

# 유전자 알고리즘을 이용한 최적 파라미터 수준 결정에 관한 연구

## (A Study on the Determination of Optimum Parameter Level using Genetic Algorithms)

김 용 범\*, 김 우 열\*\*

### Abstract

Due to the various requests from consumers and rapidly changing market, the product design is continuously changing and the new products are manufactured in various forms.

To satisfy this condition, companies must make the product design robust with better quality. However, considering many parameters and increasing the level of each parameter in product design can lead us to a difficult situation.

In order to solve this problem, this paper attempts to develop an algorithm that takes into account more parameters and increased level of parameters using Genetic Algorithms. As a result of this study, we can use this algorithm for designing the parameters of new product since it can search the level of parameters in more detail and wider range.

---

\* 명지대학교 산업기술연구소 책임연구원

\*\* 동신대학교 산업공학과 교수

# 1. 서 론

전통적인 품질관리 기법은 생산라인에서 On-line 품질관리기법으로 불량품 방지에는 효과적이지만 품질의 변동이 주요 관심의 대상이므로 제품 전체의 품질을 개선하는데는 한계가 있다. 이러한 품질관리기법의 단점을 보완하기 위한 Off-line 품질관리기법은 제품의 수준, 사용방법, 환경조건 등 여러 요인들의 영향을 받아 생기는 변동을 최소화시키는 것으로 품질의 변동을 통제하는 것보다는 잡음(noise)의 영향에 둔감하도록 설계하는 것이다. 따라서 소비자의 다양한 요구사항, 빠른 변화와 잡음의 영향에 둔감한 제품을 생산하기 위하여 파라미터 설계를 한다. 즉 품질특성치에 영향을 미치지 않는 인자의 최적수준을 구해야 한다. 파라미터 설계시 인자를 2수준, 3수준 및 4수준으로 실험을 하여 최적인자수준을 구할 수 있다. 그러나 그 수준보다 더 좋은 수준이 존재할 수 있기 때문에 때로는 수준을 증가시킬 필요가 있다. 그러나 실제로 수준수의 증가는 실험횟수의 증가와 계산과정의 복잡성으로 인하여 계속적으로 수준수를 증가시킬 수 없으므로 인자의 최적수준을 찾기 어렵게 된다. 이러한 문제점을 해결하기 위하여 본 연구에서는 유전자 알고리즘(Genetic Algorithms:GAs)의 염색체 표현방식을 도입하여 하나의 개체에 각각의 인자들을 배치하고, 인자의 수준수를 증가시켜 수준간의 간격을 작게함으로써 최적의 수준값을 구하는데에 있다.

또한 전자기기부품에는 편축스프링의 일부를 일정량 변형시켰을 때 얻어지는 힘(Stiffness)을 사용하는 사례가 많다. 따라서 편축스프링의 지지스

프링 각 부분의 치수를 어떻게 설정하여 주는 것이 목표치에 가깝게 되고 각 부분의 차이(부품간의 잡음)로 인하여 발생하는 특성치의 변동이 가장 작게 되는가를 고찰하고자 한다. 이를 위해 편축스프링의 재료와 편축스프링의 지지스프링 각 부분을 인자로 설정하여 각 인자들을 유전인자로 변형시키고 유전자 알고리즘을 적용한 파라미터 설계 프로그램을 개발하여 인자의 수준을 증가시켜 각 수준간의 차이를 작게함으로써 더 좋은 최적의 수준들을 찾는 방법을 연구하고자 한다.

## 2. 파라미터의 설계

일반적으로 품질이란 “사용하기에 적합함” 또는 “요구조건과의 일치성”등을 의미하기도 한다. 이와 같은 정의에서 제품에 대한 규격의 일치여부에 관련된 불량률을 개선하여 품질문제를 해결할 수 있다. 그러나 소비자의 측면에서 보면 규격에 일치한다고 모두 같은 품질이라고 볼 수 없다. 즉 동일한 제품이라도 제품간에는 다른 품질이 존재가능하다는 것이다. 이것은 제품의 목표특성치에서의 변동은 손실이 발생된다는 정의하에 손실함수를 사용하여 손실의 개념을 정량화한 것이다. 따라서 여기서는 다꾸지의 품질관리의 개념을 유전자 알고리즘에 도입하는 과정에서 나타나는 사항들을 고려하고자 한다.

### 2.1 파라미터 수준의 결정

파라미터 설계는 품질특성이 잡음에 둔감하도록 인자의 최적조건을 찾는 것이다. 이를 위해

품질특성치의 산포를 줄이고 특성치의 평균이 목표치에 접근할 수 있도록 설계가 이루어져야 한다. 최적의 조건을 찾은 후에도 만족할 만한 상태가 아니라면 허용차 실계를 통하여 품질특성에 영향이 큰 인자를 더 작은 인자로 교체하여 허용차를 줄인다. 일반적으로 제품의 품질특성치는 제어인자와 잡음인자를 함수식으로 나타낼 수 없거나 복잡한 선형함수식으로 나타내기 때문에 잡음인자의 변동이 아주 작다고 하더라도 다른 제어인자의 조건에서는 아주 큰 변동이 생길 수 있으므로 목표치의 근처에서 품질특성치가 잡음인자에 둔감하고 변동이 작은 제어인자의 조건을 찾는 것이다. 품질특성치에 대한 잡음인자의 영향을 파악하기 위한 방법으로는 첫째로 잡음(noise)을 제어하지 않은 상태에서 반복관측하는 것이고, 둘째로 잡음인자의 수준을 정하여 이들 수준의 조합에서 품질특성치를 관측하는 것으로 두 번째의 경우는 잡음의 영향이 특성치의 값(y)에 반영되게 함으로써 잡음에 대한 영향이 둔감한 제어인자의 수준을 찾는 것이다.

## 2.2 파라미터 수준의 염색체 표현 방식

다꾸지 방법에서 파라미터 설계와 허용차 실계를 할 경우 직교배열표를 사용하여 인자의 수준을 배치하게 된다. 인자의 수준수는 거의 3수준이나 4수준을 사용하며 8수준이나 16수준 이상은 사용하기 매우 어렵다. 따라서 인자를 염색체로 표현하여 인자의 수준수를 4수준 이상으로 나타내는 유전자 알고리즘을 적용한 방법을 제시하고자 한다. 유전자 알고리즘을 이용하여 인자수준을 표시

할 때는 염색체(chromosome)내의 유전인자(gene)들을 이용한다. 인자의 수준수가 2수준인 경우에는 하나의 비트인 0, 1로 인자의 수준을 나타내며, 수준수가 4수준인 경우는 두 개의 비트인 (0, 0), (0, 1), (1, 0), (1, 1)로 인자의 수준을 나타낸다. 만약 다섯 개의 비트의 조합으로 표시하면, 최대 32수준까지 표시할 수 있다. 예를 들어, 다섯 개의 인자 A, B, C, D, E가 있고 A인자가 8수준, B인자가 4수준, C인자가 4수준, D인자가 4수준, E인자가 8수준일 경우 각 인자의 수준은 다음과 같이 표현된다.

$$A = (a \times 2^2) + (b \times 2^1) + (c \times 2^0)$$

$$0 \quad 0 \quad 0 : A_1$$

$$0 \quad 0 \quad 1 : A_2$$

.....

$$1 \quad 1 \quad 1 : A_8$$

$$B = (d \times 2^1) + (e \times 2^0)$$

$$0 \quad 0 : B_1$$

$$0 \quad 1 : B_2$$

$$1 \quad 0 : B_3$$

$$1 \quad 1 : B_4$$

위와 같은 방식으로 C, D, E인자도 표현가능해진다. 인자들의 조합을 하나의 개체로 표현하려면 각 인자는 유전인자들을 조합하여 염색체로 표현하는 것이므로 표현된 유전인자의 총수만큼 유전인자가 필요하게 된다. 위에서 인자를 조합해보면, 한 개체의 유전인자수는 12개로 이것은 A,

B, C, D, E 인자의 수준 모두가 표현가능하게 된다. 따라서 인자들의 수준조합이  $A_2B_2C_2D_3E_2$ 와 같다면,  $A_2$  인자는 001,  $B_2$  인자는 01,  $C_2$  인자는 01,  $D_3$  인자는 10,  $E_2$  인자는 001로 표현되어 이것을 조합하면  $A_2B_2C_2D_3E_2 \rightarrow 001010110001$ 과 같이 되어 하나의 개체에 인자의 수준들이 표현된다.

### 3. 유전자 알고리즘의 적용

유전자 알고리즘은 자연의 선택과 유전 메커니즘에 입각한 통계적 탐색기법으로 자연의 본능적 탐색기법인 적자생존(Survival of fitness)의 원칙으로 랜덤화된 정보가 미리 정의된 염색체의 구조를 표현한 형태로 변환시킨 탐색기법이다. 대상 문제에 유전자 알고리즘을 적용시키기 위해서는 다음과 같은 3가지의 유전연산자와 문제의 특성에 맞는 스트링 구조가 필요하다. 예를 들면, 개체들을 스트링 구조로 표현하고 해독하는 Encoding & Decoding, 개체들의 적합도를 측정하는 평가함수(Evaluation Function), 최적의 매개변수의 집합 등의 준비가 필요하다.

#### 선택(Selection)

선택기법은 적합도(Fitness)에 따라 선택된 조상(Parents)을 재배치하는 것이다.  $i+1$  번째 세대(Generation)의 개체군(Population)은  $i$  번째 개체군에서 각 개체들의 상대적인 적합도를 기준으로 적합도가 낮은 개체들은 도태시키고 적합도가 큰

개체들은 새로운 개체군(Population)을 형성시키는 것으로 알고리즘의 적용방식은 다음과 같다.

[단계 1.] 초기 개체군을 랜덤하게 생성한다.

[단계 2.] 개체군에서 존재하는 각 스트링의 수행비율을 계산한다.

[단계 3.] 각 스트링의 선택확률을 계산한다.

[단계 4.] 선택확률 분포에 의해  $N$  번째 개체군으로부터 선택된 개체들에 의해  $N+1$  번째 개체군을 생성하고 유전 연산자를 적용한다. 단계 2로 간다.

#### 교차(Crossover)

기존의 유전자 알고리즘에서는 하나의 유전인자가 유전적인 정보를 가지고 평가함수에 영향을 미치게 된다. 따라서 여기서는 가능한 유전적 정보의 손실을 적게하는 교차점(Crossover Point) 방식 즉 랜덤하게 두지점(Site)을 선정하는 2-Point 교차를 적용한다. 이때 교차된 지점이 유전인자들의 조합으로 이루어진 인자들을 표현한 부분이 되면, 교차가 이루어진 부분의 인자는 유전적인 정보를 상실하게 된다. 예를 들면,  $A_3B_2C_8D_7E_5$ 와  $A_2B_2C_2D_3E_2$ 를 상기의 유전자 표현방식으로 바꾸면 10 0001 0111 110 100과 01 0001 0001 010 001 이 되어 두 개체를 교차시키면 다음과 같다.

10 0001 0111 1110 100 → 10 0001 0101 010 100

↓

01 0001 0010 0110 001 → 01 0001 0011 110 001

교차연산자를 적용하기 전의 C인자를 보면 8수준과 2수준에서 교차후 6수준과 4수준으로 유전정보가 바뀌어지게 되어 다음세대로 유전적인 정보를 전달할 수 없게 된다. 따라서 본 연구에서는 교차시에 유전인자들을 조합으로 표현하여 각 인자들의 유전정보를 가지게 함으로써 기존의 유전자 알고리즘과는 달리 인자를 나타내는 유전인자의 조합을 이룬 부분에 한해서는 교차점이 선정되지 않게 한다. 전 세대에 걸쳐 개체들의 유전정보를 교차연산자 적용시에 상실하지 않게 함으로써 다음 세대에 유전정보를 계속 전달하게 한다.

#### 돌연변이(Mutation)

본 연구에서는 돌연변이 연산자를 기존의 유전자 알고리즘방식으로 적용한다. 돌연변이 연산자를 적용시킴으로써 첫번째 세대의 개체들에서 선정되지 않은 인자의 수준수를 발생시킬 수 있게 한다. 예를 들면, D인자의 최적값이 2수준이라면 첫번째의 세대에서 D인자가 1, 4, 5, 6, 8수준만 선정되고 2, 3, 7수준은 선정되지 않는다. 따라서 교차연산자로만 선정되어진 이외의 수준은 발생되지 않으므로 D인자의 2수준을 가질 수 없게 되어 돌연변이 연산자로 하여금 제외된 수준수를 선정하여 보다 좋은 값을 탐색 가능하게 한다.

#### 평가함수(Evaluation Function)

적용된 평가함수는 파라미터 설계시 잡음에 대한 분산을 줄이는 것과 동시에 품질특성치를 목표치에 접근시키게 하는 것으로 평가함수를 만들 때 목표치와 분산을 고려해야 한다. 예를 들면, 목표치에 근접하기 위해서는  $(m - \bar{y})^2$ 의 값이 0에 가까우면 가까울수록 좋으며, 분산이 작은 것을 고려하기 위하여 식 (1)과 같이 Z값이 작은 값을 찾는다.

$$Z = k(m - \bar{y})^2 + s^2 \quad (1)$$

그러나 식(1)을 유전자 알고리즘에 적용하기 위해서는 유전자 알고리즘의 최대화 특성 때문에 식(2)와 같이 변형하여야만 한다.

$$P = Z_{\max} - (k(m - \bar{y})^2 + s^2) \quad (2)$$

식 (2) 를 이용하여 유전자 알고리즘의 절차를 수행한다.

## 4. 모형의 연구

본 연구는 파라미터 설계시 스프링의 변형에 관한 이론식을 바탕으로 한 것으로 전자기기부품에서 편축스프링의 일부를 일정량 변형시에 나오

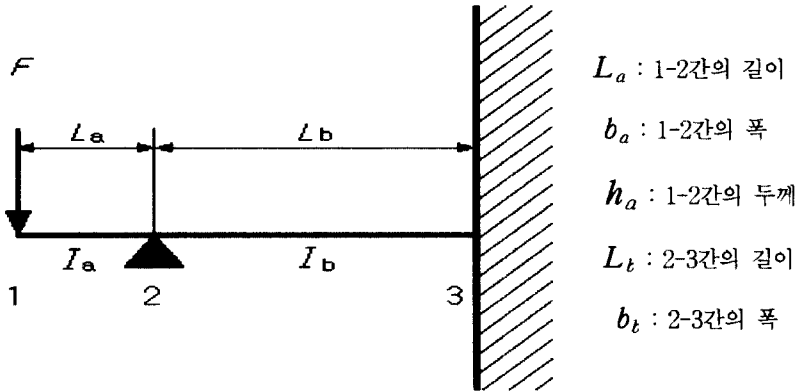
는 힘, 즉 스티프니스의 최적 조건을 구하고자 한다. [그림 1]과 같이 스프링의 중간에 지지된 편측스프링에 힘이 가해졌을 때 스티프니스의 규격(4.0gf/mm±20%)를 유지할 수 있게 제어인자의 잡음을 인위적으로 부여하여 잡음에 둔감하고 목표치에 근접한 조건을 찾는 것이다. 최적조건은 스티프니스를 목표값(4.0gf/mm)으로 하는 망목특성으로 하고 각 부분의 잡음(산포)에 대한 스티프니스의 잡음을 최소화 시키고자 하는 것이다. [그림 1]에서 1-2간의 1차 모멘트  $I_a$ 는 식(3)과 같고, 2-3간의 2차모멘트  $I_b$ 는 식(4)와 같다. 한편, [그림 1]의 좌측 첨단 1에 힘  $F$ 를 가했을 때 스티프니스를 구하면 식(5)와 같다.

$$I_a = \frac{b_a h_a^3}{12} \quad (3)$$

$$I_b = \frac{b_b h_b^3}{12} \quad (4)$$

$$s = \frac{12EI_a L_a I_b}{L_a^3 L_b I_a} \quad (5)$$

$$3 + 4 \frac{L_a I_b}{L_b I_a}$$



[그림 1] 편측 스프링

여기서 식(5)의 E는 스프링 재료의 영율이다. 식(2), 식(3) 및 식(4)에 의하여 스프링의 스티프니스에 대한 최적인 조건을 구하게 된다. 본 연구에서는 인자들의 수준을 증가시켜 보다 좋은 조건을 찾는 것이므로 기존의 다푸지 방법을 적용한 대상 문제에서는 인자의 수준수를 3수준으로 하였으나 보다 넓은 범위에서 인자들의 최적수준을 찾기 위해서는 각 인자의 수준수를 8수준이나 16수준으로 하여야 한다. 따라서 각 내측인자의 수준은 대상

문제의 범위를 약 20%까지 넓게 하고 간격을 더 좁게 하면 [표 1]과 같으며, 외측인자의 수준은 [표 2]와 같이 된다.

또한 하나의 개체에 잠음인자를 넣어 18회를 계산하기 위한 수준배치는 [표 3]과 같다. 예를 들어,  $A_2B_3C_8D_5E_{11}F_6$ 을 갖는 개체를 [표 3]의 수준으로 계산한다. 본 연구의 계산과정에서 첫번째 A 인자의 2 수준은  $1.2 \times 10^7$ 이 된다. 이 A 인자의

인자		A	B	C	D	E	F
수 준	1	$2.0 \times 10^7$	9	0.9	18	9	18
	2	$1.2 \times 10^7$	9.5	0.95	20	9.5	20
	3		10	1.0	22	10	22
	4	$1.35 \times 10^7$	10.5	1.05	24	10.5	24
	5		11.5	1.1	26	11.5	26
	6		12.	1.15	28	12.	28
	7		12.5	1.2	30	12.5	30
	8		13	1.25	32	13	32
	9		13.5	1.35		13.5	
	10		14	1.4		14	
	11		14.5	1.45		14.5	
	12		15	1.5		15	
	13		15.5	1.55		15.5	
	14		16	1.6		16	
	15		16.5	1.65		16.5	
	16		17	1.7		17	

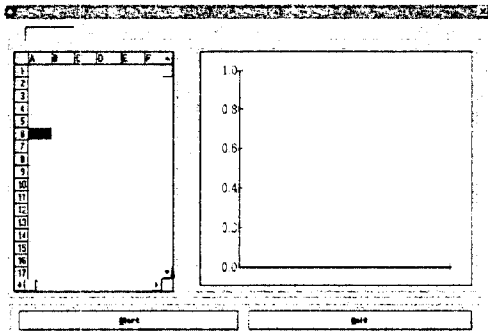
[표 1] 스티프니스의 제어인자 수준값

인자		A	B	C	D	E	F
수준간격		$\Delta E$	$\Delta b_a$	$\Delta h_a$	$\Delta L_a$	$\Delta b_t$	$\Delta L_t$
수 준	1	-10%	-5%	-10%	-10%	-5%	-10%
	2	0	0	0	0	0	0
	3	+10%	+5%	+10%	+10%	+5%	+10%

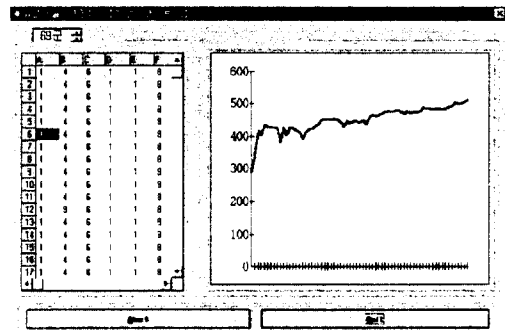
[표 2] 스티프니스의 잠음인자 수준값

계산 횟수	A	B	C	D	E	F	결과치
1	1	1	1	1	1	1	$y_1$
2	1	2	2	2	2	2	$y_2$
3	1	3	3	3	3	3	$y_3$
4	2	1	1	2	2	3	$y_4$
5	2	2	2	3	3	1	$y_5$
6	2	3	3	1	1	2	$y_6$
7	3	1	2	1	3	2	$y_7$
8	3	2	3	2	1	3	$y_8$
9	3	3	1	3	2	1	$y_9$
10	1	1	3	3	2	2	$y_{10}$
11	1	2	1	1	3	3	$y_{11}$
12	1	3	2	2	1	1	$y_{12}$
13	2	1	2	3	1	3	$y_{13}$
14	2	2	3	1	2	1	$y_{14}$
15	2	3	1	2	3	2	$y_{15}$
16	3	1	3	2	3	1	$y_{16}$
17	3	2	1	3	1	2	$y_{17}$
18	3	3	2	1	2	3	$y_{18}$

[표 3] 잡음 인자의 수준 배치



[그림 2] 프로그램 시작 화면



[그림 3] 프로그램 결과 화면



수준값을 [표 3]에서 제시된 첫번째의 계산이 A 인자 1 수준이므로 [표 2]에서 A인자의 1 수준을 찾으면 -10% 이고, 그때 A의 2 수준이  $1.2 \times 10^7$ 보다 10% 적은  $1.08 \times 10^7$ 으로 계산된다. B인자는 3수준이므로 10이 선정되고 [표 3]에서 첫 번째의 계산이 B인자 1수준이므로 [표 2]에서 B인자의 1수준을 찾으면 -5%이므로 B인자의 3수준이 10보다 5%적은 9.5로 계산된다. C, D, E, F인자도 8수준, 5수준, 11수준 및 6수준으로 선정한 후 A, B인자와 같이 [표 2]와 [표 3]을 가지고 수준값을 변환시켜 가며 계산한다. 이와 같은 방법으로 하나의 개체를 [표 3]의 인자수준별로 18회의 잡음인자를 포함시켜 계산하고, 2회의 결과를 이용하여 식(6), 식(7)와 같이  $\bar{y}$ 와 분산  $s_i^2$ 를 구한다. 이와 같은 18회의 결과에 대한 모의실험결과를 [그림 2]와 [그림 3]에 나타내었다.

$$\bar{y}_i = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n y_{ij} \quad (6)$$

$$s_i^2 = \frac{1}{(n-1)} \sum_{j=1}^n (y_{ij} - \bar{y}_i)^2 \quad (7)$$

한 개체의  $\bar{y}$ ,  $s_i^2$ 를 사용하여 평가함수는 식(8)과 같이 계산된다. 한편, 본 연구에서는 유전자 알고리즘의 특성상 평가함수의 최소화문제를 최대화 문제로 변형시켜 알고리즘을 적용한다.

$$P = 26 - 1 \times [(4 - \bar{y})^2 + S^2] \quad (8)$$

또한 인자들을 염색체로 표현하기 위해 유전인자들을 조합하여 하나의 개체를 구성하여야 한다. 모든 인자의 수준을 표현하기 위해서는 A인자 2, B인자 4, C인자 4, D인자 3, E인자 4개 그리고 F인자 3개가 필요하다. 따라서 한 개체는 20개의 유전인자들로 구성된다.

예를들면,  $A_2B_3C_8D_5E_{11}F_6$  이 선택되었을 경우, 이것을 하나의 개체로 표현하면 10 0010 0111 100 1010 101이 된다. 다음 단계로 교차확률을 65%로 하여 교차연산자를 적용한다. 교차 연산자를 적용하기 위해 [0, 1]사이에 20개의 난수를 발생시켜 난수가 0.65보다 적은 개체들만 교차연산자를 적용한다. 이 과정에서 선정된 개체들이 홀수라면 개체 중에 하나를 랜덤하게 소거하고 교차연산자를 적용한다. 대상문제의 유전적인 정보를 유지하기 위하여 교차점에 제한을 둔다. 만약 다음과 같이 7개의 교차점을 두면 범위 [1, 7]에서 난수로 선정된 교차지점에 의하여 개체들을 교차시킨다.

	10		0010		0111		100		1010		101	
1	2	3	4	5	6	7						

여기서 세대수가 20이고 유전인자의 수가 20개이므로 400개의 난수를 생성시켜 0.001보다 적은 비트에 돌연변이 연산자를 적용하여 0.001보다 적은 비트는 0일 경우에는 1로, 1은 0으로 교환한다. 이때 돌연변이 연산자가 적용된 부분의 인자수준은 바꾸어 진다. 식(2)에 의하여 각 개체에 대한 평가함수의 총합으로 각 개체의 평가함수값을 나누어주면 각 개체의 생존 확률이 구해지고 그확률을

누적확률로 나타낸다. 다음세대의 개체를 선택하기 위해 [0, 1]에서 난수 20개를 발생시켜 누적확률의 사이값의 개체를 선택 하면 20개의 개체가 새롭게 만들어 진다. 이때 만약, 식(9)와 같이 현재대의 총합과 전세대의 총합의 차이가 전세대의 총합으로 나눈 비율이 1%를 넘지 않으면 알고리즘을 종결한다.

$$g = \left( \left| \frac{G_n - G_{n-1}}{G_{n-1}} \right| \right) \times 100 \quad (9)$$

## 5. 실험의 결과 및 분석

본 연구의 실험은 IBM PC 586 Pentium 133MHz로 수행하였으며, Visual Basic 4.0으로 프로그래밍하였다. 또한 인자수준을 증가시켜 더 좋은 최적조건을 찾기 위하여, 유전자 알고리즘을 이용하여 인자수준을 3수준으로 한 실험결과와 인자수준을 증가시킨 실험결과를 비교 분석 하였다.

실험횟수	인 자						평가함수 값	$\bar{y}$	$s^2$
	A	B	C	D	E	F			
1	1	2	2	2	3	1	25.973	3.9827	0.023631
2	1	2	3	3	3	1	25.928	3.9301	0.022847
3	1	3	2	2	3	2	25.837	3.6865	0.019182
4	1	2	2	2	3	1	25.973	3.9827	0.023631
5	2	3	2	1	1	2	25.979	3.9972	0.020155
6	2	3	3	2	2	2	25.946	3.9424	0.020620
7	2	2	2	1	3	2	25.956	3.9530	0.021371
8	2	2	2	1	2	2	25.973	4.0214	0.022305

[표 4] 선정된 인자의 수준(3수준시)

실험횟수	인 자						평가함수 값	$\bar{y}$	$s^2$
	A	B	C	D	E	F			
1	1	15	7	4	15	2	25.975	3.9798	0.020824
2	2	6	6	1	9	2	25.974	3.9872	0.021927
3	3	14	15	5	4	8	25.980	4.0008	0.019300
4	3	7	12	4	7	3	25.936	4.0636	0.023183
5	2	5	9	2	10	4	25.974	4.0177	0.022368
6	1	13	7	4	4	1	25.978	3.9994	0.021745
7	2	12	10	2	2	6	25.981	3.9951	0.018518
8	1	12	8	3	3	8	25.981	4.0025	0.018645

[표 5] 선정된 인자의 수준(수준 증가시)

인 자											
A		B		C		D		E		F	
수준	수준값	수준	수준값	수준	수준값	수준	수준값	수준	수준값	수준	수준값
1	$2.0 \times 10^7$	12	14.5	8	1.25	3	22	3	10	8	32
2	$1.2 \times 10^7$	12	14.5	10	1.35	2	20	2	9.5	6	28
3	$1.35 \times 10^7$	14	15.5	15	1.6	5	26	4	10.5	8	32

[표 6] 최적 인자 수준과 수준값

인자의 수준을 3 수준으로 실험 하였을 경우 선정된 인자의 수준은 [표 4]에 제시하였다. [표 4]에서 평가함수값이 가장 좋은 다섯 번째의 경우 평가함수값이 25.979로 목표치 4에 0.0028 정도 차이가 나며 잡음에 대한 분산은 0.020155가 되어 목표치에 근접하게 됨을 알 수 있다. 모의실험을 위하여 선정된 인자수준은 [표 5]와 같다.

인자수준을 증가시킨 결과에서 평가함수값이 가장 좋은 일곱번째와 여덟번째 결과를 살펴보면 평가함수값이 25.981로 목표치 4에 0.0049와 0.0025의 차이가 나며 잡음에 대한 분산은 0.018518과 0.018645가 되어 인자수준을 3수준으로 할 때보다 인자수준을 증가시킨 값이 목표치에 더욱 근접하고, 잡음에 대한 분산이 더욱 작은 값으로 선정된다는 것을 알 수 있다. 따라서 실험결과 인자수준을 증가시키는 것이 더욱 좋은 값이 되므로 인자수준을 증가시킬수록 목표치에 더욱 근접하게 된다.

## 6. 결 론

본 연구에서는 파라미터 설계시 유전자 알고리즘

을 적용한 실험으로 인자수준을 증가시켜 기존의 인자수준보다 더욱 좋은 인자수준을 찾는 연구를 수행하였다. 기존의 다꾸지 방법에서 파라미터 설계시 인자수준을 8수준 이상으로 증가시켜 설계를 하는 것은 계산시간과 인자의 배치문제에 많은 어려움이 존재함으로 하나의 인자수준을 2수준이나 3수준으로 설계한다. 그러나 본 연구에서는 대상문제에 유전자 알고리즘을 적용하여 기존의 다꾸지 방법으로 해결하기 어려운 인자 수준을 증가시켜 더욱 좋은 인자의 최적 수준을 찾을 수 있었다. 최적조건이 수준들 사이에 있다면 인자의 수준이 증가됨으로써 최적조건에 더 가까운 수준들이 선정되어 더욱 좋은 조건을 찾을 수 있게 된다.

## 참고 문헌

- [1] Krottmaier, J. *Optimizing Engineering Design* pp. 142 - 164 , McGraw-Hill International Edition , 1995
- [2] Phillip J. R. *Taguchi Techniques for Quality Engineering* , pp. 2 - 21, McGraw-Hill International Edition, 1989

- [3] Koza J. R. *Genetic Programming*, pp. 419-428, The MIT Press, 1993
- [4] Bauer R. J. *Genetic Algorithms and Investment Strategies*, pp. 55-71, John Wiley & Sons Inc, 1994
- [5] Phadke M. S. *Quality Engineering using Robust Design*, Prentice Hall, pp. 13-40, 1989
- [6] Taguchi G. & Elsayed E. A. & Hsiang T. *Quality Engineering in Production Systems*, p. 11-45, McGraw-Hill International Edition, 1989
- [7] 겐이치. 품질공학강좌(5) 품질공학사례집, pp. 77-96, 한국 표준 협회, 1991
- [8] Mahav S. P. 김 성호외 5명, 강건 설계를 이용한 품질공학, 민영사, 1992
- [9] 김용범. 유전자 알고리즘의 수렴현상에 관한 연구, 1995