

# 민감도가 고려된 유전 알고리듬을 이용한 최적화 방법에 관한 연구

이재관<sup>\*</sup>·신효철<sup>\*\*</sup>  
(1999년 6월 30일 접수)

## A Study on the Optimization Method using the Genetic Algorithm with Sensitivity Analysis

Jae-Gwuan Lee and Hyo-Chol Sin

**Key Words :** Optimal Design(최적 설계), Genetic Algorithm(유전 알고리듬), Sensitivity Analysis(민감도 해석), Global Solution(전역해), Probabilistic Search(확률론적 탐색).

### Abstract

A newly developed optimization method which uses the genetic algorithm combined with the sensitivity analysis is presented in this paper. The genetic algorithm is a probabilistic method, searching the optimum at several points simultaneously, requiring only the values of the object and constraint functions. It has therefore more chances to find global solution and can be applied various problems. Nevertheless, it has such shortcomings that even it approaches the optimum rapidly in the early stage, it slows down afterward and it can't consider the constraints explicitly. It is only because it can't search the local area near the current points. The traditional method, on the other hand, using sensitivity analysis is of great advantage in searching the near optimum. Thus the combination of the two techniques makes use of the individual advantages, that is, the superiority both in global searching by the genetic algorithm and in local searching by the sensitivity analysis. Application of the method to the several test functions verifies that the method suggested is very efficient and powerful to find the global solutions, and that the constraints can be considered properly.

### 1. 서 론

#### 1.1 연구 배경 및 목적

주어진 여러 제한 조건들을 모두 만족하는 설계변수들의 집합 중에서 가장 적합한 값을 구하는 최적화 방법은 공학 설계에서 매우 중요하여 지금까지 많은 연구가 수행되었다.<sup>(1,2)</sup> 그 중에서 유전 알고리듬(genetic algorithm) 방법은 전역해를 찾기 쉽고 이산 변수의 고려가 간단하며 목적

함수와 구속조건만을 필요로 하여 다양한 문제에 적용될 수 있는 등의 장점을 가지고 있어 최근에는 구조 최적화 문제들에도 활발히 적용되고 있다.<sup>(3~5)</sup> 그러나 이 방법은 또한 구속조건에 대한 고려를 명확히 할 수 없고 초기의 탐색에 비해 나중의 탐색의 효율이 떨어져 계산수가 많은 등의 단점을 가지고 있는데 구조 최적화 문제와 같이 목적함수의 계산에 막대한 비용이 소모되는 경우 이 방법의 적용에 앞서 계산 수를 줄이기 위한 연구가 선행되어야 한다. 그런데 이것은 유전 알고리듬 방법이 전역적인 탐색에 효율적인데 비해 국부적인 탐색에 비효율적이기 때문에 나타나는 것으로 민감도 해석을 이용하는 기존의 최적화 방법들은 오히려 국부적인 탐색에 효율적이

\* 서울대학교 정밀기계설계공동연구소

\*\* 회원, 서울대학교 기계항공공학부

E-mail : hyochol@gong.snu.ac.kr

TEL : (02)880-7140 FAX : (02)880-1683

고 전역적인 탐색에 취약하므로 이 두 가지 방법을 적절히 조합하면 매우 효율적인 최적화 방법을 구현할 수 있을 것이다.

따라서 본 연구에서는 유전 알고리듬 방법을 민감도 해석과 조합하여 두 가지 방법의 장점들, 즉, 유전 알고리듬 방법의 전역 탐색 능력과 민감도 해석을 이용한 전통적인 방법의 국부 탐색 능력을 모두 갖추고 각 방법의 단점을 보완한 새로운 방법을 제시한다.

## 1.2 연구 동향

최적해에는 지역해와 전역해가 있으며 미분이나 Hessian 행렬 등으로 특성을 나타낼 수 있는 지역해와 달리, 전역해는 수학적인 조건으로 특성을 나타낼 수 없기 때문에 이것을 구하는 방법에 대해 지금까지 많은 시도가 있어 왔는데<sup>(2)</sup> 별로 실제적인 도움이 되지 못하여 여전히 탐구할 과제로 남아있다. 기존의 전역 최적화 방법들은 확률적인 요소의 사용 여부에 따라서 결정론적인 방법과 확률론적인 방법의 두 가지 부류로 나눌 수 있는데, 그 중에서 유전 알고리듬 방법은 확률론적인 방법의 한가지로 설계 변수가 많고 복잡한 문제는 물론, 목적함수의 미분이나, 불록성(convexity), 또는 변수의 선형 상관성 등의 가정이나 요구로 인하여 전통적인 방법들(예를 들면 구배 탐색법, simplex method 등)이 적용될 수 없는 문제들에 대하여도 잘 적용될 수 있는 등 기존의 방법에 비해 장점이 많아 최근 주목을 받고 있다. 이 방법은 1975년 Holland<sup>(6)</sup>와 그의 연구진들이 기존의 유전 알고리듬에 대한 연구를 종합해서 체계화시켰으며, 공학 설계 분야에서는 Goldberg 등<sup>(7)</sup>이 가스 송수관의 최적 설계에 적용을 시도한 아래로 많은 연구가 있어왔다.

## 2. 민감도 해석을 적용한 유전 알고리듬

유전 알고리듬을 비롯한 랜덤 탐색 방법에 기초한 많은 방법들이 최적화 과정에서 초기에 비해 나중의 수렴속도가 월등히 떨어지는 단점을 가지고 있는데 이것은 바로 설계 민감도와 같은 설계 공간의 정보에 대한 고려가 없어 국부적인 탐색에 취약성을 가지기 때문이다. 특히 유전 알-

고리듬이 먼저 적용되어온 수학적인 문제들이나 컴퓨터 공학 분야의 일반적인 탐색 문제들과 달리 구조 최적화와 같은 문제들은 유전 알고리듬 과정에 비해 그 해석에 막대한 비용이 소모되므로 이 방법의 적용에 앞서 계산 수를 줄이기 위한 연구가 필요하다. 그런데 이런 문제들은 해석이 어려운 대신 설계 공간에 대한 고려가 가능하고 민감도 해석이 가능하므로 기존의 연구들은 대체로 이를 고려한 지역 탐색법에 의해 이루어졌다. 따라서 본 연구에서는 민감도 해석을 유전 알고리듬과 결합함으로써 보다 효율적인 최적화 방법을 제안하였다.

한편, 기존의 연구에서도 유전 알고리듬과 지역적 탐색을 병행한 연구들이 있으나<sup>(8-9)</sup> 이들은 대개 유전 알고리듬과 지역적 탐색을 순차적으로 수행하는 방식으로 유전 알고리듬은 다음에 수행될 지역적 탐색의 초기점을 찾는 역할을 수행하였다. 그러나 이 방법들은 유전 알고리듬의 활용 정도에 따라 효율이 떨어지던가 지역해에 수렴할 수가 있는데 이에 반해 본 연구에서 제시한 방법은 민감도 해석을 통해 해의 탐색 방향을 구한 뒤 이것을 유전 알고리듬의 교배 연산에 적용한 새로운 방법으로 최적화의 효율을 높이는 것은 물론 기존의 유전 알고리듬에서 고려하기 힘들었던 구속 조건도 명확히 고려할 수 있다.

### 2.1 기본적인 유전 알고리듬의 과정

유전 알고리듬은 다음과 같은 3가지 연산과정을 통해서 이루어진다.

#### 2.1.1 선정(selection) 연산

각 개체를 적합도의 크기에 따라 다음의 교배 연산과 돌연변이 연산에 참여할 확률을 결정함으로써 잠재적인 해 집단이 탐색공간의 유망한 영역을 향하도록 유도하는 과정으로 일반적으로 스키얼링을 사용하여 적합도가 높은 개체와 낮은 개체사이의 비율을 조정한다. 즉, 이 비율에 따라 유전 알고리듬은 초기 수렴할 수도 있고 해를 찾는 것이 느려질 수도 있으며 가장 바람직한 것은 탐색 초기에는 전역 탐색에 효율적이도록 각 개체의 적합도 차이를 작게 하고 탐색을 마칠 때는 탐색 공간의 가장 유망한 지역을 세밀히 탐색할

수 있도록 적합도 차이를 크게 하는 것이다. 기본적인 방법으로는 토너먼트 선정, 랭킹 선정, 비례 선정 등이 있다.

### 2.1.2 교배(crossover) 연산

부모 개체의 정보를 혼합하는 방식으로 새로운 개체를 생성하는 연산으로 앞의 선정 과정을 거친 우수한 개체들끼리 교배 연산을 행함으로써 적합도가 우수한 새로운 개체들을 생성한다. 이 연산은 선정된 두 개체의 문자열을 임의의 개수로 자른 뒤 상호 교환함으로써 이루어지는데 이 과정이 랜덤하게 이루어져 임의의 영역을 탐색하게 하므로 다음의 돌연변이 연산과 함께 전역 최적화를 수행할 수 있는 토대가 된다. 이 방법은 문자열을 어떻게 잘라서 교환하는가에 따라 일점교배, 이점 교배 등이 있다.

### 2.1.3 돌연변이(mutation) 연산

앞의 두 과정에 의해 생성된 개체들로부터 재생성, 도태의 과정을 거치면서 최적해를 구하게 되는데 경우에 따라서는 개체들이 한 방향으로 일찍 수렴하여 전역해를 구하지 못할 수도 있다. 예를 들어 모든 문자열의 마지막 항이 '0'의 값을 가진다면 앞의 두 연산만으로는 도저히 마지막 값이 '1'이 되는 개체를 생성할 수 없는 것이다. 이런 조기 수렴 현상을 방지하기 위해 자손 개체를 생성한 후 변수 값을 랜덤하게 바꿔주는 돌연변이 연산을 수행한다.

이상이 기본적인 유전 알고리듬 과정으로 각 과정은 매우 단순하지만 다수의 설계 점과 도태, 교배 그리고 변종의 과정이 합쳐진 결과는 매우 강력하다.

## 2.2 민감도 해석을 이용한 유전 알고리듬

본 논문에서 해석의 대상으로 고려한 문제들은 민감도 해석에 의해 적합도가 개선되는 방향을 알 수 있는 것들로 이 정보를 유전 알고리듬에 반영하고자 한다. 그런데 유전 알고리듬에서 새로운 개체의 생성은 교배 연산과 돌연변이 연산에 의해 이루어지고 이 중 돌연변이 연산은 완전히 랜덤하게 이루어지므로 본 논문에서는 교배 연산에 이 정보를 적용하였다. 즉, 교배 연산은

두 개체 사이에 얼마씩의 변수 값을 주고받아 새로운 개체를 생성하는데 이때 민감도 해석에 의해 적합도가 개선되는 방향을 구할 수 있으므로 두 개체 상호간에 주고받는 값을 조절하여 새로운 개체를 이 방향에서 생성함으로써 탐색 효율을 높인다. 그리고 민감도 값으로부터 개체의 이동 방향을 결정하기 위해 projected gradient method를 사용하였는데 여기에서 구속조건에 대한 고려가 이루어진다. 즉, 최적화 과정에 active 한 구속 조건이 존재하는 경우 다음의 이동 방향은 목적함수의 구배 벡터를 이 구속 조건의 구배 벡터에 수직한 면에 투영하여 구함으로써 이를 위반하지 않는 방향을 제시한다. 이 과정을 유전 알고리듬의 3가지 연산에 대해 살펴보면 다음과 같다.

### 2.2.1 선정, 교배 연산

두 개의 개체 사이에 데이터를 교환하여 새로운 개체를 생성하는 경우 일반적으로 두 개체의 민감도를 모두 만족시킬 수는 없다. 따라서 두 개체 중 한 개체를 기준으로 이 개체의 적합도가 개선되는 방향으로 교배를 수행한다. 따라서 두 개체의 선정도 다르게 수행되는데 일단 기준이 되는 개체는 이것의 적합도가 우수할수록 다음에 생성되는 개체도 우수한 값을 가질 가능성이 높으므로 랭킹 연산에 기초하여 이루어진다. 한편, 유전 알고리듬은 이산 변수를 사용하므로 주어진 두 개체 사이에서 교배 연산에 의해 구할 수 있는 값들은 제한되어 있다. 일례로 '1001'의 값과 '1010'의 값을 갖는 두 개체가 있고 민감도 해석에 의해 전자가 증가해야 하는 경우 이들 사이에 값을 주고받아 얻을 수 있는 값은 '1011'과 '1010'의 두 가지밖에 존재하지 않으며 결국 민감도 값에 의한 방향으로 이동도 제한되는 것이다. 따라서 본 논문에서는 기존의 방법과 달리 선정 연산과 교배 연산을 동시에 행하여 이런 문제를 해결하고자 하였다. 즉, 랭킹 연산에 따라 기준이 되는 개체를 선정하고 이것과 교배하여 새로운 개체들을 생성할 또 다른 부모 개체는 기준 개체와 다른 개체들 사이의 가능한 교배를 탐색하여 그 중 민감도 해석 결과와 가장 일치하는 것으로 정한다. 그리고 이때 가장 적합한 개체의 판단은

민감도 해석 결과에 의한 이상적인 이동 방향과 두 개체 사이에서 실제 가능한 교배의 이동 방향 사이의 방향 여현을 구하여 이루어진다. Table 1에 선정연산과 교배 연산이 수행되는 한 예를 보였다.

한편, 본 논문에서 제시한 방법은 민감도 해석을 통해 교배의 방향을 결정하고 이 방향에 맞춰 새로운 개체를 생성하므로 결정론적인 특성을 가져 지역해에 수렴할 가능성이 증가한다. 따라서 교배 연산에 의한 개체의 이동 크기는 구속조건에 의해 교배 크기가 제한되는 경우를 제외하고는 임의적으로 결정하며 단지, 이 값이 너무 크면 민감도 정보의 유용성을 잃을 우려가 있고 또한, 너무 작으면 지역적인 탐색에 치우쳐 전역적인 탐색이 곤란하므로 대체로 초기에는 큰 값을 갖고 나중에는 작은 값을 갖도록 한다.

### 2.2.2 돌연변이(mutation) 연산

교배 연산에 의해 2개의 부모 개체 중 적합도가 우수한 개체가 적합도가 개선되는 방향으로 이동하게 되므로 상대적으로 적합도가 작은 개체는 자신의 민감도와는 관계없이 미지의 영역으로 보내져 미지의 영역을 탐색하고 결과적으로 전역 탐색의 기초가 된다. 따라서 돌연변이 연산은 두 개체 중 임의의 방향으로 보내진 후자에만 적용하며 이로 인해 비교적 큰 값의 돌연변이 확률을

사용하였다.

### 2.2.3 개체들의 다양성 유지

유전 알고리듬 방법이 전역해를 구하는 매우 강력한 방법이기는 하지만 이 방법도 간혹 지역해에 빠질 수 있는데 이것은 모든 개체들의 특정 인자가 일찍 하나의 값으로 수렴하기 때문에 나타난다. 그리고 이 경우 그 뒤의 교배 연산은 더 이상 탐색에 별다른 의미를 주지 못하고 단지 돌연변이 연산에 의해서만 지역해로부터 탈피할 수 있게 되는데 이렇게 완전히 랜덤한 것에 의존하는 것은 너무 비효율적이므로 근래에는 개체들의 다양성을 유지시키기 조기 수렴을 방지하고자 하는 연구가 이루어지고 있다.<sup>(10-11)</sup> 특히, 본 연구에서 사용한 방법은 민감도 정보를 사용하므로 유전 알고리듬 방법의 확률론적인 특성이 감소하고 조기 수렴할 가능성이 증가하였으므로 Crowding 방법을 적용하여 개체들의 다양성을 유지시키고 지역해에 수렴할 가능성을 줄인다. 이 방법은 새로운 개체가 생성되면 기존의 개체 중 가장 가까운 개체를 찾아 적합도를 비교한 뒤 두 개체 중 더 나은 개체를 생존시키는 방법으로 최적화 과정에서 해들을 설계 공간에 다양하게 분포시키는데 이것은 또한 지역 탐색과 전역 탐색을 동시에 하는 효과를 가져온다.

이상이 민감도 해석을 적용한 유전 알고리듬

**Table 1** Crossover of the genetic algorithm with sensitivity analysis, selected : sensitivity = (-6.1e2,-6.4e2), step size = 25

		Code	Optimal Crossover	Angle (rad)
Selected		0101000000 0010000000		
Candidate	1	0111010011 1000010101	0111000000 1000000000 0101010011 0010010101	0.997
	2	1100111110 1010111101	1100100110 1010100100 0101011000 0010011001	<u>0.999</u> (optimal)
	3	1110001101 1100100111	1110000101 1100000111 0101001000 0010100000	0.990
	4	1011100100 0100001010	1011100000 0100000000 0101000100 0010001010	0.930
	5	0010001000 1001000101	0010001000 1001000000 0101000000 0010000101	0.724

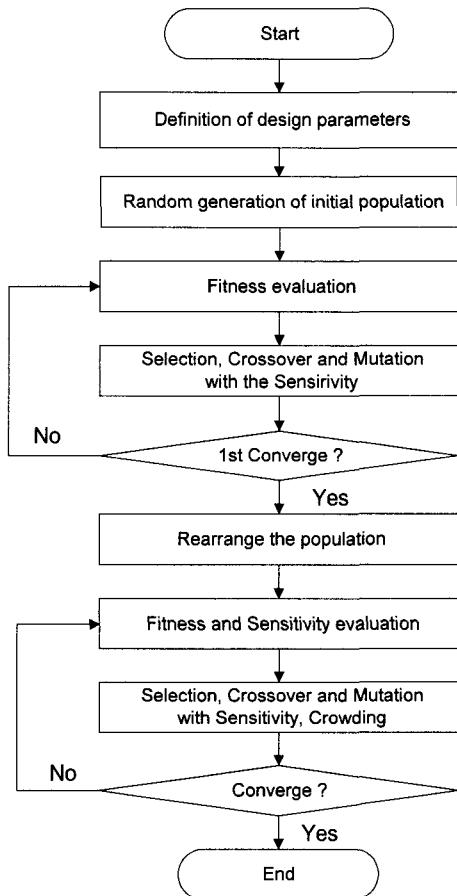


Fig. 1 Flow chart of the genetic algorithm combined with the design sensitivity analysis

방법의 과정들이다. 그런데 유전 알고리듬이 비록 지역 탐색을 못하여 나중의 수렴속도가 떨어지지만 초기에는 빠른 수렴 특성을 가지고 있으므로 본 논문에서는 유전 알고리듬의 초기 빠른 수렴 특성을 활용하기 위해 일단 Crowding 방법을 적용하지 않고 개체들이 한 곳으로 수렴해 동일한 개체가 생성되던가 더 이상 해의 개선이 일어나지 않을 때까지(일차 수렴) 진행한 뒤 서로 너무 근접한 개체들은 상대적 우수한 개체만 남기고 나머지는 새로운 개체들로 교체하여 새로운 세대를 구성하고 이번에는 Crowding 방법을 적용한 최적화를 수행한다.

#### 2.2.4 최적화 과정

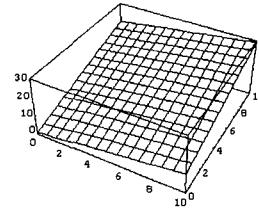


Fig. 2 Test function 1

본 연구의 최적화 과정은 위에서 살펴본 연산에 의해 다음과 같은 순서로 이루어진다.

- (1) 설계 파라미터들을 설정.
- (2) 초기 설계 집단 생성. 개체들을 임의로 생성하여 초기 설계 집단을 구성한다. 단, 개체들은 설계 공간에 고루 분포되도록 한다.
- (3) 민감도 계산 및 교배의 방향과 크기 결정. 선정 연산자에 의해 선택된 개체의 목적함수와 구속 조건을 평가하고 projected gradient 방법을 사용해 각 함수의 민감도로부터 교배의 방향 및 크기를 결정한다.
- (4) 앞서 구한 교배 방향과 크기에 따라 선정, 교배, 돌연변이 연산을 거쳐 새로운 개체들을 생성한다
- (5) 일차 수렴을 점검하여 수렴한 경우 단계 (6)으로 가고 아니면 단계 (3)으로 간다.
- (6) 일차 수렴시 너무 근접한 개체들은 상대적으로 우수한 개체만 남기고 나머지는 설계 공간에 고루 분포되도록 생성된 새로운 개체로 대체하여 새로운 설계집단을 구성한다.
- (7) 민감도 계산 및 교배의 방향과 크기 결정.
- (8) 앞서 구한 교배 방향과 크기에 따라 선정, 교배, 돌연변이 연산을 거쳐 새로운 개체를 생성하고 crowding 방법을 적용하여 설계 집단을 갱신한다.
- (9) 해의 수렴성을 점검하고 수렴이 안된 경우 단계 (7)로 돌아간다.

이상을 흐름도로 나타내면 Fig. 1과 같다.

### 3. 시험 함수에의 적용

본 논문에서 제안한 방법을 여러 문헌에서 많

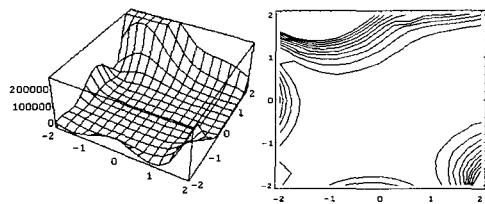


Fig. 3 Test function 2

Table 2 Parameters of Hartmann function

m=4, n=3						
i	$a_{ij}$		$c_i$	$b_{ij}$		
1	3.0	10.0	30.	1.0	0.3689	0.1170
2	0.1	10.0	35.	1.2	0.4699	0.4387
3	3.0	10.0	30.	3.0	0.1091	0.8732
4	0.1	10.0	35.	3.2	0.03814	0.5743
					0.8828	

이 적용되는 다음의 시험함수들에 대해 적용하였다.

### 3.1 시험 함수들

#### 3.1.1 시험함수 1 : Nonconvex한 함수

min

$$f(x) = x_1 + 2x_2 \quad (1)$$

subject to

$$g_1(x) = 1 - \frac{x_1^2 + (x_2 - 5)^2}{25} \leq 0 \quad (2)$$

$$g_2(x) = 1 - \frac{(x_1 - 5)^2 + x_2^2}{25} \leq 0 \quad (3)$$

$$g_3(x) = 1 - x_1 \leq 0 \quad (4)$$

$$g_4(x) = 1 - x_2 \leq 0 \quad (5)$$

solution : 다음과 같은 2개의 지역해와 하나의 전역해를 갖는다.

$$x = (1.00, 9.90) \quad F = 20.80$$

$$(5.00, 5.00) \quad 15.00$$

$$(9.90, 1.00) \quad 11.90 \text{ (전역 해)}$$

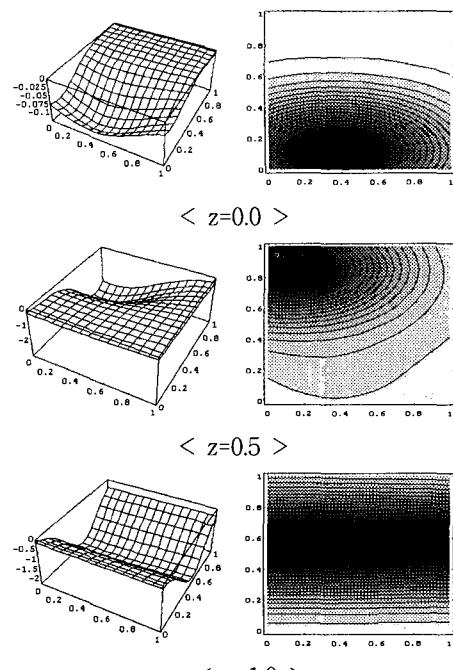


Fig. 4 Test function 3

#### 3.1.2 시험함수 2 : Goldstein-Price 함수

min

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

subject to

$$-2.0 \leq x_i \leq 2.0, \quad i = 1, 2 \quad (7)$$

solution : 다음과 같은 3개의 지역해와 1개의 전역해를 갖는다.

$$\begin{array}{lll} x = (1.2, 0.8) & F = 840.0 \\ (-0.6, -0.4) & 30.0 \\ (1.8, 0.2) & 84.0 \\ (0.0, -1.0) & 3.0 \text{ (전역 해)} \end{array}$$

#### 3.1.3 시험함수 3 : Hartmann function

min

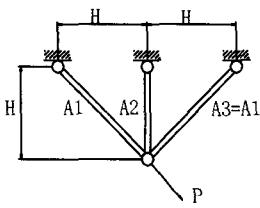


Fig. 5 3 Bar Problem

$$f(x) = - \sum_{i=1}^m c_i \exp \left[ - \sum_{j=1}^n a_{ij} (x_{ij} - p_{ij})^2 \right] \quad (8)$$

subject to

$$0 \leq x_j \leq 1, \quad j = 1, 2, \dots, n \quad (9)$$

solution : m개의 지역해가 존재한다.

$$x_i \approx (p_{i1}, p_{i2}, p_{i3}), f_i \approx -c_i, \quad i = 1, 2, 3, 4$$

본 연구에서는  $n = 3, m = 4$ 로 설정하였으며 이때 각 계수는 Table 2에 나타난 것과 같다. 그런데 이 함수는 변수가 3개라 하나의 그림으로 나타내기가 곤란하여 z값을 상수로 둔 경우에 대해 몇 가지 그림을 Fig. 4에 보였다.

### 3.1.4 시험함수 4 : 3 bar problem

다음의 문제는 Fig. 5에 제시한 트러스 구조물에 대하여 응력 구속 조건이 있는 경우 무게를 최소로 하는 단면적들을 구하는 것으로 다음과 같이 표현될 수 있다.

min

$$f(x) = 2\sqrt{2}x_1 + x_2 \quad (10)$$

subject to

$$\sigma_1(x) - \sigma^{(u)} \leq 0 \quad (11)$$

$$\sigma_2(x) - \sigma^{(u)} \leq 0 \quad (12)$$

$$\sigma_3(x) + \sigma^{(l)} \leq 0 \quad (13)$$

$$0.1 \leq x_i \leq 5.0, \quad i = 1, 2, 3 \quad (14)$$

여기서

$$\sigma_1(x) = P \frac{x_2 + \sqrt{2}x_1}{\sqrt{2}x_1^2 + 2x_1x_2} \quad (15)$$

$$\sigma_2(x) = P \frac{1}{x_1 + \sqrt{2}x_2} \quad (16)$$

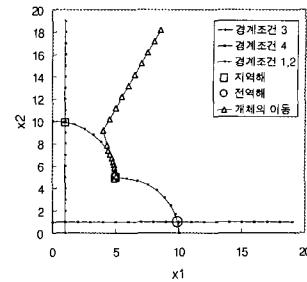


Fig. 6 Trajectory of the points in optimizing Test Function 1 by the projected gradient method

$$\sigma_3(x) = -P \frac{x_2}{\sqrt{2}x_1^2 + 2x_1x_2} \quad (17)$$

$$\text{그리고 } \sigma^{(u)} = 20, \quad \sigma^{(l)} = -15, \quad P = 20, \quad E = 1$$

solution :

$$X^* = (0.78706, 0.40735) \quad F = 2.6335$$

### 3.2 시험 함수에 대한 적용 결과

민감도를 적용한 유전 알고리듬을 이용하여 시험함수들에 대한 해석을 수행하였으며 이때 사용한 파라메터들을 Table 3에 나타내었다. 그리고 이 결과들을 토너먼트 선정 연산과 2점 교배를 사용한 단순 유전 알고리듬의 결과와 비교하였는데 이때 최대 반복수는 500으로 하였다.

#### 3.2.1 시험함수 1

이 문제는 민감도 값이 항상 일정한 값을 갖지만 전역해와 지역해들이 구속 조건들의 경계 선상에 존재하는 문제다. 따라서 이 문제를 민감도

Table 3 Parameters of genetic algorithm for the test functions

Parameters	Test 1	Test 2	Test 3	Test 4
개체 수 ( $\lambda$ )	20	20	30	20
변수 수	2	2	3	2
$P_c$	0.8	0.8	0.8	0.8
$P_m$	0.3	0.3	0.3	0.3
수렴시	NEW	30-70	25-40	100-300
계산수	SGA	100-300	50-200	200-500
				150-

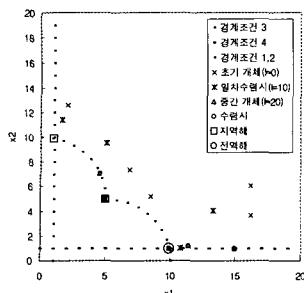


Fig. 7 Distribution of the design points in optimizing Test Function 1

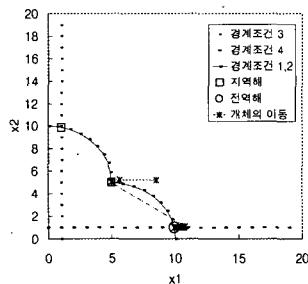


Fig. 8 Trajectory of the best design point in optimizing Test Function 1

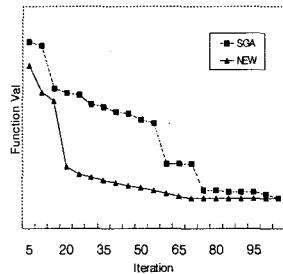


Fig. 9 The variance of objective value in optimizing Test Function 1

해석을 이용한 전통적인 방법으로 해석하는 경우 지역해들의 존재로 전역해를 찾기가 어렵고 단순한 유전 알고리듬 방법은 세밀한 경계 조건의 처리가 곤란하므로 역시 해를 찾는 것이 용이하지 않다. Fig. 6은 민감도를 이용한 최적화 방법인 Projected Gradient 방법을 이용하여 해석하는 모습인데 초기점을 잘못 선택하여 지역해에 수렴하고 있다.

이 문제는 대체로 30-70번 정도의 반복으로 전역해를 구할 수 있었으며 Fig. 7-Fig. 9에 그 종

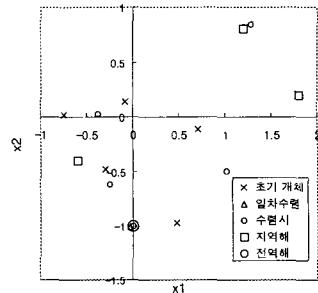


Fig. 10 Distribution of the design points in optimizing test function 2

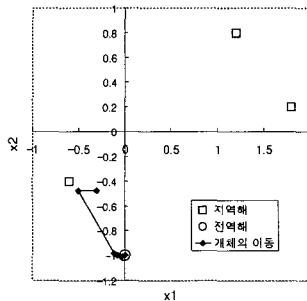


Fig. 11 Trajectory of the best design point in optimizing test function 2

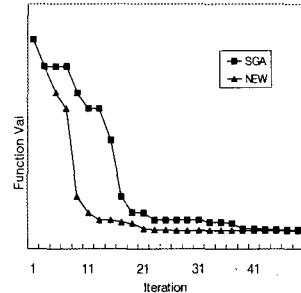


Fig. 12 The variance of objective value in optimizing test function 2

한 경우에 대해 해를 구하는 모습을 보였다. 여기서 Fig. 7은 각 세대별로 적합도가 우수한 5개의 개체들을 표시한 것으로 초기에 임의로 분포되었던 개체들이 계산이 진행됨에 따라 전역해와 지역해 쪽으로 다가감을 살펴볼 수 있으며 또한 여러 점을 동시에 탐색하고 해의 다양성을 유지하는 특성으로 인해 해석이 끝났을 때 전역해는 물론 지역해에도 개체가 존재하고 있는 것을 관찰할 수 있다. 그리고 Fig. 8은 각 세대별로 가장

**Table 4** The best design points at each generation in optimizing test function 3

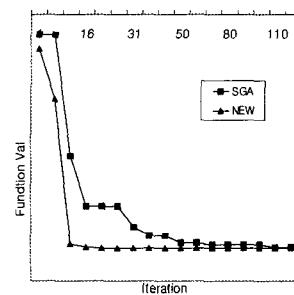
반복수	$x_1$ 값	$x_2$ 값	$x_3$ 값	함수값
1	0.10362	0.68622	0.85728	-3.31331
6	0.10460	0.56110	0.86510	-3.84674
11	0.10362	0.55719	0.85631	-3.86131
16	0.10460	0.55523	0.85239	-3.86271
31	0.10557	0.55621	0.85239	-3.86272
49	0.12219	0.55523	0.85239	-3.86274
66	0.12121	0.55523	0.85239	-3.86275
93	0.119260	0.55523	0.85239	-3.86276
133	0.11535	0.55523	0.85239	-3.86277

적합도가 우수한 개체의 이동하는 궤적을 보인 것인데 예상했던 대로 처음에는 지역해(5.0, 5.0)로 다가가다가 어느 순간 전역해 쪽으로 이동한 뒤 경계를 따라 서서히 전역해로 접근하는 모습을 살펴볼 수 있었다. Fig. 9는 최적화의 진행에 따른 적합도의 변화를 나타낸 것으로 본 논문에서 제시한 방법이 경계를 따라 전역해에 서서히 접근하는 지역 탐색의 특징을 보이는데 비해 단순한 유전 알고리듬은 불연속적인 접근의 모습을 보인다.

### 3.2.2 시험함수 2

이 문제는 앞의 시험함수 1과 달리 구속 조건 처리 등의 어려움은 없으나 Fig. 3과 Fig. 10에서 보는 것과 같이 지역해가 넓게 여러 개 존재하여 민감도를 이용한 전통적인 최적화 방법으로는 해를 구하기 힘든 문제다.

이 문제의 해석 과정을 Fig. 10-Fig. 12에 보였는데 새로운 방법(NEW)이 유전 알고리듬의 전역 탐색에 뛰어난 특성을 갖고 있을 뿐 아니라 지역 해와 전역 해의 적합도 값이 큰 차이를 보여 비교적 쉽게 전역해를 구할 수 있었다. Fig. 12에서는 본 논문에서 제시한 새로운 방법과 기존의 단순한 유전 알고리듬(SGA)의 수렴을 비교하였는데 새로운 방법은 Fig. 10에서 일차 수렴시 이미 전역해 부근에 개체가 존재하는 것으로부터 알 수 있듯이 초기에 함수값이 상당히 빨리 감소하고 나중에는 조금씩 수렴하는데 이것은 새로운 방법



**Fig. 13** The variance of objective value in optimizing test function 3

이 초기에는 전역 탐색의 특성을 많이 갖고 나중에는 지역 탐색의 특성을 많이 갖는 것으로 이해된다. 그리고 Fig. 11은 각 세대별로 가장 우수한 개체의 이동을 나타내는 것인데 역시 처음에는 지역해로 접근하다가 곧 전역해 부근으로 이동한 뒤 서서히 전역해에 수렴하는 모습을 보인다.

### 3.2.3 시험함수 3

이 문제는 지역해가 여러 개 존재하는 것은 물론 각 변수들의 변화에 따른 민감도 값이 큰 차이를 나타내는 문제다. 그리고 이때 이산 변수의 사용은 전역해 부근에서 민감도 값이 실제 구할 수 있는 해와 다른 방향을 가리키도록 하여 해의 탐색을 어렵게 한다. Table 4는 각 세대별로 가장 우수한 개체의 변수값을 나타낸 것인데 여기에서 살펴보면 두 변수( $x_2, x_3$ )는 일찍 최적해에 수렴한 반면  $x_1$  값은 수렴하지 못했다. 그러나 이때 두 변수가 수렴한 값은 실제 최적값이 아닌 이산 변수를 사용하는 경우의 최적값이고 이때 민감도 해석 결과는 계속해서 이미 수렴한 두 변수의 변화를 요구하므로 결국 최적해에 수렴하는데 많은 계산이 소요되었다. 그러나 이것으로부터 민감도 값이 정확하지 않은 경우에도 비록 효율은 떨어지지만 유전 알고리듬의 확률론적인 탐색과 여러 점을 동시에 탐색하는 특성을 갖고 있어 해를 홀릉히 구할 수 있음을 보였다.

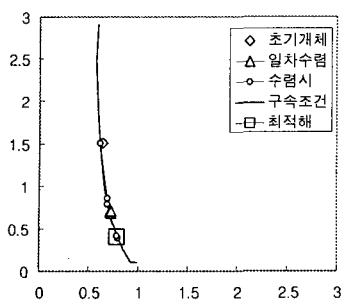


Fig. 14 Distribution of the design points in optimizing test function 4

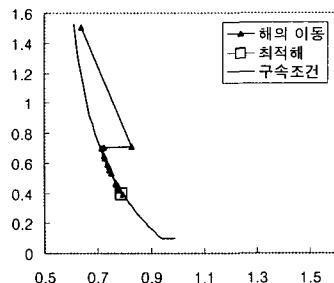


Fig. 15 Trajectory of the best design point in optimizing test function 4

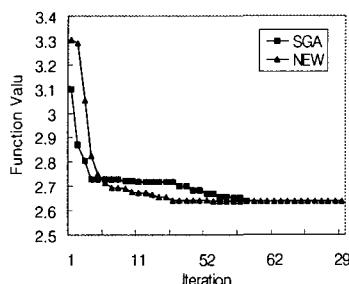


Fig. 16 The variance of objective value in optimizing test function 4

### 3.2.4 시험함수 4

이 문제는 응력 구속조건을 갖고 있는 간단한 구조 최적화 문제로 이 문제의 최적화하는 모습을 Fig. 14 - Fig. 16에 보였다. 이 문제는 최적해가 경계선 상에 존재하는데 이로 인해 랜덤 탐색에 기초한 방법들의 적용이 쉽지 않다. 실제로 단순한 유전 알고리듬 방법의 경우 최대 반복 수를 500으로 설정하였을 때 최적해를 못 구하는 경우도 존재했는데 본 논문에서 제시한 새로운 방법은 Fig. 15에서 살펴볼 수 있듯이 경계를 따라 최

적해에 수렴할 수 있으므로 기존의 유전 알고리듬 방법과는 확연한 차이를 보인다. Fig. 14는 전역해 부근에서 개체들의 분포를 살펴본 것으로 일차 수렴시 개체가 경계선상에 존재하였으며 이후 경계를 따라 진행하였는데 역시 지역 탐색의 특성으로 비교적 빨리 수렴하였다. 또한 Fig. 16 으로부터 초기에는 빠른 수렴을 보이나 나중에는 경계를 따라 진행하여 서서히 수렴하는 모습을 알 수 있다.

## 4. 결 론

본 연구에 의해 얻은 결과를 요약하면 다음과 같다.

(1) 민감도를 이용한 전통적인 방법의 국부 탐색에 대한 장점과 유전 알고리듬 방법의 전역 탐색의 장점을 모두 가진 강력한 최적화 방법을 제안하였다.

(2) 기존의 유전 알고리듬은 목적 함수와 구속 조건의 값만을 평가의 수단으로 사용하여 구속 조건에 대한 고려가 효율적이지 못했으나 본 논문에서 제시한 방법은 민감도 해석을 적용해 이를 명확히 고려할 수 있다.

(3) 새로 제안한 방법을 많이 사용되는 몇 가지 시험함수에 적용한 결과 지역해들이 여러 개 존재하는 문제는 물론 구속 조건이 주어진 문제들도 전역해를 잘 찾았으며 그 효율성도 뛰어난 방법임을 확인할 수 있었다.

## 참고문헌

- (1) Arora, J. S. 1989, *Applied Optimal Design; Mechanical and Structural Systems*, University of Iowa.
- (2) Arora, J. S., Elwakeil O. A. and Chajande, A. I. 1995, "Global Optimization Method for Engineering Applications: a Review," *Structural Optimization* 9, pp. 137~159.
- (3) Jenkins, W. M. 1991, "Structural Optimization with the Genetic Algorithm," *The Structural Engineer Vol. 69 No. 24* pp. 418~422.
- (4) Galante, M. 1996, "Genetic Algorithms as an

- Approach to Optimize Real-world Trusses," *Int. J. for Numerical Method in Engineering*, Vol. 39 pp. 361~382.
- (5) Deb, K. 1991, "Optimal Design of a welded Beams via Genetic Algorithms," *AIAA Journal*, Vol. 29 No. 11 pp. 2013~2015.
- (6) Holland, J. H. 1975, "Adaptation in Natural and Artificial Systems," The University of Michigan Press, Ann Arbor, MI.
- (7) Goldberg, D. E. and Kuo, C. H. 1987, "Genetic Algorithms in Pipeline Optimization," *J. of Computers in Civil Engineering*, Vol. 1 No. 2 pp. 128~141.
- (8) Chu K. C. and Gang F. 1995, "Accelerated Genetic Algorithms: Combined with Local Search Techniques for Fast and Accurate Global Search ,"*IEEE International Conference on Evolutionary Computation*, Vol. 1 p. 378.
- (9) Heistermann J., "Different Learning Algorithms for Neural Networks-A Comparative Study," In Schwefel and Männer[12].
- (10) Darwen, P and Yao, X., "Every Niching Method has its Niche: Fitness Sharing and Implicit Sharing Compared," In Voigt and Ebeling[13].
- (11) Grüninger T. and Wallace, D. 1996, "Multimodal Optimization using Genetic Algorithms," MIT CAD lab. Technical Report..
- (12) Davidor, Y. Schwefel, H. P. and Männer R. (Eds.),1991, *Parallel Problem Solving from Nature-PPSN III*, Springer-Verlag..
- (13) Voigt, H. M., Ebeling, W., Rechenberg, I. and Schwefel, H. P.(Eds.), 1996, *Parallel Problem Solving from Nature - PPSN IV*, Springer-Verlag.