

온라인 GA 기반 비선형 시스템 식별

Online GA-based Nonlinear System Identification

이정연* · 이홍기*

Jung-Youn Lee and Hong-Gi Lee

* 중앙대학교 전자전기공학부

요 약

유전 알고리즘은 비선형 전역 최적화 문제 해결에 효과적이라고 알려져 있다. 그러나 해답의 신뢰성을 높이려면 많은 양의 계산이 필요하여 온라인 방식에는 적합하지 않다. 본 논문에서는 집단 피드백 유전 알고리즘을 사용한 온라인 비선형 시스템 식별기 구성을 제안한다. 제안된 시스템 식별기의 유용성은 모의실험을 통해 보인다.

키워드 : 유전 알고리즘, 집단 피드백, 비선형 시스템 식별

Abstract

Genetic algorithm is known to be an effective method to solve a global nonlinear optimization. However, a huge amount of calculation is needed to improve the dependability of the solution and thus Ga is not adequate for online implementation. In this paper, we propose an online nonlinear system identification scheme which employs population feedback genetic algorithm. The effectiveness of our scheme is shown by several simulations.

Key Words : genetic algorithm, population feedback, nonlinear system identification

1. 서 론

시스템 식별(identification)은 제어 시스템 연구에서 중요한 분야들 중 하나이다. 시스템의 정확한 모델링이 불가능 하고 시스템의 변수들이 시간에 따라 달라질 수도 있기 때문에 온라인상에서 시스템 변수들의 추정된 값을 알면 보다 더 정밀한 제어가 가능 하다. 선형 시스템의 경우는 시스템 식별 알고리즘이 많이 개발되었다. 그러나 비선형 시스템 식별에는 비선형 함수의 최소화가 필요 하므로 쉽지가 않다. 유전 알고리즘(genetic algorithm, GA)은 전역(global) 최적화(optimization) 문제를 푸는 확률적인 방법이다.[1-4] 따라서, 유전 알고리즘을 이용한 시스템 식별 및 제어가 가능하다.[5-7] 그러나 유전 알고리즘은 확률적인 탐색이기 때문에 빠르고 정확한 답을 위해서는 집단(population)의 크기가 크고 많은 수의 세대(generation)를 갖는 알고리즘 반복이 필요하다. 그래서 계산시간이 샘플링 간격으로 한정된 온라인 방식에서는 부적합하다. 본 논문에서 이런 단점을 이전의 추정치의 피드백을 사용해서 간단하게 극복하는 방법을 제안한다. 또한 이 방법의 효용성을 모의실험을 통해서 보여줄 것이다.

2. 비선형 시스템 식별

다음의 이산 시간 비선형 시스템을 고려하자.

$$y(k) = f(Y^{k-1}, U^{k-1}, \theta), \quad k=0,1,2,\dots, \quad (1)$$

여기서 $\theta \in R^p$ 는 미지의(unknown) 파라미터(parameter) 벡터이고, $y \in R$ 와 $u \in R$ 은 출력과 입력이다. 또한, n 은 시스템의 차수이고 Y^{k-1} 와 U^{k-1} 은 다음과 같이 정의한다.

$$Y^{k-1} = \{y(k-1), \dots, y(k-n)\}$$

$$U^{k-1} = \{u(k-1), \dots, u(k-n)\}, \quad (2)$$

시스템 식별은 과거와 현재까지의 출력 $\{y(i), 0 \leq i \leq k\}$ 와 과거의 입력 $\{u(i), 0 \leq i \leq k-1\}$ 을 알고 있다는 가정 하에, $\lim_{k \rightarrow \infty} \|\hat{\theta}(k) - \theta\| = 0$ 을 만족하는 파라미터 θ 의 현재 추정치 $\hat{\theta}(k)$ 를 구하는 문제이다. k 인 순간의 파라미터 추정치를 $\hat{\theta}(k)$ 라고 하면, k 인 순간의 $y(k-i)$ 의 추정치 $\hat{y}(k-i|k)$ 는 다음과 같다.

$$\hat{y}(k-i|k) = f(Y^{k-i-1}, U^{k-i-1}, \hat{\theta}(k)), \quad i \geq 0 \quad (3)$$

따라서 k 인 순간의 파라미터 추정치 $\hat{\theta}(k)$ 는 다음의 비용함수를 최소화하는 $\bar{\theta}$ 와 같다.

$$J_k(\bar{\theta}) = \sum_{i=0}^{n-1} \{y(k-i) - f(Y^{k-i-1}, U^{k-i-1}, \bar{\theta})\}^2 \quad (4)$$

접수일자 : 2010년 10월 18일

완료일자 : 2010년 11월 20일

감사의 글 : 이 논문은 중앙대학교 학술연구비 지원에 의한 것임.

만일 $f(\cdot, \cdot, \theta)$ 가 θ 에 관해 비선형 함수이면, 식 (4)의 최소화 문제는 해석적으로 풀기 쉽지 않다. 다음 절에서는 식 (4)의 최적화 문제 해결에 확률적인 전역적 탐색 방법인 유전 알고리즘을 적용한다.

3. 온라인 GA 기반 시스템 식별

그림 1과 같이 매 순간 엘리트 전략을 가진 GA를 사용하여 식 (4)의 비선형 함수의 최소화 문제를 풀어서 시스템 식별기를 구성할 수 있다. 이를 요약하면 다음과 같다.

Step k :

- 크기가 n_g 인 초기집단을 임의로 선택한다.
- 다음에 설명한 세대 수가 N 인 GA를 사용하여, 식 (4)의 비용 함수를 최소화 하는 문제를 풀고 최종 집단을 얻는다.
 - 교배(crossover)와 돌연변이(mutation)를 사용한다.
 - 다음 세대의 집단을 엘리트 전략을 갖도록 선택한다.
- 최종집단에서 제일 좋은 것을 $\hat{\theta}(k)$ 로 하고 다음 단계로 넘어간다.

매 순간 더 큰 집단 크기 n_g 와 더 많은 세대수 N 을 고려함으로써 더 믿음만한 파라미터 추정치를 얻는다.

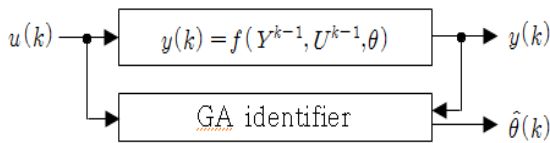


그림 1. GA 기반 시스템 식별기
Fig. 1. GA-based system identifier

그러나 온라인상의 시스템 식별은 계산 시간 제약 때문에 큰 집단 크기와 많은 세대수를 사용하기가 힘들다. 본 논문에서는 그림 2에서 보는 바와 같이 작은 집단 크기와 적은 세대수의 GA로 그림 1의 식별기보다 더 우수한 성능을 가지는 집단 피드백 GA 시스템 식별기를 제안한다.

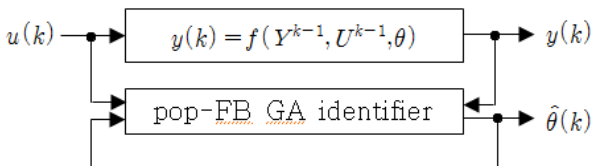


그림 2. 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별기
Fig. 2. Population feedback GA-based system identifier

그림 2의 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별 알고리즘은 다음과 같이 요약된다.

- 초기화 단계 : 크기가 n_g 인 초기집단을 임의로 선택한다.
- Step k :

- 크기가 n_g 인 초기집단을 이전 단계의 최종집단으로 선택한다.
- 다음에 설명한 세대 수가 N 인 GA를 사용하여, 식 (4)의 비용 함수를 최소화 하는 문제를 풀고 최종 집단을 얻는다.
 - 교배(crossover)와 돌연변이(mutation)를 사용한다.
 - 다음 세대의 집단을 엘리트 전략을 갖도록 선택한다.
- 최종집단에서 제일 좋은 것을 $\hat{\theta}(k)$ 로 하고 다음 단계로 넘어간다.

그림 1과 그림 2의 알고리즘 차이는 단지 밑줄 친 부분이다. 그림 2의 집단 피드백 (population feedback) GA 시스템 식별기에 어떠한 엘리트 전략 GA를 적용하여도 된다. 본 논문에서 사용한 GA 알고리즘은 다음과 같다. 우선 코딩은 실수 코딩을 사용한다. 염색체(chromosome) $\theta^1(\in R^p)$ 와 $\theta^2(\in R^p)$ 의 교배는 다음의 볼록 교배(convex crossover)를 사용한다.

$$\theta = \alpha\theta^1 + (1-\alpha)\theta^2$$

여기서 α 는 0과 1사이의 임의의 실수로 선택한다. 또한, 염색체(chromosome) $\theta^1(\in R^p)$ 의 돌연변이는 실수 값이 조금씩 변하는 돌연변이(real number creep mutation)를 사용한다. 즉,

$$\theta = \theta^1 + \epsilon\bar{\theta}$$

여기서 $\bar{\theta}$ 는 임의의 단위 벡터이고 ϵ 은 아주 작은 양수로 선택한다. (예를 들어, $\epsilon = 0.01$). 추가로 전역 탐색을 이용하여 임의의 염색체를 택한다. 교배에 의해 $0.5n_g$ 개의 염색체를, 돌연변이에 의해 $0.25n_g$ 개의 염색체를, 전역 탐색을 이용하여 $0.25n_g$ 개의 염색체를 각각 생성하여 n_g 개의 염색체를 얻는다. 이들 n_g 개의 염색체들과 n_g 개의 부모 (parents) 염색체 중에서 순위 결정법에 의해 자손 (offspring) 염색체를 선택한다.

4. 예제 및 모의실험

이 절에서는 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별 알고리즘의 유용성을 모의실험을 통해 보인다. 간편한 모의실험을 위하여 MATLAB을 사용한다.

예제 1.

다음의 이산 시간 선형 시스템을 고려하자.

$$y(k) = \theta_1 y(k-1) + \theta_2 y(k-2) + u(k-2) = f(Y^{k-1}, U^{k-1}, \theta), \quad k \geq 0 \quad (5)$$

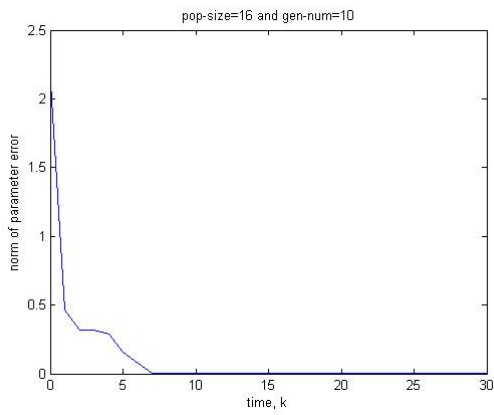
여기서 미지의 변수 $\theta = [\theta_1 \ \theta_2]^T = [1 \ -0.5]^T$ 라고 가정하자. 또한 $u(k) = 0.1\sin(0.01k)$, $k \geq 0$ 라고 가정한다. 그림 2의 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별 알고리즘을 사용하고 집단 크기를 16으로 진화 세대 수를 10으로 했을 때 파라미터 오차의 크기 $e(k) (= \|\theta(k) - \theta\|)$ 는 그림 3(a)와 같다. 그러나 같은 집단 크기와 진화 세대 수를 사용하고 그림 1의 GA 기반 시스템 식별 알고리즘을 사용했을

때, 파라미터 오차의 크기 $e(k)$ 는 그림 4(a)와 같다. 그림 3(a)와 4(a)를 비교하면 집단 피드백을 사용한 GA 알고리즘이 훨씬 더 효과적임을 알 수 있다. 그림 3(b)와 4(b)는 집단 크기를 2배로 진화 세대 수를 5배로 하였을 때의 파라미터 오차의 크기 $e(k)$ 인데, 계산 시간을 10배로 하여도 피드백을 사용하지 않는 경우 그림 4(b)에서 보듯이 이전 시간에 정확한 추정치를 얻어도 다음 순간의 추정치가 정확하다는 보장이 없다.

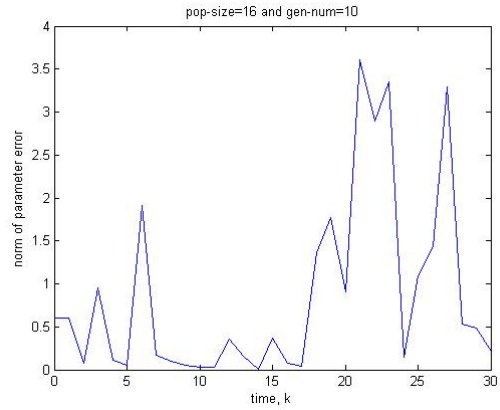
예제 2.

다음의 이산 시간 비선형 시스템을 고려하자.

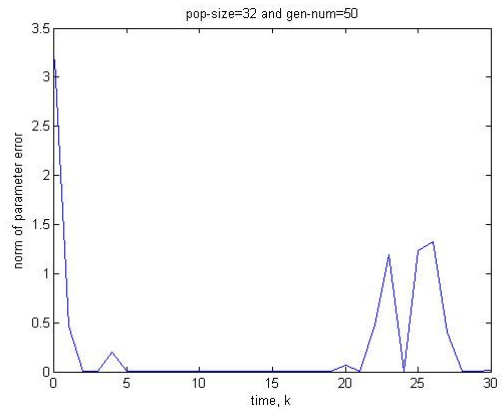
$$y(k) = \theta_1 y(k-1) + \theta_2 \sin y(k-2) + u(k-2) = f(Y^{k-1}, U^{k-1}, \theta), \quad k \geq 0 \quad (6)$$



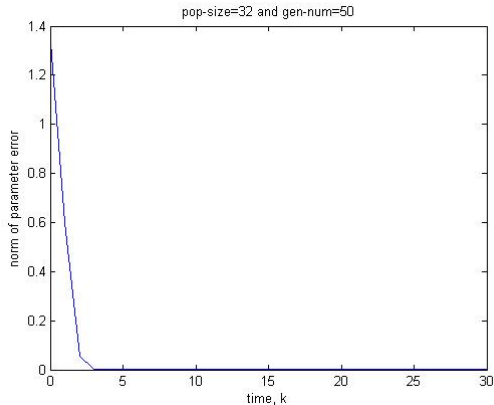
(a) pop_size=16, gen_number=10



(a) pop_size=16, gen_number=10



(b) pop_size=32, gen_number=50

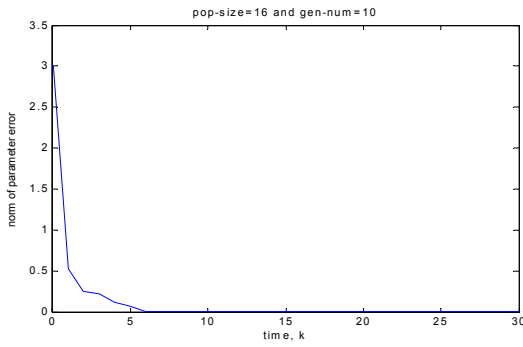


(b) pop_size=32, gen_number=50

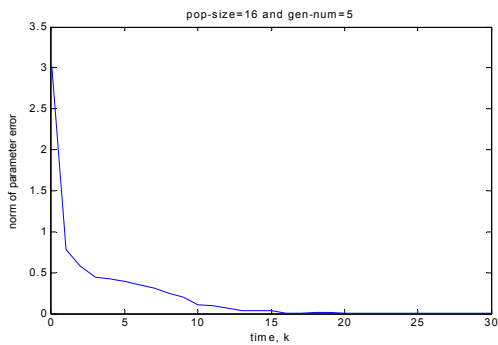
그림 4. GA 기반 시스템 식별기 (예제 1)
Fig. 4. GA-based system identifier

그림 3. 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별기 (예제 1)
Fig. 3. Population feedback GA-based system identifier

여기서 미지의 변수 $\theta = [\theta_1 \ \theta_2]^T = [1.2 \ -0.35]^T$ 라고 가정하자. 모의실험을 간단하게 하기 위해 입력 $u(k) = 0, k \geq 0$ 라고 가정한다. 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별 알고리즘을 사용하고 집단 크기를 16으로 진화 세대 수를 10으로 했을 때 파라미터 오차의 크기는 그림 5(a)와 같다. 만일 진화 세대 수를 반으로 줄이면 그림 5(b)와 같이 수렴 속도가 느리지만 여전히 동작한다. 즉, 비선형 시스템의 경우도 집단 피드백 GA 알고리즘을 사용하여 적은 양의 계산으로 온라인 시스템 식별기를 구성할 수 있다. 그림 6(a)와 6(b)에 집단 피드백을 사용하지 않는 GA 기반 시스템 식별 알고리즘을 사용하고 집단 크기를 32로 하고 진화 세대 수를 50으로 했을 때와 집단 크기를 64로 하고 진화 세대 수를 100으로 했을 때의 파라미터 오차의 크기를 나타냈다. 그림 6(b)에서 보듯이 집단 피드백을 사용하지 않고 그림 5(a)와 비슷한 결과를 얻기 위해서는 집단크기와 진화세대수를 각각 4배와 10배로 하여야 함을 알 수 있다.

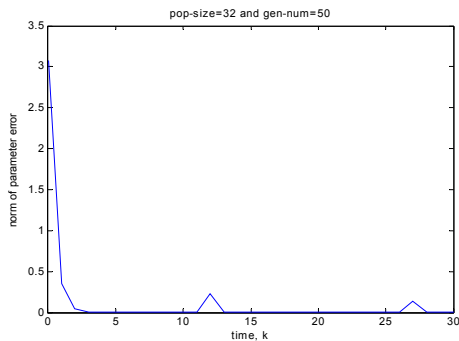


(a) pop_size=16, gen_number=10

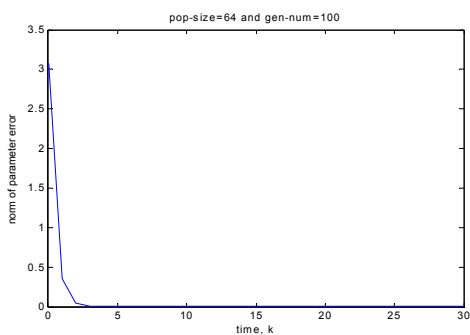


(b) pop_size=16, gen_number=5

그림 5. 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별기 (예제 2)
Fig. 5. Population feedback GA-based system identifier



(a) pop_size=32, gen_number=50



(b) pop_size=64, gen_number=100

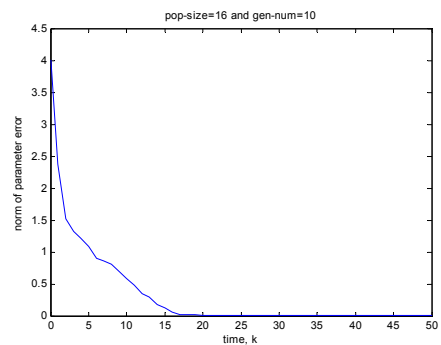
그림 6. GA 기반 시스템 식별기 (예제 2)
Fig. 6. GA-based system identifier

예제 3.

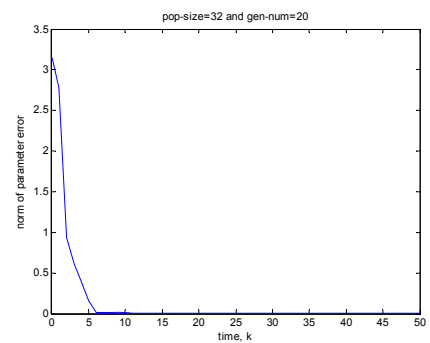
다음의 이산 시간 비선형 시스템을 고려하자.

$$y(k) = \theta_1 y(k-1) + \theta_2 y(k-2)^2 + \theta_3 \sin y(k-3) + u(k-3) = f(Y^{k-1}, U^{k-1}, \theta), \quad k \geq 0 \quad (7)$$

여기서, 변수 $\theta = [\theta_1 \ \theta_2 \ \theta_3]^T = [0.5 \ -0.35 \ 0.7]^T$ 이고 $u(k) = 0, k \geq 0$ 라고 가정한다. 그림 7(a)와 7(b)에 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별 알고리즘을 사용하고 집단 크기를 16으로 하고 진화 세대 수를 10으로 했을 때와 집단 크기를 32로 하고 진화 세대 수를 20으로 했을 때의 파라미터 오차의 크기를 나타냈다. 그림 7(a)와 예제 2의 그림 5(a)를 비교하면 같은 집단 크기와 진화 세대 수를 사용하여도 변수 θ 의 차수가 커지면 성능이 나빠진다는 것을 알 수 있다. 즉, 미지의 변수 차원이 2인 예제 2에 상응하는 성능을 차원이 3인 예제 3에서 얻기 위해서는 그림 7(b)와 같이 더 큰 집단 크기와 진화 세대 수를 사용하여야 한다. 비슷한 결과를 그림 6과 그림 8에서도 얻을 수 있다. 그림 8에서 알 수 있듯이 구하는 변수의 차원이 클수록 GA 알고리즘을 적용하기가 힘들다.

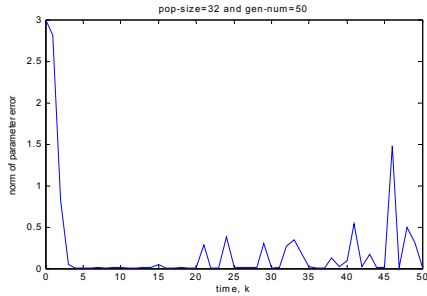


(a) pop_size=16, gen_number=10

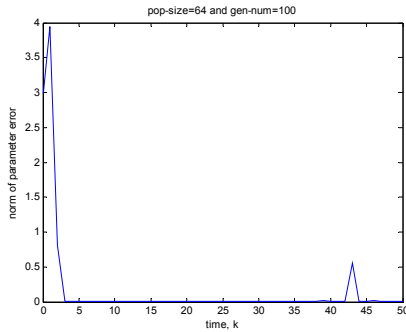


(b) pop_size=32, gen_number=20

그림 7. 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별기 (예제 3)
Fig. 7. Population feedback GA-based system identifier



(a) pop_size=32, gen_number=50



(b) pop_size=64, gen_number=100

그림 8. GA 기반 시스템 식별기 (예제 3)
Fig. 8. GA-based system identifier

5. 결 론

본 논문에서는 집단 피드백 GA 알고리즘을 사용하면 온라인 GA 기반 시스템 식별기 설계가 가능함을 보였다. 집단 피드백 GA 기반 시스템 식별기의 효용성은 모의실험을 통해 보였다. 모의실험을 통해 알 수 있듯이 파라미터의 차원이 커지면 같은 정밀도를 얻기 위해 요구되는 계산 양이 크게 늘어나므로 피드백이 없는 GA로서는 온라인 실행으로 정밀한 파라미터의 값을 얻기 힘들다. 본 논문의 유전 알고리즘을 이용한 시스템 및 그 제어방법은 국내 특허로 등록되어 있다.(특허 제 10-0926882호).

참 고 문 헌

- [1] R. L. Haupt and S. E. Haupt, *Practical genetic algorithms*, John Wiley & Sons, Inc., 1998.
- [2] Z. Michalewicz, *Genetic algorithms + data structures = evolution programmings*, Springer-Berlag, 1994.
- [3] 강훈, 심귀보, *지능정보시스템*, 브레인코리아, 2003.
- [4] 진강규, *유전알고리즘과 그 응용*, 교우사, 2000.
- [5] R. Das and D. E. Goldberg, "Discrete-time parameter estimation with genetic algorithms," *Proc. 19th Annual Pittsburgh Conf. on Modeling and Simulation*, pp. 2391-2395, 1988.
- [6] K. Kristinsson and G. A. Dumont, "System

identification and control using genetic algorithms," *IEEE Transaction on System, Man and Cybernetics*, vol. 22, no. 5, pp. 1033-1046, 1992.

- [7] 이현식, 진강규, "유전알고리즘을 이용한 연속시스템의 온라인 퍼라미터 추정, *제어 자동화 시스템공학 논문지*, 제 4 권, 제 1 호, pp. 76-81, 1998.

저 자 소 개



이정연(Jung-Youn Lee)

2010년 : 중앙대학교 전자전기공학부 공학사
2010년 ~ 현재 : 동 대학원 석사과정.

관심분야 : 진화연산, 비선형 제어 등
E-mail : miribjj@gmail.com



이흥기(Hong-Gi Lee)

1981년 : 서울대학교 전자공학과 공학사
1983년 : 동 대학원 전자공학과 공학석사
1986년 : University of Texas at Austin, 대학원 전기공학과 공학박사
1986년 ~ 1989년 : Louisiana State University 전기공학과 조교수
1989년 ~ 현재 : 중앙대학교 전자전기공학부 교수

관심분야 : 비선형 제어, 진화연산, 모델 예측 제어 등
E-mail : hglee@cau.ac.kr