

병렬 환경하의 진화 이론을 이용한 결함인식

심 문 노^{*}· 서 명 원[†]
(2001년 11월 3일 접수 2002년 7월 10일 심사완료)

Crack Identification Using Evolutionary Algorithms in Parallel Computing Environment

Mun-bo Shim and Myung-won Suh

Key Words: Crack Identification(결함인식), Inverse Analysis Method(역해석 방법), Continuous Evolutionary Algorithm(진화 알고리듬, CEA), Parallel Computing(병렬 계산), PC-based Cluster(PC 클러스터)

Abstract

It is well known that a crack has an important effect on the dynamic behavior of a structure. This effect depends mainly on the location and depth of the crack. To identify the location and depth of a crack in a structure, a classical optimization technique was adopted by previous researchers. That technique overcame the difficulty of finding the intersection point of the superposed contours that correspond to the eigenfrequency caused by the crack presence. However, it is hard to select a trial solution initially for optimization because the defined objective function is heavily multimodal. A method is presented in this paper, which uses continuous evolutionary algorithms(CEAs). CEAs are effective for solving inverse problems and implemented on PC clusters to shorten calculation time. With finite element model of the structure to calculate eigenfrequencies, it is possible to formulate the inverse problem in optimization format. CEAs are used to identify the crack location and depth minimizing the difference from the measured frequencies. We have tried this new idea on a simple beam structure and the results are promising with high parallel efficiency over about 94%.

1. 서 론

최근 구조물의 결함진단을 위해 다양한 방법들이 적용되고 있다. 특히, 구조물의 동특성 즉, 모드변수(modal parameter)를 이용하여 진단하는 방법이 널리 연구되고 있다. 모드변수 중 고유진동수는 구조물의 결함에 대해 민감한 반응을 나타내므로 효과적인 결함진단 변수라 할 수 있다.

결함진단을 위해서는 결함 유무, 결함 위치, 결함 정도를 파악해야하나 이는 매우 난해한 문제이다. 이를 해결하기 위해 현장실험을 통하여 얻은 측정자료와 수학적 모델을 이용하여 구조물의 결함 위치 및 결함 정도를 파악하는 기술인 역해석 방법이 크게 대두되고 있다. 역해석 방법은 여러 가지 다양한 문제의 해석에 적용되어 왔으며 그 중 실제 구조물 내에 존재하는 결함, 특히 결함의 크기와 위치를 찾아내는 분야는 구조물의 건전성 확보 및 보수작업이 빠르게 이루어질 수 있으므로 매우 중요하다.

구조물내의 결함을 인식하는 연구는 다양한 방법으로 접근되어왔다. Chondros와 Dimarogonas^(1,2)는 결함을 전체 구조물의 탄성에 영향을 주는 국부 탄성체(스프링)로 간주하였고 결함의 깊이가

* 회원, 성균관대학교 기계공학부

† 책임저자, 회원, 성균관대학교 기계공학부

E-mail : suhmw@yurim.skku.ac.kr

TEL : (031)290-7447 FAX : (031)290-5276

고유진동수의 감소와 관계한다고 주장했다. Gounaris와 Dimarogonas⁽³⁾은 특별히 결합이 있는 보를 유한요소모델로 구성하였다. Gounaris와 Papazoglou⁽⁴⁾는 결합이 있는 Timoshenko 보의 동적 거동을 연구하기 위하여 변형된 유한 경계 요소법을 사용하였다. 위의 연구 결과를 배경으로 Inagaki⁽⁵⁾ 등은 고유진동수를 측정하여 결합의 깊이와 위치를 알아내었고, Anifantis⁽⁶⁾ 등은 회전축의 동적거동을 측정하여 결합을 인식하는 방법을 제안하였다. Nikolakopoulos 등⁽⁷⁾은 결합에 의해 발생된 구조물의 고유진동수 변화율을 측정하여 결합의 깊이와 위치를 파악해 낼 수 있도록 고유진동수 변화율에 대한 결합의 위치관계를 보여주는 등고선을 제안했다. 하지만 등고선 작성 및 교차점들을 찾기 위해서는 많은 시간과 노력이 필요하고 이를 인간의 눈을 통해 결정해야하는 어려움이 있으므로 비효과적이다. 서명원⁽⁸⁾ 등은 등고선 작성 및 교차점들을 찾기 위해서는 많은 시간과 노력이 필요하고 이를 인간의 눈을 통해 결정해야하는 어려움을 극복하기 위해 수학적인 최적화 방법을 이용하여 계산함으로써 효과적으로 결합의 크기와 위치를 파악하였다. 하지만 최적화를 위해 정의된 목적함수가 많은 국소 최소값(local minimum)을 갖고 있기 때문에 수학적 최적화 기법을 이용하여 결합의 크기와 위치를 파악하기에는 어려움이 있었다.

본 연구에서는 유한요소모델을 이용한 보 모델을 설립하고 결합을 인식하기 위한 역해석을 병렬 환경 하의 실수형 진화 알고리듬(Continuous Evolutionary Algorithms)을 이용하여 계산함으로써 효과적으로 결합의 크기와 위치를 찾을 수 있었다.

2. 이 론

2.1 역해석

일반적으로 매개변수의 결정방법은 기지의 변수를 이용하여 미지의 변수를 결정하는 역해석 방법이 많이 사용되어져 왔다. 해석에 관련된 미지의 매개변수를 $x^* \in X$ 라하고 측정변수를 $y^* \in Y$ 라 할 때, $\Psi: X \rightarrow Y$ 의 함수 관계가 성립한다고 하면, 실제 입력변수와 출력변수와의 관계는 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$y = \Psi(x) + \epsilon \quad (1)$$

이 때, $\epsilon = \epsilon_1 + \epsilon_2$ 이고 ϵ_1 과 ϵ_2 는 각각 변수 y 를 측정할 때 발생하게 되는 측정 오차와 상태방정식을 이용하여 모델링을 세울 때 발생하게 되는 모델링 오차이다. 이와 같은 역해석 문제의 해를 구하는 방법은 실제로 많은 어려움이 있을 수 있다. 가령 함수의 관계가 일대일 대응이 아니라면 역함수를 구하는 것은 불가능한 일이고 구한다 하더라도 잘못된 값을 구하게 된다. 이를 해결하기 위해 새롭게 함수를 구성하고 이 함수의 최소 및 최대 값을 구하여 역함수의 해를 얻는 것이다. 일반적으로 목적함수를 최소화하여 미지의 매개변수를 구하는 방법이 가장 널리 사용되어지고 있다. 식 (2)은 목적함수를 최소화하여 역해석 해를 구하기 위한 문제정의를 나타낸다.

$$\min_x f(x) = \sum_{i=1}^m k_i (y_i^* - \Psi_i(x))^2 \quad (2)$$

여기서, k_i 는 가중치이고 m 은 측정 데이터 수이다. 이와 같이 구성된 식을 최소화하여 이에 대응되는 매개변수 x 의 값을 구할 수 있다.

2.2 구조해석

평면 구조물은 3개의 자유도 ($\delta_x, \delta_y, \theta_z$)를 가진 2차원 보 요소를 이용하여 유한요소 모델링 할 수 있다. 이러한 평면 구조물에 대응되는 강성(stiffness)과 질량(mass)의 local matrix는 식 (3)과 식 (4)이다.

$$[K_e] = \frac{EI_{zz}}{L^3} \begin{bmatrix} \beta L^2 & 0 & 0 & -\beta L^2 & 0 & 0 \\ 0 & 12 & 6L & 0 & -12 & 6L \\ 0 & 6L & 4L^2 & 0 & -6L & 2L^2 \\ -\beta L^2 & 0 & 0 & \beta L^2 & 0 & 0 \\ 0 & -12 & -6L & 0 & 12 & -6L \\ 0 & 6L & 2L^2 & 0 & -6L & 4L^2 \end{bmatrix} \quad (3)$$

$$[M_e] = \frac{\rho A L}{420} \begin{bmatrix} 140 & 0 & 0 & 70 & 0 & 0 \\ 0 & 156 & 22L & 0 & 54 & -13L \\ 0 & 22L & 4L^2 & 0 & 13L & -3L^2 \\ 70 & 0 & 0 & 140 & 0 & 0 \\ 0 & 54 & 13L & 0 & 156 & -22L \\ 0 & -13L & -3L^2 & 0 & -22L & 4L^2 \end{bmatrix} \quad (4)$$

여기서, $\beta = A/I_{zz}$, L 은 요소 e 의 길이, A 는 요소의 단면적, E 와 ρ 는 각각 재료의 탄성계수와 밀도를 의미한다. 그리고 I_{zz} 는 국소 z 축에 대한 2차 관성모멘트를 의미한다.

구조물은 Euler-Bernoulli 이론으로부터 힘 평형 방정식과 변형의 기하학적 관계, 재료의 법칙을 이용하여 보 요소의 한쪽 단의 상태변수와 반대쪽 단의 상태변수관계를 나타내는 전달행렬

(transfer matrix)^o 계산되어지며 식 (5)와 같다.^(7,10)

$$[T_e] = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & -\frac{L}{AE} & 0 & 0 \\ 0 & 1 & L & 0 & \frac{L^3}{6EI_{xz}} & \frac{-L^2}{6EI_{xz}} \\ 0 & 0 & 1 & 0 & \frac{L^2}{2EI_{xz}} & \frac{-L}{6EI_{xz}} \\ 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & L & -1 \end{bmatrix} \quad (5)$$

Fig. 1은 끝단에서 거리 L_{ie} 만큼 떨어져 있고 깊이 a 인 위치에 결합을 가지고 있는 3자유도 보 요소의 모습을 보여 주고 있다. 위치 i , C_L , C_R , 그리고 j 에서의 상태 벡터는 식 (6a) ~ (6d)에 나타나 있다.

$$\{z_i\} = \{\delta_{x_i}, \delta_{y_i}, \theta_{z_i}, F_{x_i}, F_{y_i}, M_{z_i}\} \quad (6a)$$

$$\{z_L\} = \{\delta_{x_L}, \delta_{y_L}, \theta_{z_L}, F_{x_L}, F_{y_L}, M_{z_L}\} \quad (6b)$$

$$\{z_R\} = \{\delta_{x_R}, \delta_{y_R}, \theta_{z_R}, F_{x_R}, F_{y_R}, M_{z_R}\} \quad (6c)$$

$$\{z_j\} = \{\delta_{x_j}, \delta_{y_j}, \theta_{z_j}, F_{x_j}, F_{y_j}, M_{z_j}\} \quad (6d)$$

여기서 i, j 는 보 요소의 양 끝단의 위치를 나타내며 R, L 은 결합의 좌우위치, z 는 각 지점의 상태변수를 의미한다. 노드 i 와 j 사이에 어떠한 힘도 작용하지 않는다면 식 (7a) ~ (7c)가 성립된다.

$$\{z_L\} = [T_1]\{z_i\} \quad (7e)$$

$$\{z_R\} = [T_c]\{z_L\} \quad (7f)$$

$$\{z_j\} = [T_2]\{z_R\} \quad (7g)$$

$[T_1]$ 과 $[T_2]$ 는 노드 $C_L - i$ 와 $C_R - j$ 사이의 관계를 나타내는 전달행렬이다. 그리고 $[T_c]^{(7)}$ 는 구조물 내에 존재하는 결합의 두 점 $C_L - C_R$ 의 관계를 나타내는 점 전달행렬(point transfer matrix)이다. 식 (7a) ~ (7c)부터 식 (8)이 얻어지고 식 (9)은 점 전달행렬을 나타낸다.

$$\{z_j\} = [T_e^c]\{z_i\} \quad (8)$$

$$[T_e^c] = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & c_{11} & 0 & c_{13} \\ 0 & 1 & 0 & 0 & c_{22} & 0 \\ 0 & 0 & 1 & c_{31} & 0 & c_{33} \\ 0 & 0 & 0 & -1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -1 \end{bmatrix} \quad (9)$$

식 (9)에서 밑 첨자 1, 2 그리고 3은 입장, 천단, 그리고 굽힘을 의미한다. 여기서 c_{13} 과 c_{31} 항은 고려되지 않고 c_{11}, c_{22} 그리고 c_{33} 항이 그려진다.⁽⁹⁾ 식 (10a)~(10c)는 c_{11}, c_{22} 그리고 c_{33} 을

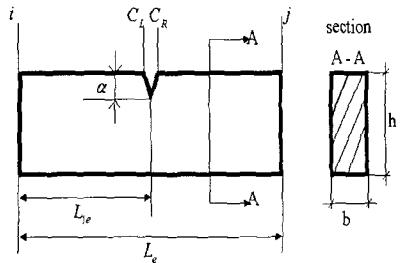


Fig. 1 A cracked beam finite element

표현한 것이다.

$$c_{11} = \frac{2\Phi_1}{E(1-\nu^2)b} \quad (10a)$$

$$c_{22} = \frac{2k^2\Phi_3}{E(1-\nu^2)b} \quad (10b)$$

$$c_{33} = \frac{72\Phi_2}{E(1-\nu^2)bh^2} \quad (10c)$$

여기서, ν 는 Possion' ratio, k 는 사각 단면 계수로 1.5이다. 그리고 Φ_i 는 무차원 크랙 깊이 $\frac{a}{h}$ 에 대한 합수이며 관계된 그래프는 Fig. 2에 나타나 있다.

결합이 발생된 요소의 전달행렬은 식 (11)과 같다.

$$[T_e^c] = [T_2][T_c][T_1] = \begin{bmatrix} [A_1] & [A_2] \\ [A_3] & [A_4] \end{bmatrix} \quad (11)$$

여기서, $[A_i]$ 는 3×3 submatrices이다.⁽¹⁰⁾ 식 (12)는 결합이 포함된 요소의 강성 행렬이다.

$$[K_e^c] = \begin{bmatrix} -[A_2]^{-1}[A_1] & [A_2]^{-1} \\ [A_3] - [A_4][A_2]^{-1}[A_1] & [A_4][A_2]^{-1} \end{bmatrix} \quad (12)$$

이로부터 결합이 존재하는 구조물에 대한 운동방정식을 행렬형태로 나타내면 식 (13)와 같고 이를 이용하여 고유 진동수를 구할 수 있다.⁽⁷⁾

$$-\omega^2[M] + [K] = \{0\} \quad (13)$$

2.3 병렬 환경하의 진화 알고리듬

진화 알고리듬은 자연진화의 모델에 기초를 둔 확률적 진화 알고리듬이다. Fig. 3은 기본적인 진화 알고리듬의 구조를 나타내고 있다. 실수형 진화 알고리듬⁽¹¹⁾은 먼저 실수 개체(individual)로 표현된 모집단(population)^o 무작위로(random) 구성

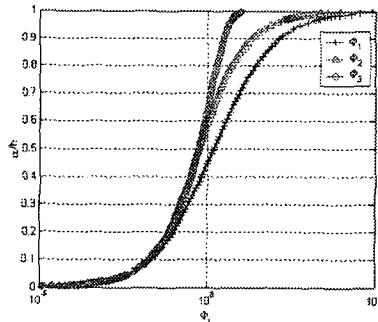


Fig. 2 Φ_i vs $\frac{\alpha}{h}$ for single edge notch specimen under pure tension and bending and shear

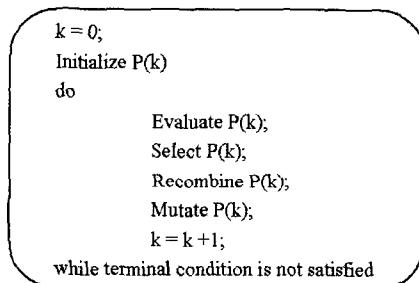


Fig. 3 Fundamental structure of evolutionary algorithms

된다. (세대 $k=0$)

$$P^k = \{x_1^k, \dots, x_\lambda^k\} \in (R^n)^\lambda \quad (14)$$

여기서 R^n 은 개체의 차원을 나타내며, λ 는 집단 수를 의미한다. 실수로 표현된 개체들은 일반적으로 표현형(phenotype)이라 한다.

집단은 무작위 재결합(recombination)과 돌연변이(mutation), 선택(selection)을 통해서 탐색공간의 더 좋은 지역으로 진화한다. 재결합과 돌연변이 연산은 실수 범위에서 확률적인 분포에 의해 수행된다. 재결합의 경우 부모 세대들의 정보를 결합함으로써 자녀 세대를 구성하게 된다. 재결합 연산은 다음과 같이 정의된다.⁽¹²⁾

$$\begin{cases} x_\alpha^{k+1} = (1 - \mu_\alpha^k)x_\alpha^k + \mu_\beta^k x_\beta^k \\ x_\beta^{k+1} = \mu_\alpha^k x_\alpha^k + (1 - \mu_\beta^k)x_\beta^k \end{cases} \quad (15)$$

이를 비대칭 재결합(asymmetry recombination)이라 하며 여기서 x_α^k 와 x_β^k 는 세대 k 에서의 부

모 세대이고 μ_i^k 는 평균이 0이고 표준편차가 σ 인 정규분포이다.

$$\mu_i^k = N(0, \sigma^2) \quad (16)$$

표준편차는 자기적응전략(self-adaptive strategy)을 적용할 수도 있고 상수 값을 사용할 수도 있다. $\mu_\alpha^k = \mu_\beta^k$ 인 경우를 대칭 재결합이라 하며 비대칭 교배와 비교하여 사용되는데, 대칭 재결합의 경우 문제의 성질이 단봉(unimodal)이거나 간단한 문제의 경우 빠른 수렴성을 보이지만 안정성이 떨어지는 반면 비대칭 재결합은 안정적인 탐색을 하기 때문에 본 연구에서는 비대칭 재결합을 사용하였다.⁽¹²⁾ 돌연변이 연산은 재결합에서 μ 값이 낮은 확률을 가지고 큰 값을 취하기 때문에 개체의 변화를 크게 할 수 있기 때문에 반드시 필요한 것은 아니지만 유전자 알고리듬과 같은 효과를 나타내기 위해 다음과 같이 간단히 표현할 수 있다.

$$x^{k+1} = rand(x_{\min}, x_{\max}) \quad (17)$$

적합도(fitness) 계산은 유전자 알고리듬과 같이 선형 변환에 의해 수행된다.

$$\Phi(x_i^k) = \max \{f(x^k) | x^k \in P^k\} - f(x^k) \quad (18)$$

여기서 $\Phi(x_i^k) \geq 0$ 은 항상 만족된다. 룰렛휠 선택(roulette wheel selection)방식은 유전자 알고리듬에서도 가장 널리 사용되는 선택 방식으로 실수형 진화 알고리듬에서도 같은 형식으로 적용된다.

$$p_s(x_i^k) = \frac{\Phi(x_i^k)}{\sum_{j=1}^{\lambda} x_j^k} \geq 0 \quad (19)$$

선택적으로 순위선택(ranking selection)방식을 적용할 수도 있다. 이와 같은 재생산 과정이 한 세대 진화를 형성하며 종료 조건을 만족할 때까지 반복 수행된다.

2.3.2 진화 알고리듬의 병렬화

진화 알고리듬을 적용할 때 고려되어야 할 두 가지 중요한 요소는 다양성 유지(divergency)와 계산부담(time consuming)이다. 이 둘은 서로 반비례 관계에 있기 때문에 균형을 유지하기 위해서는 적절한 타협이 요구된다. 이러한 문제는 다수의 프로세서를 사용하여 계산량을 분산시켜서 해결할 수 있다.

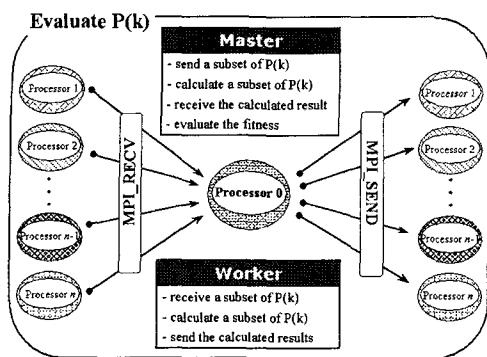


Fig. 4 Implementation of evaluation process on PC-based cluster

진화 알고리듬의 병렬화는 대표적으로 세 가지 방법,⁽¹³⁻¹⁵⁾ 즉 진화 알고리듬이 가지는 본성적인 병렬성(개별적 목적함수 계산)을 이용한 전역모델과 집단을 수 개의 부집단(subpopulation) 또는 지역집단(local population)으로 나누고, 각 집단은 기존의 진화 알고리듬에 의해서 독립적으로 다른 진화과정을 겪는 이주모델, 각 개체를 분리된 단위로 간주하고 재결합 배우자를 지역 이웃에서 선택하는 확산모델로 달성될 수 있다. 본 연구에서는 대부분의 계산부담이 목적함수를 계산하는데 사용되기 때문에 전역모델과 같은 병렬화를 수행한다. 또한 이 병렬화 알고리듬은 병렬 효율이 높은 coarse-grained이므로 본 연구에 적합하다.

Fig. 4은 PC 클러스터(PC-based Cluster)에 적용된 진화 알고리듬 병렬 계산 시스템의 수행도이다. Fig. 4에서 볼 수 있는 바와 같이 병렬화는 적합도를 계산하기 위해 목적함수를 계산하는 과정에서 적용되었고, 병렬 알고리듬으로는 주/종속(master/worker) 알고리듬을 사용하였다. 주프로세서(master processor)는 모집단의 개체를 주프로세서를 포함한 종속 프로세서들(worker processors)에게 공평하게 분배하는 역할 및 주프로세서가 할당받은 목적함수 계산을 수행하고, 모든 계산된 결과를 취합하여 적합도 계산을 수행한다. 종속 프로세서들은 주프로세서로부터 받은 모집단의 개체들을 이용하여 목적함수를 계산하고, 그 결과를 주프로세서에게 전달한다. 프로세서간의 계산 분담(load balance)을 줄이기 위해 개체 수를 프로세서의 배수로 하여 수행하는 것을 기본으로 하였으나 배수가 되지 않을 때에는 주프로세서

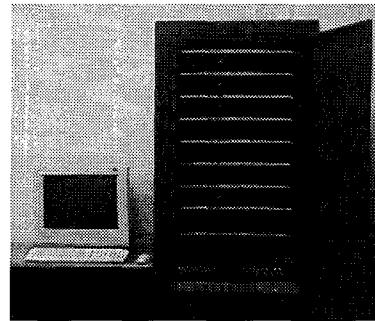


Fig. 5 Intel PC-based cluster

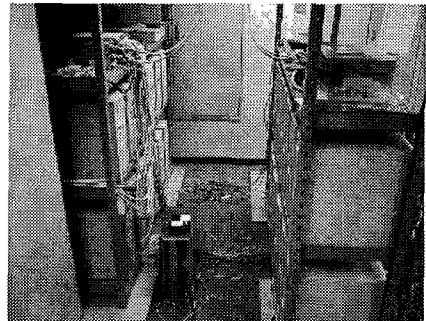


Fig. 6 Alpha PC-based cluster

(master process)로부터 가장 늦게 모집단의 개체를 전달받는 프로세서 순서로 개체 수를 프로세서의 수로 나눈 나머지들을 계산하도록 하였다.

본 연구에 사용된 PC 클러스터는 Fig. 5의 성균관대 기계공학부 8노드 클러스터(Intel Pentium-III dual cpu, 700MHz, 500MB RAM, 100Mbps FastEthernet)와 Fig. 6의 동경대 IML(Intelligent Modeling Lab) 24노드(DEC Alpha 533MHz, 768MB RAM, 100Mbps FastEthernet)이다. 또한 병렬 처리가 이루어지게 하는 소프트웨어로는 병렬 프로그래밍 패러다임(paradigm)의 개념에 따른 메시지 패싱 패러다임(message passing paradigm) 중 가장 효과적인 MPI(Message Passing Interface, MPICH-1.2.1)를 사용하였다.

3. 수치해석 적용 및 결과

3.1 문제 정의

Fig. 7에는 길이는 $(b, h) = (0.16, 0.2)m$ 이고 단면이 $B \times H = 0.008m \times 0.016m$, 끝단에서부터 길이

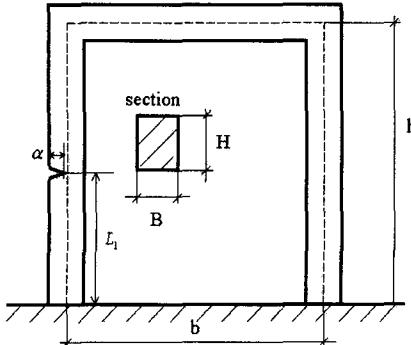


Fig. 7 Clamped-clamped plane frame

L_1 만큼 거리가 떨어져있고 깊이 α 인 지점에 결합을 포함하고 있는 clamped-clamped 평면 구조의 모습을 보여주고 있다. 이 때, 재료 물성치는 $E = 2.07 \times 10^{11} \text{ Nm}^{-2}$, $\nu = 0.3$, $\rho = 7700 \text{ kgm}^{-3}$ 이다.

Fig. 7에 나타나 있는 평면 구조 모델은 두 개의 노드를 가진 28개의 유한 요소로 나누었고, 주어진 구조물에 대한 상태 방정식을 행렬형태로 나타내어 식 (13)에 결합이 있는 경우의 강성행렬과 질량행렬을 이용하여 결합의 깊이와 위치를 알 경우 그 때의 고유진동수를 계산할 수 있게 되었다. 이를 이용하여 결합의 깊이와 위치를 추정할 수 있도록 역해석 문제로 정의하였다. 역해석 문제로 정의된 결합인식 문제의 정식화는 다음과 같이 나타낼 수 있다.

$$\min_{\alpha, L_1} F(\alpha, L_1) = \sum_{i=1}^3 w_i (f_i - f_i^*)^2 \quad (20)$$

$$\alpha_{lower} \leq \alpha \leq \alpha_{upper}, \quad L_1^{lower} \leq L_1 \leq L_1^{upper}$$

여기서 w_i 는 가중치(weighting factor)이고, 설계 변수는 α, L_1 즉 결합의 깊이와 위치이고, α, L_1 에 해당하는 세 개의 고유진동수인 f_i 과 측정된 값 f_i^* 이다. 결과적으로 측정된 고유진동수와 일치하는 고유진동수를 갖는 α 와 L_1 을 구하는 것이 목적이다.

3.2 수치해석 결과

결합인식 방법의 효용성을 알기 위해서 미리 알고 있는 두 군데 균열의 깊이와 위치, 그리고 그 곳에서의 고유진동수를 가지고 최적화 기법을

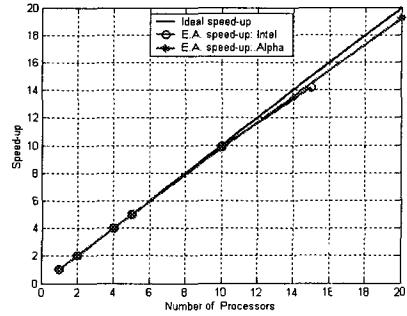


Fig. 8 Speed-up Diagram

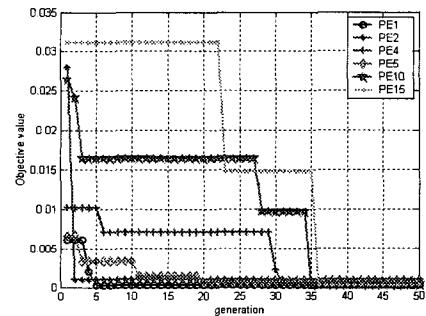


Fig. 9 Generation history in Case (a)

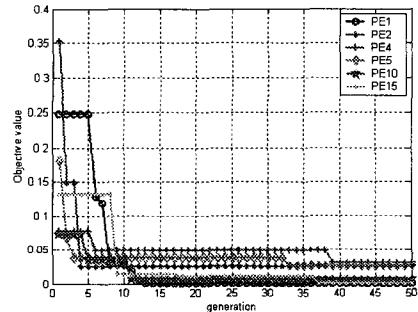


Fig. 10 Generation history in Case (b)

적용하였다. 진화알고리듬을 위해 모집단 수는 100, 표준편차는 0.5, 돌연변이 확률은 0.01, 최대 반복횟수는 50을 적용하였다.

해석 결과를 실험하기 위해 미리 알고 있는 두 군데 결합의 깊이와 위치 (α, L_1) = (0.003m, 0.15m), (0.006m, 0.24m), 그리고 그때의 고유진동수 (f_1, f_2, f_3) = (290.33Hz, 1545.33Hz, 1793.97Hz),

Table 1 Final analysis results

Case (a)			Case (b)		
Reference value	Result value	Relative Error(%)	Reference value	Result value	Relative Error(%)
α 0.003	0.0029	2.4	0.006	0.0062	3.1
L_1 0.15	0.149	0.53	0.24	0.238	0.71
f_1 290.33	290.233	0.1e-2	284.54	284.255	0.1e-2
f_2 1545.33	1542.239	0.2e-3	1512.01	1512.161	0.1e-3
f_3 1793.97	1793.431	0.3e-3	1781.22	1783.001	0.1e-2

(284.54Hz, 1512.01Hz, 1781.22Hz)를 가지고 위에 언급한 방법을 적용하였다. Fig. 8은 병렬 계산 프로그램의 성능을 나타내는 스피드업(speed-up)을 나타낸 것이고, Fig. 9과 Fig. 10는 목적함수의 수렴차 그리고 Table 1은 실험결과이다. 스피드업은 다음과 같이 표현된다.

$$Sp = \frac{T_1}{T_p} \quad (21)$$

여기서 T_1 은 프로세서 1개를 사용해서 계산했을 때 걸리는 Wall Clock Time이고, T_p 는 n 개의 프로세서를 사용했을 때 걸리는 Wall Clock Time이다. 또한 병렬 프로그램이 얼마나 효율적 인가를 나타내는 수치로 n 개의 프로세서들이 사용된 경우에 그 효율은 다음과 같다.

$$Ep = \frac{Sp}{n} \quad (22)$$

실험 결과를 보면 Fig. 7에서 알 수 있듯이 두 개의 다른 PC 클러스터의 병렬 효율이 모두 매우 좋은 것을 알 수 있다. 여기서 Intel 클러스터의 경우 병렬 효율이 94.4%이고, Alpha 클러스터의 경우는 96.0%이다. Fig. 9과 Fig. 10는 Intel 클러스터에서 수행된 결과로 초기 모집단을 달리하여 얻은 결과이다. 이로부터 프로세서 수 및 초기 모집단에 관계없이 효과적인 결합인식이 되었음을 알 수 있다.

결과를 정리한 Table 1에서 알 수 있듯이 두 경우 모두 3%이하의 오차율을 갖는 좋은 인식결과를 얻었으며, 이로부터 병렬 환경 하에서 진화 알고리듬을 이용하여 결합의 크기와 위치를 인식하는 것이 효과적임을 알 수 있다.

4. 결 론

본 논문에서는 구조물내의 결합의 크기와 위치를 알아내기 위해 유한요소법을 이용하여 결합의 크기 및 위치에 대한 처음 세 개의 고유진동수를 구하고 이를 이용하여 결합의 크기와 위치를 구할 수 있는 역해석 문제를 정의하였다. 결합 인식 방법으로는 실수 탐색공간에서 매우 유용한 진화 알고리듬을 병렬 환경 하에서 이용하였다. 이러한 접근 방법은 결합의 크기 및 위치에 대한 고유진동수의 등고선을 그려서 등고선들의 교점을 찾아내는 방법보다 정확하고 효과적이며, 국부 최소값에 빠지는 수학적 최적화 기법보다 향상된 방법이라 할 수 있다. 또한 병렬 계산을 통해 계산 부담을 갖는 진화 알고리듬의 단점도 극복하였다.

후 기

본 논문은 한국과학재단 산하 성균관대학교 산업설비 안전성평가 연구센터의 연구비 지원으로 이루어진 것으로서, 이에 관계자 여러분께 감사드립니다.

참고문헌

- (1) Chondros, T. C. and Dimarogonas, A. D., 1979, "Identification of Cracks in Circular Plates Welded at the Contour," In: ASME Design Engineering Technical Conference, St. Louis.
- (2) Chondros, T. C. and Dimarogonas, A. D., 1980, "Identification of Cracks in Welded Joints of Complex Structures," Journal of Sound and Vibration, Vol. 69, No. 4, pp. 531~538.
- (3) Gounaris, G. D. and Dimarogonas, A. D., 1988, "A Finite Element of a Cracked Prismatic Beam in Structural Analysis," Computer and Structure, Vol. 28, No. 3, pp. 309~313.
- (4) Gounaris, G. D. and Papazoglou, V., 1992, "Three-Dimensional Effects on the Natural Vibration of Cracked Timoshenko Beams in Water," Computer and Structure, Vol. 42, No. 5, pp. 769~779.
- (5) Inagaki, T., Kanki, H. and Shiraki, K., 1981, "Transverse Vibrations of a General Cracked Rotor Bearing System," Journal of Mechanical Design,

- Vol. 104, pp. 1~11.
- (6) Anifantis, N., Rizos P. and Dimarogonas, A. D., 1987, "Identification of Cracks on Beams by Vibration Analysis," In: *11th Biennial ASME Conference on Mechanical Vibration and Noise*, Boston.
- (7) Nikolakopoulos, H. G., Katsareas, D. E. and Papadopoulos, C. A., 1997, "Crack Identification in Frame Structures," *Computers & Structures*, Vol. 64, No. 1, pp. 389~406.
- (8) Suh, M.-W. and Yoo, J.-M., 2000, "Crack Identification using Classical Optimization Technique," *Transactions of the KSME*, Vol. 24, No. 1, pp. 190~195.
- (9) Papadopoulos, C. A. and Dimarogonas, A. D., 1988, "Coupled Longitudinal and Bending Vibrations of a Cracked Shaft," *Journal of Vibration Acoustic Stress Reliability Design*, Vol. 110, pp. 1~8.
- (10) Pilkey, W. D. and Wunderlich, W., Mechanics of Structures Variational and Computational Methods, Boca Raton: CRC press, 1994.
- (11) Furukawa, T. and Yagawa, G., 1997, "Inelastic Constitutive Parameter Identification using an Evolutionary Algorithm with Continuous Individuals," *International Journal for Numerical Methods in Engineering*, Vol. 40, pp. 1071~1090.
- (12) Shim, M.-B., Furukawa, T., Yoshimura, S., Yagawa, G. and Suh, M-W., 2000, "Efficient Multi-point Search Algorithms for Multiobjective Optimization Problem," *Proceedings of Conference on Computational Engineering and Science*, Vol. 5, No. 2, pp. 459~462.
- (13) Mühlenbein, H., Schomisch, M. and Born, J. 1991, "The Parallel Genetic Algorithm as Function Optimizer," *Parallel Computing*, Vol. 17, pp. 619~632.
- (14) Tamaki, H. and Nishikawa, Y., 1992, "A Parallel Genetic Algorithms based on a Neighborhood Model and Its Application to the Jobshop Scheduling," *Parallel Problem Solving From Nature 2*, R. Manner and B. Manderick(Eds), North-Holland, pp. 573~582.
- (15) Chipperfield, A. J., Fleming, P. J. and Zomaya, A. Y., 1996, *Parallel Genetic Algorithms, Parallel & Distributed Computing Handbook*, McGraw-Hill.