

# 유전자 알고리즘을 이용한 트러스/보 구조물의 기하학적 치수 및 토폴로지 최적설계에 관한 연구

박종권\*, 성활경\*\*

## A Study on the Optimal Sizing and Topology Design for Truss/Beam Structures Using a Genetic Algorithm

Jong-Kweon Park\*, Hwal-Gyeong Seong\*\*

### ABSTRACT

A genetic algorithm(GA) is a stochastic direct search strategy that mimics the process of genetic evolution. The GA applied herein works on a population of structural designs at any one time, and uses a structured information exchange based on the principles of natural selection and survival of the fittest to recombine the most desirable features of the designs over a sequence of generations until the process converges to a "maximum fitness" design. Principles of genetics are adapted into a search procedure for structural optimization. The methods consist of three genetics operations mainly named selection, crossover and mutation. In this study, a method of finding the optimum topology of truss/beam structure is proposed by using the GA. In order to use GA in the optimum topology problem, chromosomes to FEM elements are assigned, and a penalty function is used to include constraints into fitness function. The results show that the GA has the potential to be an effective tool for the optimal design of structures accounting for sizing, geometrical and topological variables.

**Key Words** : Genetic Algorithm(유전자 알고리즘), FEM(유한요소법), Reproduction(재생), Crossover(교배), Chromosome Length(염색체 길이), Population Size(모집단크기), Mutation(돌연변이), Optimum Topology Design(최적 토폴로지설계), Penalty Function(벌칙함수), Fitness Function(적합도 함수)

### 1. 서론

본 연구는 생물진화의 원리에서 착상된 유전자 알고리즘(GA:Genetic Algorithm)을 공학적인 측면으로 응용하여 Truss/Beam 구조물에 대한 최적Topology를 구하

는 것을 주요 내용으로 하였다. 일반적으로 최적화 문제의 해법에 있어서는 종래부터 행해지고 있는 1st 또는 2nd Order Method<sup>(1)</sup>가 있으며 이는 1개의 벡터를 가지고 최적해로 접근(Approach)하는 방법이므로 설계민감도 해석<sup>(2)(3)(4)</sup> 등 고차원적인 수학적 사고가 요구되나 유전적

\* 한국기계연구원 공작기계그룹

\*\* 국립 창원대학교 기계공학과

알고리즘<sup>(5)</sup>은 1975년 Holland에 의해 처음 소개된 이후 수학, 의학 및 생물학 등 여러분야에 사용되어 온 것으로서 최적화 문제로 적용함에 있어서는 Zero-order Method에 해당되므로 유한개의 유전자 개체(벡터)를 가지고 접근(Approach)하는 방법이 되기 때문에 설계민감도 해석 등의 수학적 사고에 대한 기술이 요구되지 않는 장점을 갖는다. 특히 유전자 알고리즘은 목적함수의 설계변수를 생물 염색체의 개체로 보고 이를 우량한 개체로 진화시켜 최적인해(解)를 얻고자 하는 것으로서 진화의 과정에는 번식(Reproduction), 교차(Crossover), 돌연변이(Mutation) 등의 유전 연산자(Operator)가 이용된다<sup>(5)(6)</sup>. 여기서 유전자 염색체의 표현을 정하는 문제를 Encoding이라 하며 표현과 연산자(Operator)는 동일한 관계를 갖는다.

따라서 본 연구는 기체구조물에 대하여 최적설계를 수행하기 위한 목적함수를 유전자/염색체로 표현하는 방식의 정의와 함께 최적화 하는 유전자 알고리즘을 제시한 후 수치계산의 예로서 Truss/Beam 구조물에 적용하여 최적의 기하학적 치수 및 Topology설계를 하고 이를 통해 공학설계 분야에 있어서의 유전자 알고리즘에 대한 유효성을 검토하였다. 이 과정에서 제안된 유전자 알고리즘은 UNIX환경에서 C-Shell로 프로그래밍하여 구현되었으며, 입력자료로 사용된 Truss/Beam 구조물의 역학적 특성은 상용 유한요소 코드인 Ansys5.0에 의해 해석된 결과가 활용되었다.

## 2. 유전자 알고리즘과 최적설계

### 2.1. 유전자 알고리즘의 기본개념<sup>(5)</sup>

유전자 알고리즘은 생물 진화의 원리에서 착상된 확률 탐색기법의 일종으로서 적자 생존의 유전법칙에 근거를 둔 유연한 알고리즘으로 기체구조물에 대한 최적설계 문제에 있어서는 설계민감도 등 복잡한 수학적 계산방법을 필요로 하지 않는 효율적인 알고리즘이다. 즉 유전자 알고리즘의 최적화 과정에 대한 이론적 기본개념을 순서에 따라 요약하면 다음과 같다.

Step1 : m개의 염색체(Chromosome) 개체로 된 초기(시간, t=0)의 생물학적 유전자 집단 P<sub>0</sub>를 만든다.(初期化)

$$P_t = \{ C_1, C_2, C_3, \dots, C_m \} T.$$

Step2 : 유전자 집단 Pt중에서 임의의 염색체 2쌍을 선택하여 상호 교차에 의한 새로운 염색체의 개체를 만들고 이를 P<sub>t</sub>에 조합한다.(交叉)

$$P_t = \{ C_1, C_2, C_3, \dots, C_m, C_m+1, \dots, C_m+k \} T.$$

Step3 : 유전자 집단Pt의 각 개체중 확률적인 수단에 의해 일부의 유전자를 임의의 염색체 요소로 치환한다.(突然變異)

Step4 : P<sub>t</sub>의 각 개체(C<sub>i</sub>)에 대한 적합도f(C<sub>i</sub>)를 계산하여 평균 적합도(Fitness Evaluation)를 고려 하고 여기에 각 개체의 선택 확률을 결정해서 이를 기초로 m개의 개체를 선택하여 다음 세대의 유전자 집단 P<sub>t+1</sub>(t=t+1) 만든다.(繁殖) 특히 유전자의 표현에 있어서 1개의 유전자와 1개의 해(解)사이에는 1대1 대응이어야 하고 교차에 의한 치사 유전자의 생성은 억제되면서 생성된 인자는 양친(兩親)의 형질이 계승되도록 하여야 한다. 이 경우의 알고리즘에 있어서 연산자(Operator)인 교차(Crossover)는 4가지의 종류로 분류된다. 즉

- 1점 교차(1-PointCrossover) : 염색체(Chromosome)상에 미리 지정된 1개소에서만이 교차가 이루어지는 것.
- 다점 교차(Multi-Point Crossover) : 염색체(Chromosome)상에 미리 지정된 복수 개소에서 교차가 이루어지는 것.
- 분할 교차(Segmented Crossover) : 염색체상의 임의의 여러개소에서 교차가 이루어지는 것.
- 혼합 교차(Blended Crossover) : 염색체가 연속적인 값을 취할때 양친(兩親)의 중간 값을 인자로 계승받는 것.

이상의 과정을 요약하면 Fig. 1과 같다.

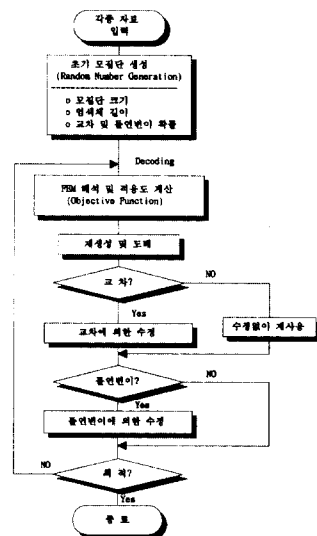


Fig. 1 Flow chart of genetic algorithm

2.2. 최적설계 문제의 적용

일반적으로 기하학적 치수 및 Topology설계의 최적화 문제에 대한 정식화는 다음과 같이 표현된다<sup>(1)</sup>.

$$\text{Minimize } C = f(x, y, z) \quad (1a)$$

$$\text{Subject to } g_r(x, y, z) \leq \bar{g}_r, \quad (r = 1, 2, \dots, n) \quad (1b)$$

식(1a)는 비용, 무게 등을 나타내는 목적함수이고, 식(1b)는 변위, 응력 등의 제한조건을 나타내는  $n$ 개의 식이 되며, 이중에  $x, y, z$ 는 각각 치수변수(Sizing variables)와 기하학적 변수(Geometrical variables) 및 토폴로지 변수(Topological variables)를 나타낸다. 여기에 유전자 알고리즘을 적용함에 있어서는 아래의 과정이 필요하다<sup>(7)(8)</sup>.

(1) 설계변수의 적용 : 유전자 알고리즘을 이용한 최적설계에서 우선적으로 수행되어야 할 사항은 유전자 염색체의 표현을 정하는 Encoding문제이며 이는 설계변수를 유전자 염색체에 대응시키는 과정으로 정의구역을 신중히 고려하여 표현되어야 한다.

(2) 정식화 문제로의 대응 : 유전자 알고리즘에 있어서 최적설계 문제에서의 목적함수(Object Function)와 같은 의미로 사용되는 것이 적합도 함수(Fitness Function)이며, 이의 값을 최대화하는 설계변수를 결정하는 것이 본 알고리즘의 주된 목표라 하겠다. 그러므로 식(1a)의 목적함수  $C$ 를 적합도 함수  $F$ 에 대응시키는 방법으로서 제한조건을 고려하지 않을 경우에는 목적함수를 그대로 적합도함수로 대응시킬 수 있지만 제한조건을 고려할 경우에는 제한조건의 크기가 다르므로 같은 비중으로 평가하기 위해 제한조건을 갖지 않는 식(Unconstrained Optimal Design Problem)으로 문제를 변환시켜야 하며 이를 위해서는 벌칙함수(Penalty Function)를 이용하여 다음과 같이 변환할 수 있다.

$$F = F_{\max} - f(x, y, z) - \text{penalty} \quad (2)$$

본 연구에서는 식(1a)의 목적함수  $C$ 를 구조물의 무게(Weight)로 하고 식(1b)의 제한조건식은 구조물에 정하중(Static loading)이 작용 될 때의 변위량(Displacement)에 관한 식인  $u_j \leq \bar{u}_j$ 로 하여 적합도함수 식(2)를 다음과 같이 표현하였다.

$$F = F_{\max} - \sum_r \rho A_i L_i - \sum_{i=1}^2 \begin{cases} 0, & \text{if } u_j \leq \bar{u}_j \\ \Lambda \left( \frac{u_j}{\bar{u}_j} - 1 \right)^n + d, & \text{if } u_j > \bar{u}_j \end{cases} \quad (3)$$

여기서  $\bar{u}_j$ 는 변위의 허용 한계값,  $\rho$ 는 재료의 밀도(Density),  $A_i$ 와  $L_i$ 는 구조물의  $i$  번째 부재에 대한 단면적과 길이를 나타내는 것으로서 식(1a)의 변수  $(x, y, z)$ 로부터 결정된다. 그리고 승수(Multiplier)  $\Lambda$ , 지수  $n$ , 상수  $d$ , 는 벌칙함수(Penalty function)의 계산과정에서 만족된 결과가 얻어지도록 설계자의 관점으로 선택되는 수(Approximate value)이다. 또한  $F_{\max}$ 는 임의의 양의 정수로서 적합도 함수가 음수가 되지 않도록 선택되는 값이다.

2.3. GA의 전산프로그램밍

상기의 과정을 토대로 유전자 알고리즘을 적용하여 기구조물에 대한 최적Topology를 계산하는 방법은 Fig. 2의 전산 흐름도로 요약된다. 즉 최적설계를 위해 본 연구에서 제안된 유전적 알고리즘은 전산Workstation(Power Challenge L-Series CPU:R8000)의 UNIX환경에서 C-Shell로 프로그래밍하여 구현되었으며,<sup>(9)</sup> Fig. 2에서 표현된 각 모듈에 대한 기능 설명은 Table 1과 같다.

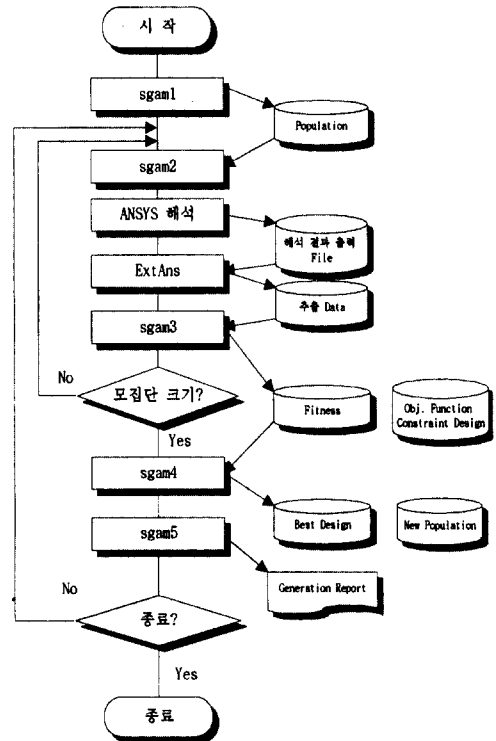


Fig. 2 Flow chart for processing optimal topology

Table 1 Descriptions for each modules

Module ID	Major Functions	Input Files	Out Files
sgam1	• Read-in input file • Generate initial population	• sga_input	• TRANS1
sgam2	• Encode and determine design variables • Modify input file for ANSYS	• TRANS1	• ANSYS-input
ExtAns	• Read ANSYS output files and stress, strains	• file14 • file15 • ANSYS_output	• fo7 • fo8 • Trans2
sgam3	• Evaluate values of objective function and constraints • Evaluate value of the fitness function	• fo7 • for	• Trans6
sgam4	• Choose the best design by comparing the fitness function values • Generate the new population	• TRANS6	• Trans1
sgam5	• Report result of the current generation	• TRANS6	• como.fil • HISTORY.FIL • RESULT.FIL

### 3. 수치해석 예제

유전자 알고리즘을 이용한 트러스/보 구조물의 기하학적 치수 및 토폴로지 최적설계는 25요소 트러스 구조(Twenty-five Member Transmission Tower)와 보요소의 빌딩 구조(Planar Two-story Framework)를 예제화 하여 적용하였다.

#### 3.1. Twenty-five Member Transmission Tower 모델

25요소 트러스 구조(Twenty-five Member Transmission Tower)에 대한 예제는 Fig. 3의 구조를 모델로 하였으며 입력자료에 필요한 설계DATA는 Table 2와 같다.

우선 Fig. 3으로 부터 25개의 부재(Truss)에 대하여 Table 2와 같이 7개의 그룹을 형성하고 이중에 1, 4, 5 그룹과 2, 3, 6, 7그룹을 2진코드의 3비트(Bit)와 4비트(Bit)로 배열(String)시켜 총 25비트의 배열을 하는 유전자 알고리즘 문제로 표현하였다. 이 경우 각 그룹에서 선택될 설계변수(Sizing variable)는 부재(Truss)들의 단면적으로서 2진코드의 배열에 의해서 표현되는 Table

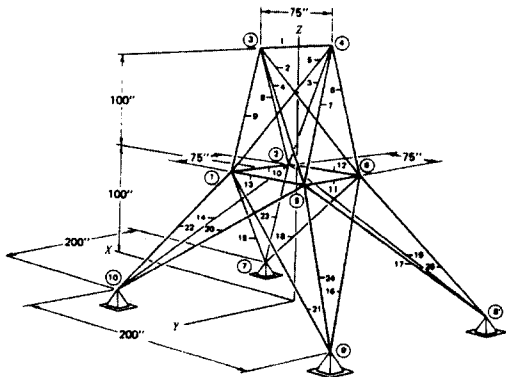


Fig. 3 Twenty-five member transmission tower

Table 2 Design DATA for 25-member transmission tower

Node	Direction of load		
	X	Y	Z
1	0.5	0	0
2	0.5	0	0
3	1.0	10.0	-5.0
4	0	10.0	-5.0

o Modulus of elasticity =  $10^4$  ksi  
 o Material density =  $0.10 \text{ lb/in.}^3$   
 o Upper limit on cross-sectional areas = None  
 o Displacement limits at all nodes and in all directions = 0.45 in

4로 부터 결정된다. 예를 들면 제1그룹에서 단면적을 선택하기 위해 3비트의 스트링 111로 표현되었다고 할 때 이를 설계변수로 Decoding하면  $2^2 + 2^1 + 2^0 = 7$ 로 되어  $x_1$ 의 단면적은  $0.5 \text{ in}^2$ 이 선택된다.

Table 3 Binary strings assigned to design group.

Design group	Design variables	Binary string (bit)
1	$x_1$	3
2	$x_2, x_3, x_4, x_5$	4
3	$x_6, x_7, x_8, x_9$	4
4	$x_{10}, x_{11}, x_{12}, x_{13}$	3
5	$x_{14}, x_{15}, x_{16}, x_{17}$	3
6	$x_{18}, x_{19}, x_{20}, x_{21}$	4
7	$x_{22}, x_{23}, x_{24}, x_{25}$	4
Total		25 bits

Table 4 Selectable cross-sectional area for sizing variables

x	Cross-sectional area, [in <sup>2</sup> ]						
	Group 1	Group 2	Group 3	Group 4	Group 5	Group 6	Group 7
0	0.10	1.20	1.50	0.10	0.40	1.10	1.60
1	0.11	1.30	1.70	0.20	0.50	1.20	1.85
2	0.13	1.40	1.90	0.30	0.60	1.30	2.00
3	0.15	1.50	1.95	0.40	0.70	1.40	2.30
4	0.20	1.65	2.15	0.50	0.80	1.50	2.60
5	0.30	1.85	2.40	0.60	0.90	1.60	2.90
6	0.40	2.00	2.50	0.90	1.10	1.65	3.00
7	0.50	2.25	2.70	1.00	1.20	1.70	3.10
8	-	2.50	2.80	-	-	1.75	3.20
9	-	2.70	2.90	-	-	1.80	3.30
10	-	2.90	3.00	-	-	1.85	3.40
11	-	3.00	3.10	-	-	1.90	3.50
12	-	3.20	3.20	-	-	1.95	3.60
13	-	3.40	3.30	-	-	2.00	3.70
14	-	3.60	3.40	-	-	2.05	3.80
15	-	3.80	3.50	-	-	2.10	3.90
Binary string [bit]	3	4	4	3	3	4	4

특히 초기모집단(Population size)의 크기는 난수생성(Random number generation)을 통해 40으로 하였으며 적합함수(Fitness function)를 계산하기 위해 식(3)에서  $\Lambda=1$ ,  $F_{max}=4,995$ ,  $d=0$ ,  $n_r=1$ ,  $\rho=0.10 \text{ lb/in.}^3$  로 하였고, 제한조건은 변위( $\bar{u}$ )로서 Node번호 1, 2, ..., 6의 X,Y,Z방향 변위를 0.45in 이내로 하면서 Node번호 7, 8, 9, 10은 경계조건으로서 0으로 고정하였다. 그리고 유전자 연산을 위해 교차확률(Crossover probability)은 0.9로서 2점 교차를 사용하였으며 돌연변이 확률(Mutation probability)은 0.008로 하여 우수한 유전자가 생성되도록 하였다. 따라서 연산과정을 통해 적합도 함수를 최대로 하면서 구조물의 무게를 최소화 하기위한 수렴값은 Fig. 4와 같이 116세대(Generation)부터 나타났으며 구조물에서 발생된 최대변위와 무게의 변화과정을 1세대 및 116세대에 대해서 나타내면 Table 5와 같고 이중에 116세대 구조물의 변형량 해석상태는 Fig. 5와 같다. 이에의해 변위의 제한조건

이내에서 최적 단면적을 가진 116세대의 구조물 무게는 1세대와 비교시 약 19.67% 감소된 결과를 얻을 수 있다.

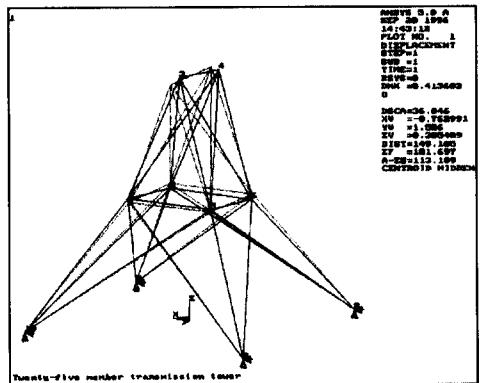


Fig. 5 Displacement analysis of 25-member structure(#116 generation)

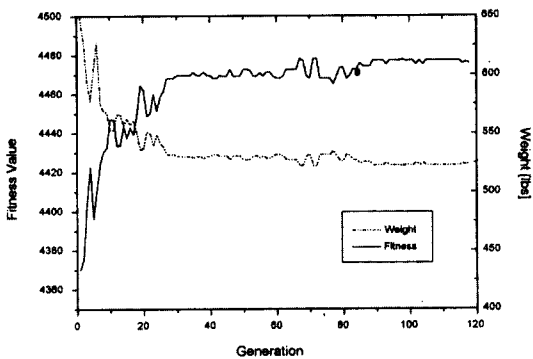


Fig. 4 Generation-history of "most fit" design for a typical GA run

Table 5 Results of GA generation

Design group	Generation #1	Generation #116
1	0	5
2	6	0
3	0	7
4	2	0
5	0	5
6	1	1
7	0	2
Max. Displ. [inch]	0.7556	0.4136
Weight [lb]	533.63	428.65

3.2. Planar Two-story Framework 모델

보(Beam)요소에 대한 예제는 Fig. 6과 같이 절점번호 1에서 9까지는 고정되고 나머지 18개의 절점(자유도 54)은 자유인 구조를 대상으로 하였다.

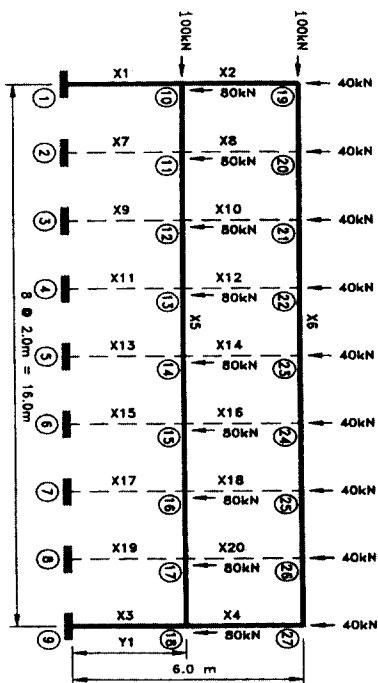


Fig. 6 Planar two-story framework model

먼저, Fig. 6의 각 부재(Beam)중에 X1, X2, ..., X6은 Table 6의 16가지 단면적 후보중에서 선택되는 설계치수에 대한 변수(Sizing variable)들로서 2진코드의 4비트(Bit) 배열(String)을 하며, 마루(Floor girder)의 높이 Y1은 Table 7의 8가지 후보중에서 선택되는 기하학적 변수(Geometrical variable)들로서 2진코드의 3비트(Bit) 배열(String)을 한다. 예를 들어 스트링 101을 설계변수로 decoding하면  $Y1 = 2^2 + 0^1 + 2^0 = 5$ 로 되어 Table 7의 8가지 후보중에 3200mm가 선택된다. 그리고 설계변수 X7, X8, ..., X20은 Fig. 6에서 구조내부의 기둥을 나타내는 변수(Sizing variable)들로서 단면적에 대한 후보값은 16가지로 Table 8과 같으며 이들도 2진코드의 4비트(Bit) 배열(String)을 한다. 특히 Table 8에서 첫번째 경우의 단면적이 영(Zero)으로 나타나 있는 것을 선택하게 될 때는 구조 부재의 요소가 없음을 나타내는 것으로서 이는 성능에 영향을 주지 않는 구조 부재는 도태되는 이른바 토폴로지(Topology) 설계의 최적화가 수행됨을 의미한다. 본 구조물 내부는 14개(X7, X8, ..., X20)의 기둥이 있으므로 총  $2^{14} = 16384$ 가지의 토폴로지 패턴(Topological patterns)이 수행될 수 있는 기회를 갖는다.

이에따라 Fig. 6의 모델은 21개의 설계변수(X1, X2, ..., X20, Y1)를 생각할 수 있으므로 총 83비트의 2진수 스트링(String)으로 표현되는 유전자 알고리즘 문

Table 6 Sizing variables X1, X2, ..., X6

x	A (10 <sup>3</sup> mm <sup>2</sup> )	I (10 <sup>6</sup> mm <sup>4</sup> )
0	6.33	212
1	7.59	255
2	7.76	259
3	8.68	300
4	8.73	297
5	9.45	333
6	10.40	370
7	11.40	410
8	12.30	445
9	13.50	488
10	14.40	556
11	16.40	637
12	18.40	726
13	20.10	796
14	22.60	910
15	24.60	1020

Table 7 Geometrical variable Y1

y	Story height (mm)
0	2700
1	2800
2	2900
3	3000
4	3100
5	3200
6	3300
7	3400

Table 8 Sizing variables X7, X8, ..., X20

x	A (10 <sup>3</sup> mm <sup>2</sup> )	I (10 <sup>6</sup> mm <sup>4</sup> )
0	0.00	0
1	7.59	255
2	7.76	259
3	8.68	300
4	8.73	297
5	9.45	333
6	10.40	370
7	11.40	410
8	12.30	445
9	13.50	488
10	14.40	556
11	16.40	637
12	18.40	726
13	20.10	796
14	22.60	910
15	24.60	1020

제로 귀착된다. 이 경우 초기 모집단(Population size)의 크기는 난수생성(Random number generation)을 통해 600으로 하였으며 식(3)의 적합함수(Fitness function)를 계산하기 위해  $\Lambda = 1$ ,  $F_{max} = 50,000$ ,  $d = 0$ ,  $\eta = 1$ ,  $\rho = 7.83 \times 10^{-6} \text{ kg/mm}^3$ 로 하였고, 제한조건은  $\bar{u}_1, \bar{u}_2$ 로서 모든 절점(Node)의 X방향 변위를  $\bar{u}_1 = 7.0\text{mm}$ , Y방향 변위를  $\bar{u}_2 = 7.0\text{mm}$ 으로 제한하였다. 그리고 유전자 연산을 위해 교차확률(Crossover probability)은 0.85로서 2점 교차를 사용하였고 돌연변이 확률(Mutation probability)은 0.01로 하였다. 따라서 연산과정을 통해 적합도 함수를 최대로 하면서 구조물의 무게를 최소로 하기위한 수렴값은 Fig. 7과 같이 62세대(Generation)부터 나타났으며 구조물에 대한 토폴로지 변화과정을 1, 20, 50, 62세대에 대하여 나타내면

Table 9와 같고 이들 구조에 대한 변형량 해석결과는 Fig. 8과 같다. 즉 변위의 제한조건 이내에서 무게를 감소 시키는 최적의 형상은 구조내부에 설치된 기둥(Column)의 일부가 도태 (z)되고 마루의 높이 (y)와 단면적 (x)이 변화된 상태를 통해 볼 수 있으며 이에의해 1세대와 최적형상인 62세대의 구조를 비교시 무게가 45.80% 감소된 결과를 얻을 수 있다.

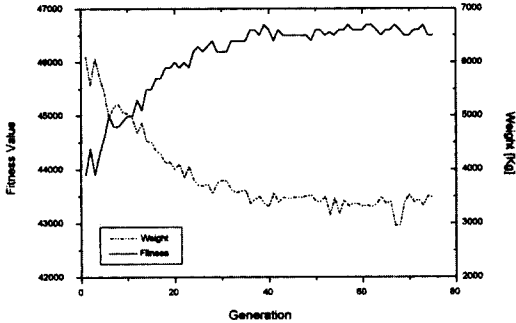
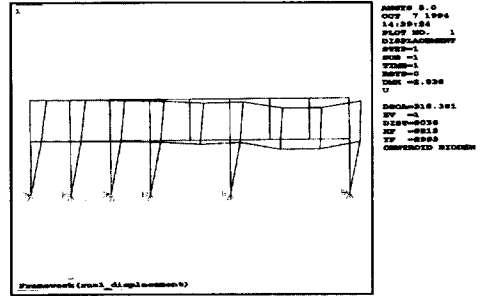


Fig. 7 Generation-history of "most fit" design for a typical GA run

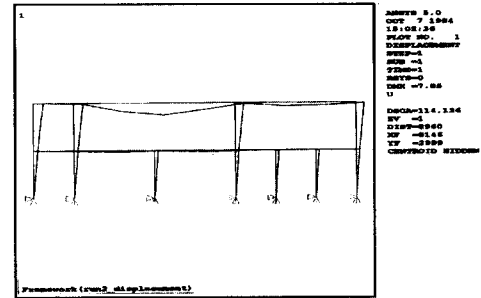
Table 9 Topology results of GA generation

Variables	Generation #1	Generation #20	Generation #50	Generation #62
X1	12	1	7	4
X2	10	1	0	0
X3	2	7	2	2
X4	2	6	2	1
X5	3	1	0	0
X6	0	0	0	0
X7	12	3	2	1
X8	11	3	0	0
X9	7	0	0	0
X10	9	0	2	8
X11	4	6	4	0
X12	2	0	0	0
X13	0	0	0	0
X14	8	0	0	2
X15	6	2	1	3
X16	5	3	8	2
X17	0	2	0	0
X18	12	0	0	0
X19	0	1	0	0
X20	5	0	0	0
Y1	7	3	4	7
Displ. $u_1$ (mm)	2.6337	4.3919	5.5498	6.4060
Displ. $u_2$ (mm)	-1.9467	-6.7429	-4.0305	-6.8108
Weight (kg)	6130.5	4026.8	3424.12	3320.6

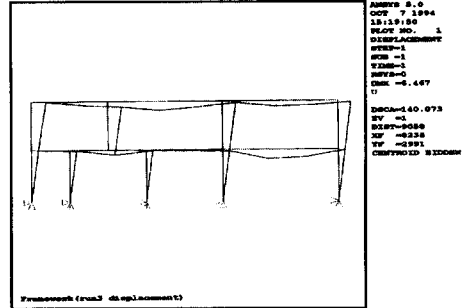
$(u_1 \leq 7.0, u_2 \leq 7.0)$



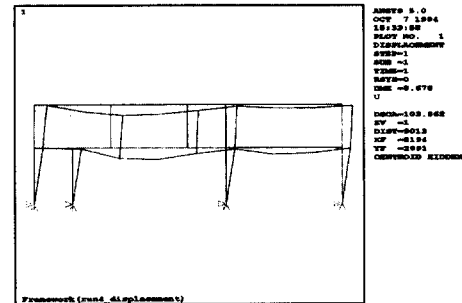
(a) Generation #1



(b) Generation #20



(c) Generation #50



(d) Generation #62

Fig. 8 Displacement analysis of planar two-story frame

### 3.3. 결과 및 고찰

유전적 알고리즘을 이용한 기계 구조물의 기하학적 치수 및 토폴로지 최적설계는 2가지 예제를 통하여 수행되었다. 여기서 적용된 유전적 알고리즘에 대한 최적설계 과정은 UNIX환경에서 C-shell로 프로그래밍하여 구현하였고 이의 과정에서 적합도 평가용으로 입력된 자료는 구조물의 변형량으로서 ANSYS5.0에서 해석된 결과가 활용되었다. 이에 따라 첫번째 예제인 25-member Truss구조물은 18시간만에 처리할 수 있었고, 최적설계 결과 116세대에서 제한조건을 만족하는 최적치로 수렴하였으며, 이때의 구조물 부재는 최적의 단면적을 구성하여 무게가 약 19.67% 감소된 결과를 나타냈다. 그리고 두번째 예제인 Beam구조물은 10시간만에 최적치로 수렴한 62세대에서 최적의 토폴로지를 구성하였으며 이때의 구조물 무게는 처음의 설계상태와 비교시 약 45.80%의 감소된 결과를 얻을 수 있었다.

따라서 연구과정을 통하여 Truss/Beam 구조물에 대한 최적 기하학적 치수 및 토폴로지 설계를 수행할때에 유전자 알고리즘을 이용하는 방법은 효율적인 설계방법임을 알 수 있었으며 특히 적용도를 합리적으로 정의시키고 여기에 풍부한 계산력을 지닌 전자계산기가 활용되어 진다면 더욱 빠른 시간내에 설계자가 원하는 최적값이 효율적으로 얻어질 수 있음을 고찰해볼 수 있다.

## 4. 결론

본 연구는 유전자 알고리즘을 이용하여 기계구조물의 기하학적 치수 및 토폴로지 최적설계를 수행하는 방법을 제안하였으며 예제로서 Truss/Beam 구조물에 적용한 결과 아래와 같은 결과를 얻었다.

(1) 기계구조물에 대한 최적설계를 수행하는 방법으로서 전역 최적화(Global optimization)에 효율적인 유전자 알고리즘(GA)을 이용하는 방법을 제안하였으며, 이는 설계변수에 대한 도함수가 요구되지 않는 확률론적 탐색법(Zero-order method)이므로 기계구조물의 최적설계 분야에 광범위하게 활용할 수 있다.

(2) 25요소 트러스 구조물(Twenty-five Member Transmission Tower)에 GA를 적용하여 탐색한 결과 116세대(Generation)만에 적합함수를 최대로 하는 최적 단면형상을 구성할 수 있었으며, 이의 구조물은 유한요소해석결과 제한조건내의 변형량을 나타내고

있었음을 확인할 수 있었고 무게에 대해서는 최적설계 전 후를 비교시 약 19.67% 감소된 상태를 보였다.

(3) 보요소로서 빌딩 구조(Planar Two-storey Framework structure)형상의 예제에서는 62세대(Generation)만에 최적치로 수렴하여 구조물 부재가 최적의 기하학적 형상과 토폴로지를 구성할 수 있었으며, 이의 구조물은 최적설계 전 후의 무게를 비교시 약 45.80%의 감소효과를 나타냈다.

(4) 이상과 같이 기계구조물의 최적설계에 적용된 유전자 알고리즘은 전산Workstation(Power Challenge L-series, CPU:R8000)의 UNIX환경에서 C-shell로 프로그래밍하여 구현하였으며, 아울러 적합도 함수를 평가하기 위한 수단으로 상용 유한요소 코드(ANSYS)에서 해석된 결과가 입력자료로 활용되도록 I.P.(Intermediate Processor)를 구성하여 설계프로그램을 구축하였다. 이는 향후 기계구조물의 최적설계 문제에 효율적인 방법으로 활용할 수 있다.

## 참고 문헌

1. Haug, E. J. and Arora, J. S., "Applied Optimal Design, Mechanical and Structural System", John Wiley & Sos, 1976.
2. Haug, E. J., Choi, K. K. and Komkov, V., "Design Sensitivity Analysis of Structural System", Academic Press, New York, 1986.
3. Choi, K. K. and Seong, H. G., "Design Component Method for Sensitivity Analysis of Built-up Structures", Journal of Structure Mechanics, Vol.14, pp.379-399, 1986.
4. Choi, K. K. and Seong, H. G., "A Domain Method for Shape Design Sensitivity Analysis of Built-up Structures", Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering, Vol.57, No.1, pp1-15, 1986.
5. Goldberg, D. E., "Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison-Wesley, 1989.
6. Syswerda, G., "Uniform Crossover in Genetic Algorithms", Proceedings of the



- 3rd International Conference on Genetic Algorithms, pp. 2-9, 1989.
7. Jenkins, W. M., "Towards Structural Optimization Via The Genetic Algorithm, Computers and Structures", vol.40, No.5, pp. 1321-1327, 1991.
  8. Lance Chambers "Practical Handbook of Genetic Algorithms: Applications, Volume I", CRC Press, Inc., 1995.
  9. Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs", Second, Extended Edition, Springer-Verlag, 1992.
8. Lance Chambers "Practical Handbook of