

# 유전 알고리즘을 이용한 최적퍼지모델의 동정에 관한 연구 A Study on Identification of Optimal Fuzzy Model Using Genetic Algorithm

김성희 · 김기열 · 박종국

Sung Hoe Kim, Ki Yeoul Kim and Chong Kug Park

경희대학교 전자전파전산공학부

## 요 약

본 본문에서는 퍼지모델의 최적 입,출력 소속함수들(membership functions) 및 규칙기반(rulebase) 얻기 위한 동정 알고리즘을 제안하였다. 제안된 알고리즘에서 구륜이동로봇(WMR)의 위치, 속도 방향 제어를 위한 퍼지제어기를 설계하였다. 제안된 알고리즘에서 입,출력 소속함수의 파라미터들을 찾기 위하여 유전알고리즘을 응용한다. 유전알고리즘에 의해 출력술어의 원소가 증가되면 규칙기반이 원소의 증가에 의하여 조절된다. 새롭게 조절된 퍼지시스템은 출력술어의 증가를 수행하지 않은 시스템과 경쟁하며 만약 새롭게 조절되어진 퍼지시스템이 경쟁에서 진다면, 그 시스템은 소멸한다. 그 반대로 조절된 시스템이 생존한다면, 출력술어의 증가된 각 원소들 및 변화된 시스템의 규칙기반이 퍼지제어기에 적용된다. 출력술어 및 규칙의 조절이 완료된 후 입력소속함수들에 대한 탐색이 제약조건을 가지고 수행되며 입력소속함수들의 탐색이 완료된 후 출력소속함수의 미세 조정이 수행된다. 제안된 알고리즘을 적용하여 구륜 이동로봇의 위치, 속도, 방향 제어를 위한 제어기를 설계하여 실험한 결과 그 유효성을 입증하였다.

## ABSTRACT

A identification algorithm that finds optimal fuzzy membership functions and rule base to fuzzy model is proposed and a fuzzy controller is designed to get more accurate position and velocity control of wheeled mobile robot. This procedure that is composed of three steps has its own unique process at each step. The elements of output term set are increased at first step and then the rule base is varied according to increase of the elements. The adjusted system is in competition with system which doesn't include any increased elements. The adjusted system will be removed if the system lost. Otherwise, the control system is replaced with the adjusted system. After finished regulation of output term set and rule base, searching for input membership functions is processed with constraints and fine tuning of output membership functions is done.

## 1. 서 론

일반적인 퍼지시스템은 전문가의 지식과 경험에 근거하여 설계된다[1]. 그러나 전문가의 지식과 경험을 항상 얻는 것은 어려운 일이다. 또한 시스템이 전문가에 의해 설계되었을 지라도 설계된 시스템이 최적화된 시스템이라는 것을 확신할 수 없다. 이러한 문제들을 해결하기 위하여 퍼지와 신경망 또는 퍼지와 유전 알고리즘이 결합되어 사용된다[2-5]. Gregory V. TAN and Xiheng Hu는 퍼지제어기의 시스템적인(systematic) 설계를 위하여 유전 알고리즘을 이용하였다[6]. Chin\_chih Hsu는 퍼지제어규칙의 최적화를 위하여 다연산자유전알고리즘(multi-operator genetic algorithm)을 사용하였으며, J. L. Castro는 퍼지제어기에서 규칙수의 적절한 상한(proper upper bound)을 얻기 위한 방

법을 제시하였다[7,8]. 또한 Yan-Pao Hsu와 Chin-Chih Tsai는 유전알고리즘에 의해 소속함수 들이 자동 조절되는 퍼지-PI 제어기를 설계하였다[9]. 그러나 이러한 알고리즘들은 최적화된 규칙기반과 소속함수 두 가지 모두에 대한 해를 구하지 못하였다. 이러한 문제를 해결하기 위하여 유전알고리즘에 기초한 새로운 알고리즘이 제시된다. 출력술어의 각 원소들의 파라미터 들이 반복적으로 갱신되며 갱신과정이 종료된 후, 출력술어 및 규칙기반에 대한 조절이 수행된다. 초기 출력술어의 원소들과 갱신된 술어의 원소들 사이에 유사관계가 계산된다. 계산된 유사정도에 근거하여 출력술어에 새로운 원소들이 추가되며 새로운 원소들의 추가는 규칙기반의 변화를 초래한다. 추가된 각 원소들에 대해 변화된 규칙을 가지고 적합성이 평가된다. 만약 만족할만한 결과가 평가에서 얻어지지 않는다면 그

원소들은 제거된다. 그와 달리 만족되는 결과가 언어 지면 잉여원소들의 제거가 수행된 후, 조절된 출력술어에 근거하여 개체군이 형성되며 위의 과정이 다시 반복된다. 출력 술어 및 규칙의 조절이 종료된 후 입력 소속함수에 대한 탐색이 제약조건하에서 수행된다. 어떤 입력에 대해 제어를 위한 출력이 존재하지 않는다면, 시스템은 제어불능의 상태에 빠질 것이다. 이러한 문제를 해결하기 위해 모든 입력값에 대해 보다 큰 소속값을 갖는 입력소속함수들이 탐색된다. 입력소속함수의 탐색이 끝난 후 출력 소속함수에 대한 세밀한 조정(fine tuning)이 수행된다. 제안된 알고리즘의 유효성 검증을 위하여 4바퀴 2자유도 구륜이동 로봇에 대하여 모의실험을 수행하였고 결과를 제시하였다.

## 2. 유전알고리즘을 이용한 규칙기반 및 출력술어집합의 최적화 알고리즘

유전알고리즘은 자연계의 진화과정을 모방한 모델로서 문제에 대한 가능한 해들을 정해진 형태의 자료 구조로 표현하여 탐색하는 알고리즘이다. 이 알고리즘은 생물학적 유전자인 염색체에 정수, 실수, 이진 등의 방법으로 스트링을 표현하고 자연선택과 유전학에 근거한 교배 및 돌연변이 그리고 재생산 과정에 의하여 진화, 발전되어진다. 초기에 발생되어진 해를 최적의 해로 진화시키기 위한 기준적으로서 적합도 함수를 이용하며, 적합도 함수에서 계산되어진 값에 따라 다음 세대의 개체군에서 스트링의 소멸 여부가 결정된다. 재생산자는 적합도 함수의 값에 따라 보다 높은 적합도를 갖는 스트링에 보다 큰 선택확률 부여하여 복제를 수행하며 교배 연산자는 복제되어진 스트링들 중 임의의 두 쌍을 택하여 교차점을 지정하고 스트링을 서로 교환함으로써 유전정보를 교환한다. 돌연변이 연산자는 교배와 재생산을 통하여 손실되어진 잠재적인 유용한 유전적 정보를 다시 얻게 해주며 탐색방향의 지역적 최소 값의 수렴이나 조기수렴을 막아준다. 일

반적인 퍼지시스템은 퍼지화(fuzzification), 규칙부(rule base), 추론부(inference engine), 그리고 비퍼지화(Defuzzification)로 구성된다. 퍼지화(fuzzification)에서 수치적 입력값들이 언어적 퍼지값으로 변환되고, 규칙부에서 수행되는 일련의 제어과정이 언어적으로 나타내진다. 추론부에서는 언어적 제어 값들이 퍼지연산에 의해 발생되고 비퍼지화에서 언어적 추론값이 수치적 출력으로 변환된다.

퍼지집합  $F$ 는 소속함수  $\mu_F(u)$ 에 의하여  $F = \{(u, \mu_F(u) \mid u \in U)\}$ 와 같이 나타내어진다. 퍼지시스템의 언어변수  $x$ 는 술어  $T(x) = \{T_x^1, T_x^2, T_x^3, \dots, T_x^k\}$ 와 소속함수  $M(x) = \{M_x^1, M_x^2, M_x^3, \dots, M_x^k\}$ 에 의해 특성화된다. 상태벡터  $X$ 가 소속함수와 술어에 의하여 다음과 같이 정의된다.

$$X = \{(x_i, U_i, \{T_{x_i}^1, T_{x_i}^2, T_{x_i}^3, \dots, T_{x_i}^k\}, \{M_{x_i}^1, M_{x_i}^2, M_{x_i}^3, \dots, M_{x_i}^k\}) \mid i=1 \dots n\} \quad (1)$$

각 입,출력 소속함수는 그림 1에서와 같이 나타내지며, 출력소속함수들의 각 파라미터들이 아래와 같은 형태로 염색체에 코딩된다

출력술어의 원소들에 대한 탐색이 이 유전알고리즘에 의해 수행되며, 이를 수행하기 위한 개체군  $P_{org}$  이 그림 1에서 보여지는 형태의 염색체들로 이루어진다. 출력술어의 조절을 위해 적절한 초기출력술어 집합이 요구된다. 이러한 적절한 초기 출력술어집합을 얻기 위하여 교배와 돌연변이 그리고 재생산 공정이 수행된다. 그 과정이 수행되는 동안 돌연변이율이 규칙의 오류제거를 위해 크게 선택된다. 설정세대에 도달 후 가장 높은 적합도를 갖는 염색체  $A(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 가 그 개체군으로부터 선택된다. 선택된 염색체로부터 새로운 개체군  $P_{first}$ 이 생성된다.  $P_{first}$  이 식 (2)에 의해 생성되는 염색체  $B(a_{i\_start}, b_{i\_start}, c_{i\_start})$ 들로 구성된다.

$$B_{start} = A_{final}^{M(s)} \quad (2)$$

$M(s)$  : 염색체  $A_{final}$ 의에 대한 돌연변이 수행

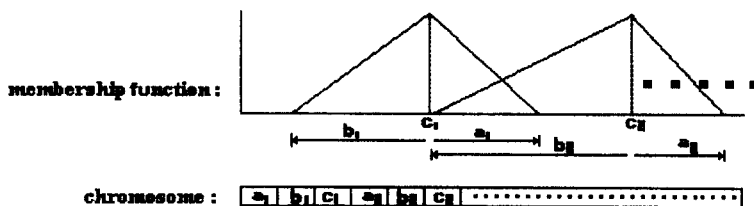


그림 1. 소속함수의 파라미터들에 대한 염색체의 코딩  
Fig. 1. Chromosome coding for parameters for membership function

S : 출력술어집합의 증가된 원소들의 수

검색체  $A(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 는  $M(s)$ 에 의하여 돌연변이가 수행될 때 S에 의하여 돌연변이율이 조절된다. 새로운 개체군의 구성이 완료된 후 교배와 재생산의 과정이 수행된다. 최종세대에 이른 후 가장 높은 적합도를 갖는  $B(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 이 얻어진다. 두 검색체  $A(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 와  $B(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 로부터 식 (3)에 의해 퍼지소속함수들 사이의 유사정도  $E(A, B)$ 가 계산된다[5]. 퍼지집합의 유사정도는 한 퍼지집합의 원소들과 비교되는 퍼지집합의 원소들에 대한 소속의 정도를 나타내는 척도가 된다. 만약 두 원소들을 비교하였을 경우 두 원소가 완전히 일치한다면 유사정도는 1이 되며, 두 원소의 상관정도가 하나도 없다면 유사정도는 0이 된다.

$$E(A, B) = \frac{C(A_{final} \cap B_{final})}{C(A_{final} \cup B_{final})} = \frac{C(A_{final} \cap B_{final})}{C(A_{final}) + C(B_{final}) - C(A_{final} \cap B_{final})}$$

$C(X)$  : cardinality of fuzzy set  $X$  (3)

그림 2에서 소속함수들 사이의 유사정도가 보여진다. 그림에서와 같이 유사정도는 두 함수의 전체 영역과 중첩되는 영역에 의하여 그 값이 결정되어지며 함수의 형태와 놓여진 위치에 따라 그 값의 계산 방식이 달라진다. 만약 그림에서 소속함수 A의 중심 및 좌,우의 끝점의 위치가  $c_1(c_1 = a_{i\_final}), a_1(a_1 = a_{i\_final} - b_{i\_final}), b_1(b_1 = a_{i\_final} + c_{i\_final})$ 이고, 소속함수 B의 중심 및 좌,우의 끝점의 위치가 각각  $c_2(c_2 = a'_{i\_final}), a_2(a_2 = a'_{i\_final} - b'_{i\_final}), b_2(b_2 = a'_{i\_final} + c'_{i\_final})$ 일 때  $c_2 \geq c_1$ 라고 가정하면 다음 4가지 경우를 고려할 수 있다. 먼저  $a_2 \geq b_1$ 이면 겹쳐지는 부분의 면적은 0이며  $b_2 \geq b_1 > a_2$

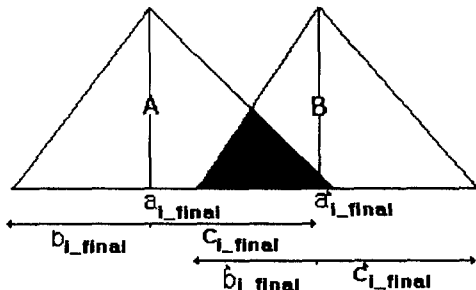


그림 2. 두 소속함수들 사이의 유사정도  
Fig. 2. Similarity degree between membership functions

$\geq a_1$ 이면  $0.5 \times (b_1 - a_2)$ 가 되며  $y$ 는 두 소속함수가 만나는 곳의 높이가 된다. 그리고 만약  $b_2 > b_1$ 이고  $a_1 \geq a_2$ 이면  $0.5 \times (x_2 - a_1)y_2 + 0.5 \times (y_1 + y_2)(x_1 - x_2) + 0.5 \times (b_1 - x_1)y_2$ 이 되며  $b_2 < b_1$ 이고  $a_2 > a_1$ 이면  $0.5 \times (b_2 - x_1)y_1 + 0.5 \times (x_2 - a_2)y_2 + 0.5 \times (b_1 - x_2)y_2 - 0.5(b_1 - x_1)y_1$ 이 된다. 여기서  $x_1, y_1, x_2, y_2$ 는 소속함수 A가 소속함수 B와 만날 때 소속함수 A의 좌측과 우측의 만나는 지점의 각각 위치와 높이가 된다.

유사정도에 근거한 규칙의 조절이 수행된다[10].

$$\text{degree}(i) = \max [M_A(a_{j\_final}, b_{j\_final}, c_{j\_final}), M_B(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})] \quad 1 \leq j \leq k$$

IF  $\text{degree}(i) < \alpha(t)$

THEN

Insert  $M_B(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$  into the term set  $A(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$

IF  $q_i \geq \beta$

THEN

change the consequence of  $i$ th rule from  $M_A(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$  to  $M_B(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$

$\alpha(t)$  : similarity criterion

$k$  : the size of the fuzzy partition of the output linguistic variable

$q_i$  : firing strength from  $i$ -th rule

$\beta$  : firing strength threshold

출력술어집합 및 규칙의 조절을 위한 과정이 그림 3에 나타내진다.

유사정도에 근거하여 증가된 원소들을 갖는 출력술

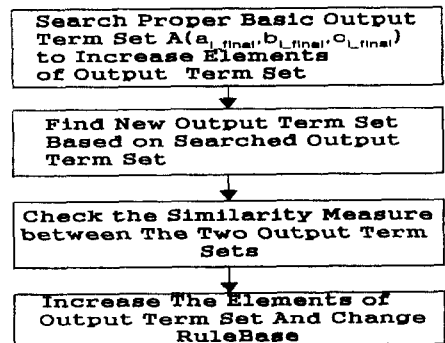


그림 3. 출력술어집합의 원소의 증가 및 규칙기반의 변화  
Fig. 3. The increase of element in output term set and change of rulebase

어집합  $C(a_{i\_new}, b_{i\_new}, c_{i\_new})$ 이 선택된다. 새로운 개체군  $P_{new\_second}$ 이 앞서 수행된 방법과 동일 방법에 의해  $C(a_{i\_new}, b_{i\_new}, c_{i\_new})$ 의 제한된 영역에서의 돌연변이에 의해 생성되는  $C(a_{i\_new\_start}, b_{i\_new\_start}, c_{i\_new\_start})$ 들로 초기화된다. 또 다른 개체군  $P_{second}$ 이  $B(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 로부터 생성된  $C(a_{i\_start}, b_{i\_start}, c_{i\_start})$ 들로 초기화된다. 진화 및 재생산의 과정이 각 개체군에 대하여 독립적으로 수행되며,  $P_{new\_second}$ 에 대해서는 조절된 규칙이 적용되고  $P_{second}$ 에 대해서는 조절되지 않은 규칙이 적용된다. 이 과정이 최종 세대에 이른 후 최고의 적합도를 갖는 염색체  $C(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 와  $C_{new}(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 이 개체군  $P_{second}$ 와  $P_{new\_second}$ 로부터 각각 선택된다. 그리고  $C(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 와  $C_{new}(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 에 대한 적합도  $f_c$ 이  $f_{c\_new}$ 보다 크면  $C(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 로부터 새로운 개체군  $P_{third}$ 이 생성되고 조절되지 않은 규칙이 다음 진화과정에 적용된다. 만약 그 반대일 경우  $C_{new}(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ 부터  $P_{third}$ 가 생성되며 조절된 규칙이 진화과정에 적용된다. 이와 같은 과정의 반복적 수행으로 출력솔어집합 및 규칙에 대한 조절이 수행된다.

이와 같은 조절과정은 유사정도에 근거하여 변화되어진 출력솔어집합과 규칙기반을 갖는 퍼지 시스템에 대하여 변화되지 않은 출력솔어집합 및 규칙기반을 갖는 퍼지 시스템이 상호간에 적자생존의 경쟁을 통하여 비교되고 변화된 시스템이 상대적 우수성을 갖지 못하면 바뀌어진 구조가 원래상태로 환원되거나 진화학습을 통해 탐색된 보다 높은 적합성을 갖는 출력솔어집합을 가지게 된다.

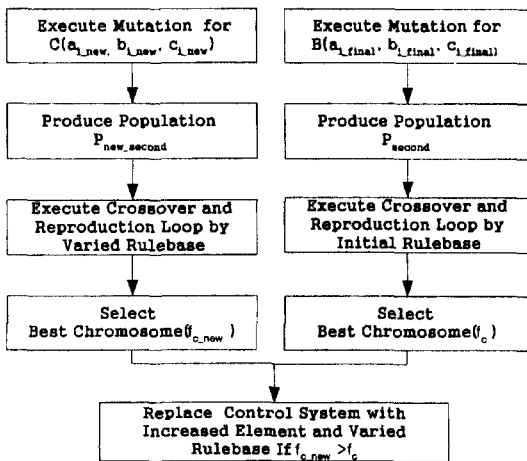


그림 4. 경쟁에 의한 규칙기반 및 출력솔어집합의 조절  
Fig. 4. Adjustment by Competition

### 3. 입력소속함수에 대한 제한된 탐색 및 출력소속함수의 미세 탐색

입력소속함수들에 대한 탐색이 출력소속함수들에 대한 탐색에서와 유사한 방법으로 수행된다. 그러나 출력솔어집합의 탐색에서와는 달리 유전알고리즘에 의해 탐색된 입력솔어집합과 기존 입력솔어집합과의 상호비교는 생략되며 유사정도에 근거된 소속원소들의 증가는 발생되지 않는다. 초기 입력소속함수들에 의해 구성된 염색체로부터 개체군  $P_{input}$ 이 앞서 수행되어진 초기화 방법들과 같은 방법에 의해 생성된다. 교배, 돌연변이, 재생산 과정이  $P_{input}$ 에서 수행된다. 이 과정이 반복적으로 수행되는 동안 제약조건이 부과된다. 일반적으로 제약조건의 부여 방법으로는 제거방법(rejecting method), 수선방법(repairing method), 변경방법(modifying method) 및 벌칙방법(penalty method)들이 있다. 제거방법은 진화과정을 통해서 적합하지 않은 염색체는 개체군으로부터 제거하여 버리는 방법으로 초기 개체군이 부적합한 염색체로 이루어졌을 경우 적용되며, 수선방법은 적합하지 않은 염색체를 가진 후 수선과정을 통해 적합한 염색체로 발생시키는 것으로 이것의 단점은 그 과정이 설정된 문제에 종속되는 것이다. 또한 변경방법은 유전 연산자들을 진화과정 동안 염색체의 적합성이 유지되도록 설정하는 방법이며 벌칙방법은 보다 신속하게 최적화되고 보다 좋은 염색체를 찾을 수 있는 가능성을 지닌 방법으로 적합한 범위 안에 존재하지 않는 염색체들에 대하여 벌점을 부과하면서 적합하지 않은 범위와 적합한 범위의 모든 염색체를 탐색한다. 본 알고리즘에서는 제거방법에 기초하여 퍼지제어시스템에서 발생할 수 있는 제어불능의 상태를 최소화하기 위하여 모든 입력에 대하여 대응하는 출력이 존재하도록 유전알고리즘을 이용한 진화과정의 모든 퍼지 입력 변수의 입력들에 대해 소속값이 0보다 큰 값을 갖도록 제약조건이 설정되어 입력소속함수들에 대한 염색체들의 탐색이 수행된다. 만약 이와 같은 조건을 만족시키는 전체 소속함수들이 구하여지지 않는다면 제약조건을 부분적으로 해제시켜 탐색을 수행한다. 제약조건에 의한 입력소속함수의 탐색이 완료된 후 출력소속함수의 미세조정이 수행된다. 앞절의 출력소속함수들에 대한 조절의 목적은 규칙기반의 변화와 관련되는 출력솔어집합의 원소들의 증가였으나, 이번 진화과정의 적용 목적은 출력소속함수들의 미세조정이다. 미세조정을 수행하기 위해 앞에서 제시된 알고리즘에 의하여 얻어진 최종 출력소속함수들로 구성된 염색체의 돌연변이에 의해 생성된 염색체들로  $P_{output}$ 이 생성되며 교배,

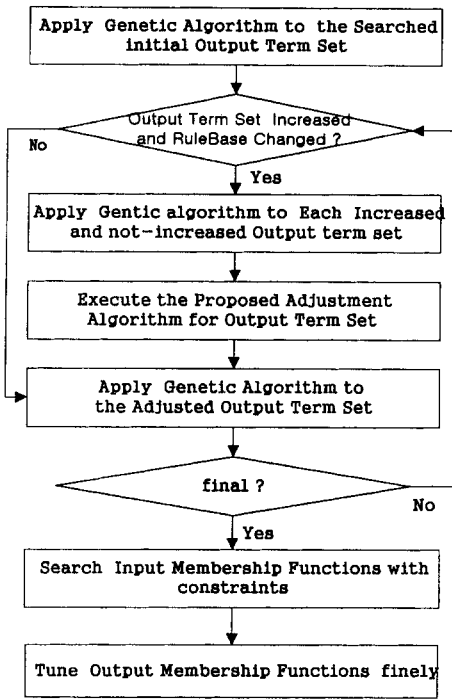


그림 5. 입,출력 소속함수 및 규칙기반에 대한 전체 조절 알고리즘  
Fig. 5. Total regulating algorithm for input and output fuzzy membership functions

재생산의 과정이 반복된다. 최종 세대에 도달한 후  $P_{output}$ 로부터 가장 높은 적합도를 갖는 염색체  $A_{output}$ 가 선택된다.  $A_{output}$ 에 대하여 다시 돌연변이가 수행되고 이 돌연변이에 의해서 생성된 염색체들에 의해 개체군이 다시 초기화되며 교배, 재생산의 과정이 수행된다. 이와 같은 과정의 반복적 수행이 진행되는 동안 돌연변이에 의해 변위가 일어나는 값의 범위를 점차 축소해 나간다.

#### 4. 모의실험 및 고찰

제시되어진 알고리즘에 의한 모의실험이 4바퀴 2자유도 전륜구동 이동 로봇에 대하여 수행된다.

그림 6에서 로봇에 대한 좌표설정이 보여진다. 그림에서  $P=[x, y, \theta]$ 는 로봇의 기준 좌표계  $X, Y$ 대한 각 실제위치 및 회전각을 나타낸다[10].

모의실험에 사용되어진 구륜 이동로봇의 파라미터들이 표 1에 표시된다.

설계된 시스템의 전체 블록선도가 그림 7에서 보여진다.

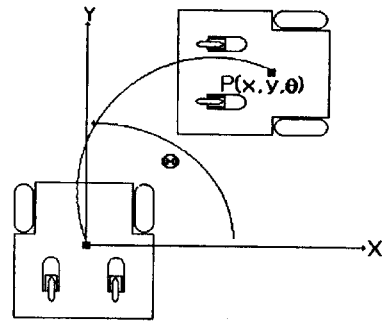


그림 6. WMR의 위치와 방향에 대한 좌표계 설정  
Fig. 6. Coordinate assignment for WMR's position and orientation.

표 1. 구륜 이동로봇의 파라미터  
Table 1. Parameters of WMR

수치값	단위	내용
0.3048	m	본체높이
0.3048	m	부하높이
0.2667	m	본체폭/2
0.2667	m	본체길이/2
0.2667	m	보조구륜의 y-변이
0.1524	m	구동구륜의 z-변이
0.2667	m	보조구륜의 x-변이
0.1524	m	보조구륜의 z-변이
0.0254	m	조향축 길이
0.1127	m	구동구륜의 반경
0.0381	m	보조구륜의 반경
90.72	kg	본체질량

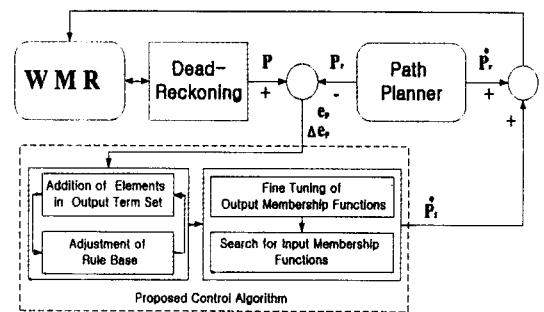


그림 7. 설계되어진 시스템의 전체 블록선도  
Fig. 7. Block diagram of designed the control system

퍼지제어기의 입력변수는 오차( $e_p = P_r(x_r, y_r, \theta_r) - P(x, y, \theta)$ )와 오차변화량( $\Delta e_p = e_p(n) - e_p(n-1)$ )이며 출력

변수는  $X, Y$ 에 대한 속도이다. 입,출력 변수에 대한 초기 술어집합의 원소의 갯수는 5이며, 각 소속함수들은 독립적으로 랜덤하게 선택된다. 개체군의 크기(population size)와 염색체의 길이(lengthofchromosome)는 각각 30과 90이며, 교배율(crossover probability)과 돌연변이율(mutationalprobability)은 0.5과 0.3로 초기화되며 가변적으로 변화된다. 진화공정에서 사용되는 적합도 함수(fitness function) $F(t)$ 가 식 (7)에서 제시된다.

$$F(t) = \frac{1}{E(t)}$$

$$E(t) = \sum_{t=0}^{t=end} ((a + e_p(t))b(t) + (c + e_p(t))d(t)) \quad (7)$$

$a, c$ : constant weighting factor  
 $b(t), d(t)$ : time-varying weighting factor

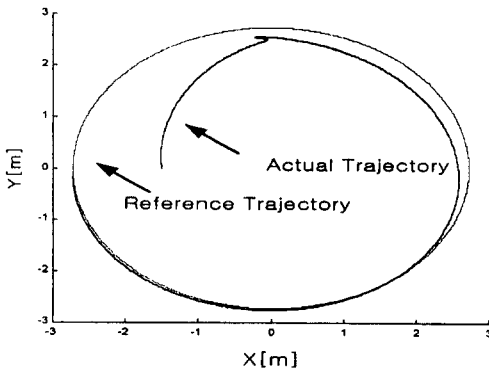


그림 8. 원형기준궤적에 대한 로봇의 실제궤적  
 Fig. 8. Real trajectory of WMR for round shape reference trajectory

이동로봇에 대한 모의실험결과가 그림 8부터 그림 15에서 보여진다. 원형기준궤적에 대한 실험결과가 그림 8부터 그림 11에서 보여진다. 기준궤적의 반지름은 2.725 m이며, 그 최대 회전속도는 0.57 rad/sec이다. 전체 주행시간은 13초이며, 가속 및 감속 시간은 각각 2초이다. 기준궤적의 시작점과 종점은 각각  $P_s = [-2.725, 0, 0^\circ]$ 과  $P_e = [-2.725, 0, -360^\circ]$ 이다. 로봇의 시작점은  $P = [-1.5, 0, 0^\circ]$ 이다.

원형궤적에 대한 실험 결과들은 실제궤적이 기준궤적에 적절히 수렴되어짐을 보여주고 있다.  $X$  방향에 대한 전반부 속도성분의 급격한 변화는 로봇의 회전 각도가  $-90^\circ$ 에 다가가면서  $X$ 방향오차를 조절하기 위한 속도의 변화로서 판단된다.

대각선 기준궤적에 대한 실험결과가 그림 12부터 그림 15에서 보여진다. 기준궤적의 전체 거리는 6.6 m

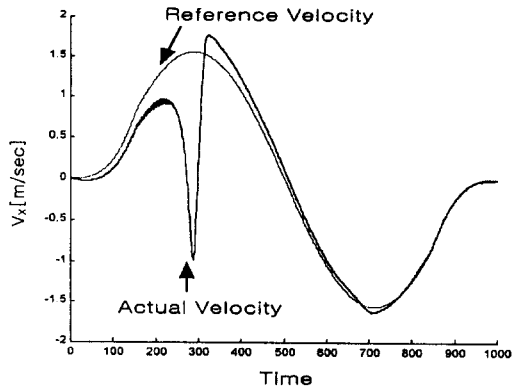


그림 10. 원형기준궤적에 대한 로봇의 X 방향속도  
 Fig. 10. X-velocity of robot for round shape reference trajectory

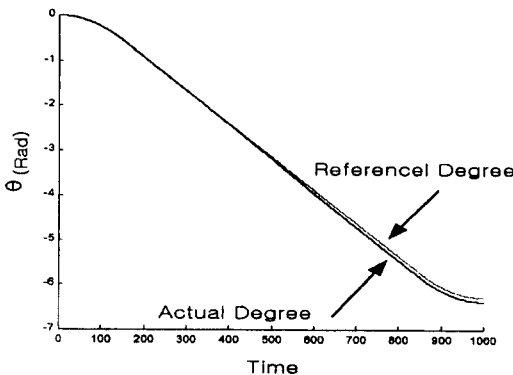


그림 9. 원형기준궤적에 대한 로봇의 회전각  
 Fig. 9. Rotation angle of robot for round shape reference trajectory

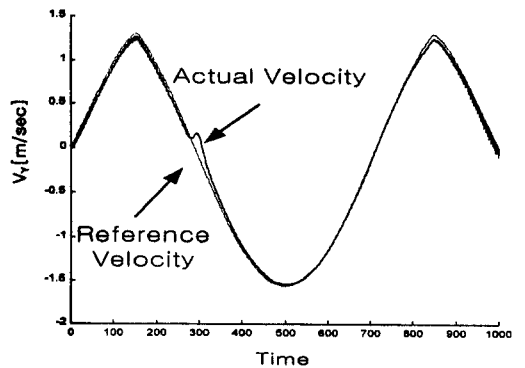


그림 11. 원형기준궤적에 대한 로봇의 Y 방향 속도  
 Fig. 11. Y-velocity of robot for round shape reference trajectory

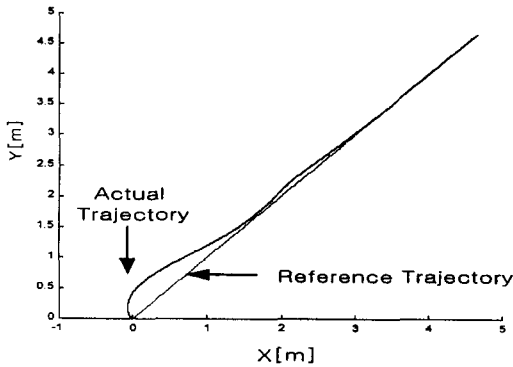


그림 12. 대각선기준궤적에 대한 로봇의 실제궤적  
Fig. 12. Real trajectory of robot along diagonal reference trajectory

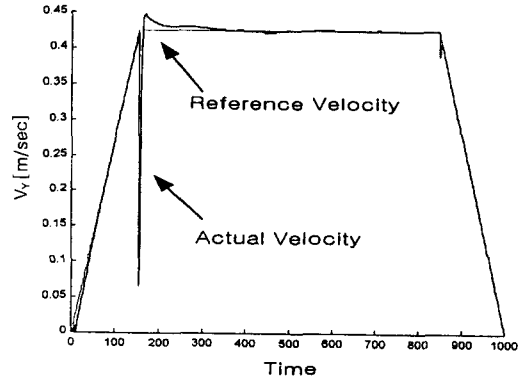


그림 15. 대각선 기준궤적에 대한 로봇의 Y 방향 속도  
Fig. 15. Robot velocity of Y-axis along diagonal reference trajectory

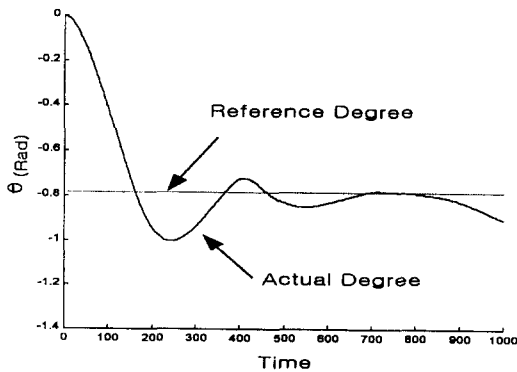


그림 13. 대각선 기준궤적에 대한 로봇의 방향각  
Fig. 13. Orientation angle of robot along diagonal reference trajectory

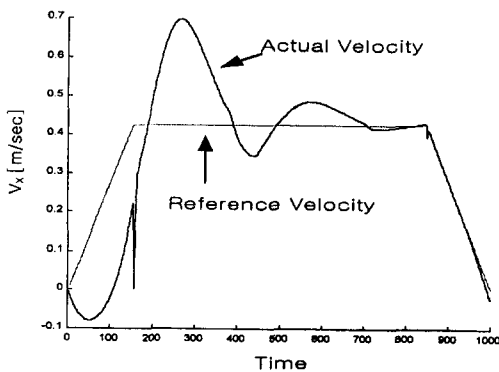


그림 14. 대각선 기준궤적에 대한 로봇의 X방향속도  
Fig. 14. Robot velocity of X-axis along diagonal reference trajectory

이며, 최대속도는 X, Y에 대해 각각 0.465 m/sec이다. 전체 주행시간은 13초이며, 가속 및 감속 시간은 각

각 2초이다. 기준궤적의 시작점과 종점은 각각  $P_r=[0, 0, -45^\circ]$ 과  $P_r=[4.67, 4.67, -45^\circ]$ 이다. 로봇의 시작점은  $P=[0, 0, 0^\circ]$ 이다.

대각선 궤적에 대한 실험 결과들은 실제궤적이 기준궤적에 적절히 수렴됨을 보여주고 있다. X 방향에 대한 초기 음의 속도는 로봇의 회전 때문에 발생된다. 로봇의 회전의 중심점과 설정된 좌표계의 중심점 간의 차이에 비례한다. 전반부의 속도의 급격한 상승은 초기 설정 방향에 의해 누적된 오차를 제거하기 위해 발생되고 있다.

## 5. 결 론

본 논문에서 유전알고리즘을 이용한 최적퍼지시스템의 동정 알고리즘을 제안하였다. 모의실험을 통하여 제안된 알고리즘의 유효성이 입증되어졌다. 연구된 알고리즘에서 각 단계별 수렴에 대한 적절한 조절이 수행되어야만 한다. 어느 한 단계에서 조기 수렴이 발생하면 제안된 알고리즘의 기능은 상실된다. 또한 출력술어집합 및 규칙의 조절을 위한 염색체( $A(a_{i\_final}, b_{i\_final}, c_{i\_final})$ )의 적절한 선택이 중요하다. 잘못 선택되어진 염색체는 시스템이 알고리즘의 효율성을 상당히 떨어뜨린다. 향후 연구과제로서 보다 빠르고 효율적인 정상상태로의 수렴 및 초기 설정에 보다 강건한 알고리즘의 연구가 수행되어야 할 것이다.

## 참고문헌

- [1] George J. Klir and Bo Yuan, Fuzzy Sets and Fuzzy Logic Theory and Applications Prentice-Hall, 1995.

[2] D. Driankov and H. Hellendoorn. and M. Reinfrank, An Introduction To Fuzzy Controll, Springer, New York, 1996.

[3] Madan M. Gupta and Naresh K. Sinha, Intelligent Control Systems, *IEEE Press*, 1996.

[4] J -S. R. JANG and T. -C. SUN, Neuro-Fuzzy and Softcomputing, Prentice Hall, 1997.

[5] Zbigniew Michalewicz, Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs, Springer-Verlag, 1995.

[6] Gregory V. TAN and Xiheng HU, "On Design Fuzzy Controller using Genetic Algorithm", in Proc., 5th *IEEE Int. Conf. Fuzzy System*, pp. 905-911, 1996.

[7] Chin-chih Hsu, Shin-ichi Yamada, Hideji Fujikawa, Koichiro Shida, "A Multi-Operator self-Tuning Genetic Algorithm for Fuzzy Control Rule Optimization", in Proc., 5th *IEEE Int. Conf. Fuzzy System*, pp. 842-847., 1996

[8] J. L. Castro, "How many rules are necessary to get a good fuzzy controller for controll problem?", in Proc., 6th *IEEE Int. Conf. Fuzzy System*, pp. 749-754, 1997

[9] Yan-Pao Hsu, Chin-Chih Tsai, "Autotuning for Fuzz-PI Control Using Genetic Algorithm", in Proc., 5th *IEEE Int. Conf. Fuzzy System*, pp. 602-607, 1996

[10] Lin, C. T., "Neural-network-based fuzzy logic control and Decision system", *IEEE Trans. Compute*, vol. 40, pp. 1320-1336, Sep. 1991.

[11] Sung-Hoe Kim, Chong-Kug Park, Fumio Harashima, "Adaptive Fuzzy Controller Design for Trajectory Tracking of a 2 D.O.F. Wheeled Mobile Robot Using Genetic Algorithm," in Proc., *IEEE/RSJ Int. Conf. Intelligent Robots And Systems*, 1998, vol. 3, pp. 1584-1589.



**김 성 희 (Sung-Hoe Kim) ( 준회원 )**  
 1993년 : 경희대학교 전자공학과(공학사)  
 1995년 : 경희대학교 전자공학과  
 (공학석사)  
 1995년~현재 : 경희대학교 전자공학과  
 박사과정  
 관심분야 : 퍼지-신경망, 진화이론, 인공  
 면역이론 등



**김 기 열 (Ki-Yeoul Kim) ( 준회원 )**  
 1993년 : 경희대학교 전자공학과(공학사)  
 1996년 : 경희대학교 전자공학과  
 (공학석사)  
 1996년~현재 : 경희대학교 전자공학과  
 박사과정  
 관심분야 : 최적제어, 퍼지-신경망, 진화  
 이론등



**박 종 국 (Chong-Kug Park)**  
 (종신회원)  
 제 8권 제 1호 참조  
 현재 : 경희대학교 전자전파전산공학부  
 교수