

# 기동 표적 추적을 위한 DNA 코딩 기반 상호작용 다중모델 기법

이 범 직, \*주 영 훈, 박 진 배  
연세대학교 전기전자공학과, \*군산대학교 전자정보공학부  
전화 : 02-2123-2773 / 핸드폰 : 017-672-3914

## A DNA Coding-Based Interacting Multiple Model Method for Tracking a Maneuvering Target

Bum Jik Lee, \*Young Hoon Joo, Jin Bae Park  
Department of Electrical and Electronic Engineering, Yonsei University  
\*School of Electronic and Information Engineering, Kunsan University  
E-mail : bumjik@control.yonsei.ac.kr

### Abstract

The problem of maneuvering target tracking has been studied in the field of the state estimation over decades. The Kalman filter has been widely used to estimate the state of the target, but in the presence of a maneuver, its performance may be seriously degraded. In this paper, to solve this problem and track a maneuvering target effectively, a DNA coding-based interacting multiple model (DNA coding-based IMM) method is proposed. The proposed method can overcome the mathematical limits of conventional methods by using the fuzzy logic based on DNA coding method. The tracking performance of the proposed method is compared with those of the adaptive IMM algorithm and the GA-based IMM method in computer simulations.

### I. 서 론

다중모델을 이용한 기동표적(maneuvering target) 추적의 정확성은 기동에 대하여 사용될 각각의 부모델(sub-model)의 적합도에 기인한다. 대표적인 다중모델 기법인 상호작용 다중모델(Interacting Multiple Model : IMM) 기법의 경우, 최종 추정치(estimate)는 각각의 모델이 유효할 확률에 따른 부모델들의 추정치의 가중합(weighted sum)으로 얻어진다[1]. 그러나 이 기법은 다중모델을 구성하기 위해, 기동의 특성이 사전에 고려되어야 한다. 즉, 각각의 기동입력에 따라 다양한 프로세스 잡음(process noise)의 수준을 가지는 사전 설정된 부모델들을 필요로 한다 그러나 실제로 알지 못하는 표적의 기동 특성을 고려하는 것은 쉬운 작업이

아니다. 따라서, 이러한 문제점을 해결하기 위한 방법으로 적응 상호작용 다중모델 (Adaptive Interacting Multiple Model : AIMM) 기법이 소개되었다[2, 3]. 이 기법은 이단 칼만 필터(two-stage Kalman filter)를 이용하여 표적의 가속도를 추정한 후, 추정된 가속도에 기반하여 다중모델을 구성함으로써 적응적으로 표적의 기동에 대처할 수 있다. 그러나, 이 기법에서도 추정된 가속도에 가감되는 가속도 간격(acceleration interval)은 기동의 특성을 고려하여 적절한 값으로 미리 선정되어야 한다.

본 논문에서는, 앞서 언급한 것처럼, 다중모델을 구성하기 위해 기존의 기법들이 가지는 사전 요구조건을 완화시키고, 아울러 표적 추적 성능을 향상시키기 위해, DNA 코딩에 기반한 상호작용 다중모델(DNA Coding-based Interacting Multiple Model : DNA coding-based IMM) 기법을 제안한다. 제안된 기법에서, 실제 알지 못하는 표적의 가속도 입력은 추가적인 프로세스 잡음으로 고려되고, 따라서 전체 프로세스 잡음의 분산(variance)은 시변(time-varying)이고, 비선형인 특성을 가지게 된다. 이러한 프로세스 잡음의 분산 값은 수학적으로 계산하기 어렵기 때문에, 필터의 잔차(residual)와 프로세스 잡음의 분산과의 관계를 이용한 퍼지 시스템이 적용된다. 또한, 다른 수준의 가속도 입력이 고려된 각각의 부모델에서, 퍼지 시스템의 파라미터들과 규칙수를 동정하기 위해 DNA 코딩 기법이 사용된다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2절에서는 이론적 배경으로 기동 표적 모델과 적응 상호작용 다중모델 기법을 언급하고, 3절에서는 본 논문에서 제안한 기법을 언급한다. 4절에서는 모의실험을 통하여, 제안된 기법의 추적 성능이 적응 상호작용 다중모델 기법 및 유전 알고리즘 기반 상호작용 다중모델(GA based-IMM) 기법과 비교되고, 마지막으로 5절에서는 결론이 도출된다.

## II. 이론적 배경

기동표적을 위한 선형 이산시간 모델(linear discrete time model)은 각각의 축에 대하여 다음과 같다.

$$X(k+1) = FX(k) + G[u(k) + w(k)] \quad (1)$$

$$F = \begin{bmatrix} 1 & T \\ 0 & 1 \end{bmatrix}, G = \begin{bmatrix} T^2/2 \\ T \end{bmatrix}$$

여기서,  $x(k) = [\xi \ \xi]^T$ 는 상태 벡터,  $F$ 와  $G$ 는 각각 시스템 행렬과 이득 행렬이고,  $w(k)$ 는 프로세스 잡음,  $u(k)$ 는 실제로 알지 못하는 결정적(deterministic) 가속도 입력이다.

또한 측정 방정식은 다음과 같다.

$$Z(k) = HX(k) + v(k) \quad (2)$$

여기서,  $H = [1 \ 0]$ 는 측정 행렬이고,  $v(k)$ 는 측정 잡음이다.  $w(k)$ 와  $v(k)$ 는 각각 분산  $q$ 와  $r$ 을 가지는 영 평균 가우시안 백색 잡음이고, 두 잡음들 간의 상관관계(correlation)는 영으로 가정된다.

이단 칼만필터에서 추정된 가속도를 이용하여 다중 모델을 구성하는 적응 상호작용 다중모델 기법의 알고리즘은 그림 1과 같다[2, 3].

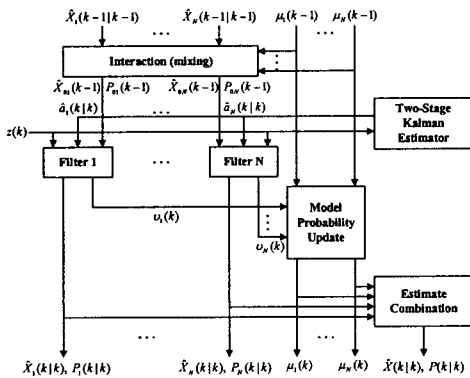


그림 1 적응 상호작용 다중모델 기법

## III. DNA 코딩 기반 상호작용 다중모델 기법

### 3.1 퍼지 추론 시스템

본 논문에서, 가속도 입력  $u(k)$ 는 추가적인 잡음으로 고려되고, 따라서 식(1)은 다음과 같이 표현된다.

$$X(k+1) = FX(k) + G\bar{w}(k) \quad (3)$$

여기서,  $\bar{w}(k)$ 는 새로운 프로세스 잡음으로, 임의의 기동입력에 대하여 발생하는 필터의 잔차와 그 변화값으로부터 결정되는 분산  $\bar{q}(k)$ 를 가진다. 이러한 분산값의 수학적 계산은 매우 어려우므로, 비선형 시스템을 효과적으로 근사화시킬 수 있는 퍼지 시스템이 적용된다. 제안된 퍼지규칙의 구조는 다음과 같다.

rule  $j$ : If  $x_1$  is  $A_{1j}$  and  $x_2$  is  $A_{2j}$  then  $y$  is  $q_j$

여기서 두 입력 변수,  $x_1$ 과  $x_2$ 는 각각 필터의 잔차,  $v(k)$ 와 그 변화,  $\Delta v(k)$ 을 나타내고, 출력 변수  $y$ 는  $j$ 번째 규칙에 대한 프로세스 잡음의 시변 분산,  $q_j$ 을 나타내는 실수값이고,  $A_{ij}$  ( $i=1, 2$ )는 가우시안 소속 함수(Gaussian membership function)로 다음과 같은 소속도(membership grade),  $\mu_{ij}(x_i)$ 를 가진다.

$$\mu_{ij}(x_i) = \exp\left[-\frac{1}{2}\left(\frac{x_i - c_{ij}}{\sigma_{ij}}\right)^2\right]$$

여기서  $c_{ij}$ 와  $\sigma_{ij}$ 는 각각  $j$ 번째 규칙의  $i$ 번째 입력에 대한 가우시안 소속함수의 중심값과 폭을 나타낸다.

프로덕트(product) 추론 및 무계중심 비퍼지화를 이용한  $m$ 번째 부모모델에 대한 프로세스 잡음의 분산,  $\bar{q}_m(k)$ 의 추론 결과는 다음과 같다.

$$\bar{q}_m(k) = \frac{\sum_{i=1}^M q_i^m (\prod_{i=1}^2 \mu_{ij}^m(x_i^m(k)))}{\sum_{i=1}^M (\prod_{i=1}^2 \mu_{ij}^m(x_i^m(k)))} \quad (4)$$

여기서  $M$ 은 사용된 최대 규칙수를 의미한다.

### 3.2 DNA 코딩을 이용한 퍼지 시스템의 최적화

임의의 기동 입력에 대하여  $m$ 번째 부모모델에 사용될 퍼지규칙들의 파라미터와 규칙수를 동정하기 위하여 DNA 코딩 기법이 적용된다.

DNA 코딩 기법은 생물학적 DNA의 구조에 기반하여 만들어진 최적화 기법으로 일반적으로 유전 알고리즘보다 지식의 표현이 다양하고, 최적화 성능이 우수한 것으로 알려져 있다[4]. 생물학적 DNA의 기본적 요소는 4개의 핵산(nucleotide)이다. 핵산은 A(Adenine), G(Guanine), C(Cytosine), 및 T(Thymine)으로 구성되고, 3개의 핵산이 결합하여 하나의 코돈(codon)을 형성한다. 이러한 64개의 코돈은 유전정보를 가지는 아미노산(amino acid)으로 표 1과 같이 해석되어 진다. 표에서 각각의 아미노산이 가지는 유전정보를 나타내는 괄호안의 값은 입력 및 출력 학습데이터 상에서 임의로 분할된 값을 지정하는 역할을 한다.

표 1 코돈으로부터 아미노산의 번역

First Base	Second Base			Third Base
	T	C	A	
T	Phe(1)	Ser(10)	Tyr(4)	Cys(19)
	Phe(1)	Ser(10)	Tyr(4)	Cys(19)
	Leu(9)	Ser(10)	Tyr(4)	Trp(20)
	Leu(9)	Ser(10)	His(5)	Trp(20)
C	Leu(9)	Pro(7)	His(5)	Arg(11)
	Leu(9)	Pro(7)	His(5)	Arg(11)
	Leu(9)	Pro(7)	Gln(14)	Arg(11)
	Leu(9)	Pro(7)	Gln(14)	Arg(11)
A	Ile(2)	Thr(8)	Asn(15)	Ser(10)
	Ile(2)	Thr(8)	Asn(15)	Ser(10)
	Met(3)	Thr(8)	Lys(16)	Arg(11)
	Met(3)	Thr(8)	Lys(16)	Arg(11)
G	Val(6)	Ala(12)	Asp(17)	Gly(13)
	Val(6)	Ala(12)	Asp(17)	Gly(13)
	Val(6)	Ala(12)	Glu(18)	Gly(13)
	Val(6)	Ala(12)	Glu(18)	Gly(13)

그림 2는 코돈이 아미노산으로 번역되고, 아미노산이 가지는 유전정보에 따라 퍼지규칙이 생성되는 과정을

보여준다.

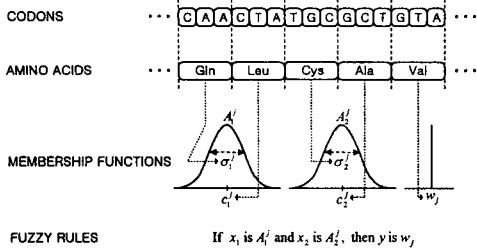


그림 2 염색체로부터 퍼지규칙의 생성

하나의 세대(generation)동안 개체군(population)을 형성하는 각각의 개체(individual)는 다음과 같이 표현된다.

$$S_j^m = \{c_{1j}^m, \sigma_{1j}^m, c_{2j}^m, \sigma_{2j}^m, a_j^m\}$$

$$S^m = \{S_1^m, S_2^m, \dots, S_M^m\}$$

여기서  $S_j^m$ 은 하나의 개체에서  $j$ 번째 규칙에 대한 실수 파라미터 스트링을 나타내고,  $S^m$ 은  $m$ 번째 부모모에 대한 하나의 개체를 나타낸다.

일반적으로 퍼지 시스템은 다음의 목적함수의 값이 최소가 되도록 설계된다.

$$J = \sqrt{(\sum(\text{position error}))^2 + (\sum(\text{velocity error}))^2} \quad (5)$$

따라서 각 개체가 가지는 적합도는 다음과 같은 적합도 함수에 의해 평가된다.

$$f(J) = \frac{\lambda}{J+1} + \frac{1-\lambda}{M+1} \quad (6)$$

여기서  $\lambda$ 는 오차와 규칙수 사이의 가중치를 나타낸다.

각각의 개체들은 유전 연산자를 이용하여 진화하게 되는데, 여기서는 교차(crossover), 돌연변이(mutation), 삭제(deletion), 삽입(insertion), 및 변위(inversion) 연산자가 사용되었다. 이러한 과정에서 적합도가 높은 개체는 다음 세대로 재생된다. 각각의 유전 연산자들의 작동 원리는 그림 3과 같다.

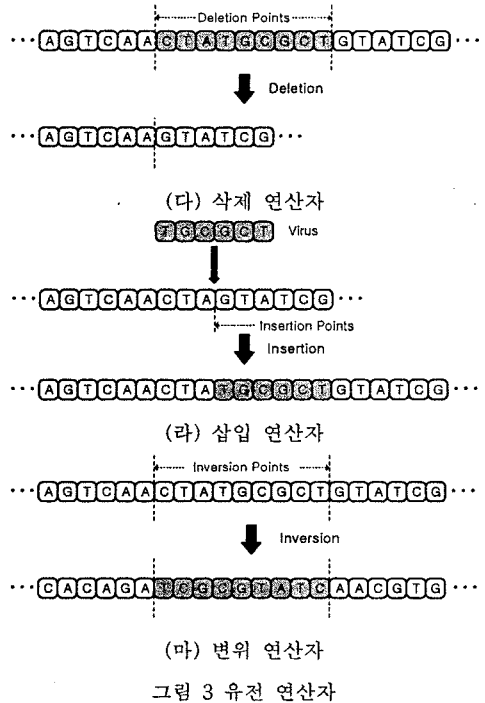
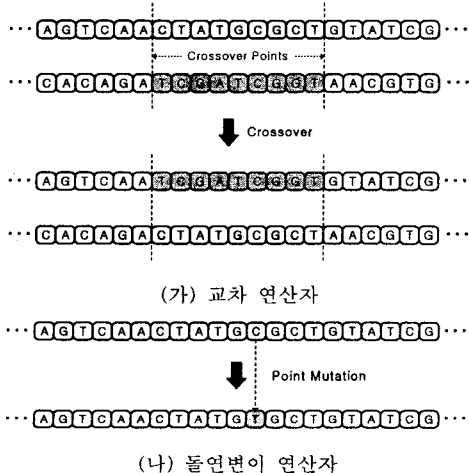


그림 3 유전 연산자

### 3.3 DNA 코딩 기반 상호작용 다중모형 기법

본 논문에서 제안된 DNA 코딩 기반 상호작용 다중모형 기법의 알고리즘은 다음과 같다.

**추정치의 상호 작용(혼합)**

$$X_{nm}(k-1|k-1) = \sum_{n=1}^N \mu_{nm}(k-1|k-1) X_n(k-1|k-1)$$

$$P_{0m}(k-1|k-1) = \sum_{n=1}^N \mu_{nm}(k-1|k-1) \{P_n(k-1|k-1) + [X_n(k-1|k-1) - X_{0m}(k-1|k-1)] \cdot [X_n(k-1|k-1) - X_{0m}(k-1|k-1)]^T\}$$

여기서 혼합 확률(mixing probability),  $\mu_{nm}$ 은 다음과 같다.

$$\mu_{nm}(k-1|k-1) = p_{nm} \mu_n(k-1) / \sum_{n=1}^N p_{nm} \mu_n(k-1)$$

여기서  $p_{nm}$ 는 알려진 모드 전환 확률(mode transition probability)이다

**필터링 알고리즘**

$$X_m(k|k-1) = F X_{0m}(k-1|k-1)$$

$$v_m(k) = Z(k) - H X_m(k-1)$$

$$\bar{q}_m(k) = \frac{\sum_{i=1}^M q_i^m ( \prod_{i=1}^2 \mu_{ij}^m(x_i^m(k)) )}{\sum_{i=1}^M ( \prod_{i=1}^2 \mu_{ij}^m(x_i^m(k)) )}$$

$$P_m(k|k-1) = F P_{0m}(k-1|k-1) F^T + G \bar{q}_m(k) G^T$$

$$S_m(k) = H P_m(k|k-1) H^T + r$$

$$K_m(k) = P_m(k|k-1) H^T S_m^{-1}(k)$$

$$\mathcal{X}_m(k) = \mathcal{X}_m(k-1) + K_m(k) \nu_m(k)$$

$$P_m(k) = P_m(k-1) - K_m(k) S_m(k) K_m^T(k)$$

모드 확률 갱신

$$\mu_m(k) = \Lambda_m(k) \sum_{n=1}^N p_{nm} \mu_n(k-1) / \sum_{n=1}^N \Lambda_n(k) \sum_{m=1}^N p_{nm} \mu_n(k-1)$$

여기서 공간(likelihood) 함수,  $\Lambda_m$ 는 다음과 같다.

$$\Lambda_m(k) = \kappa [r_m(k); 0, S_m(k)] \\ = \frac{1}{\sqrt{2\pi} S_m(k)} \exp\left(-\frac{1}{2} r_m^T(k) S_m(k) r_m(k)\right)$$

추정치 조합

$$\mathcal{X}(k) = \sum_{m=1}^N \mu_m(k) \mathcal{X}_m(k)$$

$$P(k) = \sum_{m=1}^N \mu_m(k) (P_m(k) \\ + [\mathcal{X}_m(k) - \mathcal{X}(k)] \cdot [\mathcal{X}_m(k) - \mathcal{X}(k)]^T)$$

그림 4는  $N$ 개의 부모모델을 이용한 DNA 코딩 기반 상호작용 다중모델 기법을 나타낸다.

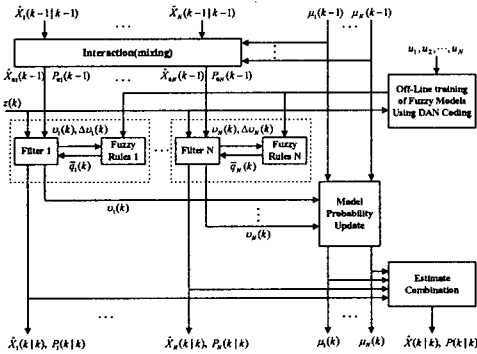


그림 4 DNA 코딩 기반 상호작용 다중모델 기법

#### IV. 모의실험 결과

이 절에서는 모의실험을 통하여 제안된 방법의 표적 추적 성능이 적응 상호작용 다중모델 기법 및 유전 알고리즘 기반 상호작용 다중모델 기법과 비교된다. DNA 코딩 기법에 사용된 초기 매개변수는 표 2와 같다.

표 2 DNA 코딩 기법의 초기 매개변수

매개변수	값
최대 세대수	200
최대 규칙수	50
개체군 크기	500
교차/돌연변이율	0.9/0.01
삭제/삽입/변위율	0.01/0.01/0.01
$\lambda$	0.9

본 모의실험에서는 표적의 최대 가속도 입력이  $0.1 \text{ km/s}^2$ 으로 가정된다. 또한 각각의 부모모델들을 구성하

기 위한 퍼지규칙들의 집합은 DNA 코딩 기법을 이용하여 오프라인 상에서 가속도 입력  $u_1 = 0.001 \text{ km/s}^2$ ,  $u_2 = 0.01 \text{ km/s}^2$  및  $u_3 = 0.1 \text{ km/s}^2$ 에 대하여 학습된다.

표적의 초기 위치는  $x-y$  평면상에서 (72.9, 21.5)  $\text{km}$ 이고,  $x$ 축에 대하여  $-150^\circ$  선상으로  $0.3 \text{ km/s}$ 의 일정한 속도로 이동한다. 각각의 축에 대한 가속도 입력은 그림 5와 같이 주어지고, 그에 따른 표적의 운동은 그림 6과 같다.

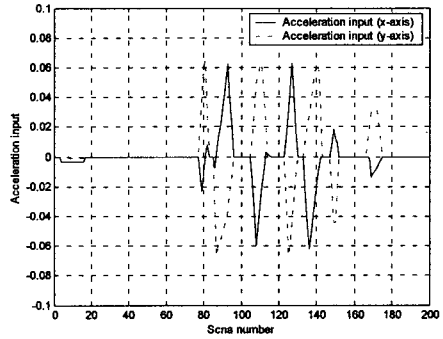


그림 5 가속도 입력

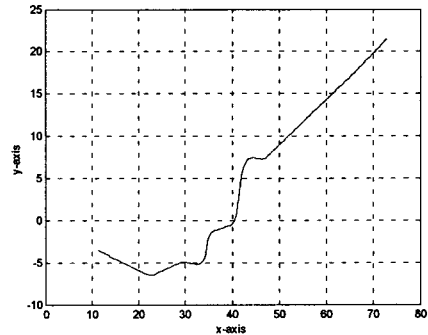


그림 6 표적의 운동

각각의 축에 대하여, 영 평균 백색 가우시안 측정 잡음의 표준 편차는  $0.5 \text{ km}$ 이고, 임의의 가속도 잡음, 즉 프로세스 잡음의 표준 편차는  $0.001 \text{ km/s}^2$ 이다. 또한 이단 칼만 추정기를 위한 바이어스 필터 및 바이어스-프리 필터의 프로세스 잡음의 표준 편차는 각각  $0.01 \text{ km/s}^2$ 와  $0.001 \text{ km/s}^2$ 과 같다. 각각의 부모 모델에 대한 전환 확률 행렬 (switching probability matrix)과 초기 모델 확률 (initial model probability)은 다음과 같이 선택된다.

$$P_{ij} = \begin{cases} 0.97 & \text{if } i=j \\ \frac{1-0.97}{N-1} & \text{otherwise} \end{cases}$$

$$w_i = \begin{cases} 0.6 & \text{if } i=1 \\ \frac{1-0.6}{N-1} & \text{otherwise} \end{cases}$$

적용 상호작용 다중모델 기법에서 추정된 가속도에 가감되는 부 모델들의 가속도 수준은 3개의 다중 모델의 경우(AIMM3)에 0.04이고, 5개의 다중 모델의 경우(AIMM5) 0.02와 0.04로 선택된다. 이러한 가속도 수준은 기동의 특성을 고려하여, 여러 번의 실험을 통하여 결정되었다.

모의실험은 100번에 걸쳐 수행되고, 제안된 방법의 실험결과는 그림7에서 적용 상호작용 다중모델 기법과 비교되고, 또한 그림8에서 유전 알고리즘 기반 상호작용 다중모델 기법과 비교된다. 또한 각각의 기법들에 대한 수치적인 결과 비교 및 사용된 퍼지규칙의 수는 표3에서 보여준다.

표 3 수치적 결과 및 사용된 퍼지규칙 수의 비교

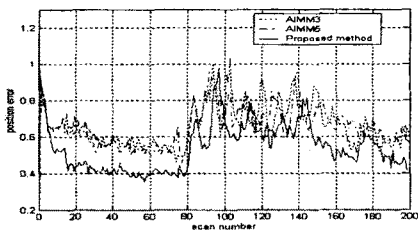
Configuration	No. of sub-models	Error/Scan		No. of fuzzy rules
		Position	Velocity	
AIMM3	3	0.6633	0.1818	-
AIMM5	5	0.6593	0.1784	-
GA-based IMM	3	0.5527	0.1063	7 / 9 / 7
Proposed Method	3	0.5454	0.1027	5 / 6 / 4

## V. 결론

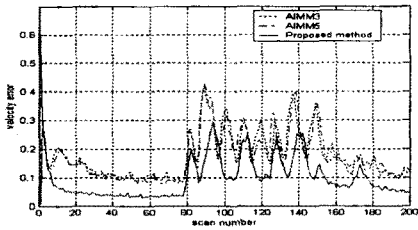
본 논문에서는 기동 표적을 효과적으로 추적하기 위해 퍼지 논리를 이용한 DNA 코딩 기반 상호작용 다중모델 기법을 제안하였다. 제안된 방법에서 실제 알지 못하는 표적의 기동을 다루기 위해, 프로세스 잡음의 시변 분산을 가지는 새로운 표적 모델이 사용되었다. 이러한 복잡한 시변 분산을 계산하기 위해 퍼지 시스템이 적용되고, 또한 퍼지규칙을 동정하기 위해 DNA 코딩 기법이 사용되었다. 모의실험 결과는 제안된 방법의 표적 추적 성능이 적용 상호작용 다중모델 기법과 비교하여 월등히 우수함을 보여준다. 또한 유전 알고리즘 기반 상호작용 다중모델 기법과 비교하여 적은 퍼지규칙을 이용하여 다소 우수한 결과를 얻을 수 있었다. 특히, 제안된 방법은 기존의 다중모델 기법들이 사전에 기동 특성을 고려해야 한다는 단점을 학습을 통한 최적화로 해결하였다.

## 참고문헌

- [1] H. A. P. Blom and Y. Bar-Shalom, "The interacting multiple model algorithm for systems with a jump-linear smoothing application", *IEEE Transactions on Automatic Control*, Vol. AC-33, No. 8, pp. 780-783, August, 1988.
- [2] A. Munir and D. P. Atherton, "Adaptive interacting multiple model algorithm for tracking a maneuvering target", *IEE Proc. of Radar, Sonar Navigation*, Vol. 142, No. 1, pp. 11-17, 1995.
- [3] Y. Bar-Shalom and X. Li, *Estimation and Tracking ; Principles, Techniques and Software*, Norwood, MA : Artech House, 1993
- [4] Y.-S. Ding and L.-H. Ren, "DNA genetic algorithm for design of the generalized membership-type Takagi-Sugeno fuzzy control system", *Proceedings of IEEE Int. Conf. on Systems, Man, and Cybernetics*, USA, 3862-3867, Oct., 2000.
- [5] B. J. Lee, Y. H. Joo and J. B. Park, "GA-based IMM method for tracking a maneuvering target", *Proceedings of the KIEE Summer Annual Conf. 2002*, 2382-2384, July, 2002.

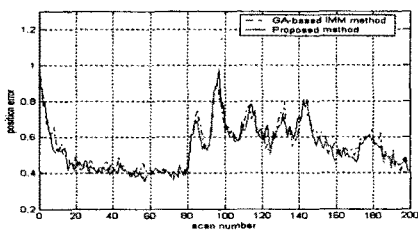


가. 위치 오차

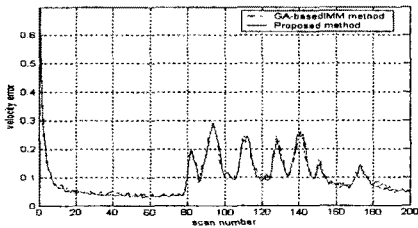


나. 속도 오차

그림 7 적용 상호작용 다중모델 기법과 결과 비교



가. 위치 오차



나. 속도 오차

그림 8 유전 알고리즘 기반 상호작용 다중모델 기법과 결과 비교