

유전 알고리즘을 이용한 강성회전체의 평형잡이

양 보 석* · 주 호 진**

Balancing of a Rigid Rotor using Genetic Algorithms

B. S. Yang · H. J. Joo

Key words : Genetic algorithms(유전 알고리즘), Balancing(평형잡이), Rigid rotor(강성회전체), Unbalance vibration(불평형 진동), Least squares method(최소자승법), Influence coefficient method(영향계수법)

Abstract

This paper describes a new approach to solve balancing of a rigid rotor. In this paper, the balancing of the rigid rotor using genetic algorithms, which are search algorithms based on the mechanics of natural selection and natural genetics is proposed. Under the assumption that the initial vibration values used to calculate correction masses contain errors, the influence coefficient method, the least squares method and a genetic algorithm are compared. The results show that the vibration amplitude obtained with the least squares method and the genetic algorithm is smaller than that obtained with the influence coefficient method.

1. 서 론

거의 모든 회전체(Rotor)의 경우, 오늘날 평형잡이(Balancing)는 기계의 수명을 증가시키고 기계의 성능을 향상시키며, 부드럽고 진동이 없는 운전을 위해서 절대적으로 중요한 것으로 간주되고 있다. 강성회전체(Rigid rotor)의 평형잡이에는 현재 평형잡이 기계(Balancing machine)에 회전체를 장착하여, 초기 불평형진동을 계측하고, 영향계수를 이용하여 수정량을 계산하는 영향계수법이 채

용되고 있다. 이 영향계수법에 의한 평형잡이 정도는 초기불평형진동 및 영향계수의 측정오차에 의존한다. 평형잡이 할 때의 계측에 오차가 발생하는 이유로서는, 장기간 사용에 의한 진동센서의 감도 변화 또는 평형잡이 장치의 동작불량 등이 있다. 또 회전체를 대량생산하는 경우에는 회전체 상호간의 기계적 차이나 평형잡이 장치에의 부착 오차가 영향계수의 오차로 된다. 일반적으로 계측오차를 피하는 것은 어렵고, 계측오차의 영향을 적게 하는 것이 바람직하며, 최소자승 평형잡이법의 적

* 정회원, 부산수산대학교 기계공학과

** 정회원, 부산수산대학교 대학원

용이 제안되고 있다. 최소자승법은 다수의 데이터를 평균적이고 통계적으로 처리하는 것이 기본으로 되어 있기 때문에, 비교적 계측오차의 영향을 받기 어렵다고 생각되고 있다. 최소자승 평형잡이법은 오차를 포함한 영향계수를 이용한 평형잡이의 데이터로부터 영향계수를 수정하는 것에 의해, 정도가 높은 평형잡이가 달성되고 있다¹⁾.

최근, 생물의 진화원리(선택도태, 교배, 돌연변이)에 착상을 얻은 학습 알고리즘으로 유전학과 자연도태의 개념을 근거로 한 확률적 탐색시스템, 최적화 방법의 하나인 유전 알고리즘이 공학분야에의 적용이 시도되고 있다²⁾.

본 논문에서는 강성회전체의 평형잡이에 유전 알고리즘을 이용한 평형잡이법을 새로이 제안한다. 최적 수정량은 유전 알고리즘에 의해 평가함수로부터 최적화된다. 그리고 강성회전체의 초기진동에 계측오차를 포함한 경우를 고려하여, 유전 알고리즘에 의한 평형잡이 정도를 수치 시뮬레이션에 의해 기존의 수법인 영향계수법 및 최소자승법과 비교 검토하였다.

2. 평형잡이 계산식

2.1 잔류진동

평형잡이 장치에 있어서 진동측정점 $m(m=1, 2, \dots, M)$ 의 초기 불평형진동을 A_m , 수정면 $n(n=1, 2, \dots, N)$ 의 수정량을 W_n , mn 간의 영향계수를 α_{mn} 이라 하면, 평형잡이후의 잔류진동 ϵ_m 은 다음과 같이 표시된다.

$$\epsilon_m = A_m + \sum_{n=1}^N \alpha_{mn} W_n \quad (1)$$

평형잡이의 목적은 식 (1)로 표시되는 잔류진동 ϵ_m 을 최대한 작게 되도록 수정량을 결정하는 것이다.

2.2 수정량의 계산식

기존의 수정량을 구하는 방법은 측정된 진동 데이터의 수 M 과 수정면 수 N 에 의해 2종류의 계산 방법이 있다.

2.2.1 영향계수법

진동측정 데이터의 수 M 과 수정면 N 이 같은 경우에는 영향계수법이라 불리우는 평형잡이법을 이용할 수 있다. $M=N$ 의 경우에는 잔류진동을 나타내는 방정식의 수와 미지수인 수정량의 수가 같고, 식 (1)에 의해 모든 잔류진동을 0으로 하는 수정량 W_n 을 결정할 수 있다. 즉,

$$A_m + \sum_{n=1}^N \alpha_{mn} W_n = 0 \quad (m = 1, 2, \dots, M) \quad (2)$$

으로 하면, 수정량 W_n 은 다음식과 같이 나타낼 수 있다.

$$\begin{bmatrix} W_1 \\ \vdots \\ W_N \end{bmatrix} = - \begin{bmatrix} \alpha_{11} & \cdots & \alpha_{1N} \\ \vdots & & \vdots \\ \alpha_{M1} & \cdots & \alpha_{MN} \end{bmatrix}^{-1} \begin{bmatrix} A_1 \\ \vdots \\ A_M \end{bmatrix} \quad (3)$$

2.2.2 최소자승법

초기진동의 측정 데이터수 M 이 수정면의 수 N 보다도 많은 경우에는 식 (1)로부터 직접적으로 해를 구할 수 없다. 그러므로 각 측정점의 잔류진동의 제곱합을 최소화하는 조건하에서 수정량을 구하는 최소자승법이 이용된다. 최소자승법에서 평가함수 J 는 다음식으로 정의되고, 이 J 를 최소로 하는 수정량을 최적수정량으로서 구하는 것이 된다.

$$J = \sum_{m=1}^M |\epsilon_m|^2 \lambda_m \quad (4)$$

여기서 λ_m 은 잔류진동 ϵ_m 의 크기를 조정하기 위한 가중치 계수이다. 평가함수 J 를 최소로 하는 조건식은 다음과 같다.

$$\frac{\partial J}{\partial W_1} = \frac{\partial J}{\partial W_2} = \cdots = \frac{\partial J}{\partial W_N} = 0 \quad (5)$$

식 (5)를 연립시켜 풀면, 최적수정량 W_{opt} 가 다음식에서 얻어진다.

$$W_{opt} = -(\alpha^T \lambda \alpha)^{-1} \alpha^T \lambda A \quad (6)$$

여기서 T는 전치이고, 그의 다른 기호는 이하와 같다.

$$W_{opt} = \begin{bmatrix} W_{1opt} \\ \vdots \\ W_{Nopt} \end{bmatrix}, \alpha = \begin{bmatrix} \alpha_{11} \cdots \alpha_{1N} \\ \vdots \\ \alpha_{M1} \cdots \alpha_{MN} \end{bmatrix}$$

$$\lambda = \begin{bmatrix} \lambda_1 & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot & \lambda_M \end{bmatrix}, A = \begin{bmatrix} A_1 \\ \cdot \\ \cdot \\ A_M \end{bmatrix}$$

3. 유전 알고리즘

유전 알고리즘(이하 GA라 한다.)은 우수한 형질을 가진 개체가 자연계에 잘 적응하여 큰 생존확률을 가지고, 더 많은 교배에 참가하여 우수한 자손을 생성한다는 자연계의 법칙과 재생, 교배, 돌연변이의 과정을 수행하는 유전학에 착상을 얻은 탐색법이다. GA는 목적함수(Objective function)의 최적해를 발견하는 모의진화형의 탐색 알고리즘으로 그 과정은 다음과 같이 요약할 수 있다.

(단계 1) 이진수(0과 1)로 구성된 string으로 개체를 표현하기 위해서, string의 길이와 초기 string의 수를 결정한다.

(단계 2) 단계 1의 string을 정해진 길이와 개체수로 랜덤(Random)하게 초기집단(Population)을 구성한다.

(단계 3) 집단내의 각 개체의 유전자형(Genotype)을 십진수의 표현형(Phenotype)으로 바꿔 적응도(Fitness)를 평가한다.

(단계 4) 적응도에 따라서 적응도가 높은 개체를 선택한다.

(단계 5) 적응도가 높은 개체는 교배(crossover)를 위해 복제된다.

(단계 6) 교배지(Mating pool)에서, 교배할 개체쌍이 결정되면 염색체의 일부를 교배시켜 자손의 염색체를 만든다.

(단계 7) 일정한 돌연변이 확률(P_m)로써 string

의 bit를 변화시킨다.

(단계 8) 단계 3 이하의 과정을 세대수만큼 다시 반복한다.

GA의 특성으로서는 4가지 측면에서 종래의 최적화 탐색법과 다른 특성을 가진다.

(1) GA는 파라미터 자체를 직접 사용하는 것이 아닌 파라미터 집합을 코딩(Coding)하여 해 공간을 탐색한다.

(2) GA는 하나의 점(Single point)이 아닌 점들의 집단으로 부터 탐색한다. 즉, GA는 해공간(Solution space)에서 단일 해를 사용하는 것이 아니라 해집단을 이용한다.

(3) GA는 도함수 또는 다른 보조적인 정보가 필요하지 않고 목적함수로 부터 산출되어 나오는 정보를 이용한다.

(4) GA는 결정론적인 규칙(Deterministic rules)이 아닌, 확률적인 추이규칙(Probabilistic transition rules)을 사용한다.

3.1 재생(Reproduction)

재생은 개체 string이 목적함수값에 의해 복제되는 과정이다. 즉, 목적함수 값의 크기는 string의 생성과 소멸을 결정하는 요인이다.

3.2 교배(Crossover)

교배 조작은 재생 조작의 결과 살아남은 string에 대하여 교배지에서 수행하게 된다. 교배는 교배지에서 새롭게 개선된 string(자손)을 얻기 위해 임의로 선택된 2 string사이에서 부분적으로 기호열의 교체를 행하는 조작이다.

3.3 돌연변이(Mutation)

돌연변이는 각 개체에 대해 돌연변이 확률에 따라 임의적으로 선택된 string의 일부를 변화시키는 조작이다.

4. GA에 의한 최적수정량 계산

4.1 문제의 정식화

본 논문에서의 시뮬레이션은 참고문헌 (1)의 평

Table 1 Initial unbalance vibration

Initial vibration	Amplitude[μm]	Phase[deg]
A1	3.1	$\angle 345$
A2	7.2	$\angle 231$
A3	3.2	$\angle 260$

Table 2 Influence coefficients

Influence coefficient	Amplitude[$\mu\text{m}/\text{mg}$]	Phase[deg]
α_{11}	0.12	$\angle 181$
α_{12}	0.07	$\angle 4$
α_{21}	0.04	$\angle 3$
α_{22}	0.29	$\angle 186$
α_{31}	0.04	$\angle 178$
α_{32}	0.10	$\angle 186$

형잡이 장치에 장착된 VTR용 회전실린더 유니트에 대한 초기진동과 영향계수의 참값인 Table 1과 2의 데이터를 이용한다. 회전체의 불평형에 의해 발생하는 진동대의 진동변위는 좌우와 중앙부의 3점에서 gap sensor로 측정(M=3)하며, 수정면은 전동기축 단면과 상부 실린더의 상단면의 2면 수정(N=2)이다. 수정면 1과 2의 수정량 부착 반경은 각각 8.5mm, 18.4mm이며, 회전속도는 2700 rpm(45Hz)이다.

본 논문에서는 일정한 수의 개체를 이용하여 얻어진 잔류진폭의 제곱합 즉, 평가함수 $J = \sum \varepsilon_i^2$ 를 가장 최소로 하는 각 수정면에서의 최적 수정량을 구하는 것이다. 즉

Find

$$W_i (i=1, \dots, N)$$

Such that

$$J = \sum \varepsilon_i^2 \rightarrow \text{Minimize}$$

4. 2 해법

본 논문에서 1 개체에 존재하는 염색체는 두 수정면에서의 수정량을 x, y 방향으로 분해한 4 개의 수정량($W_{1x}, W_{1y}, W_{2x}, W_{2y}$)에 상당하고, 유전자좌에는 각각 수정량의 전 범위에서의 모든 정보를 담고 있다. 초기세대의 개체군은 일정난수로 결정하고, 유전 조작자(재생, 교배, 돌연변이)에 의해 최

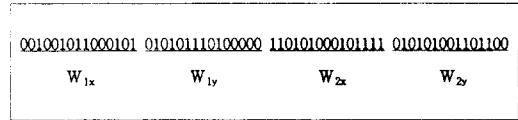


Fig. 1 Coding for correction mass

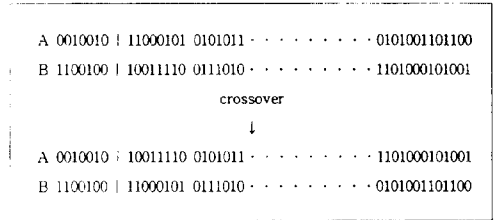


Fig. 2 Crossover

적해의 탐색을 수행한다. 탐색에 대해서는 평가함수의 적용도를 가장 낮게 하는 수정량을 최적해로 한다. Fig. 1은 4개의 수정량의 계산을 위해서 4개의 파라미터로 코딩한 것을 보여준다.

즉, $W_{1x}, W_{1y}, W_{2x}, W_{2y}$ 를 각각 15개의 bit로 된 string으로 코딩을 하였고, 이것을 조합하여 60개의 bit로 구성된 하나의 염색체로 만들었다. 즉, 60개의 bit중에서 처음부터 15개 bit까지는 W_{1x} 의 값이고 16~30개 bit까지는 W_{1y} 의 값이며, 31~45개 bit까지는 W_{2x} 의 값이고 그리고 마지막 60번째 bit까지는 W_{2y} 의 값이 된다.

교배는 단순교배(Simple crossover)를 사용하고, Fig. 2는 4가지 파라미터의 교배예를 보여준다. 교배위치는 random하게 생성되고, ' | '는 교배위치를 나타낸다. 교배는 파라미터 각각에 대해서 조작되고, 각 세대에 있어서 반복한다.

본 연구에서, 돌연변이(Mutation)는 네가지 파라미터에 대해서 임의의 돌연변이 확률에 따라 binary string의 임의의 bit를 대립형질(0은 1, 1은 0)로 바꾸어 주는 역할을 한다. 만약 돌연변이 확률이 0.008이고 전체 string의 길이가 1000 bit이면 전체 bit중 8개의 bit가 교체된다. 본 연구에서는 돌연변이 확률을 지수감소적으로 감소시켰고 초기에 국소최적해에 수렴하는 것을 방지하기 위하여 초기값을 크게 주어 초반부에서 넓은 해공간을 탐색하도록 하였다. 다음은 돌연변이확률에 대한 지수함수식을 나타낸 것이다.

$$P_m = 0.97 \times e^{-12 \times \text{Generation}} \quad (7)$$

여기서 P_m 은 돌연변이 확률이고, genratio는 임의의 세대를 총 세대수로 나눈 값이다.

교배전략으로는 적응도 비례전략을 사용하였

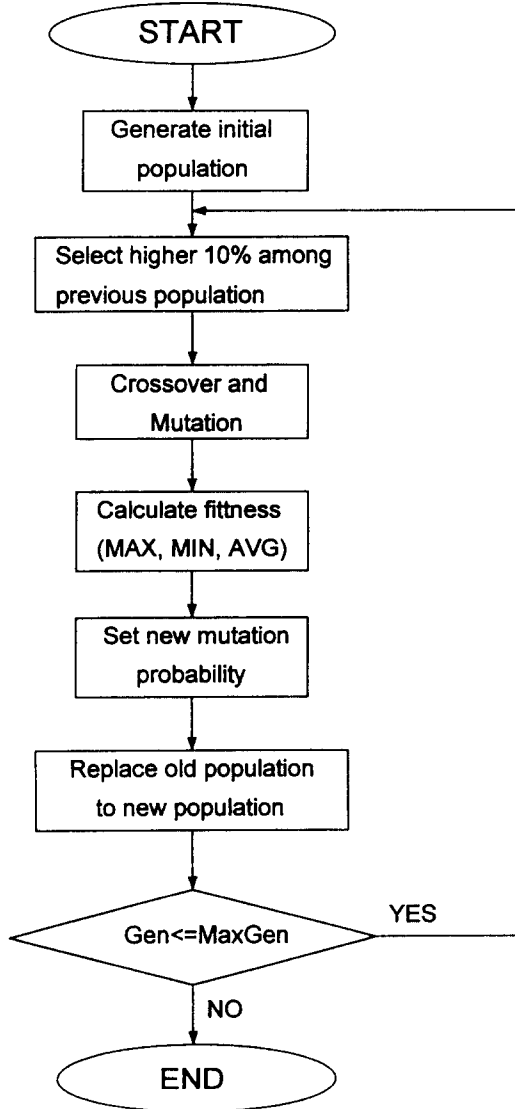


Fig. 3 Flow chart of genetic Algorithms

Table 3 Search parameters

Population size	Chromosome length	Crossover probability	Generation
150	60	100%	100

다. Fig. 3과 Table 3은 본 논문에 사용된 GA의 흐름도와 사용된 탐색 파라미터의 값을 나타낸다.

4.3 해석결과와 고찰

계측오차로서는 측정점의 초기진동과 영향계수에 오차가 있는 경우를 고려한다. 초기진동과 영향계수의 참값을 각각

$$A_m = |A_m| e^{i\theta_m} \quad (8)$$

$$\alpha_{mn} = |\alpha_{mn}| e^{i\theta_{mn}} \quad (9)$$

여기서 θ_m 과 θ_{mn} 은 각각 초기진동 A_m 과 영향계수 α_{mn} 의 위상이다. 오차가 포함된 경우의 초기진동과 영향계수를 A_m' , α_{mn}' 로 하고, 참값과의 관계를 다음식으로 표시한다.

$$A_m' = (1 + \gamma_m) |A_m| e^{i(\theta_m + \Delta\theta_m)} \quad (10)$$

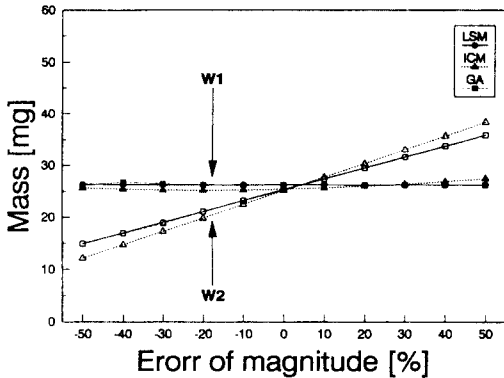
$$\alpha_{mn}' = (1 + \gamma_{mn}) |\alpha_{mn}| e^{i(\theta_{mn} + \Delta\theta_{mn})} \quad (11)$$

여기서 γ_m 과 γ_{mn} 은 크기에 관한 오차비이고, $\Delta\theta_m$ 과 $\Delta\theta_{mn}$ 은 위상오차이다.

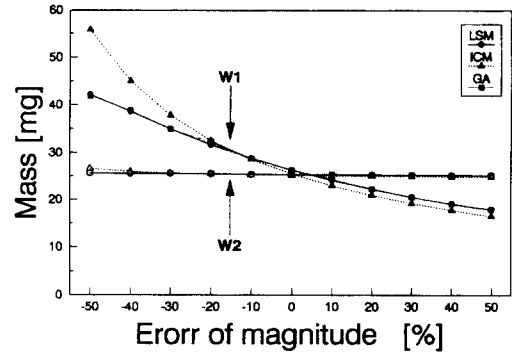
계산예로는 측정점 2의 초기진동과 영향계수 α_{11} 에 오차를 포함하는 경우를 예로 들었다. A_2' 과 α_{11}' 을 이용하고, 영향계수법과 최소자승법에 의한 수정량식을 식 (3)과 (6)에 의해서 계산한다. 또 최소자승법에 있어서 가중치 계수 λ_m 은 간단히하기 위해 1로 한다.

Fig. 4는 초기진동 A_2 의 진폭에 $-50 \sim +50\%$ 의 오차를 포함하는 경우의 영향계수법(ICM), 최소자승법(LSM) 그리고 GA에 의한 수정량의 크기와 위상에 대한 계산결과를 표시한 것이다. Fig. 4의 a)에서 수정면 2의 수정량 크기(W_2)의 변화를 보면, 세가지 방법 모두 오차의 크기에 대해서는 직선적으로 수정량의 크기가 변하고 있다. 이와 같은 변화는 영향계수법보다 최소자승법 및 GA가 작고 오차 0%의 수정량의 크기를 최적치로 하면, 오차의 진 범위에 있어서 영향계수법에서는 $-13 \sim +13\text{mg}$ 의 변화에 대해서, 최소자승법 및 GA에서는 $-8 \sim +11\text{mg}$ 이고, 최소자승법 및 GA는 초기진동 진폭의 오차에 의한 영향이 작다. 수정면 1의 수정량의 크기(W_1)는 어느 방법이나 초기진동진폭의 오차에 의한 영향이 거의 나타나지 않는다.

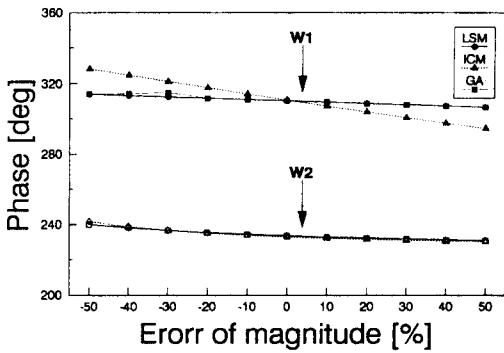
수정량의 위상을 표시한 Fig. 4의 b)를 보면, 영



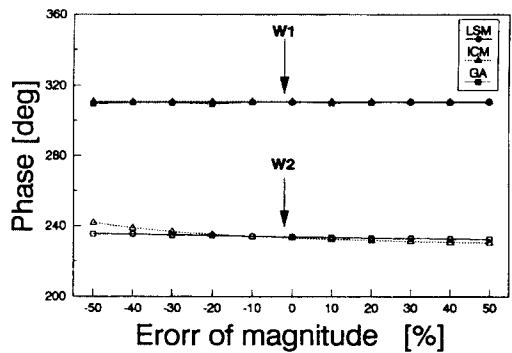
(a) Magnitude



(a) Magnitude



(b) Phase



(b) Phase

Fig. 4 Effect on correction mass of initial vibration error

Fig. 5 Effect on correction mass of influence coefficient error

항계수법의 경우 수정면 1의 수정량의 위상이 진폭오차의 영향을 약간 받고 있지만, 수정면 2의 수정량의 위상은 진폭오차에 의해 거의 변하지 않는다. 한편, 최소자승법과 GA에 의한 수정량의 위상은 양면으로도 진폭오차에 의해서 거의 변하지 않는다.

Fig. 5는 영향계수 α_{11} 의 크기에 $\gamma_{11} = -50 \sim +50\%$ 의 오차를 포함하는 경우의 영향계수법, 최소자승법 그리고 GA에 의한 수정량의 크기와 위상에 대한 계산결과를 표시한 것이다. Fig. 5의 a)에서 수정면 1의 수정량의 크기를 보면, 세가지 방법 모두 오차가 한쪽으로 크게 되고, 그 결과 수정량의 변화가 크게 되고 있다. 오차 $\gamma_{11} = 0\%$ 의 경우의 수정량을 최적값으로 고려한 것을 기준으로 한다면, 오차범위의 전 범위($\gamma_{11} = -50 \sim +50\%$)에 걸

쳐 영향계수법에서는 $-9 \sim +32\text{mg}$ 의 오차가 생기는 것에 대해서, 최소자승법과 유전 알고리즘만이 거의 오차에 의한 영향이 작다. 수정면 2의 수정량의 크기에 있어서는 오차 γ_{11} 의 영향은 거의 나타나지 않는다.

Fig. 5의 b)를 보면 수정량의 위상에 있어서는 세가지 방법 모두 α_{11} 의 크기오차 γ_{11} 에 의한 영향은 거의 나타나지 않는다.

Fig. 4와 5에서 보듯이 GA에 의한 수정량과 위상각에 대한 계산은 거의 최소자승법과 같은 결과를 보이고 있고, 영향계수법보다 더 정확한 수정량을 찾아내는 것을 알 수 있다.

Fig. 6과 7은 Table 3의 탐색파라미터를 이용한 유전 알고리즘을 수정량 계산에 적용한 결과이다. Fig. 6에서 왼쪽은 수정면 1, 오른쪽은 수정면 2를

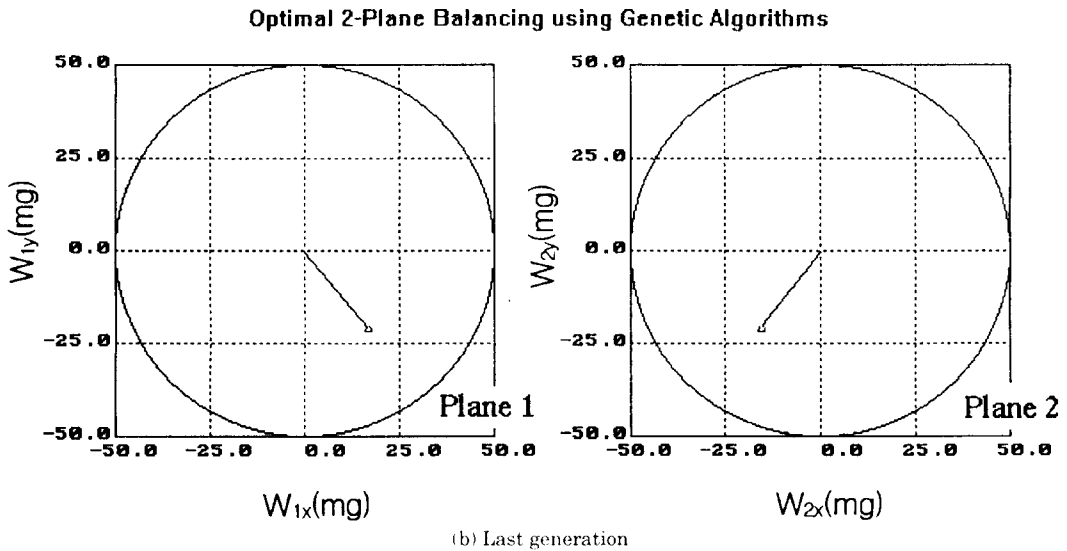
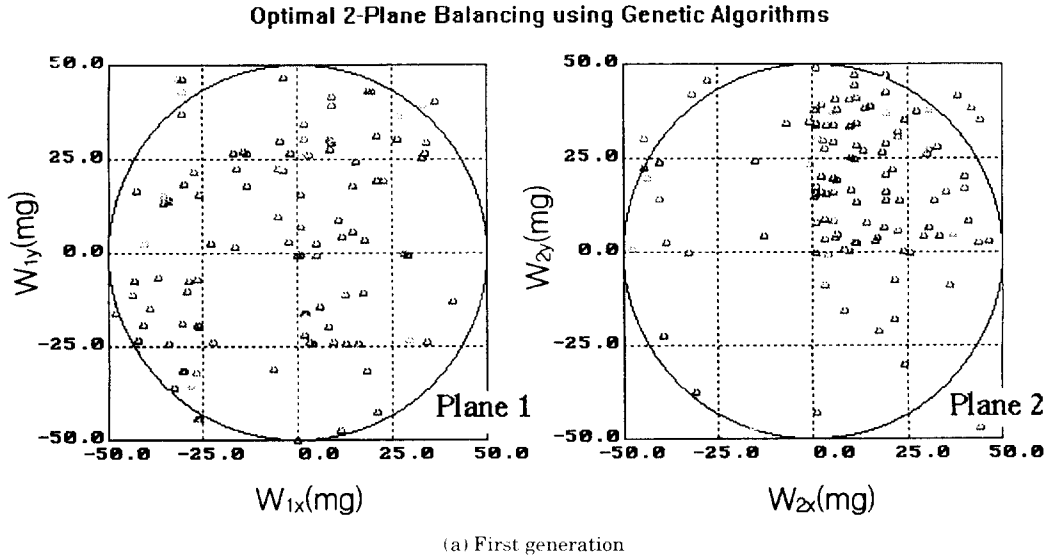


Fig. 6 Convergence of correction mass in plane 1, 2

나타낸다. a)는 첫 세대의 교배후로서, 그 때의 돌연변이의 확률은 거의 0.9에 가깝고 그 돌연변이 확률에 의해 개체들이 최적해를 나타내기 위해 수정면의 넓은 범위를 탐색하고 있는 것을 볼 수 있다. b)는 마지막 세대까지 교배를 마친후로 최적의 평형잡이 수정량과 위상각의 표시를 보여준다.

Fig. 7은 적응도를 나타낸 그림으로서 초반부에는 최적해를 찾기 위해 개체가 넓은 해공간을 탐색

하고 있고, 거의 45세대 후 수정면의 최적해를 찾는 것을 볼 수 있다. 그리고 거의 70세대 후 모든 개체들이 최적해에 수렴한 것을 볼 수 있다. 그것은 돌연변이에 의해 초반부에 넓은 해공간을 탐색한 후, 세대가 지날수록 돌연변이의 확률을 지수감소적으로 감소시켰기 때문에 모든 개체가 최적해에 수렴하는 것이다.

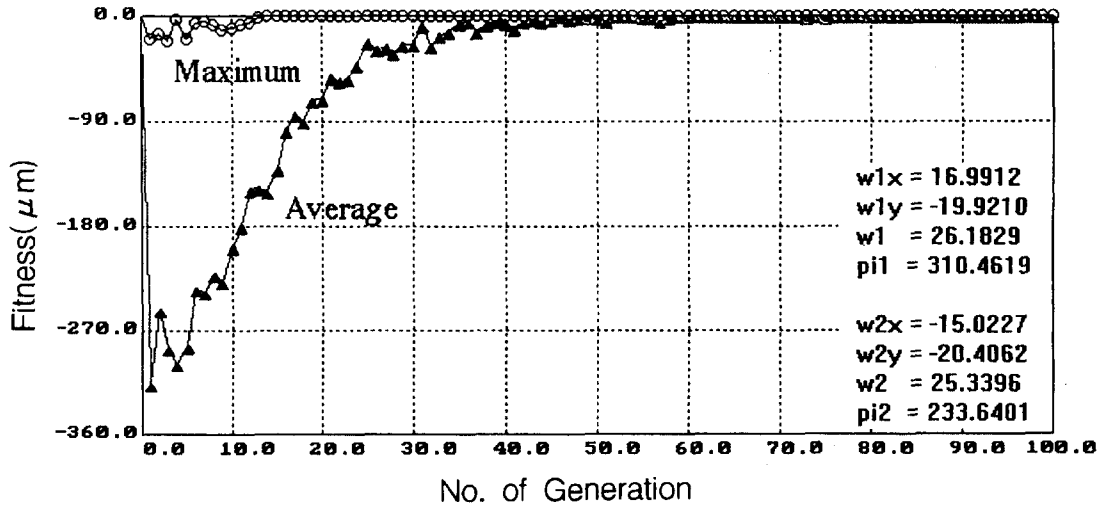


Fig. 7 Maximum and average fitness of each generation

5. 결 론

참고문헌

본 논문에서는 강성회전체에 오차를 포함한 경우의 수정량계산에 기존의 영향계수법 및 최소자승법과의 비교를 유전 알고리즘을 적용하여 검토하였다. 그 결과 영향계수법 보다 최소자승법이 수정오차가 적었고, 유전 알고리즘에 의한 탐색결과 역시 거의 최소자승법과 같은 결과를 보여주었다. 강성회전체의 평형잡이에 수정면에 비해 훨씬 많은 측정점의 증가에 대해서는, 최소자승법보다도 유전 알고리즘을 이용하는 편이 더 유리할 것이라고 생각된다.

- 1) Fumio Fujisawa, et al., "Balancing for a Rigid Rotor with Measurement Errors in Initial Unbalanced Vibration. Comparison of Balancing Conditions between the Least Squares Method and the Influence Coefficient Method", Trans. of JSME, Vol 59, No. 567, pp. 3336 - 3341, 1993.
- 2) D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning, Addison - Wesley Publishing Company, 1989.
- 3) 北野, 遺傳的 알고리즘, 産業圖書, 1993.
- 4) Fredric F. Ehrich, Handbook of Rotordynamics, Mcgraw - hill, 1992.