

# 새로운 합성 추론법에서 DNA 코딩을 이용한 국소 퍼지 규칙의 자동 획득

(Automatic Acquisition of Local Fuzzy Rules by DNA  
Coding in new Composition Reasoning Method)

박종규\* · 안태천\*\* · 윤양웅\*\*

(Jong-kyu Park · Tae-chon Ahn · Yang-woong Yoon)

## 요 약

본 논문에서는, 퍼지 제어기의 성능에 대한 손실이 없으면서, 퍼지규칙의 수를 줄이고 최적화하고 자동화할 수 있는 방법으로 개략추론과 국소추론의 개념을 결합시킨 새로운 합성형 퍼지 추론법을 제안한다. 개략추론과 국소 추론의 상호작용을 제어하기 위하여, DNA 코딩 알고리즘을 합성형 퍼지 추론법의 국소퍼지 추론부에 도입한다. 그리고, 제안된 방법의 성능을 평가하기 위하여 실제의 수위제어 시스템에 적용하고, 시뮬레이션한 결과는 제안된 방법이 종래의 제어기법보다 고도의 제어 정밀성을 가지며, 퍼지규칙의 자동 획득도 용이함을 입증하였다.

## Abstract

In this paper, the new composition method of global and local fuzzy reasoning concepts is proposed to reduce, optimize and automatically acquire the number of rules, without any lose of the general performances in conventional fuzzy controllers. In order to control the interaction between global reasoning and local reasoning, the DNA coding algorithm is introduced to the local fuzzy reasoning of the proposed composition fuzzy reasoning method. The method is applied to the real liquid level control system for the purpose of evaluating the performance. The simulation results show that the proposed technique can control the system with higher accuracy and automatically acquire the fuzzy rules with more feasibility, than the conventional methods.

## 1. 서 론

퍼지 이론이 처음 발표된 이래 30년이 지난 지금, 각종 가전제품과 자동차 그리고 기계에 이르기까지 다양한 분야에 이를 적용하려는 연구가 확산되고 있

다. 특히 퍼지 추론의 응용에 근거를 둔 퍼지 제어는 종래의 제어보다 용이하게 전문가의 지식을 그대로 제어 시스템으로 구현 및 설계할 수 있는 퍼지 IF-THEN 규칙을 사용하기 때문에, 비선형성이 강한 복잡한 시스템의 모델링, 최적화 및 제어에 적용이 활발히 일어나고 있지만, 복잡한 제어 시스템에 이 이론을 응용하는 데는 아직도 문제점이 발생하고 있다[1]. 그 중에서도 가장 큰 문제는 퍼지 추론의 다입력화(多入力化)에 따른 퍼지 규칙수의 지수 함수적인 증가

\*정회원 : 원광대학교 제어계측공학과 석사과정  
\*\*정회원 : 원광대학교 전기·전자공학부 교수  
접수일자 : 1999년 8월 14일

를 들 수 있다[2].

이와 같은 시스템에서 만족할만한 제어를 수행할 퍼지 규칙을 사람이 세운다는 것은 곤란하다. 또한 완전하게 모델링하여 제어할 수 있는 규칙들을 전부 밝혀낸다고 해도 이를 실제 시스템에 적용할 경우 추론에 소요되는 계산량이 증가되어 시스템의 동작이 지연되어 실시간 제어가 불가능하게 된다[3]. 그래서 실제 문제에서 만족할 수 있도록 제어성능의 고속성을 가지면서, 가능한 한 퍼지 규칙의 수를 적게 할 수 있는 퍼지 추론 방법이 필요하게 된다.

가능한 한 적은 퍼지 규칙의 수로써 비선형 시스템을 제어하기 위한 방법으로, 시스템을 선형으로 간략화 시키기 위하여 여러 구간으로 나누는 방법과 시스템을 전체적으로 선형화 하여 최적화 하는 방법이 주로 사용되고 있으나 아직도 시스템에 대한 성능개선 면에서 만족할 만한 상태가 아니다. 그러나 최근에는 많은 연구자들이 퍼지추론과 뉴럴 네트워크를 합성하여 퍼지 규칙의 수를 줄이려는 연구를 수행하여 어느 정도 좋은 결과를 얻고 있는 상태이다[1],[4].

본 연구에서는 시스템의 퍼지 규칙 수를 줄이는 방법으로 전체의 시스템을 표현하는 개략추론규칙을 세우고, 필요한 부분에 대해서 국소추론규칙을 다시 세워 정밀도가 높은 제어를 수행할 수 있게 하는 퍼지규칙 저감법(低減法)으로 새로운 합성 퍼지추론법을 제안하고, 이 추론법에 최근에 각광받고 있는 생명체의 DNA 구조를 이용한 최적화 방법인 DNA 코딩방법을 사용하여 국소추론규칙을 자동 획득하는 방법을 고안한다. 또한 이 자동획득 알고리즘을 이용한 합성 퍼지추론법을 실제 제어 시스템인 수위 제어 시스템에 적용하여 새로운 합성 퍼지추론법의 유효성을 입증한다.

## 2. 합성형 퍼지 추론법

기존의 퍼지 추론법은 각각의 퍼지규칙에서 각각의 적합도를 계산하고, 그 적합도에서 후건부의 크기를 구해, 이것을 통합하고, 하나의 최종 추론값을 계산하는 형태이다. 즉, 모든 규칙을 동등하게 일괄해서 계산 처리하여 최종 추론값을 얻는 것이다. 새로운 방법은 가능한 한 정밀도가 높은 제어에 적용할 수 있는 퍼지 규칙을 만들 수 있고, 다 입력에 대응할 수 있으며, 가능한 한 고속으로 동작하는 계산 방식을 취할 수 있어야 하고, 더불어 입력에 따라서 규칙이 없는

상태가 없어야하고, 신뢰성과 안정성이 있는 제어가 보장되어야 한다. 이와 같은 특징을 만족시킬 수 있는 하나의 방법으로 같은 입력을 2개의 퍼지 싱글톤형 추론 시스템으로 추론하고, 결과를 통합시켜서 최종적인 추론값을 계산하는 합성형 퍼지추론법을 고려한다.

### 2.1 개략추론과 국소추론의 합성형 퍼지 추론법

퍼지규칙의 후건부에 추론에 이용하는 퍼지수의 특성에 따라 추론법이 정의되는데 본 연구에서는 제어에 용이한 실수값을 사용하는 퍼지 싱글톤형 추론법을 고려한다. 이 방법은 각 규칙의 가중치를 나타내는  $w_i$ 을 이용하며  $w_i > 1$  일 때는 규칙을 강조하고,  $w_i < 1$  일 때는 규칙의 억제를 나타낸다. 이와 같은 강조와 억제의 효과를 가지기 때문에 보다 유연하고, 계산이 용이한 퍼지 추론을 실행할 수 있다. 특히  $w_i = 1$  이면 보통 사용하는 간략 추론법이 된다.

퍼지 싱글톤형 추론법을 간단히 설명하기 위하여, 식(1)과 그림 1과 같이 2개의 퍼지 규칙, 2개의 입력 그리고 1개의 출력으로 이루어진 시스템을 고려하여 일반화된 추론법을 생각해 보자[5]. 규칙  $i$ 에 있어서 입력값  $x_1$ 의 멤버십 함수  $A_{1i}$ 에 대한 등급  $ai_1 = A_{1i}(x_1)$ 와  $x_2$ 의 멤버십 함수  $A_{2i}$ 에 대한 등급  $ai_2 = A_{2i}(x_2)$ 을 각각 계산한다. 각 입력에 대한 각 멤버십 함수의 등급에서, 실제  $x_1$ 과  $x_2$ 에 대한  $i$  번째의 규칙  $A_{1i}$ 과  $A_{2i}$ 의 적합도는  $h_i = ai_1 \cdot ai_2$  으로 얻어진다. 이 적합도  $h_i$ 와 그 규칙의 가중치  $w_i$ 의 곱이 후건부 싱글톤의 높이가 된다. 따라서 최종 추론값  $y_o$ 는  $i$  번째 규칙의 추론값  $y_i$ 와  $w_i h_i$ 의 곱의 가중평균치로 얻어진다. 이를 이용하여  $n$ 개의 퍼지규칙,  $m$ 개의 입력 그리고 1개의 출력으로 구성된 시스템으로 일반화시킬 수 있다.

$$RULE 1 : A_{11} \text{ and } A_{21} \Rightarrow w_1 h_1 y_1 \quad (1)$$

$$RULE 2 : A_{11} \text{ and } A_{21} \Rightarrow w_2 h_2 y_2$$

$$y_o = \frac{\sum w_i h_i y_i}{\sum w_i h_i}$$

다음으로 개략추론과 국소추론의 합성형 퍼지 추론법을 생각한다. 이 방법은, 적은 규칙수로 고정밀도의 퍼지추론을 수행할 수 있는 테크닉으로, 같은

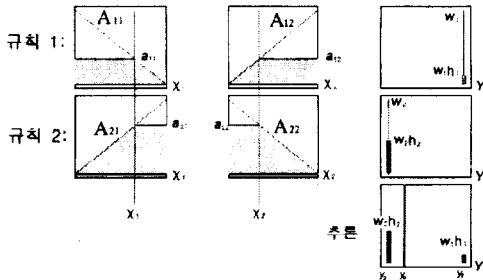


그림 1. 퍼지 싱글톤 추론법  
Fig. 1. Fuzzy singleton reasoning

입력을 2개의 퍼지 싱글톤형 추론 시스템으로 추론하고, 결과를 통합시켜서 최종적인 추론값을 계산하는 식으로 추론을 실행한다. 즉, 그림 1에서와 같이 하나의 퍼지 싱글톤 추론은 입력공간 전체를 간략하게 분할하여 퍼지규칙을 발화시킨 후 이 규칙을 따라 실행하는 개략추론이고, 다른 하나의 싱글톤 추론은 필요한 입력공간의 필요한 부분에서만 퍼지규칙을 발화시킨 후 이 규칙에 따라 실행하는 국소추론이다. 이 두 추론을 결합시킨 합성형 추론법의 최종 추론 값은 식 (2)와 같다.

$$y_o = \frac{\sum_{\text{개략}} W_i H_i Y_i + \sum_{\text{국소}} w_i h_i y_i}{\sum_{\text{개략}} W_i H_i + \sum_{\text{국소}} w_i h_i} \quad (2)$$

$\begin{pmatrix} W_i, H_i, Y_i & \text{개략추론} \\ w_i, h_i, y_i & \text{국소추론} \end{pmatrix}$

제어에 필요한 퍼지규칙을 설계할 때는 퍼지규칙의 완벽성(completeness), 퍼지규칙의 수 및 퍼지규칙 사이의 모순성 등을 검토해야 한다. 특히 퍼지규칙의 수가 많을수록 정밀한 제어가 가능하다고 생각하여 퍼지 제어규칙의 수를 무한정으로 늘일 수도 없고, 그렇다고 동작 시간을 줄인다고 무작정 규칙의 수를 줄이게 되면 제어기의 성능이 나빠지고 나중에는 제어가 불가능해지게 된다. 그러므로 그림 2에서와 같이 입력공간 전체에서 발화되는 개략 추론규칙을 세워두고 필요한 부분에서만 발화하는 국소추론 규칙을 사용하

여 제어 정밀도의 변화를 최소화하면서 규칙의 수를 줄이는 것이 바람직하다.

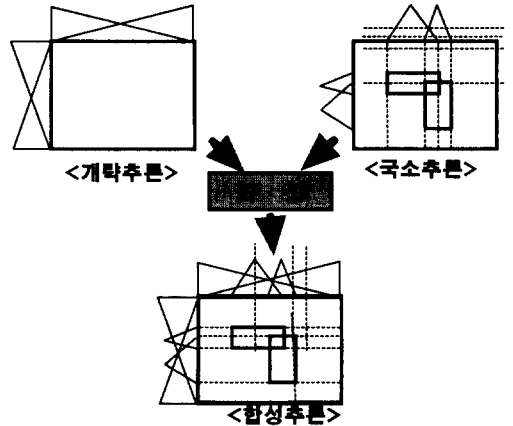


그림 2. 개략추론과 국소추론의 합성형 퍼지추론법  
Fig. 2. Composition method of global and local fuzzy reasoning

한편, 개략추론과 국소추론의 합성과정에서 무슨 일이 일어나고 있는지를 살펴보기로 하자. 간단한 예로, 그림 3의 1입력 1출력의 합성형 퍼지추론에 대하여 생각한다. 즉, 이 그림에서 알 수 있듯이, 2개의 개략추론규칙과 하나의 국소 추론규칙에 따른 합성형 퍼지추론이 계산되는 과정을 살펴 볼 수 있다.

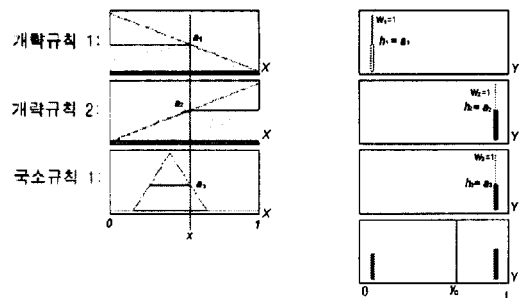


그림 3. 단일 입출력의 합성형 퍼지추론  
Fig. 3. Composition reasoning of single input-output

우선 그림 3에서 2개의 개략적인 퍼지규칙을 0에서 1까지의 모든 입력  $x$ 에 대해서 발화시켜 얻은 결과를 그려보면 그림 4와 같이 직선의 추론 결과 식을 형성함을 알 수 있다. 이 직선을 따르는 퍼지규칙은 모든 입력에 대하여 개략적인 제어를 실행하는 규칙

이 될 것이다.

다음으로 이 개략적인 퍼지추론 면에서 국소 제어가 필요한 부분에서 발화하는 국소추론규칙인 멤버십 함수(오른쪽 엣지 0.15, 왼쪽 엣지 0.65, 중심 0.4의 삼각형 함수)를 만들어 국소추론의 적합도를 1로 놓고, 같은 입력  $x$ 에 대해서 3개의 퍼지규칙을 발화하면, 출력  $y$ 는 국소추론의 추론 값의 영향을 받아 국소추론이 발화하는 부분에 그림 5와 같은 새로운 추론 면이 생성되어 개략추론에 의한 결과를 개선하게 된다.

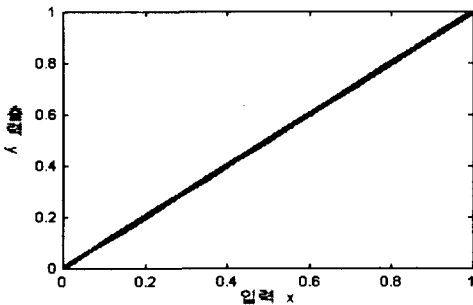


그림 4. 개략퍼지 추론 결과  
Fig. 4. Result of global fuzzy reasoning

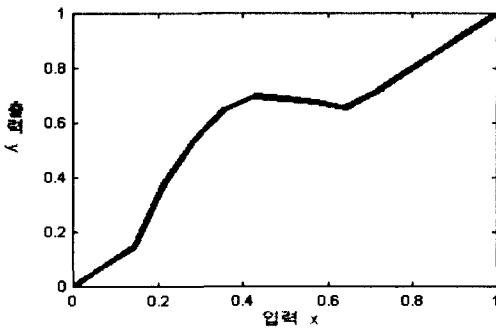


그림 5. 합성형 퍼지 추론 결과  
Fig. 5. Result of composition fuzzy reasoning

## 2.2 국소추론 강화 합성형 퍼지추론법

국소추론은, 인간의 문제 해결에 사용하는 추론방법과 비교해 볼 때, 인간의 위기 극복 요령이라고 할 수 있다. 인간이 어떤 문제를 해결할 때는 나름대로의 개략적 지식, 즉, 그 사람의 배경, 사상 등이 복합된 개략적인 문제해결 방법을 사용하지만 어떤 부분에 가서는 경험적인 요령이 부분 부분의 결정에 영향을

미치게 된다.

인간이 문제해결의 요령이 생기게 되면 그 요령을 활용하는 경우는 개략적인 지식을 생략해서 생각하는 데 까지 이른다. 비록 개략적인 지식도 이용한다고는 해도, 국소적인 지식 쪽으로 중점을 둔 판단을 하게 되는 것이다. 이것을 근거로 해서 국소적인 요령을 중시하는 방법을 합성형 퍼지 추론법에 적용해보기로 하자. 본 논문에서는 국소추론을 강화하는 세 가지 방법을 제안한다.

첫 번째 방법으로, 식(2)을 변형한 다음의 식(3)과 (4)를 이용한다.

$$y_o = \frac{(1-h_{국소}) \sum_{개략} W_i H_i Y_i + \sum_{국소} w_i h_i y_i}{(1-h_{국소}) \sum_{개략} W_i H_i + \sum_{국소} w_i h_i} \quad (3)$$

$$h_{국소} = \sum_{국소} h_i \quad (4)$$

여기서  $h_{국소}$ 는 국소 추론값의 적합도  $h_i$ 의 합계를 나타낸다. 즉, 적합도가 높으면 합성 후의 추론 실수 값에 국소추론의 결과를 강하게 반영시키려는 것이다.

식(3)을 이용한 경우, 그림 5의 합성형 퍼지추론의 추론 결과는 그림 6의 굵은 실선으로 나타난 것과 같이 모양이 변하게 된다. 국소추론규칙의 전건부 멤버십 함수의 중심 0.4에서는, 국소추론의 결론이 그대로 활용되고, 개략추론의 영향이 전혀 없는 상태가 되고 있다. 또한, 그림 5와 비교해서, 서서히 개략추론의 영향을 벗어나는 형태이기 때문에, 국소추론의 적합도가 높아짐에 따라, 국소추론 규칙의 전건부 멤버십 함수인 3각형 모양을 나타내게 된다. 이것은 국소추론이 하나밖에 없는 경우에 나타나는 현상이고 국소추론이 여러 개가 될 경우 국소추론들이 서로 영향을 미치게 되어 보다 복잡한 추론 면을 형성하게 된다.

두 번째 방법은, 그림 6의 중간 실선에서 나타난 것처럼 국소추론의 결과로 얻은 싱글톤 값에 가중치  $w_i$ 을 변화시키는 방식이다. 이 방법은 위의 합성식에 의한 방법처럼 원하는 부분에서 완전히 개략 추론의 영향을 줄이고 국소추론의 영향만을 강조하지는 못하지만 국소추론의 싱글톤의 가중치를 조절함에 따라 국소추론의 멤버십 함수가 기능을 발화하기 시작

하는 부분부터 가중치의 크기에 따라 국소추론의 결과 쪽으로 출력  $y$ 을 끌고 오는 효과를 발생시켜 국소 추론이 전체적인 추론 결과에 미치는 영향을 가변적으로 변화시킬 수 있다.

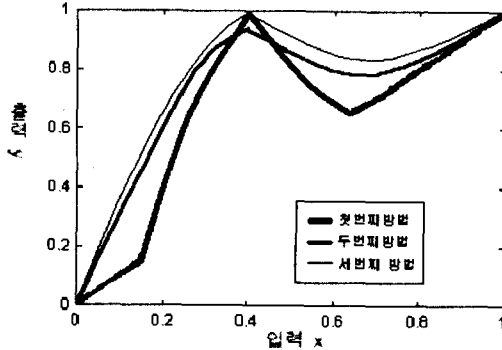


그림 6. 변형된 합성형 퍼지 추론 결과  
Fig. 6. Results of modified fuzzy reasoning

세 번째 방법은, 국소추론의 결과로 얻은 싱글톤의 위치를 영향을 주고자 하는 방향으로 이동시키는 방식이다. 실제 이 방법은, 본 논문의 DNA를 이용한 국소추론규칙의 자동획득에 사용한 방법으로, 국소추론의 추론 결과가 그림 6의 가는 실선으로 표시된 것처럼 양(+)의 방향으로 영향을 미치게 하려면 1보다 큰 값에 싱글톤을 위치시키고, 국소추론 멤버십 함수가 발화를 시작하게 하여 최종 추론값(무계 중심법에 의한 가중평균치)이 1쪽으로 끌려오게 한다. 반대의 경우 즉, 국소추론규칙이 음(-)의 방향으로 영향을 미치게 하려면 그림 3에서처럼 0보다 작은 값에 싱글톤을 위치시키고, 국소추론 멤버십 함수가 발화를 시작하게 하여 최종 추론값이 0쪽으로 끌려오게 한다. 이 방법을 사용하여 추론을 행하여 보면 싱글톤을 어디에 위치시키느냐에 따라 국소추론이 추론결과에 미치는 영향을 조절할 수 있고, 양(+) 또는 음(-)의 방향도 설정이 가능하므로 규칙의 자동획득 프로그램을 적용하는 것이 간편해 지게 되고, 규칙을 생성하는데 보다 많은 자유도가 주어진다. 그러나 이 방법은 최종 추론값이 1보다 커지는 경우가 발생하므로 규칙의 자동획득 프로그램에서는 싱글톤 위치의 범위를 지정해 주는 것이 필요하게 된다.

### 3. DNA 코딩방법

앞장에서 설명한 개략추론과 국소추론을 합성한 퍼지추론 방법을 이용하면 퍼지규칙의 수를 많이 줄일 수 있다는 것을 알 수 있다. 하지만 이렇게 퍼지 규칙을 줄이는 것이 성능의 저하를 가져오거나 퍼지 제어기를 모순 상태에 빠지게 한다면 의미가 없다. 그래서 본 연구에서는 실제의 수위제어 시스템에 적용해 보고, DNA코딩 방법으로 최적화하여 성능의 개선을 시도해 볼 것이다[6].

#### 3.1 DNA의 구조

염기, 당 및 인산이 결합된 것을 뉴클레오타이드라 하고 다수의 뉴클레오타이드가 결합되어 생성된 고분자 화합물이 곧 핵산이다. 핵산은 라이보 핵산(RNA)와 디옥시라이보 핵산(DNA)의 두 가지가 있는데 이중 DNA는 염색체에만 존재한다. DNA는 2중 나선의 구조를 가지고 있으며 A, T, G, C의 염기간의 수소 결합으로 결합되어 있는데 염기의 A는 T와, G는 C와 결합한다. 이들 중 세 염기의 연속된 배열을 Codon(유전 정보의 최소단위)이라고 부르는데 DNA의 차이는 바로 A, T, G, C의 4종류의 염기 배열의 차이이다. 모든 생물의 유전자가 DNA라는 점에서 유전자의 특징은 4종의 염기 배열의 방법이라고 할 수 있다. 따라서 DNA 분자 내의 염기의 배열을 유전 정보, 또는 유전암호라고 한다. 밝혀진 바로는 ATG는 읽기 시작의 암호이고, TGA는 읽기 끝을 나타내는 암호이다. 그림 7은 DNA의 구조를 나타낸다[7].

#### 3.2. DNA 코딩 방법

DNA 코딩 방법은 유전자 알고리즘의 한 부분으로 생명체의 진화에 관한 정보를 담고 있는 DNA의 진화 과정을 인공적인 DNA 메커니즘으로 발전시킨 것이다. 그러므로, DNA코딩 방법은 복잡한 지식이 간단한 코딩에서 얻어지게 되어 융통성 있는 표현이 가능하고 염색체의 길이가 가변적이어서 염색체의 부분 삽입과 삭제가 쉬우며, 코딩의 여분과 중복이 편리하게 된다[8].

먼저 DNA 코딩방법을 자세히 살펴보면 각각의 염색체들은 A, G, C, T의 네 개의 단위로 구성되어 있고 이들의 연속된 세 개의 배열, 즉 앞에서 밝힌 Codon의 단위로 번역을 시작한다. 번역된 Codon들

은 각각의 의미를 가지며 유전자의 내용은 이 의미들의 결합에 의해 규정된다. 이들 Codon은 입력 변수나 소속함수의 형태 또는 기타 다른 것들로 변환될 수 있으며, Codon의 순서는 퍼지 규칙을 만들 수 있다. 그러므로 본 연구에서는 DNA 염색체가 물탱크의 수위 제어를 위한 퍼지 규칙의 집합을 만드는데 사용될 것이다.

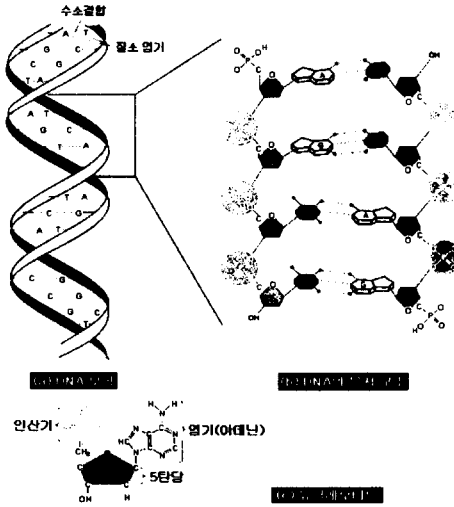


그림 7. 생물학적 DNA의 구조  
Fig. 7. Structure of Biological DNA

일반적으로 GA는 코딩을 함에 있어서 문제에 대해 명확하고 빈틈이 없이 짜여지게 고안하여, 이들이 여분의 부분을 가지지 않게 하기 위한 방법으로 보통 사용되었다. 따라서 중복되어 해석되는 부분은 있을 수 없었다. 즉 처음부터 순서대로 해석되고 평가되어 진화되었다. 이에 반하여 DNA 코딩 방법은 좀더 여

유 있고 융통성 있는 해석방법을 선택하고 있다. 그림 8과 그림 9는 DNA가 진화하는 순서를 보여준다.

그림 8은 DNA 염색체와 유전자의 중복 메커니즘을 보여준다. 이 그림에서 유전자는 시작 Codon ATG로부터 시작하고 종료 Codon TAG에서 끝나며 그 사이의 내용이 정해진 의미로 해석된다. DNA의 메커니즘에 의하여 시작점은 다른 Codon으로부터 이동할 수 있고 어떤 유전자들은 다른 유전자와 중복되어 변환될 수 있다. 그림 8은 또한 이러한 중복된 표현을 보여주며, 그림에서 Gene 4는 Gene 3과 마찬가지로 DNA 염색체로부터 중복되어 읽을 수 있다.

그림 9는 GA의 진화 메커니즘에 따른 DNA 개체들의 교배와 돌연변이를 보여준다. 이들 일련의 연산은 보통의 GA와 같으나 DNA 구조의 상이함에 의해 형태나 방식이 조금 다르다. 그림 9(a)는 개체의 교배를 보여준다. 그림에서 교배점으로부터 오른 편은 교체되고 새로운 Gene 4', Gene 5가 생성된다. 이 방법에서 교배점에 따라서 유전자는 완전히 바뀔 수 있다. 여기서 교배점을 강제적으로 정하지는 않는다. 그림 9(b)는 돌연변이를 보여준다. 그림에서 가리켜진 하나의 염기는 T에서 G로 바뀐다. 결과에 따르면 Gene1은 Gene'1로 바뀌게 된다. 또한 이 교배에 의해 시작 Codon ATG는 새롭게 생성되고, 새로운 Gene 6이 생성된다.

DNA 코딩 방법의 특징을 정리하자면 먼저 다양한 형태의 지식의 융통성 있는 언어적 표현이 가능하다는 점이고, 둘째 코딩할 때 여분과 중복의 설정이 가능하므로 이에 따라 염색체의 길이가 가변적이며, 교배점을 항상 강제적으로 정해주지 않아도 된다는 점이다.

결론적으로 말할 때 DNA 코딩 방법은 일종의 번역 법이라 할 수 있다. 단지 짝 짜여진 틀에 의해서

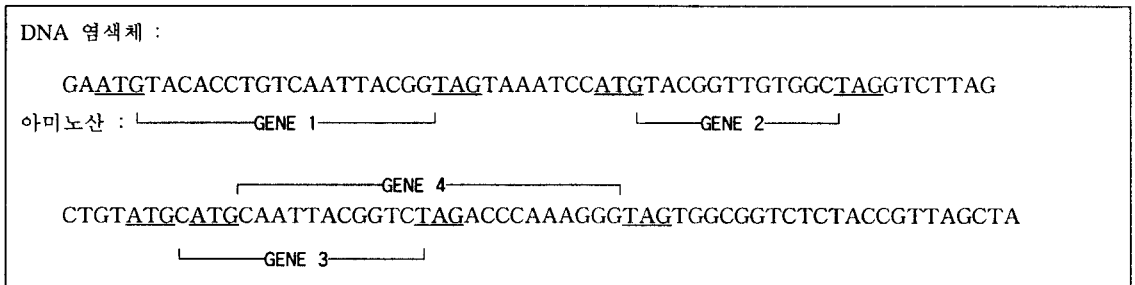


그림 8. 염색체의 번역 및 중복 메커니즘  
Fig. 8. Chromosome translation and overlapping mechanism

만 번역되고 조작될 수 있는 기존의 GA에 비해 보다 여유 있게 구성과 해석이 가능한 방법이다[9-11]. 그러나 이 방법은 최적화를 위한 탐색 법으로 그대로 사용할 수 없으므로 사용하기 전에 DNA 코딩방법에 유전자의 진화 알고리즘과 결합시켜야 한다. 본 논문에서는 이 방법을 사용하여 최적화를 실시하였다.

#### 4. 국소추론 퍼지규칙의 획득

##### 4.1. 수위제어 시스템

본 논문에서 제어대상으로 설정한 수위제어 시스템의 제어 모델은 1차 계로서 간단하게 제어기의 성능을 테스트 할 수 있는 모델로 많이 이용되어 왔다. 물탱크의 밸브를 계속적으로 조정해서 수위를 가능한 빨리 일정량에 머물도록 유입량을 제어하는 것이다. 즉, 본 수위제어 시스템은 일정한 면적을 가지는 물탱크의 하단 부에 있는 밸브를 통하여 시간이 흐름에 따라 항상 일정량이 방출하게 하고, 상단 부에서 주입되는 물의 양을 조절할 수 있는 구조로 초기 값에서 얼마나 빨리 목적하는 수위에 도달하고 안정적으로 그 수위를 유지하게 하는 제어 모델의 전형은 그림 10과 같다[12].

그림 10에서 시각 t에 있어서 유입량 u(t)와 수위

h(t)의 관계식을 유도한다. 우선, 초기상태에서는 평형 상태에 있기 때문에 일정한 유입량 u<sub>0</sub>, 방출량 q<sub>0</sub> 및 수위h<sub>0</sub>은 식(5)와 (6)을 성립한다.

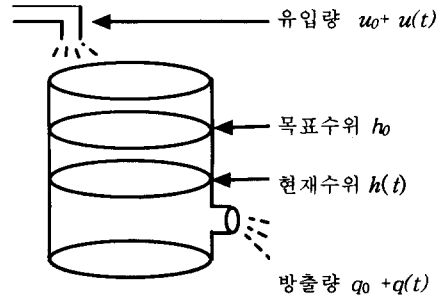


그림 10. 수위 제어 플랜트  
Fig. 10. Water level control of plant

$$u_0 = q_0 \tag{5}$$

어떤 시각 t에서의 유입량과 방출량의 차  $u(t) - q(t)$ 는 식 (6)과 같다.

$$u(t) - q(t) = A \cdot \frac{\Delta(h_0 + h(t))}{\Delta t} \tag{6}$$

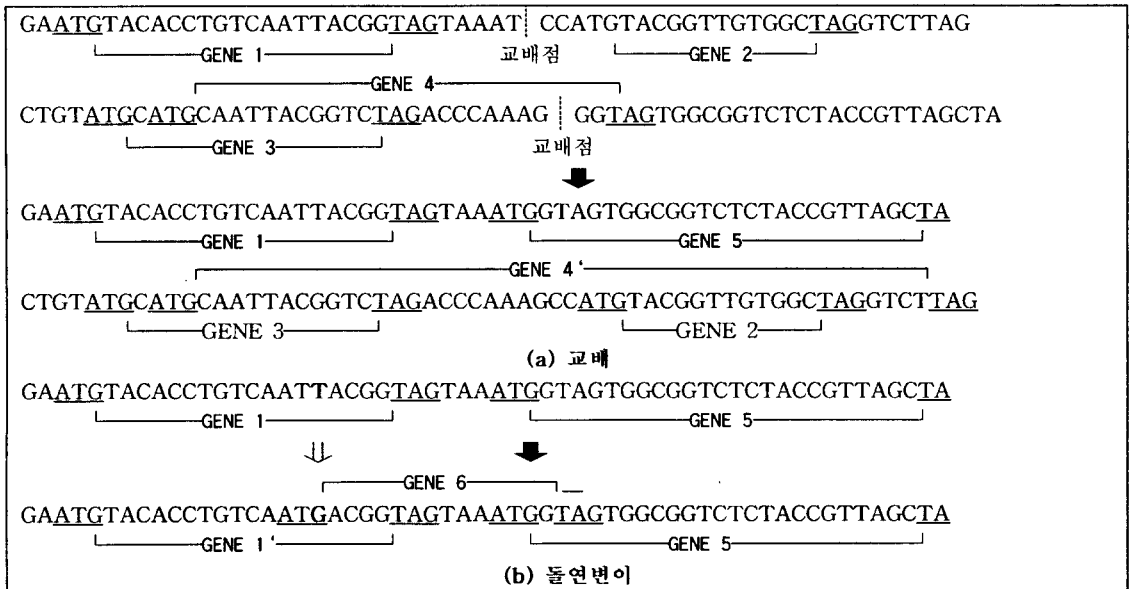


그림 9. 교배와 돌연변이  
Fig. 9. Crossover and mutation

여기서 식(6)의  $\frac{\Delta(h_o + h(t))}{\Delta t}$  는 미소한 시간  $\Delta t$  에 대한 수위의 변화량이고, A는 밀면적이다. 이 식을 식(7)로 간략화 할 수 있다.

$$u(t) - q(t) = A \cdot \frac{\Delta h(t)}{\Delta t} \quad (7)$$

이 수위 제어 시스템의 조건은 식(8)과 같다.

$$q_o + q(t) = \frac{1}{R} (h_o + h(t)) \quad (8)$$

여기서 R은 방출저항이고, 이 조건에 초기상태의 관계  $q_o = \frac{1}{R} h_o$  을 도입하여 정리하면 식(9)가 된다.

$$q(t) = \frac{1}{R} h(t) \quad (9)$$

식(9)을 식(7)에 대입하여 다시 쓰면 식(10)이 된다.

$$RA \frac{dh(t)}{dt} + h(t) = R u(t) \quad (10)$$

여기서 R은 시스템의 이득, RA는 시정수의 역할을 한다.

식(10)의 미분방정식을 풀면 식(11)이 된다[13].

$$h(t) = \int_0^t \frac{1}{A} \cdot e^{-\frac{1}{RA}(t-\tau)} \cdot u(\tau) d\tau$$

$$= h_o + \frac{1}{A} \cdot e^{-\frac{1}{RA}t} \cdot u(t) \quad (11)$$

본 연구에서는 식(11)을 사용하여 시물레이션을 수행하고, 본 논문에서 제시한 합성형 퍼지 추론법을 평가할 것이다[14]. 그림 10의 수위 제어 모델을 대상으로 퍼지 제어를 수행하기 위하여 그림 11과 같은 블록 선도를 그린다. 이 그림에서 나타낸 퍼지 추론 시스템은 2입력 1출력이다. 즉, 수위의 편차  $e(t)$ , 수위의 편차 변화분  $\Delta e(t)$  을 2개의 입력으로 하고,

유입량의 변화분  $\Delta u(t)$  을 1개의 출력으로 하여, 퍼지 추론을 수행한다. 또한 이들  $e(t)$ ,  $\Delta e(t)$  의 수치가 취할 수 있는 범위를 [-1, 1]로 하고,  $\Delta u(t)$  의 수치가 취할 수 있는 범위를 [-6, 6]으로 한다. 그리고 다음 식처럼 규격화하여 사용한다.

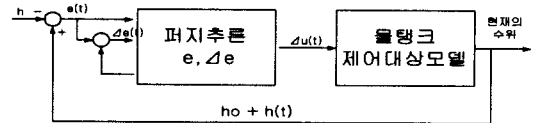


그림 11. 물탱크 시스템의 퍼지 제어 블록선도  
Fig. 11. Block diagram for fuzzy control of water tank system

수위의 편차 :

$$e = (\text{현재 수위} - \text{목표수위}) / \text{목표수위} \quad (12)$$

수위의 변화분 :

$$\Delta e = (\text{현재의수위} - 1\text{단위시간전의수위}) / 6 \quad (13)$$

유입량의 변화분 :

$$\Delta u = \text{추론결과}(y_o) \times 6 \quad (14)$$

이상을 이용하여 2개의 개략추론 퍼지규칙과 1개의 국소추론 퍼지규칙을 세우고, 식(1)의 퍼지 싱글톤 추론 방법으로 추론을 수행한다. 각 퍼지 입력마다 4개의 퍼지 분할된 멤버쉽 함수를 사용한다. 여기서 문자를 간략히 하기 위하여  $x_1 = e$ ,  $x_2 = \Delta e$ , 및  $y_o = \Delta u / 6$ 의 관계식을 정의한다.

본 연구에서는 모델의 이득 5, 시정수 50, 시간지연 0, 목표 수위 40, 초기 수위 0, 20, 40, 60, 80, 시물레이션 시간 200 단위로 가정하고 시물레이션을 수행한다[12]. 그리고 시스템의 적합성을 고찰하기 위해, 퍼지규칙을 형성하는 각 염색체의 적합도를 평가하는 함수로 식(15)을 사용한다. 여기서 초기 값에 따른 오차 면적의 합을 그 염색체의 평가 함수로 하고, 이 평가함수  $\Delta H$ 가 가장 낮은 염색체가 그 세대에서 가장 우수한 인자로 결정한다.

$$\text{평가함수}(\Delta H) \quad (15)$$

$$= \sum_{(\text{초기수위} = 0, 20, 40, 60, 80)} \sum_{i=1}^{200} |h(t) - 40|$$



### 4.2. DNA 코딩 방법에 국소추론 퍼지규칙의 획득

생물학적 DNA 기반의 인공 DNA로부터 퍼지규칙의 집합을 획득하는 과정을 나타내면 그림 12와 같다. 여기서 염색체는 A, G, C, T의 4개 염기의 배열로 구성되며, 많은 여분의(redundant) 부분을 가질 수 있다. 그리고 인공 Codon은 생물학적 Codon과 달리 여러 가지 의미를 가질 수 있어서, 유전자의 의미는 Codon의 조합에 의해 좌우된다. Codon은 멤버쉽 함수 형태의 입력 변수로도 번역될 수 있어서, Codon의 수열은 퍼지 규칙을 만들게 된다. 그러므로 DNA 염색체는 수위제어 시스템의 제어하는 퍼지 규칙의 집합을 구성할 수 있다. 물탱크의 수위제어를 위해 본 연구에서 가정한 4개의 퍼지 추론규칙은 식(16)과 같고, 퍼지 추론식은 식(3)과 같다.

$$RULE\ 1_{[개략]}: N_1\ and\ P_2 \Rightarrow W_1H_1Y_1$$

$$RULE\ 1_{[국소]}: L_1 \Rightarrow w_1h_1y_1$$

$$RULE\ 2_{[개략]}: P_1\ and\ N_2 \Rightarrow W_2H_2Y_2$$

$$RULE\ 2_{[국소]}: L_2 \Rightarrow w_2h_2y_2 \quad (16)$$

여기서  $N_1$ 과  $N_2$ 은 개략추론 규칙의 Negative 멤버쉽 함수이고,  $P_1$ 과  $P_2$ 은 개략추론 규칙의 Positive 멤버쉽 함수이며,  $L_1$ 과  $L_2$ 은 국소추론 규칙의 멤버쉽 함수이다. 그리고  $W_1H_1Y_1$ ,  $w_1h_1y_1$ ,  $W_2H_2Y_2$  및  $w_2h_2y_2$ 는 퍼지 싱글톤 추론값을 나타낸다.

본 논문에서는 DNA 코딩 방법을 이용하여 국소추론의 삼각형 멤버쉽 함수의 하한 값, 중심 값, 상한 값과 싱글톤의 위치를 생성하기 위해서, 먼저 랜덤하게 A, T, G, C의 염기배열을 1 개체당 300개씩 100 개체를 생성한 후 이 개체로부터 퍼지규칙을 번역한다. 한 예로 그림 12를 보면, 시작 Codon을 ATG로 지정하고, 첫째로 나오는 Codon을 멤버쉽 함수의 왼쪽 점, 둘째로 나오는 Codon을 중앙 점, 세 번째로 나오는 Codon을 오른쪽 점, 그리고 네 번째로 나오는 Codon을 싱글톤 값으로 놓고 번역을 시행한다. 단 종료 Codon은 설정하지 않았다.

본 논문에서는 4개의 개략추론 멤버쉽 함수를 만들

어 2개의 퍼지규칙을 생성시켜서 개략추론을 완성시켜 두고, 300개의 Codon을 가진 100개의 DNA를 생성하여 ATG를 해석의 시작점으로 2개의 국소추론 멤버쉽 함수와 2개의 퍼지 싱글톤의 위치를 결정하게 한다. 이 싱글톤의 위치는 -3~3 까지의 범위를 가지게 하여 국소추론이 합성에 미치는 영향을 위치로서 조정할 수 있게 한다. 순차적인 알고리즘을 살펴보면 다음과 같다.

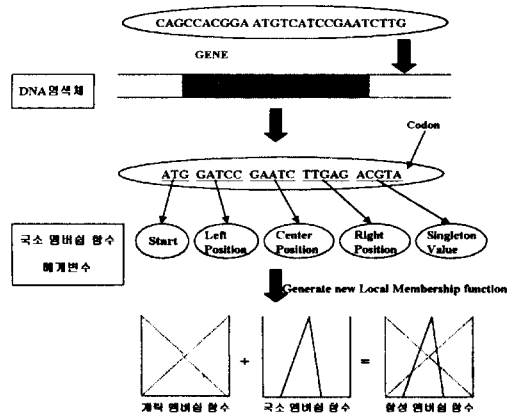


그림 12. DNA 염색체로부터 국소퍼지 규칙의 발생  
Fig. 12. Generation of local fuzzy rules from DNA chromosome

**[Step 1]** 초기 DNA 유전자 생성 : 300개의 Codon을 가지는 100개의 DNA를 난수로 발생시키는 데  $A=0, T=1, G=2, C=3$  식으로  $300 \times 100$ 의 행렬을 형성한다.

**[Step 2]** 번역 : ATG를 시작점으로 멤버쉽은 5 자리의 Codon을 취해서 첫 번째 자리는 부호로 나머지 4자리는 4진수 4자리로 인식해서 10진수로 변환한 다음 255 나누어서 -1~1까지의 수로 번역해 내고 똑 같은 4자리를 취해서 같은 방법으로 번역해 낸다. 나머지 싱글톤의 위치는 부호없이 4자리를 취해서 같은 방법으로 변환하되 싱글톤의 위치를 -3~3까지 선택될 수 있도록 해서 국소추론이 합성에 미치는 영향을 조정할 수 있도록 한다.

**[Step 3]** 평가 : 평가는 앞에서 설명한 면적의 넓이가 최소화하는 규칙을 최적의 규칙으로 선택한다. 또한, 어떠한 초기 조건에서도 적용할 수 있는 규칙을 생성하기 위해서 초기 조건을 5가지(0, 20, 40, 60, 80)로 주고 목표치를 40으로 해서 각각의 면적의 합을 더한 것을 평가 함수의 값으로 사용한다.

**【Step 4】** 선택 : 엘리트전략으로 먼저 상위 5개의 규칙은 무조건 다음세대로 유전시키고 우수한 DNA를 많이 선택 되게 하기 위해서 룰렛방법에 의해서 선택을 행하게 된다.

**【Step 5】** 교차 : 많은 교배의 방법이 있지만 논문에서 사용된 교배의 방법은 교배점 2개를 무작위로 택해서 그 사이의 Codon을 서로 교배시키는 방법을 선택했다.

**【Step 6】** 돌연변이 : 30개의 Codon에 30%정도의 비율로 무작위의 돌연변이가 일어나게 했다.

**【Step 7】** 유전반복 : 위의 방법을 세대수만큼 반복한다.

## 5. 컴퓨터 시뮬레이션

### 5.1 개략 퍼지 추론법에 의한 결과

앞에서 설명한 것처럼 모든 입력에 대해서 발화하는 2개의 개략추론을 임의로 생성시켜 놓고 추론을 행하여 보면 아래의 그림 13과 같은 퍼지 추론면을 얻을 수 있다.

이 퍼지 추론 면에서 볼 수 있듯이 개략추론은 모든 입력에 대해서 발화함으로써 대략적인 제어를 할 수 있는 간단한 규칙에 의해서 만들어진다. 정밀한 제어를 위해서는 국소퍼지 추론 규칙의 인가가 필요하다.

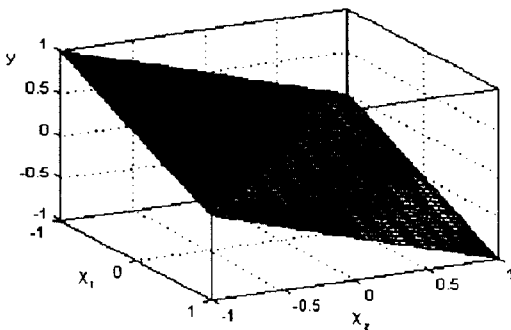


그림 13. 개략추론에 의한 퍼지 추론 면  
Fig. 13. Fuzzy surface by global reasoning

### 5.2. 국소추론 강화 합성형 퍼지 추론법에 의한 결과

본 방법은 개략추론의 문제점을 보완하기 위하여제

안된 기술로, 그림 14는 2000 세대 유전시킨 후의 DNA방법에서 얻은 퍼지규칙의 추론 면을 보여주고 있다(식(3)). 이 그림에서 위로 볼록하게 나온 부분은 목표 값보다 모자랄 때 적용되는 부분으로 빠르게 목표 값에 도달하도록 생성된 국소추론 규칙에 의해서 생성된 부분이고, 오목하게 들어간 부분은 목표 값보다 과잉인 오버슈트가 일어난 부분으로 빠르게 목표 값에 도달하도록 생성된 국소추론 규칙에 의해서 생성된 부분이다.

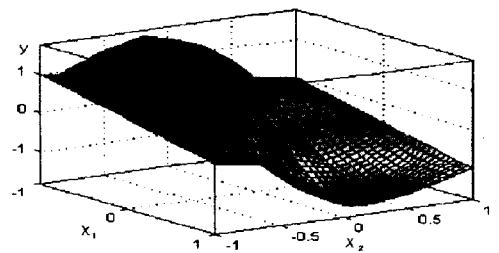


그림 14. 2000세대 후 DNA에서 얻은 퍼지규칙의 퍼지 추론면  
Fig. 14. Fuzzy surface of fuzzy rules from DNA after 2000 generations

DNA 코딩 방법을 실제 적용해서 순환적으로 자동 획득된 국소추론의 퍼지규칙을 각기 초기 값이 다른 수위제어 시스템에 사용하여 시뮬레이션을 실행해 보면 그림 15와 같은 그림의 결과를 얻을 수 있다. 이 그림은 DNA 코딩 방법으로 2000 세대를 유전시킨 후 퍼지규칙을 자동으로 찾아 제어 추론 면을 구성하고, 이를 6번 실행해서 얻은 결과 중에서 선택한 것으로 양호한 특성을 갖는다.

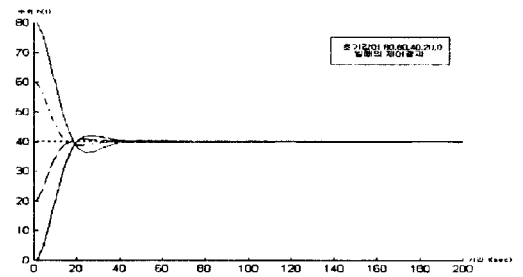


그림 15. 2000세대를 후 얻은 퍼지규칙을 적용한 각기 다른 초기값에서의 수위제어 결과  
Fig. 15. Results of level control using the fuzzy rules from 2000 generations

표 1은 세대수의 변화에 따른 평가함수의 값을 합한 것으로 세대수가 많아질수록 평가 값이 낮아지는 것을 보여 주고 있다. 그러므로 이 규칙이 최적의 규칙인지는 보장할 수는 없으나 더 좋은 규칙을 찾아질 수 있는 가능성을 보이고 있다.

표 1. 세대수에 따른  $\Delta H$ 의 면적의 합  
Table 1. Sums of  $\Delta H$  areas to the number of generation

세대수	$\Delta H$ 면적의 합
300	1,703
1000	1,414
2000	1,168

표 2에서는 기존의 퍼지추론 방법(25개의 규칙을 GA에 의해서 전건부와 후건부를 동조하여 각기 다른 5개의 초기값의 수위제어 시스템에 적용한 결과)과 제안한 국소추론 강화 추론을  $\Delta H$  값의 관점에서 비교하였다. 이 표에서 우리가 제안한 합성형 퍼지추론 방법이 우수한 성능을 보여 주고 있다. 기존의 퍼지추론 방법이 우수한 것으로 보일 수 있으나 규칙이 너무 많아 과 추정도 될 수 있고 규칙 획득에 시간이 오래 걸리며, 원만한 제어에 문제점도 포함할 수 있다.(단 기존의 퍼지추론 방법에서 전건부와 후건부 동조를 보다 나은 방법으로 행한다면 더 나은 결과를 얻을 수도 있다.) 특히 국소규칙 강화 퍼지 추론법은 적은 수의 퍼지규칙 수를 가지고, 기존의 퍼지 추론법과 비슷한 성능을 나타내고 있어, 국소 퍼지추론 수의 조절로 유용한 제어기의 구성을 가능하게 할 것이다.

표 2. 다른 추론법과  $\Delta H$ 의 비교  
Table 2. Comparison of  $\Delta H$  to different methods

퍼지 추론 방법	국소추론 수	개략추론 수	세대수	$\Delta H$ 면적의 합
① 기존의 퍼지 추론방법 (25개의 룰을 통한 추론)	x	25	2000세대	1098
② 합성형 퍼지 추론방법 (국소규칙 보통추론)	2	2	2000세대	1423
③ 합성형 퍼지 추론방법 (국소규칙 강화추론)	2	2	2000세대	1168

이상에서 알 수 있듯이 1차계 시스템에서는 2개의 국소추론 만으로도 충분히 원하는 결과를 얻을 수 있다는 것을 입증하고 있다.

## 6. 결론

본 연구에서는 시스템의 퍼지 규칙 수를 줄이는 방법으로 전체의 시스템을 표현하는 개략추론규칙을 세운 후, 필요한 부분에 대해서 국소추론규칙을 다시 세워 정밀제어를 수행할 수 있게 하는 새로운 합성형 퍼지추론법을 고안하고, 이 추론법에 인공 DNA구조를 이용한 최적화법인 DNA코딩방법을 사용하여 최적의 국소추론규칙을 자동으로 획득하는 방법을 제안하였다. 또한 이 자동획득 알고리즘을 이용한 합성 퍼지추론법을 실제 제어 시스템인 물탱크 시스템에 적용하여 새로운 합성 퍼지추론법 유효성을 입증하였다.

이상의 과정에서 얻은 결과를 요약하면 다음과 같다.

(1) 제안한 방법은 퍼지규칙의 수를 줄여 실시간 제어가 가능하게 한다.

(2) 전체적 제어 규칙인 개략추론 규칙에다 필요한 곳에 영향을 주는 몇 개의 국소추론 규칙을 생성함으로써 규칙이 없는 제어 불가능 상태에 빠지는 것을 방지한다.

(3) DNA 방법으로 최적화를 수행할 경우, 최적화 시간에 줄이고도 원하는 결과도 얻을 수 있다.

(4) 제안한 퍼지 추론법을 이용하여 제어기를 설계할 경우, 국소 추론이 제어기에서 어떤 역할을 하고 있는지 쉽게 알 수 있고, 더 나은 성능을 위해서 쉽게 필요한 곳에 다른 국소추론 규칙을 세울 수 있어, 제어기의 설계과정이 간소화되고, 수정과정이 편리하게 된다.

(5) 제안한 방법을 수위제어 시스템에 적용한 결과 오버슈트나 정착시간 등등에서 기존의 방법보다 우수한 성능을 보였다.

### 감사의 글

이 논문은 1998년도 원광대학교의 교비지원에 의해서 연구되었습니다.

참 고 문 헌

- [1] B. Kosko, " Fuzzy Engineering ". Prentice Hall International , 1997
- [2] L. X. Wang, " A Course in Fuzzy Systems and Control ", Prentice-Hall Inter- national, 1997
- [3] T. J. Ross, " Fuzzy Logic With Engineering Applications ", McGraw-Hill, 1995
- [4] 채석, 오영석, "퍼지이론과 제어", 청문각, 1997
- [5] 변증남, "퍼지논리 제어", 홍릉과학출판사, 1997
- [6] T. Yoshikawa, T. Furuhashi & Y. Uchikawa. ' A Combination of DNA Coding Mechod with Pseudo-Bacterial GA for Acquisition of Fuzzy Control Rules ', The 1st Online Workshop on Soft Computing (WCSI) Aug.19 - 30, 1996
- [7] E. Sanchez, "DNA Biosoft Computing", 9th Annual Metting of Biomedical Fuzzy Systems Association, Kurashiki, November 15 - 16, 1996
- [8] R. C. Murphy, R. Deaton, D. R. Franceschetti, S. E. Stevens Jr. & M. Garzon. ' A New Algorithm for DNA Based Computation ', Proceedings of the 1997 IEEE International Interomag., '97 Magnetics Conference, 1997
- [9] 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
- [10] 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.19 - 30, 1996
- [11] T. Yoshikawa, T. Furuhashi & Y. Uchidawa, ' The Effects of Combination of DNA Coding Method with Pseudo-Bacterial GA ', Proceeding of the 1997 IEEE International Interomag '97 Magnetics Conference , 1997
- [12] G. F. Franklin, J. D. Powell & A. Emami-Naeini, "Feedback Control of Dynamic Systems", Addison-wesley Publishing Company, 1991
- [13] B. C. Kuo, " Automatic Control Systems ", Prentice-Hall International, Seventh Edition, 1995
- [14] B. Shahian & M. Hassul, " Control System Design Using Matlab ", Prentice-Hall International, 1993

◇ 저자소개 ◇

윤 양 웅 (尹良雄)

1941년 9월 25일생, 1967년 전북대학교 전기공학과 졸, 1985년 동 대학원(박사), 1979년 ~ 현재 원광대학교 공과대학 전기전자공학부. 당학회 : 사업이사

안 태 천 (安泰天)

1955년 10월 11일생, 1978년 연세대학교 전기공학과졸, 1980년 동 대학원전기공학과졸(석사), 1986년 동 대학원 졸(공학), 1987-88년 스웨덴 Uppsala 대학 제어 및 시스템 공학과 Post-Doc. 1994-1995 미국 Georgia 공대 전기 및 컴퓨터공학부 교환교수. 1981-현재 원광대 제어계측공학과 교수.

박 종 규 (朴鍾圭)

1972년 4월12일생, 1998년 원광대 제어계측공학과 졸업. 1998 - 현재 동대학 대학원 제어계측공학과 석사과정.