

수정된 유전 알고리즘을 이용한 비선형최적화 문제의 효율적인 해법 (An Efficient Method for Nonlinear Optimization Problems Using Modified Genetic Algorithms)

윤영수, 이상용

건국대학교 산업공학과

< Abstract >

This paper describes the application of Genetic Algorithms(GAs) to nonlinear constrained mixed optimization problems.

Genetic Algorithms are combinatorial in nature, and therefore are computationally suitable for treating discrete and integer design variables.

But, several problems that conventional GAs are ill defined are application of penalty function that can be adapted to transform a constrained optimization problem into an unconstrained one and premature convergence of solution.

Thus, we developed an modified GAs to solve this problems, and two examples are given to demonstrate the effectiveness of the methodology developed in this paper.

1. 서론

비선형최적화문제(Nonlinear optimization problem)의 해결을 위한 많은 알고리즘이 개발되었다. 그렇지만 대부분의 방법들은 탐색과정의 효율성은 높였지만 제약조건이 있는 경우와 여러개의 국소최적점, 즉 Local optimum을 가지는 비선형최적화문제, Non-convex를 지나는 목적함수의 최적화 문제에 대해서는 적용상 많은 어려움이 있다.

이에 대해 비선형 문제에 효율적으로 적용가능하며 비교적 전범위의 최적점에 근사한 해를 구할 수 있는 유전 알고리즘(Genetic Algorithms:GAs)에 의한 탐색적 방법이 연구의 관심을 두고 있다.

유전알고리즘은 생태계의 진화원리에 바탕을 둔 최적해에 대한 탐색 알고리즘의 하나로 다양한

종류의 문제들에 대해 효과적으로 적용가능하며 비교적 전범위의 최적점에 가까운 해를 구할 수 있다는 장점이 있다. 그러나 유전알고리즘의 적용에 있어서 제약조건이 있는 목적함수를 제약조건이 없는 목적함수로 만들기 위해 위반함수(Penalty function)를 적용하는데, 실제적으로는 어떤 위반함수를 선택하느냐에 따라 결과에 많은 영향을 미치며 또 위반계수를 결정하는데도 정형화된 방법이 없이 설계자의 경험에 의존하고 있다. 그리고 해의 조기수렴(Premature convergence)을 방지하기 위해 적합도 변환(Fitness scaling)을 하는데 이로 인해 계산과정은 더욱 복잡해지고 설계자가 어떤 적합도 변환방법을 선택하느냐에 따라 결과가 달라지게 된다.

본 연구에서는 이러한 문제점을 수정한 유전 알고리즘(Modified Genetic Algorithms:MGA)을 제시하고자 한다. 수정된 유전 알고리즘은 각각의 유전 연산을 거칠 때 마다 해를 평가하여 제약조건을 만족하지 못한다면 제약조건을 만족할때 까지 랜덤하게 개체(String)를 재발생시키는 방법을 사용하여 위반함수를 사용하지 않도록 하였다. 그리고 조기수렴의 문제는 해를 다양하게 발생시키면 해결가능하며 해를 표현하는 2진 문자열의 범위를 충분히 크게하여 해를 재발생시키는 확률을 더 높이는 방법을 사용하여 적합도 변환을 하지 않았다.

이러한 방법을 몇가지 비선형 최적화 문제에 적용하여 그 유효성을 보였다.

2. 유전 알고리즘

유전 알고리즘은 인공지능(Artificial Intelligen-

ce)의 한 기법으로서 2차원 이상의 복잡한 탐색공간에서 전범위의 최적해(Global optimal solution)를 탐색하는데 아주 효율적이며, 유연하다고 증명되어져 왔다[8]. 이러한 유전 알고리즘은 생태계의 자연선택(Natural selection)과 적자생존(Survival of the fittest)에 근거를 두고 있으며, 새로운 집단(New population)을 형성할 때에 과거의 집단(Old population)에서 높은 적합도를 가지는 개체(String)가 높은 확률을 가지고 새로운 집단으로 유전한다는 것이 그 기본적인 원리이다. [9]

유전 알고리즘은 John Holland[8]가 그 이론적인 근거를 마련했으며, Goldberg[6]에 의해 공학분야에서 가스 송수관문제에 대한 최적 설계가 최초로 시도된 이래 많은 발전이 되어 오고 있다.

유전 알고리즘에 대한 기존의 연구를 살펴보면 Venkatachalan[12]은 유전 알고리즘의 기본적인 연산자인 복제 (Reproduction), 교차변이(Crossover), 돌연변이(Mutation)중에서 교차변이의 구조에 대해 연구·분석하였으며, Wu와 Chow[13]는 GA에서 사용되는 4가지 Parameter인 집단의 크기(Population size), 교차변이, 교차변이 확률, 돌연변이 확률 등을 개체 자체로 처리한 Meta-GA를 개발하여 최적의 Parameter 조합을 찾으려는 시도를 하였다.

Lin과 Hajela[10]는 이산치와 정수설계변수가 혼합된 설계최적화 문제(Optimization problems with discrete and integer design variables)를 해결하는데 유전 알고리즘을 적용하였다. 또한 이 연구에서는 유전 알고리즘에서 제약조건이 있는 최적화 문제를 비제약조건의 최적화 문제로 만들기 위해 위반항(Penalty term)을 목적함수에 적용하게 되는데 이에 대한 세밀한 평가의 필요성을 강조하고 있다.

Gupta[7]는 GT(Group technology)에서 셀제조(Cellular manufacturing) 설계문제에 대해서, Hon[9]은 부품군(Part family)형성문제에 대해서 유전 알고리즘을 적용하였으며, Dorndore 와 Pesch[4]는 기계일정계획문제(Machine scheduling problem)에 유전 알고리즘을 적용하였다.

이와같이 전통적인 최적화 기법들과 큰 차이를 보이고 있는 유전 알고리즘의 특성들로 인해 지금까지의 대규모 해결 불가능(NP-complete) 문제에 대한 최적해의 탐색방법으로서 가치가 있고, 생물학, 컴퓨터 공학, 이미지처리(Image processing) 및 패턴인식(Pattern recognition), 기계학습(Machine learning), 엔지니어링(Engineering), Operation Research, 사회과학등의 광범위한 분야에 성공적으로 적용되고 있다.

3. 기존의 유전 알고리즘의 문제점과 수정된

유전알고리즘의 설계

본 연구에서는 다음에 제시하는 세가지 방법의 의해 기존의 유전 알고리즘을 개선하고 있다.

첫째, 기존의 유전 알고리즘에서는 제약조건이 있는 최적화 문제에 대해 제약조건을 비제약조건으로 만들기 위해서 Goldberg[6]는 식 (1)과 같은 위반함수(ψ)와 위반상관계수(γ)을 도입하였으며, Michalewicz[14]는 식 (2)와 같은 위반제약식(ψ)과 위반 상관계수(δ)를 사용하였다.

$$\begin{aligned} & \text{Minimize} && f(x) \\ & \text{Subject to} && g_i(x) \geq 0 \quad i=1,2,\dots,m \\ & && \text{where } x \text{ is an } m \text{ vector} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} & \text{Minimize} && f(x) + r \sum_{i=1}^m \psi [g_i(x)] \quad (1) \\ & && \text{where } \gamma \text{ is a penalty coefficient} \\ & && \psi \text{ is a penalty function} \end{aligned}$$

$$f(x) + \varepsilon \cdot \delta \sum_{i=1}^p \psi_i \quad (2)$$

where p is the total number of constraints
 δ is a penalty coefficient
 ε is -1 for maximization problems
 $+1$ for minimization problems
 ψ is a penalty related to the i -th constraints ($i = 1, 2, \dots, p$)

위의 식(1)과 (2)에서 처럼 제약조건에 위배된 값은 실제 프로그램 설계과정에서 위반함수(ψ), 위반상관계수(γ, δ)의 사용으로 인해 제약조건에 접근하게 되는데 여기에 사용되는 값은 각 제약조건과 목적함수의 형태에 따라 프로그램 설계자가 경험적으로 정하고 있다. 즉 위반함수와 위반상관계수를 정하는데 일정한 정해진 규칙이 없다.

본 연구에서는 제약조건을 비제약조건으로 만들기 위해 사용되는 이러한 모호한 의미의 위반함수와 위반상관계수를 제외시키며 프로그램 설계시에 제약조건을 모두 if조건문으로 처리하였다. 만약 제약조건을 벗어나는 개체(if조건문을 만족시키지 못하는 개체)에 대해서는 제약조건을 만족할 때 까지 개체를 재발생시키도록 하였다. 따라서 프로그램설계시 제약조건의 유무에 관계없이 해를 탐색하도록 하였다.

둘째, 기존의 유전 알고리즘은 초기에 적합도가 높은 개체가 조금밖에 없는데 일반적인 선택(Normal selection) 방법을 택한다면 높은 적합도를 가지는 개체가 전체 집단에서 아주 큰 비율을 가지게 되며, 이것이 조기수렴(Premature convergence)

을 하게 되는데 이에 대해 적합도 변환을 함으로써 특별한 개체가 집단을 지배(Domination)하는 것과 조기 수렴(Premature convergence)을 막을 수 있다. 이러한 적합도 변환 방법에는 선형변환(Linear scaling), 표준편차절단(Sigma(σ) truncation), 멱변환(Power law scaling) 등이 사용되는데 각 방법이 서로 상이하며, 어떤 적합도 변환방법을 사용하느냐에 따라 결과가 달라지게 된다.

따라서 본 연구에서는 개체를 나타내는 2진 문자열의 범위를 크게 하여 개체를 재발생시키는 확률을 더 높이는 방법을 사용하였다. 이러한 개체의 다양성을 높이는 방법을 이용하여 문제에 따른 적합도 변환 방법의 선택을 배제하였다.

세째, 유전 알고리즘은 랜덤하게 생성된 초기 집단이 유전연산자인 복제(Reproduction), 교차변이(Crossover), 돌연변이(Mutation)를 거쳐서 새로운 자손집단(Offspring)을 생성하는데 있어서 이전 집단에서 높은 적합도를 지닌 개체가 존재하더라도 다음세대의 자손집단에서는 랜덤하게 개체가 평가되어 새로운 개체가 생성됨으로 이전 집단의 우수한 해를 지닌 개체가 다음세대에서 선택되지 않을 수도 있다. 따라서 구하고자 하는 최적해에서 멀리 떨어진 가능공간만을 탐색하게 되어 해를 개선시키지 못하여 결국에는 최적해를 찾지 못하는 경우도 발생한다.

따라서 본 연구에서는 이전집단에서 선택된 개체들과 이 개체들이 각각의 유전 연산자를 거치며 생성된 새로운 개체들 전부를 높은 적합도를 가지는 순으로 정렬(Sorting)하고 이중 상위 일정한 개수의 개체들만을 선택하여 새로운 자손세대를 만드는 방법과 복제연산과정에서 개체들이 적합도가 높다고 하더라도 일반적인 확률적 복제방법을 사용한다면 선택되지 않을 수도 있음으로 가장 높은 적합도를 가진 개체를 의무적으로 교차변이과정에서 선택되도록 하는 방법을 병행하여 사용하였다.

<그림 1>은 본 연구에서 제시한 수정된 유전 알고리즘의 흐름도(Flowchart)를 보여 주고 있다.

4. 사례 연구

본 사례 연구에서는 두가지의 모델을 제시하고 있다. Model 1은 두 개의 연속설계변수로 이루어진 비선형 최대화 문제이며, Model 2는 두 개의 연속설계변수와 두 개의 이산설계변수가 혼합된 비선형 조합 최소화 문제이다.

이러한 모델을 이용하여 기존의 연구결과와 본 연구의 수정된 유전 알고리즘을 비교·분석하였다.

Model 1
Maximize

$$F(x_1, x_2) = 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2 \sin(20\pi x_2)$$

$$\text{Subject to } -3 \leq x_1 \leq 12.1$$

$$4.1 \leq x_2 \leq 5.8$$

Model 1은 Gen등[2]이 제시한 모델로 기존의 유전 알고리즘연구와 본 연구의 수정된 유전 알고리즘으로 실행한 결과의 비교를 <표 1>에 나타내었다.

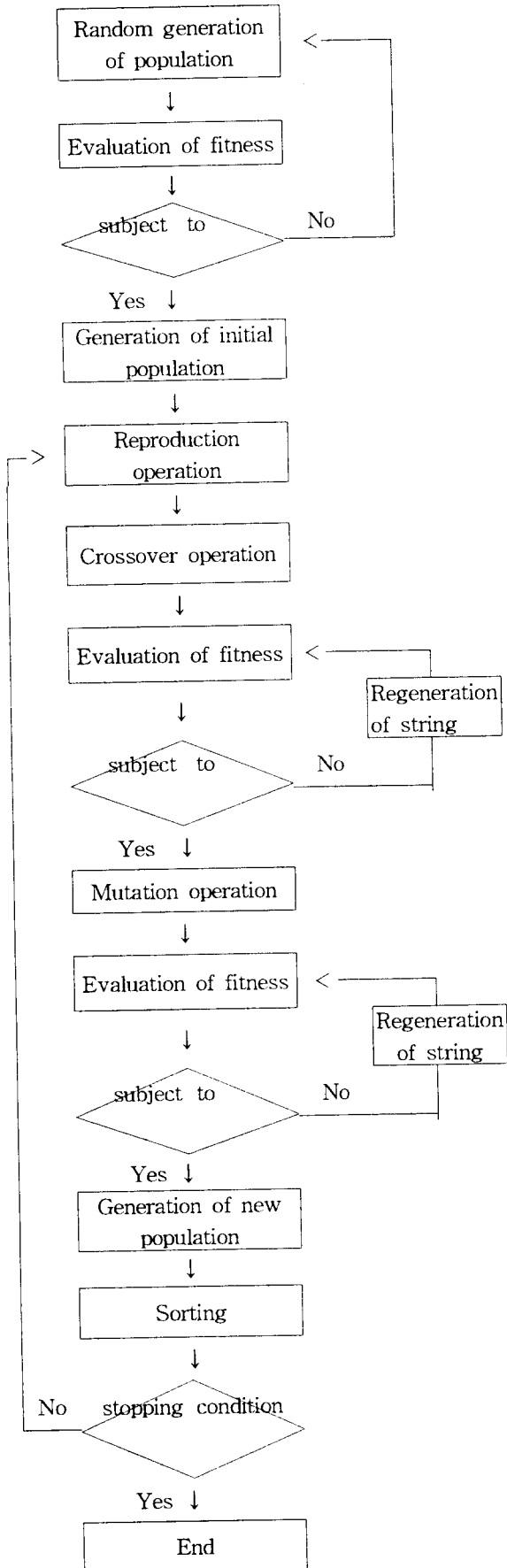
<표 1> Model 1의 적용 결과 비교

	Gen et al.	김창은 등	본 연구	Type of Variables
Methods	GA	GA	MGA	
x_1	11.6141	1.631407	11.625610	Continuous
x_2	5.7300	5.724824	5.725045	Continuous
$f(x)$	38.4539	38.818208	38.850296	
Population size	3	10	50	
Crossover rate	0.25	0.25	0.3	
Mutation rate	0.01	0.01	0.15	
Generation number	667	419	37	

<표 1>를 살펴보면 Gen 등과 김창은 등[1]의 연구 결과는 기존의 유전 알고리즘을 이용하여 해를 구하고 있지만 두 연구 모두 더 이상 해를 개선시키지 못하고 국소 최적점에 빠졌다. 그러나 수정된 유전 알고리즘은 이러한 현상을 개선하였기 때문에 더 우수한 해를 도출하고 있음을 볼 수 있으며 집단의 크기는 기존의 연구들보다 증가하였지만 세대수(Generation Number)에서는 Gen등의 연구보다 18배, 김창은 등의 연구보다는 11배 더 빠르게 결과를 도출하고 있다.

Model 2 : Design Problem of a Pressure Vessel

Pressure Vessel 구조는 Sandgren[11]이 제시했으며, 설계변수는 Vessel의 사양에 필요한 치수이다.



<그림 1> 수정된 유전 알고리즘의 흐름도

수리적 모델은 아래와 같다.

Minimize

$$F(x) = 0.6224 x_1 x_3 x_4 + 1.7781 x_2 x_3^2 + 3.1661 x_1^2 x_4 + 19.84 x_1^2 x_3$$

Subject to

$$G_1(X) = x_1 - 0.0193 x_3 \geq 0$$

$$G_2(X) = x_2 - 0.00954 x_3 \geq 0$$

$$G_3(X) = \pi x_3^2 x_4 + \frac{4}{3} \pi x_3^3 - 750 \times 1728 \geq 0$$

$$G_4(X) = -x_4 + 240 \geq 0$$

$$G_5(X) = x_1 - 1.1 \geq 0$$

$$G_6(X) = x_2 - 0.6 \geq 0$$

Model 2는 모두 4개의 설계변수가 사용되는 비선형 최소화 문제로, 설계변수 x_1, x_2 는 0.0625 정수배수를 가지는 이산변수(Discrete variables)이고, x_3, x_4 는 연속변수(Continuous variables)이다. 목표함수는 Pressure Vessel의 설계시 발생하는 총제조비용을 최소화하는 것이다.

이상과 같은 조합최적화 문제에 대해 수정된 알고리즘을 적용하여 기존의 연구들과 비교·분석한 결과는 <표 2>와 같다.

<표 2>의 Sandgren[11]의 연구는 Branch and bound를 이용하여 해를 구하고 있지만 적용기법의 특성상 초기상태에서는 전체 node의 수를 알 수 없기 때문에, 문제의 규모가 커질 경우 해법상 해결 과정이 복잡하고 국소수렴이 될 가능성이 크다는 단점이 있으며, Fu et al.[5]은 IDCNLP(Integer - discrete - continuous non - linear programming) 알고리즘을 이용하여 해결하였는데, 이 방법은 일반적인 비선형계획법의 해결절차에 근거를 두고 있으며 문제 해결과정에서 초기입력변수의 값을 선택하는데 어려움이 있다. Wu 등[13]의 연구결과는 유전 알고리즘에 사용되는 연산자 자체를 개체로 처리한 Meta-genetic algorithm을 이용하였지만 기존의 연구 모두 국소 최적점에 빠져 더 나은 해를 구하지 못하고 있다.

반면에 본 연구의 수정된 알고리즘은 집단의 크기 : 0 30, 교차변이율 : 0.9, 돌연변이율 : 0.15, 세대수 : 8000)에서는 세대수가 1731번째에서 $F(x) : 7197.73$ 으로 기존의 연구들에서 구한 해 보다 더 우수한 해를 구하였다.

이러한 현상은 기존의 두 연구들이 모두 국부해로 수렴하였지만 본 연구에서 사용된 기법은 해의 다양성을 실현하고 위반함수법의 사용을 배제하였기 때문에 비교적 수많은 세대를 거치지 않고서도

<표 2> Model 2의 결과 비교

	Sandgren	Fu et al.	Wu et al.	This paper	Type of Variables
Methods	B&B	IDCNLP	GA	MGA	
x_1	1.125	1.125	1.125	1.125	discrete
x_2	0.625	0.625	0.625	0.625	discrete
x_3	48.97	48.3807	58.1978	58.2901	continuous
x_4	106.72	111.7449	44.2930	43.6930	continuous
$F(X)$	7982.5	8048.619	7207.49	7197.73	
$g_1(x)$	-0.179	-0.191250	-0.001782	-0.00000107	
$g_2(x)$	-0.1578	-0.163449	-0.069793	-0.068912446	
$g_3(x)$	-3.0	-75.8750	-974.5829	-0.41506	
$g_4(x)$	-133.284	-128.2551	-195.7070	-196.307	

더 우수한 해를 구할 수가 있었다.

5. 결론

기존의 유전 알고리즘에서는 제약조건이 있는 최적화 문제에 대해 위반함수를 도입하여 제약조건이 없는 최적화 문제로 변형하여 해를 구하고 있다. 그러나 위반함수 도입시 결정해야 할 위반함수와 위반상관계수의 결정에 정형화된 규칙이 없고, 문제에 따라 적합도 변환을 달리 적용하여야 했다.

이러한 문제점을 해결하기 위해 본 연구에서는 제약조건 자체 if 조건문으로 처리하여 위반함수의 도입을 배제하였고, 각 연산마다 개체를 재평가하여 적합도 변환 없이 집단의 다양성을 시도하여 보았다.

그 결과 최적해를 구하는 데에 있어서 기존의 연구보다 우수한 결과를 얻을 수 있었다. 따라서 본 연구의 수정된 유전 알고리즘은 실제 문제 적용에 있어서는 제약조건의 형태에 영향이 없이 적용이 가능하다.

유전알고리즘은 최적해를 구하는데 있어서 주어진 문제마다 복제의 방법, 교체를, 돌연변이율, 집단의 크기, 실행하는 세대수, 정밀도 등의 조그만 변화에도 최적해를 구하는데에 아주 민감하게 변화한다. 그리고, 수정된 유전 알고리즘에서는 제약조건을 벗어나는 범위의 개체를 재발생시키고 있기 때문에 그 벗어나는 범위를 어느정도로 하느냐에 따라 재발생시키는 빈도가 차이가 나게 되며 이것이 개체의 다양성에 영향을 주게 된다. 이러한 이유로 유전 알고리즘에 관계된 모든 값들을 서로 조합적으로 연관을 시켜 실행할 수 있는 종합적인 체계를 구축하는 것이 필요하다고 하겠다.

< 참고문헌 >

1. 김창은, 주용준, "Application of Genetic Algorithm for Simple Parameter Optimization Problem," 추계 산업공학회 학술발표대회, 1994. 9, PP. 27-34.
2. 玄 光男, 田口雄章, 怒木望, "Mathematica による 遺傳的 アルゴリズム: 非線形最適化その1 : geneOpt-1/math," ハソコリテラン, 第19卷第5號, 1994.7, PP. 34-49.
3. Davis, L. and Steenstrup, M., "Genetic Algorithms and Simulated Annealing : an Overview," Morgan Kaufmann, Los Altos, 1987.
4. Dorndore U., and Pesch E., "Evolution Based Learning in a Jopshop Scheduling Environment," Computers Ops. Res., Vol. 22, No. 1 1995, PP. 25-40
5. Fu J. F., Fenton, R. G., and Cleghorn, W. L., "A Mixed Integer - discrete - Continuous Programming Method and its Application to Engineering Design Optimization," Vol. 17, 1991, PP. 263-280.
6. Goldberg, D. E., Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Reading, Massachusetts, Addison-Wesley, 1989.
7. Gupta, Y. P., Gupta, M. C., Kumar, A. K. and Sundram, C., "Minimizing Total Intercell and Intracell Moves in Cellular Manufacturing: a Genetic Alforithm Approach," INT. J. Computer Integrated Manufacturing, VOL. 8, NO. 2, 1995, PP. 92-101.
8. Holland, J. H., Adaptation in Natural and Artificial Systems. Ann Arbor, Michigan, The University of Michigan Press, 1975.

9. Hon, K. K. B. and Chi, H., "A New Approach of Group Technology Part Families Optimization," *Annals of the CIRP*, Vol. 43, 1994. 1.
10. Lin, C. Y. and Hajela P., "Genetic Algorithm in Optimization Problems with Discrete and Integer Design Variables", *Eng. Opt.*, Vol. 19, 1992, PP. 309-327.
11. Sandgren, E., "Nonlinear Integer and Discrete Programming in Mechanical Design, *ASME Journal of Mechanical Design*," 112, 1990, PP. 223-229.
12. Venkatachalam A. R., "An Analysis of an Embedded Crossover Scheme on a GA-Hard Problem," *Computers Ops. Res.*, Vol. 22, No. 1, 1995, PP. 149-157.
13. Wu, S. J. and Chow, P. T., "Genetic Algorithms for Nonlinear Mixed Discrete-Integer Optimization Problems via Meta-Genetic Parameter Optimization," *Eng. Opt.*, Vol. 24, 1995, PP. 137-159.
14. Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Second, Extended Edition, Springer-Verlag, 1992.