

## Niche Meta 유전 알고리즘을 이용한 2자유도 이동 로봇의 퍼지 제어기 설계

김성희\* · 김기열\*\*

### 요 약

본 논문에서는 퍼지 제어기의 설계를 위한 다중 돌연변이 연산자를 갖는 Niche Meta 유전 알고리즘을 제안한다. 제안된 알고리즘에서 유전자는 유전 알고리즘에 사용되는 교배율이나 돌연변이율과 같은 구조 매개변수와 퍼지 제어기의 입·출력 소속함수를 나타내는 매개변수로 구성된다. 제안된 알고리즘은 부개체군들에 대해 퍼지 제어기의 소속함수의 매개변수를 최적화시키는 지역적 탐색을 수행하면서 전체 개체군에 대해서 최적의 구조 매개변수에 대한 전역적인 탐색을 수행한다. 다중 돌연변이 연산자는 지역적 진화의 결과에 따라 진화에 가장 적합한 돌연변이 방법으로 선택된다. 제안된 알고리즘의 효율성을 입증하기 위해 2 자유도 구륜 이동 로봇에 대한 모의 실험을 수행한다.

### 1. 서론

제어시스템 설계에는 일반적으로 제어 대상에 대한 정확한 수학적 모델링이 필요하였다. 그러나 제어시스템의 규모가 커지고 복잡해지면서 매개변수 변동, 비선형성, 외란 등 여러 불확실성 요인 때문에 시스템에 대한 정확한 해석이 어려워졌다. 그 후 많은 연구자들에 의해 인공지능, 퍼지, 신경회로망, 유전 알고리즘같은 지능 제어 이론이 제안되었다[6-9]. 퍼지 제어기는 정량적으로 불확실한 자료를 처리할 수 있으며, 제어대상의 수학적 모델이 필요 없고 전문가의 오랜 경험을 제어규칙으로 표현할 수 있어 복잡하고 불확실한 비선형 시스템 제어에 많이 적용되었다. 그러나 현실적으로 제어 대상에 대한

전문가의 지식 획득의 어려움과 획득한 지식의 정확성과 신뢰성에 문제가 있으며 무시하거나 획득하지 못한 시스템의 상태가 제어 시스템 전체의 성능을 저하시킬 수 있다. 그리고 퍼지 제어기 설계에 있어 입력 공간의 퍼지 분할과 제어규칙의 결정에 체계적인 방법이 없어 제어기의 최적성에도 많은 문제점이 있다. 이러한 문제점을 보완으로 퍼지 제어기의 소속함수의 최적화를 위해 해의 전역적 탐색을 수행하는 유전 알고리즘을 도입하였으나 진화에 의한 지역해로의 조기수렴이 발생하거나 전역적 탐색에 비해서 지역적 탐색 능력이 미약하며 진화에 사용하는 최적의 교배율이나 돌연변이율 및 개체군의 크기를 설정하는데 문제점이 있다. 그래서 진화시 지역해로의 수렴을 막기 위해 Niche 알고리즘을 사용하여 다양한 부개체군들에서 전역적인 탐색과 지역적 탐색 능력을 강화시켰으며 최적

\* 명지대학교 전기정보제어 공학부 박사과정

의 유전 알고리즘 매개변수를 얻기 위하여 meta 유전 알고리즘을 결합하여 사용하였다.

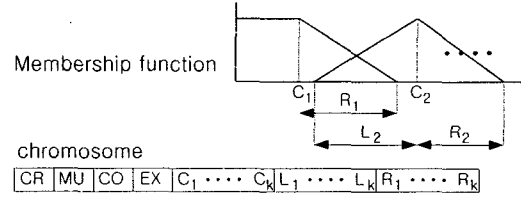
본 논문에서는 기존의 유전 알고리즘을 보완하여 지역적이면서 전역적인 탐색을 수행하는 Niche Meta 유전 알고리즘을 제안한다[1-5]. 제안된 유전 알고리즘은 기존의 방법에 비해 개체군들이 다양성을 가지며 지역적인 탐색이 가능해 보다 효과적으로 최적해를 찾을 수 있다. 또한 지역적 진화의 결과에 근거하여 각 세대에 가장 적합한 돌연변이 방법을 선택하며 전역적 진화에서는 각 세대의 교배율과 돌연변이율을 진화시킨다.

## II. Niche-Meta 유전 알고리즘

### 2.1 유전자와 Niche의 구조

개체군을 구성하는 유전자는 크게 두 부분으로 나눈다. 첫 번째 부분은 유전자의 교배율(CR<sub>r</sub>)과 돌연변이율(MU<sub>r</sub>), 복사 돌연변이율(CO<sub>r</sub>), 교환 돌연변이율(EX<sub>r</sub>)의 유전 알고리즘에서 사용하는 4개의 구조 매개변수를 정의한다. 두 번째 부분은 모의 실험에 사용한 구륜 이동 로봇의 제어(x, y, θ)에 필요한 퍼지 제어기에 대한 입출력 소속함수들에 대한 매개변수들을 그림 1과 같이 정의한다.

한 개의 퍼지 소속함수는 중앙값, 왼쪽 너비값, 오른쪽 너비값의 3개의 매개변수로 구성되며<sup>5)</sup> 3개의 퍼지 제어기를 표현하는 유전 매개변수는 총 135개이다. 제안된 알고리즘에서 전체 개체군은 복수개의 독립된 부개체군(Niche)들의 모임으로 이루어진다.



(그림 4) 유전자의 구조  
(Fig. 1) The Structure of Gene

### 2.2 다중 돌연변이 연산자

다중 돌연변이는 일반적인 돌연변이(mutation: MU), 복사 돌연변이(copy mutation: CO), 교환 돌연변이(exchange mutation: EX)로 구성된다. 돌연변이(MU)는 식 1과 같이 유전자의 임의의 위치(i)에 돌연변이 범위(mutation range: MR)내에서 발생한 값을 더해준다. 복사 돌연변이는 식 2와 같이 유전자(gen1)에서 일부 유전 정보가 돌연변이를 일으킨 후 유전자(gen2)로 덮어쓴다. 교환 돌연변이는 식 3과 같이 유전자(gen1)과 유전자(gen2)에서 돌연변이를 일으킨 일부 유전 정보들이 교환된다. 식4는 진화에 의해 향상된 유전자가 발견 안된 경우 돌연변이의 범위를 크게 한다. α는 돌연변이의 기본 범위이며 β는 실패한 경우에 증가될 범위이다.

$$gen1[i] += rand(-MR, MR) \quad (1)$$

$$gen2[i] = gen1[i] + rand(-MR, MR) \quad (2)$$

$$\begin{aligned} gen1[i] &+= rand(-MR, MR) \\ gen2[i] &+= rand(-MR, MR) \\ gen1[i] &\Leftrightarrow gen2[i] \end{aligned} \quad (3)$$

$$MR += \alpha + \beta * change\_method(k) \quad (4)$$

### 2.3 Niche-Meta의 지역적 진화

지역적 탐색의 수행을 위해 각 개체군의 진화 결과에 따라 두 가지 상태로 평가되어 부개체군의 돌연변이 방법이 선택된다. 전 세대의 각각의 부개체군에서 가장 좋은 유전자보다 더 향상된 유전자가 존재한다면 성공적인 탐색(*Success Search*)으로 정의하고 그렇지 못한 경우 실패한 탐색(*Fail Search*)으로 정의한다. 같은 돌연변이 방법을 사용하여 실패한 탐색이 3회 이상 발생할 때마다 돌연변이 방법(*MU*, *CO*, *EX*)과 돌연변이율(*MU<sub>n</sub>*, *CO<sub>n</sub>*, *EX<sub>n</sub>*)은 한번씩 순환적으로 선택되며 성공적인 탐색이 계속된다면 돌연변이 방법(*MU*)과 돌연변이율(*MU<sub>n</sub>*)이 선택된다. 모든 돌연변이(*MU*, *CO*, *EX*)는 실패한 탐색이 계속되는 경우 식 1, 2, 3, 4에서 돌연변이 범위(*MR*)가 점점 증가한다.

```

Local_mutation_start
k = 0
do
  Check_advance_fitness(Niche(k))
  실패한 탐색인 경우 change_method(k)증가
  성공한 탐색인 경우 change_method(k)제로
  Switch(change_method(k))
  {
  Mutation(Niche(k).gen(1))  3회 미만인 경우
  Co_mutation(Niche(k).gen(2)) 6회 미만인 경우
  Ex_mutation(Niche(k).gen(3)) 9회 미만인 경우
  }
  while(k++ < Niche_total_num)
Local_mutation_end

```

돌연변이가 끝나면 가장 좋은 유전자와 나머

지 유전자들과 각 유전자의 교배율(*CR<sub>n</sub>*)에 따라서 교배가 이루어진다.

```

Local_crossover_start
k = 0
Do
  gen = best_gen(Niche(k))
  최고 적합도의 유전자를 검색
  i = 4 , CRn = Niche(k).gen(0)
  Do
  Crossover(gen , Niche(k).gen(i))
  CRn를 만족한 경우에 나머지 유전자와 교배
  While(i++ < gen_total_num && !gen)
  While(k++ < Niche_total_num)
Local_crossover_end

```

### 2.4 Niche-Meta의 전역적 진화

Niche-Meta 유전 알고리즘의 지역적 진화가 끝나면 각 세대의 모든 유전자를 검사하여 제일 적합도가 좋은 유전자가 그 세대를 대표한다. 각 세대의 가장 좋은 유전자를 제외한 나머지 유전자들의 구조 매개변수에 돌연변이를 일으킨 후 적합도가 가장 나쁜 세대를 재초기화시킨다. 가장 적합도가 좋은 세대(*N<sub>g</sub>*)와 두 번째로 적합도가 나쁜 세대(*N<sub>b</sub>*)를 선택하여 두 세대로부터 임의로 선택된 유전자들로 세대(*N<sub>b</sub>*)를 재생산한다.

```

Global_evaluation_start
t = 0
do
  Niche_mutation()
  Niche_crossover()
  Gen_status_check()  3가지 조건 검사

```

```

Niches_evaluation()  세대들의 적합도 계산
Global_meta_mutation()
유전 매개변수의 돌연변이
Global_meta_crossover()
가장 나쁜 세대 초기화, 나쁜 세대 재생산
Gen_status_check()   3가지 조건 검사
Niches_evaluation()  세대들의 적합도 계산
While( t++ < iteration )
Global_evaluation_end
    
```

### III. 모의 실험 및 검토

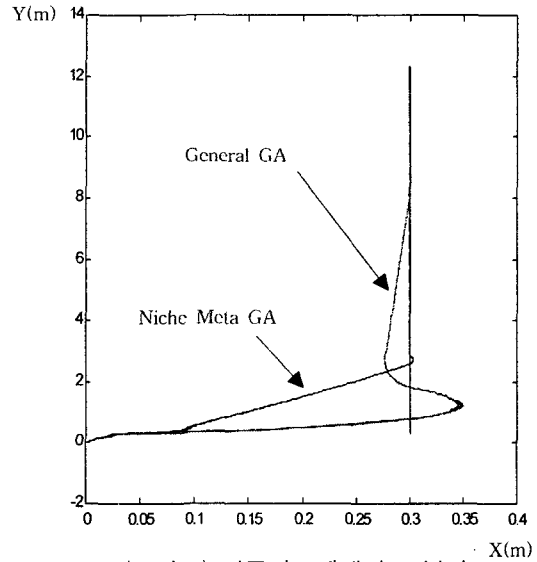
제안된 알고리즘을 2자유도 구륜 이동 로봇에 대하여 모의 실험을 수행하였다. 기구학 모델의 주요 매개변수가 표 1에서 보여지며 샘플링 시간( $t_s$ )은 0.05sec, 최고 속도는 0.3m/s, 전체 주행 시간은 60sec이다.

<표 1> 기구학 모델링의 매개변수

$i_a$ (m)	0.26	구동축의 1/2길이
$i_b$ (m)	0.26	제어점과 구동축의 길이
$R$ (m)	0.11	바퀴의 반경

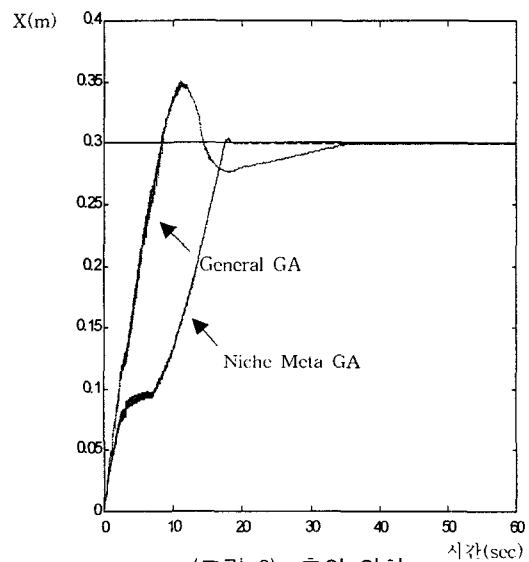
모의실험에 사용한 Niche-Meta 유전 알고리즘에서 부개체군(Niche)의 크기는 총 8개의 유전자로 구성되며 각 부개체군(Niches)의 수는 50개이다. 제안된 유전 알고리즘의 전역적 돌연변이율은 0.1이고 전역적 교배율은 0.3으로 설정하였다. 모의 실험에서 사용한 기준궤적의 초기 점은 ( $x=0.3m$ ,  $y=0.3m$ )이고 최종점은 ( $x=0.3m$ ,  $y=12.31m$ )이다. 제안한 알고리즘의 효용성을 증명하기 위해 400개의 유전자를 가진

개체군에 대해서 일반적인 진화 알고리즘을 적용하였으며 모의 실험의 결과가 그림 2부터 그림 5까지 보여진다.



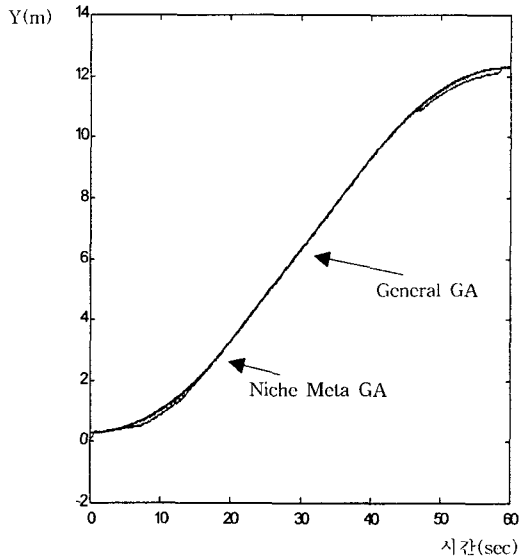
(그림 5) 기준좌표계에서 로봇의 이동궤적

(Fig. 2) Tracking trajectory

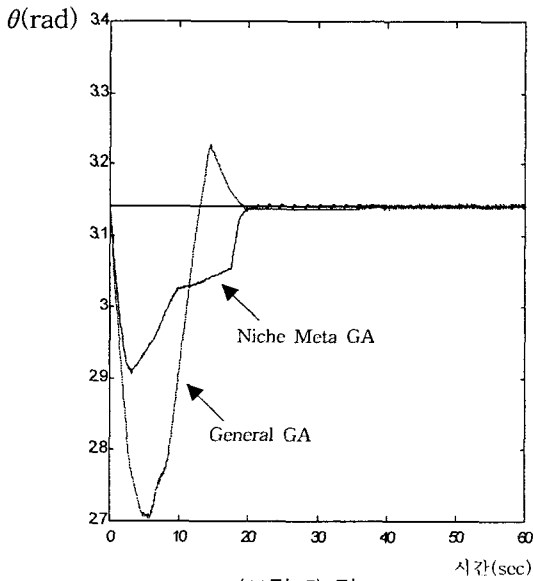


(그림 3) y축의 위치

(Fig. 3) Position of Y-direction



(그림 4) x 축의 위치  
(Fig. 4) Position of Y-direction



(그림 5) 각도  
(Fig. 5) Degree of Trajectory

#### IV. 결론

본 논문에서는 퍼지 시스템의 최적 소속함수를 얻기 위해 전역적 및 지역적 탐색을 동시에 수행하며 각 부개체군의 진화 과정에서 요구되는 교배율과 돌연변이율에 대한 최적의 탐색을 수행하는 알고리즘 및 지역적 수렴을 높이기 위한 변형된 다중 돌연변이 연산자를 각 Niche에 대하여 적용하였다. 그리고 모의 실험을 통한 결과는 제안된 알고리즘이 그 유효성을 가짐을 입증하였다. 향후 과제로서 진화과정에서 각 부개체군의 가변적 크기를 갖는 Niche Meta 유전 알고리즘의 연구되어야 할 것이다.

#### V. 참고문헌

- [1] Spyros Raptis and Spyros Tzafestas, "A Blueprint for a Genetic Meta-Algorithm", EUFIT '98, September 7-10, 1998.
- [2] Joao Pedro Pedroso, "Niche Search: an Application in Vehicle Routing", IEEE 1998.
- [3] Chin-chih Hsu, Shin-ichi Yamada, "A Multi-Operator Self-tuning Genetic Algorithm for Fuzzy Control Rule Optimization", IEEE 1996.
- [4] Henning Heider and Thorsten Drabe, "Fuzzy System Design with a Cascaded Genetic Algorithm", IEEE 1997.
- [5] Gregory V. Tan and Xiheng HU, "On Designing Fuzzy Controllers using Genetic Algorithms", IEEE 1996.

- 
- [6] Kevin M. Passino and Stephen Yurkovich, "Fuzzy Control", Addison Wesley, pp. 21-103.
  - [7] D. Driankov and M. Reinfrank, "An Introduction to fuzzy control", Springer 2nd Edition, pp 103-141.
  - [8] David E. Goldberg, "Genetic Algorithms in Search Optimization & Machine Learning", Addison Wesley, pp 60-88.
  - [9] Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs", Springer-Verlag, pp 95-172.

## Fuzzy Controller Design of 2 D.O.F of Wheeled Mobile Robot using Niche Meta Genetic Algorithm

Sung-Hoe Kim\* · Ki-Yeoul Kim\*\*

### Abstract

In this paper, I will propose the Niche-Meta Genetic Algorithm that has a multi-mutation operator for design of fuzzy controller. The gene in the proposed algorithm is formed by several parameters that represent the crossover rate, mutation rate and input-output membership functions. The optimization of fuzzy membership function is performed with local search on sub-population and the optimal structure is constructed with global search on total-population. The multi-mutation is selected under basis of the result of local evolution. A simulation for 2 D.O.F wheeled-mobile robot is showed to prove the efficiency of the proposed algorithm

---

\* Woory Technology-Center

\*\* Dep. of Computer Control, Bucheon College