

DNA 코딩 기반의 하이브리드 알고리즘을 이용한 Truck-Trailer Backing Problem의 퍼지 모델링

\* 김장현\*, 주영훈\*\*, 박진배\*

\*연세대 전기·컴퓨터공학과, \*\*군산대 공대 전자정보공학부

Fuzzy Modeling of Truck-Trailer Backing Problem Using DNA Coding-Based Hybrid Algorithm

Jang-Hyun Kim\*, Young-Hoon Joo\*\*, Jin-Bae Park\*

\*Dept. of Electrical & Computer Engineering, Yonsei Univ.

\*\* School of Electronics & Information Eng., Kunsan Univ.

**Abstract** - In the construction of successful fuzzy models and/or controllers for nonlinear systems, identification of a good fuzzy Neural inference system is an important yet difficult problem, which is traditionally accomplished by trial and error process. In this paper, we propose a systematic identification procedure for complex multi-input single-output nonlinear systems with DNA coding method. DNA coding method is optimization algorithm based on biological DNA as are conventional genetic algorithms (GAs). We also propose a new coding method for applying the DNA coding method to the identification of fuzzy Neural models. To acquire optimal TS fuzzy model with higher accuracy and economical size, we use the DNA coding method to optimize the parameters and the number of fuzzy inference system.

1. 서 론

퍼지 논리는 지금까지 시스템 동정과 제어 등의 응용에 있어서 매우 성공적이었다. 특히, 퍼지 논리 제어기는 수학적으로 모델링하기 어렵거나 비 선형성을 지닌 경우 또한 외부의 환경이 불확실하게 변하는 경우에도 매우 효과적이며 강인하다. 최근 들어 이러한 퍼지 논리 제어기를 향상하는데 유전 알고리즘을 사용하는 방법들이 많이 연구되고 있다. 유전 알고리즘은 생물학적 유전학과 자연 선택설을 바탕으로 한 탐색 알고리즘이다. 퍼지 제어기의 구조가 결정되면, 퍼지 제어기의 성능에 영향을 주는 것은 추론 규칙, 소속함수의 모양, 환산 계수 등이다[1]. 기존의 제어기 설계 방법은 전문가 지식, 특히 제어기의 구조에 매우 영향을 받는다. 그러므로 시행 착오적이며 적용적이지 못하다는 약점을 갖는다. 신경 회로망이나 유전 알고리즘과 같은 많은 혼합 기술이 지난 10여년간 이러한 문제를 다루는데 적용되어 왔다. 기존의 유전 알고리즘에서는 암호화된 염색체가 고정된 길이에서 적합한 대립 유전자(allele)가 진역 최적해에 수렴하도록 얻어진다. 그러나 암호화할 문제의 구조를 정확히 알지 못하므로 암호화된 스트링을 무작위로 발행시켜서 적합한 연계(linkage)를 얻기는 어렵다. 또한 빈약한 연계는 유전 알고리즘에 의한 빌딩 블록이 붕괴될 확률이 매우 높아지는 것을 의미한다. 역위나 재배열 방법이 유전 인자 순서를 탐색하는데 사용될 수 있을지라도 느려서 유용하게 사용되지 못한다[4].

본 논문에서는 DNA 코딩 방법을 사용하여 퍼지 신경망 모델의 최적화 방법을 제안한다. DNA 코딩 방법의 가변적인 암호화 표현을 사용하여 구조적인 퍼지 규칙을 최적화하고, 신경 회로망을 사용하여 소속 함수의 파라미터를 조정하게 된다. 본 논문에서는 비선형성이 강한 트럭 트레일러의 후진 문제에 관한 퍼지 신경망 제어기 설계를 통해 제안된 최적화 방법의 효율성과 정확성을 보인다[1][3].

2. 퍼지 신경망

퍼지 신경망 제어기는 이의 구조에 따라 모델의 성능과 질이 영향을 받는다. 적절하지 않은 구조를 선택할 경우 속도가 느리거나 수렴을 하지 않을 수도 있다.

암호화 방법은 DNA 스트링에서 퍼지 규칙 기반을 표현하는 것이다. DNA 코딩 방법에서는 가변 구조와 가변 길이의 정보를 암호화한다. 암호화의 기본 요소는 정수 쌍으로 표현되는 퍼지 구문이다.

제어기의 퍼지 모델은 T-S-K 형태로 주어진다. 즉  $n$ 개의 입력  $x_1$ 과  $x_2$  및 하나의 출력  $y$ 로 기술되는 제어기의 I/O 관계가 다음과 같은 형태의  $m$ 개의 rule의 기술된다.

$$R^i: \text{ IF } x_1 \text{ is } A_{i1} \text{ and } x_2 \text{ is } A_{i2} \dots x_n \text{ is } A_{in}, \\ \text{ THEN } y = b_i; \tag{1}$$

실제 수직적 입력  $x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*$  에 의한 출력  $y^*$ 는 다음과 같은 추론값을 갖는다.

$$y^* = \frac{\sum_{i=1}^m w_i b_i}{\sum_{i=1}^m w_i} \tag{2}$$

여기서,  $w_i = A_{i1}(x_1^*)A_{i2}(x_2^*) \dots A_{in}(x_n^*)$  이며  $A_{ij}$ 는 퍼지 변수이고  $b_i$ 는 상수이다.

상기 퍼지 규칙은 퍼지 신경망으로 구현될 수 있다. 연결 강도를 나타내는  $w_c, w_g, w_b$  등은 BP 학습 알고리즘에 의하여 수정된다. 첫 번째 Layer에 있는 뉴런은 Sigmoid 함수를 이용하고 있다. 즉 첫 번째 Layer의 출력  $O^{(c)}$ 는 다음과 같이 주어진다.

$$O^{(c)} = \frac{1}{1 + \exp\{-w_g(x_j + w_c)\}} \tag{3}$$

3. DNA 코딩

3.1 생물학적 DNA

생물학적인 DNA는 Adenine(A), Guanine(G), Cytosine(C), Thymine(T)의 네 가지 성분을 가진 뉴클레오티드로 구성되어 있다. 뉴클레오티드는 4개의 배열로 이루어져 있다. 네 가지 성분중 3개의 배열이 하나의 의미 단위를 이루어 해석된다. 의미 단위를 코돈(codon)이라 한다. 코돈의 변역은  $4 \times 4 \times 4 = 64$ 이며 이것을 아미노산으로 번역하면 20개의 아미노산이 된다. 생성되는 아미노산이 20가지인 이유는 64개의 코돈 중에서 같은 아미노산으로 해석되어지는 경우도 있기 때문이다. 아미노산이 단백질로 번역되기 위해서는 RNA(mRNA)로 전사되고 DNA의 배열로 생성된 아미노산의 합성 순서로 여러 종류의 단백질을 만들어내다. RNA에서 Thymine(T)는 U로 해석되며 단백질 번역시 길이의

결정은 시작 코돈 AUG에서 끝 코돈 UGA에서 번역이 끝난다.

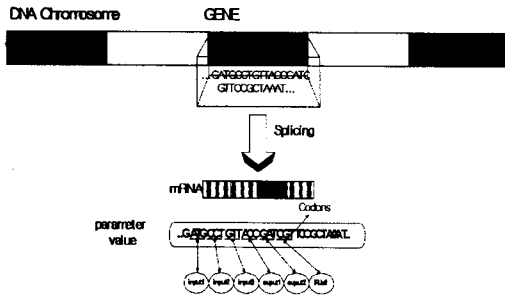


그림 1 생물학적 DNA

### 3.2 DNA 코딩 방법

DNA 코딩 방법은 Yashikawa 등에 의하여 기본적인 방법이 연구되었다. 일반적인 DAN 코딩 방법의 특징은 다음과 같다[3].

- (a) 지식 표현의 융통성
- (b) 코딩은 여유와 중복이 있다.
- (c) 염색체의 길이가 가변적이다.
- (d) 크로스 오버 포인트(교차점)가 강압적이지 않다.

본 논문에서 사용된 DNA 코딩 방법은 가변 위치 표현 방법(floating representation)을 사용하였다. 가변 위치 표현법이란 시작 코돈 AUG에서부터 시작하여 DNA 번역을 시작하는 것이다. 이 방법은 DNA 코딩 방법의 (a), (b), (c)의 특징을 나타내고 있으며, 이 방법이 고전적인 Genetic Algorithms 방법보다 첫 번째 염색체의 길이가 길수록 가변 위치 표현법이 더욱 우수하며, 개체군의 다양성을 보유했 수 있다. 그러므로 복잡한 비 선형 제어기 모델링에 좋은 성능을 보인다.

본 논문에서 DNA 코딩 방법은 3개의 DNA 배열로 이루어진 코돈을 1~4가지로 암호화 하였다. 시작하는 코돈 AUG는 142로 번역하였으며 끝나는 코돈 UGA는 412로 번역되었다. 그 이후 0~1로 정규화 하고 코돈의 경우의 개수는 20개로 한정하였다. DNA 배열은 전건부 퍼지 규칙 멤버십 함수의 폭과 위치, 후건부 퍼지 규칙의 상수, 규칙의 수로 나타내어진다. 그림 2에서는 DNA 배열의 번역을 나타내고 있다.

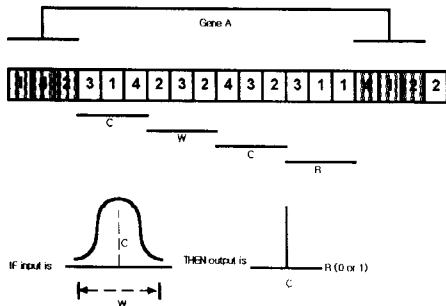


그림 2 DNA 염색체의 해석

## 4. 퍼지 신경망 구조의 최적화

### 4.1 퍼지 신경망의 최적화

퍼지 신경망은 입력층, 규칙층, 정규화층, 그리고 출력층

으로 구성되며 규칙층의 소속함수는 가우시안 함수이다. 그림 3은 퍼지 신경망에 대한 구조를 나타내고 있다[4].

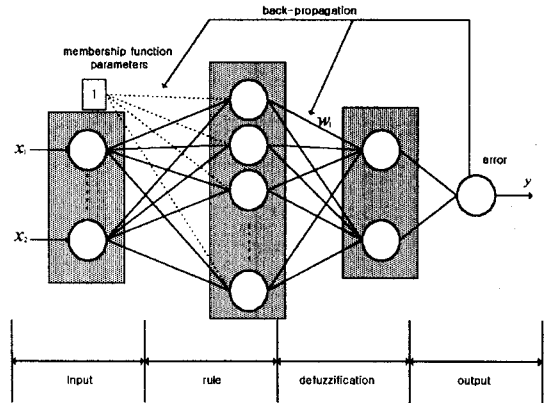


그림 3 퍼지 신경망의 구조

입력층은 입력 데이터  $x_1, x_2$  그리고 소속 함수의 파라미터 중심 ( $c_{ij}$ ) 과 ( $\sigma_{ij}$ )를 규칙층으로 보낸다. 입력 데이터와 규칙층의 결선 강도는 1이고 바이어스로 연결된 입력 노드와 규칙층 사이의 결선상도는 각각 소속 함수의 파라미터인 중심과 너비를 결정한다. 규칙층은 아래 식과 같다.

$$g_i(x_i, c_i, \sigma_i) = \exp\left(-\frac{(x_i - c_i)^2}{\sigma_i^2}\right) \quad (4)$$

where  $i = 1, \dots, n$

여기서  $g()$ 는 가우시안 함수로  $x, c, \sigma$ 의 파라미터를 갖는다. 파라미터는 각각 입력 데이터, 중심, 너비를 나타낸다. 정규화층은 출력층에서 비퍼지화하는 과정을 하기 위한 예비 단계이다. 그림 3. 에서 정규화 층 노드 안에  $\sum_1$ 과  $\sum_2$ 는 다음과 같다.

$$\sum_1 = \sum_{j=1}^J w_j f_j(x, c, \sigma) \quad (5)$$

$$\sum_2 = \sum_{j=1}^J f_j(x, c, \sigma) \quad (6)$$

여기서,  $J$ 는 규칙 노드의 수이고  $f_j$ 는 규칙층의 노드 출력이다. 출력층은 비퍼지화하는 단계로 정규화층의  $\sum_1$ 과  $\sum_2$ 를 입력으로 받아 출력으로  $\sum_1 / \sum_2$ 를 계산한다. 이렇게 추론된 출력은 원래의 출력 데이터와 비교하여 오차 역전파 알고리즘에 의해 각 결선 강도를 새로이 갱신한다.

### 4.2 BP 알고리즘을 이용한 미세 동정

DNA 코딩 방법을 이용하여 근사 최적해를 구한 다음 전역 최적해를 구하기 위해서는 오차역전파 알고리즘을 이용한다. 오차 역전파 알고리즘은 확장된 경사법에 의해 구할 수 있다.

$$w[n+1] = w[n] + \eta \left(-\frac{\partial E}{\partial w}\right) \quad (7)$$

본 논문에서는 초기 DNA 코딩으로 이루어진 파라미터의 근사적인 해를 구한 다음 전역 최적해를 구하기 위해서는 신경 회로망의 BP 알고리즘을 이용하여 미세 조정을 하였다.

## 5. 모의 시험 및 결과 고찰

본 논문에서 제안한 DNA 코딩 방법을 이용한 퍼지 신경망의 자동 동조 기법을 평가하기 위해 비선형이 강한 트럭 트레일러 후진 문제에 적용하였다. 본 논문에서 쓰인 트럭의 형태[1]는 다음 그림과 같다.

$$x_0(t+1) = x_0(t) + \frac{v \cdot \Delta t}{L} \tan(u(t)) \quad (8)$$

$$x_1(t) = x_0(t) - x_2(t) \quad (9)$$

$$x_2(t+1) = x_2(t) + \frac{v \cdot \Delta t}{L} \sin(x_1(t)) \quad (10)$$

$$x_3(t+1) = x_3(t) + v \cdot \Delta t \cdot \cos(x_1(t)) \cdot \sin\left(\frac{x_2(t+1) + x_2(t)}{2}\right) \quad (11)$$

$$x_4(t+1) = x_4(t) + v \cdot \Delta t \cdot \cos(x_1(t)) \cdot \cos\left(\frac{x_2(t+1) + x_2(t)}{2}\right) \quad (12)$$

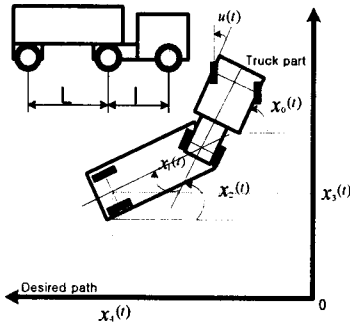


그림 4 Articulated vehicle

$x_0(t)$ 는 트럭의 각도,  $x_1(t)$ 는 트럭과 트레일러 사이의 각도차,  $x_2(t)$ 는 트레일러의 각도,  $x_3(t)$ 는 트레일러 후방의 수직 위치,  $x_4(t)$ 는 트레일러 후방의 수평 위치,  $u(t)$ 는 조향각 나타내고 있다. 그림5는 DNA 코딩 방법으로 퍼지 신경망의 파라미터의 해를 최적화 하였을 때 생성되는 적합도를 나타내고 있다.

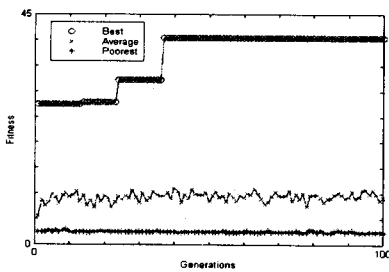


그림 5 적합도 변화

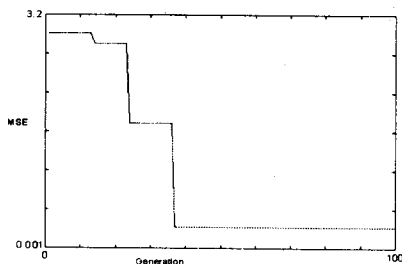


그림 6 최소 자승 오차

그림 6은 DNA 코딩 방법으로 퍼지 신경망의 파라미터를 동정 단계에서의 최소 제곱 에러의 변화를 보여주고 있다. 그림 7은 기존의 트럭-트레일러의 후진에 관한 성능과 DNA 코딩 방법으로 최적화되고 신경망으로 미세 조정된 퍼지신경망 모델에 의한 성능을 비교하고 있다. 상기 그림에서 알 수 있듯이 본 논문에서 제안한 방법이 우수함을 알 수 있다.

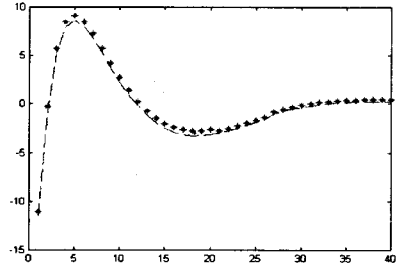


그림 7 성능 비교

## 6. 결론

본 논문은 퍼지 추론 시스템의 자기 동조 기법으로 DNA 코딩 방법을 사용한 퍼지 신경망 제안하였다. 유전 알고리즘은 전역 탐색 방법으로 최적해에 근사한 해를 탐색한다. 하지만 유전 알고리즘은 염색체의 수가 증가할수록, 세대의 수가 증가할수록 가장 최적의 해를 찾을 수 있다는 단점이 있다. 이러한 유전 알고리즘의 단점을 보완한 DNA 코딩 방법은 가변적인 염색체 길이의 변화와 코딩에 많은 여분과 중복을 가할 수 있어 많은 융통성을 가질 수 있다. 퍼지신경망은 규칙에 의해 제어기가 설계되기 때문에 DNA 코딩 방법이 매우 유용하다. 따라서 DNA 코딩 방법은 국소 최적해가 많은 복잡한 시스템에 적합한 탐색 방법이다. 제안된 자기 동조 기법은 파라미터뿐만 아니라 규칙의 수도 동시에 동조하게 된다. 비선형성이 강한 트럭 트레일러의 후진 문제에 제안된 자기 동조 기법은 퍼지 추론 시스템보다 우수한 성능을 보였다.

## [참고 문헌]

- [1] K. Tanaka and T. Kosaki, "Design of a Stable Fuzzy Controller For an Articulated Vehicle", IEEE TRANSACTIONS ON SYS., MAN, AND CYBER. PART B: CYBERNETICS. VOL 27. NO. 3, JUNE, 1997.
- [2] T. Fukuda, S. Nakagawa, Y. Kawauchi, and M. Buss, "Self Organizing Robots Based on Cell Structures-CEBOT," Proc. of 1988 IEEE Int. Workshop on Intelligent Robots and Systems(IROS '88), pp. 145-150, 1988.
- [3] T. Yoshikawa, T. Furuhashi, Y. Uchikawa, "A Combination of DNA Coding Method with Pseudo-Bacterial GA for Acquisition of Fuzzy Control Rules," The 1st Online Workshop on Soft Computing (WCSI), Aug., 1996.
- [4] S. Horikawa, T. Furuhashi and Y. Uchikawa, "On Fuzzy Modeling Using Fuzzy Neural Networks with the Back-Propagation Algorithm", IEEE Trans. Neural Networks vol. 3(5), pp. 801-806, 1992.
- [5] T. Hasegawa, S. Horikawa et al., "On Design of Adaptive Fuzzy Controller Using Fuzzy Neural Networks and a Description of Its Dynamical Behavior", Fuzzy Sets and Systems, vol. 71, pp.3-23, 1995