

## DNA 코딩방법을 이용한 이중도립진자의 퍼지제어

임 태우\* 권 양원 최 용선 안 태천  
원광대학교 제어계측공학 지능정보시스템 연구실

### Fuzzy Control of Double Inverted Pendulum using DNA coding Method

Tea-woo Lim\* Yang-won Kwon Yong-sun Choi Tae-chon Ahn  
School of Electrical & Electronics Engineering Wonkwang Univ.

**Abstract** - In this paper, a new DNA coding method, namely modified DNA coding method based on the biological DNA and the evolution mechanism of genetic algorithm. In order to evaluate the propose algorithms, for an example, they are applied to the fuzzy control of parallel double inverted pendulum system. Simulation result show the method is effective in finding the fuzzy control rules and is more excellent than conventional methods in control the system.

#### 1. 서 론

L.A Zadeh가 퍼지이론을 제안하고, Mandani가 퍼지이론을 시스템 제어에 응용한 이래로, 임의의 실제 시스템을 퍼지로 제어하기 위하여 제어규칙을 구하는 방법들에 대한 연구가 계속 되고 있다. 이를테면 전문가의 경험이나 제어공학자의 지식을 이용하여 규칙을 구하는 방법, 제어 조작자의 동작을 모델링 함으로써 구하는 방법, 제어 대상에 대한 퍼지 모델을 구하고 퍼지 시스템 이론을 적용하거나 시뮬레이션을 통해 구하는 방법, 그리고 자기 구성 제어기에서와 같이 학습에 의하여 규칙을 얻는 방법 등이 그것이다. 지금도 많은 연구자들이 새로운 방법을 찾아 무단히 노력하고 있는 실정이다. 애매함을 효율적으로 나타낼 수 있는 퍼지 이론의 언어적인 표현인 퍼지 제어규칙을 쉽게 얻을 수 있다면 매우 유용할 것이다.

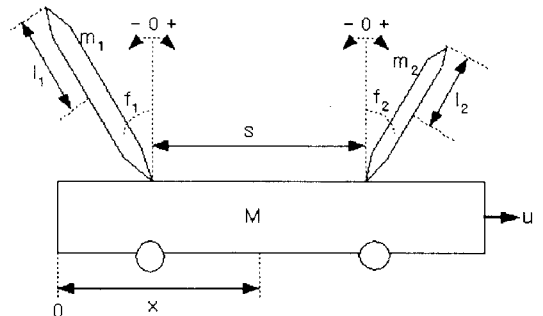
본 연구에서는 생물학적인 DNA와 유전자 알고리즘의 진화 메커니즘에 근거를 둔 DNA 코딩 알고리즘을 변형시킨 새로운 DNA 코딩방법을 제시한다. 즉, 이 방법은 기존의 DNA 코딩방법이 기본적인 유전자 진화과정으로 갖고 있는 도태와 증식부분에 재생산이라는 과정을 추가함으로써 초기집단이 진화과정 전체에 대해서 미치는 영향을 줄이고 새로운 집단이 가질 수 있는 가능성을 증가시키는 방법을 제안한다. 또한, 전역적인 탐색방법으로서 초기 값에만 의존하지 않고 매 세대 새로운 지점으로 부터 탐색을 가능하게 하는 방법을 제시한다. 또한 이 변형된 DNA 코딩 방법의 가능성을 입증하기 위하여 시스템 제어에 필요한 지식을 표현하는 적당한 퍼지 규칙을 후진부의 매개 변수의 동조만을 통하여 획득하고, 이 규칙에 변형된 DNA 코딩 방법을 적용하여 최적화된 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.

#### 2. 병렬형 이중도립진자 모델

병렬형 이중도립진자 모델이란 대차 위의 진자 2개가 병렬로 달려 있는 것을 말한다. 이 모델은 대차를 조작

함에 의해서 2개의 진자가 모두 도립상태에서 안정화시키는 것을 목적으로 한다. 그림 1에서와 같이 왼쪽의 진자(긴 쪽)을 제 1진자, 오른쪽의 진자(짧은 쪽)를 제 2진자라고 한다.

병렬형 도립진자의 제어에 있어서 주의할 점은 2개의 진자길이가 같을 경우 제어할 수 없기 때문에 다른 길이의 진자를 설정한다는 점이다. 길이가 다르면 각각 진자의 흔들리는 방향이 다르기 때문에 이 차이를 이용해서 2개 모두 도립상태에서 안정화시킬 수 있다. 대차의 움직임에 대해서 긴 진자는 둔감하게 짧은 진자는 민감하게 반응하기 때문에 긴 쪽의 진자가 너무 기울어지면 제어가 불가능해진다. 따라서 진자를 도립시킬 때 진자 1의 우선도를 크게 할 필요가 있다.



- |                    |                    |
|--------------------|--------------------|
| $m_1$ : 진자 1의 질량   | $m_2$ : 진자 2의 질량   |
| $l_1$ : 진자 1 길이의 반 | $l_2$ : 진자 2 길이의 반 |
| $f_1$ : 진자 1의 각도   | $f_2$ : 진자 2의 각도   |
| $s$ : 진자간의 거리      | $M$ : 대차의 질량       |
| $X$ : 대차의 위치       | $u$ : 대차의 조작량      |

그림 1. 병렬형 이중도립진자

### 3. DNA 코딩방법

#### 3.1 일반적인 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, Codon의 단위로 번역을 시작한다. 번역된 Codon들은 각각의 의미를 가진다. 그림2와 2은 DNA가 진화하는 순서를 보여준다. 그림1은 DNA 염색체의 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 Codon으로

부터 이동할 수 있고 어떤 유전자들은 다른 유전자와 중복되어 변환될 수 있다. 그림2는 이러한 중복된 표현을 보여주며 그림에서 Gene4는 Gene3과 마찬가지로 DNA 염색체로부터 중복되어 읽을 수 있다.

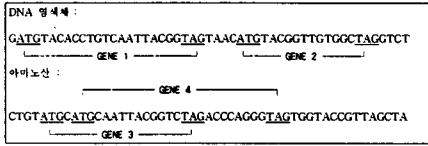


그림 2. 염색체의 변환과 유전자의 중복

그림3은 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 Gene4', Gene5가 생성된다. 이 방법에서 교차점에 따라서 유전자는 완전히 바뀔 수 있다. 여기에서 교차점을 강제적으로 정하지는 않는다. 그림3(b)은 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 Gene6이 생성되었다. DNA coding method의 특징을 정리하자면 먼저 다양한 형태의 지식의 융통성 있는 언어적 표현이 가능하다는 점이고 둘째, Coding시 여분과 중복의 설정이 가능하고 이에 따라 염색체의 길이가 가변적이며 교차점을 항상 강제적으로 정해주지 않아도 된다는 점이다.

결론적으로 말할 때 DNA Coding Method는 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. 본 논문에서는 이렇게 결합된 방법을 사용하여 최적화를 실시하였다.

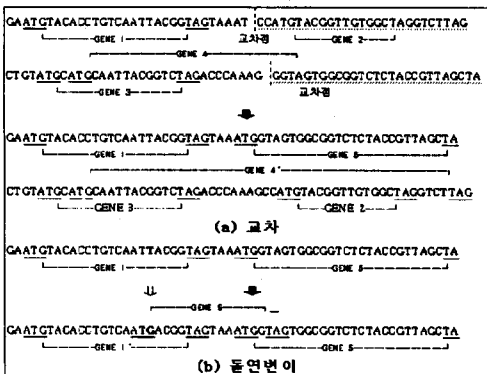


그림 3. 교차와 돌연변이

### 3.2 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 하게 되지만 주로 2진법에

의존하는 GA와는 달리 4진법을 사용하는 DNA 코딩 방법은 단순한 교차나 돌연변이에 의한 영향력이 GA에 비해 약해지게 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 상위 집단이나 다음 세대로 이어진 다른 개체들을 무작위로 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 국소해의 수렴 가능성을 가진 초기 생성된 개체 집단의 영향력을 줄이게 하는 것이다.

### 4. 퍼지 제어기의 구성

본 연구에서는 퍼지 제어에 의해서 병렬형 이종도립진자의 제어에 필요한 퍼지 추론규칙을 자동획득하고 더욱이 그 응답을 변형된 DNA 코딩방법을 이용하여 개선하는 것을 목표로 한다. 퍼지 제어에 이용한 입출력 변수는 다음과 같다.

- 입력:  $f_1$  (진자 1(긴 쪽)의 각도)
- $\Delta f_1$  (진자 1의 각도의 변화분)
- $f_2$  (진자 2(짧은 쪽)의 각도)
- $\Delta f_2$  (진자 2의 각도의 변화분)
- 출력:  $u$  (대차의 조작량)

입력변수는 NB (Negative Big), Z (Zero), PB (Positive Big) 3가지 상태로 표현하였다. 다음과 같이 4입력 3상대변수로 조합한 퍼지 규칙은 If-Then 형태로 81개의 규칙을 자동으로 생성한다. 퍼지제어기의 전반부, 후반부의 범위를 -6 ~ 6으로 지정하였으며 개체의 번역은 식(1)에 의하여 번역하였다.

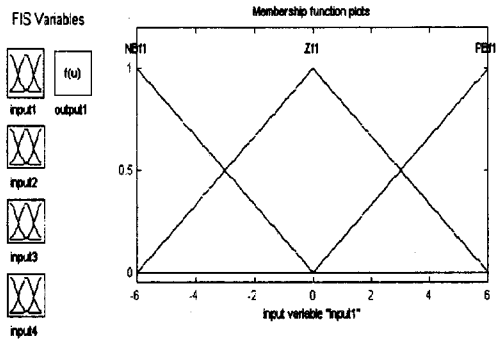


그림 4. 퍼지제어기 입력변수의 소속함수

$$0.19047619 \times 10^{\text{진수}} - 6.0 \quad (1)$$

또한, 각 개체의 적합도는 식(2)에 나타나는 평가함수  $h$ 에 의해서 구하여진다.

$$h_{ij} = \sum_{l=0}^N (|f_1(l)| + |f_2(l)|) \quad (2)$$

여기서  $i$ 는 개체수이며  $j$ 는 초기각도의 수를 나타낸다. 이것을 초기각도 모두에 대해서 실행하고 총계를 구한 후 해당 개체의 평가함수로 정하고 식(3)으로 나타낸다.

$$H_i = \sum_{j=1}^4 h_{ij} \quad (3)$$

한 세대에서 모든 개체의 평가함수의 값을 구한 후 그 중에서 평가함수의 최대값(max)과 최소값(min)을 구한 후 식(4)에 의하여 각 개체의 세대에 대한 적합도를 구한다.

$$fit_i = \frac{\max - H_i}{\max - \min} \times 100 \quad (4)$$

이식에 의하여 가장 뛰어난 개체는 100이 주어지고 가장 부적합한 개체에는 0이 주어진다. 이 과정을 통하여 적합도가 낮은 개체를 도태시키며 우수한 형질을 발현을 위해서 상위개체를 복사하여 교차와 돌연변이를 시행한다.

본 논문에서는 돌연변이에 의한 영향이 적은 DNA 코딩방법의 취약점을 개선하기 위하여 새로운 개체를 random하게 재생산한다. 그러나 재생산되어진 개체에 대해서는 교차나 돌연변이를 실행하지 않는다. 위와 같은 과정들을 통해 정해진 세대수 만큼 진화하면서 최종적으로 최적화된 퍼지 제어규칙을 획득하게 된다. 또한 본 논문에서는 각도의 단위에 라디안을 사용하고 있지만 도수쪽이 감각적으로 이해하기 쉽기 때문에 변환식을 식 (5)에 의하여 사용하였다.

$$x^\circ = \frac{180^\circ}{\pi [rad]} \times f_{[rad]} \quad (5)$$

rad	±0.00	±0.10	±0.20	±0.30	±0.40	±0.50	±0.60	±0.70
도 °	±0.00	±5.73	±11.5	±17.2	±22.9	±28.6	±34.4	±40.1
rad	±0.80	±0.90	±1.00	±1.10	±1.20	±1.30	±1.50	±1.57
도 °	±45.8	±51.6	±57.3	±63.0	±68.8	±74.5	±85.9	±90.0

표 1 각도 대응표

## 5. 시뮬레이션 결과

본 연구에서 일반적인 DNA코딩방법과 변형된 DNA 코딩방법에 대하여 시뮬레이션을 실시한 결과이다..

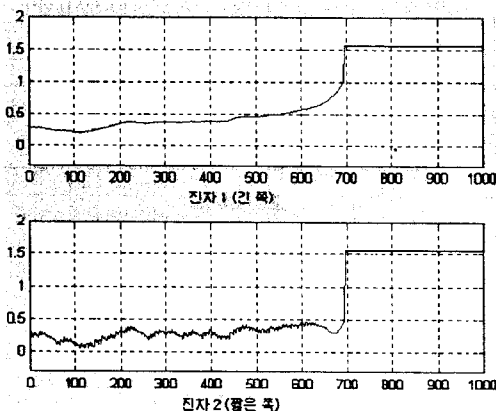


그림 5. 일반적인 DNA 코딩에 의한 시뮬레이션 결과

그림5의 경우는 일반적인 DNA 코딩방법을 사용하여 얻은 결과이다. 이 결과는 진자1, 진자2의 초기각도를 +0.3rad(+17.2°)으로 주었으나 0rad(도립)에 수렴하지 못하고 진자가 넘어지는 경우이다.

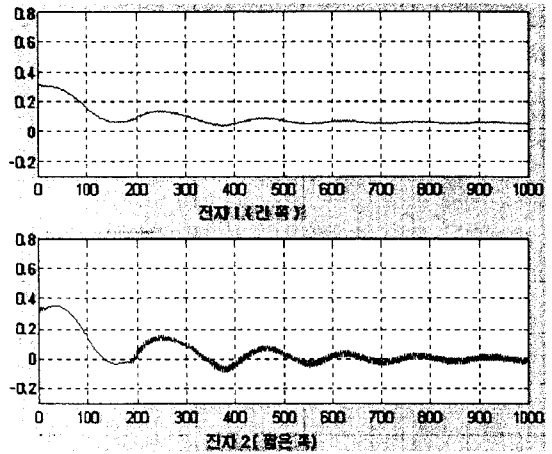


그림 6. 변형된 DNA 코딩에 의한 시뮬레이션 결과

반면에 그림6의 경우는 본 논문에서 제시한 변형된 DNA 코딩방법을 사용하였고 진자1, 진자2의 초기각도를 +0.3rad(+17.2°)를 주었고 0rad에 근사적으로 수렴함을 보였다.

## 6. 결 론

본 연구에서는 일반적인 DNA 코딩방법을 개선시킨 변형된 DNA코딩 방법을 사용하여 퍼지규칙을 획득하는 방법을 제안하였다. 제어하기가 까다로운 병렬형 이중도립진자를 모델로 선택하고 일반적인 DNA코딩방법보다는 개선된 결과를 보였다. 이는 제어에 필요한 퍼지 규칙의 획득에 있어 개선된 방법을 제시하여 제어의 가능성 보였다.

이 후의 과제로는 좀 더 빠른 수렴속도로 도립상태를 유지 할 수 있는 방법과 병렬형 이중 도립진자 제어에 필요한 퍼지 규칙을 빠른 시간에 획득할 수 있는 방법에 대한 연구가 필요하다.

## (참 고 문 헌)

- (1) Elie Sanchez "DNA Biosoft computing" 9th Annual Meeting Biomedical Fuzzy systems Association 15-16/10/1996
- (2) L.M. Adleman, "Molecular Computation of Solution to Combinatorial Problems". Science, Vol 266, pp. 1021-1024(11 nov.1994)
- (3) Tomohiro Yoshikawa, Takeshi Furuhashi and Yoshiki Uchikawa, "The Effect of Combination of DNA coding Method with Pseudo-Bacterial GA." Proceedings of the 1997 IEEE International Intermag '97 Magnetics conference, 4/01/1997
- (4) R.C. Murphy, R. Deaton, D.R. Franceschetti, S.E. Stevens Jr, and M.Garzon, "A New Algorithm for DNA Based Computation". Proceedings of the 1997
- (5) T. Furuhashi, Y Miyata Y. Uchikawa, "Pseudo-Bacterial Genetic Algorithm and Finding of Fuzzy Rules". the Second Online Workshop on Evolutionary computation (WEC2), pp.65-68 (1996)