

보철제어를 위한 근전신호의 패턴분류

홍영준* 남문현 임종광 박근화 황용원
건국대학교 건국대학교 건국대학교 건국대학교 건국대학교

Pattern Separation of Myoelectric Signal for Prosthetic Control

Hong, Y. J. Nam, M. H. Im, J. K. Park, K. H. Hwang, Y. W.
KonKuk Univ.

Abstract - 본 연구에서는 유전알고리즘을 이용한 인간의 팔운동 근전신호의 기능분리에 관한 방법을 제시하였다. 6가지 기능의 팔운동 시에 근전신호의 특성을 유전알고리즘을 이용하여 기능분리 하였다.

시키고 앙상블 평균 스펙트럼(Ensemble-averaged spectrum)을 주파수에 따라 비교하여 특징점을 선정하였고, 스펙트럼 데이터를 유전 알고리즘[5][6]으로 학습시켰다. 학습알고리즘으로 유전 알고리즘을 사용하여, 6가지 팔운동 기능을 분류하였다.

1. 서 론

근육을 움직일 때 발생하는 전기적 신호인 근전신호는 신경자극에 따른 발화로 발생한다. 이러한 근육이 운동을 하려면 적어도 두개의 근육, 곧 수축하여 끌어당기는 동근과 이완하여 늘어나는 길항근의 조화된 활성이 필요하다. 이를 바탕으로 Rene Descartes는 1626년 상호 신경지배의 원리를 제안하였다. 최근에는 이러한 근전신호를 사지가 절단되거나 마비된 환자들을 위한 보철장치나 인공 보조 장치에 응용하려는 연구가 상당히 진전되고 있으며, EMG 신호를 각 기능에 대응시켜 보철제어에 응용하기 위해서는 측정된 EMG 신호로부터 불필요한 신호를 제거하고 인식 또는 기능분류에 필요한 특징만을 추출해 내야한다.

지금까지 보철제어(Prosthetic control)를 위한 EMG 신호 패턴인식에 관한 연구로는 Graupe 연구진의 ARMA모델을 적용한 시계열 분석법[1], Saridis의 확률모델에 의한 분석법[2], Doerschuk 연구진의 자기 상관 함수와 상호 상관 함수를 이용한 분류법[3] 등이 있다. 기능분리에 대한 연구는 상호보완적으로 발전해 왔으나, 이들과 관련된 문제점은, 근전신호가 잡음이 많고, 시간에 따라 변화며, 패턴의 종류가 많아 패턴이 유사할 경우 오인식의 확률이 증가하며, 인공팔 사용자는 고안된 수축동작을 하기위해서 반복훈련이 필요하며[4], 패턴인식 기술은 계산적 부담이 크다는 단점이 있다.

따라서 본연구에서는 기존의 단일채널에서 근전신호를 추출하는 방법을 지양하여, EMG 특징점 도출이 보다 용이하고 패턴특성의 추가적인 정보를 내포할 수 있도록 두개의 채널을 사용하여 얻은 이두근(biceps)과 삼두근(triceps)의 근전신호를 FFT 변환

2. 본 론

2.1 유전알고리즘의 동작 및 특징

유전알고리즘(Genetic Algorithm:GA) 및 흐름도는 다음과 같다.

```
procedure SGA()
  initialize(Population);
  evaluate(Population);
  while not (terminal condition satisfied) do
    MatingPool = reproduce(Population);
    MutationPool = crossover(MatingPool);
    Population = mutation(MutationPool);
    evaluate(Population);
  end while
end procedure
```

<그림 1> 기본적인 유전 알고리즘

유전 알고리즘이 다른 탐색이나 최적화 방법과 다른 점은 다음과 같다.

- 파라미터(parameter)를 코딩한것을 직접 이용
- 탐색공간에 대해 연속성이나 미분가능성의 제약을 요구하지 않는다.
- 탐색은 확률적 연산자를 사용하여 수행된다.
- 탐색 공간에서 단일해를 사용하는 것이 아니라 해 집단을 사용한다.

이와 같은 특징으로 인해 다른 탐색 또는 최적화 방법 중 하나인 계산에 의존한 방법(calculus-based method : hill-climbing)에 비하여 전역적 해를 구할 가능성이 높으며 다른 여러탐색 방법에 대하여 효율적이다.

2.2 유전 알고리즘의 구성요소

유전알고리즘은 다음과 같은 5개의 구성요소를 가진다.

- 개체 표현 방법(encoding schemes)
- 유전 연산자(genetic operators)
- 적합 함수(fitness function)
- 선택 메카니즘(selection mechanism)
- 알고리즘 제어 파라미터(algorithm control parameter)

2.2.1 개체 표현 방법

유전 알고리즘은 풀고자 하는 문제의 변수값을 이진스트링으로 표현한다.

파라미터 $x=[2^0, 2^l]$ 를 특정 간격

$\pi=[U_{min}, U_{max}]$ 로 디코딩 하는 경우 이에 대한 정밀도(π)는 다음과 같이 된다.

$$\pi=[U_{min}, U_{max}]/[2^0, 2^l]$$

따라서, $[U_{min}, U_{max}]$ 사이의 실수값을 정밀도 π 로 코딩하고자 할 때 필요한 스트링의 길이(l)는

$$l=[\log_2([U_{min}, U_{max}]/\pi+1)]+1$$

(단, $[\]$ 는 가우스 기호이다.)

이 된다.

또한, 이진 스트링에 대한 원래의 실수 값은

$$ival_{real}=(ival_{bin})_{10} \times \pi + U_{min}$$

로 구해진다.

2.2.2 유전연산자(genetic operator)

기본적인 연산자로는 교배, 돌연변이가 있다. 교배는 2개의 개체간에 염색체를 부분적으로 서로 바꿈으로써 새로운 개체를 생성하는 것이다.

다음과 같이 부모 염색체 p_1, p_2 가 있고 교배점을 3으로 했을 때, 생성되는 자식은 s_1, s_2 와 같이 된다.

$$p_1 = a_1 a_2 a_3 a_4 a_5 a_6 a_7 a_8 a_9 a_{10}$$

$$p_2 = b_1 b_2 b_3 b_4 b_5 b_6 b_7 b_8 b_9 b_{10}$$

↓

$$s_1 = a_1 a_2 a_3 b_4 b_5 b_6 b_7 b_8 b_9 b_{10}$$

$$s_2 = b_1 b_2 b_3 a_4 a_5 a_6 a_7 a_8 a_9 a_{10}$$

돌연변이는 개체의 각 유전자좌의 유전자에 대하여 일정한 돌연변이 확률을 적용하여 대립유전자의 값으로 바꾸는 것이다.

다음은 돌연변이의 적용예이다. 세번째 비트인 a_3 가 대립유전자인 A_3 로 바뀌었다.

$$p = a_1 a_2 a_3 a_4 a_5 a_6 a_7 a_8 a_9 a_{10}$$

↓

$$s = a_1 a_2 A_3 a_4 a_5 a_6 a_7 a_8 a_9 a_{10}$$

2.2.3 적합도 함수(fitness function)

목적함수(objective function) 즉 최적화(최대화 또는 최소화) 하고자 하는 함수는 각 개체의 적합도를 평가하는 기반이다. 그러나 목적함수의 값의 범위는 문제마다 다르기 때문에 보통 정해진 구간 사이의 양수의 값을 갖도록 표준화된 값을 적합도로 사용한다. 즉, 표준화하기 이전의 적합도의 값을 raw fitness 라고 하며 표준화되어서 실제로 개체 선택의 기준이 되는 함수를 적합도 함수(fitness function)라고 한다.

표준화하는 방법은

- 선형표준화 : $f = af + b$

여기서 f 는 raw fitness, f 는 표준화된 적합함수의 값, 상수 a, b 는 고정된 값이고 매 세대마다 재조정될수있다.

- σ 절단(σ truncation) : $f'_i = f_i - (\bar{f}c\sigma)$
계산된 적합도의 표준편차를 고려하는 방법

개체의 평균적합도의 값을 \bar{f} , 표준편차를 σ , 상수 c 는 보통 1부터3까지의 한 값을 취한다.

2.2.4 선택메카니즘

선택 연산자는 잘 적응한 해들은 살아남고 잘 적응하지 못한 해들은 도태되도록 유도함으로써 자연 선택 현상을 모델링한다.

- 적합도 비례선택, 룰렛선택법 :

각 개체 s_i 의 적합도

$$f(s_i) (> 0), i=1, \dots, N \text{의 총합을 구해,}$$

각 개체 s_i 의 선택확률을

$$p_i = \frac{f(s_i)}{\sum_{i=1}^N f(s_i)}$$

와 같이 정하는 방법이다.

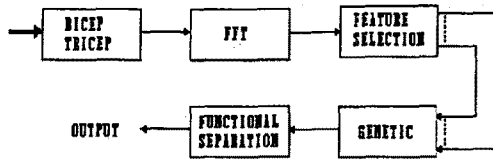
2.2.5 알고리즘 제어 파라미터

중요한 3가지는 개체군의 크기, 교배확률, 돌연변이확률이다.

일반적으로 큰 교배확률과 돌연변이확률의 값은 알고리즘의 exploration 능력을 향상시킴으로써 진화의 초기에 적합도가 높은 탐색공간을 찾는데 유리하게 작용하지만, 동시에 exploitation 능력을 저하시킴으로써 어느정도 좋은 해를 찾은 후에는 이 탐색공간 내에서 최적해로 수렴하는데 있어서는 수렴속도를 저하시키는 요인으로 작용할수 있다. 작은 교배확률과 돌연변이확률은 반대의 특성을 나타낸다. 한편, 개체군의 크기가 작으면 적합도 계산에 필요한 시간을 절약할 수 있

으나 개체간의 다양성의 빠른 손실로 인해 최적의 해를 구하기 전에 수렴할 위험성을 내포한다. 반면에 개체군의 크기가 크면 최적해에 도달할 확률은 높으나 많은 기억용량과 계산시간을 필요로 한다. 이들의 성능 평가 항목을 모두 만족 시켜주는 최적해의 개체군의 크기를 정하는 방법은 문제의 성격과 다른 제어 파라미터들의 값에 따라 다르다.

2.3 실제 시스템에 적용



<그림2> 기능분리를 위한 실험절차의 블록선도

그림 2에서 두 개의 채널(이두근, 삼두근)에서 각각 측정된 근전신호를 32 포인트 고속 푸리에 변환시키고 각 기능당 30개씩의 양상을 평균 스펙트럼에서 16개의 1차 특징점을 주파수에 따라 비교하여 선정한 다음 기능분리를 위한 적합성을 검토한 후 다시 1차 특징점의 상하 주파수 스펙트럼의 평균치를 2차 특징점으로 선정하여 유전 알고리즘으로 학습시켰다.

3. 결론

본 논문에서는 팔의 기능이 마비되거나 상실되었을 경우 이를 대신할 수 있는 인공팔의 제어를 위한 연구로서 근전신호의 인식과 이에 따른 동작판정 방법을 연구하였다. 각 운동기능의 분류실험 결과는 다음과 같다.

- 양 채널에서 얻은 근전신호를 주파수 해석법에 의해 특징점으로 선정한 것은 원 신호의 부가적인 특징을 충분히 반영한 것이며, 근전신호 분류에 타당한 것으로 나타났다.
- 근전신호 분류를 위한 유전 알고리즘의 연산자인 교배와 돌연변이는 교배율과 돌연변이율이 적을수록 학습속도가 빠르게 나타났다.
- 양상별 스펙트럼 데이터의 크기 비교에서 선정한 1차 특징점은 피검자의 운동 특성, 습관, 수축정도에 따른 가변성을 감소시키는데 충분하지 않았고, 유전 알고리즘의 입력으로 사용하여 학습시키는 데도 실패 하였다. 이를 해결하기 위하

여 1차 특징주파수 상하 1개씩 스펙트럼의 평균을 취해 선정한 2차 특징점은 신호의 가변성을 감소시켰으며, 유전 알고리즘의 입력으로 사용하는데 타당함을 입증 하였다.

1. Youm, Y., Dryer, R.F., Thambyrajah, K. and Flatt, A.E., "Biomechanical Analysis of Forearm Pronation-Supination and Elbow Flexion-Extension," Journal of Biomechanics, Vol. 12, 1979, pp.245-255

2. G. N. Saridis et al, "EMG pattern analysis and classification for arm", IEEE Trans, BME, Vol. 29, pp. 403-409, 1982.

3. Chao, E.Y., "Theoretical Justification of Triaxial Goniometer for the Measurement of Human Joint Rotation," Advanced in Bioengineering, ASME, 1978.

4. R. N. Scott, M. F. Kelly, P. A. Paker, "Neural network classification of myoelectric signal for prothesis control", Journal of Electromyography and Kinesiology Vol. 1, No4, pp. 229-236, 1992,

5. 「Goldberg 1989」 D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley, 1989.

6. Mitsuo Gen and Runwei. Cheng, Genetic Algorithms & Engineering Design, A Wiley-Interscience Publication, 1997.