

유전자 알고리즘을 이용한 항공기용 가스터빈 엔진에 대한 복합 결함 진단에 대한 연구

김승민* · 용민철* · 노태성** · 최동환**

A Study on Diagnostics of Complex Performance Deterioration of Aircraft Gas-Turbine Engine Using Genetic Algorithms

Seungmin Kim* · Minchul Yong* · Taeseong Roh** · Dongwhan Choi**

ABSTRACT

Genetic Algorithms(GA) which searches optimum solution using natural selection and the law of heredity has been applied to learning algorithms in order to estimate performance deterioration of the aircraft gas turbine engine. The compressor, gas generation turbine and power turbine are considered for estimation for performance deterioration of a complex component at design point was conducted. As a result of that, complex defect diagnostics has been conducted. As a result, the accuracy of diagnostics were verified with its relative error with in 10% at each component.

초 록

유전자 알고리즘은 자연선택과 유전법칙을 적용하여 최적해를 탐색하는 방법으로, 본 연구에서 항공기용 가스터빈 엔진의 결함 진단을 위한 학습 알고리즘으로 사용되었다. 성능 저하를 고려한 구성 요소는 압축기, 가스발생기 터빈, 동력 터빈이며, 설계점에서 엔진의 구성 요소에 대하여 복합 결함 진단을 수행하였다. 그 결과, 압축기, 가스발생기터빈, 동력터빈 모두 10% 이내의 오차로 예측됨을 확인하였다.

Key Words : Genetic Algorithms(유전자 알고리즘), Learning Algorithms(학습 알고리즘), Complex Defect Diagnostics(복합 결함 진단)

1. 서 론

항공기의 운용에 있어 가스터빈 엔진시스템은 운용시간이 경과함에 따라 점차 성능이 저하되

며, 예기치 않은 사고로 내부 구성품의 결함이 발생하게 된다. 성능이 저하된 엔진은 추력 저하와 높은 연료소모율을 유발하여 운용비용의 증가를 가져오게 된다. 이러한 엔진의 성능 저하는 단일요소에 의해 독립적으로 발생하는 것이 아니라 다른 요소의 성능에 영향을 받으면서 발생한다[1]. 본 연구에서는 엔진의 성능 저하 및 결

* 학생회원 인하대학교 대학원 항공공학과 석사과정

** 정회원 인하대학교 항공우주공학과

함 진단을 위해 유전자 알고리즘을 사용하여 설계점에서의 복합 구성요소에 대해서 결합 부위 예측과 함께 정량적인 결합진단을 시도하였다. 엔진의 결합진단을 위해 고려한 구성 요소는 압축기, 가스발생기터빈, 동력터빈이며, 연소기 등 그 밖의 다른 구성 요소는 성능 저하가 없다고 가정하였다.

2. 본 론

2.1 진단 시스템의 모델링

엔진의 성능 저하 예측은 구성 요소에 임의의 결함이 발생하였을 때, 대상 엔진으로부터 측정하여 얻은 온도, 압력 등의 측정변수를 이용하여 엔진 구성 요소의 성능 저하량을 예측, 엔진의 상태를 진단하게 된다[2]. 즉, 임의의 복합결합에 대한 측정변수를 이용하여, 학습단계를 거친 후, 학습되지 않은 복합결합에 대하여 결합 진단을 수행하였다. 본 연구에서는 대상 엔진을 GSP 시뮬레이션으로 구현하여 얻은 데이터를 변수로 이용하였다.

2.2 학습단계

유전자 알고리즘은 자연계의 진화과정을 모방하여 적합한 해를 탐색하는 것으로, 본 연구에서 학습 알고리즘으로 사용하였으며, 샘플테스트를 통하여 결정된 유전자 알고리즘 기법은 Table 1 과 같다.

Table 1. Techniques of EHM Algorithm

Reproduction	Crossover	Mutation
Tournament (+ Elite Preserving)	1-Point	Adaptive

재생산 기법으로 토너먼트(Tournament) 방법과 수렴성 향상을 위해 엘리트 보존 전략(Elite Preserving Strategy)을 같이 사용하였으며, 교배의 기법으로는 단일점 교배(1-Point Crossover)를 사용하였다. 또한, 무작위 탐색을 방지하여, 개체

군의 다양성을 높임과 동시에 수렴성과 정확성을 향상시키기 위해 적응형 돌연변이(Adaptive Mutation)를 사용하였다[3].

또한, 유전자 알고리즘은 미분 가능성, 연속성 등과 같은 최적화 함수의 정보를 필요로 하지 않으며, 단지 적합함수값만을 사용하므로, 복잡한 수학적 배경이 필요 없다[4]. 본 연구에서는 총 10개의 측정변수를 사용하여 Eq 1, 2, 3식과 같은 새로운 독립변수를 통해 Eq. 4과 같은 비선형 방정식을 적합함수로 사용하였다.

$$\eta_c' = \frac{\pi_c^{(\gamma_c - 1)/\gamma_c} - 1}{\tau_c - 1} \quad (1)$$

$$\eta_{gt}' = \frac{1 - \tau_{gt}}{1 - \pi_{gt}^{(\gamma_{gt} - 1)/\gamma_{gt}}} \quad (2)$$

$$\eta_{pt}' = \frac{1 - \tau_{pt}}{1 - \pi_{pt}^{(\gamma_{pt} - 1)/\gamma_{pt}}} \quad (3)$$

$$\eta_C = C_1 \cdot (\eta_c') + C_2 \cdot (\eta_{gt}')^2 + C_3 \cdot (\eta_{pt}')^3$$

$$\eta_{GT} = C_4 \cdot (\eta_c')^2 + C_5 \cdot (\eta_{gt}') + C_6 \cdot (\eta_{pt}')^3 \quad (4)$$

$$\eta_{PT} = C_7 \cdot (\eta_c')^3 + C_8 \cdot (\eta_{gt}')^3 + C_9 \cdot (\eta_{pt}')$$

한편, 1%~10% 사이의 임의의 복합결합을 가진 총 2,000 set을 학습 데이터로 사용하였다.

2.3 결합진단

본 연구에서는 2%~10% 사이의 학습되지 않은 임의의 복합결합에 대하여 결합진단을 수행하였다. 복합결합의 경우를 Table 2와 같이 결합량의 범위와 각 구성요소의 상대적 결합의 크기에 따라 총 21개의 Case로 나누어 결합진단을 수행하였다.

2~4%, 4~8%, 2~10%의 세 개의 결합범위를 각각 Case A, B, C로 나누고, 각각에 대하여 한 구성요소의 결합량이 다른 구성요소들의 결합량보다 2% 이상 더 큰 경우는 Case 1, 2, 3으로, 두 개의 구성요소의 결합량이 나머지 하나의 구성요소의 결합량보다 2% 이상 큰 경우는 4, 5, 6으

Table 2. Case of Test Data

CASE	Compressor	GG Turbine	Power Turbine
A 2~ 6%	1	Dominant	less
	2	less	Dominant
	3	less	less
	4	Dominant	Dominant
	5	less	Dominant
	6	Dominant	less
	7	Similar	Similar
B 6~ 10%	1	Dominant	less
	2	less	Dominant
	3	less	less
	4	Dominant	Dominant
	5	less	Dominant
	6	Dominant	less
	7	Similar	Similar
C 2~ 10%	1	Dominant	less
	2	less	Dominant
	3	less	less
	4	Dominant	Dominant
	5	less	Dominant
	6	Dominant	less
	7	Similar	Similar

로, 각 구성요소의 결합량의 차이가 2%이내일 경우는 Case 7로 나누었다. 즉, Case A2는 2~6%의 결합량 중 가스발생기터빈의 결합량이 압축기와 동력터빈의 결합량보다 상대적으로 큰 경우를 의미한다. 유전자 알고리즘은 설계 집단을 사용하여 확률론적인 탐색을 행하므로 같은 조건으로 계산을 수행하여도 매번 조금씩 다른 결과를 얻게 된다[5]. 따라서, 알고리즘의 신뢰성을 확인하기 위하여, 여러 번 반복하여 진단을 수행

한 후, 그 결과에 대한 최대 상대오차를 Fig. 1, 2, 3에 나타내었다.

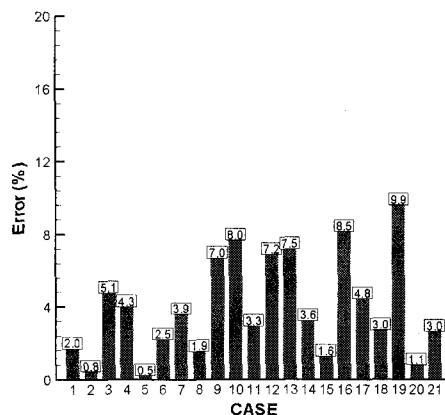


Fig. 1. Relative Error at Compressor for Each Case

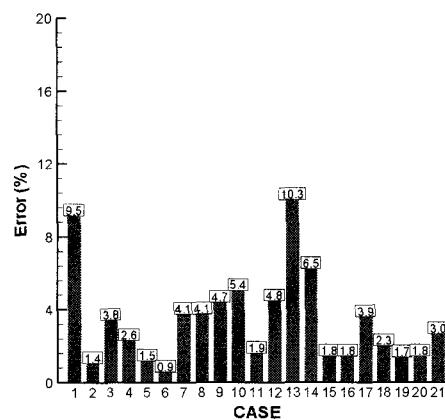


Fig. 2. Relative Error at GG Turbine for Each Case

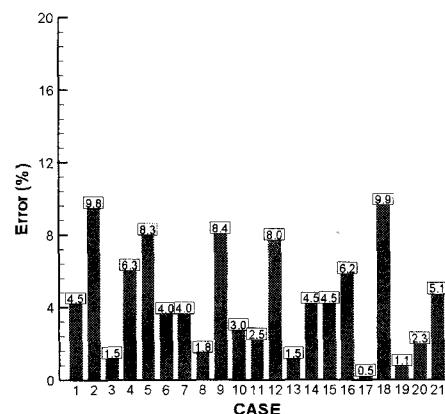


Fig. 3. Relative Error at Power Turbine for Each Case

각 Case에 대하여 압축기, 가스발생기터빈, 동력터빈 모두 10% 이내의 오차를 가짐을 확인하였다.

```
##### SENSED PARAMETER #####
TT2 : 288.1500    PT2 : 1.003117
TT3 : 582.3669    PT3 : 7.058586
TT4 : 1383.024   PT4 : 6.846828
TT5 : 1142.972   PT5 : 2.613236
TT6 : 975.2188   PT6 : 1.169850

##### DIAGNOSTICS #####
COMPRESSOR DEFECT QUANTITY <x> : 8.171738
RELATIVE ERROR <x> : 0.9486260
COMPRESSOR DEFECT QUANTITY <x> : 3.291288
RELATIVE ERROR <x> : 1.270404
COMPRESSOR DEFECT QUANTITY <x> : 8.536530
RELATIVE ERROR <x> : 2.439661
```

Fig. 4 Example for Complex Diagnostics

Figure 4는 유전자 알고리즘을 통한 복합결합진단 결과의 한 예를 보여준다. 상단에 보이는 10개의 측정변수의 값이 입력되면 알고리즘을 통해 각 구성요소의 결합량을 알 수 있게 된다. 평균 계산시간은 0.038초로 실시간 결합진단이 가능함을 확인하였다.

3. 결 론

본 연구에서는 대상 엔진의 설계점에 대하여 유전자 알고리즘을 학습 알고리즘으로 사용하여 엔진의 복합 결합진단 연구를 수행하였다. 학습

데이터는 임의의 결합량을 가진 2,000 set을 사용하였으며, 이 때, 2%~10%의 결합범위 안에서 21개의 Case로 나누어 각 구성요소의 복합결합진단을 수행하였다. 그 결과, 각 Case에 대하여 압축기, 가스발생기터빈, 동력터빈 모두 10% 이내의 오차값을 얻었다. 본 연구 결과를 토대로, 이후 유전자 알고리즘을 이용한 엔진의 탈설계점에 대한 복합 결합진단을 수행할 예정이다.

참 고 문 헌

1. 김인철, "가스터빈엔진 모듈의 성능저하 경향성 분석 및 응용에 관한 연구", 인하대학교 항공공학과 석사학위 논문, 1998
2. 박준철, "스마트무인항공기용 터보축엔진의 동적 성능과 응답성에 관한 연구", 한국추진공학회지 2005, 9권 2호, pp.17~24
3. 문병로, "유전 알고리즘", 다성출판사, 2001
4. 정석우, "진화 시스템을 위한 유전자 알고리즘 프로세서의 구현", 전기학회논문집, 53권 4호, 2004
5. Mark Juric, "Optimizing Genetic Algorithm Parameters for Multiple Fault Diagnosis Applications", Artificial Intelligence Programs, 1994