

향상된 유전알고리즘과 Simplex method을 이용한 다봉성 함수의 최적화

0김 영 찬* · 양 보 석**

Optimization of Multimodal Function Using An Enhanced Genetic Algorithm and Simplex Method

Young-Chan Kim and *Bo-Suk Yang

key word: enhanced genetic algorithm, simplex method, optimization, multimodal

ABSTRACT

The optimization method based on an enhanced genetic algorithms is proposed for multimodal function optimization in this paper. This method is consisted of two main steps. The first step is global search step using the genetic algorithm(GA) and function assurance criterion(FAC). The belonging of an population to initial solution group is decided according to the FAC. The second step is to decide the similarity between individuals, and to research the optimum solutions by simplex method in reconstructive search space. Two numerical examples are also presented in this paper to comparing with conventional methods.

1. 서 론

최근 각종 산업분야에서 시스템의 고효율과 저비용 차원에서 시스템의 최적화가 매우 중요한 문제로 되고 있다. 이것은 시스템에 포함된 각종 성능, 형상파라미터(parameter) 등을 변수로 하는 다변수 함수의 최적설계로 해석할 수 있다. 이런 시스템의 최적해를 구하는 경우, 기존의 최적화기법은 많은 계산시간과 기울기정보를 필요로 하게 된다. 또한 국소최적해에 수렴할 가능성이 있기때문에 전역최적해를 찾는다는 것은 매우 어렵다. 이러한 단점을 보완하기 위해 최근 생물의 진화원리(선택도태, 돌연변이, 교차)에 착상을 얻은 학습알고리즘으로 유전학과 자연도태의 개념을 근거로한 확률적 탐색 방법의 하나인 유전알고리즘(Genetic Algorithms:GA

)^{1,2)}이 제안되어 공학분야에 폭 넓게 적용되어왔다.

기존의 유전알고리즘은 개체의 유전자를 조작하여 함수에 대한 적응도를 평가함으로써 최적해를 탐색하고 있다. 이 경우 함수가 갖는 파라미터의 기울기정보를 필요로 하지 않고 오직 함수에 대한 적응도 값만으로 최적해를 결정할 수 있으며, 다수의 파라미터를 동시에 탐색하므로 기존의 단일점 탐색법(single point search method)에 비해 계산시간이 적게 소요되며 초기 설정위치 영향을 받지 않는 등 많은 장점을 갖고 있다³⁾. 최근에는 유전알고리즘과 조합된 방법을 이용하여 다봉성함수(multimodal function)에 대한 해의 탐색이 가능하고 국부적 집중탐색에 의한 해의 정도를 높일 수 있는 새로운 조합유전알고리즘⁴⁾이 제안되고 있다.

그러나 이들 탐색기법은 다봉성함수의 해를 탐색하지 못하거나 전역최적해를 탐색하는데 많은 시간이 필요하며, 모든 전역최적해들의 정도 또한 낮고 일정하지 못하다. 그리고 설계조건에 따라서 전

* 부경대학교 음향진동공학과 대학원
** 부경대학교 기계공학부

역최적해를 적용할 수 없는 경우, 설계자는 차선의 다른 최적해를 필요로 하게 되는데, 이와 같이 국부 최적해가 필요한 경우에 기존 조합알고리즘은 이를 제공하지 못한다는 단점을 갖고 있다.

본 논문은 다봉성 함수의 최적해를 정도 높게 탐색하며 계산시간을 줄일 수 있고, 필요에 따라서 전역최적해 뿐만아니라 국부최적해도 탐색이 가능한 향상된 유전알고리즘(EGA)⁵⁾과 simplex method⁶⁾법이 조합된 새로운 알고리즘을 제시한다. 그리고 제안된 알고리즘의 유효성을 검증하기 위해, 2종류의 다봉성함수를 이용하여 해의 정도와 계산시간을 기존 알고리즘과 비교, 검토한다.

2. 제안된 유전알고리즘

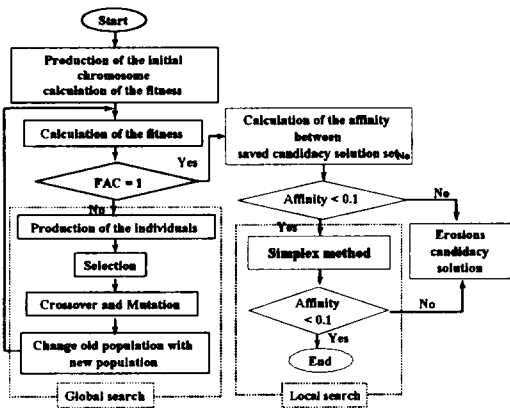


Fig. 1 Flow chart of proposed algorithm

본 알고리즘의 흐름도를 Fig. 1에 나타내었다. 이 유전알고리즘은 크게 2단계로 구성된다. 1단계는 수렴성을 평가하는 함수를 알고리즘에 적용하여 전역적인 후보해를 선정한다. 2단계에서는 탐색된 해의 유사도를 평가하여 탐색집단의 후보해 집단을 줄이고 재설정된 해공간에서 simplex method를 적용하여 국부적인 집중탐색을 수행함으로써 해의 정도를 향상시키며 동시에 해 탐색시간을 줄이는 과정으로 이루어져 있다.

2.1 전역탐색

2.1.1 초기개체의 생성

초기개체의 생성에는 전역탐색(Global Search: GS)의 효율을 높이기 위하여 유전자 균일분포법⁷⁾을 적용하였다.

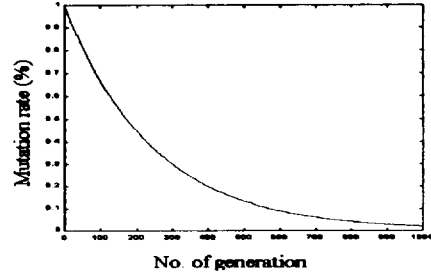


Fig. 2. Mutation rate

돌연변이율은 식(1)과 같이 세대가 증가할수록 지수적으로 감소하는 함수를 설정하였다.

$$M_i = 0.99 \times e^{-4 \times g_i / G} \quad (1)$$

여기서 g_i 는 i 번째 세대수이며, G 는 총 세대수이다. 탐색초기에 높은 돌연변이율을 적용하는 경우, 현세대에서 탐색된 최적해를 잃어버릴 가능성이 있기 때문에 현세대에서 높은 적응도를 보이는 일정비율의 개체를 다음 세대까지 보존하는 수정된 엘리트보존전략을 적용하였다.

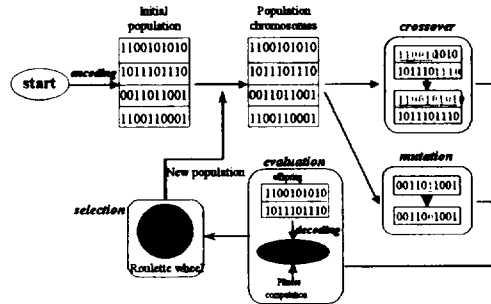


Fig. 3 Flow chart of initial global search

Fig. 3은 초기 전역탐색에 적용된 흐름도이다. 흐름도에서 나타낸 것과 같이 교배전략은 1점교배전략을 적용하였으며, 일정비율의 엘리트보존전략을 적용하여 우수한 개체를 더욱 높은 확률로 다음 세대의 재생(reproduction)에 참여하도록 구성하였다.

2.1.2 전역후보해의 선택

초기 후보해 집단수(N)의 선택은 언고자하는 해의 수를 고려하여 선택하며, 초기 전역해의 수렴성은 식(2)의 함수인정기준(function assurance crite ri-

on : FAC)⁸⁾에 의해 평가된다.

$$FAC = \frac{|f_{i-1} - f_i|^2}{(f_{i-1} + f_i)(f_i)} \quad (2)$$

여기서 i 는 세대수를 나타내며, f 는 집단의 함수 값, f' 는 f 의 전치를 나타낸다. 식(2)에서 구해지는 값은 이론적으로 0과 1사이의 값을 가진다. FAC의 값이 1인 경우가 완전히 수렴된 상태이다. 따라서 최고 적응도 값을 갖는 후보해 집단, 즉 전역최적해를 탐색하는 경우에는 FAC 값을 1로 설정하며, 국부최적해를 탐색하는 경우는 고려하고자 하는 함수의 최고 적응도와 최소 적응도 값의 비로서 주어진다.

2.2 국부집중탐색

이 단계에서는 2.1절에서 함수인정기준에 의해 구성된 후보해집단들의 유사도를 평가하고 재구성된 후보해집단들 각각에 대해 재설정된 해공간내에서 국부집중탐색(Local Search: LS)을 통하여 보다 정도 높은 최적해를 탐색한다.

2.2.1 후보해 집단의 유사도 평가

2.1절에 의해 동일 최적해의 유사영역에 속한 해들이 얻어진다. 이들 해의 집단간의 유사성을 계산하고 유사집단중 가장 적응도가 우수한 집단만을 선택함으로써 전체 탐색회수와 시간을 감소시킨다. 전역탐색에 의해 선택된 초기 후보해들에 대한 집단 상호간의 유사도평가함수(affinity evaluation function: AEF)는 다음 식(3)과 같다.

$$AEF_{i,j} = \left| \frac{\sum_{i=1}^{N-1} \sum_{j=i+1}^N (x_i - x_j)}{\text{Norm}(x)} \right| \quad (3)$$

$$ac_{i,j} = \begin{cases} 1 : AEF_{i,j} \leq T_a \text{ or } i \geq j \\ 0 : \text{otherwise} \end{cases} \quad (4)$$

여기서 x 는 구성된 전체 후보해 집단을 나타내며, 아래첨자 i 와 j 는 비교집단과 비교대상집단의 위치를 나타낸다. T_a 는 유사도의 한계치를 나타내고, $ac_{i,j}$ 는 T_a 의 값을 초과하지 않는 경우의 후보해의 유사도를 나타내는 0 또는 1로 이루어지며, 행렬의 크기는 초기에 주어지는 전체 후보해

집단의 수에 의해 정의되는 정방행렬이다. AEF는 후보해 집단간의 유사도평가함수로 0인 경우가 완전히 일치하는 경우이다. 본 연구에서는 유사도 한계치 T_a 를 0.1로 설정하였다. N 은 초기 전체 후보해 집단의 수를 나타내며, 후보해 집단의 수는 찾고자 하는 모든 최적해를 탐색하기 위하여 충분히 크게 설정해야만 하며, 제안된 식은 다음과 같다.

$$N = \frac{N_i \times 3}{FAC} + \frac{1 - FAC}{0.1 \times FAC} \quad (5)$$

식(5)에서 N_i 는 탐색하고자 하는 최적해의 수를 의미한다.

2.2.2 후보해선정과 탐색범위 재설정

2.2.1절에 의해 평가되어진 후보해 집단은 식(6)에 의해 다음과 같은 후보해 인정벡터에 의해 재탐색에 적용될 후보해 집단을 선택한다.

$$at_i = \sum_{j=1}^N \left\{ \sum_{i=1}^N ac_{i,j} / N \right\} \quad (6)$$

$$X_k = \begin{cases} x_i : at_i = 1 \\ 0 : \text{otherwise} \end{cases} \quad k \leq i \quad (7)$$

여기서 at_i 는 i 번째 집단의 인정벡터로 0에서 1사이 값을 갖으며, 1인 경우에 새로운 후보해 집단 X_k 에 선정된다. 이와 같은 과정에 의해 재구성된 후보해 집단 X 는 각 후보해 집단별로 재설정된 탐색영역에서 simplex method를 적용하여 국부적 집중탐색을 수행한다. 이 경우 선정된 후보해 각각에 대하여 재설정된 탐색공간에 국부집중탐색이 이루어지며, 새롭게 주어진 해공간내에서는 오직 하나의 최적해만이 존재한다는 것을 전제로 하기 때문에 각 후보해는 simplex method에서 초기 해의 위치를 나타내는 값이 된다. 또한 이렇게 탐색된 최적해는 주어진 해공간내에 존재하는 부분적 전역최적해가 될 것이기 때문에 simplex method이 갖는 단점을 극복하고 있다.

각 해에 대하여 탐색공간의 재설정은 각 후보집단들에 대하여 각각 재설정되며 둘이상의 후보집단이 포함되지 않는 영역범위를 설정해야만 한다.

따라서 본 논문에서는 탐색영역은 각 후보해집단들에 대하여 다음과 같은 식을 적용하였다.

$$A = \frac{|X_i - X_j|_{\min}}{0.5} \times a \quad (8)$$

식(8)은 각 후보집단들의 재설정 영역의 범위를 결정하는 식으로 X 는 각각의 후보해집단, a 는 안전율을 의미한다.

2.2.3 Simplex method

n 차원공간에서 $n+1$ 개의 점들에 대하여 기하학적으로 표현되며, $n+1$ 개의 변수들에 대한 목적함수 값을 평가하여 제일 높은 점을 나머지 점들의 중점(x_o)을 중심으로 반사시키고 이과정을 반복 수행하면서 더욱 나은 최적해를 향해 점진적으로 이동해간다. 이 이론은 파라미터의 초기 위치에 크게 좌우되나 함수값을 직접적으로 이용한다는 장점이 있다.

a) **Reflection** : 만약 함수들 중에서 가장 큰 적용도 값을 갖는 점을 x_h 라하면 이점의 반대편 위치에서 가장 작은 적용도 값을 갖는 x_r 점을 얻을 수 있다. 만약 이것이 가능하다면, x_h 를 제외하고 새로운 점 x_r 을 포함하는 새로운 점들을 구성할 수 있다. 이 과정을 반복적으로 수행하여 최적해를 탐색한다.

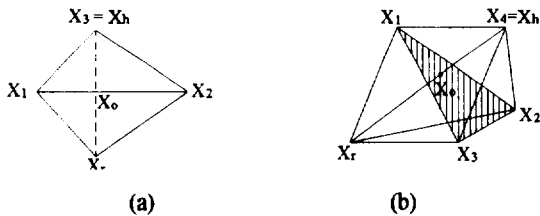


Fig. 4 Reflection : (a) $n=3$. (b) $n=4$

b) **Expansion** : $F(x_r) < F(x_i)$ 을 만족하는 x_r 을 구한다면 즉, 반사과정에서 새로운 최소값을 발견한 경우 일반적으로 x_o 방향으로 이동함으로써 보다 작은 함수값을 갖는 점을 발견할 수 있을 것이다. 그러므로 다음과 같이 정의되는 x_r 에서 x_e 의 방향으로 확장한다.

$$x_e = \gamma x_r + (1 - \gamma)x_o \quad (9)$$

여기서

$$\gamma = \frac{\overline{x_e x_o}}{\overline{x_r x_o}} > 1 \quad (10)$$

만약 $F(x_e) < F(x_i)$ 을 만족한다면 x_e 를 x_h 로 대체하여 반사과정을 수행한다.

c) **Contraction** : 만약 $i=h$ 인 경우를 제외하고 모든 i 에서 $F(x_r) > F(x_i)$ 와 $F(x_r) < F(x_h)$ 이면 결국 x_r 이 새로운 x_h 로 선정될 것이다. 따라서 다음과 같이 축소과정을 수행한다.

$$x_c = \beta x_r + (1 - \beta)x_o \quad (11)$$

여기서

$$\beta = \overline{x_c x_o} / \overline{x_h x_o} \quad (12)$$

만약 $F(x_c) < \min[F(x_r), F(x_h)]$ 을 만족하는 x_c 가 구해진다면 x_c 를 x_h 로 대체하여 반사과정을 수행한다.

이상에서 정의된 향상된 유전알고리즘과 simplex method의 파라미터값 이외의 일반적인 유전알고리즘의 함수값들은 참고문헌 (1)과 (3)에서 적용된 값으로 하며, Table 1에 이 값을 나타내었다. 여기서 IGA는 참고문헌 (9)에 의한 다중근 탐색이론인 면역·유전알고리즘을 나타내며, EGA&SM는 본 논문에서 제시한 향상된 유전알고리즘을 의미한다.

Table 1. Parameter Setting for IGA and EGA

	IGA	EGA&SM
No. of population	35	100
Length of chromosome	20	10
Crossover probability	1.0	0.5
Mutation probability	0.2	GS: exponential
Maximum generation	10,000	1,000

3. 수치계산에

3.1 다봉성 함수

$$f(x, y) = (\cos 2\pi x + \cos 2.5\pi x - 2.1) \times (2.1 - \cos 3\pi y - \cos 3.5\pi y) \quad (-1 < x, y < 1) \quad (13)$$

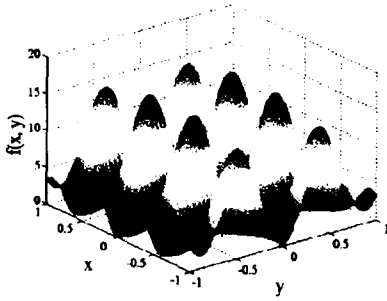


Fig. 5. Trial objective function

식(13)은 Fig. 5와 같이 주어진 해공간 내에서 동일한 함수값을 갖는 4개의 전역최적해(16.091720)와 4개의 국부최적해(14.333085)가 존재하는 함수를 나타낸다. 함수인정기준(FAC)의 값을 전역최적해를 탐색하기 때문에 1로 설정하였으며, 초기 전역 후보해 집단의 수(N)는 식(5)에 의해 12로 설정되었다.

Table 2. Comparison of optimization results

	Optimum value	Computation time (s)
SGA	16.091716	39.06
IGA	16.091713	342.31
	16.091713	
	16.091051	
EGA & SM	16.091720	8.61
	16.091720	
	16.091720	
	16.091720	

Table 3은 기존의 유전알고리즘(SGA) 및 면역유전알고리즘(IGA)과 제안된 유전알고리즘(EGA&SM)의 계산결과 및 계산시간을 나타낸다. 각 알고리즘의 수렴평가는 여러 가지 이론이 있지만, 본 논문에서는 일정비율의 개체내에서 최고적응도와 최소적응도의 편차를 동일한 값으로 설정하여 최적해 탐색을 수행하였다. 단순 유전알고리즘(SGA)은 탐색시간이 다른 방법에 비해 빠르나 알고리즘 자체의 제한으로 인해 주어진 해공간 내에 존재하는 전역최적해 전부(총 4개)를 탐색하지 못하였다. 향상된 유전알고리즘(EGA&SM)은 면역·유전알고리즘(IGA)비해서 전체 계산시간이 상당히 감소되었으며, 탐색된 해의 정도도 실제 해공간에 존재하는 전역최적해(16.091720)에 더욱 접근하였다.

3.2 서로 다른 최적값을 갖는 함수

$$f(x, y) = e^{-2 \log(2) \left(\frac{(x-0.2)}{0.8} \right)^2} \times \cos(1.5 \pi x)^6 + e^{-2 \log(2) \left(\frac{(y-0.2)}{0.8} \right)^2} \times \cos(1.5 \pi y)^6 \quad (-0.4 \leq x, y \leq 1) \quad (14)$$

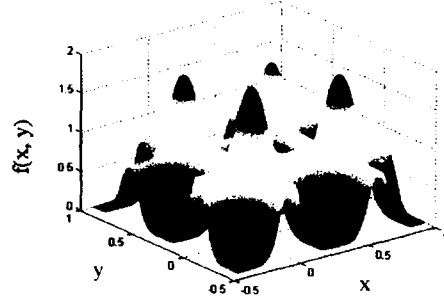


Fig. 6. Trial objective function

식(14)는 Fig. 6과 같이 주어진 해공간 내에서의 함수값을 나타낸다. 이 함수는 2변수 문제로, 주어진 해공간 내에 4개의 서로 다른 최적해(1.954342, 1.807849, 1.705973, 1.559480)를 갖는 함수이다.

이 함수에서와 같이 주어진 해공간 내에 함수값이 서로 다른 4개의 최적해를 탐색하고 있는 경우, F_{max} 와 F_{min} 값의 비를 고려하여 전역수렴 기준인 함수인정기준(FAC)을 선택하게 되는데 주어진 함수에서는 함수인정기준의 값을 0.8로 설정하였다. 그리고 초기 후보해집단의 수(N)는 함수인정기준 값과 식(5)를 고려하면 18로 설정된다. Table 4는 계산결과를 나타낸다. 면역·유전알고리즘(IGA)은 국부최적해를 탐색하지 못한 반면, 향상된 유전알고리즘(EGA&SM)은 표에서와 같이 전역최적해 뿐만 아니라 나머지 3개의 국부최적해 역시 탐색이 가능하였다. 이때 소요된 탐색시간은 6.1초이다.

Table 3. Optimization results

	x	y	result
Global optimum	0.0027847	0.0013924	1.954342
Local optimum	0.6601708	0.0013924	1.807849
	0.0027847	0.6587799	1.705973
	0.6601708	0.6587799	1.559480

4. 결 론

일반적인 단일점 탐색법(single point search method)에서는 파라미터 기술기 정보를 필요로 하거나 초기 시작점의 위치에 따라서 국부최적해에 수렴할 가능성이 있으며 이 최적해에서 탈출할 방법이 없는 단점이 있다. 따라서 기존의 유전알고리즘에 전역수렴함수를 도입하여 전역최적해 후보집단을 생성하고 각 집단의 유사도를 평가하여 후보해 집단을 재구성하는 이원적인 탐색단계를 갖는 향상된 유전알고리즘을 제안하였으며, 이렇게 구성된 집단에 대한 수정된 해공간내에서 simplex method를 이용한 국부 집중탐색을 수행함으로써 보다 빨리 그리고 정확한 최적해를 탐색할 수 있었다. 또한 주어진 해공간내에 존재하는 모든 전역최적해 뿐만아니라 전역최적해에 근접한 국부최적해도 탐색이 가능함을 수치예를 통하여 입증하였다. 이상의 알고리즘에서는 주어진 함수의 최적해의 분포나 수에 대한 어떠한 조작도 없이 단순히 초기에 설계자가 알고자 하는 최적해의 종류와 수만을 고려하여 탐색을 수행함으로써 다수의 설계파라미터를 대상으로 시스템의 최적설계를 하고자 하는 경우에 설계자에게 보다 폭넓은 선택을 제공할 수 있고, 또한 수정된 해공간내에서 선택된 후보해 집단에 대하여 국부 집중탐색을 수행하기 때문에 해의 정도를 향상시키고 동시에 탐색시간을 감소시킬 수 있다.

참고문헌

- 1) Goldberg, D. E., "Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning," Addison-Wesley Publishing Company, pp. 1-146, 1989.
- 2) Davis, L., "Handbook of Genetic Algorithms," Van Nostrand Reinhold. New York, pp.3-23, 1991.
- 3) Choi, B. G. and Yang, B. S., "Optimum Shape Design of Shaft Using Genetic Algorithm", Journal of Vibration and Control, Vol. 6, No.1, pp.207-222, 2000.
- 4) Sato, T. and Hagiwara, M., "Bee System : Finding Solution by a Concentrated Search", T. IEE Japan, Vol.118-C No.5, pp.721-726, 1998.
- 5) 김영찬, 양보석, "다봉성함수의 최적화를 위한 향상된 유전알고리즘의 제안", 한국퍼지 및 지능시

스템학회 논문집, pp 241-244, 2000

- 6) Dennis, J. E. Jr. and D. J. Woods, "New Computing Environments: Microcomputers in Large-Scale Computing," edited by A. Wouk, SIAM, 1987, pp. 116-122.
- 7) 류근배, 최영준, "유성생식 유전 알고리즘: 다중 선택과 이배성이 탐색성능에 미치는 영향" 대한전기학회 하계학술대회 논문집 A, pp. 165-167, 1994.
- 8) Friswell, M. I. and Mottershead, J. E., "Finite Element Model Updating in Structural Dynamics", Kluwer Academic Publishers, Vol. 38, pp. 56-59, 1996.
- 9) Choi, B. G and Yang, B. S., "Multi- objective Optimization of Rotor-Bearing System with Dynamic Constraints Using IGA Algorithm", Trans. ASME, Journal of Engineering for Gas Turbines and Power, 2000 (in press).