

병렬분산 유전자 알고리즘을 이용한 선형 최적화에 관한 연구

조민철* · 박제웅* · 김윤영**

*조선대학교 선박해양공학과

**큐슈대학교 해양시스템공학과

A Study on the Hull Form Optimization Using Parallel-Distributed Genetic Algorithm

MINCHEOL CHO*, JEWOONG PARK*, AND YUNYOUNG KIM**

*Dept. of Naval Architecture and Ocean Engineering, Chosun University, Korea

**Dept. of Marine Systems Engineering, Kyushu University, Japan

KEY WORDS: Parallel-Distributed Genetic Algorithm 병렬분산 유전자 알고리즘, Hull Form Optimization 선형 최적화

ABSTRACT: 지금까지의 선형 최적화에 대한 연구는 고전적인 최적화 기법인 비선형계획법과 유동해석법을 중심으로 생물의 진화 알고리즘을 바탕으로 한 유전자 알고리즘과 인공지능에 기초를 둔 신경망이론 등이 이용되어 왔다 또한 최근 컴퓨터의 성능이 급속도로 향상됨에 따라 전산유체역학에 기초한 시뮬레이션 평가기법도 사용되고 있다

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용한 선형 최적화 방법을 제시하였다 그리고 광역 최적해의 효과적인 검색과 빠른 접근을 위한 방법으로 네트워크 시스템을 기반으로 한 병렬분산 유전자 알고리즘 시스템(PDGAS)을 개발하였으며 그 성능을 기존의 진화 알고리즘과 비교·분석함으로써 선형 최적화의 가능성을 확인하였다.

1. 서 론

생물의 진화 과정인 자연선택과 유전법칙에 기초한 유전자 알고리즘은 1975년 Holland의 논문 "Adaptation I Natural and Systems"에서 처음 소개된 이래 외판원문제, 분할문제, 설비배치문제 그리고 조립라인 밸런싱 등 여러 최적화 문제에 적용되어 왔다. 이러한 유전자 알고리즘의 가장 큰 특징은 설계변수와 제약조건 그리고 목적함수를 이용하여 비교적 간단한 방법으로 문제의 광역 해를 확률적 탐색기법으로 얻는다는 것이다.

본 논문에서는 기존의 선형이 유전자 알고리즘을 통해 최소화할 수 있는 선형으로 진화할 수 있다는 가정 하에 최적화 문제를 접근하였으며, 최적 선형을 생성하기 위한 유전자 알고리즘의 설계변수, 제약조건 그리고 목적함수에 대해 정의하였다. 또한, 본 최적화 문제에 있어서 기존의 유전자 알고리즘이 갖는 단점과 이를 해결하기 위한 방법으로 병렬분산 유전자 알고리즘을 제시하였으며, 기존의 최적화 알고리즘과의 비교를 통해 가능성을 확인하였다.

2. 연구방법

2.1 선형 최적화 문제와 유전자 알고리즘

2.1.1 선형 최적화 문제

본 논문에서 제시하고 있는 선형 최적화 문제는 유전자 알

고리즘의 진화과정을 기초하고 있다.

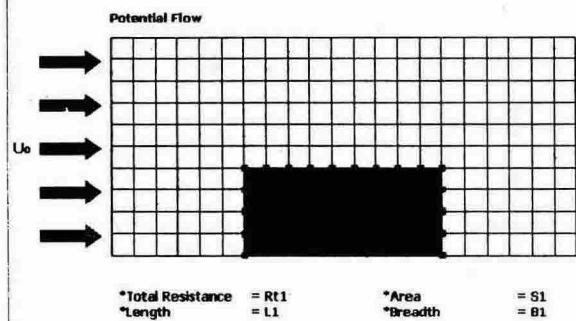


Fig. 1 Before the evolution

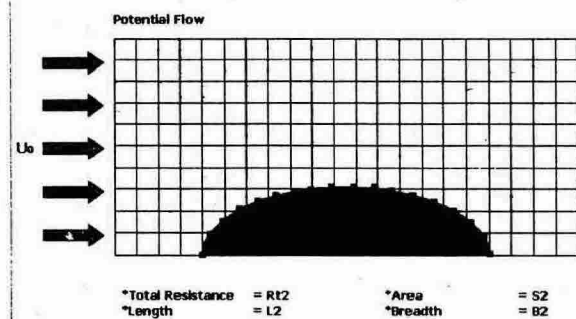


Fig. 2 After the evolution by Genetic Algorithm

Fig. 1은 길이와 폭이 $L1$, $B1$ 이고 면적이 $S1$ 인 단면체가 유속 $U0$ 에서 갖는 저항을 $Rt1$ 이라고 가정한 것이다.

Fig. 2는 Fig. 1의 단면체를 이루는 18개의 점을 설계변수로, 경계부분의 압력분포를 목적함수로 정의하고, 시작과 끝점은 X축으로만 이동이 가능하고, 이외의 16개의 점은 X-Y축으로 이동할 수 있도록 제약조건을 정의한다고 가정하였을 때, 기대되는 결과와는 다음과 같다.

예 상 결 과	
$Rt1 > Rt2$	저항의 감소
$S1 \approx S2$	면적 동일 ($\epsilon = 0.001\%$)
$L1 < L2$	길이의 증가
$B1 > B2$	폭의 감소

2.1.2 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘의 기본 요소인 설계변수, 제약조건, 그리고 목적함수를 다음과 같이 정의하였다.

- 설계변수

station과 waterline이 이루는 교점. Offset의 데이터를 이용하여 station별 lines를 생성하고 사용자 입력에 의한 waterline 간격을 바탕으로 두 직선간의 교점을 구한다.

- 제약조건

설계변수(교점)의 위치, 배수량 오차 그리고 최대길이 제한.

- 목적함수(Minimal Total Resistance)

조파저항1 : 유한소스 분포법(Lunde's Method)에 의해 계산
 조파저항2 : Potential Flow 계산에 의한 단위 surface에 미치는 압력분포 분석.

마찰저항 : ITTC-1957에 의해 계산

전저항 : 조파저항1 or 조파저항2 + 마찰저항

유전자 알고리즘의 목적함수를 통해 개체의 적합도를 평가하는데 있어 Population Size와 Chromosome Length의 크기에 따라 컴퓨팅 시간의 차이가 매우 클 것으로 사료 되므로, 목적함수에서 조파저항2를 먼저 수행하여 본 논문에서 제시하고 있는 최적화 문제의 타당성을 평가될 것이다.

2.2 유전자 알고리즘의 문제점

일반적인 유전자 알고리즘의 요소들은 다음과 같다.

- Generation Size : 진화과정의 반복 횟수를 의미한다. Gen Size가 작을 경우 충분한 진화과정을 갖지 못하므로 지역 해에 빠질 위험이 있으며, 클 경우 해의 검색 이후 불필요한 진화과정을 수행하게 된다.

- Population Size : 한 세대에 존재할 개체의 수를 의미한다. 각각의 개체는 잠재적인 문제의 해를 의미하므로, 유전연산 Pop Size가 작을 경우 지역 해에 빠질 위험이 높으며, 클 경우 해의 영역이 커져 광역 해로의 접근 확률은 높아지나 컴퓨팅 시간을 많이 소요하게 된다.

- Chromosome Length : 설계변수의 수와 각각의 변수가 갖는 범위에 따라 이진스트링의 길이가 결정된다. 고정도의 결

과 값을 얻고자 할 경우 범위에 따른 이진스트링의 길이가 길어지게 되며, 이로 인한 유전연산의 컴퓨팅 시간이 길어질 것으로 예상된다.

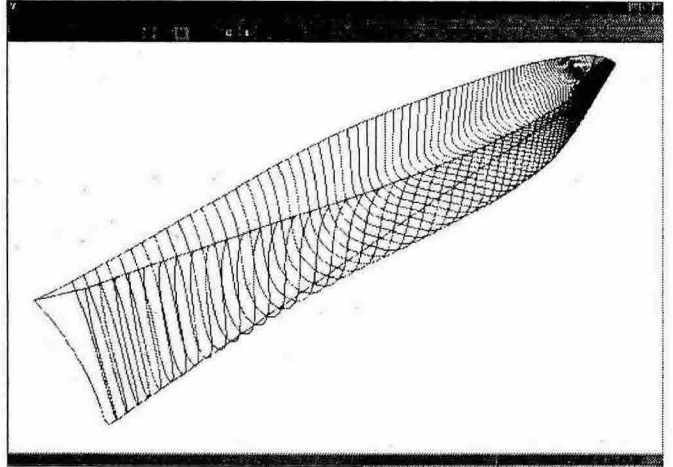


Fig. 3 Hull form of Series 60. ($Cb = 0.60$)

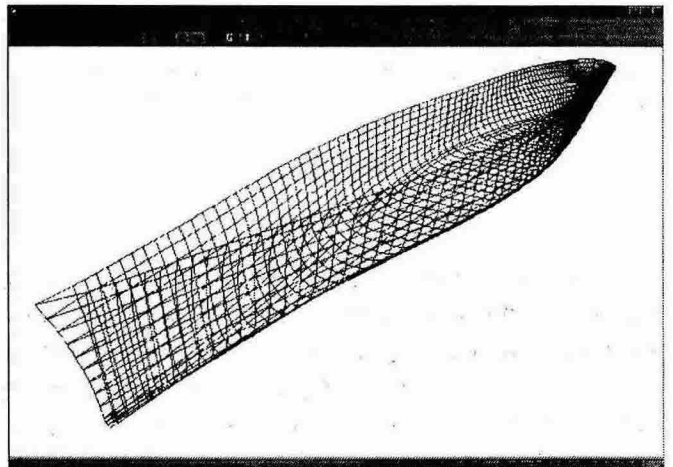


Fig. 4 Generation of waterline by user Input.

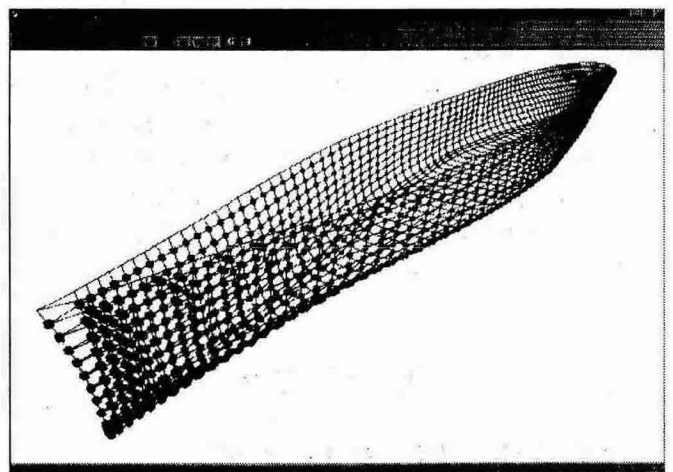


Fig. 5 Generation of points by station and waterline.

본 연구를 통해 개발한 GAVIEWER는 상용 CFD 프로그램인 SHIPFLOW에서 사용되는 Offset 파일을 읽어 들여 3차원으로 가시화하고, 사용자의 입력을 받아 Fig. 4와 같은 waterline을 생성한다. 또한, 최종적으로 얻고자 하는 station과 waterline에 의해 생성되는 교점을 Fig. 5와 같이 얻을 수 있다. 얻어진 교점은 유전자 알고리즘의 설계변수로 사용될 수 있도록 프로토타입을 정의하여 파일로 저장할 수 있도록 하였다.

Fig. 5에서 알 수 있듯이 선형이 symmetry 형태임을 고려하더라도 Port side의 설계변수는 916개가 되며, 정밀도를 고려한 VPB(Variable Per Bits)수는 16이다. 만약 PopSize가 500이고 GenSize가 200이라고 한다면, 해를 구하기 위해 필요한 유전연산 및 적합도 계산의 프로세스는 1,465,600,000이다.

이는 "CPU : Pentium 4 1.7GHz, RAM : 512MB, HDD : 40GB"인 컴퓨터에서 15분이 소요되는 작업이다. 만약 광역해의 검색이 용이하도록 PopSize를 증가시키거나, 고정도의 값을 얻기 위해 VPB를 증가시킨다면 기존의 단순 유전자 알고리즘으로는 계산할 수 없다는 결론을 얻게 될 것이다.

본 연구의 특성과 같이 많은 설계변수와 넓은 영역의 탐색 공간을 필요로 하는 최적화 문제는 병렬 및 분산 시스템의 도입이 필수적이다.

2.3 병렬 유전자 알고리즘의 적용

병렬 유전자 알고리즘은 하나의 큰 모집단을 여러 개의 부분 모집단으로 나누어 서로 격리된 부분 모집단이 서로 독립적이면서 병렬로 진화해 가는 유전자 알고리즘이다.

병렬 유전자 알고리즘의 종류에는 모집단을 몇 개의 부분모집단으로 나누고 이들 부분모집단을 각기 독립적으로 일정세대 동안 진화시킨 후 어느 한 세대에서 부분 모집단 간의 이주가 일어나는 섬모델(Island Model)과 각 개체들이 독립적으로 그 이웃에 있는 개체들과 선별과 유전연산을 병렬로 행하면서 진화하는 이웃모델(Neighborhood Model)이 있다.

이웃모델은 고가의 병렬처리시스템을 기반으로 구성되어지는 모델로써, 보급 PC에서의 알고리즘을 구현하기란 매우 어려울 것이다.

본 연구의 특성에 맞는 모델은 섬모델 알고리즘으로 넓은 해의 영역을 확보하고 적절한 이주를 통해 광역해로의 접근 확률을 높임으로써 최적화 문제를 해결할 수 있을 것이다.

3. 병렬분산 유전자 알고리즘

3.1 기초 이론

병렬 유전자 알고리즘의 한 종류인 섬모델은 하나의 큰 모집단을 몇 개의 작은 부분 모집단으로 나누어 각 부분모집단을 일정세대 동안 독립적으로 진화시킨 후, 각 부분 모집단의 일정 개체들을 이웃하는 부분모집단상호간에 이주 시킨다. 이와 같은 과정을 종료조건이 만족될 때 까지 반복함으로써 해를 탐색하는 방식의 알고리즘이다.

섬모델의 두 가지 자연법칙

- 이형종분화(異形種分化:allopatric speciation) : 공통 조상을 가

진 개체들이 지리적 분리에 따라 새로운 종으로 빠른 진화를 한다는 법칙.

- 정지상태(stasis) 법칙 : 어떤 집단이 안정된 환경에서 평형상태에 도달하면, 유전자 구성은 더 이상 변화하지 않고 지속성을 유지하려 한다는 법칙.

Fig. 6은 병렬 유전자 알고리즘의 프로세스를 나타낸 것으로 단순 유전자 알고리즘과 동일한 프레임 을 갖고 있으나 이주연산이 추가되었음을 알 수 있다.

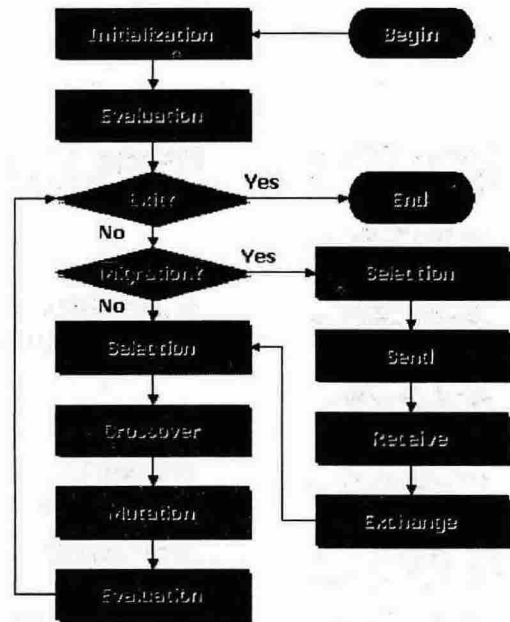


Fig. 6 Flowchart of Parallel Genetic Algorithm.

3.2 알고리즘 구현

본 연구를 통해 개발된 GAServer와 GAClient는 근거리 네트워크 시스템을 기반으로 TCP/IP 프로토콜을 이용하여 병렬 분산 프로세스를 수행하는 MIMD(Multiple Instruction stream Multiple Data stream) 형태의 병렬처리시스템이다.

네트워크 시스템을 기반으로 병렬 유전자 알고리즘을 구현하기 위해서는 TCP/IP 프로토콜을 이용하여 프로그램 수행을 위해 필요한 명령과 데이터를 송·수신하는 모듈과 유전자 알고리즘을 구동하는 모듈이 필요하다.

- 구동 명령 및 전송 데이터

- 1) 유전자 알고리즘의 기본요소 전달 명령
GenSize, PopSize, SubpopSize, VarSize, BitLength, RandomSeed, Pcrossover, Pmutation, MigrationInterval, MigrationRate, MigrationSize 등을 전달.
- 2) 병렬 유전자 알고리즘 구동 명령
Fig. 6과 같은 기본 프로세스를 수행하도록 명령.
- 3) 이주(Individual Selection) 명령
GAClient의 개체들 중 적합도가 높은 것들을 선택.

- 4) 이주(Individual Send) 명령
GAClient에서 선택된 개체들을 GAServer에 위치한 Seed Pool로 전송.
 - 5) 이주(Individual Receive) 명령
GAServer의 Seed Pool에서 적합도가 높은 개체를 GAClient로 전송.
 - 6) 이주(Individual Exchange) 명령
GAClient의 기존 개체를 GAServer에서 받은 개체로 교체.
- Fig. 7은 Visual C++ 6.0의 CSocket을 이용한 Server와 Client의 연결 방식을 나타낸 것으로, Client가 Server로 접속할 때 마나 Server에서 새로운 Socket을 생성하는 것을 알 있다.

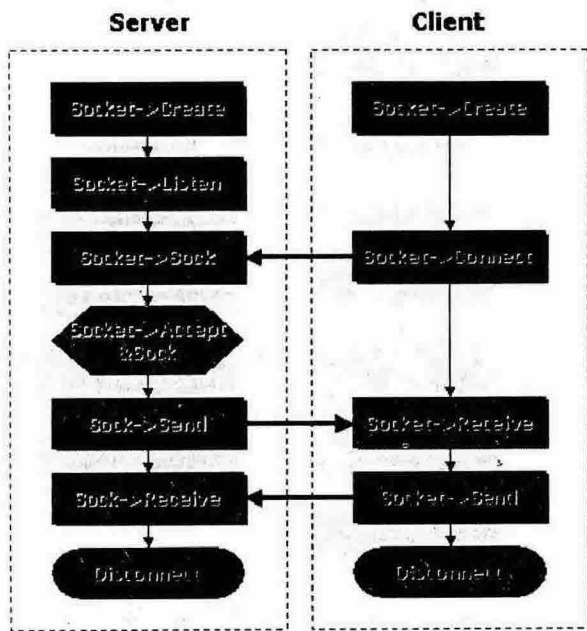


Fig. 7 Connection between server and client

Fig. 8은 병렬분산 유전자 알고리즘의 기본 개념을 나타낸 것으로, 단일의 GAServer에 N개의 GAClient가 접속하여 PDGA를 구동하는 것을 의미한다.

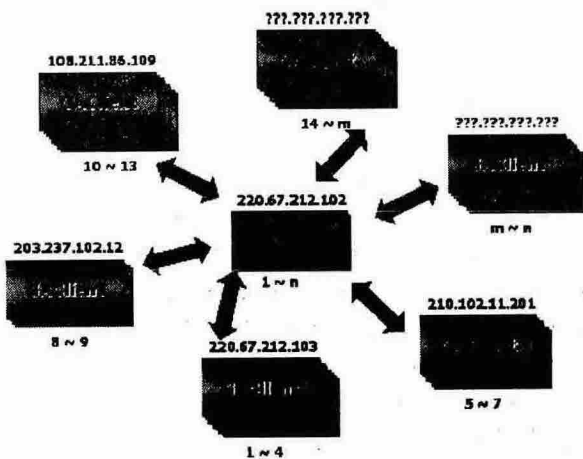


Fig. 8 Basic concept of PDGA System.

3.3 테스트 및 비교 · 분석

3.3.1 GAServer와 GAClient 접속 테스트

- 사용 PC : 20 대
- Client/PC : 25 개
- GAClient : 500 개
- 이주간격 : 50 세대
- 목적함수 : $f(x) = \sum_{i=1}^{1000} x_i$
- 설계변수 : 1000 개
- 제약조건 : $-5 \leq (x_1, x_2, \dots, x_{1000}) \leq 5$
- 광역해 : -5000.0

Method	Generation	Global Minimum
PDGA	90	-5000.0

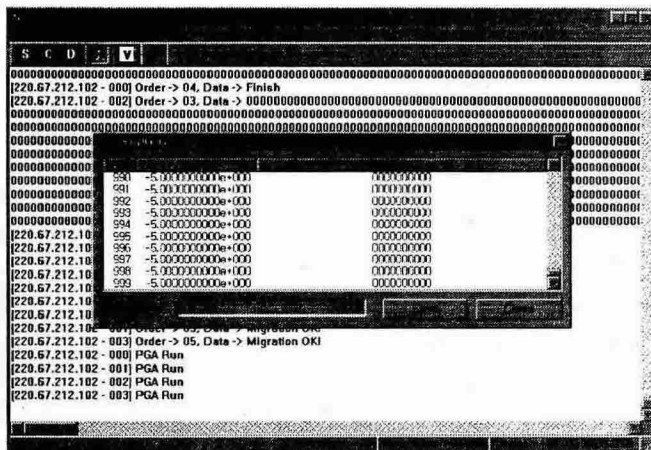


Fig. 9 Result of connection test

3.3.2 Himmelblau's function

- GAClient : 4 개
- 이주간격 : 50 세대
- 목적함수 : $f(x) = (x_1^2 + x_2 - 11)^2 + (x_1 + x_2^2 - 7)^2$
- 설계변수 : 2 개
- 제약조건 : $-6 \leq (x_1, x_2) \leq 6$
- 광역해 : 0

Method	Number of best trials	Global Minimum
PDGA	48 Generation	2.7257684078e-009
μ CSA	78,289	0.0
SGAs	34,912	0.0
μ GAs	385	0.0
SA	90,631	0.021196
HSGT	100	0.0
SS	None	0.0

Appendix

Method	Full Name	Reference
PDGA	Parallel-Distributed Genetic Algorithm	Cho et al., (this pater)
μ GSA	Micro-Genetic Simulated Annealing	Kim et al., 2003; Kim, 2003
SGAs	Simple-Genetic Algorithms	Kim et al., 2002; Kim, 2002
μ GA	Micro-Genetic Algorithms	Kim et al., 2003
SA	Simulated Annealing	Kim et al.,
HSGT	Hybrid Scatter Genetic Tabu	Trafalis and Lasap, 2002
SS	Scatter Search	Glover et al., 2003

참 고 문 헌

- 김여근, 윤복식, 이상복 (1999). "메타 휴리스틱", 영지문화사, pp.151-174
- 이귀주 (2000). "선박저항", 정자나무, pp. all
- 이상엽 (1998), "Visual C++ Programming Bible Ver.6.x", 영진출판사, pp.1610-1634.
- Erick Cantú-Paz (2000). "Efficient and Accurate Parallel Genetic Algorithms", Kluwer Academic Publishers, pp.97-120
- David E. Goldberg (1989). "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning", Addison-Wesley Publishing Company, Inc., pp.59-88.
- D.T. Pham and D. Karaboga (2000). "Intelligent Optimisation Techniques", Springer, Appendix 3.
- Lance Chambers (1995). "Practical Handbook of GENETIC ALGORITHMS Applications Volume I", CRC Press, pp.60-62.
- Lou Baker and Bradley J. Smith (1997). "병렬 프로그래밍 Parallel Programming", 삼각형, pp.24-66.
- Mitsuo Gen and Runwei Cheng (1997). "Genetic Algorithms and Engineering Design", John Wiley & Sons, Inc., pp.16-31, pp.34-41.
- Philip M. Cherhart, Richard J. Gross, and John I. Hochstein (1992). "Fundamentals of Fluid Mechanics Second Edition", Addison-Wesley Publishing Company, Inc., pp.657-742.
- Richard S.Wright and Jr. Michael Sweet (2000). "OpenGL Super Bible Second Edition", Waite Group Press, pp. all
- Yunyoung Kim, Koji Gotoh, and Masahiro Toyosada (2003). "Hybrid Micro-Genetic Simulated Annealing Approach For Nonlinear Global Optimization", 2003년도 국제초청세미나, 조선대학교 선박해양공학과 세미나실.