

순차적 주밍 유전자 알고리즘 기법에 사용되는 파라미터의 최적화 및 검증

권영두* · 권현욱** · 김재용** · 진승보**

*경북대학교 기계공학과

**경북대학교 기계공학과 대학원

Optimization and Verification of Parameters Used in Successive Zooming Genetic Algorithm

YOUNG-DOO KWON*, HYUN-WOOK KWON**, JAE-YONG KIM** AND SEUNG-BO JIN**

*School of Mechanical Engineering, Kyungpook National University, Daegu, Korea

**Graduate School of Mechanical Engineering, Kyungpook National University, Daegu, Korea

KEY WORDS: Successive Zooming Genetic Algorithm(SZGA) 순차적 주밍 유전자 알고리즘, Reliability 신뢰도, Zooming Factor 주밍인자

ABSTRACT: A new approach, referred to as a successive zooming genetic algorithm (SZGA), is proposed for identifying a global solution, using continuous zooming factors for optimization problems. In order to improve the local fine-tuning of the GA, we introduced a new method whereby the search space is zoomed around the design variable with the best fitness per 100 generation, resulting in an improvement of the convergence. Furthermore, the reliability of the optimized solution is determined based on the theory of probability, and the parameter used for the successive zooming method is optimized. With parameter optimization, we can eliminate the time allocated for deciding parameters used in SZGA. To demonstrate the superiority of the proposed theory, we tested for the minimization of a multiple function, as well as simple functions. After testing, we applied the parameter optimization to a truss problem and wicket gate servomotor optimization. Then, the proposed algorithm identifies a more exact optimum value than the standard genetic algorithm.

1. 서 론

설계분야에서 보다 가벼우면서 견고한 구조물을 설계하기 위해서 최적설계기법이 많이 사용되고 있다 (김수영 등, 1997; 이나리 등, 1999). 최적설계방법에는 여러 가지가 있지만 본 연구에서는 유전자 알고리즘에 의한 방법에 대해서 살펴본다. 유전자 알고리즘(genetic algorithm, GA)은 생물진화의 원리와 유전학에 바탕을 둔 확률론적 전역 탐색 방법이다. 유전자 알고리즘의 개념은 Holland (1975)에 의해 처음으로 제안되었고, Goldberg (1989), Goldberg and Kuo (1987)에 의해 구조 최적화 문제에 처음으로 도입되었다. 전통적 최적화 방법(traditional optimization method)(Belegundu and Chandrupatla, 1999)은 도함수(gradient)를 이용하기 때문에 좁은 영역에서 효율적으로 해를 찾을 수 있으나, 다봉 함수와 같은 비볼록 문제(non-convex problem)의 전역 최적해에 대한 탐색의 경우 효율적이지 못하다. 반면에 유전자 알고리즘은 도함수의 개념을 사용하지 않고, 방향성 있는 탐색과 확률 탐색을 동시에 수행하기 때문에 이산 최적화 문제나 비볼록 영역을 가진 최적화 문제를 해결할 수 있다는 장점이 있다. 그러나 정밀도, 신뢰도,

연산시간 등이 서로 상충되는 문제 중에서 해의 정밀도가 요구되는 경우에 수렴이 느리거나, 정밀도 부족과 같은 단점을 드러내었다. 이러한 단점을 극복하기 위해서 유전자 알고리즘의 부분 탐색(local search)성능을 높여야한다. 그 방법으로 유전자 알고리즘과 지역적 탐색을 병행한 하이브리드 알고리즘 (Chu and Gang, 1995), 민감도를 고려한 유전자 알고리즘 (이재관과 신호철, 2000), 조기 수렴을 막기 위한 개선된 유전자 알고리즘 (Andre et al., 2001)등과 같은 연구들이 진행되고 있다. 최근에 발표된 부분 탐색의 문제점을 해결하기 위한 방법으로는 DPEGA(dynamic parameter encoding genetic algorithm)과 SZGA(successive zooming method)이 있다. DPE (Schraudolph and Belew, 1992)는 digit zooming 방식으로써 불연속적인 탐색 방법인 반면에, 순차적 주밍 방법(SZGA)은 해 영역을 효율적으로 줄이면서 최적해를 수행하는 방법으로 해 영역을 연속적으로 탐색하면서 최적해를 찾아내는 방법이다 (Kwon et al., 2003). 또한, 실수 코드를 사용하였을 경우에 발생하는 수렴성 문제를 피하기 위하여 이진수 표현을 그대로 사용하면서 연속 최적화에 있어 부분 탐색의 효율을 높이는 동시에 연산시간도 줄이는 알고리즘이다. 그러나, 현재까지는 주밍 파라미터를 선택시 시행착오에 의해서 결정하였으므로 최적의 효율성을 얻기 어려웠다.

본 연구에서는 상기의 순차적 주밍 알고리즘의 단점을 개선

제1저자 권영두 연락처: 대구광역시 북구 산격3동 1370

053-950-5575 ydkwon@knu.ac.kr

하기 위해서 순차적 주밍 알고리즘에 사용된 파라미터의 최적화를 시도하였다. 파라미터 최적화 결과 가장 적합한 파라미터를 결정하는 번거로움을 덜게 되었으며, 설계변수와 탐색공간에 따라 최적의 파라미터가 존재한다는 것을 확인하였다. 또한, 여러 가지의 시험함수문제를 통해서 파라미터 최적화방법의 정확성과 유용성을 검증하였으며, truss 문제와 wicket gate 문제에 적용하여 좋은 결과를 얻었다.

2. 유전자 알고리즘

본 연구에서 서술하고 있는 순차적 주밍 알고리즘은 유전자 알고리즘의 한 부분이므로 먼저, 유전자 알고리즘에 속하는 표준형 유전자 알고리즘(SGA), 마이크로 유전자 알고리즘(MGA), 그리고 최근에 발표된 순차적 주밍 알고리즘(SZGA)에 대한 대략적인 개념을 살펴본다.

2.1 표준형 유전자 알고리즘(SGA)

Holland에 의해 개발된 초기의 알고리즘임에도 불구하고 해를 찾는 능력이 강인하여 아직도 많은 최적화 문제에 응용되고 있는 표준형 유전자 알고리즘의 핵심은 자연의 진화 원리를 알고리즘 형태로 모방한 유전 연산자(genetic operator)라 할 수 있으며, 그것은 선택 및 재생산(selection and reproduction), 교배(crossover), 돌연변이(mutation)로 이루어 진다.

2.1.1 선택과 재생산

선택 및 재생산 연산자는 각 개체의 적합도(fitness) 크기에 따라 다음 연산에 참여할 확률을 결정함으로써 해가 탐색공간 상에서 유망한 영역으로 향하도록 유도하는 과정이다. 다시 말하면 약한 개체들을 집단에서 몰아내고 강한 개체를 선택함으로써 우수한 유전자들이 이후 세대의 집단에서 넓게 퍼지도록 해준다. 표준형 유전자 알고리즘에서 채택하고 있는 재생산 연산자는 토너먼트 선택(tournament selection)이다. 토너먼트 선택이란 모집단으로부터 임의의 수의 개체를 무작위로 선택하여 그 중 적합도가 높은 개체는 살아 남고 그렇지 못한 개체는 도태되는 선택 방법이다.

또한 엘리트 전략(elitist strategy)을 채택하였다 (De Jong, 1975). 엘리트 전략은 집단 내에서 가장 강한 개체가 변경되지 않고 다음 세대로 전달되는 것을 보장하기 위해 고안된 것이다. 만약 이전 세대의 최적 개체를 저장하고 있다가 일련의 모의 진화가 수행된 후 현 세대에서 소멸된 것이 확인되면, 저장된 개체를 현 세대에서 가장 약한 개체 또는 임의로 선택된 개체와 교환하게 된다.

2.1.2 교배

교배는 교배 급원으로부터 부모 염색체 쌍을 임의로 선택하고, 교배점 이후의 비트들을 서로 교환 결합함으로써 적합도가 우수한 새로운 개체들을 생성한다. 유전자를 절단하는 교배점은 염색체 내에서 임의로 선택된다. 이러한 연산은 교배된 자손의 수가 부모 집단의 크기와 같을 때까지 반복된다. 교배 방법으로는 일점교배(one-point crossover), 이점교배

(two-point crossover), 다점교배(multi-point crossover), 균등교배(uniform-point crossover), 순환교배(cycle cross-over) 등이 있다. SGA에서는 가장 간단하면서도 자주 이용되는 방법인 일점교배를 사용한다. 즉, 각 염색체에 대한 난수 $r \in [0, 1]$ 을 발생시켰을 때, 그 값이 교배확률보다 작으면 교배를 일으킨다. ($r \leq P_c$)

2.1.3 돌연변이

유전자의 다양성 결핍으로 인하여 발생하는 지역해(local solution)나 사점(dead corner)과 같은 원치 않는 해로부터 벗어나기 위한 메커니즘이 돌연변이이다. 일반적으로 SGA에서는 점프 돌연변이(jump mutation)와 크립 돌연변이(creep mutation)를 동시에 사용한다. 점프 돌연변이는 단순 돌연변이로서 염색체 내에서 비트 하나를 취하고 돌연변이 확률 P_m 에 근거하여 선택된 비트의 돌연변이 유무를 결정한다. 즉, 난수 $r \in [0, 1]$ 을 발생시켜 만약 $r \leq P_m$ 이면 돌연변이를 일으킨다. 돌연변이가 일어나게 되면 0은 1로, 1은 0으로 선택된 비트를 바꿔준다. 크립 돌연변이는 이진 코드들을 십진 코드들로 번역한 후, 십진 코드를 구성하는 인자들 중 크립 돌연변이 확률에 따라 임의로 십진 코드를 선택하고 그 코드의 값을 임의의 십진수 값으로 바꾸는 과정이다.

2.2 MGA(Micro Genetic Algorithm)

Krisnakumar (1989)는 매우 작은 집단을 취급하는데 효율적인 마이크로 유전자 알고리즘을 제안하였고, Carroll (1996)은 다른 연산자를 적용하는 문제를 다루었다. De Jong (1975)은 마이크로 유전자 알고리즘이 표준형 유전자 알고리즘보다 초기 성능과 후기 성능을 동시에 개선할 수 있음을 보였다. 이 방법은 유전 정보의 다양성을 충분히 유지하기 위하여 집단이 어느 한 점 가까이로 수렴하면 집단을 재구성하고 다시 시동하여 작은 집단을 다루면서 발생하는 조기 수렴현상을 피하고 최적 설계에 근접한 설계로 빨리 수렴시키게 하는 특징을 가진다.

마이크로 유전자 알고리즘의 기본 구성은 단순 유전자 알고리즘과 유사하며, 사용되는 연산자들을 정리하면 다음과 같다. 재생산 연산자로는 토너먼트 선택방법을 이용하였고, 엘리트 전략을 채용하였으며, 교배 연산자로 균등교배를, 교배확률 (P_c)로 0.5를 채택하였다. 마이크로 유전자 알고리즘은 개체들이 어느 한 점 가까이로 수렴하게 되면 수렴된 집단 내의 최적 개체와 임의로 발생된 나머지 개체로 재구성되는 새로운 집단을 가지고 재시동하기 때문에, 충분한 다양성이 도입되므로 별도의 돌연변이 연산이 필요하지 않다. 따라서 돌연변이 확률 (P_m)은 0으로 고정하였다.

2.3 순차적 주밍 유전자 알고리즘(SZGA)

유전자 알고리즘에는 두 가지 문제점이 있다. 첫 번째는 다봉함수에 있어 조기 수렴으로 인한 낮은 정밀도이고, 둘째는 유전자 알고리즘이 가진 안정성의 결핍이다. 따라서 이러한 문제를 개선하기 위해 부동점 표현, 개선된 선택, 교배 및 돌연변이 연산자의 사용, 구간 축소와 같은 유전자 알고리즘의 성능 향상을 위한 방법들이 보고되고 있다. 그 중 탐색 공간을

적절히 줄여 분해능과 탐색효율을 향상 시켜주는 순차적 주밍 기법(Kwon et al., 2003)에 대해서 알아보겠다.

2.3.1 순차적 주밍 기법

이 방법은 후보 최소점 주위로 탐색 공간을 순차적으로 줄여 나가는 것으로 일반적으로 모든 유전자 알고리즘에 적용될 수 있으나 본 연구에서는 마이크로 유전자 알고리즘에 적용하였다.

Fig. 1은 SZGA의 대략적인 순서도를 나타낸다. 여기에서, X_{1opt} 는 100세대 후의 최적 개체, X_{kopt} 는 $100 \times k$ 세대 후의 최적 개체, a 는 주밍 인자(zooming factor), N_{zoom} 은 주밍 횟수이다. 먼저, 초기 집단이 생성되고 마이크로 유전자 알고리즘이 실행된다. 정해진 세대(본 연구에서는 100세대)가 진행된 후에 최적의 적합도를 나타내는 개체 (X_{1opt})를 선정한다. 엘리트 전략을 사용하였으므로 항상 최적의 개체는 다음 세대가 진행하더라도 보존된다. 최적 개체가 선정되면 이 개체 주위로 탐색 영역을 $(X_{1opt} - \frac{a}{2}, X_{1opt} + \frac{a}{2})$ 로 좁혀 들어가고 이 축소 영역에서 새로운 초기 집단을 생성하여 계속 진화되어 나가도록 한다. 이러한 탐색 영역의 축소를 통하여 해의 분해능(resolution)과 탐색 효율을 높일 수 있으며, 구한 해가 실제의 최적해일 확률을 제시 할 수 있다. 또, $100 \times k$ 세대 진행 후 최적의 적합도를 나타내는 개체 (X_{kopt})가 선정되면 탐색영역을 $(X_{kopt} - \frac{a^k}{2}, X_{kopt} + \frac{a^k}{2})$ 로 좁혀 들어간다. 이와 같은 과정을 해가 수렴될 때까지 계속 진행한다. 여기서 X_k 는 전역좌표계이고, Z_k 는 국소좌표계로써 주밍된 영역을 나타낸다.

2.3.2 N_{zoom} 와 Z_{range} 사이의 관계

주밍 영역의 전역 좌표계를 X , 국부 좌표계를 Z 라 하자. Fig. 2에는 간단한 예로 2차원 해공간을 나타내었다. X 와 Z 의 범위는 항상 0과 1 사이가 되도록 영역을 조정(scale)하였다. 또한 적합도인 $F(z)$ 역시 0과 1 사이의 값으로 정의하였다.

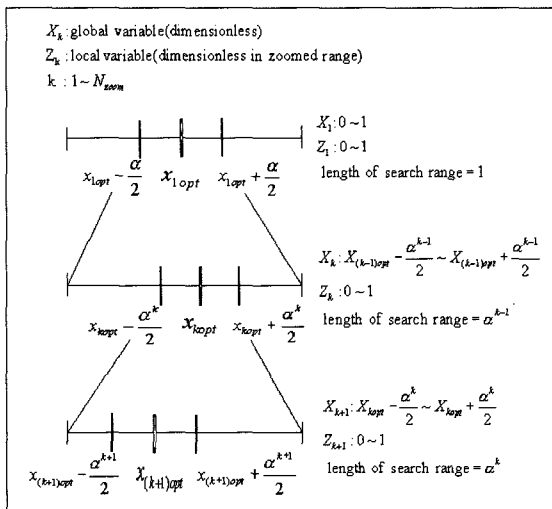


Fig. 1 Flow chart of SZGA

Table 1 Relation between N_{zoom} and Z_{range}

N_{zoom}	1	2	3	4	5	6
Z_{range}	a^0	a^1	a^2	a^3	a^4	a^5

N_{zoom} 와 Z_{range} 사이에는 $Z_{range} = a^{N_{zoom}-1}$ 의 관계가 있으며 이를 Table 1에 나타내었다. 여기에서 Z_{range} 는 해의 분해능과 관계되며 N번 주밍 후의 탐색 영역을 나타낸다. 예를 들어 $N_{zoom} = 6$, $a = 0.1$ 일 때 Z_{range} 는 1.0×10^{-5} 이 되고, $a = 0.05$ 일 때는 3.1×10^{-7} 이 된다. 따라서 원하는 분해능에 따라 N_{zoom} 이 결정된다.

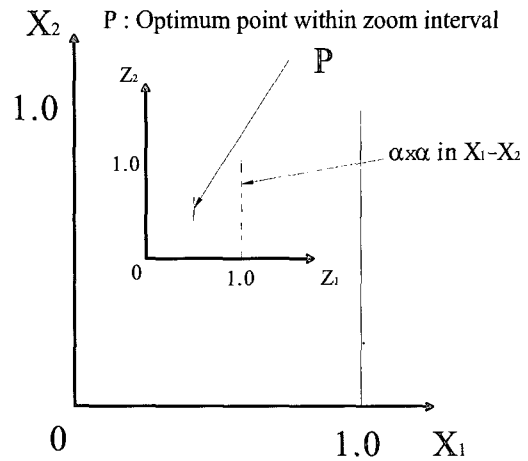


Fig. 2 Solution space (2-D case)

3. 파라미터 최적화

순차적 주밍 기법을 도입한 유전자 알고리즘의 적용에 있어 처음에는 주밍 인자와 집단수를 고정하지 않고 최적의 값이 나올 때까지 시행착오의 과정을 거쳐서 최적치를 구하였다. 또한 주밍 회수도 최적치에 수렴할 때까지 반복적으로 정하였다. 그러나 이러한 과정은 번거로울 뿐 아니라 많은 시간을 요한다. 따라서, 주밍 기법에 사용된 파라미터를 최적화할 경우 설계 변수수와 탐색공간에 따라 주밍 기법에 사용되는 파라미터를 설정할 수 있다.

3.1 정식화

최종신뢰도(P_{final}^{GA})는 주밍 기법에 사용된 파라미터 중에서 주밍 인자와 주밍 구간에 떨어지는 개체수를 설계 변수로 하며, 아래의 식 (1)과 같다.

$$P_{final}^{GA} = [1 - (1 - a^{N_{var} \times \beta_{avg}})^{N_{sp}}]^{N_{zoom}-1} \quad (1)$$

여기서,
 P_{final}^{GA} reliability(0~1.0)
 α zooming factor
 N_{var} maximum number of variables
 β_{avg} improvement factor
 N_{sp} number of function evaluations of sub
 -generations in a zooming($N_{sp} = N_{sub} \times N_{pop}$)
 N_{zoom} number of zooming operations

먼저, 개체수는 등비급수적으로 감소할 것이라고 가정하면 다음 식으로 나타낼 수 있다. 주밍 구간에 떨어지는 총 개체수 (a_0)는 식 (2)와 같다. 여기서 a_1 은 주밍 전 떨어지는 개체수 이고 $a_1 r$ 은 한번 주밍 후 떨어지는 개체수를 나타낸다.

$$a_0 = \sum a_1 + a_1 r + a_1 r^2 + \dots \quad (2)$$

여기서, a_1 은 a_0 와 r 로 표현할 수 있다. 그러므로, 식 (1)은 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$F(\alpha, r) = [1 - (1 - \alpha^{N_{var} \times \beta_{avg}})^{\frac{a_0}{1+r+\dots}}][1 - (1 - \alpha^{N_{var} \times \beta_{avg}})^{\frac{a_0}{1+r+\dots}} r] \dots \quad (3)$$

위의 식은 정밀한 해를 찾을 때까지 주밍 회수만큼 나열하면 된다. 따라서 목적함수는 다음과 같이 정식화 될 수 있다.

$$\text{Maximize } F(\alpha, r) \quad (4)$$

식 (4)로 표현되는 목적함수의 최대값은 신뢰도가 1.0일 때를 나타낸다. 그 때의 파라미터를 찾는 것이 본 연구의 목적이다. 위의 식을 목적함수로 유전자 알고리즘을 이용하여 최적해를 구하였다. 개선도 인자 β_{avg} 와 a_0 는 시험함수를 통해서 구한 수치를 근거로 고정된 값을 사용하였다.

3.2 시험 함수를 통한 파라미터 최적화

3개의 시험함수의 최적화문제를 이용하여 SZGA에 사용되는 파라미터 최적화의 타당성을 입증하였다. 시험함수는 설계변수의 수가 2, 3, 20개인 경우에 대해서 골고루 적용하여 보았다. 그 시험함수는 아래와 같다.

Shubert (Andre et al., 2001)

$$f(x, y) = \left\{ \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)x + i] \right\} \left\{ \sum_{i=1}^5 i \cos[(i+1)y + i] \right\}$$

탐색공간 : $-10 \leq x \leq 10, -10 \leq y \leq 10$

F4 (Belegundu and Chandrupatla, 1999)

$$f(a, c_1, c_2) = \sum (ax_1^{c_1} x_2^{c_2} - f_{simulated})^2$$

탐색공간 : $-\infty \leq a, c_1, c_2 \leq \infty$

여기에서

$f_{simulated}$	x_1	x_2
2.122	5.0	10.0
9.429	3.0	1.0
23.57	0.6	0.6
74.25	0.1	2.0
6.286	3.0	1.8

Brown3 (Andre et al., 2001)

$$f(X) = \sum_{i=1}^{19} [(x_i^2)^{x_{i+1}} + (x_{i+1}^2)^{x_i}]$$

탐색공간 : $X = [x_1, \dots, x_{20}]^T$

$$-1 \leq x_i \leq 4 \text{ for } 1 \leq i \leq 20$$

먼저 설계변수가 2개인 Shubert함수에 대해 파라미터 최적화를 수행하면 $N_{zoom} = 6$ 일 경우, $\alpha = 0.047$ 이고 $r = 0.95$ 이었다.(일반적인 유전자 알고리즘의 경우 $\alpha = 1$) 한편, Fig. 3은 Shubert함수에 대해서 주밍 인자 α 의 변화에 따른 목적함수의 추이를 나타내었다. 그림에서 보는 것처럼 최적치를 나타내는 α 의 범위가 0.02~0.08 사이이며, 이것은 최적화결과 구한 α 의 값이 이 범위에 들어간다는 것을 알 수 있다.

설계변수가 3개인 F4함수에 대해서 파라미터 최적화를 하면 $N_{zoom} = 6$ 일 경우, $\alpha = 0.108$ 이고 $r = 0.99$ 이었다. Fig. 4는 F4함수에 대해서 주밍 인자 α 의 변화에 따른 목적함수의 추이를 나타내었다. 그림에서 보는 것처럼 시행착오로 찾은 α 의 범위는 0.107~0.120이며, 이것은 최적화 결과 찾은 값과 거의 일치함을 알 수 있다.

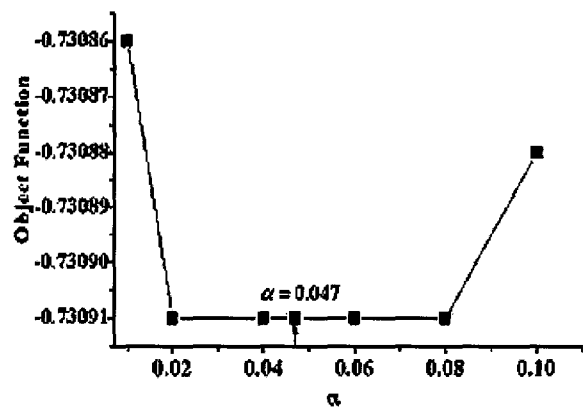


Fig. 3 Optimum value according to the change of zoom factor

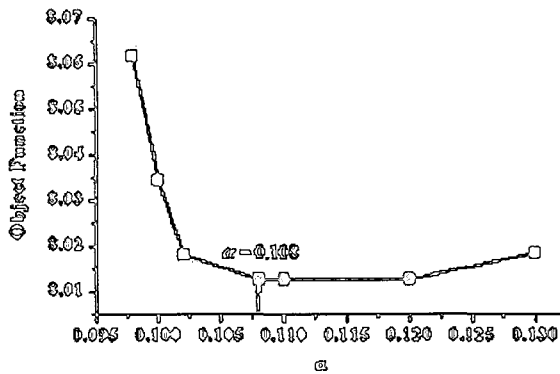


Fig. 4 Optimum value according to the change of zoom factor

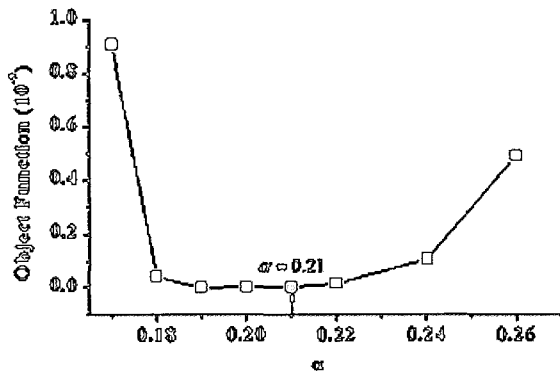


Fig. 5 Optimum value according to the change of zoom factor

설계변수가 20개인 Brown3함수에 대해서 파라미터 최적화를 하면 $N_{zoom} = 10$ 일 경우, $\alpha = 0.21$, $r = 0.93$ 이었다. Fig. 5는 Brown3함수에 주밍 인자 α 의 변화에 따른 목적함수의 추이를 나타내었다. 그림에서 보는 것처럼 α 의 값이 0.20~0.22의 범위에서 최소의 함수 값을 나타낸다. 이것은 파라미터 최적화에 의해서 구한 결과 값과 거의 일치함을 볼 수 있다.

시험함수에 적용하여 본 결과 설계변수가 2인 경우 최적치를 보이는 α 의 범위가 넓으며, 그 값도 작다는 것을 알 수 있다. 그러나 설계변수가 많아지고 탐색공간이 넓어질수록 최적치를 나타내는 α 값이 커지고 주밍 회수도 증가한다는 것을 알 수 있다. 이것은 α 의 값이 적을 경우 주밍회수가 적은 상태에서 수렴하여 더 이상 주밍을 하여도 최적치 구간에 떨어지는 개체수는 없다는 것을 나타낸다. 그러나 α 가 큰 경우는 처음부터 개체가 떨어지는 공간이 넓어지기 때문에 우리가 원하는 만큼의 정밀도를 얻고자하는 경우 그 만큼 여러 번 주밍이 이루어져야 한다는 것을 알 수 있다.

4. 실제 문제에 대한 적용

제안된 순차적 주밍 유전자 알고리즘을 truss문제와 wicket gate 작동용 서버모터 용량 최소화 설계에 적용하여 보았다.

4.1 Truss 문제

4.1.1 전포텐셜 에너지의 최소화

Fig. 6은 서로 같은 형상의 두 부재를 갖는 truss구조물이다. 구조물은 절점 C에서 W의 하중을 받고 있다. 이 하중상태에서 절점 C는 C'으로 이동하였다. 이 문제는 절점 C의 변위 x_1 과 x_2 를 계산하는 것이다. 이 문제를 풀려면 전포텐셜 에너지를 x_1 과 x_2 의 함수로 표시하여 그것을 최소화함으로 구해 낼 수 있다.

일단 변위 x_1 과 x_2 를 알면 그 값으로부터 부재의 힘과 응력을 계산할 수 있다.

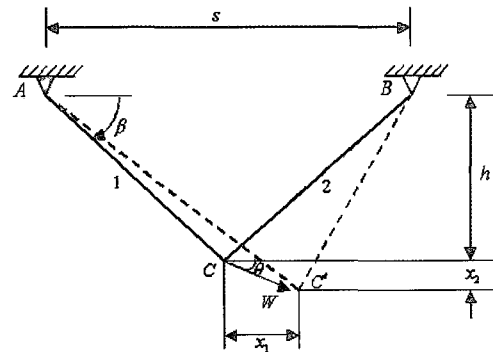


Fig. 6 Two-bar truss

전포텐셜 에너지는 미소변위라는 가정으로부터 식(5)와 같이 나타낼 수 있다.

$$P(x_1, x_2) = \frac{EA_1}{2L}(x_1 \cos \beta + x_2 \sin \beta)^2 + \frac{EA_2}{2L}(-x_1 \cos \beta + x_2 \sin \beta)^2 - Wx_1 \cos \theta - Wx_2 \sin \theta \quad (\text{N} \cdot \text{m}) \quad (5)$$

여기서,

- E 탄성계수 (N/m^2)
- s truss의 간격(m)
- h truss의 높이(m)
- W 하중(N)
- x_1 수평변위(m)
- x_2 수직변위(m)
- A_1 부재 1의 단면적(m^2)
- A_2 부재 2의 단면적(m^2)
- L 부재의 길이($L^2 = h^2 + 0.25s^2$)
- θ 하중 W의 작용하는 각도 ($^\circ$)

특히, 각도 β 는 Fig. 6에 주어져 있다. truss의 평형상태는 변위 x_1 과 x_2 에 관하여 전포텐셜 에너지(P)를 최소화하면 구해진다.

4.1.2 결과

문제에서 수치자료는 다음과 같다. $A_1 = A_2 = 1.0 \times 10^{-5} m^2$.

$h=1.0m, s=1.5m, W=10kN, \theta=30^\circ, E=207GPa$. Table 2는 해석적인 결과를 마이크로 유전자 알고리즘과 파라미터를 최적화한 순차적 주밍 유전자 알고리즘($\alpha=0.07, r=0.96$)과 비교하였다. Table 2에 결과값을 정리하였다.

Table 2 Results

Algorithm	x_1	x_2	$P(x_1, x_2)$
Analytic	7.26266E-4	2.35894E-3	-9.042
Micro GA	7.32433E-4	2.36515E-3	-9.040
SZGA	7.26266E-4	2.35894E-3	-9.042

4.2 Wicket Gate 작동용 서버모터 용량 최소화 설계

Wicket gate는 수차에서 물의 흐름을 제어하기 위한 것으로 Fig. 7은 Wicket gate의 실제형상을 나타내며, Fig. 8은 설계를 위해서 간략화 한 것이다.

4.2.1 Wicket Gate model(권영두와 권순범, 1999)

그림의 기호는 다음과 같은 의미를 갖는다.

- LH : Length of wicket gate link(mm)
- LL : Length of wicket gate lever(mm)
- RB : Link pin radius(mm)
- RL : Wicket gate radius(mm)
- FLR : Force of link(N)
- FRB : Force of link at link pin radius(N)
- W : Stroke at link pin radius with elastic Wicket gate stem(mm)
- M : Torque of wicket gate with friction(Nmm)
- Ψ : Angle between lever and link(°)

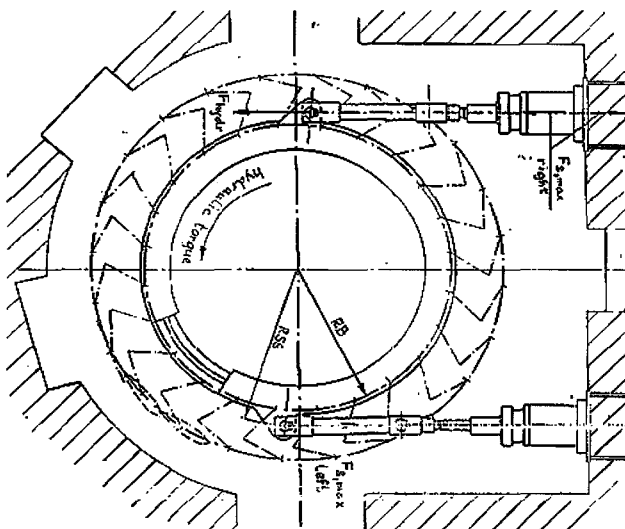


Fig. 7 Wicket gate

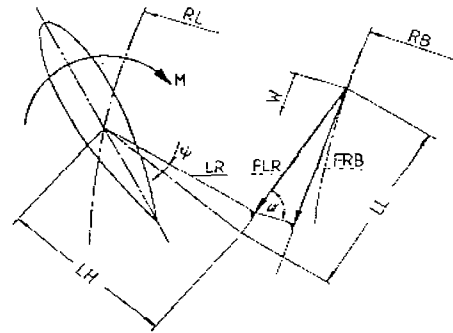


Fig. 8 Wicket gate modeling

위 그림에서의 기하학적 관계를 고려하면 다음의 관계를 얻을 수 있다.

$$\sin(\omega) = FRB / FLR, M = FLR \times LR \tag{6}$$

$$\cos(\psi) = LR / LH \tag{7}$$

위의 식들을 이용하여 Servomotor의 용량(AV)은 식(8)과 같이 나타낼 수 있다.

$$FRB = M \times \sin(\omega) / (LH \times \cos(\psi)) \tag{8}$$

이 함수를 목적함수로 하고 본 연구에서 제시한 파라미터가 최적화된 SZGA를 이용하여 최적설계를 수행하였다. 이 때, 설계변수는 FLR, FRB, Psi이다.

$$AV = FRB_{MAX} \times W \tag{9}$$

4.2.2 최적화 결과

최적화시 유용영역이 아닌 경우의 적합도값은 0으로 처리하여 다음 세대에서 그 개체가 선택되지 않게 하였다. 그 결과 서버모터 용량이 최적화 전보다 33%정도 감소한다는 것을 알 수 있었다. Fig. 9는 최적화 전·후의 서버모터 용량을 막대 그래프로 비교하였다. Table 3은 최적화 결과 lever와 link의 길이 및 lever와 link사이의 각도를 나타내었다.

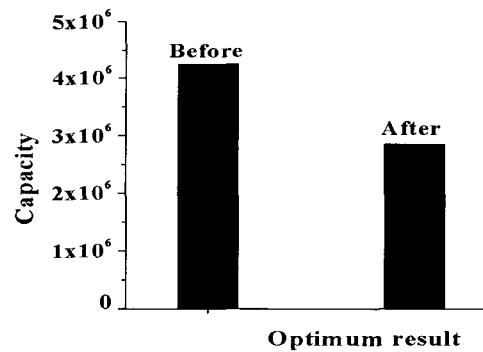


Fig. 9 Optimum result of wicket gate

Table 3 Optimum results of wicket gate

Value	LL (mm)	LH (mm)	Ψ (degree)	Capacity (Nmm)
Initial value	330	350	20	0.425778E+7
Optimum value	305.6	324.7	19.6	0.286624E+7

5. 결 론

순차적 주밍 기법에 사용된 파라미터 최적화를 통해서 설계 변수와 탐색영역에 따른 최적의 파라미터를 구해낼 수 있었고, 그로 인해서 기존의 시행착오를 통해서 파라미터를 구하던 방법을 간소화하였으며 최적화에 필요한 시간을 줄일 수 있었다. 또한 시험함수를 통해서 그 타당성을 검토하였다. 마지막으로 검증된 새로운 알고리즘을 실제문제에 적용하여 보았다. 해석 결과로부터 만족할 만한 수렴성을 보였으며 연산 시간이 단축되었다. 그리고, 파라미터의 최적화를 위해서 시행착오를 통해 파라미터를 구해내던 보다 신뢰도 높은 해를 얻기 위해서는 다음 두 가지 사항에 유의해야 한다. (1) $N_{sp} = N_{sub} \times N_{pop}$ 가 더 커야 한다. (2) 적절한 주밍인자(α)를 선택해야 한다. 여기서, $\alpha=1$ 인 경우 일반적인 유전자 알고리즘이 된다. 적절한 주밍인자를 선택하는 방법으로 본 연구에서 제안한 파라미터 최적화방법을 사용하면 된다. 다시 말하면, 식(4)를 최대값으로 하는 α 와 r 값을 구하면 된다. 순차적 주밍 유전자 알고리즘의 탐색 성능에 영향을 미치는 인자인 주밍 인자 α 는 파라미터 최적화를 통해 변수가 적은 경우 0.02~0.08의 값을 사용하고, 변수가 많아지고 탐색공간이 넓어질수록 최적치를 나타내는 α 값이 커지고 주밍 회수도 증가한다는 것을 확인하였다.

참 고 문 헌

김수영, 서규열, 이동근, 신수철 (1997). "이귀주지식처리기법에 의한 선박의 주요 치수 최적화", 한국해양공학회지, 제11권, 제4호, pp 227-238.

권영두, 권순범 (1999). "양수발전용 Pump-Turbine Hydro Parts의 일괄설계 시스템 개발", 현대중공업 최종보고서.

이나리, 류연선, 김정태, 서경민, 조현만 (1999). "강관말뚝식 계류돌편의 수치적 설계최적화", 한국해양공학회지, 제13권, 제3-1호, pp 3-11.

이재관, 신호철 (2000). "민감도 고려된 유전 알고리즘을 이용한 최적화 방법에 관한 연구", 대학기계학회논문집 A권, 제24권, 제6호, pp 1529-1539.

Andre, J., Siarry, P. and Dognon, T. (2001). "An Improvement of the Standard Genetic Algorithm Fighting Premature Convergence in Continuous Optimization", Advances in Engineering Software, Vol 32, pp 49-60.

Belegundu, A.D. and Chandrupatla, T.R. (1999). Optimization Concepts and Applications in Engineering, Prentice Hall.

Carroll, D.L. (1996). "Genetic Algorithms and Optimizing Chemical Oxygen-Iodine Lasers," Developments in Theoretical and Applied Mechanics, Vol 18, pp 411-424.

Chu, K.C. and Gang, F. (1995). "Accelerated Genetic Algorithm: Combined with Local Search Techniques for Fast and Accurate Global Search", IEEE International Conference on Evolutionary Computation, Vol 1, pp 378.

De Jong, K.A. (1975). An Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems, Doctoral Dissertation, The University of Michigan, Ann arbor, Michigan.

Goldberg, D.E. (1989). Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley.

Goldberg, D.E. and Kuo, C.H. (1987). "Genetic Algorithm in Pipeline Optimization", Journal of Computing in Civil Engineering, Vol 1, No 2, pp 128-141.

Holland, J.H. (1975). Adaptation in Natural and Artificial systems, University of Michigan, Ann Arbor, MI, Internal Reports.

Krishnakumar, K. (1989). "Micro-genetic Algorithms for Stationary and Non-stationary Function Optimization," SPIE, Intelligent Control and Adaptive Systems, Vol 1196, pp 289-296.

Kwon, Y.D., Kwon, S.B., Jin, S.B. and Kim, J.Y. (2003). "Convergence Enhanced Genetic Algorithm with Successive Zooming Method for Solving Continuous Optimization Problems", Computers and Structures, Vol 81, pp 1715-1725.

Schraudolph, N.N. and Belew, R.K. (1992). "Dynamic Parameter Encoding for Genetic Algorithms", J. Mach Learn, Vol 9, pp 9-21.

2003년 9월 4일 원고 접수

2004년 9월 7일 최종 수정본 채택