

유전자 알고리즘을 이용한 로커암 축의 최적설계에 관한 연구

안용수*, 이수진, 이동우, 홍순혁(동아대 대학원 기계공학과),
조석수(삼척대 자동차공학과), 주원식(동아대 기계공학과)

A Study on Optimal Design of Rocker Arm Shaft using Genetic Algorithm

Y. S. An, S. J. Lee, D. W. Lee, S. H. Hong(Grad. Mech. Eng. Dept., DAU),
S. S. Cho(Vehicle Eng. Dept., SCNU), W. S. Joo(Mech. Eng. Dept., DAU)

ABSTRACT

This study proposes a new optimization algorithm which is combined with genetic algorithm and ANOM. This improved genetic algorithm is not only faster than the simple genetic algorithm, but also gives a more accurate solution. The optimizing ability and convergence rate of a new optimization algorithm is identified by using a test function which have several local optimum and an optimum design of rocker arm shaft. The calculation results are compared with the simple genetic algorithm.

Key Words : 로커암 축(Rocker arm shaft), 직교배열표(Orthogonal Arrays), 평균분석(Analysis of Means), 단순 유전자 알고리즘(Simple genetic algorithm)

1. 서론

4기통 SOHC 엔진용 로커암 축(rocker arm shaft)은 로커암의 중앙을 관통하여 로커암을 지지해 주는 축으로서 보통 흡기 및 배기밸브 축의 축으로 보통 2 개로 구성된다. 이러한 로커암 축이 주행 중에 파손이 되는 경우 차량사고의 원인이 될 수 있다. 이러한 로커암 축의 파손이 특정 지역의 차량 운행 결과로 보이나 영동지방에 거주하는 차량정비업체의 설문조사 결과 연구 대상 엔진의 약 30% 이상의 차량이 로커암 축 파손을 일으키는 것으로 밝혀졌다. 따라서 로커암 축의 효과적인 설계를 통하여 이러한 파손을 방지하여야 할 것이다.

효과적인 설계 및 재설계를 위하여 최적설계를 도입하여 해결하고자 하는 연구가 진행되어 왔으며, 이러한 연구로서 확률론적인 방법인 모의 담금질법(simulated annealing), 타부서치(tabu search), 신경회로망(Neural networks) 및 유전자 알고리즘(genetic

algorithm) 등이 등장하였으며,^{1),2),3),4)} 이들은 실행시간이 상당히 길다는 것과 항상 유용한 해를 제공한다는 확증이 없다는 단점에도 불구하고 국소해를 탈출할 수 있는 가능성이 크기 때문에 전역해를 구하는데 매우 유리하다는 이유로 선호되고 있다.⁵⁾

그 중에서 유전자 알고리즘(genetic algorithm)은 1970년대 초 John Holland에 의해 본격적으로 연구되기 시작하였으며 자연의 유전학 및 자연도태의 원리에 근거한 최적화 알고리즘으로 확실적인 방법과 개체간의 체계적인 정보교환을 통해 탐색공간을 조사해 나감으로써 주위환경에 가장 적절한 해를 구한다.⁶⁾

그러나 단순 유전자 알고리즘(simple genetic algorithm)은 수치적으로 랜덤탐색을 수행하기 때문에 수렴속도가 느리며, 또한 정밀도, 신뢰도, 연산시간 등이 서로 상충되는 경우에도 해의 수렴속도가 느려지거나 주어진 해공간 내에 존재하는 전역해를 찾지 못하는 단점을 보이고 있다.⁷⁾

따라서 본 연구에서는 유전자 알고리즘의 수렴속도를 향상시키기 위해 실험계획법 중에서 직교배열표와 평균분석을 적용하여 기존의 단순 유전자 알고리즘의 수렴속도를 개선시켰으며 이를 시험함수에 적용하여 개선된 유전자 알고리즘의 유용성을 확인하였다. 그리고 이를 로커암 축에 적용하여 최적설계를 수행하였다.

2. 로커 암 축의 피로 파손 사고

Fig. 1은 캠이 1회전하는 동안 캠에 의하여 로커암 축에 부하되는 하중 A, B, C, D를 각각 나타낸 것이다.

Fig. 2는 주행 거리가 115,320km인 차량의 로커암 축이 파손된 것을 나타낸 것으로 중앙 부분의 볼트 구멍에서 균열이 생성되어져 성장되었음을 알 수 있다. 이러한 결과는 특정 지역의 차량 운행 결과보이나 강원도 영동 지방에 거주하는 차량 정비 업체의 설문 조사 결과 연구 대상 엔진의 대략 30% 이상의 차량이 로커 암 축 파손을 일으키는 것으로 밝혀졌다.

3. 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘

3.1 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 기존의 최적해 탐색이 한 점에서 그 다음 한 점으로 순차적으로 해를 구하는 국부적 탐색(local search)을 하는데 반하여 여러 점을

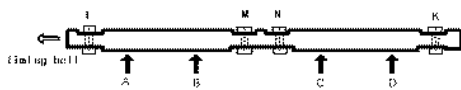


Fig. 1 Loads applied to rocker arm shaft

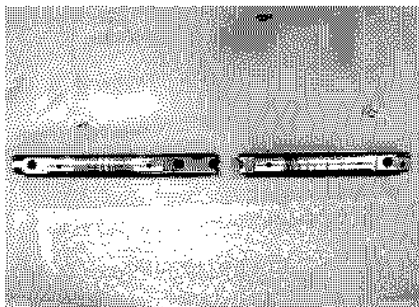


Fig. 2 Failure of rocker arm shaft at 4-Cylinder SOHC engine

동시에 탐색하는 전역적 탐색(global search)이므로 전역적인 최적해(global optimal solution)를 찾을 확률이 기존의 최적화 방법에 비해 큰 것이 특징이다.

3.1.1 평가(evaluation)

2비트(bit)로 코딩(coding)한 염색체형을 십진수 형태의 표현형으로 디코딩(decoding)하여 주어진 목적함수(object function)에 대한 적합도를 평가한다.

3.1.2 재생산(reproduction)

자연 선택의 개념을 기반으로 적합도에 따라 부모(parent) 염색체들로부터 N 개를 랜덤하게 재생산한다. 이러한 기능은 자연생태계의 적자생존을 원리를 이용한 것으로 높은 적합도를 가진 염색체일수록 다음 세대에 재생산될 확률이 높게 된다. 적자생존의 원리를 결정짓는 방법에는 여러 가지 방법이 있지만 보통 룰렛 휠 선택(roulette wheel selection)방법을 사용한다.

3.1.3 교배 및 돌연변이(crossover and mutation)

재생산을 거친 염색체들을 일정한 확률로 부모 염색체로 변화시켜 새로운 염색체를 생성하는 과정에서 부모 염색체의 유전자를 서로 교환하여 새로운 정보를 가진 자손(offspring) 염색체를 생성하는 것을 교배라 하며 교배점은 염색체 길이 내에서 랜덤하게 발생한다. 돌연변이는 부모 염색체 유전자형의 일부를 임의로 바꾸어 새로운 정보를 갖는 염색체를 생성하는 것으로 돌연변이점은 돌연변이 확률에 따라 랜덤하게 발생한다.

3.2 직교배열표를 이용한 평균분석

직교배열표 실험은 일부실험으로써 이를 이용하여 행렬실험을 할 경우 요인간에 직교성을 갖기 때문에 동일한 회수의 실험을 하더라도 검출력이 더 좋은 검증을 할 수가 있으며 정도가 더 좋은 추정을 할 수 있는 것으로 알려져 있다.⁸⁾ 전체 평균으로부터 그 인자수준에 의한 결과의 편차로 정의되는 인자수준의 효과를 추정하는 것을 평균분석이라고 하며 최적 인자수준의 선정에 반영된다. 직교배열표를 이용한 특성치에 대한 평균분석은 다음과 같은 과정을 통하여 수행한다. Table 1과 같이 4 개의 3 수준 인자를 A, B, C, D라 하고 각 수준에서의 값을 결정 한 후 $L_9(3^4)$ 를 이용하여 행렬실험을 수행한다. 인자 수준에 의해 정의되는 실험영역에 대한 특성치(R)의 전체평균은 다음 식(1)로 주어진다.

Table 1 Orthogonal array, L₉(3⁴)

Exp. No	Column number				Results(R)
	A	B	C	D	
1	1	1	1	1	R ₁
2	1	2	2	2	R ₂
3	1	3	3	3	R ₃
4	2	1	2	3	R ₄
5	2	2	3	1	R ₅
6	2	3	1	2	R ₆
7	3	1	3	2	R ₇
8	3	2	1	3	R ₈
9	3	3	2	1	R ₉

Table 2 Analysis of means, L₉(3⁴)

Design Variables	Levels		
	1	2	3
A	$m_{A1} = \frac{R_1 + R_2 + R_3}{3}$	$m_{A2} = \frac{R_4 + R_5 + R_6}{3}$	$m_{A3} = \frac{R_7 + R_8 + R_9}{3}$
B	$m_{B1} = \frac{R_1 + R_4 + R_7}{3}$	$m_{B2} = \frac{R_2 + R_5 + R_8}{3}$	$m_{B3} = \frac{R_3 + R_6 + R_9}{3}$
C	$m_{C1} = \frac{R_1 + R_6 + R_8}{3}$	$m_{C2} = \frac{R_2 + R_4 + R_9}{3}$	$m_{C3} = \frac{R_3 + R_5 + R_7}{3}$
D	$m_{D1} = \frac{R_1 + R_5 + R_9}{3}$	$m_{D2} = \frac{R_2 + R_6 + R_7}{3}$	$m_{D3} = \frac{R_3 + R_4 + R_8}{3}$

$$m = \frac{1}{9} \sum_{j=0}^9 R_j \quad (1)$$

각 인자의 수준에 대한 실험치 영향을 파악하기 위하여 평균분석을 수행한다. A 인자의 A1에 대한 평균을 구하면 다음과 같다.

$$m_{A1} = \frac{1}{3} (R_1 + R_2 + R_3) \quad (2)$$

어떤 인자수준의 효과는 전체 평균으로부터 그 인자수준에 의한 결과의 편차로 정의되므로 수준 A1에서 인자의 효과는 식 (1)과 식 (2)로부터 (m_{A1} - m)으로 정의된다. 그리고 특성치에 대한 최적수준은 Table 2와 같이 각 인자의 수준별 평균값을 계산하여 최소가 되는 인자들의 조합으로 구해진다.

3.3 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘 (Improved GA)

기본적으로 유전자 알고리즘의 최적화 방법은 현 세대의 좋은 적합도를 가진 집단들에 의해 발생된 다음 세대의 집단들은 현 세대의 나쁜 적합도를 가진 집단들에 의해 발생된 다음 세대의 집단들에 비해 좋은 적합도를 가질 확률이 높다는 가정에 의하여 최적화를 수행한다.9) 그리고 다음 세대의 재생산

은 교배 및 돌연변이에 의하여 이루어진다. 하지만 교배에 의하여 생산되는 새로운 세대가 항상 현 세대보다 적합도가 높은 세대를 반드시 생산한다는 보장은 할 수가 없다. 따라서 본 연구에서는 유전자 알고리즘의 기본 가정을 기초로 하여, 교배에 의하여 새로운 세대를 생성할 경우 직교배열표를 이용한 평균분석을 적용하여, 새로운 세대를 재생산 할 경우 항상 우수한 세대를 생산하도록 하여 기존의 단순유전자 알고리즘의 수렴속도와 해의 정도를 향상시키고자 한다.

3.3.1 평균분석을 적용한 재생산

유전자 알고리즘에서 새로운 세대의 재생산은 교배와 돌연변이에 의해 이루어지고 이 중 돌연변이는 랜덤하게 수행되며 또한 돌연변이율은 일반적으로 교배율에 비해 상당히 작게 주어지므로 본 연구에서는 평균분석을 적용한 새로운 세대의 재생산은 교배에 제한하여 수행하였다. 교배는 두 개체 사이에 임의의 값을 서로 주고 받아 새로운 개체를 생산하는데 이 때 선택되어진 두 개체를 직교배열표를 이용한 평균분석을 수행하여 두 개체 사이의 최적값을 생산시키므로써 항상 우수한 세대가 다음 세대에 생산되도록 하였다. 또한, 평균분석에 의하여 새로운 세대를 생산할 경우 일반적인 유전자 알고리즘에 의해서 생산되는 교배율의 반으로 세대가 감소하기 때문에 본 연구에서는 평균분석에 의한 재생산뿐만 아니라 교배에 의한 새로운 세대를 동시에 수행하였다.

3.4 시험함수

본 연구에서 제안한 방법에 대한 효과를 검증하기 위하여 여러 문헌에서 많이 인용하고 있는 Goldstein-Price 함수10)에 적용하였으며, 단순유전자 알고리즘과 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘과 비교하였다.

3.4.1 시험함수 Goldstein-Price 함수

find design variables x₁, x₂

to minimize f(x)

$$f(x) = [1 + (x_1 + x_2 + 1)^2 (19 - 14x_1 + 3x_1^2 - 14x_2 + 6x_1x_2 + 3x_2^2)] \times [30 + (2x_1 - 3x_2)^2 (18 - 32x_1 + 12x_1^2 + 48x_2 - 36x_1x_2 + 27x_2^2)] \quad (3)$$

subject to

$$-2.0 \leq x_i \leq 2.0, \quad i = 1, 2$$

위의 함수는 Fig. 3에서와 같이 3 개의 지역함수와 1 개의 전역해를 가지는 함수이며, 전역해는 x = (0.0, -1.0)에서 f(x) = 3.0을 가진다.

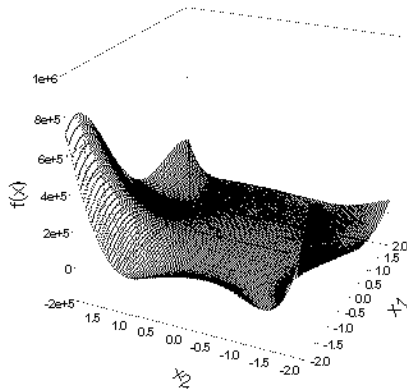


Fig.3 Goldstein-Price function

Table 3 Conditions of GA and IGA

Population size	30
Crossover rate	0.75
Mutation rate	0.01
Generation (cycle)	100

Table 4 Comparison of GA and IGA

	Analytic solution	GA	IGA
Optimal value	3.00	3.5818	3.0535
No. of generation		51	38

3.4.2 시험함수에 대한 적용결과

단순 유전자 알고리즘과 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘을 이용하여 시험함수에 대한 해석을 수행하였으며 이때 사용한 조건을 Table 3에 나타내었다. 그리고 이 결과를 단순 유전자 알고리즘의 결과와 비교하였다.

Table 4는 단순유전자 알고리즘과 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘의 결과를 비교한 것으로서 총 5회 반복실험을 수행한 후의 평균을 나타내었다. Table에서 보이는 것과 같이 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘이 단순유전자 알고리즘보다 수렴속도에서는 약 75 %의 향상을 보였으며 정도면에서는 약 15 %의 차이를 보였다. 이것은 새로운 세대를 재생산할 때 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘이 항상 현 세대보다 적합도가 높은 세대를 항상 생산함으로써 알고리즘의 수렴속도와 정도를 향상시킨 것으로 생각할 수 있다.

4. 로커암 축의 최적설계

Table 5 The most dangerous failure boundary condition of rocker arm shaft

Load case	Level of factor			
	L	M	N	K
D	3	2	1	3

4.1 최적화 문제의 정식화

평균분석을 적용한 유전자 알고리즘을 로커암 축에 부하되는 최대응력을 최소화하는 문제에 적용하였다. 목적함수로 설정한 로커암 축의 최대응력은 본 저자들이 연구를 수행한 바 있는 로커암 축의 파손시의 조건을 경계조건으로 설정하였으며, Table 5는 로커암 축의 파손시의 파손경계조건을 나타낸 것이다. Table의 숫자는 로커암 축에 체결된 볼트의 상태를 나타낸 것으로서 1은 볼트가 완전히 체결된 경우를, 2는 볼트가 풀리기 직전 경우를, 3은 볼트의 체결이 완전히 풀린 경우를 나타낸다.

또한 로커암 축에 부하되는 응력을 유한요소해석으로 구할 경우, 비용 및 시간이 많이 소비되기 때문에 반응표면모델을 구성하여 응력을 구하였다. 반응표면모델을 구성하기 위한 해석은 범용유한요소해석 소프트웨어인 ANSYS 7.0을 이용하였다. 일반적으로 반응표면모델을 생성하기 위한 실험계획법의 선택은 반응표면모델의 정확도와 해석시간에 큰 영향을 미치기 때문에, 일반적으로 설계변수가 5 개 미만인 경우에는 중심합성법과 Box-Benken법을 가장 많이 사용하고 있으며 설계변수가 많은 경우에는 해석 및 실험의 회수를 줄이기 위하여 D-optimal법을 많이 사용하고 있다. 본 연구에서는 설계변수의 개수가 5 개 미만이고 설계변수 영역의 제한 조건 등을 고려하여 Box-Benken법을 이용하여 반응표면모델을 생성하였으며 식 (4)에 나타내었다.

$$y = 82.7893 + 0.673981x_1 - 4.02053x_2 - 14.3151x_3 - 0.232805x_1^2 + 2.01461x_2^2 + 3.63788x_3^2 - 0.0758728x_1x_2 + 1.45322x_2x_3 - 0.386308x_3x_1 \quad (4)$$

Fig. 4는 설계변수를 나타낸 것으로 로커암 축에 관통 구멍을 뚫어 로커암 축에 발생하는 최대응력을 이완시키고자 한다. 설계변수로는 로커암 축 내의 관통구멍의 위치와 크기로 설정하였다. 따라서 최적화 문제는 다음과 같이 정식화 할 수 있다.

$$\begin{aligned} &\text{find design variables } x_1, x_2, x_3 \\ &\text{to minimize maximum stress} \\ &\text{subject to} \\ &\quad -6.5 \leq x_1 \leq 6.5 \\ &\quad -2.6 \leq x_2 \leq 2.6 \\ &\quad 1.0 \leq x_3 \leq 5.0 \end{aligned}$$

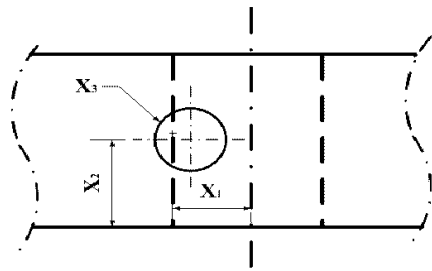


Fig. 4 Design variables of rocker arm shaft

Table 6 Conditions of GA and IGA

Population size	50
Crossover rate	0.75
Mutation rate	0.01
Generation	500

Table 7 Material properties of rocker arm shaft

Tensile Strength, σ_t (MPa)	769
Yield Strength, σ_y (MPa)	910
Young's modulus (GPa)	205
Poisson's ratio	0.29
Elongation (%)	6.27

여기서, x_1 : 구멍의 x축 위치, x_2 : y축 위치, x_3 : 구멍의 크기 이다.

로커암 축의 최대응력을 최소화하기 위하여 단순 유전자 알고리즘과 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘으로 최적화를 수행하였으며 이때 사용한 파라미터 조건을 Table 6에 나타내었으며 Table 7은 로커암 축의 재료물성치를 나타낸 것이다.

4.2 로커암 축의 적용결과

Fig. 5는 최적화를 수행하기 전의 파손경계조건에 대한 유한요소해석 결과를 나타낸 것으로 로커암 축의 구멍 주위에 최대응력 711 MPa이 부하되고 있는 것을 알 수 있다.

Table 8은 단순유전자 알고리즘과 평균분석을 적용한 유전자 알고리즘의 최적화 결과를 나타낸 것으로 두 알고리즘 모두 거의 비슷한 최적화 값을 나타

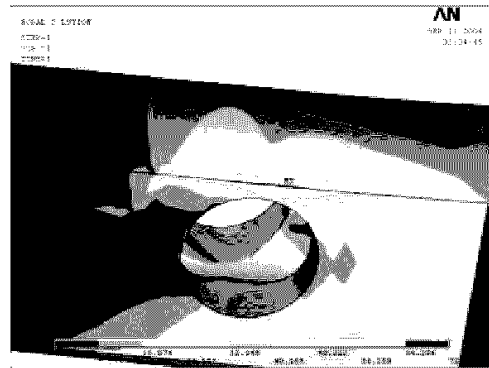


Fig. 5 FEM analysis result of rocker arm shaft

Table 8 Comparison of GA and IGA

	GA			IGA		
	RSM	FEM		RSM	FEM	
Optimal value (MPa)	569.5	622.9		565.7	608.7	
No. of generation	302			116		
Position of DV	x_1	x_2	x_3	x_1	x_2	x_3
	6.389	0.383	2.136	6.498	0.36	2.193

내고 있으나 수렴속도 면에서 본 연구에서 제안된 알고리즘이 단순유전자 알고리즘보다 약 2.6 배 정도 향상된 것을 알 수 있다.

5. 결론

본 연구에서는 유전자 알고리즘의 수렴속도 및 해의 정도를 향상시키기 위하여 실험계획법의 하나인 직교배열표와 평균분석을 유전자 알고리즘의 교배연산에 적용하여 수렴속도 및 해의 정도에서 향상된 새로운 최적화 방법을 제안하였으며, 이를 시험함수와 실기품인 로커암 축의 최적화에 적용하여 제안된 유전자 알고리즘의 유용성과 효율성을 확인하였다.

참고문헌

- 이하 참고문헌 생략 -