Journal of the Korean Institute of Illuminating and Electrical Installation Engineers Vol. 18, No.6, pp. 55~62 November 2004 논문 18-6-8

실수형 유전알고리즘을 이용한 FOPDT 공정식별

(Identification of FOPDT Process Using the Real-Coded Genetic Algorithm)

최홍규 · 신강욱*
(Hong-Kyu Choi · Gang-Wook Shin)

요 약

산업공정에 가장 많이 활용되고 있는 일차 시지연 공정은 긴 지연시간으로 인하여 정확한 공정모델을 구하기 어려울 뿐만 아니라, 플랜트와 모델불일치에 따른 제어성능에 문제가 발생할 수 있다. 따라서 일차 시지연 공정의 제어 문제에 있어서 기본적으로 공정의 정확한 모델을 구하기 위한 공정 파라메타 식별이 아주 중요하다. 본 논문에서는 지금까지 제안된 계단입력 시험에 의한 공정식별법보다 더 효율적인 실수형 유전알고리즘에 의한 공정식별법을 제안하였다. 또한, 이러한 추정전략은 다양한 사례를 통하여 유용한 결과를 얻었다.

Abstract

Even though FOPDT(First-Order Plus Dead-Time) process is most widely applied in the industrial control field, it is difficult to figure out a precise process model because of the long dead-time problem. Also, control performance may be deteriorated due to the mismatch problem of plant and model. Thus, the accuracy of process identification is the most important problem in FOPDT process control.

In this paper, the proposed method using real-coded genetic algorithm outperforms the existing estimation methods that use step-test responses. The proposed strategy obtained useful result through a number of simulation examples.

Key Words : FOPDT, Genetic Algorithm, Identification

1. 서 론

공정산업에 있어서 대부분의 제어문제는 공정의 긴 지연시간에 따라 제어성능을 만족하기 어려운 부분이 있다. 이러한 지연시간 문제를 해결하기 위하여 여러 가지 지연시간 보상기가 제언되었으며, 그 대표적인 보상기로는 1957년에 제안된 스미스예측기가 있다[1]. 스미스 예측기는 공정과 모델의 일치에 따라 지연항이 포함되지 않은 모델식을 이용하여 미래의 제어입력을 예측하도록 함으로써 공정의 지연시간 문제를 해결할 수 있었다. 그러나 스미스예측기는 공정모델의 정확성에 따라 많은 성능변화를 나타낸다. 이러한 모델불일치에 따른 문제에 대하여 다양한 연구가 진행되었으며, 대표적인 연구 결과는 모델 불일치에 따른

* 주저자 : 한국수자원공사 수자원연구원 책임연구원
Tel : 042-860-0413, Fax : 042-860-0399
E-mail : gwshin@kowaco.or.kr
접수일자 : 2004년 5월 10일
1차심사 : 2004년 5월 17일, 2차심사 : 2004년 6월 8일
심사완료 : 2004년 7월 22일

에러를 보상하기 위한 별도의 제어기를 추가하는 방법인 이중 스미스 제어기가 제안되었다[2][3][4].

따라서 긴 지연시간 문제를 해결하기 위해서는 기본적으로 공정의 정확한 모델을 구하기 위한 공정 파라메타 식별이 아주 중요하다. 공정 식별방법에 대한 지금까지의 여러 가지 연구들이 여러 방면으로 진행되어 왔으나, 그 중에서도 산업공정에 가장 많이 활용되고 있는 모델로서 일차 지연시간 공정모델에 대하여 많은 연구가 진행되고 있다.

일차 지연시간 공정모델에 대한 식별법으로는 대표적인 면적식별법[5]이 있으며, 이는 계단입력에 대한 공정 출력에 따른 그래프를 이용하여 정상상태 값으로부터 공정의 이득을 구하고, 시정수와 지연시간항을 구하는 방법이다. 또한 정상상태 값의 28[%]와 63[%] 값에 도달하는 각각의 시간값을 이용하여 시정수와 지연시간항을 구할 수 있다. 그리고 다른 식별법으로는 모델식별을 위한 변형된 선형회귀방정식으로 직접 모델 파라메타를 구하는 직접식별법[6]이 제시되었다.

또한 공정 모델식별을 위해 이진코딩을 사용한 유전알고리즘의 적용 방법에 대한 많은 연구가 진행되고 있으나, 모델식별의 정밀도를 높이거나 해에 대한 사전지식의 결여로 탐색공간을 만들어 유전알고리즘의 해를 구하는데 많은 시간이 필요하고 심지어 정확한 해를 구하지 못하는 경우가 발생된다. 따라서 본 논문에서는 이진코딩의 문제점을 해결할 수 있는 실수코딩을 채용한 유전알고리즘을 이용하여 모델식별의 정확성을 향상시키고자 하였다.

본 논문은 2장에서는 FOPDT 공정식별을 위한 기존 식별방법에 대해 기술하고; 3장에서는 실수형 유전자알고리즘을 적용하여 일차 시지연 공정에 대한 변수 추정알고리즘을 제시하였으며, 4장에서는 제시된 방법에 대한 서로 다른 네 가지 유형의 공정을 선정하여 그 유용성을 시뮬레이션을 통하여 확인하고자 하였다.

2. FOPDT 공정 식별법

2.1 FOPDT 공정

대부분의 화학 플랜트와 선형 단조증가 공정을 나타내는 모델은 공정을 일차 지연시간 모델(FOPDT Model : First-Order Plus Dead-Time Model)로 근사화된 식을 대부분 사용하고 있다[7]. 그 표현식은 다음 식 (1)과 같다.

$$Y(s) = \frac{K}{Ts+1}e^{-Ls}U(s) \tag{1}$$

여기서 K, T, L은 각각 공정의 이득, 시정수, 그리고 지연시간을 말한다.

산업현장에서 이용되고 있는 모델식별 방법에 있어서 공정에 인가되는 입력 신호가 모델식별에 가장 중요한 영향을 미친다. 일반적으로 시험 입력신호로 사용되는 것은 펄스, 계단, 램프, 그리고 정현파함수 등이다. 그러나, 이들 가운데 계단입력시험이 가장 단순하며 장비가 거의 필요하지 않고 수동으로 이루어질 수 있는 장점을 가지고 있다. 또한, 계단입력 시험은 대부분의 PLC(Programmable logic Controller) 혹은 DCS(Distribute Control System) 내부에 표준 모듈로 구성되어 있기 때문에 쉽게 구현 가능하다.

2.2 면적식별법

면적식별법에서 공정 이득 K는 공정 입·출력의 정상상태로부터 구할 수 있다. 평균점유시간 T_{ar}은 그림 1에서와 같이 면적 A_0로부터 계산된다.

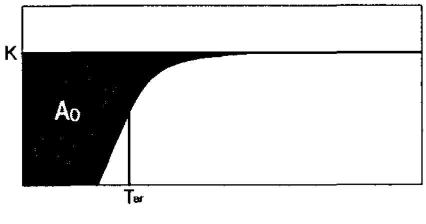


그림 1. 계단응답에 대한 면적식별
Fig. 1. Area identification for a step response

따라서 평균점유시간은 다음 식 (2)와 같이 표현할 수 있다.

$$T_{ar} = \frac{A_0}{K} = \frac{\int_0^{\infty}[y^{(\infty)} - y(t)]dt}{K} \tag{2}$$

시간 T_{ar}까지의 계단응답 면적을 A_1으로 설정하여 시정수와 지연시간을 다음 식과 같이 각각 구할 수 있다.

$$T = \frac{eA_1}{K} = \frac{e\int_0^{T_{ar}} y(t)\,dt}{K} \tag{3}$$

$$L = T_{ar} - T = \frac{A_0}{K} - \frac{eA_1}{K} \tag{4}$$

이 방법은 식별 정확도가 주로 면적 A_0에 의해 결정되며, 정확도를 높이기 위해서는 공정의 정상상태가 완전히 이루어질 때까지 충분한 시험 범위를 가지고 시험하여야 한다.

2.3 직접식별법

공정입력으로 t=0에서 h 크기의 계단입력 이전의 공정 초기상태는 영이라 가정한다. 새로운 정상상태에 공정이 도달할 때 까지 입력과 출력값을 저장한다. 식 (1)의 공정은 t=L 이후의 출력 과도응답을 식 (5)와 같이 나타낼 수 있다.

$$y(t) = hK(1 - e^{-(t-L)/T}) + w(t) \tag{5}$$

여기서 $w(t)$는 $y(t)$의 측정잡음으로서 백색잡음을 나타낸다.

식 (5)를 다시 표현하면, $t \geq L$에 대해

$$e^{-(t-L)/T} = 1 - \frac{y(t)}{hK} + \frac{w(t)}{hK} \tag{6}$$

$t=0$부터 $t=\tau(\tau \geq L)$까지 식 (5)에서의 출력을 적분하면 식 (7)을 얻는다.

$$\begin{aligned}\int_0^\tau y(t)\,dt &= hK(t + Te^{-(t-L)/T}) \mid_L^\tau + \int_0^\tau w(t)\,dt \\ \int_0^\tau y(t)\,dt &= hK[\tau - L - T\frac{y(\tau)}{hK}] + [Tw(t)] \mid_L^\tau + \int_0^\tau w(t)\,dt\end{aligned} \tag{7}$$

그리고, $A(\tau)$와 $\delta(\tau)$를 다음과 같이 설정하고

$$A(\tau) = \int_0^\tau y(t)\,dt$$

$$\delta(\tau) = [Tw(t)] \mid_L^\tau + \int_0^\tau w(t)\,dt$$

식 (7)을 다시 표현하면,

$$A(\tau) = hK[\tau - L - T\frac{y(\tau)}{hK}] + \delta(\tau)$$

혹은

$$[\,h(\tau) - h - y(\tau)] \begin{bmatrix} K \\ LK \\ T \end{bmatrix} = A(\tau) - \delta(\tau) \tag{8}$$

$\tau \geq L$ 이상의 모든 샘플된 $y(\tau)$에 대한 식 (8)의 합에 의해 선형방정식은 다음과 같이 얻어진다.

$\tau \geq L$에 대해

$$\Psi\theta = \Gamma + \Delta \tag{9}$$

여기서 $\theta = [K \;\; LK \;\; T]^T$,

$$\Psi = \begin{bmatrix} hmT_s & -h & -y[mT_s] \\ h(m+1)T_s & -h & -y[(m+1)T_s] \\ \cdot & \cdot & \cdot \\ \cdot & \cdot & \cdot \\ h(m+n)T_s & -h & -y[(m+n)T_s] \end{bmatrix},$$

$$\Gamma = \begin{bmatrix} A[mT_s] \\ A[(m+1)T_s] \\ \cdot \\ \cdot \\ A[(m+n)T_s] \end{bmatrix},$$

$$\Delta = \begin{bmatrix} -\delta[mT_s] \\ -\delta[(m+1)T_s] \\ \cdot \\ \cdot \\ -\delta[(m+n)T_s] \end{bmatrix}$$

T_s는 샘플링 간격이며 $mT_s \geq L$이다. 식 (9)에서 θ의 추정값 $\hat{\theta}$는 최소자승법을 이용하여 다음과 같이 얻을 수 있다.

$$\hat{\theta} = (\Psi^T\Psi)^{-1}\Psi^T\Gamma \quad (10)$$

따라서, 식 (1)의 공정식별 파라메타인 K, T, L은 $\hat{\theta}$로부터 계산되어진다.

3. 실수형 유전알고리즘

3.1 유전알고리즘[8]

유전 알고리즘은 자연 선택의 원리와 자연계의 생물 유전학에 기본 이론을 둔 병렬적이고 전역적인 탐색 알고리즘으로서, 모든 생물은 주어진 다양한 환경 속에 적응함으로써 살아 남는다는 다윈의 적자생존 이론을 기본 개념으로 한다. 유전 알고리즘에서는 생물학적 유전인자인 염색체에 해당하는 문자열을 가지고 생물 유전을 모방한 연산자인 선택, 교배, 돌연변이를 거쳐 다음 세대의 새로운 자손을 인공적으로 만들어 내고, 이를 반복적으로 적용하여 적합한 해를 탐색한다. 선택 연산자는 각각의 개체가 가지는 적합도에 따라 그 개체를 복제하는 과정이며, 이 때 적합도 함수는 사용자가 최대화하기를 원하는 어떠한 형태의 함수도 가능하다. 이 과정은 적합도가 높은 개체일수록 다음 세대에 더 많은 자손을 가질 확률이 높음을 의미한다.

이러한 재생산 과정은 탐색 방향을 적합도가 높은 방향으로 향하게는 하지만 새로운 개체를 생성하지는 못한다. 자연계에서 자손은 부모 세대로부터 유전자를 이어받으면서도 부모와는 전혀 다른 형질을 가지듯이 유전 알고리즘에서 이 과정을 모방한 것이 교배 과정이다. 교배과정에서의 교배점과 교배율은 확률적인 과정에 의해 구함에도 불구하고 재생산과 함께 쓰여 개체간의 정보를 교환하고 스트링의 좋은 부분을 결합하는 효과적인 수단이 된다.

돌연변이 과정은 현재 집단에 존재하지 않는 새로운 정보를 제공해 준다. 이는 아주 낮은 돌연변이율에 의해 스트링의 이진수 비트(bit) 혹은 십진수 디지트(digit) 값 하나를 변경함으로써 구현되며, 이 과정에 의해 탐색의 방향이 지역적 극값으로 향할 경우 여기서 벗어나도록 한다.

한편 적합도 함수는 각 개체의 적합도를 평가하는 기반이다. 이러한 적합도를 이용해서 다음 세대에서 선택되어질 확률이 결정된다. 즉 적합도가 높은 개체일수록 다음 세대에서 선택되어질 확률이 높아지며 적합도가 낮을수록 다음 세대에서 선택되어질 확률이 낮아진다. 일반적으로 적합도 함수를 선정하는 방법은 각 개체를 이용해서 최적화 하고자 하는 대상에 적용하고 그 개체에 대한 결과와 원하는 기준입력에 대한 차를 이용해서 적합도 함수를 선정한다.

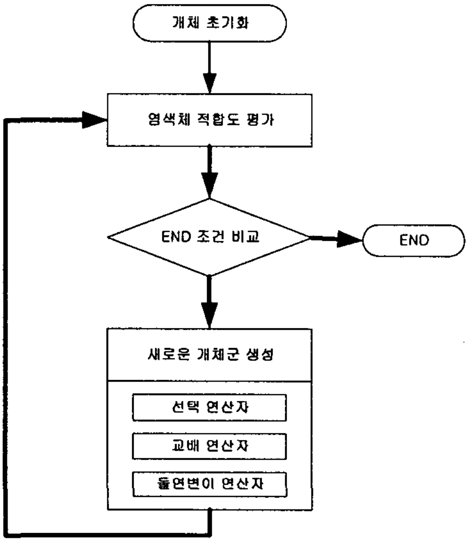


그림 2. 단순한 유전 알고리즘 흐름도
Fig. 2. Simple Genetic Algorithm Flowchart

3.2 실수형 유전알고리즘 설계

FOPDT 공정인식을 위한 입력변수인 공정의 이득, 시정수, 그리고 지연시간을 개체로 하는 염색체를 식 (11)과 같이 나타낼 수 있다.

$$P_i = \{ x_{i1}, x_{i2}, x_{i3}, \cdots, x_{in} \} \quad (11)$$

여기서 P_i는 집단의 i번째 염색체를 나타내며, x_{in}는 십진수로 표현된 i번째 염색체의 n번째 유전자를 나타낸다. 본 연구에서는 각 개체에 대한 유전자의 수를 소숫점 세자리를 포함한 다섯자리 십진수로 한정하여 n을 15가 되도록 설정한다. 각 입력변수의 설정범위는 공정에 대한 계단입력의 출력값을 이용하여 다음과 같이 정한다.

$$0.8\times Y_{final}\leq 공정이득 \leq 1.2\times Y_{final}$$
$$0\leq 시정수 \leq Rise\ time/2$$
$$0\leq 지연시간 \leq Time(0.1\times Y_{final})$$

각 개체의 초기화 방법으로는 사전지식 또는 경험을 기반으로 하는 유도된 초기화법과 임의의 랜덤값을 갖는 무작위법으로 나눌 수 있으나, 본 연구에서는 공정의 변화에 따라 입력 개체의 범위가 변경되는 특성에 따라, 다양한 환경에서 해를 찾을 수 있도록 무작위법으로 초기화한다.

적합도 f_i 평가는 각 염색체 P_i에 대한 목적함수 $F(P_i)$값을 구하여 식 (12)와 같이 최대화 문제로 바꾸어서 구한다. 목적함수는 각 염색체에 대한 계단입력 응답과 실제공정의 응답특성과의 비교를 통하여 최소값이 되도록 한다.

$$f_i = \frac{1}{F(P_i)+\alpha} \tag{12}$$

여기서, α는 목적함수가 항상 0 이상을 만족하는 상수를 나타내는 것으로 본 연구에서는 0.1로 설정하여 0으로 나누어지지 않도록 한다.

선택연산자는 개체 집단의 적합도 평균이 세대를 거듭하면서 증가하도록 하여 최적해로 접근해 가도록 하기 위한 방법으로 크게 세 가지로 나타낼 수 있다. 룰렛휠선택(roulette wheel selection), 토너먼트 선택(tournament selection), 그리고 순위 선택(ranking selection)이며, 본 연구에서는 적합도가 하위에 속하는 염색체를 도태시키는 비교적 강한 선택 메카니즘인 순위 선택법을 적용한다.

실수형 유전알고리즘의 교배연산자는 단순교배, 산술적교배, 그리고 선형교배 등이 있다. 본 연구에서는 입력 개체의 수가 적을 경우에 적합하도록 단순교배의 교배점을 각각의 개체가 아닌 유전자 교배점에 대한 교배가 되도록 새로운 교배 연산자를 제안한다. 이는 부모 염색체 쌍을 임의로 식 (13)과 같이 선택하여 나타낼 수 있으며, 랜덤수($0\leq r\leq 1$)를 발생시켜 교배확률 P_c 보다 적으면 교배점을 1과 n사이의 값을 발생시켜 교배하도록 한다. 만약 교배점이 3이라 가정하면, 식 (14)와 같이 자손이 생성된다.

$$P_k = \{x_{k1}, x_{k2}, x_{k3}, \cdots, x_{kn}\} \tag{13a}$$
$$P_l = \{x_{l1}, x_{l2}, x_{l3}, \cdots, x_{ln}\} \tag{13b}$$
$$\mathcal{P}_k = \{x_{k1}, x_{k2}, x_{l3}, \cdots, x_{ln}\} \tag{14a}$$
$$\mathcal{P}_l = \{x_{l1}, x_{l2}, x_{k3}, \cdots, x_{kn}\} \tag{14b}$$

돌연변이 연산자는 지역해에 빠지게 되는 것으로부터 벗어나게 하고, 더 넓은 영역을 탐색할 수 있도록 하기 위해 교배 연산자와 같이 랜덤 수($0\leq r\leq 1$)를 발생시켜 돌연변이 교배확률 P_m 보다 적으면 1과 n사이에 해당되는 난수를 발생하여 돌연변이 유전자를 선정하고, 균등확률로 취해지는 난수를 이용하여 해당 유전자가 변이되게 한다. 식 (15)는 세 번째 유전자에 발생된 돌연변이에 대한 염색체를 나타낸다.

$$\mathcal{P}_k = \{x_{k1}, x_{k2}, r, \cdots, x_{kn}\} \tag{15}$$

이상과 같이 FOPDT 공정에 적용하기 위한 실수형 유전알고리즘 설계하였으며, 세부적인 파라메타는 표 1과 같다.

표 1. 실수형 GA 파라메타
Table 1. Parameters of Real-Coded GA

염색체의 수	100
스트링의 길이	15
세대의 수	100
오차수준	0.01
교배확률	0.9
돌연변이 확률	0.05

4. 사례연구

유전 알고리즘을 이용한 공정식별법의 유용성을 확인하기 위하여 네 가지 유형의 공정에 대하여 면적식별법과 직접식별법에 대해 각각 비교 시험을 실시하였다. 실수형 유전 알고리즘의 파라메타를 표 1과 같이 염색체수 및 세대수를 각각 100, 교배 및 돌연변이 확률을 각각 0.9, 0.05로 선정하여 공정의 파라메타값을 최적화하였다.

본 사례연구에서 고려된 시스템은 일차 지연시간

공정, 2차 지연시간 공정, 비최소 위상 공정, 그리고 다중 지연 공정으로 선정하였으며, 공정에 대한 수식은 각각 다음과 같다.

$$G(s) = \frac{e^{-s}}{s+1} \tag{16}$$

$$G(s) = \frac{e^{-4s}}{(10s+1)(2s+1)} \tag{17}$$

$$G(s) = \frac{1-s}{(s+1)^5} \tag{18}$$

$$G(s) = \frac{1}{(s+1)^8} \tag{19}$$

각 공정의 계단입력에 대한 시간영역 공정식별의 오차를 측정하기 위하여 다음과 같이 실제공정의 출력과 추정값과의 평균 오차를 구하는 식을 이용하였다.

$$\varepsilon = \frac{1}{n+1} \sum_{k=m}^{m+n} [y(kT_s) - \hat{y}(kT_s)]^2 \tag{20}$$

여기서, $y(kT_s)$는 계단입력 변화에 대한 실제 공정의 출력을 나타내고, $\hat{y}(kT_s)$는 추정된 공정의 응답을 나타낸다.

위 시뮬레이션을 통하여 각 유형의 공정에 대한 오차값을 살펴보면, 면적식별법과 직접식별법을 통한 응답특성은 비슷한 결과를 나타내지만, 유전자 알고리즘을 이용한 공정식별을 통한 오차값은 다른 식별법보다 양호한 결과를 얻었다.

네 가지 공정중 일차 지연시간 공정에 대한 각 공정식별법의 오차값은 비슷한 결과를 나타내고, 2차 지연시간 공정을 비롯한, 비최소 위상 공정과 다중

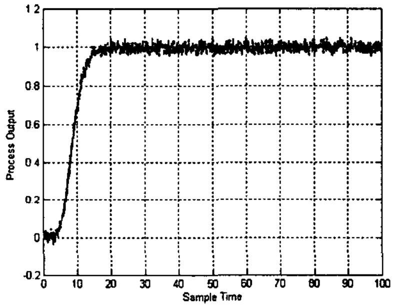
표 2. 식별방법에 따른 결과비교
Table 2. Comparision of results from identification methods

대상 공정 $G(s)$	식별 공정 전달함수 $\hat{G}(s)$		오차값
$\frac{e^{-s}}{s+1}$	면적식별	$\frac{e^{-1.01s}}{0.99s+1}$	$2.0828e^{-7}$
	직접식별	$\frac{1.00e^{-1.00s}}{0.997s+1}$	$2.2534e^{-8}$
	유전자식별	$\frac{1.00e^{-1.00s}}{0.999s+1}$	$2.5012e^{-9}$
$\frac{e^{-4s}}{(10s+1)(2s+1)}$	면적식별	$\frac{1.00e^{-5.83s}}{10.19s+1}$	$4.2598e^{-5}$
	직접식별	$\frac{1.03e^{-5.47s}}{11.41s+1}$	$4.5042e^{-4}$
	유전자식별	$\frac{1.00e^{-5.67s}}{10.52s+1}$	$3.4717e^{-5}$
$\frac{1-s}{(s+1)^5}$	면적식별	$\frac{1.00e^{-4.00s}}{2.11s+1}$	$2.1767e^{-4}$
	직접식별	$\frac{1.01e^{-3.73s}}{2.45s+1}$	$1.9714e^{-4}$
	유전자식별	$\frac{1.00e^{-3.6s}}{2.5s+1}$	$1.2435e^{-4}$
$\frac{1}{(s+1)^8}$	면적식별	$\frac{1.00e^{-4.3s}}{4.3s+1}$	$5.1414e^{-4}$
	직접식별	$\frac{1.06e^{-4.94s}}{3.81s+1}$	$3.0000e^{-3}$
	유전자식별	$\frac{0.99e^{-4.7s}}{3.5s+1}$	$4.2383e^{-4}$

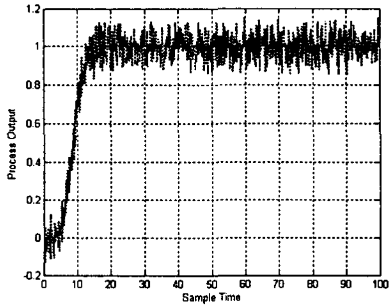
지연 공정에 대해서는 비교적 오차값이 커지는 것을 알 수 있었다.

실 공정의 적용을 위해 잡음을 고려한 응답특성에 대한 모델식별 특성분석을 하고자 공정의 계단입력에 30[%]와 10[%]의 오차를 포함하도록 구성하여 유전알고리즘을 통한 공정식별의 적용성을 검토하였다.

그림 3(a)는 식(19)의 공정 $G(s) = \frac{1}{(s+1)^8}$ 에 대하여 10[%]의 잡음을 포함한 계단응답특성을 나타낸 그림이며, 그림 (b)는 30[%]의 잡음을 포함한 그림을 나타낸 것이다.



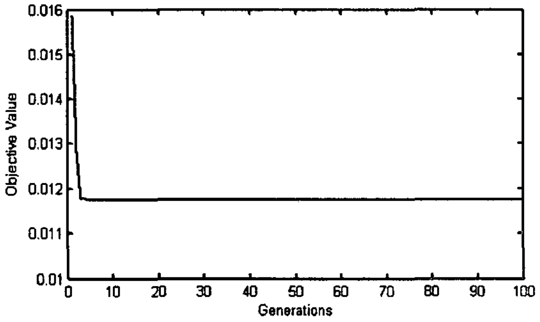
(a) 10[%] 잡음



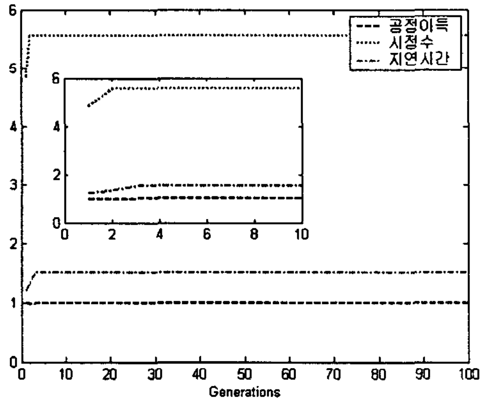
(b) 30[%] 잡음

그림 3. 잡음이 포함된 계단응답특성곡선
Fig. 3. Step-Input Reaction Curve with Noise

본 논문에서 제시한 유전 알고리즘에 의한 공정식별 결과 그림 (a)의 추정 전달함수는 $\frac{1.0\,e^{-5.5s}}{3.55s+1}$ 이며 오차값은 $3.9157\,e^{-4}$로 양호한 특성을 나타내었다. 또한, 그림(b)의 30[%] 잡음이 포함된 특성곡선에 대한 추정 전달함수는 $\frac{0.98\,e^{-1.5s}}{5.55s+1}$ 이고 오차값은 약 $8.40\,e^{-3}$임을 알 수 있었고, 목적 함수값과 공정모델 변수값에 대한 수렴특성은 각각 그림 4의 (a), (b)와 같이 나타났다.



(a) 목적함수



(b) 공정모델 변수

그림 4. 수렴 특성곡선
Fig. 4. Convergence Curve of Parameters

5. 결 론

본 연구에서는 유전 알고리즘을 이용하여 일차 시지연 공정에 대한 새로운 식별방법을 제시하였다. 면적식별법은 정확한 면적을 구하기 위하여 충분한 시간의 계단입력 시험이 요구되나, 기존의 직접식별법은 선형회귀방정식을 직접 이용함으로써 면적식별법보다 빠른 식별이 가능하다. 그러나 시뮬레이션을 통하여 실제 공정과의 오차는 면적식별법보다 약간 큰 편인 것을 알 수 있었다. 그러나 유전 알고리

즘을 이용한 식별법을 통해서 알 수 있는 실제 공정과의 오차는 세 가지 식별방법 중 가장 양호한 것으로 확인 할 수 있다.

또한 잡음을 갖는 공정에 있어서, 공정이득의 10[%]와 30[%]의 잡음을 갖는 응답특성에 대한 공정식별에 대하여 잡음이 없는 경우와 비교하여 각각 $3.226e^{-5}$와 $7.9762e^{-3}$의 에러를 갖는 것을 알 수 있었으며, 이러한 결과를 통해 실제 산업공정의 공정식별알고리즘으로 실수형 유전 알고리즘의 적용이 가능함을 확인하였다.

향후 실수형 유전 알고리즘을 이용한 공정식별의 실제 산업현장에 적용하기 위해서는 적합도 및 교배에 따른 계산량의 요구를 최적화할 수 있도록 하여, 실시간 공정식별이 가능하도록 연구되어야 한다.

References

[1] Smith, O. J. M. "Closed control of loops with dead time", Chemical Engineering Progress, 53, May, pp.217~219, 1957.
[2] Tian, Y. C., Gao, F. "Double-controller scheme for control of processes with dominant delay", IEE Proc. Control Theory Application, Vol. 145, No. 5, September, pp.479~484, 1998.
[3] Tang Wei, Shi Songjiao, Wang Mengxiao, "A Novel Smith Predictor with Double-Controller Structure", Proce. of ACC, pp. 5074~5079, 2002.
[4] D.Vrecko, D.Vrancic, D.Junicic, S.Strmcnik, "A New Modified Smith Predictor : The Concept, Design and Tuning", ISA Trans., Vol. 40, pp. 111~121, 2001.
[5] Astrom,K.J., Hagglund, T., "PID controllers : theory, design, and tuning(2nd ed.)", Instrument Society of America, 1995.
[6] Qiang Bi, Wen-Jian Cai, "Robust Identification of First-Order Plus Dead-Time Model from Step Response", Control Engineering Practice, No. 7, pp.71~77, 1999.
[7] Seborg, D.E., Edgar, T.F., Mellichamp, D.A., "Process dynamics and control", John Wiley & Sons, Inc., 1989.
[8] Goldberg, D.E., "Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning", Addison-Wesley, 1989.

◇ 저자소개 ◇

최홍규 (崔洪圭)

1950년 1월 7일생. 1975년 홍익대학교(공학사). 1977년 연세대학교(공학석사). 1993년 홍익대학교(공학박사). 현재 홍익대학교 전자전기컴퓨터공학부 교수.

신강욱 (辛康旭)

1965년 5월 4일생. 1987년 동국대학교(공학사). 1993년 홍익대학교(공학석사). 2001년~현재 홍익대학교 전기공학과 박사수료. 1993년~현재 한국수자원공사 수자원연구원 책임연구원.