유전자 알고리즘을 이용한 새로운 비선형 시스템 식별 방식

정경권*, 정성부**, 김한웅***, 엄기환*
동국대학교 전자공학과
서울 중구 필동 3가 26
kwon@cakra.dongguk.ac.kr

Nonlinear System Identification Method using Genetic Algorithm

Kyung-kwon Jung*, Sung-boo Chung**, Han-woong Kim***, Ki-hwan Eom*
*Dept. of Electronic Eng., Dongguk University
**Dept. of Electronics, Seoil College
***Dept. of Electronic Eng., Ansung National University
3-26 Phildong, Chung-gu, Seoul 100-715, Korea
kwon@cakra.dongguk.ac.kr

Abstract

In this paper, we propose an identification method for nonlinear systems. In order to identify the nonlinear system parameters, we are represented the linearization from the nonlinear system, and use a genetic algorithm(GA). The parameters are coded into binary string and searched by GA. The simulation results show the effectiveness of the proposed approach.

I. 서론

1973년 K. J. Astrom 교수에 의해 자기 동조 적응 제어(self-tuning adaptive control : STAC) 방식이 제안된 이래로 제어를 목적으로 시스템 식별에 관한 관심이 집중되었다. 이러한 시스템 동정 이론에 의한 제어 방식은 시스템 모델이 부정확하거나 미지의 파라미터를 갖는 경우 최소한의 구조적인 지식만을 가지고도 만족할 만한 제어 성능을 가진다[1][2].

유전자 알고리즘은 1970년대에 미국의 John Holland에 의해 정립된 이론으로 자연선택의 원리와 자연계의 유전학에 근거한 최적해 탐색 방법이다. 일반적으로 유전자 알고리즘은 전역적(global) 최적해를 발견할 높은 가능성과 목적함수에 대한 수학적 제약이 거의 없기 때문에 최적화 문제, 적응적 탐색과 학습, 분류 시스템, 신경회로망의 학습 문제, 퍼지 규칙 베이스의 자동 생성 등의 여러 응용분야에 적용되고 있다[3][4][5].

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용한 새로운 비선형 시스템 식별 방식을 제안한다. 제안한 방식은 동정하고자 하는 비선형 시스템을 선형화 하여 파라미터 벡터와 측정 벡터로 나누고, 파라미터 벡터를 유전자 알고리즘을 이용하여 최적의 값을 구하는 것이다. K. S. Narendra와 K. Parthadarathy가 제안한 4가지의 식별 모델[2]로 시뮬레이션하여 제안한 식별 방식의 유용성을 확인한다.

II. 유전자알고리즘을 이용한 시스템식별

2.1. 유전자 알고리즘

자연계에 있는 생물의 진화 과정에 있어서 어떤 세대(generation)를 형성하는 개체(individual)들의 집합, 즉 개체군(population) 중에서 환경에 대한 적합도(fitness)가 높은 개체가 높은 확률로 살아남아 재생산(reproduction)할 수 있게 되며, 이때 교배(crossover) 및 돌연변이(mutation)를 거쳐 다음 세대의 개체군을 형성한다.

단순 유전자 알고리즘(Simple Genetic Algorithm : SGA)은 다음과 같이 수행된다.

```
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
```

2.2. 제안한 식별 방법

동정하고자 하는 단일입력-단일출력 비선형 시스템을 모형화하기 위하여 식(1)을 식(2)와 같이 선형화 하여 이산 시간 차분 모델로 표현한다.

$$y(k+1) = f(\, y(k), y(k-1), \cdots, y(k-n+1) \\ ; u(k), u(k-1), \cdots, u(k-m+1)) \quad (1)$$

$$y(k+1)=A(z^{-1})y(k)+B(z^{-1})u(k-d) \quad (2)$$

$u(k)$와 $y(k)$는 샘플링 k순간에 시스템의 입력과 출력이다. d는 지연시간이며, z^{-1}는 백워드 쉬프트 오퍼레이터(backward shift operator)이다. $A(z^{-1})$과 $B(z^{-1})$은 동정 다항식으로 식(3)과 같다.

$$A(z^{-1})=a_1z^{-1}+\cdots+a_nz^{-n}$$

$$B(z^{-1})=b_0+b_1z^{-1}+\cdots+b_{n-1}z^{-n+1} \quad (3)$$

여기서 n은 이 모델의 차수를 나타내는 양의 정수이다. n을 2차로 가정하였을 때 동정 다항식 $A(z^{-1})$과 $B(z^{-1})$을 동정하기 위하여 시스템의 파라미터 벡터(parameter vector)와 측정 벡터(measurement vector)를 식(4)와 같이 정의한다.

$$\theta(k)=[a_1(k)\ a_2(k)\ b_0(k)\ b_1(k)]^T$$

$$\Phi(k-1)=[y(k-1)\ y(k-2)\ u(k-1)\ u(k-2)]^T \quad (4)$$

따라서 식(2)능 파라미터 벡터와 측정 벡터를 이용하여 식(5)로 되고, 시스템에 대한 동정 출력은 식(6)과 같다.

$$y(k)=\theta^T(k)\cdot\Phi(k-1) \quad (5)$$

$$\hat{y}(k)=\hat{\theta}^T(k)\cdot\Phi(k-1) \quad (6)$$

파라미터 벡터를 그림 1과 같이 32비트의 스트링으로 표현하고, 식(7)을 적합도 함수로 하여 유전자 알고리즘을 적용한다.

$$Fitness=\sum_{i=1}^{k}[y(i)-\hat{\theta}^T(k)\cdot\Phi(i-1)]^2 \quad (7)$$

시스템 출력과 모델 출력의 오차 자승합이 최소가 되도록하는 파라미터를 찾는다.

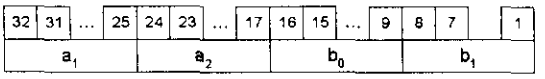

그림 1. 파라미터 벡터

Fig 1. Parameter Vector

식(1)에서 비선형 함수 $f(\cdot)$는 동정하려는 시스템에 따라서 K. S. Narendra와 K. Parthadarathy가 제안한 4개의 이산차분 모델로 나누어 고려한다.[2]

Model I :

$$y(k+1)=\sum_{i=0}^{n-1}a_i\,y(k-1)+g[u(k),u(k-1),\cdots,u(k-m+1)] \quad (8)$$

Model II :

$$y(k+1)=f[y(k),y(k-1),\cdots,y(k-n+1)]+\sum_{i=0}^{m-1}\beta_i\,u(k-i) \quad (9)$$

Model III :

$$y(k+1)=f[y(k),y(k-1),\cdots,y(k-n+1)]+g[u(k),u(k-1),\cdots,u(k-m+1)] \quad (10)$$

Model I :V

$$y(k+1)=f[y(k),y(k-1),\cdots,y(k-n+1);u(k),u(k-1),\cdots,u(k-m+1)] \quad (11)$$

III. 시뮬레이션

시스템을 2차로 가정하고, 각각의 파라미터를 8비트씩 32비트 스트링으로 표현하였고, 개체군은 10개, 교배 확률 P_c는 0.95, 돌연변이 확률 P_m은 0.01로 하였고, 세대수는 20세대로 하였다.

3.1. Model I

식별하고자 하는 시스템은 식(12)와 같다.

$$y(k+1)=0.3y(k)+0.6y(k-1)+g[u(k)] \quad (12)$$

여기서 $0.3y(k)+0.6y(k-1)$은 시스템의 알려진 선형부분이고, $g[u(k)]$는 식(13)으로 표현되는 시스템의 비선형 부분이다.

$$g[u(k)]=0.6\sin(\pi u(k))+0.3\sin(3\pi u(k))+0.1\sin(5\pi u(k)) \quad (13)$$

시스템을 식별하기 위한 직-병렬 모델은 식(14)로 된다.

$$\hat{y}(k+1)=0.3y(k)+0.6y(k-1)+\hat{g}[u(k)] \quad (14)$$

시스템과 모델에 가해진 입력 신호는 식(15)와 같다.

$$u(k)=\sin\left(\frac{2\pi k}{250}\right) \quad (15)$$

$\hat{g}[u(k)]$는 입력만을 가지고 유전자 알고리즘을 이용하여 동정하였다.

동정 특성은 그림 2이고, 그림 3은 오차곡선이다.

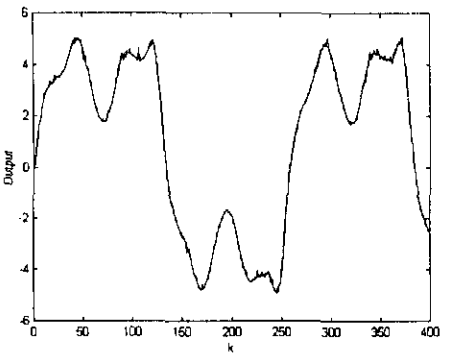

그림 2. 동정 특성

Fig 2. Identification Characteristics

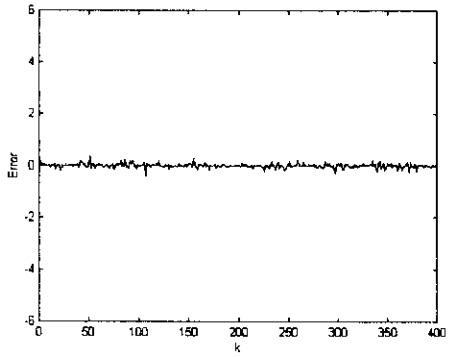

그림 3. 오차곡선
Fig 3. Error Curve

3.2. Model II

식별하고자 하는 시스템은 식(16), 식(17)과 같이 표현된다.

$$y(k+1)=f[y(k),y(k-1)]+u(k) \tag{16}$$

$$f[y(k),y(k-1)]=\frac{y(k)y(k-1)[y(k)+2.5]}{1+y^2(k)+y^2(k-1)} \tag{17}$$

시스템을 식별하기 위한 직-병렬 모델은 식(18)과 같다.

$$\hat{y}(k+1)=\hat{f}[y(k),y(k-1)]+u(k) \tag{18}$$

입력신호는 식(19)와 같다.

$$u(k)=\sin\left(\frac{2\pi k}{25}\right) \tag{19}$$

$\hat{f}[u(k)]$는 출력만을 가지고 유전자 알고리즘을 이용하여 동정하였다.

동정 특성은 그림 4이고, 그림 5는 오차곡선이다.

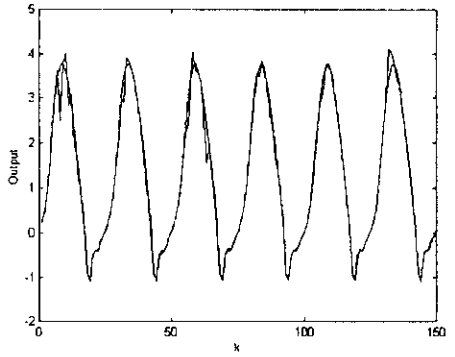

그림4. 동정 특성
Fig 4. Identification Characteristics

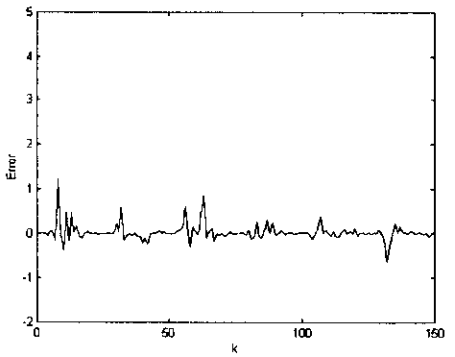

그림5. 오차곡선
Fig 5. Error Curve

3.3. Model III

식별하고자 하는 시스템은 식(20), 식(21), 식(22)와 같이 표현된다.

$$y(k+1)=f[y(k)]+g[u(k)] \tag{20}$$

$$f[y(k)]=\frac{y(k)}{1+y^2(k)} \tag{21}$$

$$g[u(k)]=u^3(k) \tag{22}$$

시스템을 식별하기 위한 직-병렬 모델은 식(23)과 같다.

$$\hat{y}(k+1)=\hat{f}[y(k)]+\hat{g}[u(k)] \tag{23}$$

입력신호는 식(24)와 같다.

$$u(k)=\sin\left(\frac{2\pi k}{25}\right)+\sin\left(\frac{2\pi k}{10}\right) \tag{24}$$

출력을 이용하여 $\hat{f}[y(k)]$를, 입력을 이용하여 $\hat{g}[y(k)]$를 동정하였다.

동정 특성은 그림 6이고, 그림 7은 오차곡선이다.

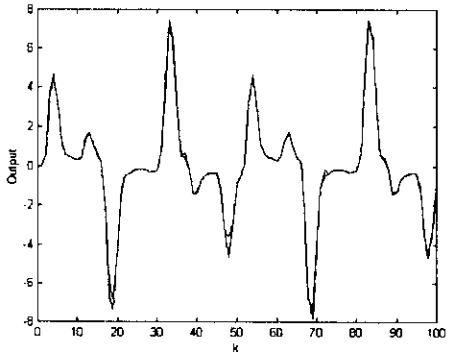

그림 6. 동정 특성
Fig 6. Identification Characteristics

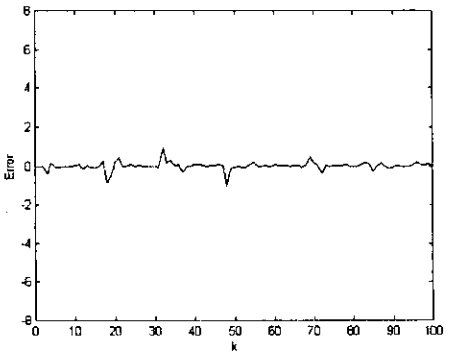

그림 7. 오차곡선
Fig 7. Error Curve

3.4. Model IV

식별하고자 하는 시스템은 식(25), 식(26)과 같이 표현된다.

$$y(k+1)=f[y(k),y(k-1),y(k-2),u(k),u(k-1)] \tag{25}$$

$$f[y(k),y(k-1),y(k-2),u(k),u(k-1)] = \frac{y(k)y(k-1)y(k-2)u(k)[y(k-2)-1]+u(k)}{1+y^2(k-2)+y^2(k-1)} \tag{26}$$

식(26)은 완전히 알려지지 않은 비선형 함수로 구성되고, 이 시스템을 식별하기 위한 직-병렬 모델은 식(27)과 같다.

$$\hat{y}(k+1)=\hat{f}[y(k),y(k-1),y(k-2),u(k),u(k-1)] \tag{27}$$

입력신호는 식(28)과 같다.

$$u(k)=\sin\left(\frac{2\pi k}{250}\right) \tag{28}$$

동정 특성은 그림 8이고, 그림 9는 오차곡선이다.

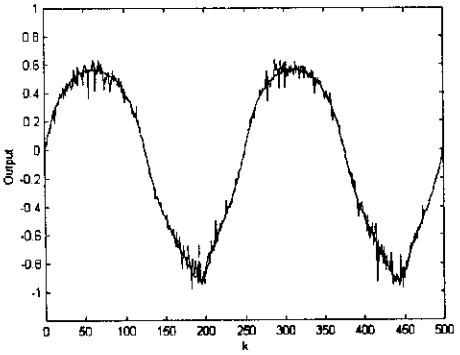

그림 8. 동정 특성
Fig 8. Identification Characteristics

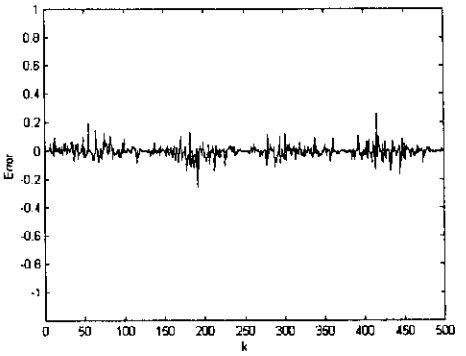

그림 9. 오차곡선
Fig 9. Error Curve

IV. 결론

본 논문에서는 비선형 시스템의 식별을 위해 새로운 방식을 제안하였다. 제안한 방식은 이산 차분 모델을 선형으로 표현하고, 표현된 파라미터 벡터를 유전자 알고리즘을 이용하여 진화를 시키면서 구하는 방법이다. 생물의 진화 과정처럼 적합도를 판정하여 우수한 개체는 다음세대로 진화시키고 그렇지 못한 개체는 도태시킨다. 적합도를 구함에 있어서 비선형 시스템의 부가 정보가 필요치 않는다.

제안된 방식의 유용성을 확인하기 위하여 이산 차분 모델로 표현되는 4가지 비선형 식별 모델에 대해서 시뮬레이션한 결과 좋은 식별 성능을 나타냄을 확인하였다.

참 고 문 헌

[1] K.J. Astrom, B. Wittenmark, "On Self Tuning Regulators," Automatica, vol.9, pp.185-199, 1973.

[2] K.S. Narendra, K. Parthadarathy, "Identification and Control of Dynamical Systems using Neural Networks," IEEE Trans. on Neural Networks, vol.1, no.1, pp.4-27, 1990.

[3] Holland, J.H., "Adaptation in Natural and Artificial Systems," University of Michigan Press, 1975.

[4] Goldberg, "Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning," Addyson-Wesley, 1992.

[5] Man, Tang, Kwong, Halang, "Genetic Algorithms for Control and Signal Processing," Springer, 1997.