

변형된 DNA 코딩 방법을 이용한 이중 도립진자 제어기의 퍼지 추론규칙 자동획득

윤성용, 한일석*, 오성권*, 안태천*

*원광대학교 공과대학 전기전자공학부(Tel : +82-653-850-6344, Fax : +82-653-853-2196, E-mail : toahn@wonnms.wonkwang.ac.kr

Automatic Acquisition of Fuzzy Reasoning Rules for Double Inverted Pendulum Controller Using Modified DNA coding method

SungYong Yun, IISuk Han*, SungKwun Oh*, TeaChon Ahn*
*Dept. of Control and Instrumentation Eng., Wonkwang University

Abstract - 본 논문에서는 생물학적인 DNA와 유전자 알고리즘의 진화 메커니즘에 근거를 둔 DNA 코딩방법을 변형하여 새로운 DNA 코딩 방법을 제안한다. 이 방법은 기존의 DNA 코딩방법이 DNA 유전자의 Redundancy와 Over-lapping 성질 때문에 갖고 있는 DNA 자체의 특성인 염색체의 길이를 자유자재로 변화시킬 수 있는 코딩 기술에 진화단계에서 변형을 가할 수 있는 새로운 유전자 알고리즘을 추가하여, 초기에 국소해로 접근하는 일반적인 유전자 알고리즘의 위험 부담률을 줄이고, 전역해로의 접근 가능성을 높이는 방법을 제시한다.

또한, 이 변형된 DNA 코딩 방법의 가능성을 입증하기 위하여 시스템 제어에 필요한 지식을 표현하는 적당한 퍼지 규칙을 후진부의 매개변수의 동조만을 통하여 획득하고, 이 규칙에 변형된 DNA 코딩 방법을 적용하여 최적화 된 새로운 퍼지규칙 획득 알고리즘을 개발한다. 제안된 알고리즘을 이용한 퍼지 제어기를 설계하고, 이 제어기의 유용성을 입증하기 위하여 병렬형 이중 도립진자 시스템에 적용하여 시뮬레이션을 실행한 결과 효과적으로 퍼지규칙을 획득하고 제어함을 알 수 있다.

1. 서 론

L. Zadeh[5]가 퍼지이론을 제안하고, Mandani[7]가 퍼지이론을 시스템 제어에 응용한 이래로, 임의의 실제 시스템을 퍼지로 제어하기 위하여 제어규칙을 구하는 방법에 대한 연구가 계속되고 있다. 이를테면 전문가의 경험이나 제어공학자의 지식을 이용하여 규칙을 구하는 방법, 제어 조작자의 동작을 모델링함으로써 구하는 방법, 제어대상에 대한 퍼지 모델을 구하고 퍼지시스템 이론을 적용하거나 시뮬레이션을 통해 구하는 방법[8], 그리고 자기 구성 제어기에서와 같이 학습에 의하여 규칙을 얻는 방법[4] 등이 그것이다. 지금도 많은 연구자들이 새로운 방법을 찾아 무단히 노력하고 있는 실정이다.]

에매함을 효율적으로 나타낼 수 있는 퍼지이론의 언어적인 표현인 퍼지 제어규칙을 쉽게 얻을 수 있다면 상당히 유용한 것이다. 더욱이 퍼지 제어기를 설계함에 있어서 가장 어려운 부분인 핵심 부분인 퍼지규칙 부분을 자동으로 그리고 최적으로 생성할 수 있다면 효과적인 퍼지 제어기의 설계에 크게 기여할 것으로 생각된다.[3]

한편, J. Holland[6]가 생물에 내재된 유전과 진화라는 복잡한 메커니즘을 추상적으로 재구성하여 적응이나 학습에 유용한 유전자 알고리즘이라는 일종의 최적적 계산기법을 제안한 이래, 전 공간적 탐색법인 이 유전자 알고리즘은 미분이 불가능한 함수의 경우에는 적용이 불가능한 기존의 방법들 대신에 최적화 문제를 용이하게 해결하였다. 그후, E. Sanchez[1]과 L. M. Adleman[2]는 유전인자 DNA 구조를 이용한 소프트 컴퓨팅(Soft Computing)을 연구하였고, T. Yoshikawa, et.al.[3]은 이 개념을 최적화 문제에 이용하기 위하여 DNA 코딩 방

법을 제안하고 이를 퍼지 제어에 적용시키려는 연구를 하고 있다. DNA 코딩 알고리즘은 유전자 알고리즘의 경직된 구조를 탈피하여 좀더 언어적인 표현의 다양한 적용을 가능하게 하였다. 그러나 이 두 알고리즘만은 근사해로 만족해야만 하는 확률론에 기반을 두고 있는 진화방법으로 인하여 국부해로의 조기 수렴이라는 문제점을 여전히 안고 있다. 유전자 알고리즘의 단순한 도태와 증식과정을 행할 경우 집단의 평균치는 향상되지만 근본적인 국소해 조기수렴이라는 문제가 해결되지 않는다. 이것은 초기집단의 최적치 이상의 해를 발견할 수 없다는 데 원인이 있다. 이를 극복하기 위하여 진화방법에서 보통 교차와 돌연변이 과정을 시행하게 되나, 이것 역시 고정길이 교차나 한 점의 돌연변이로는 국소해에서 벗어나는 데는 한계가 있다. 특히, DNA 코딩방법과 같은 2진수 코딩이 아닌 4진수 코딩에 있어서는 더욱 그러하다.

본 연구에서는 생물학적인 DNA와 유전자 알고리즘의 진화 메커니즘에 근거를 둔 DNA 코딩 알고리즘을 변형시킨 새로운 DNA 코딩방법을 제시한다. 즉, 이 방법은 기존의 DNA 코딩방법이 기본적인 유전자 진화과정으로 갖고 있는 도태와 증식부분에 재생산이라는 과정을 추가함으로써 초기집단이 진화과정 전체에 대해서 미치는 영향을 줄이고 새로운 집단이 가질 수 있는 가능성을 증가시키는 방법을 제안한다. 또한, 전역적 탐색법으로서 초기 값에만 의존하지 않고 매 세대 새로운 지점으로부터 탐색을 가능하게 하는 방법을 제시한다. 또한, 이 변형된 DNA 코딩 방법의 가능성을 입증하기 위하여 시스템 제어에 필요한 지식을 표현하는 적당한 퍼지 규칙을 후진부의 매개변수의 동조만을 통하여 획득하고, 이 규칙에 변형된 DNA 코딩 방법을 적용하여 최적화 된 새로운 퍼지규칙 자동생성 알고리즘을 개발한다. 제안된 알고리즘을 이용한 퍼지 제어기를 설계하고, 이 제어기의 유용성을 입증하기 위하여 병렬형 이중 도립진자 시스템에 적용하고 시뮬레이션을 실행하여 효과적으로 퍼지규칙을 획득하고, 제어됨을 보일 것이다. 그리고 이 변형된 DNA 코딩방법을 기존 DNA 코딩방법과 성능을 비교하여 제안된 방법의 가능성과 우수성을 퍼지 제어를 통하여 입증할 것이다.

본 논문에서는 비선형 제어모델의 대표적인 예인 이중 도립진자 모델에 대한 퍼지제어에 관한 연구와 그 고찰에 대해 서술할 것이다.

2. 변형된 DNA 코딩방법

2.1 DNA 코딩방법

본 논문에서는 DNA로부터 퍼지 규칙 집합이 번역되고 GA로 진화하는 두 방법의 결합을 제시한다.

먼저 DNA 번역법을 살펴보면 각각의 염색체들은 A, G, C, T의 네 개의 단위로 구성되어 있고 이들의 연속된 세 개의 배열, 즉 앞에서 밝힌 Codon의 단위로 번역을 시작한다. 번역된 Codon들은 각각의 의미를 가지며 유

전자의 내용은 이 의미들의 결합에 의해 규정된다. 이들 Codon은 입력 변수나 소속함수의 형태 또는 기타 다른 것들로 변환될 수 있다. Codon의 순서는 퍼지 규칙을 만든다. 여기에서 DNA 염색체는 병렬형 도립전자 제어를 위한 퍼지 규칙의 집합을 만든다.

일반적으로 GA는 코딩을 함에 있어서 문제에 대해 명확하고 빈틈이 없이 짜여진 고안을 하여 이들이 여분의 부분을 가지지 않게 하기 위한 방법으로 보통 사용되었다. 즉 처음부터 순서대로 해석되고 평가되어 진화되었다.

이에 반하여 DNA 코딩방법은 좀더 여유 있고 융통성 있는 해석방법을 택했다. 그림 2.1과 2.2는 이와 같이 DNA가 진화하는 순서를 보여준다. 그림 2.1은 DNA 염색체의 예와 변환 메커니즘을 보여준다. 이 그림에서 유전자는 시작 Codon ATG로부터 시작하고 종료 Codon TAG에서 끝나며 그 사이의 내용이 정해진 의미로 해석된다. DNA의 메커니즘에 의하여 시작점은 다른 Codon으로부터 이동할 수 있고 어떤 유전자들은 다른 유전자와 중복되어 변환될 수 있다. 그림 2.1은 이러한 중복된 표현을 보여주며 그림에서 Gene 4는 Gene 3과 마찬가지로 DNA 염색체로부터 중복되어 읽을 수 있다.

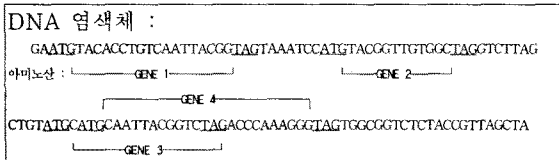


그림 2.1 염색체의 변환과 유전자의 중복

그림 2.2는 GA의 진화 메커니즘에 따른 DNA 개체들의 교차와 돌연변이의 예를 보여준다. 이들 일련의 연산은 보통의 GA와 같으나 DNA 구조의 상이함에 의해 형태나 방식이 조금 다르다. 교차점으로부터 오른쪽은 교체되고 새로운 Gene 4', Gene 5가 생성된다. 이 방법에서 교차점에 따라서 유전자는 완전히 바뀔 수 있다. 여기에서 교차점을 강제적으로 정하지는 않는다. 그림 3(b)는 돌연변이의 예를 보여준다. 그림에서 가리켜진 하나의 염기는 T에서 G로 바뀌었다. 결과에 따르면 Gene1은 Gene'1로 바뀌었다. 또한 이 교체에 의해 시작 Codon ATG는 새로이 생성되고 새로운 Gene 6이 생성되었다.

DNA 코딩방법의 특징[4]을 정리하자면 먼저 다양한 형태의 지식의 융통성 있는 언어적 표현이 가능하다는 점이고 둘째 코딩시 여분과 중복의 설정이 가능하고 이에 따라 염색체의 길이가 가변적이며 교차점을 항상 강제적으로 정해지지 않아도 된다는 점이다.

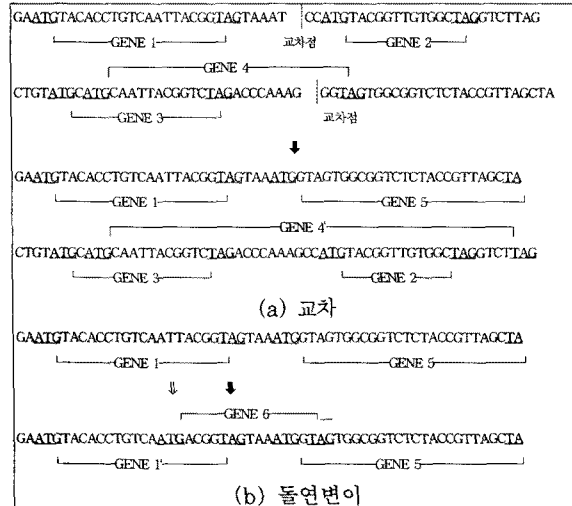


그림 2.2 교차와 돌연변이

결론적으로 말할 때 DNA 코딩방법은 일종의 번역법이라 할 수 있다. 단지 짝 짜여진 틀에 의해서만 번역되고 조작될 수 있는 기존의 GA에 비해 보다 여유로운 구성과 해석이 가능하다. 그러나 이것이 전부일 수는 없고 최적화를 위한 탐색법으로 사용하기 위해서는 유전자의 진화 알고리즘과 결합하여야 한다.

2.2 변형된 DNA 코딩방법

일반적으로 GA나 DNA 알고리즘은 공통된 진화방법을 가진다. 먼저 초기 개체를 생성하고 이를 평가한 후 일정한 비율로 도태를 시킨 다음 증식과 상위개체 보존 그리고 교차와 돌연변이의 과정을 거치게 된다. 그러나 이 방법은 초기집단의 영향력이 상당한 세대에 미치게 된다. 보통은 교차와 돌연변이 비율을 조작함으로써 이 영향력을 벗어나려는 시도를 하게되지만 주로 2진법에 의존하는 GA와는 달리 4진법을 사용하는 DNA 코딩방법은 단순한 교차나 돌연변이에 의한 영향력이 GA에 비해 약해지게 된다. 따라서 국소해로의 조기 수렴에 대한 문제가 발생할 가능성이 높아지게 된다. 국소해로 수렴할 경우 유전자 형태를 가진 알고리즘이 가진 최적화 기능이 만족스럽지 못할 것은 당연하다. 따라서 이 문제를 해결하고자 진화과정에 변형을 가해야만 한다. 본 논문에서 제안한 방법은 도태시킨 개수에 대한 증식과정에 변형을 가한 것인데 상위집단이나 다음 세대로 이어진 다른 개체들을 무작위 또는 적합도의 순서에 따라 복제하는 것이 아니라 일정한 비율로 새로운 개체군을 생성시키는 것이다. 매 세대마다 새로운 개체를 생성하고 그 가능성을 평가함으로써 매번 새로운 시작점을 가지게 하여 전역적 탐색법의 장점을 살리고 국소해로의 수렴 가능성을 가진 초기 생성된 개체 집단의 영향력을 줄이게 하는 것이다.

3. 병렬형 이중도립전자

3.1 병렬형 이중도립전자 모델

병렬형 이중도립전자 모델이란 대차 위에 진자 2개가 병렬로 달려있는 것을 말한다. 이 모델은 대차를 조작함에 의해서 2개 모두 도립상태에서 안정화시키는 것을 목적으로 한다. 그림과 같이 왼쪽의 진자(긴 쪽)을 제 1진자, 오른쪽의 진자(짧은 쪽)을 제 2진자로 한다. 병렬형 도립진자의 제어에 있어서 주의할 점은 2개의 진자 길이가 같다면 제어할 수 없기 때문에 다른 길이의 진자를 설정한다는 점이다. 길이가 다르다면 각각 진자의 흔들리는 방향이 다르기 때문에 이 차이를 이용해서 2개 모두 도립상태에서 안정시킬 수 있다. 대차의 움직임에 대해서 긴 진자를 둔감하게 짧은 진자는 민감하게 반응하기 때문에 긴 쪽의 진자가 너무 기울어지면 제어가 불가능해진다. 따라서 진자를 도립 시킬 때 진자 1(긴 쪽)의 우선도를 크게 할 필요가 있다.

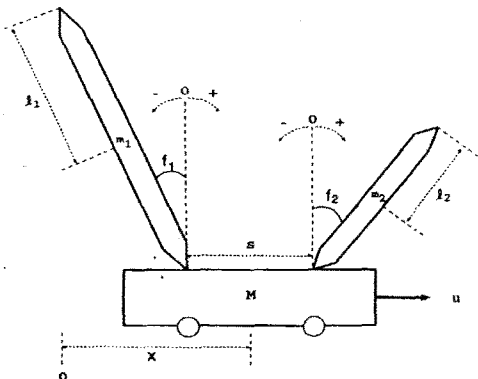


그림 3.1 병렬형 이중도립전자

3.2 운동방정식

자연과학이나 공학의 여러 가지 현상을 수학적으로 다루기 위해서는 우선 그 현상을 지배하고 있는 법칙을 수학적으로 표현할 필요가 있다. 그 표현 방식으로서 대표적인 것이 미분방정식에 의한 표현이다.

본 연구의 제어대상인 이중도립진자는 제어하기 위한 입력으로서 진자의 각도를 취급한다. 이 경우에 문제가 되는 것은 진자의 각속도나 각가속도 또한 대차의 속도나 가속도이다. 이들은 각도나 위치를 1계 미분 또는 2계 미분한 것이기 때문에 미분방정식, 즉 도립진자의 운동방정식을 세우고 그것을 해석할 필요가 있다. 보통 도립진자의 수평방향의 힘의 균형과 수직방향의 힘의 균형을 토대로 진자의 각도에 관한 운동방정식과 대차의 위치에 관한 운동방정식을 유도해내지만 여기에서는 도립진자의 에너지를 함수로 취급하고 그들을 Lagrange 방정식에 대입해서 운동방정식을 구한다.

병렬형 이중도립진자계의 운동방정식은 다음과 같다.

$$\ddot{\theta}_1 = \frac{a\ddot{f}_1 + \beta\ddot{f}_2 + \gamma\dot{f}_1 + \delta\dot{f}_2 + \epsilon\dot{x} + \zeta u + \eta}{\theta}$$

$$\ddot{\theta}_2 = \frac{i\ddot{f}_1 + k\ddot{f}_2 + \lambda\dot{f}_1 + \mu\dot{f}_2 + v\dot{x} + \xi u + o}{\pi}$$

$$\ddot{x} = \frac{\rho\ddot{f}_1 + \sigma\ddot{f}_2 + \tau\dot{f}_1 + \upsilon\dot{f}_2 + \phi\dot{x} + \chi u + \psi}{\omega}$$

4. 모의 실험

본 연구의 목적은 퍼지 제어에 의해서 도립진자를 제어하고 더욱이 그 응답의 개선을 목표로 한 것이다. 따라서 그 평가기준은 최단시간안에 진자를 도립상태로 안정시킬 것인가에 관한 것이다.

먼저 퍼지제어에 이용하는 입출력 변수는 다음과 같다.

입력 : f1 (진자1의 각도)
 $\Delta f1$ (진자 1의 각도변화분)
 f2 (진자 2의 각도)
 $\Delta f2$ (진자 2의 각도변화분)

출력 : u (대차의 조작량)

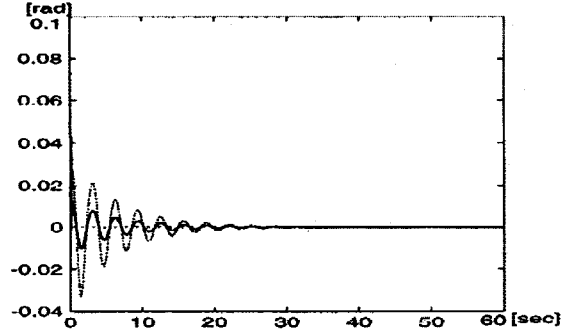
입력변수는 N(Negative)와 P(Positive) 2가지 상태로 표현한다.

상태수를 작게 준 것은 병렬형 도립진자의 제어에서 4가지 입력을 취하기 때문에 상태수를 증가시키면 퍼지규칙 작성시 조합의 수가 너무 방대해지기 때문이다. 단 규칙의 후반부(대차의 조작량)는 NB(Negative Big), NS(Negative Small), ZO(Zero), PS(Positive small), PB(Positive Big)으로 모두 5가지 상태로 나타낸다.

병렬형 이중도립진자의 퍼지제어규칙을 작성할 때 주의할 점은 성질이 다른 규칙이 같이 존재한다는 것이다. 직렬형 이중도립진자의 경우와는 달리 병렬형 이중도립진자에서는 2 개의 진자를 도립시키기 위한 것과 2개의 진자 운동방향을 동일방향으로 하기 위한 2종류의 규칙이 있다. 또 진자 1(긴 쪽)은 대차의 이동에 둔감하지만 진자 2(짧은 쪽)은 대차 이동에 민감하게 반응한다.

병렬형 이중도립진자는 직렬형과는 달리 각각 진자의 운동은 직접적으로 다른 쪽에 영향을 미치지 않는다. 그러므로 2개의 진자 밸런스를 취하는 것이 어렵기 때문에 제어가 불가능해지기 전에 진자의 운동을 엄격히 관리할 필요가 있다.

여기에서는 본 논문에서 제안한 변형된 DNA 코딩 방법을 이용하여 1000세대의 시뮬레이션을 행한 결과 다음과 같은 퍼지 규칙이 얻어졌다.



초기각도 진자 1 : 0.02rad(약 1.1° -----)

진자 2 : 0.1rad(약 5.7° —————)

그림 4.1 병렬형 이중도립진자의 제어결과

5. 결론

본 연구에서는 DNA 코딩 방법을 개선시킨 변형된 DNA 코딩 방법을 이용하여 퍼지규칙을 획득하는 방법을 제안하였다. 여분(Redundancy) 특성과 유전자 중복의 허용성 때문에 지식의 언어적 표현에 적합한 DNA 알고리즘에 변형을 주어 국소해에 조기 수렴하는 위험성을 줄이는 새로운 알고리즘을 만들고, 이를 시뮬레이션 하였다. 통상적인 GA나 DNA 코딩 방법보다 어느 정도 개선된 결과를 얻을 수 있었고 이에 비취 볼 때 병렬형 이중도립진자 제어에 필요한 퍼지 규칙의 획득에 있어 유효성을 가지고 있음이 확인되었다.

기존의 DNA 코딩 방법에 비하여 개선된 원인을 분석하면 매 세대마다 새로운 개체를 생성시킴으로 인하여 새로운 지점으로부터의 탐색이 전역해로의 접근 가능성을 높였다는 것에 있다.

참고 문헌

- [1] Elie Sanchez "DNA Biosoft Computing" 9th Annual Meeting Biomedical Fuzzy Systems Association 15-16/10/1996
- [2] L.M. Adleman, "Molecular Computation of Solutions to Combinatorial Problems", Science, Vol. 266, pp. 1021-1024(11 nov.1994)
- [3] Tomohiro Yoshikawa, Takeshi Furuhashi and Yoshiki Uchikawa, "The Effects of Combination of DNA Coding Method with Pseudo-Bacterial GA". Proceedings of the 1997 IEEE International InterMag '97 Magnetics Conference, 4/01/1997
- [4] T.J. Procyk and E.H. Mamdani, "A linguistic Self-organizing process controller", Automatica, Vol. 15, pp. 15-30, 1979
- [5] L. A. Zadeh, "Fuzzy Sets", Information and Control, Vol. 8, pp. 338-353, 1965
- [6] J. H. Holland, "Adaptation in Natural and Artificial Systems", University of Michigan Press, 1975
- [7] E. H. Mamdani, "Applications of Fuzzy Algorithms for Control of a Simple Dynamic Plant, Proc. IEEE 121, 1585-1588, 1974
- [8] T. Takagi, M. Sugeno, "Fuzzy Identification of Systems and Its Applications to Modeling and control, IEEE SMC-15, No.1 116-132, 1985