

# 유전 알고리즘을 이용한 회전체의 진동저감

최 병 근 · 양 보 석

(Arizona 주립대 · 부경대학교 기계공학부)

## 1. 머리 말

**실**제 산업계, 특히 제조업에서 발생하는 대부분의 최적화 문제들은 매우 복잡해서 기존의 최적화 기술을 이용하여서는 해결하기 어려운 경우가 많다. 이러한 최적화 문제들을 해결하기 위하여 1960년대부터 인간 또는 생명체가 가지는 진화 특징들을 모방한 새로운 최적화 방법을 개발하고자 많은 연구자들이 관심을 가지고 연구를 수행하여 왔다. 그 중 인간이 가지는 자연진화과정(natural evolution algorithm)을 모방하여 만든 통계적 최적화 기법(stochastic optimization techniques)을 진화 알고리즘(evolution algorithm)이라고 한다.<sup>(1)</sup> 이 진화 알고리즘을 실제 최적화 문제에 적용하였을 경우, 기존의 최적화 방법보다 훨씬 뛰어난 결과를 얻어내는 경우가 많은 것으로 알려지고 있다. 진화 알고리즘은 크게 다음 3가지 종류로 나누어진다.

- 1) 유전 알고리즘(genetic algorithm)
- 2) 진화 프로그래밍(evolution programming)
- 3) 진화전략(evolution strategies)

이들 중에서 유전 알고리즘이 현재까지 가장 널리 알려진 진화알고리즘이다. 특히, 최근 유전 알고리즘은 여러 공학분야의 복잡한 최적화 문제에 성공적으로 적용되고 있으며, 유전 알고리즘이 가지는 최적화 방법으로서의 잠재적 능력으로 인하여 학계의 지속적인 관심을 얻고 있다.

따라서 본 해설에서는 우선 유전 알고리즘과 유전 알고리즘이 가지고 있는 기능을 간단하게 설명을 한 후, 하나의 수치적인 예제를 이용하여 유전 알고리즘의 전과정을 상세히 설명한다. 그리고 저자들이 그 동안 회전체의 진동저감에 유전

알고리즘을 적용한 회전체의 진동 최적설계<sup>(2, 6)</sup> 중 일부를 적용 예로 인용한다.

## 2. 유전 알고리즘

유전 알고리즘은 Fogel 등의 집단 automaton에 관한 연구에서 처음 시작되어 Holland 등에 의해 발전되었으며, 1989년 Goldberg<sup>(7)</sup>에 의해 일반적인 형태로 완성되었다. Darwin의 진화론에 근거한 자연선택(natural selection)과 자연유전학(natural genetics)<sup>(7, 9)</sup>에 기초한 통계적 탐색방법인 유전 알고리즘이 기존의 기술기정보에 기초한 탐색방법과 크게 다른 점은 그림 1에서와 같이 집단(population)이라고 불리는 n개의 해 후보 집합을 초기치로 병렬탐색을 시작한다는 것이다.

집단에서의 각 개체(individual)는 염색체(chromosome)라고 불리고, 일반적으로 염색체는 이진수의 스트링(string)으로 표현된다. 집단을 이루는 염색체들은 세대(generation)라고 불리는 계속되는 반복과정을 통해서 개선된다. 한 세대가 종료하면 각각의 염색체는 적응도(fitness)라는 값을 이용하여 평가를 받게된다. 집단유전학에서는 생물의 적응 정도를 계산하는 척도로서 평가함수의 적응도가 사용된다. 적응도는 생존률, 출생률 및 이들의 조합에 기인하는 번식의 성공도(reproductive success)로 정의할 수 있다.<sup>(7)</sup> 적응도는 염색체가 어느 정도 환경에 적응하고 있는지를 수치적으로 표현한 값이다. 즉, 적응도가 높다는 것은 환경에 잘 적응하는 우수한 염색체를 의미하고 해가 될 수 있는 확률이 높음을 암시한다. 이렇게 평가된 적응도를 가지고 다음 세대에 참여할 염색체를 선택과정을 통하여 선택하게 된다. 선택에 사용되는 방법은 roulette-wheel,

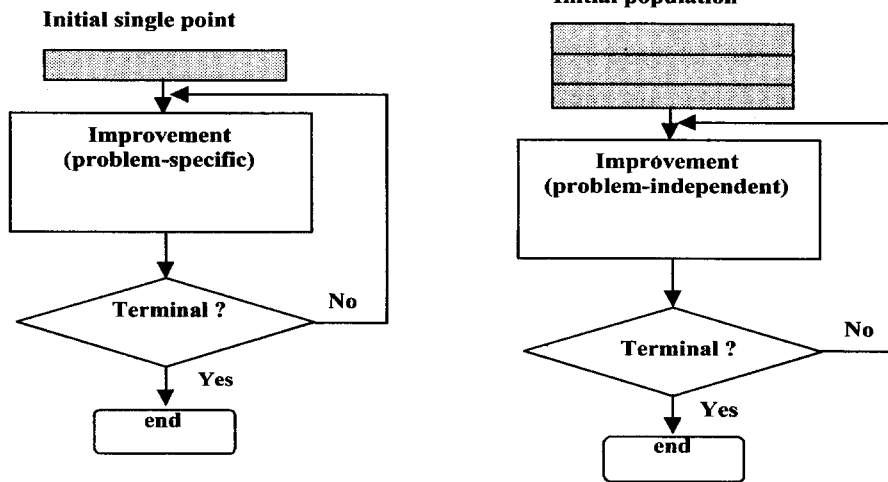


그림 1 기존 방법과 유전 알고리즘의 비교

tournament 그리고 elitist 선택 등의 여러 가지가 있으며, 이들 방법 모두가 가지는 공통점은 적응도가 높은 염색체가 다음 세대에 참여할 확률이 높다는 것이다.

선택과정이 종료하면 교차(crossover)와 돌연변이(mutation)를 이용하여 개체를 적응도가 높게 개선한다. 교차의 방법도 단순교차, 다점교차와 일정교차 등이 있다. 그림 2는 단순교차의 경우를 나타낸다. 선택된 2개의 부모염색체의 개체를 랜덤(random)하게 생성된 교차위치 후반부의 부분 비트(bit)열을 교체되도록 한다. 교차는 파라미터 각각에 대해서 조작되며, 이 교차과정을 각 세대마다 반복한다.

돌연변이는 각 개체에 대해서 임의로 설정된 돌연변이 확률에 따라 이진 개체의 임의의 비트를 0은 1, 1은 0으로 바꾸어 주는 역할을 한다. 교차와 동시에 이루어지는 돌연변이는 유전자를 일정한 확률로 변화시키는 조작으로, 랜덤 탐색적이고 집단의 유전자형의 다양성을 유지하여 가능한 넓은 해 공간을 탐색하도록 하며 초기수렴 즉, 국소적 최적해에 빠지는 것을 방지한다.

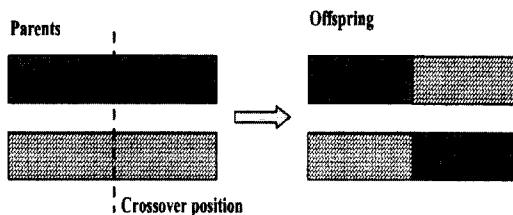


그림 2 단순교차

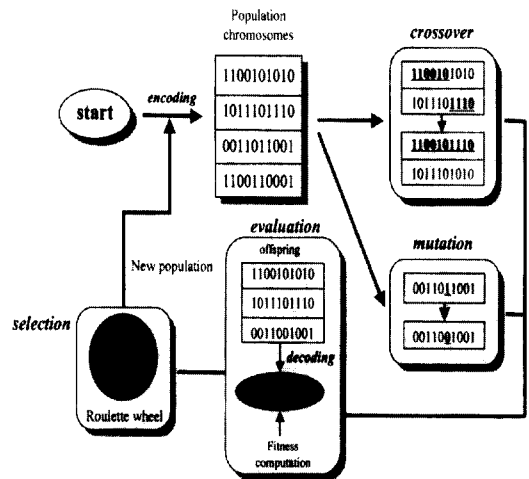


그림 3 유전 알고리즘의 흐름도

선택, 교차 및 돌연변이를 유전 알고리즘의 조작자(operator)라고 하며, 어떠한 선택방법과 교차방법, 교차확률, 돌연변이 확률을 사용하는 것은 해의 정도와 수렴시간에 관련되므로 목적함수에 따라 선택하여야 한다. 이상과 같은 과정을 세대수만큼 또는 정해진 오차범위를 만족하는 최적해를 얻을 때까지 반복한다. 그림 3은 유전 알고리즘의 일반적인 과정을 나타낸다.<sup>(1)</sup>

### 3. GA를 이용한 함수 최적화<sup>(1)</sup>

이 장에서는 앞에서 설명한 유전 알고리즘을 2 변수 함수의 최대값을 구하는 최적화 문제에 적용하여 유전 알고리즘의 전과정을 상세하게 알아

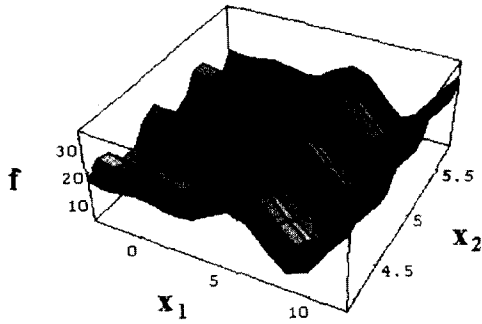


그림 4 목적함수

보기로 하자. 예로 최적화에 이용된 함수, 즉 목적함수는 식 (1)과 같고, 이를 3차원으로 나타내면 그림 4와 같다.

$$f(x_1, x_2) = 21.5 + x_1 \sin(4\pi x_1) + x_2 \sin(20\pi x_2) \rightarrow \max. \quad (1)$$

$$(-3.0 \leq x_1 \leq 12.1, 4.1 \leq x_2 \leq 5.8)$$

### 3.1 탐색체 스트링 길이

먼저 정해진 변수를 2진 스트링으로 코딩하는 것이 필요하다. 스트링의 길이는 요구되는 변수의 정밀도(유효숫자 개수)에 따라 결정된다. 예를 들면 변수  $x_j$ 의 변역은  $[a_j, b_j]$ 이고 요구되는 정밀도가 소수점 5째 자리라고 하면, 요구되는 정밀도는 각 변수의 변역 범위는 적어도  $(b_j - a_j) \times 10^5$  크기로 나누어져야 한다는 것을 의미한다. 변수에 요구되는 비트(즉  $m_j$ 와 함께 표시되는 부분)는 다음과 같이 계산된다.

$$2^{m_j-1} < (b_j - a_j) \times 10^5 \leq 2^{m_j}$$

변수  $x_j$ 에 대한 2진 스트링의 실수로의 변환은 다음 식과 같이 계산된다.

$$x_j = a_j + \text{decimal}(\text{substring}_j) \times \frac{b_j - a_j}{2^{m_j} - 1}$$

여기서 decimal(substring<sub>j</sub>)은 정해진 변수  $x_j$ 의 substring<sub>j</sub>의 십진수 값을 나타낸다. 정밀도는 소수점 다섯째 자리까지로 됨을 가정한다. 이상의 과정을 최적화 함수의 변수  $x_1$ 과  $x_2$ 에 적용하면, 변수에 요구되는 각 변수의 스트링 길이는 다음과 같이 계산된다.

$$(12.1 - (-3.0)) \times 10,000 = 151,000$$

$$2^{17} < 151,000 \leq 2^{18}, \quad m_1 = 18$$

$$(5.8 - 4.1) \times 10,000 = 17,000$$

$$2^{14} < 17,000 \leq 2^{15}, \quad m_2 = 15$$

$$m = m_1 + m_2 = 18 + 15 = 33$$

따라서 각 탐색체의 전체 길이는 다음과 같이 33비트가 된다.

$$v_j \begin{array}{l} \leftarrow \text{----- 33비트 -----} \rightarrow \\ 000001010100101001 \quad 101111011111110 \\ \leftarrow \text{--- 18비트 ---} \rightarrow \quad \leftarrow \text{--- 15비트 ---} \rightarrow \end{array}$$

이진수로 표시된 변수  $x_1, x_2$ 와 그에 대응하는 십진수는 다음과 같이 계산된다.

Binary Number	Decimal Number
$x_1$ 000001010100101001	5417
$x_2$ 101111011111110	24318

위에서 계산한 십진수를 이용하여 변수  $x_1, x_2$ 를 변역내의 실수로 변환을 하면 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$x_1 = -3.0 + 5417 \times \frac{12.1 - (-3.0)}{2^{18} - 1} = -2.68797$$

$$x_2 = 4.1 + 24318 \times \frac{5.8 - 4.1}{2^{15} - 1} = 5.36165$$

### 3.2 초기개체(Initial Population) 생성

탐색체의 개수(pop\_size)를 10개라고 하면, 초기개체는 랜덤하게 다음과 같이 생성된다.

- $v_1 = [000001010100101001101111011111110]$
- $v_2 = [001110101110011000000010101001000]$
- $v_3 = [111000111000001000010101001000110]$
- $v_4 = [10011011010010110100000010111001]$
- $v_5 = [000010111101100010001110001101000]$
- $v_6 = [111110101011011000000010110011001]$
- $v_7 = [110100010011111000100110011101101]$
- $v_8 = [001011010100001100010110011001100]$
- $v_9 = [111110001011101100011101000111101]$
- $v_{10} = [111101001110101010000010101101010]$

이 개체에 대응하는 각 변수의 변역내의 실수

값은 다음과 같이 구할 수가 있다.

$$\begin{aligned} v_1 &= [x_1, x_2] = [-2.68797, 5.36165] \\ v_2 &= [x_1, x_2] = [0.47410, 4.17014] \\ v_3 &= [x_1, x_2] = [10.41946, 4.66146] \\ v_4 &= [x_1, x_2] = [6.15995, 4.10960] \\ v_5 &= [x_1, x_2] = [-2.30129, 4.47728] \\ v_6 &= [x_1, x_2] = [11.78809, 4.17435] \\ v_7 &= [x_1, x_2] = [9.34207, 5.12170] \\ v_8 &= [x_1, x_2] = [-0.33026, 4.69498] \\ v_9 &= [x_1, x_2] = [11.67127, 4.87535] \\ v_{10} &= [x_1, x_2] = [11.44627, 4.17191] \end{aligned}$$

### 3.3 평가

염색체의 적응도 평가과정은 앞에서 구한 각 변수의 실수값을 목적함수 식 (1)에 대입하여 함수값을 구하는 과정이다. 즉, 평가함수(목적함수)는 환경의 역할을 하고, 염색체가 그 환경에 적응하는 정도를 함수값으로 표현하여 염색체의 적응도에 따라서 등급을 매기는 과정이다. 위의 염색체의 적응도 함수값은 다음과 같다.

$$\begin{aligned} eval(v_1) &= f(-2.68797, 5.36165) = 19.80512 \\ eval(v_2) &= f(0.47410, 4.17014) = 17.37090 \\ eval(v_3) &= f(10.41946, 4.66146) = 9.59054 \\ eval(v_4) &= f(6.15995, 4.10960) = 29.40612 \\ eval(v_5) &= f(-2.30129, 4.47728) = 15.68609 \\ eval(v_6) &= f(11.78809, 4.17435) = 11.90054 \\ eval(v_7) &= f(9.34207, 5.12170) = 17.95871 \\ eval(v_8) &= f(-0.33026, 4.69498) = 19.76319 \\ eval(v_9) &= f(11.67127, 4.87350) = 26.40167 \\ eval(v_{10}) &= f(11.44627, 4.17191) = 10.25248 \end{aligned}$$

$v_4$ 는 환경에 적응력이 가장 강한 염색체이고,  $v_3$ 은 가장 약한 염색체이라는 것은 함수값의 비교를 통해 쉽게 알 수 있다.

### 3.4 선택

본 해설에서는 개체를 선택하는 방법으로 Roulette wheel방법을 사용하여 설명한다. 이 방법은 적응도 비례 선택법으로 적응도에 기초한 확률분포를 이용하여 다음 세대의 생성에 참가할 개체를 선택한다. Roulette wheel은 다음과 같이

실행된다. 평가의 과정에서 구한 각 염색체  $v_k$ 에 대해 적응도 값  $eval(v_k)$ 을 이용하여 집단 전체의 적응도  $F$ 를 다음과 같이 계산한다.

$$F = \sum_{k=1}^{pop\ size} eval(v_k)$$

각 염색체  $v_k$ 에 대한 적응도를 전체 적응도로 나눔으로서 선택확률  $p_k$ 를 계산한다. 이를 이용하여 각 염색체  $v_k$ 에 대해 누적확률  $q_k$ 를 다음과 같이 계산한다.

$$\begin{aligned} p_k &= \frac{eval(v_k)}{F}, \quad k = 1, 2, \dots, pop\ size. \\ q_k &= \sum_{j=1}^k p_j, \quad k = 1, 2, \dots, pop\ size \end{aligned}$$

선택되는 10개의 염색체는 다음과 같은 방법으로 다음 세대의 집단에 참여한다.

- 1) [0, 1]사이의 랜덤 숫자  $r$ 을 개체수 만큼 발생시킨다.
- 2) 만약  $r \leq q_1$ 이면 처음 염색체  $v_1$ 을 선택한다. 그렇지 않다면  $q_{k-1} < r \leq q_k$ 의  $k$ 번째 염색체  $v_k$ 를 선택한다.

이상의 과정을 최적화 함수에 적용하면, 집단의 전체 적응도  $F$ 는

$$F = \sum_{k=1}^{10} eval(v_k) = 178.13537$$

각 염색체  $v_k (k = 1, \dots, 10)$ 에 대한 선택확률  $p_k$ 와 누적확률  $q_k$ 를 다음과 같이 구할 수 있다.

$$\begin{aligned} p_1 &= 0.11118, \quad p_2 = 0.09752, \quad p_3 = 0.05384 \\ p_4 &= 0.16508, \quad p_5 = 0.08806, \quad p_6 = 0.06681 \\ p_7 &= 0.10082, \quad p_8 = 0.11095, \quad p_9 = 0.14821 \\ p_{10} &= 0.05755, \quad q_1 = 0.11118, \quad q_2 = 0.20870, \\ q_3 &= 0.26253, \quad q_4 = 0.42761, \quad q_5 = 0.51567, \\ q_6 &= 0.58248, \quad q_7 = 0.68329, \quad q_8 = 0.79423, \\ q_9 &= 0.94245, \quad q_{10} = 1.00000 \end{aligned}$$

[0, 1]범위에서 발생된 10개의 랜덤한 값이 다음과 같다고 가정하자.

0.30143	0.32206	0.76650	0.88189	0.35087
0.58339	0.17762	0.3424	0.03269	0.19758

첫 랜덤수  $r_1 = 0.30143$  이  $q_3$  보다 크고,  $q_4$  보다 작으므로 염색체  $v_4$  가 선택되었다는 것을 의미한다. 두 번째 수  $r_2 = 0.32206$  는  $q_3$  보다 크고,  $q_4$  보다 작으므로 염색체  $v_4$  가 다시 다음 세대의 염색체로 선택되었다는 것을 의미한다. 이러한 선택과정을 개체수 만큼 수행하여 만들어진 다음 세대에 참여할 새로운 집단은 다음과 같이 구성된다.

- $v'_1 = [100110110100101101000000010111001] (v_4)$
- $v'_2 = [100110110100101101000000010111001] (v_4)$
- $v'_3 = [001011010100001100010110011001100] (v_8)$
- $v'_4 = [111110001011101100011101000111101](v_9)$
- $v'_5 = [100110110100101101000000010111001] (v_4)$
- $v'_6 = [110100010011111000100110011101101] (v_7)$
- $v'_7 = [001110101110011000000010101001000] (v_2)$
- $v'_8 = [100110110100101101000000010111001] (v_4)$
- $v'_9 = [00000101010010100110111101111110] (v_1)$
- $v'_{10} = [001110101110011000000010101001000] (v_2)$

여기서 초기세대의 환경에 적응력이 가장 강했던 염색체  $v_4$  가 4개나 선택되었으며 가장 약한 염색체  $v_3$  는 전혀 선택이 되지 않았음을 알 수 있다. 따라서 환경에 적응력이 좋은, 즉 적응도가 높은 염색체는 다음 세대에 참여할 확률이 높음을 알 수 있다.

### 3.5 교차

여기서 사용된 교차는 1점 단순교차 방법이다. 즉 랜덤하게 한 점을 선택하고 두 부모의 오른쪽에 있는 부분을 교환하고 자식을 생성한다. 선택된 두 염색체를 다음과 같이 가정하고, 교차지점이 랜덤하게 화살표로 표시한 17번째 유전자 뒤가 선택되었다고 하면

$$\begin{matrix} \downarrow \\ v_1 = [100110110100101101000000010111001] \\ v_2 = [001011010100001100010110011001100] \end{matrix}$$

부모의 오른쪽 부분의 교환에 의해 자식은 다음과 같이 된다.

$$\begin{matrix} v'_1 = [100110110100101100010110011001100] \\ v'_2 = [001011010100001101000000010111001] \end{matrix}$$

본 예제에서는 교차확률을  $p_c = 0.25$  로 정하

였고, 따라서 염색체의 평균 25%가 교차에 참여함을 의미한다. 교차는 다음과 같은 방법으로 행해진다. 즉, 개체수 만큼 다음과 같이 난수를 발생시킨다.

$$\begin{matrix} 0.62572 & 0.26682 & 0.28864 & 0.29511 & 0.16327 \\ 0.56746 & 0.08594 & 0.39287 & 0.77071 & 0.54866 \end{matrix}$$

교차확률이 0.25이므로 0.25보다 작은 염색체, 즉 염색체  $v'_5, v'_7$  가 교차에 선택되었다는 것을 의미한다. 염색체의 총 길이가 33이기 때문에 교차점의 위치인 랜덤 정수를 [1, 32]에서 발생시켰다. 발생된 수가 1이라고 가정하면, 두 염색체는 첫 비트 이후가 교환되었고, 자손(offspring)은 다음과 같이 부모의 오른쪽 부분을 교환하는 것에 의해서 생성된다.

$$\begin{matrix} v'_5 = [100110110100101101000000010111001] \\ v'_7 = [0011101011100110000000010101001000] \\ \\ v'_5 = [1011101011100110000000010101001000] \\ v'_7 = [000110110100101101000000010111001] \end{matrix}$$

### 3.6 돌연변이

돌연변이는 각 염색체의 1개 또는 보다 많은 유전자를 돌연변이 확률에 따라서 변화시킨다. 염색체  $v_1$  '의 18번째 유전자가 돌연변이로 선택되었다고 가정하자. 유전자는 1이기 때문에 0으로 바뀌어야 한다. 따라서 돌연변이 후의 염색체는 다음과 같다.

$$\begin{matrix} v_1 = [10011011010010110101000000010111001] \\ \downarrow \\ v'_1 = [10011011010010110001000000010111001] \end{matrix}$$

본 예제에서는 돌연변이 확률을  $p_m = 0.01$  이라고 가정하였다. 즉, 평균 집단의 전 비트의 1%가 돌연변이가 되는 것을 의미한다. 전체 집단에  $m \times pop\_size = 330$  비트가 존재한다. 따라서 세대마다 3.3개의 돌연변이를 기대할 수 있다. 전 집단의 모든 비트는 동일하게 돌연변이 될 기회를 가진다. 따라서 [0, 1]의 범위에서 난수  $r_k (k = 1, \dots, 330)$  를 발생시킬 필요가 있다. 교차과정에서와 같은 방법으로 생성한 330개의 난수 중에서 돌연변이 확률 0.01이하의 값을 가지는 경우의 비트가 돌연변이 유전자가 된다. 표 1은 선택된 돌연변이 유전자를 나타낸다.

표 1 돌연변이 유전자

Bit position	Chromosome No.	Bit No.	Random No.
105	4	6	0.00986
164	5	32	0.00311
199	7	1	0.00095
329	10	32	0.00128

선택된 유전자들을 돌연변이 후 다음과 같은 최종집단을 얻을 수 있다.

- $v'_1 = [100110110100101101000000010111001]$
- $v'_2 = [100110110100101101000000010111001]$
- $v'_3 = [001011010100001100010110011001100]$
- $v'_4 = [111111001011101100011101000111101]$
- $v'_5 = [101110101110011000000010101001010]$
- $v'_6 = [110100010011111000100110011101101]$
- $v'_7 = [100110110100101101000000010111001]$
- $v'_8 = [100110110100101101000000010111001]$
- $v'_9 = [00000101010010100110111101111110]$
- $v'_{10} = [001110101110011000000010101001010]$

최종집단의 변수  $[x_1, x_2]$ 의 십진수 값과 적응도는 다음과 같이 구해진다.

- $f(6.15995, 4.10960) = 29.40612$
- $f(6.15995, 4.10960) = 29.40612$
- $f(-0.33026, 4.69498) = 19.76319$
- $f(11.90703, 4.87350) = 5.70278$
- $f(8.02413, 4.17025) = 19.91025$
- $f(9.34207, 5.12170) = 17.95872$
- $f(6.15995, 4.10960) = 29.40612$
- $f(6.15995, 4.10960) = 29.40612$
- $f(-2.68707, 5.36165) = 19.80512$
- $f(0.47410, 4.17025) = 17.37090$

이것이 유전 알고리즘에서 한 세대의 과정이다. 초기세대에서 최대 적응도를 가진  $v_4 (= 29.40612)$ 의 개체가 4개로 늘어나서 개체의 적응도가 개선되었음을 알 수 있다. 2세대부터는 선택의 과정으로 돌아가서 교배와 돌연변이를 반복하는 알고리즘이다. 본 예제에서 총 세대수인 1000세대 후에 다음과 같은 최적의 염색체를 얻을 수가 있었다.

$$v^* = (111110000000111000111101001010110)$$

$$eval(v^*) = f(11.63141, 5.72482) = 38.81821$$

$$x^{*1} = 11.63141$$

$$x^{*2} = 5.72482$$

$$f(x^{*1}, x^{*2}) = 38.81821$$

#### 4. 회전체에서의 적용예<sup>(2,3)</sup>

본 장에서는 회전기계의 진동특성에 중요한 영향을 미치는 베어링과 비접촉 시일요소의 동적 유체력 특성을 설계변수로 한 펌프축계의 최적설계에 이상과 같이 설명한 유전 알고리즘을 적용한 예를 설명한다. 유전 알고리즘을 다단 보일러 급수펌프의 운전속도에서의 안정성의 극대화 및 공진회피설계가 될 수 있도록 베어링과 시일의 직경과 길이를 최적화 하였다. 그림 5는 원자력이나 화력발전플랜트에서 사용되는 보일러 급수펌프(BFP)의 구조도이며, 표 2에 펌프의 주요사양을, 유전 알고리즘에 사용한 파라미터를 표 3에 나타내었다.

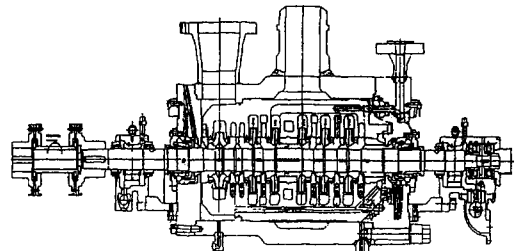


그림 5 보일러 급수펌프(BFP)의 개략도

표 2 보일러 급수 펌프 사양

축 길이 : 2706 mm	임펠러 수 : 6
비중량( $\gamma$ ) : 0.8857×10 <sup>-3</sup>	실(seal) 수 : 9
로터 무게 : 491.2 kg	
압력면형 저널베어링	임펠러 직경 : 29.69 cm (1단) 36.25 cm (2~6단)
윤활유 점도 : #90 45° C (VG#32)	양정 : 396.3m(1단), 590.7m(2~6단)
운전속도 : 5820 rpm	유량 : 0.15m <sup>3</sup> /s(1단), 0.299m <sup>3</sup> /s(2~6단)

표 3 유전 알고리즘 파라미터

Population size	Chromosome length	Crossover probability	Mutation probability	Generation
35	60	75%	Step	300

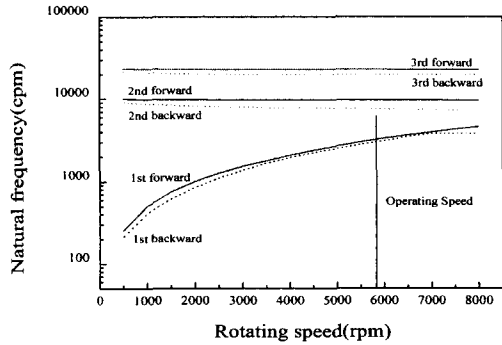


그림 6 Campbell 선도

4.1 목적함수

그림 6은 보일러 급수펌프의 회전속도의 변화에 따른 고유진동수의 변화를 나타내는 Campbell 선도이다. 이 펌프는 정격 운전속도는 5820 rpm으로 1차 고유진동수( $\omega_1$ ) 3275 cpm과 2차 고유진동수( $\omega_2$ ) 9613 cpm 사이에서 운전되고 있다. 따라서 계의 1차 고유진동수는 보다 낮은 영역으로 그리고 2차 고유진동수는 보다 높은 영역으로 이동하여 펌프의 운전가능영역을 넓게 하도록, 즉 공진분리여유(resonance separation margin)를 크게 하여 계의 안전성을 높이도록 다음 식과 같이 목적함수를 구성하였다.

$$f = w_1(4000 - 1.22 \omega_1)^2 + w_2(\omega_2 - 9760)^2 \rightarrow \min.$$

목적함수는 1차 고유진동수가 운전영역의 최저속도 4000 rpm보다 적어도 1.22배 이하로 낮고, 2차 고유진동수가 운전영역의 최고속도 9760 rpm보다 높아야 함을 나타낸다. 여기서  $w_1$ 과  $w_2$ 는 가중치이며, 0과 1사이의 값을 가진다.

4.2 설계변수와 구속조건

설계변수는 각각 펌프 좌우측의 지지 베어링, 3단 임펠러와 6단 임펠러 사이의 center bush 그리고 4단 임펠러측의 balance bush에 대한 길이와 반경름새로 하였고, 각 설계변수의 구속조건은 실제 설계변경이 가능한 범위내에서 아래와 같이 결정하였다.

- 0.075 mm <  $C_{bearing}$  < 0.085 mm
- 80 mm <  $l_{bearing}$  < 90.5 mm
- 0.15 mm <  $C_{center\ bush}$  < 0.45 mm
- 200 mm <  $l_{center\ bush}$  < 300 mm
- 0.15 mm <  $C_{balance\ bush}$  < 0.45 mm
- 300 mm <  $l_{balance\ bush}$  < 400 mm

4.3 최적화 결과

표 3은 최적화 결과를 나타낸 것으로 초기모델과 최적설계된 모델의 설계변수와 1차 및 2차 위험속도를 나타낸다. 최적설계 결과, 초기모델보다 1차 위험속도는 약 80 rpm이 낮아졌고, 2차 위험속도는 약 120 rpm 증가하여 펌프의 변동운전이 가능한 영역이 약 200 rpm 증가하여 보다 폭넓은 변동운전이 가능하며, 운전중 공진영역에 들어갈 가능성이 적어지게 되어 회전체가 더욱 안전하게 되었음을 알 수 있다.

표 4 최적화결과

Items		Original model	Optimum model
Critical speed	1st ( $\omega_1$ ) (rpm)	3275.61	3193.48
	2nd ( $\omega_2$ ) (rpm)	9631.00	9751.24
Bearing	Clearance (mm)	0.078	0.075
	Length (mm)	90.0	90.212
Center bush	Clearance (mm)	0.275	0.431
	Length (mm)	261.06	227.374
Balance bush	Clearance (mm)	0.275	0.343
	Length (mm)	370.29	368.389

5. 결 론

본 해설에서는 최근 컴퓨터의 발전과 함께 연구가 활발하게 진행되고 있는 인공지능(artificial intelligence) 알고리즘의 하나인 유전 알고리즘과 유전 알고리즘이 가지고 있는 기능과 장점을 간단하게 설명하였다. 그리고 유전 알고리즘을 처음 접하는 분들의 이해를 돕기 위하여 하나의 간단한 수치적인 예제를 통하여 유전 알고리즘이 가지는 선택, 교차 및 돌연변이 조작자의 과정과 이를 이용한 해의 개선과정을 상세히 설명하였다. 또한 유체회전기계의 진동특성에 중요한 영향을 미치는 베어링과 비접촉 시일부의 동적 유체력 특성을 고려하여 펌프축계의 동적 최적설계에 유전 알고리즘을 적용한 예를 설명하였다.

현재 유전 알고리즘은 유전 알고리즘이 가지는 단점을 보완하기 위하여 여러 가지 개선된 유전 알고리즘, 예를 들어 sharing GA, parallel GA, Niche method<sup>(10)</sup> 등이 제안되고 있고, 또한 유

전 알고리즘을 다른 알고리즘, 즉 Tabu 탐색법, 면역알고리즘<sup>(11)</sup>, 신경망(neural network)등과의 연계를 통한 새로운 조합알고리즘<sup>(6)</sup>의 개발이 활발히 진행되고 있으며 이를 공학의 여러 분야에 적용하려는 시도가 이루어지고 있다.

### 참 고 문 헌

- (1) Kinnear, K. E., Jr, 1994, Advances in Genetic Programming, The MIT Press, Massachusetts, USA.
- (2) Choi, B. G., Yang, B. S., and Kim, W. C., 1997, "Vibration Optimum Design of Pump Rotors Using Genetic Algorithm," in Proceedings of the Fifth Asian International Conference on Fluid Machinery, Seoul, Korea, October 6-8, Vol. 1, pp. 85~92.
- (3) 최병근, 양보석, 1997, "유전 알고리즘을 이용한 회전체 최적설계," 한국소음진동공학회지, Vol. 7, No. 4, pp. 645~653.
- (4) Choi, B. G. and Yang, B. S., 1998, "Optimum Shape Design of Rotor Shafts Using Genetic Algorithm", in Proceedings of the 7th International Symposium on Transport Phenomena and Dynamics of Rotating Machinery, Hawaii, USA, February 22~26, pp. 687~696.
- (5) Choi, B. G. and Yang, B. S., 2000, "Optimum Shape Design of Rotor Shafts Using Genetic Algorithm," Journal of Vibration and Control(계재예정)
- (6) Choi, B. G. and Yang, B. S., 2000, "Multi-Objective Optimization of Rotor-Bearing System with Dynamic Constraints Using IGA Algorithm," Trans. ASME Journal of Engineering for Gas Turbines and Power (계재예정).
- (7) Goldberg, D. E., 1989, Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning, Addison Wesley, New York, USA.
- (8) Mitsuo, G. and Runwei, C., 1997, Genetic Algorithms and Engineering Design, John Wiley, New York, USA.
- (9) Davis, L. ed., 1991, Handbook of Genetic Algorithms, Van Nostrand Reinhold, New York, USA.
- (10) Shima, T., 1995, "Global Optimization by a Niche Method for Genetic Algorithm," Journal of Systems, Control and Information, Vol. 8, No. 5, pp. 233~235.
- (11) Mori, K., Tsukiyama, M., and Fukuda, T., 1996, "Multi-Optimization by Immune Algorithm with Diversity and Learning," in Proceedings of ICMAS 96, pp. 118~123.

### 국제학술대회 안내

#### 8th International Congress on Sound and Vibration

**일시** : 2001년 7월 2일 ~ 6일

**장소** : 홍콩, The Hong Kong Polytechnic University  
Hung Him, Kowloon, Hong Kong

**후원** : International Institute of Acoustics and Vibration(IIAV) Department of Mechanics Engineering, Hong Kong Polytechnic University

**의장** : General Congress : Dr. Ronald So  
Scientific Committee : Dr. Malcom Crocker

**문의** : ICSV8 Secretariat(c/o Dr. K. M. Li) mmicsv8@polyu.edu.hk

**Web** : <http://www.iiav.org>  
(Congresses → Hong Kong)