

다봉성 함수의 최적화를 위한 향상된 유전알고리즘의 제안

An Enhanced Genetic Algorithm for Optimization of Multimodal Function

김영찬 · 양보석*

Young-chan Kim and Bo-suk Yang

부경대학교 대학원 음향진동공학과

* 부경대학교 기계공학부

요 약

본 연구에서의 다봉성 함수의 최적화를 위한 향상된 유전알고리즘을 제안하였다. 이 방법은 2개의 주요 단계로 구성된다. 첫째 단계는 유전알고리즘과 함수인정기준을 이용한 전역탐색단계이다. 초기해 집단에 대한 개체군의 소속도를 함수인정기준에 따라 결정한다. 둘째 단계는 개체군과 탐색최적해 사이의 유사도를 결정하고, 재구성된 탐색공간에서 단일점 탐색법에 의해 최적해를 탐색한다. 4개의 시험함수를 이용한 수치 예에 대해 종래의 방법과의 비교를 통하여 제안된 알고리즘이 모든 진역최적해 뿐만 아니라 국부최적해도 탐색이 가능함을 확인하였다.

Abstract

The optimization method based on an enhanced genetic algorithms is for multimodal function optimization in this paper. This method is consisted of two main steps. The first step is a global search step using the genetic algorithm(GA) and function assurance criterion(FAC). The belonging of an population to initial solution group is decided according to the FAC. The second step is to decide the similarity between individuals, and to research the optimum solutions by single point method in reconstructive search space. Four numerical examples are also presented in this paper to comparing with conventional methods.

Key Words : genetic algorithm(유전알고리즘), optimal design(최적설계)

1. 서 론

최근 각종 산업분야에서 시스템의 고효율과 저비용 차원에서 시스템의 최적화가 매우 중요한 문제로 되고 있다. 이것은 시스템에 포함된 각종 성능 및 형상파라미터(parameter)등을 변수로 하는 다변수 함수의 최적설계로 해석할 수 있다. 또한 실제 설계 시 제작의 어려움, 제작비용적인 측면을 고려하여 수치적인 최적해를 탐색하지 못하는 경우, 비록 수치적으로는 진역최적해에 근접한 국부최적해인지라도 차선책으로 이를 제시함으로 설계자의 선택의 폭을 넓일 필요성이 요구되고 있다.

이런 시스템의 최적해를 구하는 경우, 기존의 최적화기법은 많은 계산시간과 기물기정보를 필요로 하게 된다. 또한 국소최적해에 수렴할 가능성이 있기 때문에 전역최적해를 찾는다는 것은 매우 어렵다. 이러한 단점을 보완하기 위해 최근 생물의 진화원리(선택도태, 돌연변이, 교차)에 착상을 얻은 학습알고리즘으로 유전학과 자연도태의 개념을 근거로 한 확률적 탐색방법의 하나인 유전알고리즘(Genetic Algorithms : GA)[1~3]이 제안되어 공학분야에 폭 넓게 적용되

어왔다.

최근에는 유전알고리즘과 조합된 방법을 이용하여 다봉성 함수(multimodal function)에 대한 해의 탐색이 가능하고 국부적 집중탐색에 의한 해의 정도를 높일 수 있는 새로운 조합유전알고리즘[4]이 제안되고 있다.

그러나 이들 탐색기법은 다봉성함수의 전역최적해를 탐색하지 못하거나 탐색하는데 많은 시간이 필요하며, 모든 전역최적해들의 정보 또한 낮고 일정하지 못하다. 그리고 설계조건에 따라서 전역최적해를 적용할 수 없는 경우, 설계자는 차선의 다른 최적해를 필요로하게 되는데, 이와 같이 국부최적해가 필요한 경우에 기존 조합 알고리즘은 이를 제공하지 못한다는 단점을 갖고 있다.

본 논문은 다봉성 함수의 최적해를 정도 높게 탐색하며 계산시간을 줄일 수 있고, 필요에 따라서 전역최적해 뿐만 아니라 국부최적해도 탐색이 가능한 성능이 향상된 유전알고리즘(EGA)을 제시한다. 그리고 제안된 알고리즘의 유효성을 검증하기 위해, 4종류의 시험함수를 이용하여 해의 정도와 계산시간을 기존 알고리즘과 비교, 검토한다.

2. 제안된 유전알고리즘

본 알고리즘의 흐름도를 Fig. 1에 나타내었다. 이 유전알고리즘은 크게 2단계로 구성된다. 1단계는 수렴성을 평가하

접수일자 : 2000년 6월 13일
완료일자 : 2001년 7월 25일

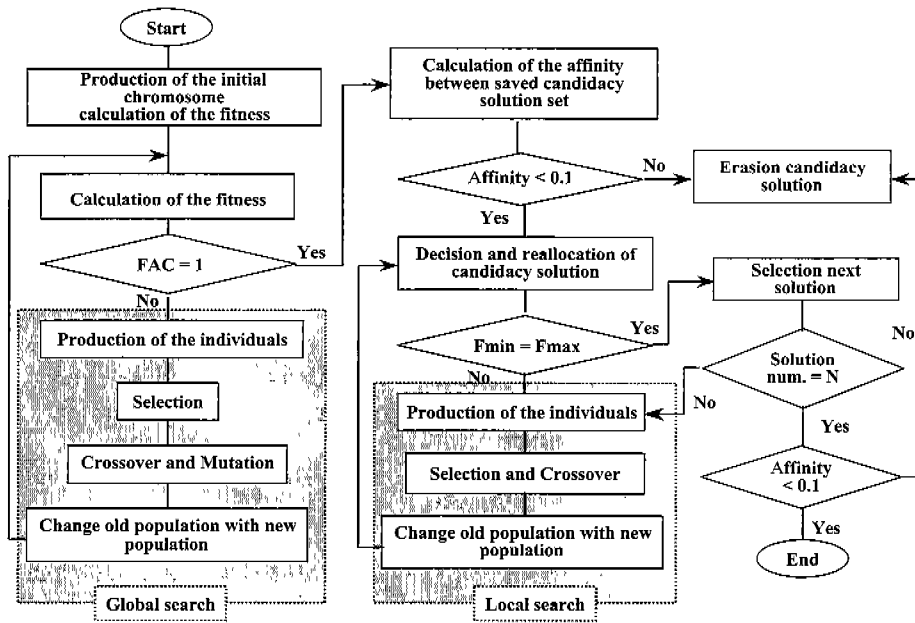


그림 1. 제안된 알고리즘의 흐름도
Fig. 1. Flowchart of proposed algorithm

는 함수를 알고리즘에 적용하여 전역적인 후보해를 선정한다. 2단계에서는 탐색된 해의 유사도를 평가하여 탐색집단의 후보해 집단수를 줄이고 재설정된 해공간에서 국부적인 집중 탐색을 수행하여 해의 정도를 향상시키며 탐색시간을 줄이는 과정으로 이루어져 있다.

2.1 전역탐색

2.1.1 초기개체의 생성

초기개체의 생성에서는 전역탐색(Global Search : GS)의 효율을 높이기 위하여 유전자 균일 분포법[6]을 적용하였다. 돌연변이율은 식 (1)과 같이 세대가 증가할수록 지수적으로 감소하는 함수를 설정하였다.

$$M_i = 0.99 \times e^{-4 \times g_i / G} \quad (1)$$

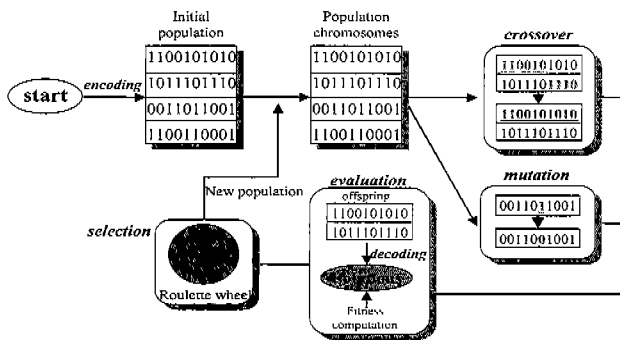


그림 2. 초기 전역탐색의 흐름도
Fig. 2 Flowchart of initial global search

이것에서 g_i 는 i 번째 세대수이며, G 는 총 세대수이다. 이렇게 함으로써 초기 전역탐색과정에서 보다 광범위하게 자손을 생성할 수 있기 때문에 다수의 최적해 후보집단을 구성할 수 있다. 또한 탐색초기에 높은 돌연변이율을 적용하는 경우에

현세대에서 탐색된 최적해를 잃어버릴 가능성이 있기 때문에 현세대에서 높은 적응도를 보이는 일정비율의 개체를 다음 세대까지 보존하는 수정된 엘리트보존전략을 적용하였다. 이 값은 설계자에 의해 결정되는 최적해의 수에 의해 결정된다.

Fig. 2는 초기 전역탐색에 적용된 흐름도이다. 흐름도에서 나타낸 것과 같이 교배전략은 1점 교배전략을 적용하였으며, 후보해 선택 수에 의한 일정비율의 엘리트 보존전략을 적용하여 우수한 개체를 더욱 높은 확률로 다음 세대의 재생(reproduction)에 참여하도록 구성하였다.

2.1.2 전역후보해의 선택

초기 후보해의 집단수(N)의 선택은 알고자하는 해의 수를 고려하여 선택하며, 초기 전역해의 수렴성은 식 (2)의 함수인 정기준(function assurance criterion : FAC)[5]에 의해 평가된다.

$$FAC = \frac{|f'_i - f'_i|}{(f'_i - f'_{i-1})(f'_i f'_i)} \quad (2)$$

여기서 i 는 세대수를 나타내며, f 는 집단의 함수값, f' 는 f 의 전치를 나타낸다. 식(2)에서 구해지는 값은 이론적으로 0과 1 사이의 값을 가진다. 이 값 역시 설계자에 의해 결정되는 함수로 탐색된 최적해의 정도가 고려된다. FAC 의 값은 설계자가 임의로 설정하는 값으로 1인 경우가 완전히 수렴된 상태이다. 따라서 최고 적응도 값을 갖는 후보해 집단, 즉 전역최적해를 탐색하는 경우에는 FAC 값을 1로 설정하며, 국부최적해를 탐색하는 경우는 알고자 하는 함수의 최고 적응도와 최소적응도 값의 비로서 주어진다.

2.2 국부집중탐색

이 단계에서는 2.1절에서 함수인정기준에 의해 구성된 후보해집단들의 유사도를 평가하고 재구성된 후보해집단들 각각에 대해 재설정된 해공간내에서 국부집중탐색(Local Search : LS)을 통하여 보다 정도 높은 최적해를 탐색한다.

2.2.1 후보해 집단의 유사도 평가

2.1절에 의해 동일 최적해의 유사영역에 속한 해들이 얻어진다. 이들 해의 집단간의 유사성을 계산하고 유사집단 중 가장 적응도가 우수한 집단만을 선택하고 나머지는 제거함으로써 전체 탐색회수와 시간을 감소시킨다. 전역탐색에 의해 선택된 초기 후보해들에 대한 집단 상호간의 유사도 평가함수(affinity evaluation function : AEF)는 다음 식(3)과 같다.

$$AEF_{i,j} = \left| \frac{\sum_{i=1}^{N-1} \sum_{j=i+1}^N (x_i - x_j)}{\text{Norm}(x)} \right| \quad (3)$$

$$ac_{i,j} = \begin{cases} 1: AEF_{i,j} \geq T_a \text{ or } i \geq j \\ 0: \text{other wise} \end{cases} \quad (4)$$

여기서 x 는 구성된 전체 후보해 집단을 나타내며, 아래첨자 i 와 j 는 비교집단과 비교 대상집단의 위치를 나타낸다. T_a 는 0 또는 1로 이루어지며 유사도의 한계치를 나타내고, $ac_{i,j}$ 는 후보해의 유사도의 나타내는 인자이다. 행렬의 크기는 초기에 주어지는 전체 후보해 집단의 수에 의해 정의되는 정방행렬이다. AEF는 후보해 집단간의 유사도 평가함수로 0인 경우가 완전히 일치하는 경우이다. 본 연구에서는 유사도 한계치 T_a 를 0.1로 설정하였다. N 은 초기 전체 후보해 집단의 수를 나타내며, 후보해 집단의 수는 찾고자 하는 모든 최적해를 탐색하기 위하여 충분히 크게 설정해야만 하며, 제안된 식은 다음과 같다.

$$N = \frac{N_i \times 3}{FAC} + \frac{1 - FAC}{0.1 \times FAC} \quad (5)$$

식 (5)에서 N_i 는 설계자에 의해 결정되는 최적해의 수를 의미한다.

2.2.2 국부집중탐색

2.2.1절에 의해 평가되어진 후보해 집단은 식(6)에 의해 다음과 같은 후보해 인정벡터에 의해 재탐색에 적용될 후보해 집단을 선택한다.

$$at_i = \sum_{j=1}^N \left\{ \sum_{j=1}^N ac_{i,j} / N \right\} \quad (6)$$

$$X_k = \begin{cases} x_i : at_i = 1 \\ 0 : \text{other wise} \end{cases} \quad k \leq i \quad (7)$$

여기서 at_i 는 i 번째 집단의 인정벡터로 0에서 1사이 값을 갖고, 1인 경우에 새로운 후보해 집단 X_k 에 선정된다. 이와 같은 과정에 의해 재구성된 후보해 집단 X 는 각 후보해 집단별로 재설정된 탐색영역에서 국부적 집중탐색을 수행한다. 국부집중탐색에서는 새롭게 주어진 해공간내에서는 오직 하나의 최적해만이 존재한다는 것을 전제로 하기 때문에 높은 돌연변이율은 오히려 탐색시간을 불필요하게 소비하는 역할을 하고, 각 해에 대하여 탐색공간의 재설정에는 각 후보집단들에 대하여 각각 설정되며 둘 이상의 후보집단이 포함되지 않는 영역범위를 설정해야만 한다. 따라서 본 논문에서는 돌연변이율은 0%를 설정하였으며, 탐색영역은 각 후보집단들에 대하여 최소 유클리드거리(Euclidean distance)를 구하였다.

$$A = \frac{|X_i - X_j|_{\min}}{0.5} \times \alpha \quad (8)$$

식 (8)은 각 후보집단들의 재설정 영역의 범위를 결정하는 식으로 X 는 각각의 후보해집단, α 는 안전율을 의미한다.

이상에서 정의된 향상된 유전알고리즘 파라미터값 이외의

일반적인 유전알고리즘의 함수값들은 참고문헌 [1]과 [3]에서 적용된 값으로 하며, Table 1에 이 값을 나타내었다.

표 1. IGA와 EGA의 파라미터 설정
Table 1. Parameter setting for IGA and EGA

	IGA	EGA
No. of population	35	36
Length of chromosome	20	20
Crossover probability	1.0	1.0
Mutation probability	0.2	GS : exponential LS : 0
Maximum generation	10,000	1,000

여기서 IGA는 참고문헌 [7]에 의한 다중군 탐색이론인 면역유전알고리즘을 나타내며, EGA는 본 논문에서 제시한 향상된 유전알고리즘을 의미한다.

3. 수치계산 예

3.1 다봉성 함수

본 예제에서는 4개의 전역최적해만을 탐색하므로, FAC는 1로, N_i 는 4로 설정하였다.

$$f(x, y) = \begin{pmatrix} \cos 2\pi x + \cos 2.5\pi y - 2.1 \\ 2.1 - \cos 3\pi y - \cos 3.5\pi y \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} -1 \leq x, y \leq 1 \end{pmatrix} \quad (9)$$

식 (9)는 Fig. 3과 같이 주어진 해공간내에서 동일한 함수 값을 갖는 4개의 전역최적해(16.091720)와 4개의 국부최적해(14.333085)가 존재하는 함수를 나타낸다.

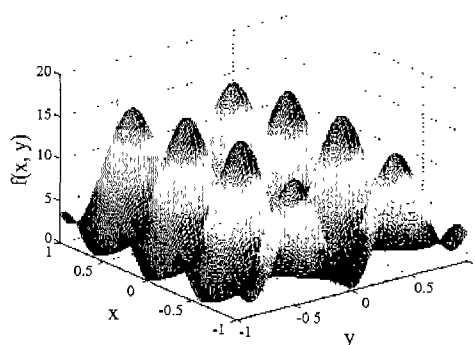


그림 3. 시행 목적함수
Fig. 3. Trial objective function

표 2. 유사도 평가함수 값
Table 2. Values of affinity evaluation function

Initial solution		1st row		2nd row		3rd row		7th row		Selected solution	
x	y	AEF	ac	AEF	ac	AEF	ac	AEF	ac	x	y
-0.4370	0.3040	0	1	0	1	0	1	0	1	-0.4370	0.3040
0.4370	-0.3021	0.7715	1	0	1	0	1	0	1	0.4370	-0.3021
-0.1370	-0.3040	0.4406	1	0.6333	1	0	1	0	1	-0.4370	-0.3040
-0.4409	0.3040	0.0028	0	0.7738	1	0.4406	1	0	1	0	0
-0.4370	0.3079	0.0028	0	0.7731	1	0.4454	1	0	1	0	0
-0.4350	-0.3060	0.4420	1	0.6319	1	0.0020	0	0	1	0	0
-0.4330	-0.3040	0.4406	1	0.6319	1	0.0014	0	0	1	0	0
0.4350	0.3040	0.6319	1	0.4406	1	0.7703	1	0.7692	1	0.4350	0.3040
-0.4350	-0.3040	0.4406	1	0.6319	1	0.0014	0	0	0	0	0
0.4350	-0.3079	0.7720	1	0.0032	0	0.6319	1	0.6305	1	0	0

Table 2는 초기 후보해집단에서 집단간의 유사도 평가함수(AEF) 값을 나타낸다. 전체 후보집단 중에서 실제 국부집중탐색에 선정되는 집단이 위치한 행(1행, 2행, 3행, 7행)만을 표시하였다.

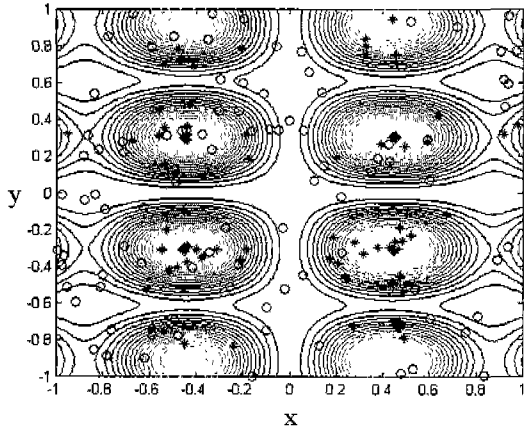


그림 4. 전체 개체군의 분포
Fig. 4. Distribution of total population

Fig. 4는 주어진 해공간내에서 초기세대의 개체분포(o)와 함수인정기준에 의한 초기 전역수렴된 후(14세대 후)의 개체분포(*)를 나타낸다. 전역수렴후의 각 개체들은 4개의 전역 최적해에 집중적으로 개체들이 분포하며, 초기 후보해의 수를 고려한다면, 모든 전역최적해에 대한 초기탐색이 이루어지고 있음을 알 수 있다.

표 3. 최적결과의 비교

Table 3. Comparison of optimization results

	Optimum value	No. of generation	Computation time (s)
SGA	16.091716	2,036	39.06
IGA	16.091713	10,000	342.31
	16.091713		
	16.091051		
	16.091051		
EGA	16.091720	365	131.28
	16.091720		
	16.091720		
	16.091720		

Table 3은 기존의 유전알고리즘(SGA) 및 면역유전알고리즘(IGA)과 제안된 유전알고리즘(EGA)의 계산결과 및 이때 진행된 세대수와 계산시간을 나타낸다. 각 알고리즘의 수렴평가는 여러 가지 이론이 있지만, 본 논문에서는 일정비율의 개체 내에서 최고적응도와 최소적응도의 편차를 동일한 값으로 설정하여 최적해의 탐색을 수행하였다. 단순 유전알고리즘(SGA)은 탐색시간이 다른 방법에 비해 빠르나 알고리즘 자체의 제한으로 인해 주어진 해공간내에 존재하는 전역최적해 모두(총 4개)를 탐색하지 못하고 하나만을 탐색하였다.

향상된 유전알고리즘(EGA)은 면역유전알고리즘(IGA)에 비해서 한 세대간의 계산시간은 많이 소요되지만, 탐색에 소요된 전체 세대수가 현저히 작기 때문에 전체 계산시간은 상

대적으로 작으며, 탐색된 해의 정도도 실제 해 공간에 존재하는 전역최적해(16.091720)에 더욱 접근하였다.

3.2 서로 다른 최적값을 갖는 함수

$$f(x, y) = \frac{e^{-2\log(2)((x-0.2)/0.8)^2} \times \cos(1.5\pi x)^6 + e^{-2\log(2)((y-0.2)/0.8)^2} \times \cos(1.5\pi y)^6}{(-0.4 \leq x, y \leq 1)} \quad (10)$$

식(10)은 Fig. 5와 같이 주어진 해공간내에서의 함수값을 나타낸다. 이 함수는 2변수 문제로, 주어진 해공간내에 4개의 서로 다른 최적해 (1.954342, 1.807849, 1.705973, 1.559480)를 갖는 함수이다.

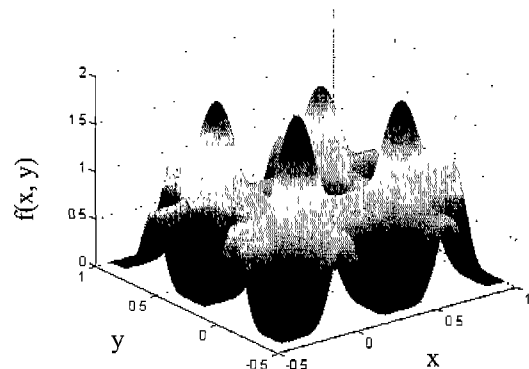


그림 5. 시행 목적함수
Fig. 5. Trial objective function

이 함수에서와 같이 주어진 해공간내에 함수 값이 서로 다른 4개의 최적해를 탐색하는 경우, F_{max} 와 F_{min} 값의 비를 고려하여 전역수렴기준인 함수인정기준(FAC)을 선택하게 되는데, 이는 설계시 최적해로 간주할 수 있는 해의 정도를 설계자가 선택하는 과정으로, 주어진 함수에서는 함수인정기준의 값을 0.8로 설정하였다. 그리고 초기 후보해집단의 수(N)는 함수인정기준 값과 식(5)를 고려하면 18로 설정된다. Table 4는 계산결과를 나타낸다. 면역유전알고리즘(IGA)은 국부최적해를 탐색하지 못하는 반면, 향상된 유전알고리즘(EGA)은 표에서와 같이 전역최적해 뿐만 아니라, 나머지 3개의 국부최적해 역시 탐색이 가능하였다. 이때 소요된 탐색시간은 103.02초이다.

표 4. 최적결과

Table 4. Optimization results

	x	y	f(x, y)
Global optimum	0.0027566	0.0013881	1.954342
Local optimum	0.6607429	0.0013881	1.807849
	0.0027566	0.6588270	1.705971
	0.6601955	0.6588270	1.559480

3.3 Camel 함수

$$f(x, y) = (4.0 - 2.0x^2 + x^4/3)x^2 + xy + (-4.0 + 4.0y^2)y^2 \quad (-1.5 \leq x, y \leq 1.5) \quad (11)$$

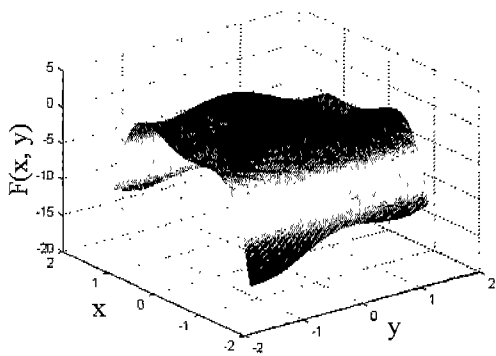


그림 6. 시행 목적함수
Fig. 6. Trial objective function

식(11)은 주어진 해공간내에서 2개의 전역최적해를 갖는 2 변수 문제를 다루고 있다. 탐색의 신뢰성을 비교 검토하기 위하여 crowding방법 중 하나인 인공생명 알고리즘(AL)의 결과[8]와 비교하였으며, 그 결과를 Table 5에 나타내었다. 비교 알고리즘은 3000세대후의 군집된 개체들 중에서 최고 적응도를 갖는 개체를 나타낸 것이다. EGA는 총 167세대, 탐색시간은 42.16초이고, 정확히 최적해를 탐색하고 있다.

표 5. 최적해의 비교

Table 5. Comparison of optimum solutions

	x	y	f(x, y)
AL	0.09057	- 0.71433	1.031605
	- 0.08936	0.71255	1.031627
EGA	0.089842	- 0.7126564	1.031628
	- 0.089842	0.7126564	1.031628

3.4 De Jong 함수

$$f(x, y) = 100(x^2 - y)^2 + (1 - x)^2 \quad (-2.048 \leq x, y \leq 2.048) \quad (11)$$

식(11)은 Rosenbrock의 Banana함수라고도 하며, Fig. 7에서와 같이 2변수 문제로 주어진 해공간내에서 (1.0, 1.0)의 단 1개의 최적해를 갖는 함수이다.

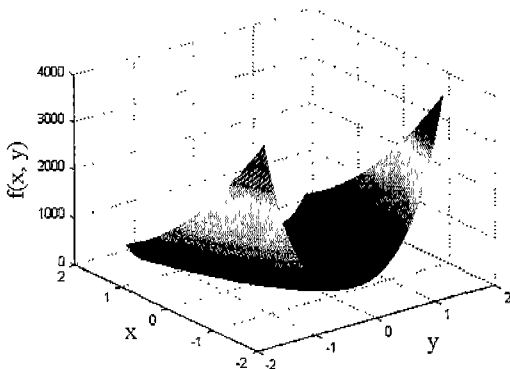


그림 7. 시행 목적함수
Fig. 7. Trial objective function

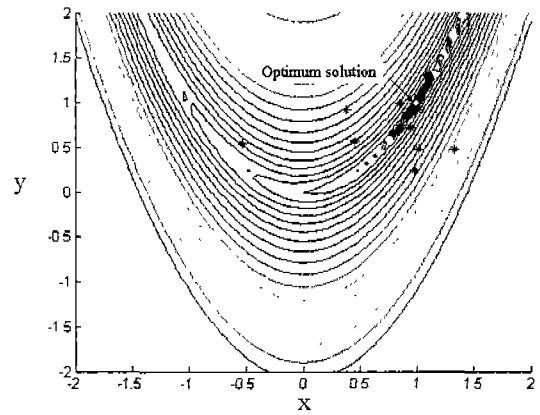


그림 8. 3000세대 후의 군집과 최적해
Fig. 8. Optimum solution and emergent colorization after 3000 generation

Fig. 8은 3000세대 후에 나타난 인공생명체의 군집형상과 EGA에 의해 구해진 최적해(o)를 나타낸 것이다. 총 36세대, 7.52초가 소요되었다.

표 6. 최적해의 비교

Table 6. Comparison of optimum solutions

	x	y	f(x, y)
AL	1.00206	1.00451	0.00002
EGA	0.9999999	0.999999999	3.208×10^{-22}

Table 6는 두 파라미터값과 목적함수의 값을 비교하여 나타내었다. 인공생명 알고리즘(AL)보다 EGA가 최적해 f(1.0, 1.0)=0.0에 더욱 가까운 양호한 값을 얻고 있음을 알 수 있다.

4. 결론

기존의 유전알고리즘에 전역수렴함수를 도입하여 전역최적해의 후보집단을 생성하고 각 집단의 유사도를 평가하여 후보해 집단을 재구성하는 이원적인 탐색단계를 갖는 향상된 유전알고리즘을 제안하였다. 이렇게 구성된 집단에 대한 수정된 해공간내에서 국부 집중탐색을 수행함으로써 보다 더 정확한 최적해를 탐색할 수 있었다. 또한 주어진 해공간내에 존재하는 모든 전역최적해 뿐만 아니라 전역최적해에 근접한 국부최적해도 탐색이 가능함을 수치 예를 통하여 입증하였다. 이상의 알고리즘에서는 주어진 함수의 최적해의 분포나 수에 대한 어떠한 조작도 없이 단순히 초기에 설계자가 얻고자하는 최적해의 종류와 수만을 고려하여 탐색을 수행함으로써 다수의 설계파라미터를 대상으로 시스템의 최적설계를 하고자하는 경우에 설계자에게 보다 폭넓은 선택을 제공할 수 있고, 또한 수정된 해공간내에서 선택된 후보해 집단에 대하여 국부 집중탐색을 수행하기 때문에 해의 정도를 향상시킴과 동시에 탐색시간을 감소시킬 수 있다.

참 고 문 헌

- [1] Goldberg, D. E., "Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning," Addison-Wesley Publishing Company, pp. 1-146, 1989.
- [2] Davis, L., "Handbook of Genetic Algorithms," Van Nostrand Reinhold. New York, pp. 3-23, 1991.
- [3] Choi, B. G. and Yang, B. S., "Optimum Shape Design of Shaft Using Genetic Algorithm", *Journal of Vibration and Control*, Vol. 6, No. 1, pp. 207- 222, 2000.
- [4] Sato, T. and Hagiwara, M., "Bee System : Finding Solution by a Concentrated Search", *T. IEE Japan*, Vol. 118-C No. 5, pp. 721-726, 1998.
- [5] Friswell, M. I. and Mottershead, J. E., "Finite Element Model Updating in Structural Dynamics", Kluwer Academic Publishers, Vol. 38, pp. 56-59, 1996.
- [6] 류근배, 최영준, "유성생식 유전 알고리즘: 다중선택과 이배성이 탐색성능에 미치는 영향" *대한전기학회 하계학술대회 논문집 A*, pp. 165-167, 1994.
- [7] Choi, B. G. and Yang, B. S., "Multi-objective Optimization of Rotor-Bearing System with Dynamic Constraints Using IGA Algorithm", *Trans. ASME, Journal of Engineering for Gas Turbines and Power*, Vol. 123, No. 1, pp. 78-81, 2001.
- [8] Yang, B. S. and Lee, Y. H., "Artificial Life Algorithm for Function Optimization", *Proceeding of 2000 ASME Design Automation Conference*, Sep. 10-13, Baltimore, Maryland USA, DETC2000/DAC-14524, 2000.

저 자 소 개



김영찬(Young-chan Kim)

1993년 : 부산수산대학교 기계공학과(공학사)
 1998년 : 부경대학교 음향진동공학과(공학사)
 1998년~현재 : 부경대학교 음향진동공학과 박사과정

관심분야: 최적설계, 유전알고리즘, 감도해석



양보석(Bo-suk Yang)

1985년 : 일본 Kobe University 대학원 (공학박사)
 1985년~현재 : 부경대학교 기계공학부 교수
 1989년~1990년 : 미국 University of Virginia 방문교수
 1998년~2000년 : 한국소음진동공학회 학술이사

관심분야: 지능 최적설계, 유전알고리즘, 인공생명 알고리즘