

1)클러스터링 기법을 이용한 모바일 로봇 경로계획 알고리즘 설계

강원석, 김진욱, 김영덕, 안진웅, 이동하
 대구경북과학기술연구원 미래산업융합기술연구부

The Design of a Mobile Robot Path Planning using a Clustering method

Won-Seok Kang, JinWook Kim, YoungDuk Kim, Jinung An, Dong-Ha Lee
 Division of Advanced Industrial Science & Technology, DGIST

Abstract - GA(Genetic Algorithm)는 NP-Complete 도메인이나 NP-Hard 도메인 내의 문제들에 대해서 최적의 해를 찾기 위해서 많이 사용되어 지는 진화 컴퓨팅 방법 중 하나이다. 모바일 로봇 기술 중 경로계획은 NP-Complete 도메인 영역의 문제 중 하나로 이를 해결하기 위해서 Dijkstra 등의 그래프 이론을 이용한 연구가 많이 연구되었고 최근에는 GA 등 진화 컴퓨팅 기법을 이용하여 최적의 경로를 찾는 연구가 많이 수행되고 있다. 그러나 모바일 로봇이 처리해야 될 공간 정보 크기가 증가함에 따라 기존 GA의 개체의 크기가 증가되어 계산 복잡도가 높아져 시간 지연 등의 문제가 발생할 수 있다. 이는 모바일 로봇의 장애물 유무로 발생할 수 있다. 공간 정보에는 동적이 장애물들이 예측 불허하게 나타날 수 있는데 이것은 전역 경로 계획을 수립할 때 또한 반영되어야 된다. 본 논문에서는 k-means 클러스터링 기법을 이용하여 장애물 밀집도 및 거리 정보를 기반으로 공간정보를 k개의 군집 공간으로 재분류하여 이를 기반으로 N*M개의 그리드 개체 집단을 생성하여 최적 경로계획을 수립하는 GA를 제시한다.

1. 서 론

모바일 로봇을 위한 경로계획은 로봇이 자율주행에 있어서 가장 중요한 요소 중 하나이다. 경로계획은 로봇이 출발점에서 목표점으로 이동을 할 때 최적의 해를 찾아내는 기술로 계산적 복잡도는 NP-Complete 도메인이나 NP-Hard도메인에 해당된다. 또한 경로계획 시에 정적/동적 장애물의 정보를 인식하여 문제의 해를 풀 수 있는 방법도 요구된다. 경로계획의 문제를 풀기 위해서는 실생활 환경의 데이터 표현 방법(C-space)이 중요한 요소이다. 이를 위해 기존 연구들에서는 보로노이 방법, 그리드 방법 및 쿼드트리 등의 방법들이 많이 연구되었다[1]. 로봇이 작업하는 데이터 표현방법에 따라 A*, 포텐셜필드(Potential filed), 신경망을 이용한 방법 및 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm)을 이용한 방법 등이 다양하게 개발되었다[1,2].

경로계획에는 크게 전역 경로계획과 지역 경로계획 두 가지로 나누는데 전역 경로계획은 일반적으로 고정된 맵에 대한 정보를 기반으로 경로계획을 수립하는 것을 말하고 지역 경로계획은 모바일 로봇이 움직이면서 그 지역에 동적으로 발생하는 장애물들을 회피하면서 경로 계획을 수행하는 것을 말한다. 유전자 알고리즘은 진화 컴퓨팅 분야의 한 부분으로 경로계획과 같은 도메인의 문제에 대해서 복잡한 환경에서의 최적을 해를 찾기 위해 많이 연구되어지고 있다[3-5]. [3]에서는 로봇의 회전정보와 최단 거리를 위해 GA에서 사용하는 염색체 정보를 표현하여 GA를 수행방법을 제시하고 있으며, [4,5]에서는 전통적인 GA 연산자 외에 작업 공간(C-Space)의 지식정보를 이용하여 추가 연산자를 적용하여 GA를 수행하고 있다. 또한 진화 컴퓨팅 방법 중 하나로 개미군집화 알고리즘을 이용한 최단거리 문제 해결 연구도 최근 많이 수행되어지고 있다[6]. 개미군집화 알고리즘은 이동 경로에 축적된 페로몬 정보를 기반으로 경로계획을 수행하는 방법이다. 기존 연구들은 모바일 로봇이 작업하는 공간 크기를 고려하지 않고 단순히 알고리즘 즉 측면에서 접근하여 실제 모바일 로봇에 적용을 하면 계산량이 증가하는 문제점이 있다. 이러한 문제는 모바일 로봇이 연속작업이 오차 유발을 발생시킬 수 있어 잠재적 오류로 발생시킬 수 있다.

본 논문에서는 모바일 로봇이 작업 공간상에서 정적 및 동적 장애물 밀집도에 따라 공간 영역 정보를 재분류하여 이를 기반으로 유전자 알고리즘을 이용하여 경로계획을 수립하는 알고리즘을 제시한다. 여기서 장애물 밀집도에 따른 공간영역 정보의 재분류는 k-means 클러스터링 기법을 이용한다. 여기서 모바일 로봇이 작업하는 공간 정보는 N*M 크기의 그리드 셀 단위로 분류하고 각 셀들은 k개의 군집에 모두 할당한다. 그리고 이를 기반으로 유전자 알고리즘의 염색체를 생성하여 유전 연산자를 수행하여 경로계획을 수행한다.

본 논문에서는 2.1절에서 k-means 기법에 대해서 간단히 먼저 설명하고, 2.2절에서는 경로계획을 수행하기 전에 로봇의 작업공간을 표현하기 위한 데이터 표현 방법을 설명한다. 그리고 2.3절에서는 k-means기반으로 표현된 데이터를 기반으로 수행되는 GA에 대해서 설명한다. 2.4절에서는 기본적 GA 연산자로 수행된 결과에 대해서 설명한다. 마지막 3장에서는 결론 및 향후 계획에 대해서 설명한다.

2. 본 론

1) 본 연구는 교육과학기술부 및 대구경북과학기술연구원 연구개발사업의 일환으로 수행하였음.

2.1 k-means 클러스터링 기법

k-means 클러스터링 기법은 data mining의 군집화 작업에 주로 사용된다. 이 기법은 N개의 속성으로 구성되는 각각의 레코드를 벡터로 표시하여 N차원의 데이터 공간(space)에 나타낼 때, 유사한 특성을 갖는 레코드들은 서로 근접하여 위치한다는 가정에 근거하고 있다. 여기에서 'k'는 k개의 군집을 의미 한다.

- Step 1. k개의 초기 중심점을 선택한다.
- Step 2. 각 개체를 가장 가까운 중심점을 갖는 군집으로 할당한 후 새로운 군집의 중심점을 계산한다.
- Step 3. 각 개체의 할당에 변화가 없을 때까지 위의 단계를 반복하여 최종적으로 i 개의 군집을 형성한다.

2.2 k-means 작업공간(C-Space) 표현

본 절에서는 모바일 로봇이 작업을 수행하는 공간에 대해서 장애물 정보를 군집화하여 경로계획에 활용할 수 있도록 하는 방법에 대해서 설명한다. 그림 1은 모바일 로봇이 경로계획을 위해서 사용하는 맵정보에 대해서 K-means 기법에서 활용하기 위해서 기본적으로 Cell 단위(C_i^d)로 구성하는 것을 나타낸다. 여기서 각 셀에 대해서 장애물 밀집도를 생성한다. 전체 기본 Cell들은 다음과 같이 나타낼 수 있다. Cell에는 d는 장애물 밀집도를 나타낸다. d는 하나의 셀 내에서 pixel 단위를 기반으로 검정색은 장애물, 흰색은 빈 공간으로 표현하여 계산을 한다.

$$\text{Set Cell} = \{ C_i^d \mid i \in N * M, N:\text{Column수}, M:\text{Row수} \}$$

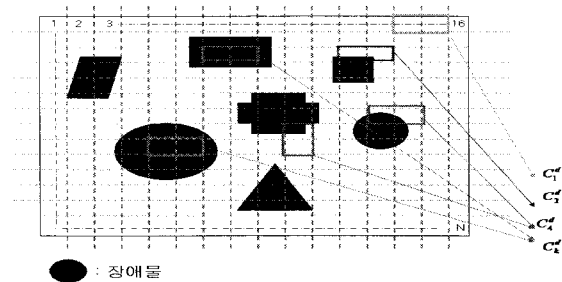


그림 1. C-Space를 위한 기본 데이터 스트럭처

그림 1과 같이 기본적으로 Cell들에 대해서 장애물 밀집도를 계산한 다음 전체 각 Cell에 대해서 k-means 기법을 이용하여 k개의 군집들에게 모두 할당한다. 이에 대한 의사코드는 표 1과 같다. 먼저 초기 Centroid Cell을 선택한다. 그리고 나머지 Cell들에 대해서 수식 1)을 이용하여 초기 Centroid Cell에 포함시킨다. 그리고 다시 Centroid 값을 재계산하고 전체 각 Cell들이 군집 이동이 일어나지 않을 때 까지 반복한다.

$$\log_{cell_width} \sqrt{(C_{i,x}^d - C_{j,x}^d)^2 + (C_{i,y}^d - C_{j,y}^d)^2} \quad \dots 1)$$

표 1. k-means 기반 C-Space 구성 Pseudo-Code

```

Begin
While(1) {
k 개의 초기 Centroid 선택을 위한 랜덤 고유한 Cell index 변수 생성;
    
```

```

수식 1)을 이용하여 최소의 값을 가지는 Centroid 노드에 각 Cell
들을 할당;
if(전체 Cell이 새롭게 할당되지 않으면) Loop 종료;
k개의 군집에 대해서 Centroid 값 재계산;
}
End

```

2.3 k-means 기반 GA

본 논문에서 제안하는 GA는 그림 3과 같은 절차로 수행된다. 2.2절에서 설명했던 각 Cell단위로 작업공간을 Cell단위로 분류하여 장애물 밀집도를 구하고 이를 기반으로 k개의 공간으로 분류한다. 이러한 정보를 기반으로 GA의 전형적인 절차인 Population, Fitness, Selection, Crossover 및 Mutation Operation을 수행을 수행한다. 만약에 Fitness에서 선택된 우수 염색체가 변경되지 않으면 종료한다.

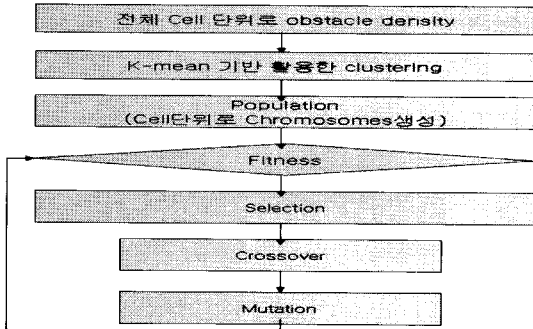


그림 3 k-means 기반 GA 흐름도

2.3.1 염색체(Chromosomes) 인코딩

GA를 수행하기 위해서는 염색체 정보를 구성해야 되는데 본 논문에서는 아래와 같이 염색체를 구성한다. 각 Cell은 Population Operation 단계에서 임의의 Cell을 염색체 사이즈 수만큼 개체를 선택한다. 각 셀은 k-means 인덱스, 장애물 밀집도, 해당 군집의 밀집도 정보를 저장하고 있다. 이를 이용하여 GA 연산자에서 선택, 교배 및 돌연변이 연산자를 수행한다.

Start Point	C_1^d	...	C_{10}^d	C_n^d	End Point
-------------	---------	-----	------------	------	---------	-----------

2.3.2 GA operation

본 절에서는 2.3.1절에서 설명한 염색체를 기반으로 GA Operation들에 대해서 설명한다.

표 3은 Population Operation으로 상수 CHROMOSOME_SIZE만큼 임의의 Cell들이 할당될 때 까지 수행한다. 먼저 k-mean index에 대해서 랜덤 변수를 생성하고 각 해당 군집에 분포해 있는 Cell을 임의로 선택하여 염색체 크기만큼 할당한다.

표 3. Population Operation

```

Begin
while(allocated Cell < CHROMOSOME_SIZE){
Generate random value of k-means(k value);
Look Cell up with k-means;
Generate Random Cell number;
Insert the Cell in population list;
allocated cell++;
}
End

```

표 4. Selection Operation

```

Begin
Generate Random index1 of Population;
Generate Random index 2 of Population;
Calculate distance1 using Fitness function(index1);
Calculate distance2 using Fitness function(index2);
Compare distance1 with distance2;
Return minimum index;
End

```

표 4는 Selection Operation으로 전통적인 토너먼트 기법을 이용하여 선택연산자를 수행한다. 여기서 토너먼트 선택은 수식 1)을 이용하여 우수/열성 인자를 구분한다.

표 5. Mutation Operation

```

Begin
while(count<CHROMOSOME SIZE){

```

```

Get P.Cell_count;
Random temporary cell;
Check_Feasible_Path(P.Cell_count, temporary cell);
If(the path is infeasible) continue;
Calculate distance of P.Cell_count and temporary cell;
}
Return minimum random cell;
End

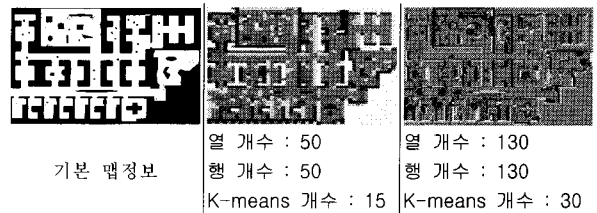
```

표 5는 Mutation Operation으로 Selection Operation에서 선택된 Population들에 대해서 feasible/infeasible Path를 검토하여 infeasible Cell들을 feasible Cell로 돌연변이 시킨다.

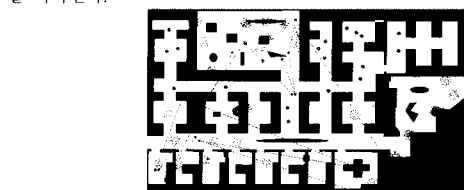
2.4 실험결과

본 논문에서 제안하는 알고리즘의 검증에 위해 기본 맵 정보를 고해상도 Image를 사용한다. 그리고 개발환경으로 Visual Studio 6.0과 OS로는 Windows System를 사용하여 구현하였다.

아래 그림은 기본 맵을 기반으로 k개의 군집들과 행/열 크기를 파라미터로 입력받아 수행한 결과를 나타낸다. 아래 그림과 같이 행/열과 k의 개수를 크게 할수록 보다 정밀한 군집화 군락이 형성됨을 알 수 있다. 이는 향후 k 군집에 설정된 Cell들을 기반으로 GA Operation을 수행할 수 있으며 동적 장애물에 대한 정보도 포함할 수 있기 때문에 지역 경로계획 까지 수행할 수 있다.



왼쪽 그림은 수식 1)을 거리에 조금 더 민감하게 하여 k개의 군집으로 분류한 것을 나타낸다. 왼쪽 그림과 같이 k-means 기법을 이용함으로써 다양한 비용 계산을 가능하게 하여 보다 다양한 GA Population 생성할 수 있는 장점이 있다. 아래 그림은 k-means 데이터를 기반으로 Population, Selection 및 Mutation Operation을 반복하면서 수행되어지는 화면



3. 결 론

본 논문에서는 장애물의 밀집도 정보를 군집화하여 C-Space를 구성하는 방법으로 군집화 기법을 제시하였다. 또한 이를 기반으로 최적의 경로계획을 수행할 수 있는 유전자 알고리즘을 제시하였다. 이는 향후 모바일 로봇이 작업해야 될 공간이 커짐에 따라 전체 맵 정보를 모바일 로봇이 모두 계산하는 것이 아니라 특정 지역의 군집화 부분만의 정보를 이용하여 최단 경로계획을 수행할 수 있을 것이다. 향후 각 셀의 장애물 밀집도 정보를 이용하여 보다 정밀한 GA 연산자를 최적화 및 구현할 예정이다.

[참고 문헌]

- [1] N. Sariff and N. Buniyanmin, "An Overview of Autonomous Mobile Robot Path Planning Algorithms", 4th Scored 2006 IEEE, pp.183-188, 2006
- [2] Yanrong Hu, Simon X. Yang and et al., "A Knowledge Based Genetic Algorithm for Path Planning in Unstructured Mobile Robot Environments", ICRB 2004 of IEEE, pp.767-772, 2004
- [3] Kamran H. Sedighi, Vaveh Ashenayi and Theodore W. Manikas, "Autonomous Local Path Planning for a Mobile Robot Using a Genetic Algorithm", 2004 IEEE, pp.1338-1345, 2004
- [4] Xuanzi Hu and Chunxi Xie, "Niche Genetic Algorithm for Robot Path Planning", ICNC 2007 of IEEE, 2007
- [5] O. Castillo and L. Trujillo, "Multiple objective optimization genetic algorithms for path planning in autonomous mobile robots", IJCS, pp.48-63, Vol.6, No. 1, 2005
- [6] Marco Dorigo and Luca Maria Gambardella, "Ant Colony System": A Cooperative Learning Approach to the Traveling Salesman Problem", IEEE Transactions on evolutionary computation, pp.53-66, Vol.1, NO.1, 1997