

# 유전자 알고리즘을 이용한 ARMAX 모델의 시스템 식별

정경권\*, 권성훈\*, 이정훈\*, 엄기환\*

\*동국대학교 전자공학과

## System Identification of ARMAX Model using the Genetic Algorithm

Kyung-kwon Jung\*, Sung-hoon Kwon\*, Jung-hoon Lee\*, Ki-hwan Eom\*

\*Dept. of Electronic Eng., Dongguk University

E-mail : kwon@cakra.dongguk.ac.kr

### 요약

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하는 새로운 시스템 식별 방식을 제안한다. 제안 한 방식은 ARMAX 모델을 이용하여 비선형 시스템을 파라미터 벡터와 측정 벡터로 나누고, 파라미터 벡터를 유전자 알고리즘을 이용하여 최적의 값을 구하여 ARMAX 모델의 파라미터를 조정한다. 기존의 Narendra의 4가지 식별 모델을 대상으로 시뮬레이션하여 제안한 식별 방식의 유용성을 확인하였다.

### Abstract

In this paper, we propose a nonlinear system identification method using the genetic algorithm. We represent the nonlinear system as a parameter vector and a measurement vector of ARMAX model. In order to identify the nonlinear system, we find the parameter vector using the genetic algorithm. The parameter vector is regarded as a chromosome of gene. The error between the desired output and estimated output every sampling period is used to calculate the fitness of one gene. The simulation results showed the effectiveness of using the genetic algorithm in the nonlinear system identification.

### I. 서 론

시스템 식별은 관측된 데이터를 이용하여 시스템의 수학적 모델을 세우는 것이다. 1973년 K. J. Astrom은 시스템을 표현하기 위한 선형 이산화 모델을 제안하고, 미지의 시스템 입·출력에 대한 데이터를 이용하여 선형 이산화 모델에 대한 파라미터를 식별하고, 식별된 파라미터를 갖는 선형 이산화 모델에 대한 제어기를 설계하였다[1][2]. 설계된 제어 방식에서 파라미터 식별 방식은 반복 최소 자승법을 이용하여 각 샘플링 시간에서의 입·출력 데이터를 이용하여 시스템 파라미터를 식별하고, 이 식별된 파라미터를 설계된 제어 기에서 이용하는 자기 동조 적응 제어 (Self-Tuning Adaptive Control : STAC) 방식을

제안하였다. 이러한 시스템 식별 이론에 의한 제어 방식은 시스템 모델이 부정확하거나 미지의 파라미터를 갖는 경우 최소한의 구조적인 지식만을 가지고도 만족할 만한 제어 성능을 가질 수 있다. 그 후 시스템 식별에 대한 연구는 1979년 D. W. Clarke와 P. J. Gawthrop, 1987년 L. Ljung, 1989년 T. Soderstrom과 P. Stoica, 1990년 I. D. Landau 등에 의하여 연구가 진행되어 왔다 [3][4][5][6].

최근에는 시스템 식별이나 제어기 설계에서 지능적인 신경회로망이나 퍼지, 유전자 알고리즘에 관한 연구가 진행되고 있다. 그 중에서 유전자 알고리즘은 1970년대에 미국의 John Holland에 의해 정립된 이론으로 자연선택의 원리와 자연계의 유전학에 근거한 최적해 탐색 방법이다. 일반적으

로 유전자 알고리즘은 전역적(global) 최적해를 발견할 높은 가능성과 목적함수에 대한 수학적 제약이 거의 없기 때문에 최적화 문제, 적응적 탐색과 학습, 분류 시스템, 신경회로망의 학습 문제, 퍼지 규칙 베이스의 자동 생성 등의 여러 응용분야에 적용되고 있다[8][9].

자연계에 있는 생물의 진화 과정에 있어서 어떤 세대(generation)를 형성하는 개체(individual)들의 집합, 즉 개체군(population) 중에서 환경에 대한 적합도(fitness)가 높은 개체가 높은 확률로 살아남아 재생산(reproduction)할 수 있게 되며, 이때 교배(crossover) 및 돌연변이(mutation)를 거쳐 다음 세대의 개체군을 형성한다[8][9][10].

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하는 새로운 시스템 식별 방식을 제안한다. ARMAX (Auto-Regressive Moving Average with eXogenous input) 모델을 이용하여 비선형 시스템을 파라미터 벡터와 측정 벡터로 나누고, 파라미터 벡터를 유전자 알고리즘을 이용하여 최적의 값을 구하여 ARMAX 모델의 파라미터를 조정한다. K. S. Narendra와 K. Parthadarathy가 제안한 4가지의 식별 모델[7]에 대하여 시뮬레이션하여 제안한 식별 방식의 유용성을 확인한다.

## II. 제안한 시스템 식별 방식

식별하고자 하는 단일 입력-단일 출력 비선형 시스템을 모형화하기 위하여 식(1)을 식(2)와 같이 ARMAX 모델로 표현한다[6].

$$y(k+1) = f(y(k), y(k-1), \dots, y(k-n+1); u(k), u(k-1), \dots, u(k-m+1)) \quad (1)$$

$$\begin{aligned} y(t) = & - \sum_{i=1}^n a_i y(t-i) + \sum_{i=1}^m b_i u(t-d-i) \\ & + \sum_{i=1}^n c_i e(t-i) + e(t) \end{aligned} \quad (2)$$

$u(k)$ 와  $y(k)$ 는 샘플링  $k$ 순간에 시스템의 입력과 출력이고,  $e(t)$ 는 오차,  $a$ 는 지연시간이다.

식(2)를 간단히 하기위하여  $n=1$ ,  $m=2$ 로 하면 식(3)과 같고,

$$\begin{aligned} y(t+1) = & - a_1 y(t) + b_1 u(t) + b_2 u(t-1) \\ & + c_1 e(t) + e(t+1) \end{aligned} \quad (3)$$

오차는 식(4)와 같으며,

$$\begin{aligned} y(t+1) - \hat{y}(t+1) &= e(t+1) \\ y(t) - \hat{y}(t) &= e(t) \end{aligned} \quad (4)$$

여기서  $\hat{y}$ 는 식별기에서 식별된 값이다. 식(4)를 식(3)에 대입하면 식(5)와 같이 된다.

$$\begin{aligned} \hat{y}(t+1) = & - a_1 y(t) + b_1 u(t) + b_2 u(t-1) \\ & + c_1 e(t) \end{aligned} \quad (5)$$

ARMAX 모델의 파라미터를 식별하기 위하여 시스템의 파라미터 벡터(parameter vector)  $\theta$ 와 측정 벡터(measurement vector)  $\Phi$ 를 식(6)과 같이 정의한다.

$$\theta(k) = [-a_1(k) \ b_1(k) \ b_2(k) \ c_1(k)]^T$$

$$\begin{aligned} \Phi(k-1) = & [y(k-1) \ u(k-1) \\ & u(k-2) \ e(k-1)]^T \end{aligned} \quad (6)$$

따라서 식(3)은 파라미터 벡터와 측정 벡터를 이용하여 식(7)로 되고, 시스템에 대한 식별 출력은 식(8)과 같다.

$$y(k) = \theta^T(k) \cdot \Phi(k-1) \quad (7)$$

$$\hat{y}(k) = \theta^T(k) \cdot \Phi(k-1) \quad (8)$$

파라미터 벡터를 그림 1과 같이 32비트의 스트링으로 표현하고, 식(9)를 적합도 함수로 하여 유전자 알고리즘을 적용한다.

$$Fitness = \frac{1}{1 + \sum_{i=1}^k [y(i) - \hat{y}^T(k) \cdot \Phi(i-1)]^2} \quad (9)$$

32	31	...	25	24	23	...	17	16	15	...	9	8	7	...	1
$a_1$			$b_1$				$b_2$				$c_1$				

그림 1. 파라미터 벡터 표현

즉 시스템 출력과 모델 출력의 오차 차승합이 최소가 되도록하는 파라미터를 찾는 것이다.

식(1)에서 비선형 함수  $f(\cdot)$ 는 식별하는 시스템에 따라서 K. S. Narendra와 K. Parthadarathy가 제안한 4개의 이산차분 모델로 나누어 고려한다[7].

**Model I :**

$$y(k+1) = \sum_{i=0}^{m-1} \alpha_i y(k-i) + g[u(k), u(k-1), \dots, u(k-m+1)] \quad (10)$$

**Model II :**

$$y(k+1) = f[y(k), y(k-1), \dots, y(k-n+1)] + \sum_{i=0}^{n-1} \beta_i u(k-i) \quad (11)$$

**Model III :**

$$y(k+1) = f[y(k), y(k-1), \dots, y(k-n+1)] + g[u(k), u(k-1), \dots, u(k-m+1)] \quad (12)$$

**Model IV :**

$$y(k+1) = f[y(k), y(k-1), \dots, y(k-n+1); u(k), u(k-1), \dots, u(k-m+1)] \quad (13)$$

여기서  $0.3y(k) + 0.6y(k-1)$ 은 시스템의 알려진 선형 부분이고,  $g[u(k)]$ 는 식(15)로 표현되는 시스템의 비선형 부분이다.

$$g[u(k)] = 0.6\sin(\pi u(k)) + 0.3\sin(3\pi u(k)) + 0.1\sin(5\pi u(k)) \quad (15)$$

시스템을 식별하기 위한 직-병렬 모델은 식(16)으로 된다.

$$\hat{y}(k+1) = 0.3y(k) + 0.6y(k-1) + \hat{g}[u(k)] \quad (16)$$

시스템과 모델에 가해진 입력 신호는 식(17)과 같다.

$$u(k) = \sin\left(\frac{2\pi k}{250}\right) \quad (17)$$

$\hat{g}[u(k)]$ 는 식(18)과 같은 입력 신호 정보를 가지고 유전자 알고리즘을 이용하여 식별하였다. 식별 특성 곡선은 그림 3과 같다.

$$\hat{\theta}(k) = [b_1 \ b_2 \ b_3 \ b_4]^T \quad (18)$$

### III. 시뮬레이션

K. S. Narendra와 K. Parthadarathy가 제안한 4개의 이산 차분 모델을 가지고 각각의 식별에 관련된 부분을 간단히 식(3)과 같은 ARMAX 모델로 나타나고, ARMAX 모델의 파라미터를 8비트 씩 32비트 스트링으로 표현하였다. 유전자 알고리즘에서 개체군은 10개, 교배 확률  $P_c$ 는 0.95, 돌연변이 확률  $P_m$ 은 0.01로 설정하였다. 진화 세대수는 20세대이고, 시스템 식별 모델은 그림 2와 같은 직-병렬 모델로 구성하였다.

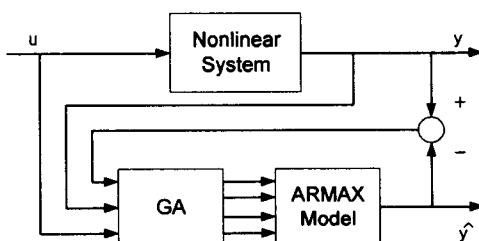


그림 2. 제안한 시스템 식별

#### 1. Model I

식별하고자 하는 시스템은 식(14)와 같다.

$$y(k+1) = 0.3y(k) + 0.6y(k-1) + g[u(k)] \quad (14)$$

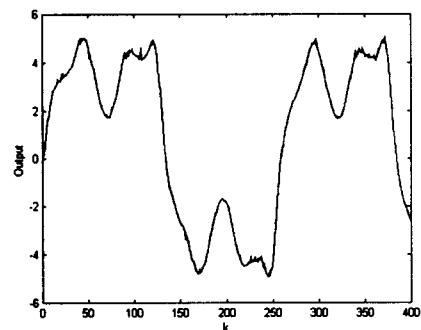


그림 3. Model I의 식별 특성

그림 3에서와 같이 오차가 작고, 시스템 식별 성능이 우수하다.

#### 2. Model II

식별하고자 하는 시스템은 식(19), 식(20)과 같이 표현된다.

$$y(k+1) = f[y(k), y(k-1)] + u(k) \quad (19)$$

$$f[y(k), y(k-1)] = \frac{y(k)y(k-1)[y(k)+2.5]}{1+y^2(k)+y^2(k-1)} \quad (20)$$

시스템을 식별하기 위한 직-병렬 모델은 식(21)과 같다.

$$\hat{y}(k+1) = \hat{f}[y(k), y(k-1)] + u(k) \quad (21)$$

입력신호는 식(22)와 같다.

$$u(k) = \sin\left(\frac{2\pi k}{25}\right) \quad (22)$$

$\hat{f}[y(k)]$ 는 식(23)과 같이 출력 신호 정보를 가지고 유전자 알고리즘을 이용하여 식별하였으며, 식별 특성 곡선은 그림 4와 같다.

$$\hat{\theta}(k) = [-a_1 -a_2 -a_3 -a_4]^T \quad (23)$$

그림 4에서 초기에 불안정한 구간이 나타나지만 좋은 식별 성능을 알 수 있다.

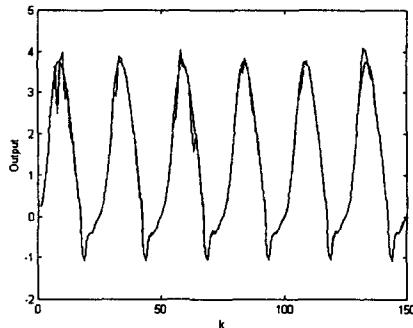


그림 4. Model II의 식별 특성

### 3. Model III

식별하고자 하는 시스템은 식(24), 식(25), 식(26)과 같이 표현된다.

$$y(k+1) = f[y(k)] + g[u(k)] \quad (24)$$

$$f[y(k)] = \frac{y(k)}{1+y^2(k)} \quad (25)$$

$$g[u(k)] = u^3(k) \quad (26)$$

시스템을 식별하기 위한 직-병렬 모델은 식(27)과 같다.

$$\hat{y}(k+1) = \hat{f}[y(k)] + \hat{g}[u(k)] \quad (27)$$

입력신호는 식(28)과 같다.

$$u(k) = \sin\left(\frac{2\pi k}{25}\right) + \sin\left(\frac{2\pi k}{10}\right) \quad (28)$$

출력 신호 정보를 이용하여  $\hat{f}[y(k)]$ 를, 입력 신호 정보를 이용하여  $\hat{g}[y(k)]$ 를 식별하였다. 스트링 표현은 식(29)과 같고, 식별 특성 곡선은 그림 5와 같다.

$$\hat{\theta}(k) = [-a_1 -a_2 b_1 b_2]^T \quad (29)$$

두 가지 정보를 이용하여 시스템을 식별한 경우 그림 5에서와 같이 우수한 식별 성능을 확인하였다.

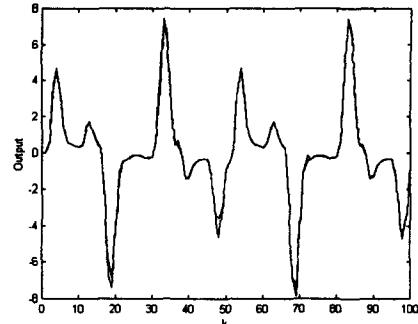


그림 5. Model III의 식별 특성

### 4. Model IV

식별하고자 하는 시스템은 식(30), 식(31)과 같이 표현된다.

$$y(k+1) = f[y(k), y(k-1), y(k-2), u(k), u(k-1)] \quad (30)$$

$$\begin{aligned} f[y(k), y(k-1), y(k-2), u(k), u(k-1)] \\ = \frac{y(k)y(k-1)y(k-2)u(k)[y(k-2)-1]+u(k)}{1+y^2(k-2)+y^2(k-1)} \end{aligned} \quad (31)$$

식(31)은 완전히 알려지지 않은 비선형 함수로 구성되고, 이 시스템을 식별하기 위한 직-병렬 모델은 식(32)와 같다.

$$\hat{y}(k+1) = \hat{f}[y(k), y(k-1), y(k-2), u(k), u(k-1)] \quad (32)$$

입력신호는 식(33)과 같다.

$$u(k) = \sin\left(\frac{2\pi k}{250}\right) \quad (33)$$

입·출력 정보를 이용하여 식(34)와 같이 스트링을 표현한다. 식별 특성 곡선은 그림 6과 같다.

$$\hat{\theta}(k) = [-a_1 b_1 b_2 c_1]^T \quad (34)$$

비선형 시스템에 관한 정보가 없을 때에 그림 6에서와 같이 변화부분에서 오차가 발생하였지만 좋은 식별 성능이 나타난다.

## 참 고 문 현

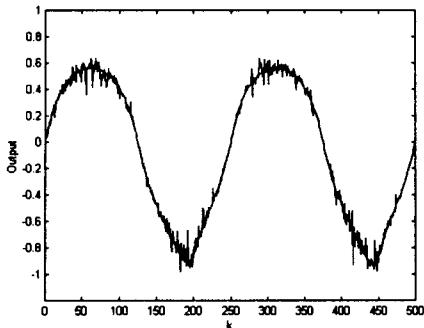


그림 6. Model IV의 식별 특성

## IV. 결 론

본 논문에서는 비선형 시스템의 식별을 위해 새로운 방식을 제안하였다. 제안한 방식은 비선형 시스템을 ARMAX 모델로 표현하고, 표현된 모델의 파라미터를 유전자 알고리즘으로 진화를 통해 최적의 값을 구하는 방법이다. ARMAX 모델의 4 개의 파라미터 벡터를 32비트의 스트링에 매핑시킨 후 유전자 알고리즘으로 시스템의 변화에 적응하는 값을 진화에 의해 구하였다. 생물의 진화 과정처럼 각 개체의 적합도를 판정하여 우수한 개체는 다음 세대로 진화시키고 그렇지 못한 개체는 도태시킨다.

제안된 방식의 유용성을 확인하기 위하여 이산 차분 모델로 표현되는 4가지 비선형 식별 모델에 대해서 시뮬레이션한 결과 알려지지 않은 비선형 시스템 모델인 Model IV의 경우는 변화 부분에서 오차가 발생하였으나, 입력 신호 정보나 출력 신호 정보만 알고 있는 Model I, II의 경우와 입력 신호와 출력 신호가 분리되었다는 정보만을 알고 있는 Model III의 경우에 좋은 식별 성능을 나타냄을 확인하였다.

- [1] K. J. Astrom and B. Wittenmark, "On Self Tuning Regulators," *Automatica*, vol.9, pp.185-199, 1973.
- [2] K. J. Astrom and B. Wittenmark, "ADAPTIVE CONTROL," Addison-Wesley Publishing Company, 1989.
- [3] D. W. Clarke and P. J. Gawthrop, "Self-Tuning Control," *Proc. Inst. Elec. Eng.*, vol.126, pp.633-640, June, 1979.
- [4] L. Ljung, "SYSTEM IDENTIFICATION - Theory for the User," A division of Simon & Schuster Englewood Cliffs, 1987.
- [5] T. Soderstrom and P. Stoica, "System Identification," Prentice Hall Inc., 1989.
- [6] I. D. Landau, "SYSTEM IDENTIFICATION AND CONTROL DESIGN," Prentice Hall Inc., 1990.
- [7] K.S. Narendra, K. Parthadarathy, "Identification and Control of Dynamical Systems using Neural Networks," *IEEE Trans. on Neural Networks*, vol.1, no.1, pp.4-27, 1990.
- [8] Holland, J.H., "Adaptation in Natural and Artificial Systems," University of Michigan Press, 1975.
- [9] Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning," Addison-Wesley, 1992.
- [10] Man, Tang, Kwong, Halang, "Genetic Algorithms for Control and Signal Processing," Springer, 1997.