

## 국소수렴기법과 정밀탐색을 혼합한 유전알고리즘

윤영수\* · 문치웅\*\* · 이상용\*

\* 건국대학교 공과대학 산업공학과

\*\* Department of Industrial & System Engineering, Ashikaga Institute of Technology

### ABSTRACT

This paper describes a method for solving nonlinear optimization problems using genetic algorithms. Genetic algorithms have proved to be a versatile and effective approach for solving these problems. Nevertheless, there are many situations that the genetic algorithms does not perform particularly well, and so various methods of hybridization have been proposed.

Thus, this paper develops a hybrid method to incorporate a local optimization method and a precision search method around optimum in the genetic algorithms loop. In numerical examples, it is shown that the proposed method outperforms the genetic algorithm and the conventional optimization techniques in finding global or near global optimum.

### 1. 서론

비선형최적화 모델은 기존의 많은 연구들을 통해서 정식화되었고 그 해법 또한 다양하게 개발되어 왔다. 즉 여러가지 제약조건들을 모두 만족해야 하는 설계변수들의 집합중에서 최적해를 구현하는 방법은 기존의 연구들을 통해서 정형화된 기법들이 개발되어져 왔다. 그러나 이러한 최적화 기법들은 탐색과정의 효율은 높였지만 설계변수들이 정수, 실수, 그리고 이산값을 함께 가지며 제약조건과 목적함수에 서로 혼합되어 사용되는 조합최적화문제(combination optimal problem)와 여러개의 국소 최적점(local optimum)이 존재하는 경우에 전범위 최적점(global optimum)을 구하는 문제, 그리고 다 목적함수(multi-objective function)의 설계시 최적해 집합의 효율적인 구현문제들에서는 아직까지 효과적이고 광범위하게 적용될 수 있는 방법이 개발되어 있지 못하다. 따라서 이러한 문제점을 쉽게 해결할 수 있는 대안으로 유전알고리즘(genetic algorithm)에 의한 연구가 활발히 이루어지고 있다.

유전알고리즘은 생태계의 진화원리에 바탕을 둔 최적해에 대한 탐색 알고리즘의 하나로 다양한 종류의 문제들에 대해 효과적으로 적용가능하며 전범위의 최적점에 가까운 해를 구할 수 있다는 장점이 있지만 기존의 유전알고리즘은 부모세대에서 생성된 자손세대를 유전연산자를 사용해 다음세대로 유전하게 되는데, 이럴 경우 그들 부모들보다 적합도가 더 떨어진 개체들이 유전되어 자손세대의 적합도가 더 낮아질 수도 있으며, 이로 인하여 탐색 도중에 최적해에 도달하지 못하고 국소최적점(local optimum)에 미성숙 수렴(premature convergence)되어 전범위 최적해(global optimal solution)를 구하지 못하는 경우도 있다. 또한 제약조건이 있는 목적함수를 제약조건이 없는 목적함수로 만들기 위해 일반적으로 벌금함수(penalty function)를 적용하는데 실제적으로는 어떤 벌금함수를 선택하느냐

에 따라 결과에 많은 영향을 미치며, 또 벌금상관계수(penalty coefficient)를 결정하는데도 정형화된 방법이 없이 설계자의 경험에 의존하고 있다. 그리고 해의 미성숙수렴을 방지하기 위해 적합도 변환(fitness scaling)을 하는데 이로 인해 계산과정은 더욱 복잡해지고 설계자가 어떤 적합도 변환방법을 선택하느냐에 따라 결과가 달라지게 되며, 만일 유전알고리즘의 유전연산자를 통해 최적점 부근에 수렴한 해가 있다면 이에 대해 그 주위를 정밀하게 탐색할 방법이 없다.

따라서 본 연구에서는 기존의 유전 알고리즘이 가졌던 이러한 문제점들을 개선하며 국소최적점으로 빠르게 수렴하는 기존의 국소탐색법과 유전알고리즘 수행 이후 최적점 부근에 수렴한 해에 대한 정밀탐색 방법을 함께 고려한 비선형 최적화문제의 해결접근을 위한 혼합유전알고리즘(hybrid genetic algorithms: HGA)을 설계하였으며, 이를 두가지의 수치예제를 통해 본 연구에서 개발한 HGA의 유효성을 보이고자 한다.

### 2. 유전알고리즘

유전 알고리즘은 인공지능의 한 기법으로서 2차원 이상의 복잡한 탐색공간에서 전범위의 최적해를 탐색하는데 아주 효율적이며, 유연하다고 증명되어져 왔다[1]. 이러한 유전 알고리즘은 생태계의 자연선택(natural selection)과 적자생존(survival of the fitness)에 근거를 두고 있으며, 새로운 모집단(new population)을 형성할 때에 과거의 모집단(old population)에서 높은 적합도를 가지는 개체(individual)가 높은 확률을 가지고 새로운 모집단으로 유전한다는 것이 그 기본적인 원리이다[2].

유전알고리즘은 기존에 개발된 최적화 기법과 비교하여 많은 특징을 가지고 있으며[3], 그중 몇몇을 살펴보면 다음과 같다.

## 2.1 제약조건의 처리

유전알고리즘은 기본적으로 제약조건이 없는 최적화 문제에만 적용될 수 있는 방법이다.[3] 하지만 실제 대부분의 최적화 문제는 제약조건을 가지고 있다. 따라서 유전 알고리즘에서는 제약조건이 있는 최적화문제를 제약조건이 없는 최적화 문제로 변형하여 해결하고 있으며, 다음의 두가지 기법을 주로 사용하고 있다.

### 1) 벌금함수법(penalty function method)

변수제약법과는 달리 생성된 모든 개체가 사용된다, 즉 제약조건을 만족하면 새로운 집단으로 받아들여지고 제약조건을 만족하지 못하더라도 제약조건을 위반하는 정도에 대한 벌금함수법을 적용하여 새로운 집단으로 받아들여지고 있다. 따라서 제약조건의 위반이 클수록 벌금함수법을 적용할 확률이 커지게 되며, 또한 위반항에 대한 벌금함수값을 너무 높게 주면 수렴속도가 느려지고 너무 낮게주면 최종해가 나빠질 수도 있기 때문에 이의 선택에 신중을 기해야 한다.

### 2) 변수제약법(variable restriction method)

이 기법은 제약조건을 만족하는 해의 공간을 제약하는 방법으로 제약조건을 처리하고 있다. 먼저 하나의 개체가 새롭게 만들어지고, 이 개체가 해석(decoding)되어져서 제약조건의 만족여부를 검사하게 된다. 만일 제약조건을 만족하면 이 새로운 개체는 다음세대의 수행을 위해 새로운 집단으로 받아들여지고, 제약조건을 만족하지 못하면 탈락되고, 또 다른 새로운 개체가 생성되며 다시 제약조건의 위반 여부를 검사하게 된다.

따라서 본 연구에서는 설계자의 경험과 주관적 판단에 의존하는 벌금함수법 대신에 변수제약법을 사용하여 제약조건을 처리하고자 한다. 즉 프로그램 설계시 제약조건을 조건문으로 처리하여 그 조건을 만족하지 못하면 탈락시키는 방법을 사용하여 처리하겠다.

## 2.2 선택전략

선택전략이란 다음세대의 집단을 생성하기 위해 그 이전의 부모집단이나 자손집단 전체를 선택하거나 그 일부분만을 선택하는 전략으로 널리 사용되는 세가지 기본적인 선택전략은 아래와 같다.

### 1) 확률적 선택전략(stochastic selection strategy)

이 선택전략은 부모세대의 집단에서 자손세대의 집단을 생성할 때 확률개념을 적용하는 것으로 대표적인 방법은 룰렛휠(roulette wheel)선택전략[3]이 있다. 이 방법은 비례선택법(proportionate selection)이라고 부르기도 하며 선택단계에서 각 개체가 중복되어 선택될 수 있다는 특징이 있다.

### 2) 확정적 선택전략(deterministic selection strategy)

이 선택전략은 탐색공간에서 최적의 개체를 선택하는 방법으로 선택단계에서 개체가 중복되지 않는다는 특징을 지니고 있다. 대표적인 방법으로 엘리트 선택(elitist selection)전략[3]은 선택과정을 통해 그 이전 세대보다 더 우수한 개체가 선택된다면 그 개체를 다음세대로 유전하게 되지만 그렇지 않을 경우 이전 세대의 최적 개체를 다음단계로 강제로 유전하는 방법으로 확률적 선택전략과는 달리 유전

연산자나 선택전략등으로 인해 가장 우수한 개체들이 탈락되지 않도록 하며 만일 새롭게 생성된 개체가 이전세대의 개체보다 우수하지 못하면 이전세대의 우수개체들을 강제로 다음단계로 선택되도록 하기 때문에 유전과정에서 우수해의 탈락현상을 막을 수 있다는 장점이 있다.

### 3) 혼합 선택전략(mixed selection strategy)

혼합 선택전략은 확률적 선택전략과 결정적 선택전략의 특징을 동시에 포함하고 있으며 대표적인 방법은 확률적 토너먼트 선택(stochastic tournament selection)전략[4]이 있다. 이 기법은 이전세대의 개체보다 우수한 개체가 생성될 때만 집단으로 투입되고 적합도가 낮은 개체는 집단에 투입될 수 없기 때문에 최적해에 빠르게 수렴할 수 있다는 특징이 있다.

이상과 같은 선택전략중에서 본 연구에서는 확률적 토너먼트 선택전략과 엘리트 선택전략을 병행하여 사용한다. 먼저 HGA의 국소수렴단계에서는 확률적 토너먼트 선택전략을 변형하여 사용하고 있다. 즉 개체를 랜덤하게 선택한후 이 개체보다 높은 적합도를 가지는 개체만을 새로운 집단으로 투입되게 하며 이러한 절차를 세대수만큼 반복시킨다. 이렇게 해서 생성된 집단을 유전연산단계로 투입시킨다. 엘리트 선택전략은 유전연산의 마지막 단계인 돌연변이 연산을 수행한후 생성된 개체들중의 적합도가 가장 우수한 개체와 그 이전단계인 국소수렴단계의 가장 우수한 개체를 함께 집단으로 생성시킨 후 여기에서 가장 우수한 개체 하나만을 선택하여 다음단계로 유전시키는 기법을 사용한다.

유전알고리즘은 그 기법상의 특징 때문에 지금까지 다양한 분야에 적용·응용되고 있다. 특히 최근에는 유전알고리즘의 전범위 탐색 특징과 기존에 개발된 국부최적화 기법의 빠른 수렴특징을 혼합한 연구가 활발하며 그 대표적인 연구들을 살펴보면 다음과 같다.

Goldberg[3]는 이전개체에 대한 G-bit개선이라는 개념을 사용하여 국소탐색기법과의 조합을 연구하였으며, Davis[6]는 외부이동연산자를 도입함으로써 최적화문제를 위한 영역규정기법(domain-specific techniques)을 가진 유전알고리즘의 조합을 제시했으며, Ackley[7]는 유전알고리즘 수행과정에서 가장 중요한 교차변이의 역할을 줄이고 국소탐색법인 hill-climbing을 첨가한 genetic hill-climbing을 제시했다. Reeves[8]는 국소최적점 주위를 탐색할 수 있는 이웃탐색법(neighborhood search method)을 유전알고리즘에 결합한 모델을 개발했다. Gen과 Cheng[4]은 기존의 국부탐색기법인 휴리스틱기법과 유전알고리즘을 혼합한 라마르크 진화(lamarckian evolution)기법과 memetic알고리즘을 개발했다.

## 3. 혼합유전알고리즘의 개발

본 연구에서 개발한 HGA의 절차는 최적점 부근까지 비교적 빠르게 수렴하는 기존의 국소수렴기법인 랜덤탐색·검사법(random search and test method)과 수렴된 해에 대한 집단 전체의 탐색을 실시하는 유전알고리즘을 결합하고, 보다 정밀한 탐색을 위해서 포복법(creeping method)을 사용한다.

HGA에서 적용하게 될 국소수렴기법과 정밀탐색기법인 포복법은 다음과 같은 특징을 가지고 있다.

### 3.1 국소 수렴(local convergence)기법

혼합접근법으로서의 국소수렴기법은 모집단에서 새롭게 만들어진 개체들이 유전알고리즘의 집단속으로 투입되기 이전에 국소최적점으로 이동시키는 것이다. 따라서 이러한 국소수렴기법이 각 개체 주위의 국소탐색을 위해 사용되어진다면 유전알고리즘은 이렇게 수렴된 집단 가운데에서 전범위 탐색을 수행하기 위해 사용되어질 수 있다.

본 연구에서 사용할 국소수렴기법은 랜덤탐색·검사법으로 국소수렴점으로 수렴하는 과정에서 생성되는 우수한 개체들을 선택하여 집단으로 만든다. 이러한 선택전략은 확률적 토너먼트 선택전략을 변형한 것이다

### 3.2 포복법(creeping method)

포복법의 적용은 기존의 국소수렴탐색과 유전알고리즘을 적용한 후에 사용하는 기법으로 만일 수렴된 값이 최적점 부근이라면 그 주위를 정밀하게 탐색하여 최적점으로 이동시키는 기법이다. 이 기법은 기존의 유전알고리즘으로는 그 주위를 정밀하게 탐색할 방법이 없기 때문에 이를 HGA에 적용할 경우 보다 효율적으로 최적해를 찾을 수 있으며 유전알고리즘과 기존의 최적화 기법이 각각 개별적으로 적용될 때 보다 더 우수한 결과를 가져올 수 있다.

### 3.3 HGA의 절차

HGA의 절차는 다음과 같은 8단계로 나누어 진다.

먼저 단계 1에서 단계 4까지는 국소탐색법인 랜덤탐색·검사법을 적용하여 국소최적점으로 빠르게 수렴하도록 하며, 단계 5에서 단계 7까지는 유전알고리즘의 적용단계로 랜덤탐색·검사법에서 생성된 개체를 집단으로 만들어 최적해가 발견될 가능공간(feasible space) 전범위의 탐색을 실시한다. 마지막 단계 8에서는 유전알고리즘의 적용 이후 수렴된 해 주변의 정밀탐색을 실시하는 포복법을 적용하여 최적해에 도달하도록 한다.

단계 1 : 각 설계변수에 대해 미리 정의된 집단의 크기만큼 랜덤하게 각 개체들을 생성하고 이를 제약조건에 대입한후 제약조건을 만족하면 다음 단계로 이동하고, 그렇지 않으면 탈락시킨다. 이러한 탈락과정은 새로운 환경에 적응하지 못한 개체는 도태되어 진다는 생물체의 진화과정과 같은 의미를 지닌다.

단계 2 : 단계 1을 만족한 개체들을 목적함수에 대입하여 가장 적합도가 높은 개체 하나만을 새로운 집단속으로 삽입시킨다.

단계 3 : 단계 1과 2의 과정을 다시 수행하여 이전에 삽입된 개체보다 더 우수한 개체가 생성되면 이를 두 번째의 새로운 개체로서 새로운 집단으로 삽입한다.

단계 4 : 단계 1에서 3까지의 과정을 반복수만큼 실행한다.

#### 단계 5 : 복제(Reproduction)

단계 4에서 생성된 집단을 이용해 복제단계에 적용한다. 복제단계에서 적용하게 될 기법은 룰렛 휠기법으로 각 개체의 적합도 값과 확률분포에 근거하여 새로운 집단을 선택하며 선택과정은 룰렛 휠을 집단의 크기만큼 회전시키면서 매회마다 하나의 개체를 선택한다.

#### 단계 6 : 교차변이(Crossover)

단계 5에서 생성된 개체들을 교차변이 시킨다. 교차변이를 적용할 개체의 수( $CN_p$ )는 다음과 같다.

$$CN_p = \text{교차변이율}(p_c) \times \text{집단의 크기}(pop\_size)$$

HGA에서 사용하게 될 교차변이법은 불일치 수리 교차변이법(non-uniform arithmetic crossover method)으로 2개의 부모개체들에 대해 2개의 새로운 자손개체를 생성하며 다음의 절차를 따른다. 먼저 교차연산을 수행할 2개의 부모개체  $V_1, V_2$ 의 표현이 아래와 같을때,

$$\begin{aligned} V_1 &= (v_{11}, v_{12}, \dots, v_{1k}, \dots, v_{1n}) \\ V_2 &= (v_{21}, v_{22}, \dots, v_{2k}, \dots, v_{2n}) \end{aligned}$$

이들 개체집단중에서 교차변이를 위해 선택될 개체쌍이  $v_{1k}, v_{2k}$ 라면 교차변이에 의해 만들어질 새로운 개체  $v_{1k}^*, v_{2k}^*$ 는 다음의 식 (1)와 (2)으로 유도된다.

$$v_{1k}^* = \alpha \cdot v_{1k} + (1 - \alpha) \cdot v_{2k} \quad (1)$$

$$v_{2k}^* = (1 - \alpha) \cdot v_{1k} + \alpha \cdot v_{2k} \quad (2)$$

여기에서  $\alpha$ 는 0에서 1사이에서 랜덤하게 발생된 난수이다.

새롭게 생성된  $v_{1k}^*, v_{2k}^*$ 를 원 부모개체의  $v_{1k}, v_{2k}$ 와 교체시키면 식 (3)와 같은 새로운 자손개체  $V_1^*, V_2^*$ 가 생성되며 이러한 절차를  $CN_p$ 만큼 반복한다.

$$V_1^* = (v_{11}, v_{12}, \dots, v_{1k}^*, \dots, v_{1n}) \quad (3)$$

$$V_2^* = (v_{21}, v_{22}, \dots, v_{2k}^*, \dots, v_{2n})$$

#### 단계 7 : 돌연변이(mutation)

돌연변이의 적용은 유전알고리즘의 수행과정에서 탐색하지 못한 임의의 탐색공간에 대해서 발견될 지도 모르는 우수해를 탐색하는 절차로서 HGA에서는 랜덤발생 돌연변이(random mutation)법을 적용하며 다음의 단계를 따른다.

(1) 돌연변이를 적용할 개체의 수( $MN_p$ )를 정한다.

$$MN_p = \text{돌연변이율}(p_m) \times pop\_size$$

(2) 집단에서 랜덤하게 하나의 개체를 선택한 후 이를 각 개체의 변수발생범위에 대해서 재발생시킨다. 그 구체적인 절차는 다음과 같다. 먼저 돌연변이를 적용할 부모개체 ( $X$ )중에서  $x_k$ 가 돌연변이되어 진다면

$$X = (x_1, x_2, \dots, x_k, \dots, x_n)$$

새로운 자손개체 ( $X^*$ )는 다음과 같이 생성된다.

$$X^* = (x_1, x_2, \dots, x_k^*, \dots, x_n)$$

여기에서  $x_k^*$ 는 범위  $[x_k^l, x_k^u]$ 에서 균등확률분포를 가지고 랜덤하게 선택된 값이며  $x_k^l, x_k^u$ 는 각각  $x_k$ 변수의 하한·상한값(lower and upper value)이다.

(3) (2)의 절차를  $MN_p$  만큼 반복한다.

**단계 8 : 포복법에 의한 정밀탐색**

포복법에 의한 정밀탐색의 경우 예를들어 설계변수  $x_i$ 의 값이 12.5이고 설계자가 정해진 포복값(creeping value)이 1.5라면  $x_i$ 은 11.0~14.0 범위에 대해 미리 정의된 반복수만큼 정밀하게 재탐색을 실시한다. 이에 대한 변수설계는 다음과 같다.

```
for i = 1 to pop_size
    temp = (2 × creeping_value
            × rnd) - creeping_value
    x1(i) = x1_value + temp
next i
```

여기에서 temp는 임시기역장소이며 rnd는 0, 1사이의 랜덤발생값이고, x<sub>1</sub>\_value는 HGA 수행에서 구해진 국소최적 x<sub>1</sub>의 값이다.

$$90 \leq 80.51249 + 0.0071317X_2X_5 + 0.0029955X_1X_2 + 0.0021813X_3^2 \leq 110$$

$$78 \leq X_1 \leq 102$$

$$33 \leq X_2 \leq 45$$

$$27 \leq X_3 \leq 45$$

$$27 \leq X_4 \leq 45$$

$$27 \leq X_5 \leq 45$$

이 모델은 5개의 독립변수와 3개의 부등제약식을 가진 비선형최소화모델로 Himmelblau[9]이 제안한 후 여러 연구자들에 의해 다양한 기법이 적용되었다. 그 결과는 <표 1>과 같다.

<표 1>을 살펴보면 Himmelblau와 Gabriete[10]는 기존의 최적화 기법을 사용하였으며 Homaifar 등[11]은 비트표현법 유전알고리즘(개체의 길이 (str\_no): 19, pop\_size: 400, p<sub>c</sub>: 0.8, p<sub>m</sub>: 0.088)을 이용하여 해를 구하였지만, 본 연구의 HGA는 실수표현형으로 국소수렴기법과 최적점 부근의 정밀탐색을 포함한 유전알고리즘(pop\_size: 25, p<sub>c</sub>: 0.4, p<sub>m</sub>: 0.4, 포복값(creep\_value): 1.2, 세대수(gen\_no): 7500)으로 기존의 연구들 보다 더 우수한 해를 구하였다. 이러한 결과는 기존의 최적화 기법들이 탐색초기에 한점에서 출발하여 탐색을 실시하기 때문에 해를 다양하게 발생시키지 못하고 국소수렴되어 더 이상의 개선이 없으며, 비트발생 유전알고리즘의 경우도 비록 한점이 아닌

<표 1> 모델 1의 적용결과

	Himmelblau	Gabriete	Homaifar et. al.	HGA	Type of variables
X <sub>1</sub>	78.000	78.620	81.490	78.003	Continuous
X <sub>2</sub>	33.000	33.440	34.090	33.034	"
X <sub>3</sub>	29.995	31.070	31.240	27.108	"
X <sub>4</sub>	45.000	44.180	42.200	44.915	"
X <sub>5</sub>	36.776	34.370	34.370	44.931	"
F(x)	-30665.5	-30373.950	-30182.296	-31017.086	

**4. 사례연구**

본 연구에서 개발된 HGA의 우수성을 보이기 위하여 기존의 관련 연구문헌에서 비선형최적화 문제와 공학설계에서 많이 응용되어지고 있는 코일 스프링(coil spring) 최적 설계문제를 이용하겠다.

**(1) 사례모델 1**

Minimize  $F(x) =$

$$5.3578547X_3^2 + 0.8356891X_1X_5 + 37.293239X_1 - 40792.141$$

Subject to

$$0 \leq 85.334407 + 0.0056858X_2X_5 + 0.00026X_1X_4 - 0.0022053X_3X_5 \leq 92$$

$$20 \leq 9.300961 + 0.0047026X_3X_5 + 0.0012547X_1X_3 + 0.0019085X_3X_4 \leq 25$$

집단으로 탐색을 실시하지만 초기 집단을 랜덤하게 생성하기 때문에 국소수렴되어 기존의 국소최적화 기법보다도 더 나쁜 결과가 도출되었다. 즉 비트표현법을 적용한 유전알고리즘의 경우 실수발생을 위해 정밀도를 주게 되지만 설계자가 설계변수의 정밀도를 어떻게 주며, 초기집단이 어떻게 형성되느냐에 따라 해가 상당히 차이가 나게된다. 하지만 HGA는 초기의 집단을 형성할 때 기존의 비트발생 유전알고리즘과 같이 임의로 랜덤하게 생성하는 것이 아니라 먼저 랜덤탐색법을 이용해 국소최적점으로 해를 이동시킨후, 여기에서 수렴된 개체들을 유전알고리즘의 집단으로 생성하여 탐색을 실시하며, 유전알고리즘의 수행후 수렴해 주위의 정밀탐색을 실시하기 때문에 유전알고리즘만을 적용할 때 보다 더 우수한 결과를 얻을 수 있었다고 분석된다.

**(2) 사례모델 2**

공학설계에서 많이 사용되는 코일 스프링(coil spring)은 기계구조의 설계에서 중요한 부품으로

Liebman등[12]이 제시했으며 이 문제의 목적함수는 스프링 제작에 사용되는 와이어(wire)의 양을 최소화하는 것으로 여기에는 세 가지의 설계변수가 제시된다, 즉 코일 스프링의 수(N)는 정수변수이며, 굴곡지름(winding diameter: D)은 연속변수이고 와이어의 지름(d)은 이산설계변수값이다. 계산의 편의상 각 설계변수를 다음과 같이 나타낸다.

$$Find \quad X = [N, D, d] = [x_1, x_2, x_3]$$

이상과 같은 조합최적화 문제에 HGA를 적용 (pop\_size:20, p\_c:0.2, p\_m:0.1, creeping\_value: 0.1 gen\_no: 10000)하여 실행한 후 기존의 연구들과 비교·분석한 결과는 <표 3>에 제시되었다.

<표 3> 모델 2의 적용결과

	Sandgran	Wu and Chow	HGA	Type of variables
x <sub>1</sub>	10	9	9	Integer
x <sub>2</sub>	1.180701	1.227411	1.1092	Continuous
x <sub>3</sub>	0.283	0.283	0.263	Discrete
F(X)	2.7995	2.6681	2.0823	

<표 3>을 분석해 보면 Sandgren[13]은 분지한계법(branch and bound)을 이용하였는데 이 기법은 초기출발점을 어떻게 선정하느냐에 따라 탐색 시간이 많이 소모되며 설계변수가 혼합되어 있는 최적화문제의 경우 설계변수를 정확하게 구현하지 못하고 국소수렴되었으며, 기존 유전알고리즘을 이용한 Wu와 Chow[14]의 연구는 Meta-GA기법을 이용하였는데 이 기법 역시 이진비트 적용상의 한계로 인해 최적해 탐색에 문제점이 나타났다. 즉, 연속변수의 탐색범위를 선정할 때 적용하는 정밀도를 설계자의 경험에 의해 임의로 정하기 때문에 이를 잘못 설계하여 조기 수렴한 것으로 분석된다. 그러나 HGA는 설계변수 자체에 어떠한 변형도 가하지 않고 사용하기 때문에 더 우수한 해를 구할 수 있었다고 분석된다.

### 5. 결론

본 연구에서는 국소최적화 기법인 랜덤탐색·점사법과 수렴된 해 주변을 정밀하게 탐색하는 포복법을 혼합한 유전알고리즘(HGA)을 개발했으며, 이를 두가지의 비선형 최적화 문제와 공학설계에서 사용되는 혼합·이산 비선형 문제(mixed-discrete nonlinear problem)에 적용하여 HGA의 우수성을 증명하였다. HGA는 기존의 유전알고리즘 적용시 문제가 되었던 해의 국소수렴현상, 적합도 변환 문제, 벌금함수법 및 정밀도의 적용등을 개선시킨 알고리즘으로 다양한 비선형 최적화문제에 효율적으로 적용가능하리라고 본다.

하지만 HGA 역시 설계자가 경험적으로 정해 주는 gen\_no, pop\_size, p\_c, p\_m, creeping\_value 등의 범위를 어느 정도로 하느냐에 따라 개체의 다양성 및 그 최적해의 수렴속도 등에 영향을 주게 된다. 이러한 이유로 유전 알고리즘에 관계된 모든 값들을 서로 조합적으로 연관을 시켜 실행할 수 있

는 종합적인 체계를 구축하는 것이 앞으로 필요하다고 하겠다.

### 참고문헌

- 1) Gupta, M., Gupta, Y., and Kumar, A., "Minimizing Flow Time Variance in a Single Machine System Using Genetic Algorithm," *European Journal of Operational Research*, Vol. 70, pp. 289-303, 1993
- 2) Hon, K. B. and Chi, H., "A New Approach of Group Technology Part Families Optimization," *Annals of the CIRP*, Vol. 43, 1994. 1
- 3) Goldberg, D., *Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning*, Addison-Wesley, 1989
- 4) Gen, M., Cheng, R. *Genetic Algorithms and Engineering Design*, John Wiley & Sons, pp. 28-30. 1996
- 5) Witzel, A., Evaluation of the Effectiveness of Genetic Algorithms in Combinatorial Optimization, *Technical Report*, University of Pittsburg, Pittsburg, 1983
- 6) Davis, L., *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*, Morgan Kaufman Publishers, Los Altos, 1987
- 7) Ackley, D., *A Connectionist Machine for Genetic Hill Climbing*, Kluwer Academic Publisher, Boston, 1987
- 8) Reeves, C., "Genetic Algorithms and Neighborhood Search," *Evolutionary Computing*, Springer-Verlag, Berlin, pp. 115-130, 1994
- 9) Himmelblau, M., *Applied Nonlinear Programming*, McGraw-Hill, Inc., New York, 1972
- 10) Gabriele, D. and Ragsdell, K. "Large Scale Nonlinear Programming Using the Generalized Reduced Gradient Method," *ASME Journal of Mechanical Design*, Vol. 102, pp. 566-573, 1980
- 11) Homaifer, A., Qi, C., and Lai, S., "Constrained Optimization Via Genetic Algorithms," *Simulation*, Vol. 62, No. 4, pp. 242-252, 1994
- 12) Liebman, J. S., Khachaturian, N., and Chanaratna, V., "Discrete Structural Optimization," *Journal of Structural Division*, ASCE, Vol. 107(ST11), pp. 2177-2197, 1981
- 13) Sandgren, E., "Nonlinear Integer and Discrete Programming in Mechanical Design Optimization," *ASME Journal of Mechanical Design*, Vol. 112, No. 2, pp. 223-229, 1990
- 14) Wu, S. J. and Chow, P. T., "Genetic Algorithms for Nonlinear Mixed Discrete-Integer Optimization Problems via Meta-Genetic Parameter Optimization," *Engineering Optimization*, Vol. 24, pp. 137-159, 1995