

유전자 알고리즘을 이용한 전력 배전의 최적화

Optimal Configuration of Distribution Network using Genetic Algorithms

김인택 · 조원혁

Intaek Kim and Won Hyuk Cho

명지대학교 제어계측공학과

요 약

본 논문은 유전자 알고리즘을 사용하여 전력 배전의 최적화에 적용가능성을 보여준다. 배전의 최적화를 부하의 균등화(load balancing)의 관점에서 정의하고, 유전자 알고리즘의 동작을 보여주기 위해 세 가지의 문제를 제안하여 해결하였다. 문제를 해결하는 과정에서 교차 연산자 대신 두 가지의 돌연변이를 사용하여 전역 및 지역 탐색이 가능하였으며, 아크 패턴 리스트를 사용하여 효과적인 탐색을 피했다.

ABSTRACT

This paper presents an application of genetic algorithms for optimal configuration of distribution network. Optimal network is defined to satisfy the condition of load balancing. Three problems are suggested to show the performance of genetic algorithms. To resolve the problems, we propose two different mutation operators, in stead of crossover and mutation operators, which are utilized in both global and local search operations. In addition, arc pattern list is also proposed for an efficient search.

1. 서 론

배전 계통은 배전망이 고장, 사고, 보수 혹은 부하의 급격한 변동 등 여러 가지 이유로 인해 변화하는 동적 시스템이기 때문에 최적의 구성을 가지는 것이 매우 중요하다. 특히 과거에는 계통을 허용 운전 상태에 유지하는데 중점을 두었으나, 최근 들어 부하 평균화(load balancing)와 계통에서의 손실을 최소화(loss minimization)함으로써 경제성의 제고를 위한 배전 계통의 최적화에 대한 연구가 진행되고 있다[1-6].

배전 계통이 복잡해짐에 따라 계통의 재구성 문제는 해(solution)가 존재하는 탐색 공간(search space)의 확대와 함께 많은 국소해(local solution)를 가지게 되는 조합론적 최적화(combinatorial optimization) 문제로 대두되고 있다. 이를 해결하기 위해 Nara[3]가 지적한 바와 같이 branch-exchange 알고리즘, 휴리스틱 알고리즘, 휴리스틱 규칙을 사용한 전문가 시스템 등 사용되었으나, 실행 결과가 매우 근사적이거나 국소해만을 얻어 만족하기 어려웠다. 한편 시뮬레이터를

어닐링(simulated annealing)을 이용한 방법[5]은 국소해가 아닌 전역해(global solution)를 찾는데 성공적이었으나 계산량이 너무 많은 문제점을 안고 있다. 따라서 계산량도 적절하면서 전역해를 찾을 수 있는 방법으로 유전자 알고리즘(genetic algorithms)을 사용한 몇 가지의 연구가 보고 되었다[3,4].

유전자 알고리즘[7]은 자연계에서 발생하는 적자생존의 현상을 이용한 일종의 탐색 알고리즘이다. 유전자 알고리즘에서는 주어진 문제에 대해 해의 집합인 개체집단(population)을 구성하고, 이 개체집단은 세대(generation)가 지남에 따라 진화한다. 궁극적으로 이렇게 진화된 집단 중에서 우리는 최적해가 존재하기를 기대한다. 이 알고리즘이 다른 탐색과 다른 점은 여러 개의 해를 동시에 다루는 병렬 탐색이며, 국소해에 빠지는 문제를 비교적 쉽게 극복할 수 있기 때문에 최적해를 찾을 가능성이 많다. 그 외에도 유전자 알고리즘은 간단한 몇 가지의 연산자만을 사용하여 소기의 목적을 달성할 수 있으므로 사용범위가 매우 다양하다. 그러나 모든 문제에 대해 반드시 최적해를

*이 연구는 1997년도 명지대학교 산업기술연구소 지원으로 수행된 과제임.

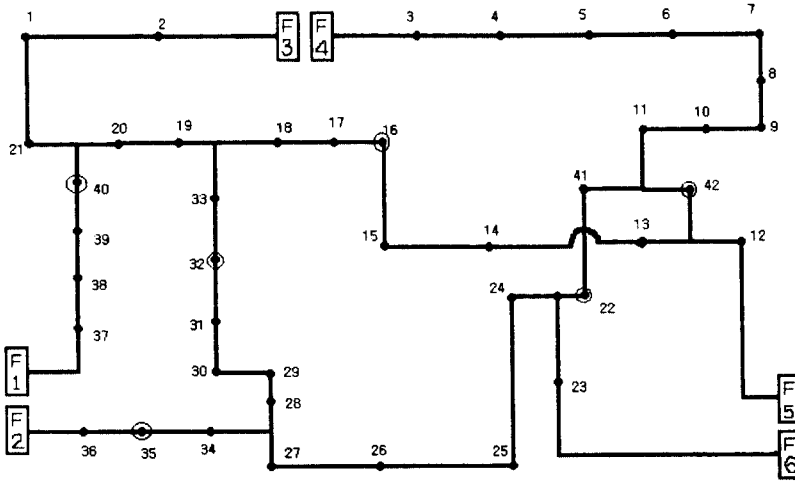


그림 1. 계통선로의 예[1]

구할 수 있는 것이 아니기 때문에 적합도 함수와 연산자의 적절한 사용 등이 문제 해결의 관건이 된다.

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 부하 평준화(load balancing)를 해결하고자 했다. 부하 평준화 문제는 각 부하에서 요구되는 전력(수요)과 피더(feeder)를 통해 전력(공급)의 비를 배전 계통 내에서 균등하게 하는 것을 의미한다. 유전자 알고리즘의 적용을 좀더 구체적으로 설명하기 위해, 그림 1과 같이 간략화된 배전 계통 선로를 사용하여, 세 가지 문제를 해결하고자 노력했다.

본 논문의 구성은 시뮬레이션을 위한 배전 계통 선로 및 문제를 정의하고, 유전자 알고리즘의 적용방법을 기술한 후, 시뮬레이션의 결과를 살펴보고 결론과 향후 연구과제를 제시해본다.

2. 문제 정의

그림 1은 본 논문의 시뮬레이션을 위해 사용한 배전 계통선로의 예이다[1]. 간선에 번호를 붙인 점들은 자동구간 개폐기(sectionalizing switch)를 나타내며, 그림 1에서는 총 42개의 개폐기가 계통에 존재한다. 각 전원의 공급원은 F1, F2, ..., F6으로 표시하였으며, 6개의 노드(node, 예로 21번과 20번 개폐기 사이), 12개의 아크(arc, 노드와 노드 사이의 링크)가 있음을 알 수 있다. 시뮬레이션에서는 각 구간(zone, 개폐기와 개폐기 사이)에 임의의 정적 부하가 {1, 2, 3, 4} 중 하나로 걸린 것으로 간주하여 실행하였다.

각 존을 개폐기에 의해 한 개의 피더를 중심으로 방사상 네트워크(radial network)를 형성하고 있다. 일

반적으로 방사상 네트워크는 메쉬 네트워크(meshed network)에 비해 스위치와 보호 장치의 설치가 훨씬 간단한 반면, 네트워크의 전체적인 신뢰도가 떨어지는 단점이 있어 약한 메쉬 네트워크(weakly meshed network)로 설계되고 방사상 네트워크로 동작되는 것이 바람직하다[6]. 그림 1에서 공급원 F3을 중심으로 살펴보면 연결이 개폐기 40, 32, 16까지 있어 방사상 연결을 확인할 수 있다.

주어진 계통에서 아크의 수를 b , 노드의 수를 n 이라고 할 때, 정전 구간이 없이 방사상 조건을 만족하는 개폐기의 수는 $b-n$ 과 같다. 따라서 그림 1의 경우는 6개의 개폐기가 존재해야 하는데, 번호 16, 22, 32, 35, 40, 42의 개폐기가 개방되어 있다.

본 논문은 그림 1의 계통선로에 유전자 알고리즘을 적용하여 다음과 같은 세 가지 문제를 해결하고자 한다.

· 문제 1: 부하 평준화 문제

각 피더에서 공급되는 전력을 일정하게 놓고, 각 피더에 걸리는 부하를 최대한 균등하게 분배하도록 개방 개폐기의 위치를 정하는 것이다. 즉, k 번째 피더에서 공급되는 전력(S_k)과 그에 해당하는 부하의 수요 전력(D_k)의 비, D_k/S_k 의 값이 전체 평균(식 (3)의 rate)에 대해 가급적이면 근사하도록 한다.

· 문제 2: 재구성 문제

계통내의 변화에 의하여 최적의 구성을 벗어났을 때, 재구성이 이루어져야 한다. 이를 시뮬레이션 하기 위해서 특정 부분이 사고에 의해 단락(open)되었다고 가정 한 후, 새로운 개폐기의 위치가 위의 부하 평준화를 위한 새로운 해에 의해 재설정된다.

문제 3: 탐색

계통 선로에서 피더의 공급량과 각 부하의 수요량을 미리 정한 후(개폐기의 위치가 정해짐), 유전자 알고리즘을 통해 이미 알려진 개폐기의 위치를 찾는가 조사함으로써 알고리즘의 성능 평가가 가능하다.

3. 유전자 알고리즘의 적용

본 연구에서는 그림 2와 같은 흐름도에 따라 유전자 알고리즘을 적용하였다.

3.1 부호화(encoding)

유전자 알고리즘은 주어진 문제를 해결하기 위해, 해집단을 염색체(chromosome)로 표현하는 부호화하는 과정을 거친다. 본 연구에서는 개폐기의 상태

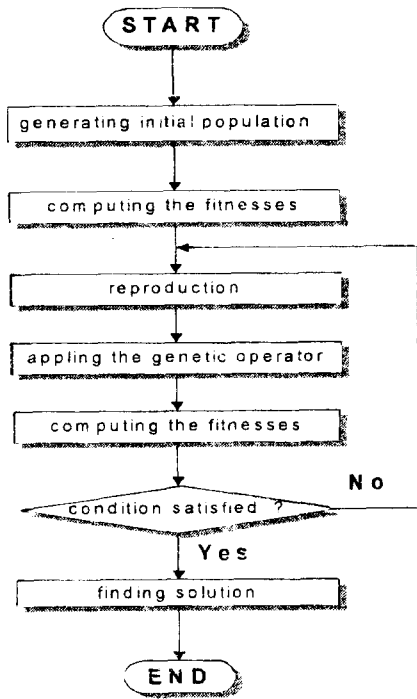


그림 2. 알고리즘의 흐름도

를 0과 1의 비트로 정의하여 염색체에 적용함으로써 유전 연산자의 작용이 표현형(phenotype)에 직접적으로 영향을 끼치도록 의도했다. 표 1은 계통선로상의 개폐기의 상태를 표현하는 염색체의 구성을 나타낸다. 염색체의 구조는 직접 아크별로 나열했으며, 각 아크에 속한 개폐기의 상태를 0(off)과 1(on)로 표시하였다. 따라서 본 논문에서, 유전자 알고리즘의 해인 개체(individual)는 42개의 개폐기를 의미하는 42비트 길이의 비트 스트링으로 표현했다. 이는 기존 발표된 논문[3,4]에서 아크 번호와 개폐기 번호를 이진수로 나타낸 배열의 염색체로 표현한 것과는 다른 방법이다.

3.2 적합도(fitness)

적합도는 유전자 알고리즘을 이용하여 해를 찾을 때 사용되는 목적함수로서, 그 선택이 알고리즘의 성능을 좌우한다. 적합도는 염색체로 표현된 해가 어느 정도 유용한가를 수치로 나타낸다. 따라서 적합도 함수는 사용자의 관점에서 원하는 소기의 목적이 정확하게 반영되도록 해야 한다. 본 연구에서의 적합도 함수(F)는 다음과 같이 정의하였다.

$$F = 1 / (1 + \sum_k cost(k)), \quad k = 1, 2, 3, 4, 5, 6 \quad (1)$$

$$cost(k) = \begin{cases} \alpha_k (rate - x_k)^2, & rate < x_k \\ \frac{1}{\alpha_k} |rate - x_k|, & rate \geq x_k \end{cases} \quad (2)$$

$$rate = \sum_k D_k / \sum_k S_k \quad (3)$$

$$x_k = \frac{D_k}{S_k} \quad (4)$$

여기서 D_k 는 전원 F_k (예로, F_1, F_2, \dots)가 공급하는 구역의 수요량이며, S_k 는 공급량을 의미한다. 구역 k 에서의 $cost(k)$ 는 각 구역의 수요-공급 비율인 D_k/S_k (x_k , 식 (4))의 값이 계통 전체의 수요-공급 비율인 $rate$ 에 얼마나 근접한지를 정량적으로 표현한다. 최적의

표 1. 염색체 구성

아크번호	arc1		arc2		arc3		arc4		arc5		...		arc12							
개폐기 번호	2	1	21	37	38	39	40	20	19	36	35	34	28	29	30	31	32	33	...	42
염색체	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	...	0
상태	on	on	off	on	on	off	on	on	on	off	on	on	on	on	on	on	on	on	...	off

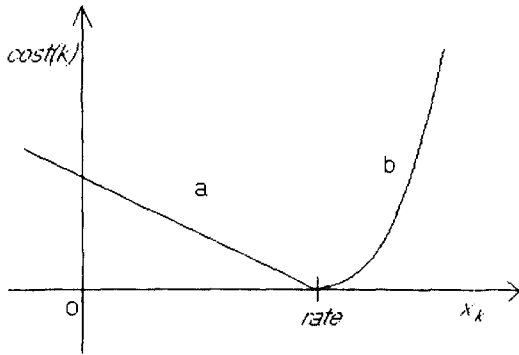


그림 3. 구역 k에서 x_k 값에 따른 $cost(k)$

해에 가까워 질수록, 즉 x_k 가 $rate$ 에 근접할수록, $cost(k)$ 는 0, 적합도(F, 식 (1))는 1에 수렴한다.

식 (2)의 α_k 는 그림 3에서 볼 수 있듯이, x_k 가 $rate$ 보다 적을 때(구역 a)는 1/2이며 클 때(구역 b)는 2의 값을 가진다. 이는 x_k 가 $rate$ 보다 커지는 것이 그렇지 않은 경우보다 바람직하지 못하므로 더 많은 가중치를 주어, 찾고자하는 해가 구역 a에 상대적으로 많이 존재하도록 한다.

3.3 초기 집단(initial population)의 생성

임의의 개방위치를 가지는 계통선로가 정전구간이 없고 방사상으로 구성되어 있는지를 확인하기 위해서는 일일이 각 계통을 조사해야 할 필요가 있다. 그러나 미리 유효한 6개의 개방위치를 포함하는 아크 배열의 모든 경우를 조사, 정렬한 아크 패턴 리스트(arc pattern list)를 만들어 이를 이용하여 적합도를 계산할 때 참조하면 탐색시간이 매우 줄어든다. 본 논문에서는 초기 집단의 생성은 이 리스트(list)에서 임의의 아크 경우를 선택하고, 또 그 아크내의 임의의 개방 개폐기 위치를 발생시킨다. 탐색체에 연산자 적용 후에도 개방 위치가 유효한지, 아크 패턴 리스트를 이용, 이진 탐색을 하여 평가한다.

3.4 재생산(reproduction)

재생산은 개체집단(population) 중에서 우수한 탐색체를 선택하여 다음 세대를 생산하는 것이다. 재생산을 위해서 여러 가지 방법들[6]이 존재하는데, 본 연구에서는 엘리트(elite) 방법을 사용하였다.

엘리트 방법은 적합도가 큰 순서로 탐색체를 정렬한 후, 높은 적합도의 탐색체가 새로운 세대를 생산하는데 사용된다. 그림 4는 이 방법에 근거한 재생산 과정을 보여주고 있다. 특히 본 연구에서는 개체집단의 개체 수를 100개로 정하여 상위 50개를 엘리트로 선

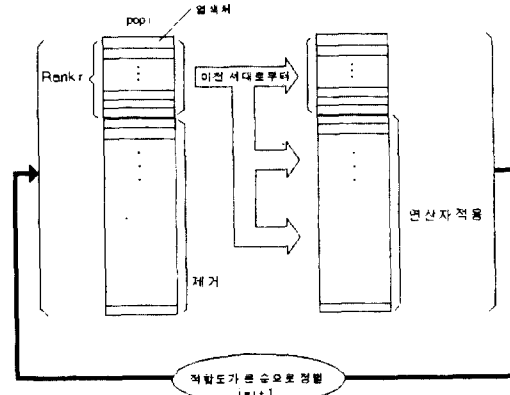


그림 4. 재생산 방법

정하여 유전자 알고리즘을 수행하였다.

3.5 유전 연산자(genetic operator)

유전자 알고리즘에서는 주로 교차와 돌연변이를 사용하여 탐색의 과정을 겪는다. 교차가 전역(global) 탐색인데 비해 돌연변이는 지역(local) 탐색의 효과를 일반적으로 가져온다고 알려져 있다. 그러나 본 연구에서 교차 연산자의 적용은 개방 개폐기의 수가 고정된 탐색체에 변화를 가져올 수 있으므로, 유효하지 않은 탐색 공간에서의 탐색이 이루어질 수 있다. 따라서 본 연구에서는 그림 5와 같은 돌연변이 연산자만을 사용하여 탐색을 수행하였다. 돌연변이 연산자 MUT-1은 개방 개폐기의 위치가 같은 아크 내에서의 이동하는 지역 탐색의 성격을 가지며, MUT-2는 개방 개폐기의 위치가 다른 아크로 이동함으로써 전역 탐색의 효과를 얻을 수 있다.

본 연구에서는 위의 MUT-1과 MUT-2를 각각 단독

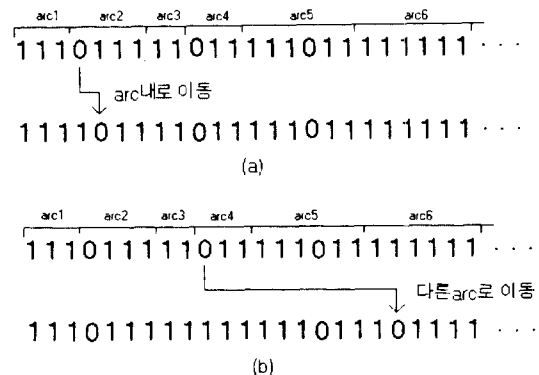


그림 5. 돌연변이 방법 : (a) MUT-1, (b) MUT-2

(100% 대 0%와 0% 대 100%), 75% 대 25%, 50% 대 50%, 그리고 25% 대 75%의 비율에 대해 실험하였다. 두 돌연변이 유전 연산자중 어느 하나만을 사용할 때는 초기 개체집단에 매우 의존적이어서 좋은 결과를 얻을 수 없었다. 그러나 여러 번의 실험 결과, MUT-1과 MUT-2의 비율이 각각 25%, 75%일 때 가장 좋은 성능을 얻었다. 여기서 25% 대 75%의 경우, 전역 탐색이 지역 탐색보다 더 많은 영향이 있음을 알려주고 있다.

4. 시뮬레이션의 결과

문제 1의 부하 평준화에서는 각 구역의 최대가능 용량을 26으로 동일하게 정하고 실험한 것이다. 그림 6에서는 세대가 지남에 따라, 각 피더에서 수요가 변하여 평준화되는 과정을 적합도와 함께 보여준다.

유전자 알고리즘을 수행한 결과, 최적의 개폐기 위치는 { 11, 18, 27, 32, 40, 42}이며, 그림 6에서 보여주는 바와 같이 이에 해당하는 수요는 {10.0, 20.0, 22.0, 17.0, 19.0, 17.0}이다. 이때의 $rate$ (식 (3))는 0.68로 각 전원의 최대용량이 26인 점을 감안할 때, 가장 이상적

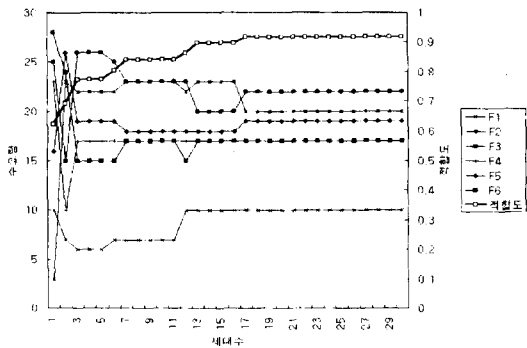


그림 6. 부하 평준화 (문제 1)의 결과

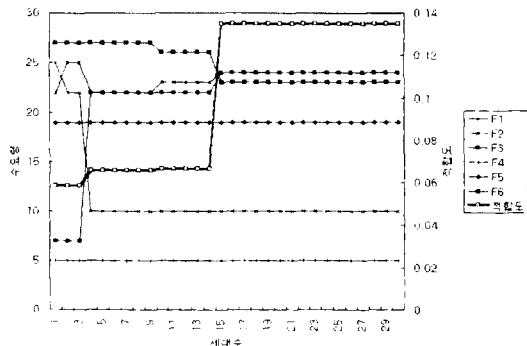


그림 7. 부하 재구성 (문제 2)의 결과

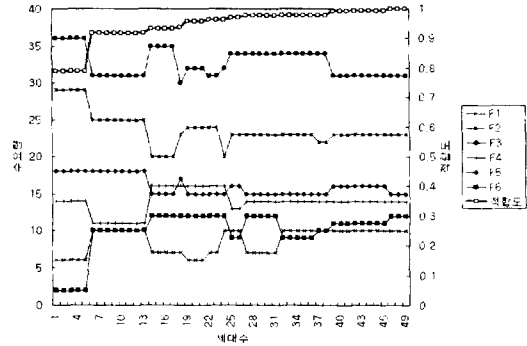


그림 8. 탐색 (문제 3)의 결과

으로 분배된 경우 17.7의 수요를 가져야 한다. 그림 6의 결과를 살펴보면 F4와 F6을 제외한 대부분의 수요가 이상적인 값(17.7)과 많은 차이를 보여준다. 이는 계통의 전원의 위치, 아크 연결상태, 존에서의 총 수요 등의 영향 때문이다. 이러한 점을 고려하여 유전자 알고리즘은 적합도 F (식 (1))를 최대로 하는 개폐기의 위치를 선택한다.

그림 7은 부하 재구성 결과를 보여준다. 계통내 사고로 인하여 단락이 생겼을 때, 그 위치를 중심으로 가장 근접한 개폐기를 차단시켜야한다. 그러나 본 논문에서는 편의상 한 개의 개폐기만(개폐기 번호 4)을 차단시키는 것으로 대신하고 나머지 5개의 개방된 개폐기의 위치를 찾아야 한다. 시뮬레이션을 수행한 결과, 수요가 {10.0, 24.0, 24.0, 5.0, 19.0, 23.0}이고 개방 개폐기의 위치는 {4, 18, 24, 31, 40, 42}이다. 여기서 적합도는 매우 낮은 값을 가지는데, 단락된 지점이 부하의 평준화에 적절하지 못한 위치라고 판단할 수 있다. 즉 F4, F1은 계통의 구조 때문에 평균 수요보다 매우 적은 값을 가진다.

그림 8은 미리 정해진 수요에 따라 그에 해당하는 개방 개폐기의 위치를 찾는 작업의 수행 결과이다. 이 문제는 앞의 두 문제에 비해 더 많은 전역 탐색을 (global search)수행하기 때문에 수요의 변화가 많고 상대적으로 많은 세대가 지난 후에 최적점을 찾았다. 탐색공간 내의 한 점인 개방위치가 {9, 13, 27, 33, 10, 41}이고 수요가{10.0, 23.0, 31.0, 14.0, 15.0, 12.0}이 되는 점을 유전자 알고리즘이 탐색해 내는가를 살펴볼 수 있다. 각 6개 구역의 수요량들이 변화하면서 궁극적으로 최적해를 찾는 것을 그림 8에서 볼 수 있다.

5. 결 론

본 논문에서는 부하 평준화의 관점에서 전력 배전

계통의 최적화를 정의하고, 부하 평준화, 사고 후 계통 재구성, 그리고 탐색 등의 문제를 설정하여, 유전자 알고리즘으로 최적해 즉, 최적 개방 개폐기의 위치를 구하였다.

이를 위해 본 연구에서는 두 가지의 돌연변이 연산자를 가진 유전자 알고리즘을 제안하여 적용하였다. 두 가지의 돌연변이 연산자는 지역탐색(MUT-1)과 전역탐색(MUT-2)의 기능을 수행한다. 일반적으로 전역탐색은 교차 연산자에 의해 이루어지는 것이 보통이지만, 본 연구에서 교차 연산자는 계통 선로를 표현하는 염색체의 특성상 사용할 수 없었다.

시뮬레이션 결과는 주어진 그림 1의 배전 계통 선로의 예에서 만족할 만한 해를 얻을 수 있었으나, 유전자 알고리즘을 사용한 전력 배전의 최적화는 현실적으로 다음과 같은 몇 가지의 향후 과제를 안고 있다. 첫째로 배전 계통의 최적화를, 부하 평준화를 부분집합으로 하는 손실의 최소화 입장에서 문제를 다룰 수 있도록 수정이 필요하다. 이에 따라 적합도 계산에 필요한 비용값의 표현이 구체적으로 다루어져야 한다. 둘째로는 각 부하에 대해 정적변수로 가정했으나, 현실적인 측면을 반영하여 시간에 따라 변하는 상황에서 유전자 알고리즘이 실시간적으로 수행시킬 필요가 있다.

본 논문에서는 계통 선로를 [3,4]와 달리 표 1과 같이 표현하여 실시간 제어가 가능하도록 연산 과정을 간략화 시켰으며, 두 가지의 돌연변이 연산자만을 이용하여 최적의 해를 찾았다는 점에서 유전자 알고리즘 상의 새로운 시도라고 할 수 있다.

참고문헌

- [1] Chen-Ching Lin, S. J. Lee, Khoi Vu "Loss Minimization of Distribution feeders : Optimality and Algorithms." *IEEE Trans. on Power Delivery*. Vol. 4, No. 2, pp. 1281-1290, April, 1989.
- [2] Mesut E. Baran, Felix F. Wu, "Network reconfiguration in distribution systems for loss reduction and load balancing." *IEEE Transactions on Power Delivery*, Vol. 4, No. 2, pp. 1401-1407, April 1989.
- [3] Koichi. Nara, Atsush. Shiose, Minoru. Kitagawa, Toshihisa Ishihara, "Implementation of genetic algorithm for distribution systems loss minimum reconfiguration." *IEEE Transactions on Power Systems*, Vol. 7, No. 3, pp. 1044-1051, August 1992.
- [4] 문경준, 김형수, 황기현, 이화석, 박준호, "유전 알고리즘을 이용한 정전력 부하를 갖는 배전계통 선로 재구성에 관한 연구," 대한전기학회 추계학술대회 논문집, pp. 71-73, 1995.
- [5] C. W. Hasselfield *et. al.* : "An Automated Method for Least Cost Distribution Planning," *IEEE Transactions on Power Delivery*, Vol 5, No. 2, 1990.
- [6] R. Taleski, D. Rajičić, "Energy Summation Method For Energy Loss Computation In Radial Distribution Networks," Paper no. 95SM601_5 PWRS IEEE/PES 1995 Summer meeting, Portland, OR," 23-27. July 1995.
- [7] D. E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning," Addison-Wesley, 1989.
- [8] J. M. Zurada, R. J. Marks, C. J. Robinson, "Computational Intelligence Imitating Life," *IEEE press*, pp. 147-159, 1994.

김인택(Intaek Kim) 정회원

1984년: 서울대학교 전자공학과 (학사)
 1986년: 서울대학교 전자공학과 (석사)
 1992년: Georgia Institute of Technology, 전기공학과 (박사)
 1993년~1995년: 금성중앙연구소 선임연구원
 1995년~현재: 명지대학교 제어계측공학과 조교수
 주관심분야: 센서융합, 퍼지논리, 진화연산



조원혁(Won-Hyuk Cho) 정회원

1995년: 명지대학교 제어계측공학과 (학사)
 1995년~현재: 명지대학교 대학원 제어계측공학과 석사과정
 주관심분야: 진화연산 및 퍼지논리