

# 크리깅 메타모델과 미분진화 알고리즘을 이용한 전역최적설계

이 창 진 \*, 정 재 준 \*, 이 광 기 \*, 이 태 희 \*\*

## Global Optimization Using Kriging Metamodel and DE algorithm

Changjin Lee, Jaejun Jung, Kwangki Lee and Tae Hee Lee

**Key Words :** Kriging Metamodel (크리깅 메타모델), Differential Evolution Algorithm (미분진화 알고리즘), Global Optimization (전역최적설계)

### Abstract

In recent engineering, the designer has become more and more dependent on computer simulation. But defining exact model using computer simulation is too expensive and time consuming in the complicate systems. Thus, designers often use approximation models, which express the relation between design variables and response variables. These models are called metamodel. In this paper, we introduce one of the metamodel, named Kriging. This model employs an interpolation scheme and is developed in the fields of spatial statistics and geostatistics. This class of interpolating model has flexibility to model response data with multiple local extreme. By reason of this multi modality, we can't use any gradient-based optimization algorithm to find global extreme value of this model. Thus we have to introduce global optimization algorithm. To do this, we introduce DE(Differential Evolution). DE algorithm is developed by Ken Price and Rainer Storn, and it has recently proven to be an efficient method for optimizing real-valued multi-modal objective functions. This algorithm is similar to GA(Genetic Algorithm) in populating points, crossing over, and mutating. But it introduces vector concept in populating process. So it is very simple and easy to use. Finally, we show how we determine Kriging metamodel and find global extreme value through two mathematical examples.

### 기호설명

- $y(\mathbf{x})$  : 실제모델
- $\hat{y}(\mathbf{x})$  : 크리깅모델
- $\mathbf{X}$  : 설계변수 벡터
- $R(\mathbf{x}^i, \mathbf{x}^j)$  :  $\mathbf{x}^i$  와  $\mathbf{x}^j$  간의 상관함수
- $\mathbf{R}$  : 실험데이터의 상관행렬
- $\mathbf{r}$  : 설계 점과 실험데이터 간의 상관벡터
- $\theta_k$  : 상관인자
- $E(\cdot)$  : 기대값
- $\mathbf{x}_{j,G}$  : G 세대의 population 벡터
- $\mathbf{v}_{i,G+1}$  :  $\mathbf{x}_{j,G}$  에 대한 시행벡터

### 1. 서론

최근 들어 복잡한 기계시스템의 특성을 구할 때 계산과정과 해의 정확도를 고려하여 근사화 된 모델을 사용하는 경우가 늘고있다. 특히 유한요소 해석과 같은 컴퓨터 해석을 통해 실제의 응답모델을 구하는 것이 비용적, 시간적 측면에서 많은 제약이 있는 경우 실험 및 공정의 최적설계를 위하여 많이 적용되어왔던 통계적 방법론인 실험계획법 (DOE: Design Of Experiments) 및 전산실험계획법 (DACE: Design and Analysis of Computer Experiments) 을 이용한 근사화 모델링 기법들이 많이 등장하게 되었다. 이렇게 통계적인 방법을 이용하여 근사적으로 얻어낸 모델을 메타모델(Meta Model)이라 부른다. 시뮬레이션 모델은 복잡한 물리적 변화를 간단하게 나타낸 것이며, 메타모델은 시뮬레이션 모델을 간단하게 나타낸 모델이다. 일반적으로 메

\* 한양대학교 대학원  
 \*\* 한양대학교 기계공학부 부교수

타모델은 다음의 형태로 나타내어진다.

$$y(\mathbf{x}) = f(\mathbf{x}) + \varepsilon \quad (1)$$

여기서  $y(\mathbf{x})$  는 실제의 시뮬레이션 모델,  $f(\mathbf{x})$  는 메타모델이며  $\varepsilon$  는 두 모델의 오차를 나타낸다. 현재 보편적으로 사용되고 있는 메타모델로는 RSM(Response Surface Model)이 있다. RSM은 최소자승법(least square method)을 이용한 회귀모델로써 모델이 간단하고 구현하기가 쉽다는 이유로 널리 사용되고 있다. 그러나 RSM은 모델의 특성상 비선형성이 강한 모델에는 적용하기가 힘들고 또한 설계인자가 많은 문제에도 잘 맞지 않았다.<sup>(4,7)</sup> 이러한 문제점들을 보완해줄 수 있는 모델이 크리깅(Kriging)모델이다. 크리깅모델은 기본적으로 RSM과 같은 회귀모델이 아니라 보간(interpolation)모델이다. 따라서 임의의 오차가 존재하지 않는 전산 실험에 보다 적합한 모델이라고 할 수 있다. 이런 크리깅모델은 구현하기 어렵고 복잡하지만 비선형성이 강한 문제에 적용할 수 있을 것으로 판단된다.

크리깅모델은 비선형성이 강하기 때문에 기존의 미분기반 최적화 알고리즘을 이용해서 전역에서의 최대 혹은 최소값을 찾아낼 수 없다. 즉, 초기값의 위치에 따라서 각기 상이한 극값으로 수렴하게 된다. 현재 전역해를 구할 수 있는 알고리즘은 여러 가지가 개발되어 사용되고 있지만 본 논문에서는 미분진화(Differential Evolution) 알고리즘을 도입하고자 한다. 미분진화 알고리즘은 통계적 임의 탐색법인 유전 알고리즘(Genetic Algorithm: GA)과 유사한 알고리즘이다. GA와 미분진화 알고리즘은 초기 모집단을 이루는 개체(population)를 샘플링하고 이들의 교배(crossover)와 변이(mutation), 그리고 선정(selection) 과정을 거쳐 적합도(fitness)가 개선되는 새로운 개체들을 추출해 낸다는 공통점이 있다. 하지만 미분진화 알고리즘은 새로운 모집단을 구성할 때, GA와 같이 개체들을 이진수로 인코딩(incoding)하는 과정이 없으며, 모집단을 이루는 개체들을 벡터로 표현하여, 이들의 산술적 연산을 통해 새로운 개체들을 생성한다는 차이점이 있다. 따라서, 미분진화 알고리즘은 GA보다 간단하게 구현할 수 있으며 벡터 연산에 사용되는 시행벡터(trial vector)를 적절히 잘 정의할 경우, GA보다 빠른 수렴성을 가진다는 장점이 있다.

본 논문에서는 크리깅모델의 정확성과 미분진화 알고리즘의 수렴성을 살펴보기 위해 두 가지의 수학적인 모델을 예제로 들었다.

## 2. 크리깅 메타모델

크리깅모델로 구현하고자 하는 응답함수의 실제 모델은 식 (2)와 같이 구성할 수 있다.

$$y(\mathbf{x}) = f(\mathbf{x}) + Z(\mathbf{x}) \quad (2)$$

$f(\mathbf{x})$ 는 주어진 실험데이터를 이용해서 얻어낼 수 있는 전체 설계영역에서의 전역모델(global model)로 주로 다항함수(polynomial function)로 표현된다. 그러나 많은 경우에 전역모델  $f(\mathbf{x})$ 를 상수항으로 처리하고 있으며  $\beta$ 로써 나타내고 있다.<sup>(4,5,6)</sup>

$$y(\mathbf{x}) = \beta + Z(\mathbf{x}) \quad (3)$$

$Z(\mathbf{x})$ 는 평균이 0 이고 분산이  $\sigma^2$ 인 정규분포를 따르며 크리깅모델이 각 데이터 점들을 보간할 수 있도록 국소적인 변동을 만들어내는 부분으로 응답모델의 불확실성(uncertainty)을 나타내준다. 다음은  $Z(\mathbf{x})$ 의 공분산(covariance)을 나타내는 식이다.

$$\text{Cov}[Z(\mathbf{x}^i), Z(\mathbf{x}^j)] = \sigma^2 \mathbf{R}([R(\mathbf{x}^i, \mathbf{x}^j)]) \quad (4)$$

여기서  $\mathbf{R}$ 은 상관행렬(correlation matrix)이며  $R(\mathbf{x}^i, \mathbf{x}^j)$ 는 실험데이터 내 임의의 두 점  $\mathbf{x}^i$ 와  $\mathbf{x}^j$  사이의 상관함수(correlation function)이다. 상관함수  $R$ 은 설계자에 의해서 결정되는데 어떠한 상관함수를 취하느냐에 따라서 얼마나 빠르고 유연하게 메타모델을 얻어낼 수 있는지가 결정된다. 다음은 일반적으로 가장 많이 사용되고 있는 가우스상관함수(gaussian correlation function)이다.<sup>(3,4,5,6)</sup>

$$R(\mathbf{x}^i, \mathbf{x}^j) = \exp\left[-\sum_{k=1}^{n_v} \theta_k |\mathbf{x}_k^i - \mathbf{x}_k^j|^2\right] \quad (5)$$

여기서  $n_v$ 는 설계변수 개수이고  $ij$ 는 데이터 점들을 나타내며  $\theta_k$ 는 0보다 큰 값으로 모델을 적합 시키는데 사용되는 상관인자(correlation parameter)가 된다. 식 (5)를 통해 알 수 있듯이 두 점 사이의 거리가 커질수록 상관함수 값은 0으로 수렴해가고 거리가 가까워질수록 1의 값으로 수렴하게 된다. 식 (3)이 근사화를 수행할 실제 모델이라 가정하면 구현하고자 하는 크리깅모델은  $\hat{y}(x)$ 으로 표기하며 통계적으로 다음과 같이 정의된다.

$$\hat{y}(\mathbf{x}) = E(y(\mathbf{x}) | y(\mathbf{x}^{(1)}), \dots, y(\mathbf{x}^{(n_s)})) \quad (6)$$

여기서  $E(A|B)$ 는 주어진 데이터  $B$ 에서 얻어

낼 수 있는  $A$ 의 기대값을 의미한다. 따라서 식 (6)에서  $y(\mathbf{x}^{(1)}), \dots, y(\mathbf{x}^{(n_s)})$ 는 바로 크리깅모델의 구현에 사용될 실험데이터가 되며  $y(\mathbf{x})$ 는 실제 응답모델이 된다. 설계자가 궁극적으로 원하는 것은  $y(\mathbf{x})$ 에 가장 가까운  $\hat{y}(\mathbf{x})$ 를 결정하는 것이다. 이를 위해서 하나의 특성치, MSE(Mean Squared Error)를 도입한다.

$$MSE = E(\hat{y}(\mathbf{x}) - y(\mathbf{x}))^2 \quad (7)$$

이것은 실제모델  $y(\mathbf{x})$ 와 크리깅모델  $\hat{y}(\mathbf{x})$  사이의 오차를 나타내는 식으로 실제 값을 가지는 실험 데이터 점에서는 0의 값을 가짐을 알 수 있다.

즉, 식 (7)의 MSE를 최소화 시키는  $\hat{y}(\mathbf{x})$ 가 바로 크리깅모델이 되며 다음과 같다.

$$\hat{y} = \hat{\beta} + \mathbf{r}^T(\mathbf{x})\mathbf{R}^{-1}(\mathbf{y} - \hat{\beta}) \quad (8)$$

$\mathbf{y}$ 는  $n_s$ 개의 실험데이터 응답값을 가지는 열벡터(column vector)이고  $\mathbf{f}$ 는 각 원소가 1의 값을 가지는 열벡터(column vector)이다.  $\mathbf{r}(\mathbf{x})$ 는 임의의 좌표  $\mathbf{x}$ 와 실험데이터 사이의 상관벡터(correlation vector)이다.

$$\mathbf{r}(\mathbf{x}) = [R(\mathbf{x}, \mathbf{x}^1), R(\mathbf{x}, \mathbf{x}^2), \dots, R(\mathbf{x}, \mathbf{x}^{n_s})]^T \quad (9)$$

또한, 전역모델  $\hat{\beta}$ 는 다음과 같이 나타내어진다.

$$\hat{\beta} = (\mathbf{f}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{f})^{-1} \mathbf{f}^T \mathbf{R}^{-1} \mathbf{y} \quad (10)$$

이상의 수식을 살펴보면 상관인자  $\theta_k$ 만 결정하면 크리깅모델을 결정할 수 있음을 알 수 있다.  $\theta_k$ 가 어떠한 값을 가지던 크리깅 모델을 얻어낼 수는 있지만 가장 적합한 모델은 MLE(Maximum Likelihood Estimate)과정을 통해 결정하게 된다. MLE는 각 데이터 점에서의 오차가 정규분포를 따른다고 가정할 수 있을 경우 이러한 오차들을 최소화할 수 있는 인자들을 결정할 때 사용되는 하나의 특성치이다.<sup>(1)</sup>

$$\max_{\theta \in R^1} (-1/2)[(n_s \ln \hat{\sigma}^2) + \ln |\mathbf{R}|] \quad (11)$$

$$\text{subject to } \theta_k > 0$$

여기서 크리깅모델의 분산  $\hat{\sigma}^2$ 는 전역모델(global model)  $\hat{\beta}$ 와  $\mathbf{y}$  사이의 분산으로 다음과 같다.

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{(\mathbf{y} - \hat{\beta})^T \mathbf{R}^{-1} (\mathbf{y} - \hat{\beta})}{n_s} \quad (12)$$

### 3. 미분진화 알고리즘

미분진화 알고리즘은 다중극부점(multi-modal)을 갖는 목적함수에 대한 전역 최적화를 수행하기 위해 1996년 Rainer Storn에 의해 개발되었으며, 현재 널리 사용되고 있는 유전 알고리즘(genetic algorithm: GA)의 변형된 형태라고 볼 수 있다.<sup>(8,9,10)</sup>

일반적으로, 유전 알고리즘은 초기 모집단의 개체들을 이진수(binary number)로 인코딩하고, 이들의 교배와 변이, 그리고 선택과정을 통해 새로운 모집단을 생성한다. 새로 생성된 개체가 모집단의 개체가 되기 위해서는 초기 모집단의 개체보다 더 작은 목적함수 값을 가져야 하는데, 이 조건을 만족하면, 새로운 개체는 그 전 값을 대체하게 되고, 그렇지 못할 경우는 초기 개체가 새로운 모집단의 구성원이 된다. 이러한 과정은 수렴조건을 만족시킬 때까지 반복되고, 최종값을 디코딩하여 실수값(real-value)으로 변환하면 최적화를 마치게 된다.

미분진화 알고리즘도 GA와 같은 유사한 과정을 거치나, 복잡한 인코딩과 디코딩 과정을 없애고, 모집단의 개체들을 벡터로 표현하여 이들 벡터의 재조합을 통해 새로운 벡터를 만들어 낸다는 점에서 차이가 있다. 즉, GA가 이진수로 인코딩된 개체들 중 목적함수 값이 작은 개체들의 임의적인 교배를 변이를 통해 새로운 모집단을 생성하는 것과 달리, 미분진화 알고리즘은 시행벡터라고 하는 것을 이용해 보다 최적해 주위의 값들을 추출해 내기 때문에 수렴성을 향상시킬 수 있는 장점이 있다.

미분진화 알고리즘에서는 초기 모집단을 이루는 모든 개체들을 벡터로 표현하는데, 이들을 파라미터벡터 또는 개체라 한다.

$$\mathbf{x}_{j,G} \quad j = 0, 1, 2, \dots, NP-1 \quad (13)$$

여기서 NP는 파라미터 벡터의 개수이고, 이 값은 최적화 과정에서 일정하며, 설계자가 문제에 따라 정의할 수 있는 샘플링 개수이다. G는 파라미터 벡터가 몇 번째 세대인가를 표시하는 것으로, 알고리즘에서는 최적화 횟수(iteration)를 의미한다. 또한, 파라미터 벡터  $\mathbf{x}_{j,G}$ 의 차원은 목적함수를 이루는 설계변수의 개수와 같으며, 초기 파라미터 벡터는 가용영역(feasible region)에서 임의적으로 선택하되, 일반적으로 균등확률분포(uniform probability distribution)를 따르도록 한다.

기본적으로, 미분진화 알고리즘은 두개의 파라미터 벡터의 가중차분(weighted difference)에 임의

의 세 번째 벡터를 더함으로써 새로운 파라미터 벡터를 생성한다. 이 벡터를 시행벡터(trial vector)라고 하는데, 이것을 정의하는 방법에 따라 미분진화알고리즘의 다양한 형태가 있을 수 있다. 본 논문에서는 파라미터 벡터  $\mathbf{x}_{j,G}$  에 대해 시행벡터를 다음과 같이 정의한다.

$$\mathbf{v}_{i,G+1} = \mathbf{x}_{best,G} + F \cdot (\mathbf{x}_{r2,G} - \mathbf{x}_{r3,G}) \quad (14)$$

여기서  $\mathbf{x}_{r2,G}, \mathbf{x}_{r3,G}$  는 G 번째 세대에서 선택된 임의의 파라미터 벡터이고,  $\mathbf{x}_{best,G}$  는 G 세대에서 가장 작은 목적함수값을 갖는 파라미터 벡터이다. F 는  $(\mathbf{x}_{r2,G} - \mathbf{x}_{r3,G})$  의 크기를 결정하는 0 에서 2 사이의 제어 상수(control constant)로, 변이작용을 하는 상수다. 일반적으로 최적화를 과정해서  $\mathbf{x}_{best,G}$  는 G 세대에서는 가장 작은 값이라고는 하나 전역 최적해라고 단정 지을 수 없으므로, 국부 최적해(local minimum)이라고 볼 수 있다. 이럴 경우 F 는  $\mathbf{x}_{best,G}$  에서 벗어나 시행벡터가 설계 영역 내에서 보다 다양한 값을 갖게 하는 역할을 하게 되고, 이것은 최적해가 국부최소점(local minimum)으로 수렴하는 것을 방지하는 역할을 하게 된다.

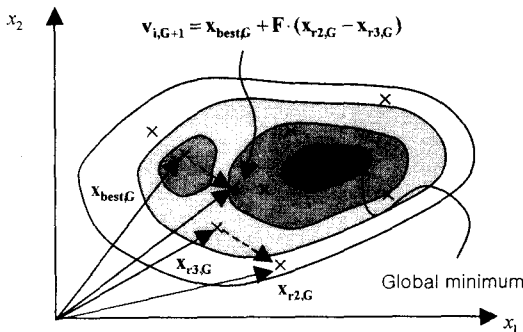


Fig 1 An example of a two-dimensional objective function showing relation between parameter vector and trial vector

Fig 1 은 목적함수가  $x_0$  와  $x_1$  의 두개의 설계변수로 이루어진 함수일 때, 파라미터 벡터와 시행벡터 사이의 관계를 보여주는 그림이다. 이 그림에서 폐곡선은 동일한 목적함수 값을 갖는 점들을 연결한 선(contour)이고, x 로 표시된 점이 임의적으로 분포하고 있는 초기 파라미터 벡터이다. 여기서 벡터  $\mathbf{v}_{i,G+1}$  의 목적함수값은 벡터  $\mathbf{x}_{best,G}$  의 목적함수 값보다 큰데, 이것은 앞에서도 설명한 바와 같이  $F \cdot (\mathbf{x}_{r2,G} - \mathbf{x}_{r3,G})$  의 영향 때문이다.

미분진화 알고리즘(DE)은 G 번째 세대의 파라미터 벡터와 이들 벡터로 만들어진 시행벡터의 상호 경쟁(competition)을 통해 전역 최적해를 구해 낸다. 앞에서 설명한 시행벡터는 초기 파라미터 벡터의 개수 즉, NP 만큼 생성하는데, 구해진 시행벡터가 다음 세대의 파라미터 벡터가 되기 위해서는 비교 대상이 되는 파라미터 벡터의 목적함수 값보다 작은 목적함수 값을 가져야 한다. 이 조건을 만족하는 시행벡터는 G 번째 세대의 파라미터 벡터를 대체하여, (G+1) 번째 세대의 새로운 파라미터 벡터가 된다. 만약, 이 조건을 만족시키지 못하면, 시행벡터는 버려지고, 이미 존재하고 있던 G 번째 세대의 파라미터 벡터가 (G+1) 번째 세대의 파라미터 벡터로 유지된다. 이러한 과정은 설계자가 정해준 세대횟수만큼 반복하게 되고, 결국 목적함수 값이 작은 파라미터 벡터들로 구성된 파라미터 조합이 만들어지게 된다. 이 벡터 중에 가장 작은 목적함수 값을 갖는 파라미터 벡터를 추출해 내면 이 값이 바로 전역 최적해가 되는 것이다.

#### 4. 예제 및 고찰

본 논문에서는 크리깅 메타 모델의 정확성과 미분진화 알고리즘의 수렴성 등을 살펴보기 위해 두 개의 비선형성이 큰 수학적인 모델을 사용하였다. 여기서는 총 3 종류의 실험데이터를 이용하여 각 경우의 크리깅 메타 모델을 구성하고 미분진화 알고리즘을 이용하여 최적설계를 수행하였다. 실험데이터는 설계영역을 균일하게 나눈 것으로 25, 49, 100 개의 데이터를 사용하였고 실제 모델과의 비교를 위해 총 900 개의 데이터 점에서의 오차를 구해보았다. 실제 함수와 크리깅 메타 모델의 평균 오차 ( $E_{avg}$ ), RMS 오차 ( $E_{rms}$ )와 최대오차 ( $E_{max}$ )를 계산하였고 이들 오차의 정의는 다음과 같다.

$$E_{avg} = \frac{1}{N} \sum_i |y_i - \hat{y}_i| \quad (15)$$

$$E_{rms} = \sqrt{\frac{1}{N} \sum_i (y_i - \hat{y}_i)^2} \quad (16)$$

$$E_{max} = \text{MAX}_i [|y_i - \hat{y}_i|] \quad (17)$$

여기서, N 은 오차 계산에 사용될 데이터의 수를 의미하며 본 예제에서는 900 이다.

4.1 Bird 함수의 최적설계

다음의 함수는 그 형상이 새의 모습을 닮아 Bird 함수라 칭하였다.<sup>(14)</sup>

$$f = e^{\cos(x_1-x_2)} \cdot \sin\left(\frac{(x_1-x_2)^2 + x_1 + x_2}{1+(x_1-x_2)^2}\right) \quad (18)$$

설계영역은  $x_1$  과  $x_2$  각각 (0,4)이고 이 영역에서의 전역 최적치는  $(x_1^*, x_2^*) = (2.356, 2.356)$ 에서  $f^* = -2.718$ 이다.

Fig 2 는 실제 모델과 각각의 크리깅 메타 모델을 보이고 있으며 Table 1 은 오차를 비교하고 있다. 예상대로 실험데이터의 개수가 증가할수록 오차가 현저히 줄어드는 모습을 볼 수 있다. 25 개의 데이터를 이용하여 만든 크리깅 모델을 모델 1, 49 개와 100 개로 이루어진 모델을 각각 모델 2 와 모델 3 으로 칭하였다.

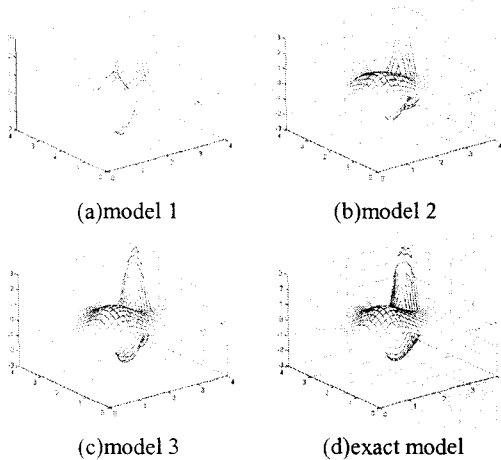


Fig 2 Exact bird model and its Kriging models

Table 1 The error of the bird Kriging models

	Model 1	Model 2	Model 3
$E_{avg}$	0.473	0.192	0.046
$E_{rms}$	0.687	0.438	0.213
$E_{max}$	2.793	2.106	0.524

Table 2 는 위에서 구한 크리깅 메타모델을 DE 알고리즘을 이용하여 최적설계를 수행한 결과를 보이고 있으며 실험 데이터가 증가할수록 실제의 전역최적점으로 수렴해가는 것을 볼 수 있다.

Table 2 The optimum value of bird Kriging models

	$(x_1^*, x_2^*)$	$f^*$
Model 1	(2.003,2.003)	-2.057
Model 2	(2.773,2.775)	-2.333
Model 3	(2.364,2.363)	-2.887
Exact model	(2.356,2.356)	-2.718

4.2 Haupt 함수의 최적설계

다음은 R.L.Haupt 와 S.E.Haupt 가 GA 를 테스트 하기위해서 인용하였던 함수이다.<sup>(13)</sup>

$$f = x_1 \sin(4x_1) + 1.1x_2 \sin(2x_2) \quad (19)$$

설계영역은 Bird 함수와 마찬가지로 각각 (0,4)를 잡았고 이 때 최적치는  $(x_1^*, x_2^*) = (2.771, 2.457)$ 에서  $f^* = -5.408$ 이다.

본 문제에 대한 크리깅 메타 모델, 오차, 그리고 최적치는 다음과 같다.

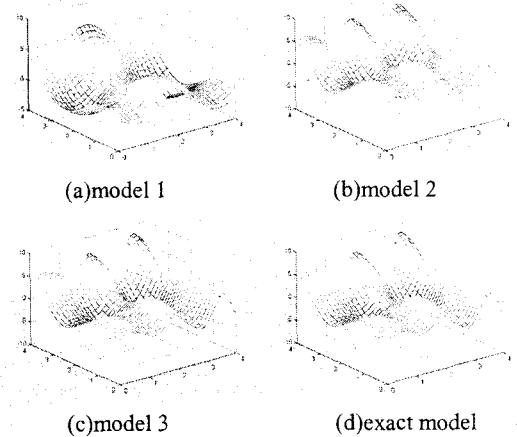


Fig 3 Exact Haupt model and its Kriging models

Table 3 The error of the Haupt Kriging models

	Model	Model 2	Model 3
$E_{avg}$	1.764	0.483	0.027
$E_{rms}$	1.328	0.695	0.163
$E_{max}$	6.876	1.723	0.211

Table 4 The optimum value of Haupt Kriging models

	$(x_1^*, x_2^*)$	$f^*$
Model 1	(3.443,2.397)	-4.644
Model 2	(2.662,2.450)	-5.200
Model 3	(2.769,2.457)	-5.395
Exact model	(2.771,2.457)	-5.408

## 5. 결론

본 논문에서는 비선형성이 강한 모델의 메타 모델로 적합한 크리깅 메타모델과 이러한 비선형성이 강한 모델의 최적화에 적합한 알고리즘으로 미분진화 알고리즘을 소개하였다. 또한, 두 개의 수학적 모델을 이용하여 크리깅 메타모델을 구현해 보았다. 각 모델의 오차와 최적값을 검토한 결과 다음과 같은 결과를 얻을 수 있었다.

- (1) RSM 으로는 구현할 수 없었던 비선형성이 강한 모델에 크리깅 메타모델을 적용할 경우 좋은 결과를 얻어낼 수 있었다.
- (2) 실험 데이터의 개수가 증가할수록 크리깅 메타모델은 형상면이나 오차면에서 실제모델에 매우 근접해감을 확인할 수 있었다.
- (3) 비선형성이 강한 크리깅 메타 모델에 미분진화 알고리즘을 적용할 경우 전역최적값을 효율적으로 얻어낼 수 있었다.

## 후 기

이 연구는 한국과학재단 지정 최적설계신기술 연구센터의 지원에 의해 수행되었습니다.

## 참고문헌

- (1) N. A. C. Cressie, 1993, *Statistics for Spatial Data*, John Wiley & Sons, Inc.
- (2) P. A. Burrough and R. A. McDonnell, 1998, *Principles of Geographical Information Systems*, OXFORD UNIVERSITY PRESS.
- (3) J. Sacks, W. J. Welch, T. J. Mitchell and H. P. Wynn, 1989, "Design and Analysis of Computer Experiments," *Statistical Science*, Vol. 4, No. 4, 409-435.
- (4) A. A. Giunta and L. T. Watson, 1998, "A Comparison of Approximation Modeling Techniques: Polynomial Versus Interpolating Models," 7<sup>th</sup> AIAA/USAF/NASA/ISSMO Symposium on Multidisciplinary Analysis & Optimization, Vol. 1, pp.392-404.
- (5) T. W. Simpson, T. M. Mauery, J. J. Korte, and F. Mistree, 1998, "Comparison of Response Surface and Kriging Models for Multidisciplinary Design Optimization," 7<sup>th</sup> AIAA/USAF/NASA/ISSMO Symposium on Multidisciplinary Analysis & Optimization, Vol. 1, pp.381-391.
- (6) M. J. Sasena, 1998, *Optimization of Computer Simulations via Smoothing Splines and Kriging Metamodels*, Master's Thesis University of Michigan.
- (7) R. Jin, W. Chen and T. W. Simpson, 2000,

- "Comparative Studies of Metamodeling Techniques Under Multiple Modeling Criteria," 8<sup>th</sup> AIAA/USAF/NASA/ISSMO Symposium on Multidisciplinary Analysis and Optimization, AIAA-2000-4801.
- (8) K. Price and R. Storn, "Differential Evolution," *Dr. Dobbs's Journal*, pp. 18-24, 78.
- (9) K. Price, 1997, "Differential Evolution vs. the Contest Functions of the 2nd ICEO," *Proceedings of the 1997 IEEE*.
- (10) R. Storn, 1996, "On the Usage of Differential Evolution for Function Optimization," *Proceedings of the 1996 North American Fuzzy Information Processing Society (NAFIPS)*, IEEE Press, 1996, pp. 519-523.
- (11) F-S. Wang, J-P. Chiou, "Differential Evolution Optimization of Differential-Algebraic Systems," *Proceedings for Dynamic of the IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, pp. 531-536.
- (12) T. Rogalsky, and R. W. Derksen, and S. Kocabiyyik, "Differential Evolution in Aerodynamic Optimization" *Technical Report*.
- (13) R.L.Haupt, S.E.Haupt, 1998, *Practical Genetic Algorithms*, John Wiley & Sons, Inc.
- (14) 강동일, 한양대학교 대학원.