

유전자 알고리즘을 이용한 트러스의 최적단면설계

Genetic Algorithm Applied to Optimal Design of a Truss Structure

허 현행* 박 창훈* 윤 종열**

Heo, Hyeon-haeng Park, Chang-hun Yoon, Chong-yul

ABSTRACT

Genetic algorithms(GA) are based on the principles of natural genetics and natural selection. The algorithm searches an optimum design point using information based on the fitness function evaluated for the population of many design points. An application of GA on optimal design of a truss structure is studied. The terminology and the operating procedures common in GA are formalized by establishing similarities between GA and genetics from biology. In using GA, (1) coding of the design variables, (2) formulation of the fitness function, (3) setting of the termination condition, and (4) establishment of the probabilities are essential. These four points are discussed in the paper.

1. 서론

현재, 토목구조공학에 있어서 절차에 의한 해석(algorithmic solution)은 한계에 이르렀다. 따라서 토목구조설계의 질 향상, 시간 단축, 정보 교류의 신속성 및 정확성 향상을 위하여 전산화 방법으로 인공지능, 전문가 시스템, 신경망, 하이브리드(hybrid) 시스템, 유전자 알고리즘(genetic algorithm)등과 같은 다양한 기술의 적용과 개발이 추진되고 있다. 이 추세는 계속되는 컴퓨터 하드웨어와 소프트웨어 기술의 발전에 힘입어 앞으로도 유지될 전망이다. 본 논문은 트러스 구조물의 최적화 문제에 있어서 유전자 알고리즘의 적용성을 검토하고, 이 알고리즘의 수행단계를 체계화 하고자 한다.

유전자 알고리즘(이하 GA)은 생물학에 근원을 둔 유전학을 모델로 한 최적화 기법으로써 1975년 Holland[1]에 의해 처음 소개되었다. 1983년 Goldberg가 발표한 GA에 의한 가스 송유관의 최적설계 논문은 유전자 알고리즘을 한 단계 더 정립하였다[2]. 그 후 공학분야에서 Gen과 Cheng[3]은 설계 최적화, Adeli와 Cheng[4][5]은 구조물 최적화, Feng, Liu와 Burns[6]는 시공절차 최적화 등의 문제에 GA를 적용한 연구를 수행하였다. 트러스 최적화와 유사한 문제에 GA를 적용한 근래의 연구는 참고문헌 [7][8][9][10]에 보고되어 있다. 그러나 소개된 지 20년이 지난 지금도 유전자 알고리즘에 대한 명확한 설명, 다양한 선택사항을 정하는 지침, 절차에 대한 이론적인 증명이 미흡한 상태이다. 본 논문은 이러한 사항들을 정리함으로써 GA의 체계화에 기여하고 GA

* 홍익대학교 토목공학과 석사과정

** 홍익대학교 토목공학과 부교수

에 의한 트러스 최적화 문제를 풀음으로써 구조해석 분야에서의 GA 적용성을 검토하고자 한다. GA의 설명에 있어서는 유전학과 유사한 점을 활용하여 투명화 하였고 선택사항의 구분은 명확히 하였다. GA의 이론적인 증명은 본 논문에서 다루지 않았다.

2. 유전자 알고리즘

2.1. 유전자 알고리즘의 기본개념

GA는 자연도태와 생태계의 유전법칙인 적자생존의 법칙에 기본원리를 둔 확률적인 탐색 알고리즘이다[2]. 자연생태계는 복제(reproduction)와 교배(crossover) 그리고 변이(mutation)라는 일련의 과정을 거치면서 개체를 번식해 간다. 주변 환경에 잘 적응하는 우수한 형질을 갖는 개체는 그렇지 못한 개체보다 더 많은 자손을 남기게 된다. 즉, 우수한 개체가 주변 환경을 지배하게 되어 진화가 이루어진다는 것이 바로 GA의 큰 흐름이다. GA는 유전학에 근간을 두고 있으므로 유전학과 GA에서 사용하고 있는 용어를 비교하면 표 1과 같다.

표 1. 유전자 알고리즘과 유전학

유전자 알고리즘(GA)	유전학(genetics)
한 개체의 전체 비트	염색체(chromosome)
비트로 코드화된 설계변수	유전자(gene)
비트	유전자의 정보를 담고있는 형질
개체 전체의 복제 연산	적자생존
설계변수(코드화된 비트)의 교배 연산	자손생성
비트의 변이 연산	돌연변이(mutation)

2.2. 유전자 알고리즘의 특징

기존의 최적화 기법과 다른 GA의 특징은 다음 네 항목으로 정리할 수 있다.

- (1) 설계변수의 코딩(coding) : 여기서, 코딩이란 설계변수값을 염색체에 대응되는 2진수의 스트링(string)으로 표현하는 것을 말한다. 유전자로 대응되는 설계변수에 있어서 그 값이 최적해에 도달하는 확률은 일반적인 공학문제에서 등분포가 아니라 확률분포를 이루므로 이에 대한 연구가 요구된다. 코딩은 사상(encoding)과 역사상(decoding)으로 구분하고 해의 영역에서 GA공간으로의 대응을 사상이라 하며 GA영역에서 해의 영역으로 대응되는 것을 역사상이라고 한다.
- (2) 초기 집단의 형성 : 해는 초기 집단에서 시작하여 여러 개의 설계점을 갖는 집합으로 탐색한다. 이 절차는 하나의 설계점이 아닌 몇 개의 해가 후보해로 사용되기 때문에 국부해(local optimum)에 빠질 위험이 적어진다. 일반 공학문제는 초기 집단의 개체 선정에 있어서 대략적인 해의 추정이 가능하기 때문에 추정된 값으로 초기화가 가능함으로써 좀 더 좋은 부모 개체를 얻을 수 있다. 그러나 이러한 추정이 불가능할 경우는 해의 분포가 균일하다고 가정하고 임의의 값으로 초기화를 수행한다.
- (3) 적합도 함수(fitness function)의 설정 : 적합도 함수만의 정보를 이용하여 해를 탐색한다. 적합도 함수는 그 자체에 탐색에 필요한 모든 정보를 포함하고 있기 때문에 미분이나 다른 보조적 정보가 필요 없다. 그렇지만 일반적으로 다양한 설계변수와 이들의 복잡한 관계를 가지고 있는 문제에 대한 적합도 함수를 표현하고 수식화 하는 데에는 많은 연구가

필요하다. 적합도 함수는 목적함수(objective function), 벌칙함수(penalty function) 등으로 구성되며, 여기서 목적함수는 문제 해석의 주체가 된다.

- (4) 확률의 설정 : 결정론적 방법이 아닌 확률론적인 방법을 사용하므로 이에 따른 확률을 정해야 한다. 결정론적 방법을 사용하면 해의 영역을 탐색함에 있어서 한 점을 분석하기 때문에 비효율적이라고 볼 수 있으나 이에 비해 확률론적 방법은 여러 점을 적합도 함수에 따라 확률적으로 탐색하므로 효율적이라고 볼 수 있다. 그렇지만 확률론적 방법의 정확도는 선택해야 하는 확률의 정확도와 깊은 관계가 있다. GA에서 선택해야 할 확률은 복제확률(P_s), 교배확률(P_c), 변이확률(P_m)이다.

2.3. 유전자 알고리즘의 구조

유전자 알고리즘은 다음에 설명된 복제, 교배, 변이 연산으로 개체의 집합을 적합도 함수값에 따라 새로운 설계점들을 탐색하게 된다.

(1) 복제 연산 : 그림 1과 같이 부모집단을 P라 하고 자손집단을 O라 하면 O집단은 P집단에 존재하는 개체의 적합도에 따라 확률적으로 선택되어 형성된다. 적합도값이 상대적으로 높은 개체는 낮은 개체보다 복제가 많이 일어나 O집단에서 높은 점유율을 갖게 된다. 이러한 과정을 복제라 하며 복제되지 못한 개체가 소멸되는 것을 도태라 한다. 본 논문에서는 각 개체의 적합도값이 전개체의 적합도값에 비해하여 증가하도록 복제확률을 아래와 같이 표현하였다.

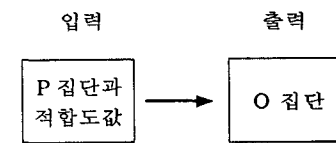
$$P_s = \frac{F_{Each}}{F_{Total}} \times 100 (\%) \quad (1)$$

여기서, F_{Each} = 각 개체의 적합도값

F_{Total} = 전 개체의 적합도값의 총합

(2) 교배 : O집단에서 두 부모 개체를 교배확률 P_c 에 의해 선택한다. 그 다음 두 개체의 유전학적 성질(gene)을 서로 교환하여 자손을 생성시킨다. 개체의 생성에 있어서 중요한 역할을 담당하는 교배는 여러 번 수행함에 따라 여러 종류의 개체가 생성되어 넓은 영역의 설계공간을 점점 탐색하게 된다. 교배 방법에는 1점교배(one-point crossover), 복수점교배(multipoint crossover), 일정교배(uniform crossover) 등 여러 가지 교배방법이 있다[3]. 이중 가장 간단한 방법인 1점교배를 하나의 예로 들면 그림 2와 같다. 왼쪽의 서로 형질이 다른 두 부모개체를 교배점의 위치에 따라 유전인자를 서로 교배한다. 교배를 수행하면 오른쪽과 같이 두 부모개체와 형질이 다른 자손이 생성된다. 이러한 과정을 계속 수행함으로써 넓은 해의 영역을 탐색할 수 있게 된다.

(3) 변이 : 변이 확률 P_m 에 따라 유전자의 형질을 바꾼다. 적합도 함수로부터 최적해를 탐색할 때 최적해가 아닌 국부해에 빠져들 위험이 있다. 만약 국부해에 빠졌을 때 이 지역을 벗어나 다른 곳으로 이



· 집단은 여러 염색체의 모임

그림 1. 복제 연산

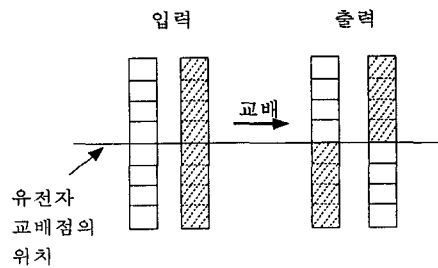


그림 2. 교배 연산

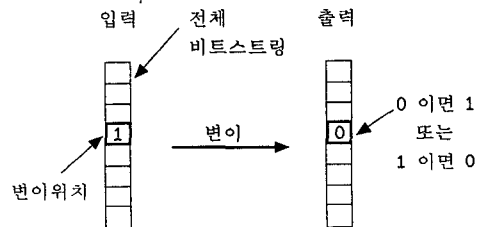


그림 3. 변이 연산

동하여 탐색할 수 있어야 한다. 이렇게 하기 위해 도입되는 것이 바로 변이이다. 변이는 그림 3과 같이 변이확률에 따라 0을 1로 또는 1을 0으로 바꾸어 준다. 변이 확률을 너무 크게 잡으면 최적해 탐색시 방향성을 잃어버릴 수도 있고 너무 작으면 국부해에서 빠져나갈 수가 없다. 그러므로 적당한 변이 확률을 입력해야 하는데 보통 1~0.5%의 확률을 쓴다.

유전자 알고리즘은 다음의 여섯 단계 절차로써 수행된다.

- 단계 1. 초기집단 P 생성 : 염색체의 개수와 염색체가 포함하고 있는 비트수를 결정한다.
 - 단계 2. 복제 : 복제를 통하여 P에서 P_s 와 적합도 함수에 의한 새로운 집단 O_R 를 생성한다.
 - 단계 3. 교배 : 교배를 통하여 O_R 에서 P_c 에 의한 새로운 집단 O_C 을 생성한다.
 - 단계 4. 평가 : O_C 에 있는 해들을 적합도 함수에 의해서 평가한다.
 - 단계 5. 종료 : 단계 4에서 종료조건이 '참'이면 종료하고 '거짓'이면 단계 6으로 간다. 종료 조건은 다양할 수 있으나 유전학적으로는 집단의 모든 개체가 같다는 상황이 종료조건이 될 수 있다.
 - 단계 6. 변이 : 변이를 통하여 O_C 에서 P_m 에 의한 새로운 집단 P를 생성하고 단계2로 간다.
- 위 절차를 절차흐름도로 나타내면 그림 4와 같다.

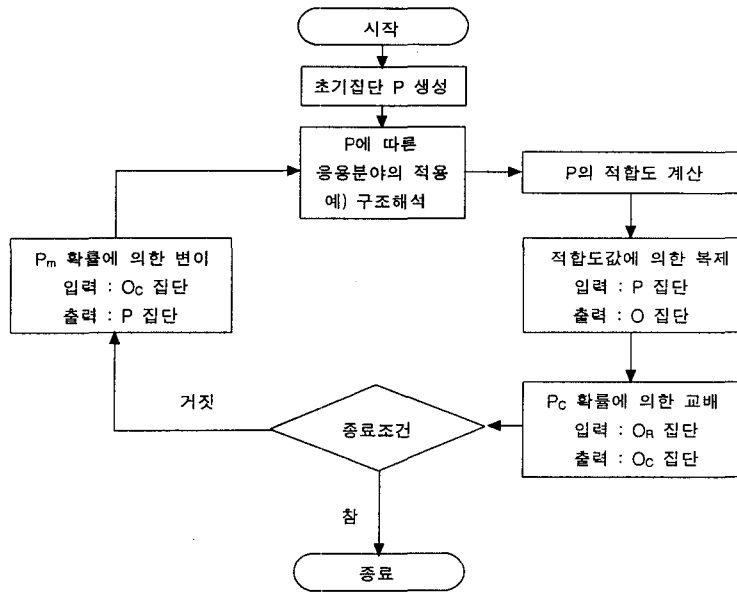


그림 4. 유전자 알고리즘의 흐름도

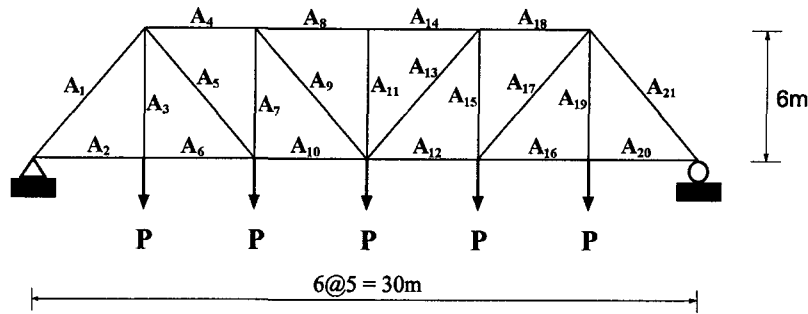
3. 유전자 알고리즘에 의한 트러스 최적단면설계

3.1. 트러스의 최적단면설계

본 연구에서 고려한 트러스 모델은 그림 5와 같으며 이 트러스는 21개의 부재로 이루어진 대칭 평면 트러스이다. 설계변수는 부재의 단면적이며 대칭을 고려하면 독립적으로 다음의 11개의 변수가 된다 :

$$A_i : i=1, 2, 3, \dots, 11.$$

여기서, A_i 는 i 부재의 단면적이며 A_{11} 은 중간 수직부재로써 대칭축이 된다. A_1 부터 A_{10} 은 왼쪽에 있는 부재의 단면적이며 오른쪽에 있는 부재의 단면적은 왼쪽 대칭 부재의 단면적과 같다고 가정한다.



• A_i 는 부재의 단면적.

그림 5. 평면 트러스 모델

표 2. 트러스의 최적화 조건

하중	P = 50 t	
사용 강재(A36)	탄성계수	2040.816 t/cm ² (200GPa)
	밀도	0.00785 kg/cm ³
부재의 허용응력(σ_a)	1500 kg/cm ²	
절점의 수직허용처짐(u_a)	3.75 cm	

주어진 최적화 조건으로는 하중값, 강재의 기계적 성질, 허용응력과 절점의 수직허용처짐이며 이 값들은 표 2에 정리되어 있다. 최적화 목적은 트러스 구조물의 전체 무게를 최소화 하는데 있다. 고려한 트러스는 정정구조물이므로 허용응력 조건만 존재하면 단순한 최적화 문제가 된다. 그 이유는 하중이 주어졌을 때 유일한 부재력 값이 평형식에 의해 구해지므로 최소단면적 값들은 축력을 허용응력으로 나눔으로써 구해진다. 그러나 이 문제는 단순하게 만족시킬 수 없는 허용처짐 조건이 포함되어 있다[11].

3.2. 트러스 문제에 유전자 알고리즘 적용

앞의 2.2절에서 설명하였듯이 최적화 문제에 GA를 적용하려면 다음 네가지 사항을 결정하여야 한다.

- (1) 설계변수 $A_1, A_2, A_3, \dots, A_{11}$ 의 비트 스트링 코드화 : 각각의 $A_i(i=1,2,\dots,11)$ 는 16비트의 유전자로 코드화 하였다. 유전자의 갯수는 11개이며 이들은 1개의 염색체를 형성하고 1개의 염색체는 176개의 비트로 연결된 스트링이 된다. 설계변수 또는 유전자 한 개에는 16개의 비트가 있으므로 2진법에 의하면 값의 범위가 0부터 $2^{16}-1(65,535)$ 이 된다. 이 범위를 설계변수의 유효 실수 영역으로 변환시켜야 하는데 범위를 0.000에서 65.535로 정함으로써 2진법에 의해 계산된 정수값을 1,000으로 나누어 설계변수의 실수값 영역과 비트 스트링으로 표현된 값의 연관성을 맺었다. 여기서, 실수 영역에서 설계변수는 확률적으로 등분포라고 '단순'하게 가정하였다.
- (2) 초기 집단의 형성 : 초기 집단은 임의로 39개의 염색체를 설정하고 각 염색체의 비트는 임의로 초기화 하였다. 여기서, 초기집단을 임의로 설정하는 것과 집단의 갯수를 정하는 것에 대해서는 깊은 고찰이 요구된다. 이 문제에서는 해의 영역 내에서 최적해에 대한 정보나 지식이 전혀 없다고 가정하였다. 초기 집단의 해의 수 '39'는 사용된 컴퓨터의 용량 한계에 의해 정해졌다.

(3) 적합도 함수의 설정 : 적합도 함수는 다음과 같이 정하였다.

$$F' = \sum_{i=1}^n \rho A_i L_i + \sum_{j=1}^6 \begin{cases} 0 & \text{if } u_j \leq u_a \\ \alpha \left(\frac{u_j}{u_a} - 1 \right)^\beta & \text{if } u_j > u_a \end{cases} + \sum_{i=1}^n \begin{cases} 0 & \text{if } \sigma_j \leq \sigma_a \\ \gamma \left(\frac{\sigma_j}{\sigma_a} - 1 \right)^\eta & \text{if } \sigma_j > \sigma_a \end{cases} \quad (2)$$

$$F = \frac{c}{F'} \quad (3)$$

여기서, ρ : 재료의 밀도
 L : 부재 길이
 $\alpha, \beta, \gamma, \eta$: 벌칙함수의 계수
 i : 절점 번호
 j : 부재 번호
 a : 아래 첨자로서 허용을 나타냄
 u : 수직 처짐
 σ : 응력
 c : 적합도 함수의 계수
 F : 적합도 함수

이 문제에서 사용된 벌칙함수의 계수는 $\alpha=1.0$, $\beta=1.0$, $\gamma=1.0$, $\eta=1.1$ 로 정하였고 적합도 함수의 계수는 $c=10000$ 을 사용하였다. 적합도 함수를 산정하는데 있어서, 설계에 대한 목적함수(식 (2)의 첫째 항)는 구조물의 무게로 하고 벌칙함수(식 (2)의 둘째, 셋째 항)는 구조물에 작용하는 처짐과 응력으로 하여 적합도 함수를 식 (2)로 표현한다. 계수 α , β , γ , η 는 1.0~2.0 사이의 값을 사용하며 가장 큰 적합도값이 나타날 때의 계수값을 반복 수행에 의해서 결정한다. 식 (3)은 적합도 함수를 표현한 것으로 이 함수에 사용된 적합도 함수의 계수 c 는 적합도값이 너무 커지는 것을 막기 위해서 임의로 정하여 사용하였다. 적합도 함수는 구조물의 전체 무게, 응력, 그리고 처짐에 대한 사항만 고려하는 것으로 가정한다. 허용처짐과 허용응력이 최적화 문제의 적합도에 기여하는 역할은 기본 형태가 다르나 '간단'하게 유사한 벌칙함수의 형태로 다루었다.

(4) 복제확률(P_s), 교배확률(P_c), 변이확률(P_m)의 적용 : 복제확률은 식 (1)에서 나타낸 것과 같이 각 염색체의 적합도값을 한 세대에서의 적합도값의 총합으로 나눈 것이며 교배확률과 변이확률은 각각 100%, 1%로 임의로 정하여 사용하였다. 복제확률에 의해서 각 개체는 도태되거나 복제되게 된다. 개체는 교배가 이루어질 것인지 아닌지를 교배확률에 의해서 결정하게 되는데 교배확률을 100%로 정함으로써 모든 개체가 교배에 참여할 수 있도록 하였다. 본 문제에서는 1점교배를 사용하였으며 교배의 위치는 유전자와 유전자 사이에서 이루어지도록 한다. 교배가 이루어진 후 개체는 변이확률에 따라 변이가 발생되는데 이 확률을 1%로 하여 국부해에 빠지는 것을 보완하도록 하였다.

3.3. 유전자 알고리즘의 실행 및 결과

본 연구에서 사용한 컴퓨터는 586-Pentium PC이고 GA 프로그램은 C언어로 개발하였으며 구조 해석 부분은 FORTRAN으로 작성된 코드를 일부 수정하여 사용하였다. 유전자 알고리즘의 실행

은 임의의 값에 의해 염색체를 형성하고, 각각의 염색체를 역사상하여 구조해석 프로그램의 입력 파일을 생성한다. 구조해석 프로그램은 해석 결과를 출력파일로 기록한다. 이렇게 해서 생성된 출력파일로 적합도값을 계산하고 이에 따라 복제, 교배, 변이의 일련 과정을 종료조건이 만족될 때까지 반복한다. 이때 염색체는 적합도값에 따라서 그 수가 증감될 수 있으며, 프로그램의 수행은 속도의 향상을 피하기 위하여 램드라이브를 설정하고 램에서 모든 절차를 수행하도록 하였다.

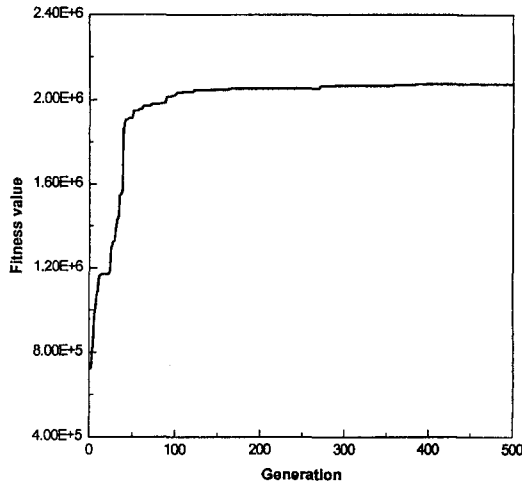


그림 6. 세대 증가에 따른 적합도값의 변화

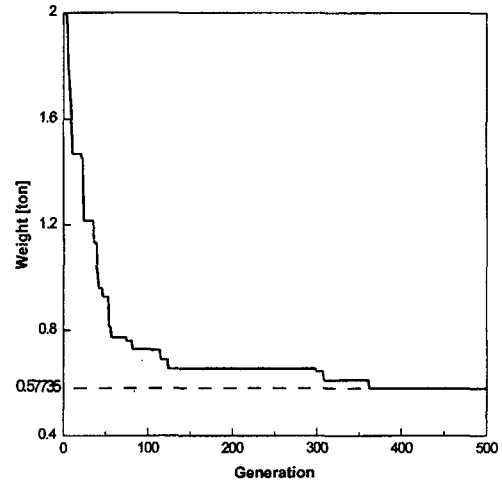


그림 7. 세대 증가에 따른 무게의 변화

프로그램 수행에 의해서 얻어진 결과인 적합도와 트러스의 무게는 그림 6과 7에 나타나 있다. 그림 6에서 보이는 바와 같이 50세대 정도까지는 적합도값이 급격히 증가하고 385세대가 지나면 적합도값은 일정하게 된다. 세대 증가에 따른 트러스 구조물의 전체 무게도 그림 7과 같이 50세대 정도까지는 급격히 감소하며 그 이후는 감소량이 줄어들고 362세대 이후는 일정하게 된다. 이렇게 해서 얻어진 최적단면적은 표 3과 같다.

표 3. 유전자 알고리즘에 의한 최적단면적

설계변수	단면적(cm^2)
A ₁	16.483
A ₂	7.949
A ₃	3.551
A ₄	13.246
A ₅	8.625
A ₆	8.938
A ₇	4.527
A ₈	15.761
A ₉	5.718
A ₁₀	13.873
A ₁₁	0.278

표 3의 단면적을 사용하여 구조해석 프로그램으로 해석한 결과 최대 처짐은 3.74 cm, 최대 응력은 1.408 t/cm^2 으로 표 2에서 주어진 최적화 조건을 모두 만족하는 단면적을 유전자 알고리즘을

이용하여 찾았다. 이 단면들이 절대 최적임은 확인할 수 없다.

4. 결 론

본 논문에서는 트러스 구조물의 최적화 문제에 유전자 알고리즘을 사용하여 그 적용성을 검토하였고 이 알고리즘의 수행단계를 체계화 하였다. 유전자 알고리즘을 이용하여 트러스 구조물의 최적단면설계에 있어 제약조건인 최소무게, 허용처짐, 허용응력을 만족하는 최적단면을 산정하여 적용성의 가능성을 확인하였다. 현재까지 확립되어 있지 않은 유전자 알고리즘의 용어와 수행절차를 유전학의 기본 이론에 근거하여 체계화 하였다. 설계변수에 있어서 그 변수값이 최적해를 갖을 확률은 일반적인 공학문제에서 등분포가 아니라 확률분포를 이루므로 이에 대한 영향이 고려되어야 하지만 현재까지 확률분포의 영향에 대한 연구가 미흡하여 앞으로 이에 대한 연구가 요구된다. 그리고 유전자 알고리즘을 사용하는데 초기집단의 형성, 적합도 함수의 설정, 확률 선택에 대한 구체적인 연구에 근거한 지침이 필요하다.

5. 참고문헌

- [1] Holland, J.H., *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, Univ. Michigan Press, Ann Arbor, Mich., 1975.
- [2] Goldberg, D.E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison-Wesley, New York, N.Y., 1989.
- [3] Gen, M. and Cheng, R., *Genetic Algorithms and Engineering Design*, John Wiley & Sons, New York, N.Y., 1997.
- [4] Adeli, H., and Cheng, N.T., "Integrated Genetic Algorithm for Optimization of Space Structures", *J. Aerosp. Engrg., ASCE*, Vol.6, No.4, 1993, pp.315-328.
- [5] Adeli, H., and Cheng, N.T., "An Augmented Lagrangian Genetic Algorithms for Structural Optimization", *J. Aerosp. Engrg., ASCE*, Vol.7, No.1, 1994, pp.104-118.
- [6] Feng, C.W., Liu, L., Burns, S.A., "Using Genetic Algorithms to Solve Construction Time-Cost Trade-Off Problems", *J. Comp. in Civ., Engrg., ASCE*, Vol.11, No.3, 1997, pp.184-189.
- [7] 양영순, 김기화, "실수형 Genetic Algorithm에 의한 최적 설계", *Journal of the Computational Structural Engineering Institute of Korea*, 제8권, 제2호, 1995, pp.123-132.
- [8] Soh, C.K., and Yang, J.P., "Fuzzy Controlled Genetic Algorithm Search for Shape Optimization", *J. Comp. in Civ., Engrg., ASCE*, Vol.10, No.2, 1996, pp.143-150.
- [9] Yang, J.P., "Development of Genetic Algorithm Based Approach for Structural Optimization", Ph.D. Thesis, Nanyang Technol. Univ., Singapore, 1996.
- [10] Yang, J.P. and Soh, C.K., "Structural Optimization by Genetic Algorithms with Tournament Selection", *J. Comp. in Civ., Engrg., ASCE*, Vol.11, No.3, 1997, pp.195-200.
- [11] Rao, S.S., *Engineering Optimization Theory and Practice, 3rd ed.* John Wiley & Sons, New York, N.Y., 1996.