

# 면역-유전알고리즘을 이용한 진동최적화

0최병근, 양보석 (부경대 기계자동차공학부)

## Vibration Optimization Using Immune-GA Algorithm

B. G. Choi and B. S. Yang (Pukyong National Univ.)

### ABSTRACT

An immune system has powerful abilities such as memory, recognition and learning to respond to invading antigens, and is applied to many engineering algorithm recently. In this paper, the combined optimization algorithm is proposed for multi-optimization problem by introducing the capability of the immune system that controls the proliferation of clones to the genetic algorithm. The optimizing ability of the proposed optimization algorithm is identified by using two multi-peak functions which have many local optimums and optimization of the unbalance response function for rotor model.

### 1. 서론

일반적으로 실세계의 문제는 엄밀한 전역적 최적해(global optimum)만이 요구되는 경우보다는 실행가능한 복수의 최적해가 요구되는 경우가 많다. 특히 다목적 최적화 문제에서는 설계자의 의도를 각 목적함수의 가중치에 반영하는 것이 곤란하기 때문에 엄밀한 최적해가 얻어진다고 해도 그것이 설계자가 의도하지 않은 것일수도 있다. 따라서 실세계의 최적화문제에서는 설계자가 복수의 대안중에서 해를 선택할수 있도록 복수의 최적해를 탐색하게 하는 것이 바람직하다.

이러한 문제에 해결하기위해 유전자정보에 기초한 생물집단의 환경에 대한 적응적 진화 과정을 모방한 유전알고리즘(Genetic Algorithm ; GA)의 조합 최적화문제와 다봉성함수의 최적화문제등으로의 응용이 진행되고 있다. GA는 다점탐색에 의해 최적해를 찾기 때문에 탐색과정에서 복수의 국소적 최적해를 구할 수가 있다.

따라서 이러한 문제에 GA가 유효하다고 생각된다. 그러나 GA를 이용해도 GA 특유의 초기수렴에 의해서 복수의 최적해가 있음에도 불구하고 하나의 최적해밖에 찾지 못하는 경우가 있다. 이러한 문제에 대해서 Goldberg 등은 Sharing법<sup>(1)</sup>에 의해서 집단을 초기수렴시키지 않고 개체를 복수의 공간에 배치시켜 복수의 최적해를 찾고 있다. 또한 Shima<sup>(2), (3)</sup>는 Niche법을 이용하여 대국적 최적해를 구하고 있다. 단 이들방법은 개체수가 최적해의 수보다 많아야 한다는 제약이 있다.

한편 생체의 면역기구가 갖는 다양한 항체의 생산기구와 자기조절기구를 모방한 탐색알고리즘인 면역알고리즘(Immune algorithm)<sup>(4)</sup>이 제안되고 해의 탐색능력에 대한 특징과 유효성이 발표되고 있다.

따라서 본 논문에서는 면역알고리즘이 가지는 특징중 탐색과정에서 얻은 유효한 항체를 기억세포와 억제세포로 분화하는 기구와 억제세포에 의한 항체생산의 억제기구를 GA에 추가하는 것에 의해 새로운 조합알고리즘을 제안하고 다봉성함수의 최적화 문제와 실제

최적화문제에 적용하여 조합알고리즘의 유용성을 확인하고자 한다.

## 2. 면역알고리즘

### 2.1 면역시스템의 개요<sup>(5)</sup>

생체에는 생체내로 침입하는 항원에 대응하기 위해, 세포유전자를 재구성하여 항원에 대응하는 항체를 생산하고 항원을 배제하는 복잡하고 오묘한 기구가 있다. 이것이 면역시스템이다. 면역시스템을 설명하는 가설은 여러 가지가 있지만 그중 면역시스템이 다양한 항체를 생산할 수 있는 것을 설명하는 것에 somatic설이 있다. 항체는 림프구(lymphocytes)인 B세포에서 생성되지만, 이 B세포도 림프계 간세포(stem cell)에서 세포분열을 반복해서 생성분화한 것이다. B세포는 항원에 접촉해서 생활을 하면 세포분열해서 항원생산세포가 되어 항체를 만들어 낸다. 그중 일부는 기억세포로 되어 면역적 기억이 나타난다. 생체는 이러한 림프계 간세포에서 B세포, B세포에서 항체생산세포로의 분화를 항상 내부에서 수행하고 있고 이 과정에서 돌연변이에 의해서 다양한 항체를 생산한다. 그러나 항체는 무질서하게 생성되고 존재하는 것이 아니라 면역계에는 필요한 항체만을 필요한 양만큼 존재하도록 항체의 수를 조절하는 기구가 존재하고, 이 조절기구는 network 설을 이용해서 설명할 수 있다.

Network설은 개개의 B세포의 clone은 무관계하게 존재하는 것이 아니라 항원수용체의 idotype을 인식하고 서로 연결되어있고, 림프계집단은 전체로서 폐쇄적인 network를 형성하고 있다는 설이다. 이 설을 기초로 하면, 임의의 clone의 세포가 항원자극에 의해서 활성화해서 증식하면 그들의 idotype을 인식하는 쪽의 clone도 활성화하여 증식한다. 따라서 이러한 반응이 연쇄적으로 일어나면 이들은 자기에 대해서도 면역성을 나타내고, 림프계 전체가 면역응답의 조절기구로

서 작용한다. 단, 실제로는 림프구 전구세포(precursor cell)로 분화한 T세포가 동일하게 림프구 전구세포로 분화한 B세포의 생산을 촉진하는 helper세포 및 억제하는 suppressor 세포로 분화해서 생체내의 면역응답의 발현과 조절을 한다.

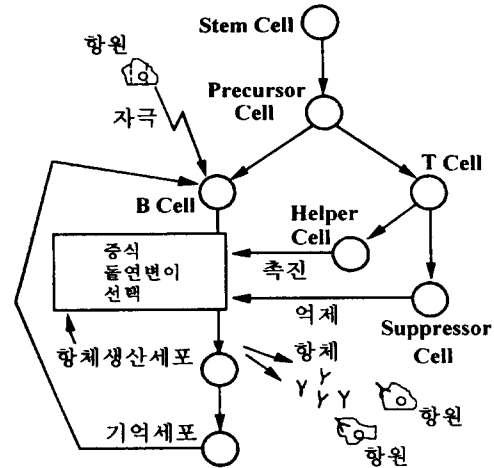


Fig. 1 The production mechanism of antibody in immune system

따라서 면역시스템은 생체내로 침입한 항원을 인식하고 과거에 배제한 항원에 대해서는 기억세포에서 직접 항체를 만들며, 새로운 항원에 대해서는 세포유전자의 재구성에 의해 항원에 대응하는 항체생산세포를 만들고 이것을 증식해서 대응하는 항체를 만든다. 또한 면역시스템은 자기에 대해서도 면역성을 나타내고 생체내에 대량으로 발생한 항체의 생산을 억제해서 정상상태로 돌아가는 기구를 가지고 있다. 이 기구에 의해서 매우 유사한 항원에 대응할 수가 있다. 이러한 면역시스템의 개념을 Fig. 1에 나타내고 있다.

### 2.2 친화도

면역시스템은 항체와 항원 또는 항체와 항체가 서로 결합해서 반응하는 것에 의해 항체의 생산을 자기조절하고 다양한 항체를 생산한다. 이들 결합력은 친화성(affinity)의 척도인 친화도에 의해서 추정할 수 있다. 먼저

항체  $v$  와  $w$  의 친화도  $ay_{vw}$  를 식(1)에 정의한다.

$$ay_{vw} = 1/(1 + H_{vw}) \quad (1)$$

여기서  $H_{vw}$  은 항체  $v$  와 항체  $w$  의 hamming거리이다.  $H_{vw} = 0$  일 때 항체  $v$  와 항체  $w$  의 유전자가 완전하게 일치한 것을 나타내고,  $ay_{vw}$  는 이때 최대치 1을 가진다. 항원과 항체  $v$  사이의 친화도  $ax_v$  를 식 (2)에 정의한다.

$$ax_v = opt_v \quad (0 \leq opt_v \leq 1) \quad (2)$$

여기서  $opt_v$  는 항원과 항체  $v$  의 결합력 크기의 평가치이고, 1이 최적이 되도록 정의한다.  $ax_v$  는 그 값이 큰 쪽이 항원과 항체가 결합하고 대응하는 것을 나타낸다.

### 3. 조합알고리즘의 제안

유전자정보에 기초한 생물집단의 환경에 대한 적응적 진화과정을 모방한 유전알고리즘의 초기수렴성을 방지하고 복수의 최적해의 탐색을 가능하게 하기위해 면역시스템과 동일한 거동을 하는 면역알고리즘이 가지는 자기조절기능과 항체억제기능을 유전알고리즘에 추가하여 새로운 조합알고리즘을 제안한다.

GA에 추가된 자기조절기능과 항체억제기능은 다음과 같다.

- 1) 기억세포와 억제세포로의 분화기구: 탐색 과정에서 유효한 항체(국소해)를 기억세포와 억제세포로서 생산한다. 여기서 생산한 기억세포가 최적해의 후보가 된다.
- 2) 억제세포에 의한 항체생산의 억제기구: 억제세포에 대응하는 항체의 생산을 억제하는 것에 의해 동일한 기억세포의 생성을

방지하는 동시에 복수해의 탐색효율을 높인다.

이하에 제안한 조합알고리즘에 대해서 설명한다. 면역알고리즘에서의 항체는 조합알고리즘에서는 개체에 대응한다. Fig. 2는 본 논문에서 제안한 조합알고리즘의 flowchart이다. Fig. 2에서 점선으로 표시한 부분이 면역알고리즘에서 도입한 부분이다.

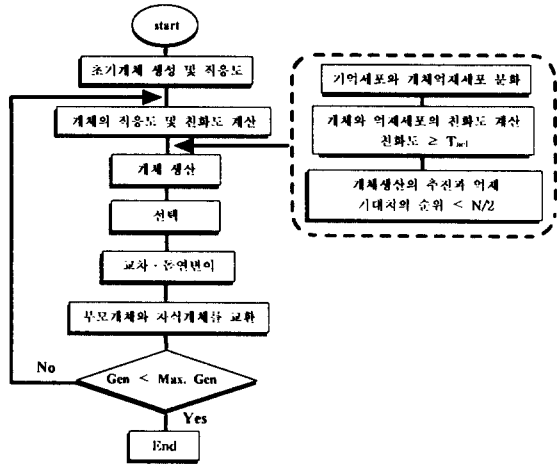


Fig. 2 Flowchart of combined algorithm

#### Step 1) 초기개체 생성

초기개체군을 정해진 개체길이와 개체수로 랜덤(random)하게 구성한다. 생성된 초기집단이 탐색초기에 편향된 분포로 인해 국소최적점에 빠지는 것을 방지하기 위해 유전자 균일 분포법을 이용한다. 이 방법은 전체 집단 개체의 반을 랜덤한 이진값으로 먼저 초기화한 후, 그 집단의 나머지 반을 앞의 이진값들의 보수(complement)로 초기화한다. 이 방법에 의해 집단 내의 각 개체들의 유전자 0과 1의 집단내 분포는 1:1로 균일하게 된다.

#### Step 2) 개체의 적응도 및 친화도의 계산

각 개체의 목적함수에 대한 적응도와 개체(항체)  $v$  와  $w$  의 친화도  $ay_{vw}$  를 계산한다.

#### Step 3) 기억세포와 억제세포로의 분화

전체개체의 농도를 계산하고 개체  $v$  의 농

도  $c_v$ 가 한계치  $T_c$ 를 초과한 경우에 개체  $v$ 를 기억개체  $m$ 으로 분화시킨다. 기억세포의 수에는 제한이 있기 때문에 기억세포의 총수가 상한  $M$ 에 도달한 경우에는 현재 존재하는 기억세포와 분화한 기억세포와의 친화도를 계산하여 그 중에서도 친화도가 가장 높은 것과 분화한 기억세포를 교환한다. 다음에 새롭게 분화한 기억세포와 동일한 유전자를 갖는 억제세포  $s$ 를 분화시켜 억제세포와의 친화도가  $T_{act}$ 이상인 개체를 소멸시킨다.

$$c_v = \sum_{w=1}^N ac_{vw} / N \quad (3)$$

$$ac_{vw} = \begin{cases} 1 & : ay_{vw} \geq T_{act} \\ 0 & : otherwise \end{cases} \quad (4)$$

여기서  $T_{act}$ 은 유사도의 한계치,  $N$ 은 개체의 총 갯수를 나타낸다.

#### Step 4) 개체생산의 추진과 억제

다음 세대에 남을 개체의 기대치  $e_v$ 를 계산한다. 현 세대의 개체중, 적응도가 낮은 것에서  $N/2$ 개의 개체를 소멸시킨다.

$$e_v = \frac{fitness_v \prod_{s=1}^S (1 - as_{vw}^k)}{(c_v \sum_{i=1}^N fitness_i)} \quad (5)$$

$$ax_{vs} = \begin{cases} ay_{vs} & : ay_{vs} \geq T_{act2} \\ 0 & : otherwise \end{cases} \quad (6)$$

여기서  $S$ 는 개체억제세포의 총수,  $k$ 는 억제체 power,  $T_{act2}$ 는 유사도의 한계치이다.

식 (5)는 적응도가 높은 개체 쪽이 다음 세대에 남을 확률이 높고 또한, 개체억제세포와 개체와의 친화도가 높고 농도가 높은 개체 쪽이 다음 세대에 남을 확률이 낮은 것을 나타낸다.

#### Step 5) 개체의 생산

Step 3)에서 소멸된 개체에 대해 새로운 개체를 난수를 이용해서 그 유전자를 random하게 결정해서 생산한다.

#### Step 6) 교차와 돌연변이

Step 4)에서 남은 개체와 새롭게 생산한 개체에 대해서 중복을 허용해서  $N/4$ 개의 개체쌍을 선택한다. 단, 확률적으로 기대치가 높은 항체가 선택되어지기 쉬운 것으로 한다. 쌍으로 된 개체에 대해서 교차조작에 의해서 새로운  $N/2$ 개의 개체를 생산한다. 생산된 개체에 대해서 미리 설정한 돌연변이 확률, 돌연변이 조작법에 의해서 유전자를 변화시킨다. 단, 교차와 돌연변이의 조작법과 확률은 임의로 설정한다.

최종세대에 도달할때까지 step 2)로 돌아가서 탐색과정을 반복한다.

### 4. 조합알고리즘의 특징

Step 5)는 번역알고리즘에서 somantic 가설에 의한 유전자의 재구성에 의한 개체의 생산에 대응하고, step 4)는 network 가설에 의한 개체생산의 조절에 대응한다. 따라서 조합알고리즘은 다음과 같은 특징이 있다.

#### (1) 개체의 다양성 유지

번역알고리즘에서 도입한 개체의 생산기구와 자기조절기구에 의해서 다양한 개체를 생산하기 때문에 하나의 최적해에 수렴하지 않고 복수의 최적해를 탐색하는 것이 가능하하다.

#### (2) 적응도가 높은 유효한 개체의 대량생산

적응도가 높은 개체를 보다 많이 남겨서 개체생산기구에 의해 유효한 개체를 대량으로 생산한다. 이것에 의해 그 근접의 병렬탐색이 가능하게 되고 최적해를 고속으로 구할 수 있다.

## 5. 수치계산 예

본 논문에서는 조합최적화 알고리즘의 유용성을 확인하기 위해 조합알고리즘을 2개의 2변수 다봉성함수의 최적화에 적용하여 기존의 방법과 비교하고, 실제 최적설계문제에 적용하였다.

### 5.1 다봉성함수의 최적화

조합알고리즘을 단순유전알고리즘(SGA)과 최적해 탐색능력을 비교하였다. 계산예로서 해공간이 작으나 전역적 최적해 근방에서 준최적해에 수렴하기 쉬운 전역적인 최적해주위에 수많은 국소최적해가 존재하는 식 (7)의 2변수 다봉성 함수를 목적함수로 사용하였고, 이를 그림으로 나타내면 Fig. 3과 같다.

$$f(x_1, x_2) = (\cos 2\pi x_1 + \cos 2.5\pi x_1 - 2.1) \times (2.1 - \cos 3\pi x_2 - \cos 3.5\pi x_2) \quad (7)$$

$$(-1 \leq x_1 \leq 1, -1 \leq x_2 \leq 1)$$

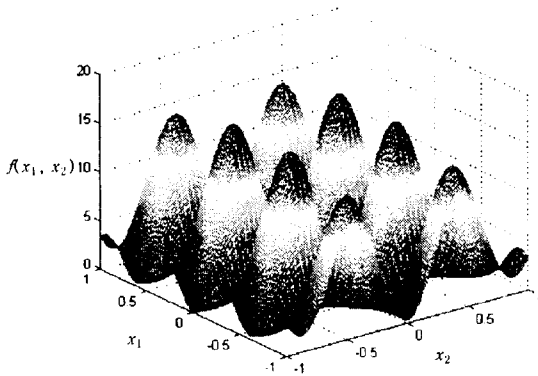


Fig. 3 Trial objective function

이 함수의 전역적인 최적해는  $f_{opt} = -16.09172$  인 해가 4개 존재한다. 변수  $x_1, x_2$ 의 범위는 각각 -1에서 1사이로 하였다. 이 문제에 적용한 SGA와 조합알고리즘의 파라미터는 Table 1과 같다.

Table 1 Parameter of genetic algorithm and combined algorithm

	SGA	Combined method
Length of chromosome	20	20
Crossover probability, $P_C$	0.7	1.0
Population size, N	200	35
Maximum generation, G	500	10000
Mutation probability, $P_M$	Exponential type	0.2

이상의 파라미터를 이용해서 각 알고리즘의 최적해 탐색능력을 비교하였다. Fig. 4는 최적화결과를 나타낸다. SGA의 경우 4개의 최적해중에서 하나의 해만을 찾았는데 비해서 조합알고리즘은 4개의 최적해를 모두 찾았으며, 해의 정도도 SGA에 비해 높음을 알 수 있다.

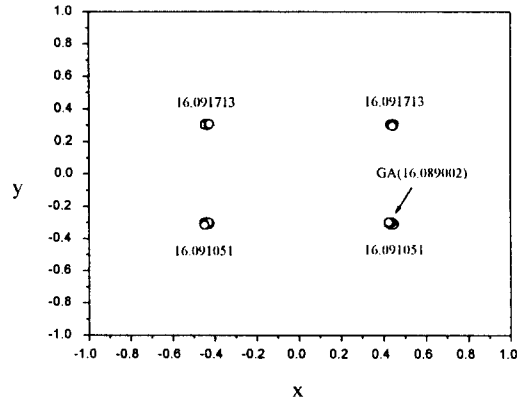


Fig. 4 Comparison of optimization result

식 (8)은 두 번째 수치계산에 사용된 함수로서 다봉성함수 최적화의 검증에 많이 사용되는 Shubert 함수이다. 이 함수는 760개의 국소적 최적해가 존재하는 함수이다. 국소적 최적해중 18개가  $f_{opt} = 186.731$ 의 전역적 최적해이다.

$$f(x, y) = -\left(\sum_{i=1}^5 i \cos((i+1)x + i)\right) \times \left(\sum_{i=1}^5 i \cos((i+1)y + i)\right) \quad (8)$$

$$(-10 \leq x, y \leq 10)$$

Fig. 5은 Shubert 함수를 나타낸다. Fig. 6은

조합알고리즘의 최적화 결과를 나타낸다. 전역적 최적해 18개 모두를 근접하게 찾고 있음을 알 수 있다.

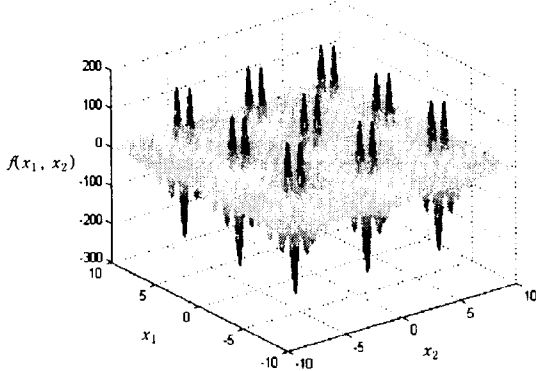


Fig. 5 Shubert function

Table 2는 Goldberg가 제안한 Sharing GA를 이용한 최적화결과<sup>(2)</sup>와 조합알고리즘의 결과를 비교한 것이다. Sharing법은 전역적 최적해를 모두 찾지 못하지만 조합알고리즘은 전역적 최적해를 비교적 정도 좋게 모두 찾고 있음을 알 수 있다.

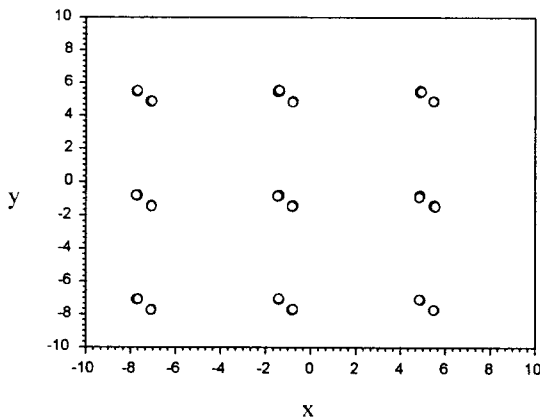


Fig. 6 Optimization result

## 5.2 회전축계에의 적용

본 논문에서 제안한 조합알고리즘을 진동의 최적화에 적용하기 위한 일례로서 먼저 회전축계의 불평형응답 최적화를 수행하였다.

일반적으로 회전축계의 진동특성을 해석하기 위해서는 복소 고유치해석을 하여 계의 위

Table 2 Comparison of optimization result

No.	Sharing method			Combined method		
	$x_1$	$x_2$	f	$x_1$	$x_2$	f
1	-1.4225	-7.0849	186.710	4.85826	5.48387	186.72857
2	-1.4225	-7.0849	186.710	-7.087	4.85826	186.70384
3	-1.4225	-7.0873	186.682	4.85826	-7.087	186.70384
4	-1.4225	-7.0873	186.682	5.48387	-7.77126	186.68571
5	-1.4249	-7.0898	186.644	-7.71261	5.48387	186.68571
6	-1.4225	-7.0769	186.619	-7.71261	-7.087	186.66099
7	-1.4420	-7.0849	186.067	5.48387	-1.4174	186.58915
8	4.8253	-7.0837	184.258	-1.4174	5.48387	186.58915
9	4.8253	-7.0837	184.258	4.85826	-0.79179	186.57016
10	-7.0672	-1.4573	183.774	-0.79179	4.85826	186.57016
11	-7.0672	-1.4573	183.774	-7.08699	-1.4174	186.56444
12	-1.4426	-0.8341	183.510	-1.4174	-7.087	186.56444
13	-0.8176	-1.4591	183.427	-7.71261	-0.79179	186.52734
14	-0.8176	-1.4591	183.427	-0.79178	-1.4174	186.43086
15	-0.8176	-1.4591	183.427	-1.4174	-0.79179	186.43086
16	-0.8176	-1.4591	183.427	-7.06744	-7.71261	186.11993
17	-7.0672	-1.4597	183.403	5.46432	4.85826	185.96953
18	-7.0672	-1.4597	183.403	-0.81133	-7.73216	185.15015

험속도를 계산하고 위험속도에서의 안정성을 평가하기 위해 불평형응답 계산을 한다. 이러한 복잡한 과정을 회전축계의 회전속도범위까지 회전수를 증가시키면서 반복적으로 계산을 수행하여야 하는 불편함이 있다.

따라서 본 논문에서는 회전축계의 불평형응답을 계산하는 함수가 식 (9)와 같이 운전회전수를 변수로 하는 일변수 다봉성함수이므로 이 함수를 본 논문에서 제안한 조합알고리즘을 이용하여 최적화를 수행하여 회전축계의 위험속도와 위험속도에서의 불평형응답을 동시에 구하였다.

$$f(rpm) = AMP(i), \quad i = 1, 2, \dots, n \quad (9)$$

여기서  $AMP(i)$ 은  $i$ 번째 절점의 진폭을 나타낸다.

계산에 사용된 모델은 참고문헌[6]에 있는 축계를 이용하였다. Fig. 7은 6번 절점의 0~15000rpm까지의 불평형응답과 조합알고리즘의 최적화결과를 비교한 것이다. 전체 4개의 위험속도중에서 4개의 위험속도와 위험속도에서의 불평형응답을 정확하게 구하고 있음을 알 수 있다.

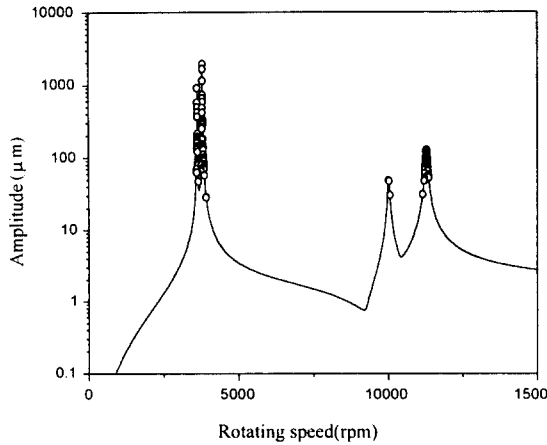


Fig. 7. Unbalance response and Optimization result(No.=6)

## 6. 결론

본 논문에서는 다봉성함수와 다목적함수의 최적화를 위해 최근 연구가 진행되고있는 면역알고리즘이 가지는 특징중 탐색과정에서 얻은 유효한 항체를 기억세포와 억제세포로 분화하는 기구와 억제세포에 의한 항체생산의 억제기구의 개념을 유전알고리즘에 도입하는 것에 의해 새로운 조합알고리즘을 제안하였다. 그리고 제안된 조합알고리즘을 다봉성함수의 최적화 문제와 회전축계의 불평형 응답 최적화문제에 적용하여 그 유용성을 확인하였다.

향후과제로서 제안한 알고리즘을 실제 다목적 진동최적설계문제에 적용하여 전역적 최적해뿐만아니라 실제 설계에 적용가능한 적용가능해집합을 구할 예정이다.

## 참고문헌

- 1) D. E. Goldberg, Genetic Algorithm in Search, Optimization and Machine Learning, Addison-Wealey, 1989
- 2) T. Shima, "Global Optimization by a Niche Method for Evolution Algorithm", 시스템制御情報學會論文誌, Vol. 8, No. 2, pp. 94-96, 1995
- 3) T. Shima, "Global Optimization by a Niche Method for Genetic Algorithm", 시스템制御情報學會論文誌, Vol. 8, No. 5, pp. 233-235, 1995
- 4) K. Mori, M. Tsukiyama and T. Fukuda, "Immune Algorithm with Searching Diversity and its Application to Resource Allocation Problem", T. IEE Japan, Vol. 113-C, No. 10, 1993
- 5) 문희주, 권혁한, "기본 면역학", 대림서림, 1992
- 6) M. Lalanne and G. Ferraris, "Rotordynamics Prediction in Engineering", John Wiley, pp. 68, 1990(양보석역, 회전기계 진동의 예측, 1996)
- 7) B. G. Choi and B. S. Yang, "Optimum Shape Design of Rotor Shafts Using Genetic Algorithm", in Proceeding of 7th Int. Symp. on Transport Phenomena and Dynamics of Rotating Machinery, Hawaii, USA, pp. 687-695, 1998