. 여러 가지 해석결과가 나왔으며, 그 중의 하나는 $Y(4) = 81.176$ 이고 부재의 단면적은 표 3과 같다.

5. 결 론

본 연구는 유전알고리즘을 이용함으로써 비선형 최적화문제를 목적함수에 큰 변화가 없이도 해석할 수 있었으며, 트러스구조물의 형태해석에 있어서도 유전알고리즘의 적용은 매우 효과적이어서 그 범용성이 매우 큼을 보였다. 또한 부재의 단면적은 이산형 변수로, 절점의 위치는 연속형 변수로, 구조물의 위상은 부울린변수를 사용하여 국부 최적해를 구하는 위험성에 빠짐이 없이 전역 최적해를 구할 수 있었다. 절점좌표뿐만 아니라 부재의 위상이나 단면적을 고려하는 경우에도 목적함수만을 변경시킴으로서 훌륭하게 적용이 가능함을 알 수 있었고 절점좌표만을 변수로 고려하여 해를 구할 수 없는 경우에도 절점좌표와 부재단면적을 함께 변수로 고려하여 해를 구할 수 있었다. 또한 역문제는 순문제와는 달리 구하여진 근사해가 하나이상일 수 있으며, 해석결과 여러 개의 근사해가 존재함을 알 수 있었다. 유전알고리즘을 통하여 한 목적함수에 대하여 다수의 해가 존재하는 경우에 해들의 집합을 구하는 방법에 대한 연구가 앞으로 진행되어야 할 것으로 생각된다.

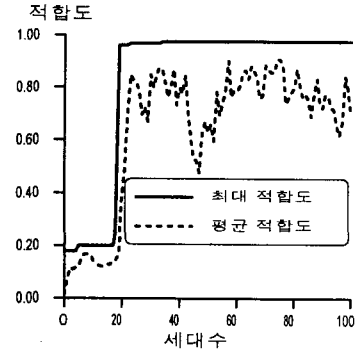


그림 10. 적합도와 세대수의 관계

참고문헌

1. Goldberg David E., Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, 1st ed., Addison-Wesley, 1989
2. Kalyanmoy Deb, Optimization for Engineering Design Algorithms and Examples, 1st ed., Prentice-Hall, New Delhi, 1995
3. 半谷裕彦, 川九健一, 『形態解析 一般逆行列とその應用』, 1板, 培風館, 東京, 1991
4. 半谷裕彦, 「變位モード指定の構造形態解析法」, 日本建築學會構造系論文報告集, 第453号, p.p.95~100, 1993
5. Yoshikawa N., Nakagiri S., *Homology Design of Flexible Structure by the Finite-Element Method*, IUTAM Symposium, Zakopane, Poland, Aug.31~Sep.3, p.p.148~157, 1993
6. Qian Z., Hangai Y., *Optimal Shape Design of Multi-Purpose Homologous Truss Structure*, Proceedings of Asia-Pacific Conference on Shell and Spatial Structures in Beijing, p.p.486~491, 1996
7. 登坂宣好, 「遺傳的アルゴリズムの空間構造形態解析への應用」, 日本建築學會構造系論文報告集, 第484号, p.p.75~83, 1996
8. 문창훈, 김진기, 최옥훈, 한상을, 「변위제약모드를 갖는 트러스구조물의 형태해석에 관한 연구」, 한국전산구조공학회 가을학술발표회논문집, 10권, 2집, p.p.262~269, 1997
9. 구봉근, 한상훈, 이상근, 「유전알고리즘을 이용한 복합 적층보의 최적설계」, 한국전산구조공학회 논문집, 10권, 4호, p.p.262~269, 1997
10. Rajan S.D., *Sizing, Shape, and Topology Design Optimization of Trusses using Genetic Algorithm*, Journal of Structural Engineering, ASCE, Vol.121, p.p.1480~1487, 1995

감사의 글 : 본 연구를 지원해 주신 초대형 구조시스템 연구센터에 감사를 표한다.