

# 효율적 구조최적화를 위한 유전자 알고리즘의 방향벡터

## Direction Vector for Efficient Structural Optimization with Genetic Algorithm

이 홍 우\*

Lee, Hong-Woo

### 요 약

본 연구에서는 방향벡터(direction vector)를 이용한 지역 탐색법과 유전자 알고리즘을 결합한 새로운 알고리즘인 D-GA를 제안한다. 새로운 개체(individual)를 찾기 위한 방향벡터로는 진화과정 중에 습득되는 정보를 활용하기 위한 학습방향벡터(Learning direction vector)와 진화와는 무관하게 한 개체의 주변을 탐색하는 랜덤방향벡터(random direction vector) 등 두 가지를 구성하였다. 그리고, 10 부재 트러스 설계 문제에 단순 유전자 알고리즘과 D-GA를 적용하여 최적화를 수행하였고, 그 결과를 비교·검토함으로써 단순 GA에 비하여 D-GA의 정확성 및 효율성이 향상되었음을 확인하였다.

### Abstract

In this study, the modified genetic algorithm, D-GA, is proposed. D-GA is a hybrid genetic algorithm combined a simple genetic algorithm and the local search algorithm using direction vectors. Also, two types of direction vectors, learning direction vector and random direction vector, are defined without the sensitivity analysis. The accuracy of D-GA is compared with that of simple genetic algorithm. It is demonstrated that the proposed approach can be an effective optimization technique through a minimum weight structural optimization of ten bar truss.

**키워드 :** 유전자 알고리즘, 방향벡터, 구조최적화

**Keywords :** Genetic Algorithm, Direction Vector, Structural Optimization

## 1. 서 론

유전자 알고리즘(genetic algorithm)은 현실 세계의 복잡하며 다양한 문제를 표현하는데 가장 적합한 기법 중 하나이다<sup>1)</sup>. 유전자 알고리즘의 유연성은 구조물의 설계문제를 구성하기에도 효과적이다. 우선, 민감도 해석(sensitivity analysis)을 사용하지 않으므로 함수의 연속성, 미분가능성 등에 제약을 받지 않으며 설계문제를 수학적으로 구성하는데 용이하다. 또한, 이산 변수(discrete variable)를 사용하므로 연속 변수(continuous variable)를 사용하는 경우보다 구조 부재의 단면을 표현하는데 유리하다.

그러나, 유전자 알고리즘의 이러한 유연성이 복잡한 문제를 구성하는 데는 유리하지만 효율성 면에

서는 반대로 작용하여 최적해로의 수렴을 느리게 하고 계산비용을 증가시키기 때문에 전통적인 최적화 기법에 비하여 효율성이 떨어지는 단점도 있다<sup>4)</sup>. 이러한 단점은 유전자 알고리즘이 전통적인 최적화 기법들처럼 민감도 해석 등을 활용하여 이론적으로 최적해가 존재하는 방향을 탐색하는 것이 아니라 확률적이고 임의적인 개체 선정을 통한 진화에 기반을 둔 방법이기 때문에 갖는 특성이다.

따라서, 본 연구에서는 단순 유전자 알고리즘에 방향벡터(direction vector)를 이용한 지역 탐색법을 추가하여 유전자 알고리즘의 진화론적 특성을 유지하면서 보다 안정적이고 빠르게 수렴하는 알고리즘인 D-GA를 제안한다. 새로운 개체(individual)를 찾기 위한 방향벡터로는 진화과정 중에 습득하게 되는 정보를 활용하기 위한 학습방향벡터(learning direction vector)와 진화와는 무관하게 한 개체의 주변을 탐색하는 랜덤방향벡터(random direction vector) 등 두

\* 정희원 · 서원대학교 건축학과 교수, 공학박사  
Tel : 043-299-8784 Fax : 043-299-8780  
E-mail : hwlee@seowon.ac.kr

가지를 구성하였다. 그리고, 제안된 알고리즘의 효율성을 검토하기 위하여 10 부재 트러스 설계 문제에 단순 유전자 알고리즘과 D-GA를 동시에 적용하여 최적화를 수행하고 그 결과를 비교한다.

## 2. 유전자 알고리즘

Holland에 의해 제시된<sup>1,8)</sup> 유전자 알고리즘(GA, genetic algorithm)은 자연세계의 진화현상에 기초한 계산모델이며, 다윈(Darwin)의 적자생존 이론(survival of the fittest)을 기본 법칙으로 한 확률적 탐색 알고리즘<sup>1)</sup>이다. 유전자 알고리즘에서는 선택(selection)에 의한 재생산과, 교배(crossover), 그리고 돌연변이(mutation) 등 일종의 자연선택적 과정을 확률에 바탕을 두고 수학적으로 모델링하여 탐색과정을 구성한다.

유전자 알고리즘에서 선택 과정(selection mechanism)은 적합도가 높은 해를 보존함으로써 최상의 해를 개발하는 과정이다. 반면에 교배 및 돌연변이 등의 유전 연산자는 새로운 개체(offspring)를 발생시켜 설계공간의 새로운 영역을 탐색하는 도구로 사용이 된다. 즉, 유전자 알고리즘의 탐색 과정에는 최상의 해를 개발하는 것과 전체 설계공간을 탐색하는 것 등 두 가지 중요한 탐색의 원칙<sup>8)</sup>이 포함되어 있다.

이러한 진화에 의한 탐색은 임의 탐색(random search)이므로 항상 보다 나은 해를 탐색한다는 것을 보장하지는 않는다<sup>8)</sup>. 따라서, 유전자 알고리즘 응용문제의 대부분은 적절한 시간 이내에 -완벽하지는 않을지라도- 적당히 좋은(reasonably good) 해를 요구하는 형태였다<sup>1)</sup>. 특히, 적합도가 기만적(deceiving)인 경우 유전자 알고리즘이 전역 최적해(global optimum)를 찾는 것이 힘들어진다<sup>1)</sup>. 또한, 유전자 알고리즘은 선택과정에 의한 집중(focusing)과 유전 연산자에 의한 확산(diffusing)이 서로 평형을 이루어 상당한 시간의 정체(stasis) 후에 성능 향상이 진행되는 현상인 '잠시 중단된 평형상태(punctuated equilibria)'가 발생<sup>1)</sup>하기도 한다. 이러한 특성은 유전자 알고리즘의 계산비용을 증가시키는 요소들이다.

유전자 알고리즘의 단점을 보완하여 최적해를 안

정적으로 탐색하고 계산비용을 감소시키기 위한 한 방법으로 혼합 유전자 알고리즘(hybrid genetic algorithm)이 연구되고 있다. 혼합 유전자 알고리즘은 단순 유전자 알고리즘과 지역적 탐색(local search) 기법을 결합시킨 것이다. 단순 유전자 알고리즘은 개체집단 전체의 전역적 탐색(global search)을 위하여 사용되고 지역적 탐색 기법은 한 개체(individual)를 보다 나은 개체로 향상시키기 위하여 염색체를 개선시키는데 사용된다.

혼합 유전자 알고리즘의 지역 탐색 기법은 크게 두 가지로 분류할 수 있다. 첫 째는 진화과정에서 얻은 정보를 활용하여 지역 탐색을 하는 방안으로, 라마르크 진화(Lamarckin evolution) 또는 볼드윈 효과(Baldwin effect) 등의 이론을 활용하여 지역 탐색 기법<sup>1,2,8)</sup>을 구성한다. 이러한 탐색법은 한 개체의 생애(lifetime) 동안 얻은 지식과 경험 등을 이용하는 것으로 학습(learning)에 의한 등반 기법(hill climbing)<sup>2,8)</sup>이 대표적이다.

둘째는 개체의 진화와는 무관한 탐색기법인 직접 탐색법(direct search), 최적성 기준법(optimality criteria) 등을 활용하여 지역 탐색 기법을 구성하는 방안이다. 이동곤 등의 연구(1994)<sup>3)</sup>에서는 유전자 알고리즘(GA)에 직접탐색법 중 하나인 Hooke & Jeeves의 방법을 결합하였다. Sahab 등의 연구(2004)<sup>5)</sup>에서는 수정된 유전자 알고리즘(modified GA)과 Hooke & Jeeves의 기법을 결합한 혼합유전자 알고리즘을 제안하였다. Chan 등의 연구(2005)<sup>6)</sup>에서는 최적성 기준법에 기초한 지역탐색연산자(local search operator)를 도입한 혼합유전자 알고리즘을 구성하였다.

이상의 연구결과에서 대부분 단순 유전자 알고리즘보다는 혼합 유전자 알고리즘이 효율적인 것으로 제시되었으며, 이러한 연구결과를 통하여 진화이론과 연관된 지역 탐색법과 진화이론과 무관한 지역 탐색법 등 두 가지 모두 유전자 알고리즘의 효율성 향상에 기여할 수 있는 것으로 판단된다.

## 3. 유전자 알고리즘의 개선

본 연구에서는 보다 안정적이고 빠르게 해를 탐

색하기 위하여 단순 유전자 알고리즘에 방향벡터에 의한 탐색과정을 도입한 알고리즘인 D-GA를 제안한다.

### 3.1 방향벡터의 정의

수학적 계획법 등과 같은 일반적 최적화 기법에서는 다음과 같이 방향벡터를 이용한 반복과정을 통하여 일련의 해를 탐색하고 최적해에 도달한다.

$$X^{k+1} = X^k + D^k \quad (1)$$

여기서,  $k$ 는 반복된 횟수,  $X^k$ 은 현재의 설계점( $k$ 번째 설계점),  $X^{k+1}$ 는 다음의 설계점( $k+1$ 번째 설계점),  $D^k$ 는 탐색방향을 나타내는 방향벡터(direction vector)이다. 본 연구에서는 2장에서 살펴 본 혼합 유전자 알고리즘의 연구결과를 참고로 하여 민감도 해석 등 수학적 기법을 사용하지 않고 직관적으로 학습방향벡터(learning direction vector)와 랜덤방향벡터(random direction vector) 등 두 가지 방향벡터를 설정하였다. D-GA에서 유전 연산자는 이진수 부호화(binary coding)에 의한 염색체(chromosome)를 사용하지만, 방향벡터의 연산에서는 염색체가 아닌 설계변수를 그대로 사용한다.

#### 3.1.1 학습방향벡터

개체는 학습(learning)과 진화(evolution)라는 두 종류의 적응과정<sup>1)</sup>을 통하여 주어진 환경에 가장 적합하도록 변화하게 된다. 진화는 부모와 자식의 세대 간 변화를 통하여 발전하는 과정을 말하며, 학습은 한 개체의 생존기간(life time)동안에 경험을 통하여 지식과 생존능력 등을 습득함으로써 발전하는 것을 말한다.

학습에 관한 진화이론 중 대표적인 것은 라마르크 진화(Lamarckian evolution)와 볼드윈 효과(Baldwin effect)이다<sup>1)</sup>. 라마르크는 우리에게 기린의 목으로 상징되는 용불용설과 획득형질 유전설의 제창자로 알려져 있다. 볼드윈 효과(The Baldwin effect)는 생물들이 습득한 지식과 기술에 의존해 생태학적 어려움을 극복하고 생존의 가능성을 높이는 현상을 말한다. 즉, 생물들이 학습을 통해 환경에 적합하도록 진화할

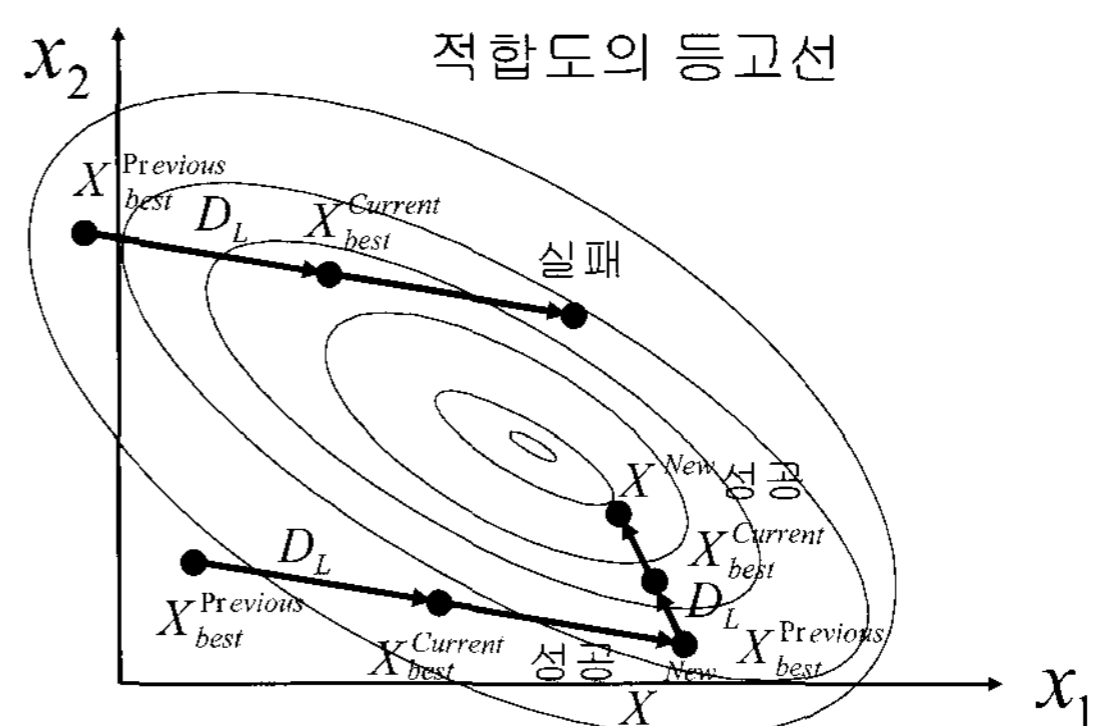
수 있다는 의견이다. 라마르크 진화의 경우 국부 최적점에서 더 이상 진화하지 못하는 문제가 발생할 수 있으며, 볼드윈 효과를 이용할 경우 수렴속도가 늦어진다는 등의 단점이 있지만<sup>2)</sup>, 학습의 과정을 도입한 혼합 알고리즘은 단순 유전자 알고리즘보다 우수한 성능을 보인다<sup>1,2,8)</sup>.

본 연구에서는 부모세대의 진화에서 우수한 형질을 획득하는 방법을 자손에게 물려주는 개념의 학습 과정을 다음의 식 (2)와 같은 학습방향벡터  $D_L$ 로 구성하였다.

$$D_L = X_{best}^{Current} - X_{best}^{Previous} \quad (2.a)$$

$$X^{w} = X_{best}^{Current} + D_L \quad (2.b)$$

여기서,  $X_{best}^{Current}$ 와  $X_{best}^{Previous}$ 는 각각 현재와 이전의 세대에 포함된 최상의 해이다. 식 (2)는 다른 방향보다는 이미 한 번 진화에 성공한 방향이 새로운 진화의 가능성이 더 크다는 가정에서 출발한 것으로, 복잡한 방향벡터의 설정에 의하여 수렴속도가 저하하는 현상을 피하기 위하여 가장 간단한 형태로 구성하였다.



<그림 1> 2변수 설계공간에서의 탐색

<그림 1>은 2변수 설계공간에서 학습방향벡터의 의미를 도시한 것이다.

#### 3.1.2 랜덤방향벡터

2장에서 살펴본 바와 같이 진화와 무관한 탐색 기법 또는 최적화 기법을 지역 탐색법으로 사용한 많은 연구<sup>1,2,4,5,6)</sup>가 있었다. 이러한 연구들은 다소의

차이가 있지만 유전 연산자가 이전 세대 보다 나은 개체를 생산하지 못하는 경우에 부모세대에 존재한 최상의 해 주변을 탐색하여 보다 나은 해를 탐색한다는 공통점이 있다.

유전자 알고리즘의 한 개체를 설계공간 내 하나의 설계점으로 가정하면 지역탐색을 위한 주변 공간의 크기를 추정할 수 있다. 설계변수의 개수를  $N_e$ 라 하고, 한 개체를 중심으로 모든 설계변수가 하나씩 증가하거나 감소할 수 있다고 가정하면, 한 개체(설계점)의 주변에 위치한 설계점의 개수는  $3^{N_e} - 1$  개(10부재 트러스 설계의 경우 59048개)이다. 따라서 한 개체 주위에 있는 모든 설계점을 검토한다면 계산량이 상당히 증가하게 된다.

또한, 공성곤 등의 역서(1997)<sup>1)</sup>에서 왕도 함수(Royal road functions)에 최급 상승 등반(steepest-ascent hill climbing), 준 최급상승 등반(next-ascent hill climbing), 랜덤 돌연변이 등반(random-mutation hill climbing) 등과 유전자 알고리즘을 적용하여 성능을 비교한 결과 랜덤 돌연변이 등반이 가장 효율적인 것으로 나타났다. 비록 특정한 경우이기는 하지만 이 결과를 통하여 임의의 선택이 지역 탐색의 효율성을 높

일 수 있다고 판단하였다.

이러한 점들을 고려하여 본 연구에서는 각 설계 변수를 하나 증가 또는 감소시키면 얻을 수 있는 주변 설계점을 탐색하기 위하여 1, 0, -1 만으로 조합된 랜덤방향벡터  $D_R$ 를 사용하는 방안에 대하여 검토하였다. 다음 식 (3)은 랜덤방향벡터의 세 가지 예이다.

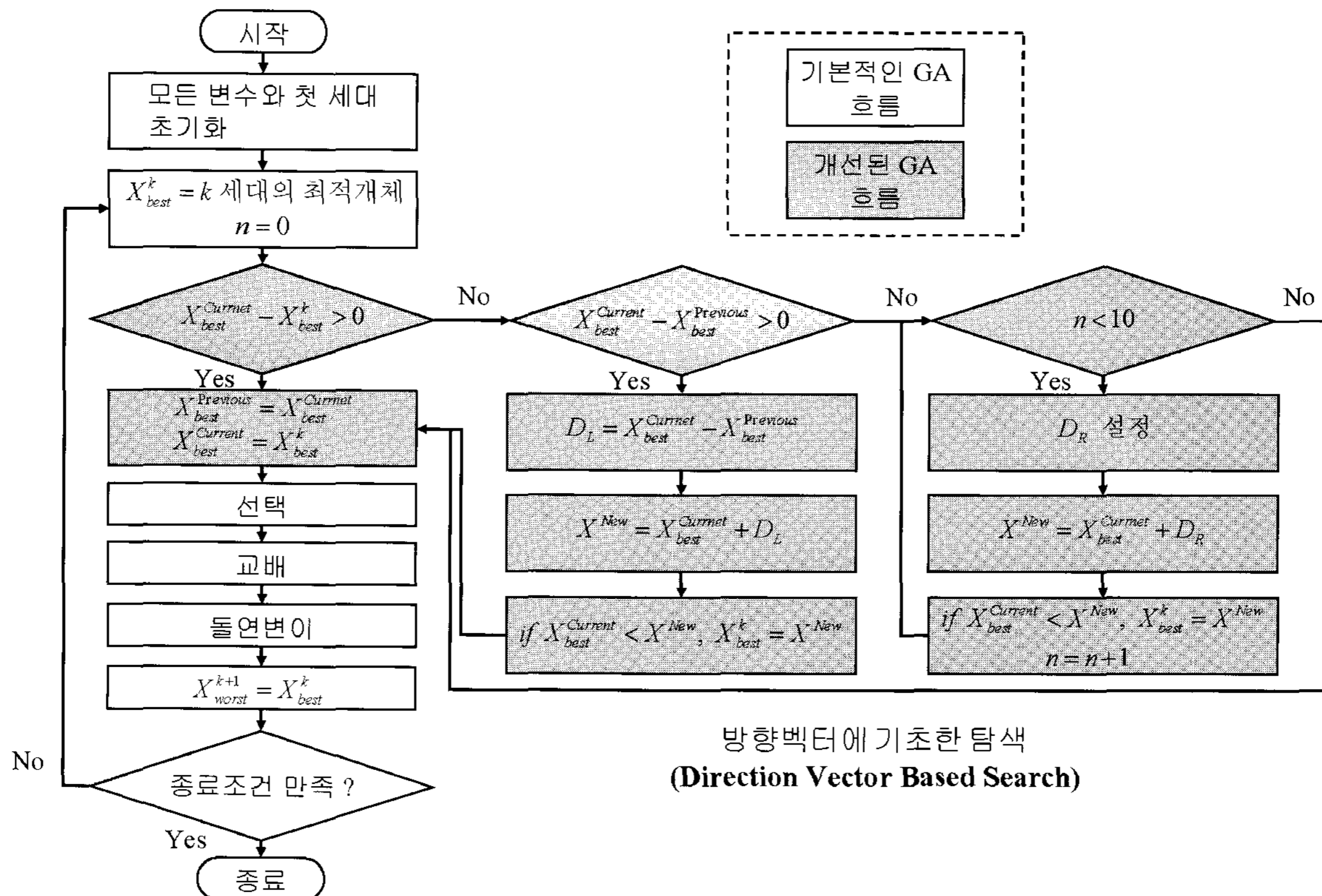
$$D_R = \{1, -1, 1, 0, 0, 1, 0, 0, 1, 0\} \quad (3.a)$$

$$D_R = \{1, 1, 0, 1, -1, 1, -1, -1, 1, 1\} \quad (3.b)$$

$$D_R = \{-1, -1, 1, -1, -1, 0, -1, 0, -1, 1\} \quad (3.c)$$

$$X^{w} = X_{best}^{Current} + D_R \quad (3.d)$$

여기에서,  $X_{best}^{w}$ 와  $X_{best}^{Current}$ 는 학습방향벡터에서와 같이 최상의 개체를 나타내는 표현형의 설계변수이다. 본 연구에서는 한 세대 당 10개의 랜덤방향벡터만 사용하지만 세대의 진화가 지속됨에 따라 탐색되는 설계점이 누적되어 보다 나은 개체의 탐색 확률이 지속적으로 높아지도록 하였다. 랜덤방향벡터를 이용한 기법은 진화의 방향이 임의로 선택되므로 유전자 알고리즘이 갖는 자연적인 진화의 의미



〈그림 2〉 D-GA의 흐름도

를 유지하며 수학적계획법이나 최적정기준법과 같은 이질적이고 복잡한 탐색기법이 추가되지 않아도 된다는 장점이 있다.

### 3.2 방향벡터를 이용한 유전자알고리즘(D-GA)

유전자 알고리즘은 임의 개체 생성에 의해 진화함으로써 전역 최적화(global optimization)에 유리하다는 장점이 있다. 또한, 유전자 알고리즘은 부모세대에서 자손세대로 진화하면서 최적의 개체를 찾아 나가는 방식이다. 즉, 한 개체집단(population)에서 보다 나은 새로운 개체집단을 탐색한다. 그러나, 3.1절의 방향벡터에 의한 탐색기법은 한 개체(individual) 또는 설계점에서 보다 나은 다른 개체 또는 설계점으로 이동시키는 방향을 설정하는 것으로 지역 탐색에 적합하다.

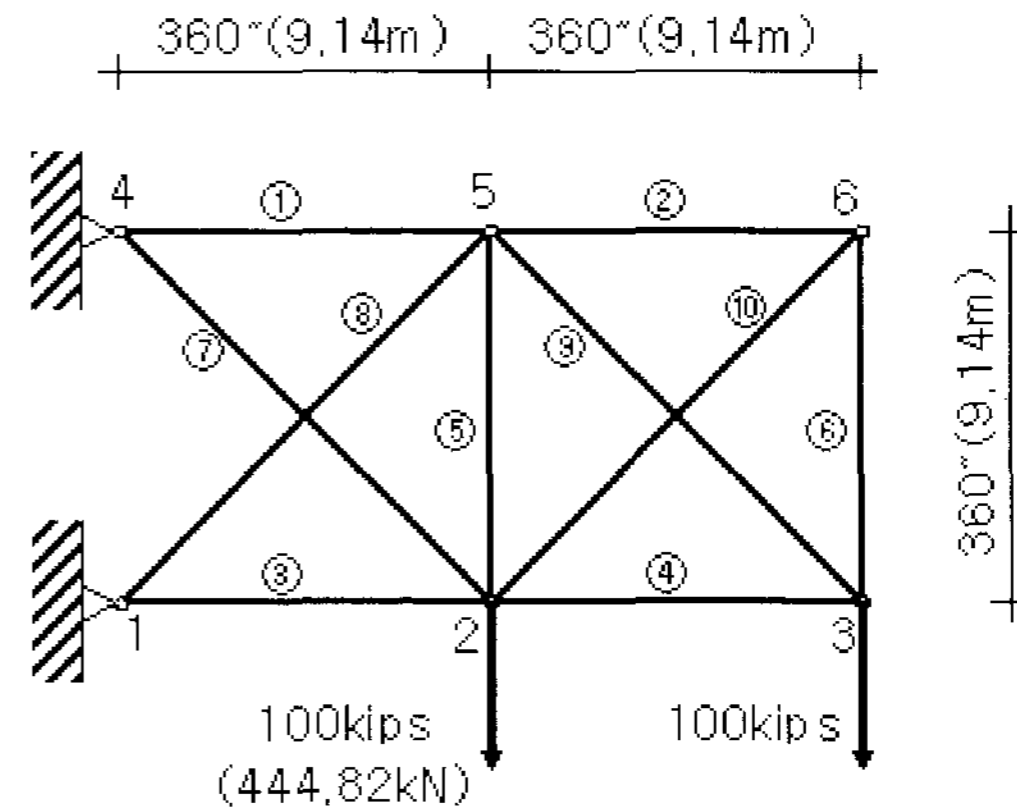
따라서, 본 연구에서는 유전자 알고리즘의 기본적인 구성 요소인 선택과, 교배 및 돌연변이 등의 유전 연산자를 사용하여 설계 공간의 전역적 탐색을 수행하고, 유전 연산자를 사용하여 보다 나은 개체를 탐색할 수 없는 경우( $X_{best}^{Current} - X_{best}^k > 0$ )에만 제한적으로 방향벡터를 사용하도록 알고리즘을 구성하였다. <그림 2>에 방향벡터에 의한 탐색과정을 포함한 새로운 유전자 알고리즘을 도시하였다. <그림 2>에서 현재의 세대가 k번째 세대일 때,  $X_{best}^k$  는 k번째 세대에 속한 개체 중 최상의 개체를 지칭한다. 다른 기호는 식 (2)와 (3)에 나타난 것과 동일하다.

<그림 2>에서는 단순 유전자 알고리즘에 포함된 기본적인 진화의 흐름과 방향벡터를 이용한 탐색과정을 구분하여 정리하였다. D-GA에서는 랜덤방향벡터보다 학습방향벡터가 먼저 사용되고, 학습방향벡터는 한 번만 적용되지만 랜덤방향벡터는 한 세대당 10개까지 적용되도록 흐름도가 구성되어 있다.

## 4. 트러스 설계 예

본 연구에서 제시한 알고리즘인 D-GA의 효율성을 검토하기 위하여 10부재 트러스의 최적설계문제를 수행하였다. 이 문제는 여러 연구<sup>5,7)</sup>에서 폭넓게 사용되어 왔다. 기존 연구와의 결과 비교를 용이하

게 하기 위하여 SI단위로 단위를 환산하지 않고 Sahab등의 연구(2004)<sup>5)</sup>에서 제시된 단위를 그대로 사용하였으며, 참고로 괄호 안에 SI단위로 환산된 값들을 병기하였다. 10부재 트러스 모델의 형상과 하중 등은 다음의 <그림 3>에 나타내었다. 모든 부재의 밀도  $\rho = 0.1lb/\epsilon^2(2767.99kg/m^3)$  이고, 탄성계수  $E = 10000ksi(68947.57MPa)$ 이며, AISC 매뉴얼의 더블앵글 알루미늄을 사용하는 것으로 가정하였다.



<그림 3> 10부재 트러스 모델

10부재 트러스의 최적화 설계문제는 주어진 응력 및 변위 제약조건을 만족하면서 전체 구조물의 중량을 최소화하는 부재를 찾는 것이다. 따라서, 목적함수는 식 (4.a)와 같이 전체 트러스의 중량으로 설정된다. 식 (4.b)와 (4.c)의 제약조건은 각 부재의 응력  $\sigma_i$ 가  $\pm 25ksi(172.37MPa)$ 를 초과할 수 없으며, 2번 절점과 3번 절점의 수직 처짐  $\delta_j$ 는  $2\epsilon(5.08cm)$ 를 초과할 수 없다는 의미이다.

$$\text{최소화 } f(X) = \sum_{i=1}^{10} \rho A_{x_i} L_i \quad (4.a)$$

$$\text{제약조건 } g_j^\sigma = |\sigma_j(X)| - 25 \leq 0, \quad j = 1, 2, \dots, 10 \quad (4.b)$$

$$g_k^\delta = \delta_k(X) - 2 \leq 0, \quad k = 2, 3 \quad (4.c)$$

$$A_{x_i} (\epsilon^2) \in \{1.62, 1.80, 1.99, 2.13, 2.38, 2.62, 2.63, 2.88, 2.93, 3.09, 3.13, 3.38, 3.47, 3.55, 3.63, 3.84, 3.87, 3.88, 4.18, 4.22, 4.49, 4.59, 4.80, 4.97, 5.12, 5.74, 7.22, 7.97, 11.5, 13.5, 13.9, 14.2, 15.5, 16.0, 16.9, 18.8, 19.9, 22.0, 22.9, 26.5, 30.0, 33.5\} \quad (4.d)$$

$$X = \{x_i | x_i \text{는 } i\text{번 부재의 색인번호}, i = 1, \dots, 10\} \quad (4.e)$$

여기서, 설계변수  $x$ 는 트러스를 구성하는 부재의 단면특성을 나타내는 색인 번호이며,  $A_{x_i}$ 는  $i$ 번 부재의 단면적으로 식 (4.d)의 집합에서  $x_i$ 번재의 값이다.

본 연구에서는 유전자 알고리즘에 적합하도록 설계문제를 구성하기 위하여 식 (4)의 구조최적화 문제의 제약조건을 벌칙함수를 사용하여 재구성함으로써 식 (5)의 무제약 최적화 문제<sup>7)</sup>로 변환시켰다.

$$\text{최대화 } F = 100000 - f(1 + 10000C) \quad (5.a)$$

$$C = \sum_j C_j^\sigma + \sum_k C_k^\delta \quad (5.b)$$

$$C_j^\sigma = \begin{cases} 0 & \text{if } g_j^\sigma \leq 0 \\ g_j^\sigma & \text{if } 0 < g_j^\sigma \leq 1 \\ (g_j^\sigma)^2 & \text{if } 1 < g_j^\sigma \end{cases} \quad (5.c)$$

$$C_j^\delta = \begin{cases} 0 & \text{if } g_j^\delta \leq 0 \\ g_j^\delta & \text{if } 0 < g_j^\delta \leq 1 \\ (g_j^\delta)^2 & \text{if } 1 < g_j^\delta \end{cases} \quad (5.d)$$

식 (5.a)는 벌칙함수(penalty function)을 사용하여 식 (4.a)의 목적함수를 적합도함수로 변환한 것이다. 식 (4.b)와 (4.c)의 응력 및 변위 제약조건은 식 (5.c)와 (5.d)로 변환하여 식 (5.b)를 제약조건 위반함수를 구성하였다.

<표 1>은 Sahab 등의 연구(2004)<sup>5)</sup>에서 제시한 10부재 트러스 설계문제의 해와 본 연구의 결과를 비교한 것이다. Sahab 등은 제시한 해가 수학적으로 최적해(optimum solution)임을 검증하지는 못하였지만, 제시된 해의 주변을 지역탐색 기법으로 조사하여 그 결과를 제시함으로써 해의 정확성을 간접적으로 검토하고 해를 검증하였다.

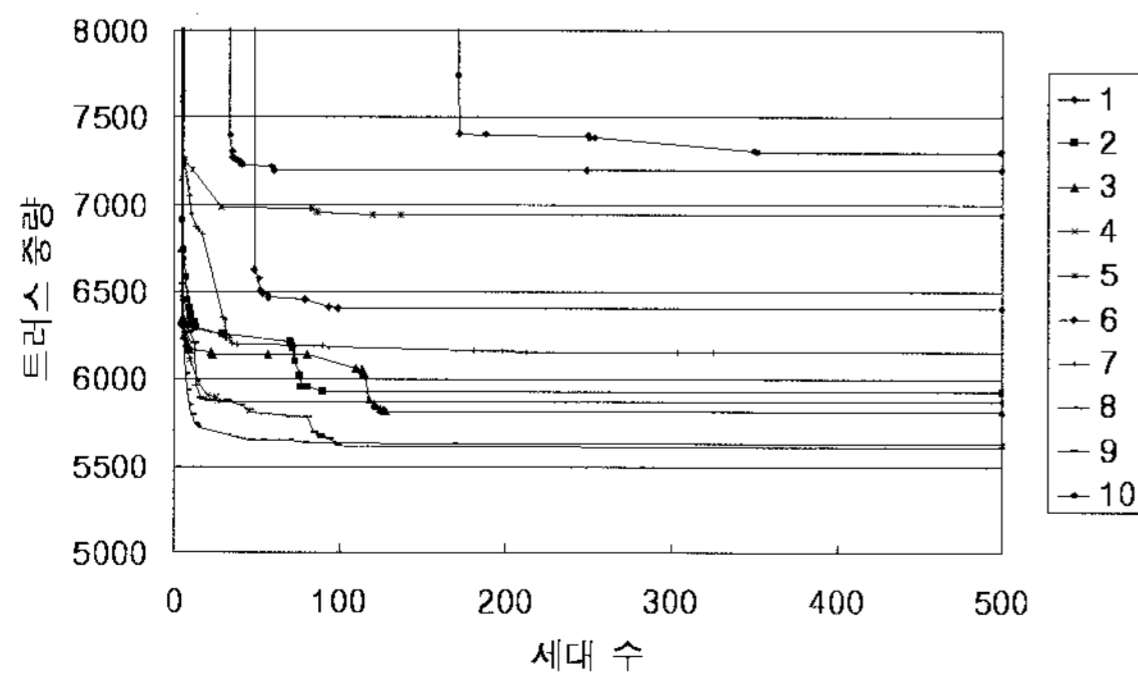
본 연구에서는 단순 유전자 알고리즘(단순 GA)과 D-GA 등 두 가지 알고리즘을 사용하여 10부재 트러스를 설계하고 결과를 비교하였다. 컴퓨터는 Windows Vista를 OS로 하고 Intel(R) Core(TM)2 2GHz CPU가 설치된 PC를 사용하였으며, MATLAB을 사용하여 프로그래밍 하였다. 두 기법 모두 개체집단의 수는 100개로 하였고, 종료기준을 세대제한으로 설정하여 최대 500세대까지 진화하도록 하였다. 선택기법에는 정규화 된 기하학적 순위(normalized geometric ranking)에 의한 순위기법(ranking method)을 채택하였으며, 단순 교배(simple crossover)와 이진수 돌연변이(binary mutation) 등의 유전 연산자<sup>7)</sup>를 사용하였다.

단순 GA와 D-GA는 각각 10회씩 실행하였으며 <그림 4>와 <그림 5>에 수렴과정을 도시하였다. 그래프의 가로 축은 1세대부터 500세대까지 진화하

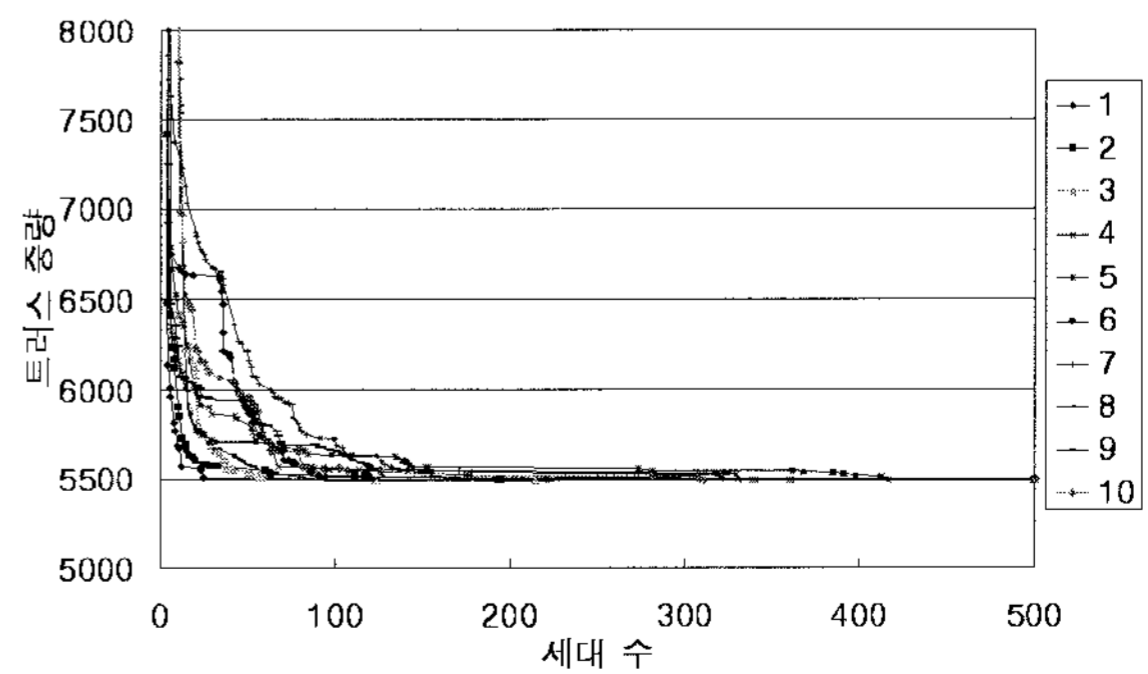
<표 1> 10부재 트러스 설계문제의 해 비교

부재번호	1(in <sup>2</sup> )	2(in <sup>2</sup> )	3(in <sup>2</sup> )	4(in <sup>2</sup> )	5(in <sup>2</sup> )	6(in <sup>2</sup> )	7(in <sup>2</sup> )	8(in <sup>2</sup> )	9(in <sup>2</sup> )	10(in <sup>2</sup> )	총중량(lb)
Rajeev(1992)*	33.5	1.62	22.0	15.5	1.62	1.62	14.2	19.9	19.9	2.62	5613.8
Sahab(2004) <sup>5)</sup>	33.5	1.62	22.9	14.2	1.62	1.62	7.97	22.9	22.0	1.62	5490.7
D-GA의 결과	33.5	1.62	22.9	14.2	1.62	1.62	7.97	22.9	22.0	1.62	5490.7

\*Rajeev(1992)는 Sahab 등의 연구<sup>5)</sup>에서 인용한 문헌임.



<그림 4> 단순 GA의 수렴과정



<그림 5> D-GA의 수렴과정

는 세대의 수를 나타내었고, 세로 축은 근사적인 트러스 중량인  $f(1+10000C)$ 의 값을 나타내었다. 최적화가 진행이 되어 제약조건을 거의 위배하지 않는다고 가정하면  $C$ 값은 0으로 가정할 수 있다. <그림 4>와 <그림 5>에는 10회의 수렴과정을 모두 나타내었으며, 세로축의 값이 8000보다 큰 초기 값은 큰 의미가 없으므로 생략하였다.

단순 GA를 사용하여 최적화를 10회 실행한 결과 발견한 최상의 해는 총중량이 5605.83lb이었고, 최종 해는 5605.83~7298.53lb까지 변화가 컸으며, 10회 평균값은 6284.50lb였다. 500세대까지 진화하는데 소요된 시간은 평균 114.52초 정도였다. <그림 4>에 도시된 단순 GA의 수렴과정을 살펴보면 해의 탐색이 지연되는 구간이 발생함을 살펴볼 수 있으며 최종 해의 편차도 크다.

<표 2>는 본 연구에서 제안하는 D-GA에 의한 최적설계 결과이다. D-GA에는 방향벡터를 이용한 탐색과정이 추가되었지만, 그 외 진화에 있어서는 단순 GA와 동일한 선택기법 및 유전 연산자가 사용되었다. D-GA는 총 10회의 수행 중 7회는 <표 1>에 제시된 최상의 해(5490.74lb)를 발견하였으며, 나머지 3회는 Sahab의 연구<sup>5)</sup>에서 제시된 2번째로 좋은 해(5491.72lb)가 탐색되었다. D-GA에 의한 해의 10회 평균값은 5491.03lb이었다. 단순 GA에 비해서는 탐색의 정확도가 크게 향상되었음을 확인할 수 있다.

또한, <그림 5>에 제시된 D-GA의 수렴과정과 <그림 4>의 단순 GA의 수렴과정을 비교하면 D-

GA가 훨씬 안정적이고 빠르게 해로 수렴함을 살펴볼 수 있다. D-GA가 500세대까지 진화시키는데 소요된 시간은 평균 126.92초이며 단순 GA의 평균시간인 114.52초보다 약 10%정도 증가하였으므로, 방향벡터를 이용한 탐색에 의해 약 10%정도 계산량이 증가하였음을 확인할 수 있다. 그러나 최종해는 500세대 보다 적은 평균 246.10세대 만에 탐색하였으므로, 이를 감안하면 D-GA가 실제 해를 탐색하는데 소모한 시간은 62.47초가 된다. D-GA가 단순 GA에 비하여 훨씬 빠른 시간에 해를 탐색한 것이다. <표 1>에서 학습방향벡터와 랜덤방향벡터가 보다 나은 개체를 탐색하는데 성공한 빈도를 살펴보면 학습방향벡터는 평균 1.1회 인데 비하여 랜덤방향벡터는 평균 13.5회나 된다. 학습방향벡터는 진화가 멈춘 초기에 1회만 사용된 것에 비하여 랜덤방향벡터는 진화가 멈춘 후 보다 나은 개체를 발견할 때까지 매 세대마다 10회씩 사용되었기 때문이다.

이상의 10부재 트러스 최적설계 결과를 통하여 방향벡터를 이용한 알고리즘인 D-GA가 정확도와 수렴의 안정성 및 속도 등의 측면에서 단순 GA보다 효율적인 기법임을 확인할 수 있다.

## 5. 결 론

본 연구에서는 D-GA라는 새로운 혼합 유전자 알고리즘을 제시하였으며, 10부재 트러스 설계문제에 적용한 결과 다음과 같은 결론을 도출하였다.

- 1) D-GA는 단순 유전자 알고리즘에 방향벡터를 이용한 지역 탐색법을 추가한 새로운 개념의 진화 알고리즘이다. D-GA에는 학습방향벡터와 랜덤방향벡터 등을 도입하였다.
- 2) 10부재 트러스 설계문제를 통하여 동일한 세대를 진화시킬 경우 D-GA의 정확성이 단순 유전자 알고리즘에 비하여 높다는 것을 확인하였다.
- 3) 트러스 설계문제에서 D-GA는 단순 유전자 알고리즘에 비하여 방향벡터에 의한 탐색과정이 추가됨에 따라 계산량이 10%정도 증가하였다. 그러나 평균 246.10세대 만에 해에 수렴하였으

<표 2> D-GA의 수행결과

수행 횟수	최종해 탐색 세대수	해(lb)	방향벡터 성공횟수		소요 시간(초)
			학습(회)	랜덤(회)	
1	94	5,491.72	0	15	126.50
2	195	5,490.74	1	9	127.53
3	214	5,490.74	2	8	126.83
4	360	5,490.74	0	17	127.62
5	412	5,491.72	3	13	126.13
6	221	5,490.74	1	3	126.64
7	331	5,491.72	2	22	126.28
8	96	5,490.74	1	12	126.41
9	230	5,490.74	1	20	127.53
10	308	5,490.74	0	16	127.68
평균	246.10	5,491.03	1.10	13.50	126.92

므로 단순 유전자 알고리즘보다 수렴속도가 빠름을 확인하였다.

- 4) 10부재 트러스 설계 문제에서는 랜덤방향벡터가 학습방향벡터보다 더 효율적으로 사용되었다. 학습방향벡터는 진화 정보를 이용하여 한 가지 방향을 선택하는데 비하여 랜덤방향벡터는 임의의 방향이기는 하지만 한 세대당 10개의 방향을 탐색하기 때문인 것으로 판단된다.

본 연구에서 새로운 혼합 유전자 알고리즘으로 제시된 D-GA는 단순 유전자 알고리즘에 비하여 구조최적화에 효율적인 기법이다. D-GA의 실용화를 위해서는 보다 대규모의 다양한 구조물에 적용하여 그 효율성을 검토하는 과정이 필요할 것으로 판단되며, 학습방향벡터와 랜덤방향벡터의 개선 및 보다 나은 방향벡터의 구성을 위한 지속적인 연구가 필요하다.

### 참고문헌

1. 공성곤, 김인택, 박대희, 박주영, 신요한 공역 (1997), Melanie Mitchell 원저 유전자 알고리즘 입문, 진영사, pp.301.
2. 고명숙, 길준민(2001), 복합 유전자 알고리즘에서의 국부 탐색을 위한 셀룰러 학습 전략, 정보과학회논문지 : 소프트웨어 및 응용, Vol. 28, No. 9.
3. 이동곤, 정성재, 김수영(1994), 유전적 알고리즘

과 직접탐색법의 결합에 의한 효율적인 최적화방법에 관한 연구, 대한조선학회논문집, Vol. 31, No. 3, pp.12-18.

4. I-Cheng Yeh(1999), Hybrid Genetic Algorithms for Optimization of Truss Structures, Computer-Aided Civil and Infrastructure Engineering, Vol. 14, pp.199-206.
5. Mohammad G. Sahab, Vassili V. Toropov, Ashraf F. Ashour(2004), A Hybrid Genetic Algorithm for Structural Optimization Problems, Asian Journal of Civil Engineering(Building and Housing), Vol. 5, Nos. 3-4, pp.121-143.
6. C.-M. Chan and K.-M. Wong(2005), An Efficient Hybrid Genetic Algorithm for Structural Form and Element Sizing Design Optimization of Tall Steel Frameworks, 6th World Congress of Structural and Multidisciplinary Optimization, Rio de Janeiro, Brazil.
7. Hongwoo Lee(2007), An Efficient Genetic Algorithm Improved by the Direction Vector for the Structural Optimization, 7th World Congress on Structural and Multidisciplinary Optimization, Seoul, Korea.
8. M. Gen, R. Cheng(2000), Genetic Algorithms and Engineering Optimization, John Wiley & Sons, pp.495.