

지오데식 돔의 형상 균일화 알고리즘

The Regularization Algorithm of Configuration for Geodesic Dome

한 상 을*
Han, Sang-Eul

이 효 천**
Lee, Hyo-Chun

이 지 연**
Lee, Ji-Yeon

ABSTRACT

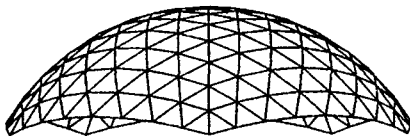
The aim of regularization of a structural configuration is to obtain a structure that consists of elements with identical or nearly identical length. And it is also possible to modify the configuration in a manner that the size of the elements vary in accordance with a specified pattern.

For practical purpose, geodesic dome is cut off at a suitable place in order to make it fit on horizontal. Inevitably this pattern effects a change of element lengths. The purpose of this study is to verify a method for regularization of structural configuration by genetic algorithms and modify the element lengths of the dome. As a result of regularization of domes with various rise-span ratio, modified configurations have more regular element lengths and are more economical than initial configurations.

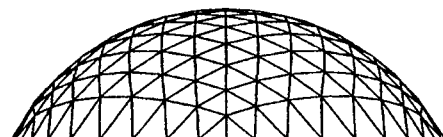
1. 서 론

측지선(geodesic line)은 평면 또는 곡면 위의 두 점 사이를 잇는 최단거리의 직선을 말한다. 구면 위의 측지선은 두 점을 잇는 대원(great circle) 위에 있게 된다. 모든 모서리가 측지선으로 구성되는 구면체를 지오데식 다면체라고 하며, 이러한 지오데식 다면체를 다시 적당한 측지선으로 세분하고 호를 현으로 바꾼 형상을 기본으로 한 것을 지오데식 돔(geodesic dome)이라 한다. 이러한 지오데식 돔은 부재 네트워크가 규칙적이며, 부재의 길이가 거의 동일하다.⁵⁾ 대부분의 부재와 연결부는 서로 교환이 가능하며, 조립과 시공이 간편하다는 장점 때문에 1954년 Buckminster Fuller¹⁾가 처음으로 개발한 이래 현재까지도 널리 사용되고 있다.

실제 돔의 설계는 반구(半球) 형상보다는 얇은 높이-스팬비의 돔이 일반적이며, 이러한 돔은 그림 1(a)와 같이 파형(波形)을 이루게 되고, 사용 목적 상 돔의 하단부를 수평하게 만들기 위해서는 그림 1(b)와 같은 방법으로 단부의 절점을 이동시켜야 한다. 그러나 이러한 과정을 통해서 얻어진 돔의 단부는 부재 길이와 부재 배치의 왜곡이 발생하여 구조적으로 균등한 힘의 배분이 어렵고, 시공 시 부재 접합 공간이 부족한 문제점이 발생하게 된다.



(a) 파형(波形)의 지오데식 돔



(b) 단부가 수평한 지오데식 돔

그림 1. 얇은 높이-스팬비의 지오데식 돔

* 정희원 · 인하대학교 건축학부 교수

** 인하대학교 건축학부 대학원

일반적으로 구조형상을 균일화(regularization) 한다는 것은 부재 길이를 동일(또는 거의 동일)하게 만드는 것에 그 목적이 있다. 또한 형상 균일화 과정을 통해서 특정 패턴에 따라 부재 길이를 변화시키는 방법으로 초기 형상의 문제점을 보완한 최적형상을 구할 수도 있다. 이 논문의 목적은 형상 균일화 과정을 통해 초기 형상으로 그림 1의 (b)와 같이 단부에서 왜곡이 발생한 지오데식 돔의 최적형상을 구하는 것이다.

2. 초기형상 형성

2.1. 단위 삼각형 각 절점의 좌표

지오데식 돔의 형성과정은 다음과 같다. 정 20면체(icosahedron)를 구에 내접시키고, 다시 정 20면체의 각 꼭지점을 구의 표면에 투영(projection)시키면 20개의 동일한 등변 구형 삼각형으로 분할된다. 이때 등변 구형 삼각형의 세 꼭지점을 직선으로 이은 정삼각형을 단위 삼각형(unit triangle)이라고 하며, 단위 삼각형의 각 변을 임의의 도수(frequency, f)로 분할하고 구면에 투영하여 부재요소를 구성하게 되는데, 도수가 늘어남에 따라 돔은 다면체에서 진정한 구형 곡면으로 바뀌게 된다.

반지름이 r' 인 구면에 있는 점 P의 위치를 순서쌍 (r', θ, ϕ) 로 나타낼 때, 이것을 점 P의 구좌표라고 한다. r' 을 돔을 포함하는 가상(假想) 구의 반지름이라고 하면 다음과 같은 관계식이 성립한다.

$$r' = \frac{r^2 + h^2}{2h} \quad (1)$$

$$\alpha = \sin^{-1}\left(\frac{2hr'}{r'^2 + h^2}\right) \quad (2)$$

여기서 r 은 돔의 반경, h 는 돔의 높이, 그리고 α 는 돔의 반개각이다.

돔 정점(zenith)의 z 축의 좌표를 돔의 높이 h 로 하는 새로운 직교좌표 (x, y, z) 와 구좌표의 관계는 다음과 같다.

$$\begin{aligned} x &= r' \sin \theta \cos \phi \\ y &= r' \sin \theta \sin \phi \\ z &= r' \cos \theta - (r' - h) \end{aligned} \quad (3)$$

동일한 구면좌표 ϕ 를 갖는 모든 점은 정점을 통과하는 동일한 대원 위에 놓이게 되는 반면에 같은 구면좌표 θ 를 갖는 모든 점은 xy 평면에 평행한 동일한 소원 위에 위치한다.

단위 삼각형을 임의의 도수로 분할하면 각 꼭지점은 세 가지 지표(index)로 표현할 수 있으며, 첫 번째 지표 x 는 그림 3의(a)와 같다. 두 번째 지표 y 는 x 를 시계 방향으로 60° 를 회전시켜 구하고, 다시 y 를 시계 방향으로 60° 를 회전시켜 세 번째 지표 z 를 얻는다. 그림 3의(d)의 예에서 보는 바와 같이 세 지표의 합은 언제나 도수(f)와 같다.

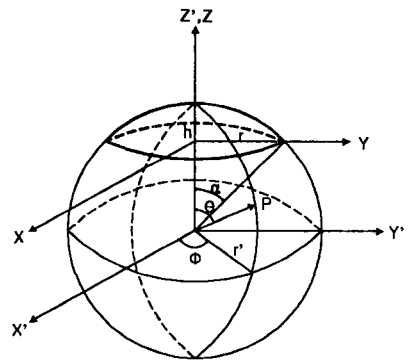
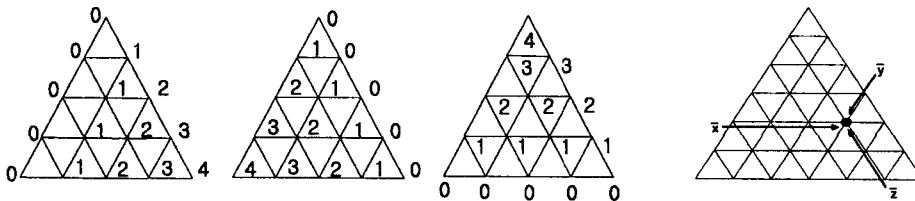


그림 2. 구 좌표계



(a) 첫 번째 지표 x (b) 두 번째 지표 y (c) 세 번째 지표 z
그림 3. 단위 삼각형의 지표산정

(d) 지표계산의 예
(3,1,2)

정 20면체의 단위 삼각형은 직교좌표축에 비스듬히 위치하기 때문에, 구면좌표 ϕ 와 θ 는 이러한 세 지표 x, y, z 의 식으로 직접 나타낼 수 없다. 그러므로 새로운 지표 x_1, y_1, z_1 을 도입한다.

$$\begin{aligned} x_1 &= x \sin 72^\circ \\ y_1 &= y + x \cos 72^\circ \\ z_1 &= \frac{f}{2} + \frac{z}{r} \end{aligned} \quad (4)$$

여기서 r 는 황금비이며, 다음 식으로 나타낼 수 있다.

$$r = (1 + \sqrt{5})/2 = 2 \cos 36^\circ = 1.61803399$$

새로운 지표 x_1, y_1, z_1 과 구좌표 ϕ 와 θ 의 관계는 다음과 같다.

$$\begin{aligned} \phi &= \arctan\left(\frac{x_1}{y_1}\right) \\ \theta &= \arctan\left(\frac{\sqrt{x_1^2 + y_1^2}}{z_1}\right) \end{aligned} \quad (5)$$

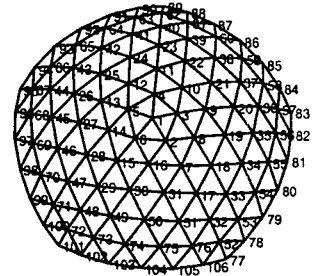


그림 4. 지오데식 돔의 형상

2.2. 단부가 수평한 지오데식 돔의 형성

위와 같이 임의의 도수로 분할한 단위 삼각형을 구에 투영시킨 후 ϕ 방향으로 72° 씩 4번 회전시켜 그림 4와 같은 지오데식 돔의 형상을 구할 수 있다. 지금까지 소개한 일련의 과정은 정 20면체의 북반구 (icosacap)에 위치한 단위 삼각형의 분할과정이며, 이 연구의 목적상 적도 및 남반구에 존재하는 나머지 면의 분할과정의 유도는 생략한다.

왜곡된 초기형상은 입력변수로 반경과 높이를 통해 반개각을 구하고, 원하는 도수의 마지막 절점의 θ 와 비교하여 가장 가까운 돔의 형상을 기본으로 삼으며, 마지막 단부 절점의 θ 를 반개각으로 치환하여 생성한다. 예제를 위한 초기형상의 입력변수는 돔의 반경은 1,000cm, 돔의 높이는 400cm, 도수는 4로 했으며 그 형상은 그림 5와 같다.

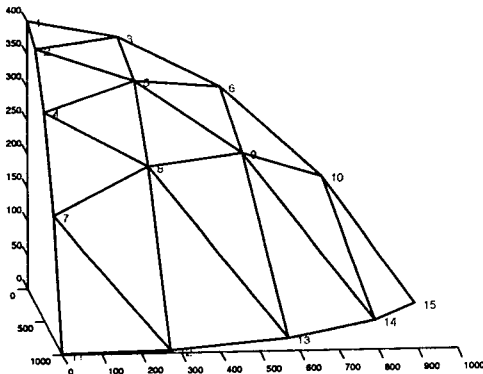


그림 5. 단부의 부재길이가 왜곡된 초기형상

표 1. 왜곡 초기형상의 좌표

절점	ϕ	θ	절점	ϕ	θ
1	0.00	0.00	9	49.61	27.22
2	0.00	9.32	10	71.99	31.71
3	71.99	9.32	11	0.00	43.60
4	0.000	20.07	12	16.03	43.60
5	36.00	31.71	13	36.00	43.60
6	71.99	20.07	14	55.96	43.60
7	0.000	31.71	15	71.99	43.60
8	22.38	27.22	.	.	.

3. 형상 균일화 알고리즘

이 연구에서 형상 균일화 과정을 위한 방법으로 유전 알고리즘이 적용되었다. 유전 알고리즘은 생태계의 진화과정, 즉 자연선택과 유전법칙을 모방한 확률적 최적해 탐색 기법으로, 1975년 J. Holland에 의해 처음

고안되었다. 단순 유전알고리즘(simple genetic algorithm : SGA)은 초기 알고리즘임에도 불구하고 해를 찾는 능력이 우수하여 아직도 많은 최적화 문제에 응용되고 있다.⁶⁾⁷⁾ 이 연구에서는 단순 유전알고리즘을 적용하여 연구를 수행하였다.

3.1. 초기집단 생성(Initiation)

집단(population)을 구성하는 각 개체는 절점번호, 절점좌표의 순서쌍으로 이루어진 유전자로 표현된다. 집단은 개체들이 진화해 가는 도중의 총체적 기억장소로서의 역할을 담당하게 되며, 많은 세대를 거치는 동안에 좋은 해의 유전자를 보유하게 된다.

이 연구에서 초기집단의 생성은 탐색공간 내에서 난수를 발생시키는 무작위 초기화(random initialization)법을 사용하였다. 또한 최초 탐색공간은 초기형상의 최장 부재 길이의 1/2을 취했으며, 집단의 크기는 100으로 하였다. 초기집단 생성 간에 정점(1번 절점)과 단부의 좌, 우측 절점(11, 15번 절점)과 같은 고정된 절점의 ϕ 와 θ 는 변하지 않으며, 돔의 기본 형상을 보존하기 위해 좌, 우측에 위치한 절점(2, 3, 4, 6, 7, 10번 절점)의 ϕ 와 단부의 중간에 위치한 절점(12, 13, 14번 절점)의 θ 는 초기형상의 값과 동일하다. 표2는 위 과정을 통해 생성된 초기집단의 100번째 개체의 좌표이다.

표 2. 100번째 개체의 좌표

절점	ϕ	θ	절점	ϕ	θ
1	0.00	0.00	9	52.53	28.44
2	0.00	5.73	10	72.00	32.93
3	72.00	5.73	11	0.00	43.60
4	0.00	19.55	12	18.36	43.60
5	39.79	12.43	13	32.13	43.60
6	72.00	19.55	14	59.14	43.60
7	0.00	32.93	15	72.00	43.60
8	21.11	28.44	.	.	.

3.2. 적합도 평가 및 선별(selection)

자연에서 환경은 더 적합한 생물들이 더 높은 생존 기회를 갖도록 이들의 생존을 조절하는 기능을 갖는다. 이런 환경을 통하여 생물들은 생존경쟁에 이기면 살아남고 지면 도태하게 되는데, 선별은 적자생존 또는 자연도태 현상을 모방하려는 인위적인 메커니즘이다. 이 연구에서는 개체선택의 기준으로 다음과 같은 함수가 사용되었다.

$$V = \frac{\sum(L_i - L)^2}{\sum(L_w - L_o)^2} \quad (6)$$

- 여기서 L_i : 개체의 i 번째 부재길이
- L : 개체의 평균 부재길이
- L_w : 초기형상의 i 번째 부재길이
- L_o : 초기형상의 평균 부재길이

함수값 V 는 개체의 부재 길이의 분산(variance)을 나타내며, 유전알고리즘에서는 이와 같은 함수를 적합도 함수(fitness function)라 한다. V 의 값이 0이면 모든 부재의 길이가 같고,

V 의 값이 1이면 개체의 부재 길이의 분포가 초기형상과 같으며, V 의 값이 1보다 작으면 초기형상보다 부재의 길이가 균일화되었음을 의미한다.

개체 선별의 방법으로는 여러 가지가 있으나, 이 연구에서는 토너먼트 선별(tournament selection)법을 사용했다. 먼저 초기집단에서 무작위로 두 개체($r1$, $r2$)를 선택하여 이 두 개체($Cr1$, $Cr2$)의 적합도를 판정하여 첫 번째 부모(parent) 염색체(P1)로 정한다. 같은 방법으로 두 번째 부모 염색체(P2)를 선별한다. 표3은 첫 번째 부모의 선별을 보여주고 있다.

표 3. 첫 번째 부모 염색체(P1) 선별 예

r1 : 91번 개체			r2 : 80번 개체		
절점	ϕ	θ	절점	ϕ	θ
1	0.00	0.00	1	0.00	0.00
2	0.00	10.65	2	0.00	10.57
3	72.00	10.65	3	72.00	10.57
4	0.00	21.33	4	0.00	19.55
5	37.72	19.31	5	32.31	20.06
6	72.00	21.33	6	72.00	19.55
7	0.00	34.46	7	0.00	35.42
8	25.51	30.79	8	26.39	27.31
9	51.12	30.79	9	51.44	27.31
10	72.00	34.46	10	72.00	35.42
11	0.00	43.60	11	0.00	43.60
12	13.42	43.60	12	15.69	43.60
13	36.07	43.60	13	39.02	43.60
14	52.34	43.60	14	58.37	43.60
15	72.00	43.60	15	72.00	43.60
V=0.56			V=1.57		
P1으로 91번째 개체가 선별					

3.3. 교배(crossover)

자연계의 생물들은 그들의 유전자를 서로 섞는 유성생식(sexual mating)을 통하여 자손을 생산하게 되는데, 이런 성적 재생산을 알고리즘 형태로 흉내낸 것이 교배다. 교배는 부모 염색체를 부분적으로 서로 바꿈으로써 새로운 개체(자손, child)를 생성하는 것으로, 교배방법으로는 단순교배(simple crossover), 복수점교배(multipoint crossover), 균등교배(uniform crossover) 등 여러 가지 방법이 있으나, 이 연구에서는 균등교배를 이용했다.

균등교배는 각 부모 염색체의 유전자가 독립적으로 교환될 수 있도록 하기 위하여, 0 또는 1의 템플릿(template)을 발생시키고, 템플릿 내에 1이 있는 위치의 부모 유전자들을 서로 교환하여 자손(C1, C2)을 생성한다. 교환되는 유전자는 전적으로 템플릿에 의해 결정되며 템플릿은 임의로 난수 발생된다. 이러한 돌연변이 대체 과정을 통해서 새롭게 구해진 자손 개체(nC1, nC2)는 앞의 적합도 평가를 통해 구한 집단 내에서 적합도가 가장 떨어지는 두 개체를 대신하게 된다. 이러한 과정을 재조합이라고 한다. 표4는 교배에 의한 자손의 생성과정을 보여주고 있다. 표4에서 보는 바와 같이 고정된 절점(절점 1)과 돔의 기본 형상의 보존이 필요한 절점(절점 13)은 교배과정을 통해서 얻은 자손의 좌표에서도 부모 유전자의 특성을 이어 받는다.

표 4. 교배에 의한 자손의 생성 예

절점 비교	1		8		9		13	
	ϕ	θ	ϕ	θ	ϕ	θ	ϕ	θ
P1	0.00	0.00	25.51	30.79	51.12	30.79	36.07	43.60
P2	0.00	0.00	21.67	27.92	47.42	27.92	34.93	43.60
Template	1		0		0		1	
C1	0.00	0.00	25.51	30.79	51.12	30.79	34.93	43.60
C2	0.00	0.00	21.67	27.92	47.42	27.92	36.07	43.60

3.4. 돌연변이(mutation)와 재조합(recombination)

진화가 계속되는 동안 선별과 교배를 통해 집단은 더욱 강해지며, 이로 인하여 염색체들은 서로 닮아가게 된다. 이러한 현상은 세대말기에는 바람직하지만 세대 초기에 발생하게 되면 유전자의 다양성 결핍으로 준최적해나 사점(dead corner)에 빠지게 된다. 이러한 원치 않는 해로부터 벗어나기 위한 한 메커니즘이 돌연변이이다. 이는 자연계의 돌연변이를 모방한 것으로 일정한 돌연변이 확률(μ)을 적용하여 염색체 배열의 유전자를 바꾸게 된다. 돌연변이가 발생하는 확률을 너무 높게 설정하면 무작위 탐색이 될 수 있으므로, 적절한 돌연변이의 발생이 요구된다. 일반적으로 돌연변이가 일어날 확률은 0.05이하이며, 통상 0.01이 사용된다.

이 연구에서 자손의 유전자를 돌연변이 시키기 위해서 다음 식이 사용되었다.

$$K = r + n\mu \tag{7}$$

여기서, r 은 0과 1사이의 임의의 수이며, n 은 집단의 크기(100), μ 는 돌연변이 확률(0.01), 그리고 K 는 돌연변이 횟수로, 버림(chopping)을 통해서 구해진다. 돌연변이 과정은 교배를 통해 얻은 자손 염색체에서 고정되지 않은 유전자를 돌연변이 횟수만큼 임의로 선택한 후, 1에서 n 사이의 임의의 개체를 난수 발생 시켜 앞에서 선택한 자손의 유전자를 대체함으로써 얻을 수 있다. 이러한 돌연변이 대체 과정을 통해서 새롭게 구해진 자손 개체(nC1, nC2)는 앞의 적합도 평가를 통해 구한 집단 내에서 적합도가 가장 떨어지는 두 개체를 대신하게 된다. 이러한 과정을 재조합 이라고 한다.

3.5. 탐색공간의 갱신(phasing), 집단의 재생성(reinitiation)

앞에서 알아본 선별, 교배, 돌연변이 그리고 재조합의 순환 과정을 통해 진화가 이루어지며, 점차적으로 좋은 해의 유전자를 보유하게 된다. 이러한 진화과정을 세대 순환이라고 하며, 세대순환은 초기집단의 크기 만큼 새로운 개체가 생성될 때까지 계속된다. 즉 초기집단의 크기를 p 라고 할 때, 세대 순환 횟수는 $p/2$ 가 된다.

연속적인 진화과정을 통해 각 세대에서의 절점의 최대이동거리가 측정되며, 이전 세대에서의 절점의 최대 이동거리와의 차이를 상대 최대 절점 이동거리(rM)라하며, 이 값이 점차 작아지는 것은 최적해에 접근하는 방향으로 진화가 이루어진다는 좋은 증거가 된다.

상대 최대 절점 이동거리가 탐색공간의 크기보다 충분히 작아지면 탐색공간의 크기를 줄이는 것이 타당할 것이다. 이러한 조작은 진화 과정을 보다 효율적으로 구현할 수 있게 한다. 탐색공간의 갱신조건은 연속적인 세대 순환(C)을 통해 다음 부등식을 만족해야 한다.

$$\frac{rM}{R} < \phi \quad (8)$$

여기서 R : 탐색공간의 크기
 ϕ : 갱신비 (0.2)
 C : 확신계수 (20)

갱신조건을 만족하면 탐색공간은 $2\phi R$ 로 축소되며, 현 세대의 최적 형상이 새로운 초기형상이 되어 집단을 재구성하게 된다. 이 과정을 집단의 재생성이라고 한다.

3.6. 정지조건(termination condition)

집단이 진화를 거듭하면서 해 쪽으로 수렴해 갈 때 언제 정지할 것인지를 결정하는 것은 대단히 중요하다. 이 연구에서는 두 가지 방법이 이용되었다. 하나는 현재의 세대 또는 세대반복 횟수가 미리 지정한 값(최대 세대수)에 도달하면 정지하는 것이다. 개체군이 해 가까이로 수렴해 가면 개체들의 대부분은 한 세대에서 다음 세대로 아무런 변경 없이 생존해간다. 이 경우에는 모든 개체들의 적합도를 평가할 필요가 없게 되고, 지정한 세대에 도달하면 종료한다. 이 연구에서는 최대 세대수를 $100n$ 으로 지정하였다.

또 다른 방법은 유전알고리즘을 반복수행 해가면서 더 이상 상당한 개선이 일어날 가능성이 매우 적다고 판단될 때의 세대를 종료 조건으로 선택하는 것이다. 이 정지조건은 연속적인 세대 순환(C)을 통해 다음 부등식을 만족해야 한다.

$$\frac{rM}{L} < \epsilon \quad (9)$$

여기서 L : 현 세대 최적 개체의 평균 부재길이
 ϵ : 수렴한계 (10^{-3})
 C : 확신계수 (20)

4. 수치해석 및 고찰

이 연구에서 지오데식 돔의 초기형상 생성 및 형상 균일화 과정에 사용된 프로그램은 Fortran으로 작성되었으며, 형상 균일화 알고리즘은 그림 6과 같은 절차를 따른다.

그림 5의 지오데식 돔의 왜곡된 초기형상에서 형상 균일화 과정을 통하여 다음과 같은 목적형상을 얻을 수 있었다.

그림 7에서 보는 바와 같이 정점(1번 절점)과 단부의 좌, 우측 절점(11, 15번 절점)과 같은 고정된 절점들의 이동은 없었으며, 단위 삼각형의 좌, 우측에 위치한 절점(2, 3, 4, 6, 7, 10번 절점)들은 단부의 왜곡을 보완하기 위해 초기형상보다 하부로 이동하였고, 단부의 중간에 위치한 절점(12, 13, 14번 절점)들은 타 절점들과 조화를 이루는 방향으로

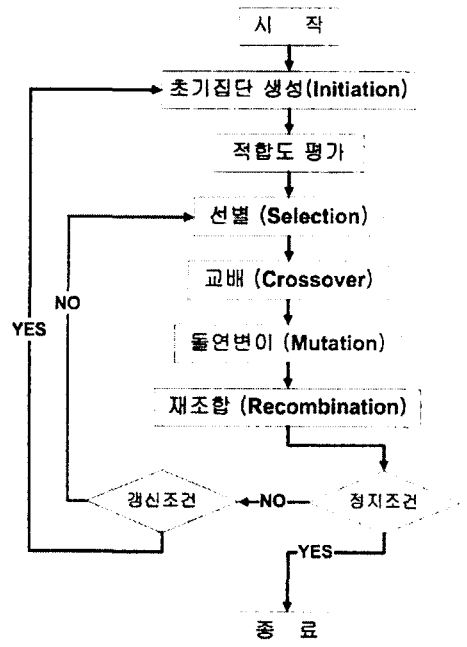


그림 6. 형상 균일화 알고리즘의 순서도

이동을 하였다. 이러한 목적형상의 좌표는 다음 표5와 같다.

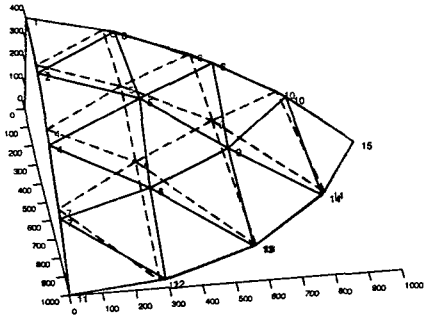


그림 7. 초기형상과 목적형상
(점선 : 초기형상, 실선 : 목적형상)

표 5. 목적형상의 좌표

절점	ϕ	θ	절점	ϕ	θ
1	0.00	0.000	9	46.26	31.23
2	0.00	10.65	10	72.00	33.07
3	72.00	10.65	11	0.000	43.60
4	0.000	22.45	12	17.15	43.60
5	37.72	19.31	13	35.49	43.60
6	72.00	23.03	14	54.91	43.60
7	0.000	33.07	15	72.00	43.60
8	22.20	31.23	.	.	.

초기형상과 목적형상의 부재길이를 표6에서 비교하였으며, 이 비교 값을 통하여 목적형상이 초기형상보다 부재가 균일해 졌음을 알 수 있다.

표 6. 초기형상과 목적형상의 부재길이의 비교

초기형상		목적형상	
최장 부재길이 (A)	455.98	최장 부재길이 (C)	375.77
최단 부재길이 (B)	235.72	최단 부재길이 (D)	266.13
평균 부재길이	315.27	평균 부재길이	322.92
A / B	1.93	C / D	1.41
부재길이 표준편차	60.39	부재길이 표준편차	34.06

또 다른 해석모델은 앞의 예제와 같은 반경(1,000cm)과 높이(400cm)를 가지는 돔이다. 이를 더 높은 도수 7로 나누었을 때를 상정하여 수치해석을 수행했으며, 그림 8과 같은 목적형상을 갖는다. 형태적으로 가장 합리적인 돔이라고 할 수 있는 패러렐 라멜라 돔(parallel lamella dome)의 형상은 그림 9와 같다. 표 7에서는 목적형상과 패러렐 라멜라 돔의 부재길이를 비교하였다. 이 비교 값을 통하여 목적형상의 부재길이가 패러렐 라멜라 돔의 부재길이보다 균일하다는 것을 알 수 있으며, 같은 공간을 덮는데 더 적은 부재가 사용되어 더욱 경제적이라는 것을 알 수 있다.

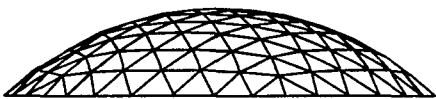


그림 8. 목적형상
(r:1,000cm, h:400cm, f:7)

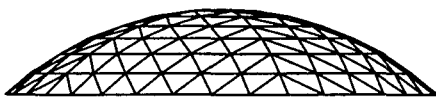
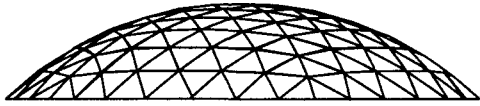


그림 9. 패러렐 라멜라 돔

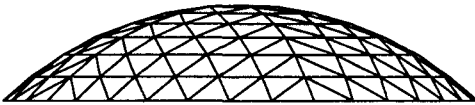
표 7. 목적형상과 패러렐 라멜라 돔의 부재길이의 비교

목적형상		패러렐 라멜라 돔	
최장 부재길이 (A)	216.30	최장 부재길이 (A)	231.67
최단 부재길이 (B)	142.72	최단 부재길이 (B)	157.56
평균 부재길이	185.36	평균 부재길이	187.91
A / B	1.51	A / B	1.46
부재길이 표준편차	16.32	부재길이 표준편차	21.29
전체 부재길이 합	71366.38	전체 부재길이 합	72345.59

또 다른 예제로 앞의 예제보다 낮은 반개각을 갖는 돔을 대상을 수치해석을 수행하였다. 돔의 반경은 1,000cm, 높이는 300cm, 그리고 도수는 5로 분할하였다. 해석결과로 얻은 목적형상은 그림 10의 (a)와 같고, 같은 제원의 패러렐 라멜라 돔의 형상은 그림 10의 (b)와 같으며, 표8에서는 두 형상의 부재길이를 비교하였다.



(a) 목적형상(r:1,000cm, h:300cm, f:5)



(b) 패러렐 라멜라 돔

그림 10. 목적형상과 같은 제원의 패러렐 라멜라 돔

표 8. 목적형상과 패러렐 라멜라 돔의 부재길이의 비교

목 적 형 상		패러렐 라멜라 돔	
최장 부재길이 (A)	314.35	최장 부재길이 (A)	310.04
최단 부재길이 (B)	199.08	최단 부재길이 (B)	211.66
평균 부재길이	251.21	평균 부재길이	254.40
A / B	1.57	A / B	1.46
부재길이 표준편차	27.48	부재길이 표준편차	28.62
전체 부재길이 합	50242.84	전체 부재길이 합	50881.82

4. 결 론

실제 사용목적에 따라 지오데식 돔의 단부를 수평하게 처리할 때 생기는 부재가 왜곡되는 단점을 보완하기 위하여 균일화 방법으로 유전알고리즘을 도입했으며 다음과 같은 결론을 얻게 되었다.

- 1) 이론적으로 왜곡된 돔의 부재길이를 동일하게 만드는 것은 불가능하나, 균일화 과정을 통해서 특정 패턴에 따라 부재 길이를 변화시켜 초기 형상의 문제점을 보완할 수 있었다.
- 2) 이러한 목적형상은 같은 제원을 갖는 패러렐 라멜라 돔의 형상과 비교하면, 한층 균일한 형상을 갖고 있으며, 부재 소모가 적어 더욱 경제적인 것을 알 수 있다.

참고 문헌

1. R. Buckminster Fuller, *A Fuller Explanation*, Van Nostrand Reinhold, 1992.
2. Anthony Pugh, *Polyhedra -a visual approach-*, University of California Press Ltd., 1976.
3. Hugh Kenner, *Geodesic Math and How to Use It*, University of California Press Ltd., 1976.
4. Pakandam, D. I. Retief and M. Ashraf, "Structural Behaviour of a Geodesic Dome", Proceedings of the IASS-MSU International Symposium, 1988, pp.505-514.
5. 김상대 외 7인 공동번역, *건축구조설계*, 영풍문고, 2000.
6. Goldberg D. E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning*, Addison-Wesley, 1989.
7. 진강규, *유전알고리즘과 그 응용*, 교우사, 2000.
8. H. Nooshin, Y. Kuroiwa and P. L. Disney, "A Genetic Method for Regularisation of Structural Configurations, 40th Anniversary Congress of the IASS, 1999, pp.F59-F70.
9. J. Francois Gabriel, *Beyond the Cube*, John Wiley & Sons, Inc., 1997.
10. 이경수, 이상주, 유용주, 한상을, "대공간구조물의 형태결정에 관한 이론 및 응용에 관한 연구", 한국전산구조공학회 봄 학술발표회 발표논문, 1998년 4월, pp.272-279.