

진화론적 데이터 입자에 기반한 퍼지 집합 기반 퍼지 추론 시스템의 최적화

Optimization of Fuzzy Set-based Fuzzy Inference Systems Based on Evolutionary Data Granulation

박건준*, 이동윤**, 오성권***
(Keon-Jun Park, Dong-Yoon Lee, Sung-Kwun Oh)

Abstract - We propose a new category of fuzzy set-based fuzzy inference systems based on data granulation related to fuzzy space division for each variables. Data granules are viewed as linked collections of objects(data, in particular) drawn together by the criteria of proximity, similarity, or functionality. Granulation of data with the aid of Hard C-Means(HCM) clustering algorithm help determine the initial parameters of fuzzy model such as the initial apexes of the membership functions and the initial values of polynomial functions being used in the premise and consequence part of the fuzzy rules. And the initial parameters are tuned effectively with the aid of the genetic algorithms(GAs) and the least square method. Numerical example is included to evaluate the performance of the proposed model.

Key Words : Data Granulation, Fuzzy Set, Fuzzy Inference Systems, HCM Clustering, Genetic Algorithms

1. 서론

많은 연구자들은 자연 현상을 이해하고, 그것을 이용하기 위해 연구가 이루어지고 있다. 그 중 1965년에 Zadeh[1]에 의해 창안된 "퍼지집합" 이론은 비선형적이고 복잡한 실 시스템의 특성을 해석하는데 적용함으로써 수학적 모델보다 좋은 결과를 가져왔다. 설계할 시스템의 성능 및 기능의 요구조건에 따라 퍼지 모델은 애매 모호한 언어적 변수를 수치적으로 표시할 수 있어서 융통성 있는 시스템 설계를 가능하게 하고 시스템의 기능을 향상시키며 설계를 간단하게 해주는 장점이 있다. 그러나 데이터 특성에 맞는 퍼지 모델을 구축하는데 있어서는 전문가와 시행착오에 의존해야 하는 어려움이 있어 동적으로 변화하는 환경에서 적응적으로 대처할 수 있는 퍼지 모델을 구축하기가 힘들다. 이러한 문제를 해결하기 위한 방법으로 정보 입자(Information Granulation:IG)[2,3]에 대한 연구가 행해지고 있다.

본 논문에서는 정보 입자의 특성에 맞는 퍼지 모델을 구축하기 위하여 데이터들간의 거리를 기준으로 근접한 정도를 측정하여 데이터를 특성별로 분류하는 HCM 클러스터링 알고리즘[4]을 이용하여 초기 멤버십 정점을 동정하고 유전자 알고리즘[5]을 이용하여 최적으로 동정한다. 멤버십 함수는 삼각형 형태를 이용하며 후반부 구조로는 구조 1(선형 퍼지 추론), 구조 2(회귀다항식 퍼지 추론:변형된 2차식)와 구조 3(회귀다항식 퍼지 추론:2차식)를 이용한다. 제안된 모델은 수치적인 데이터를 가지고 비교 평가된다.

2. 퍼지 모델

2.1 전반부 동정

퍼지 모델링에서 전반부 동정, 즉 구조 동정 및 파라미터 동정은 비선형 시스템을 표현하는데 있어서 매우 중요하다. 기존의 방법은 멤버십 함수를 입력 변수의 최소값과 최대값 사이에서 임의의 개수로 등분하여 일률적으로 정의하였으나 이는 데이터들이 가지고 있는 특성을 제대로 반영하지 못하는 단점이 있다. 그래서 전반부 파라미터 동정을 위해 HCM 클러스터링에 의해 초기 멤버십함수의 정점을 동정한다.

2.2 후반부 동정

입출력 데이터간의 중심값을 이용하여 전반부뿐만 아니라 후반부에도 입출력 데이터 관계의 특성을 고려한다. 후반부 다항식 함수에 입출력 데이터의 중심값을 적용하여 데이터 입자에 의한 퍼지 집합 기반 퍼지 모델을 구축한다.

i) 구조 1(선형 퍼지추론)

후반부가 일차 선형식을 가지며, 이와 같은 추론법을 선형 퍼지추론법이라 한다. 퍼지 모델은 식 (1)의 형태를 가지는 구

현 규칙들로 구성되고, 추론된 값 y_i^* 는 식(2)와 같다.

$$R^j: \text{If } x_k \text{ is } A_{jk} \tag{1}$$

$$\text{Then } y_j - M_j = a_0 + a_1(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj})$$

$$y_i^* = \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} y_j}{\sum_{j=1}^n w_{ji}} \tag{2}$$

$$= \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} (a_0 + a_1(x_{1i} - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_{ki} - v_{kj}) + M_j)}{\sum_{j=1}^n w_{ji}}$$

ii) 구조 2(회귀다항식 퍼지추론:변형된 2차식)

후반부가 일차 선형식 및 각 입력의 곱의 다항식 형태를

* 準會員 : 圓光大學 制御計測工學科 博士課程

** 正會員 : 中部大學 情報通信工學部 助教授 · 工博

*** 正會員 : 圓光大學 制御計測工學科 教授 · 工博

가지는 것으로, 이와 같은 추론법을 회귀다항식 추론법이라고 하고, 이 퍼지 모델은 식 (3)과 같이 구성된다.

R^i : If x_k is A_{jk} (3)

$$\text{Then } y_j - M_j = a_0 + a_{j1}(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj}) + a_{j(k+1)}(x_1 - v_{1j})(x_2 - v_{2j}) + \dots + a_{j(k+k(k-1)/2)}(x_{k-1} - v_{(k-1)j})(x_k - v_{kj})$$

회귀다항식 추론에 의해 추론된 값 y_j^* 는 다음과 같다.

$$y_j^* = \frac{\sum_{i=1}^n w_{ji} y_j}{\sum_{i=1}^n w_{ji}} \quad (4)$$

$$= \frac{\sum_{i=1}^n w_{ji} (a_0 + a_{j1}(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj}) + a_{j(k+1)}(x_1 - v_{1j})(x_2 - v_{2j}) + \dots + a_{j(k+k(k-1)/2)}(x_{k-1} - v_{(k-1)j})(x_k - v_{kj}) + M_j)}{\sum_{i=1}^n w_{ji}}$$

ii) 구조 3(회귀다항식 퍼지추론: 2차식)

후반부 구조가 다음과 같이 이차식의 다항식 형태를 가진 구형구적으로 형성된다.

R^i : If x_k is A_{jk} (5)

$$\text{Then } y_j - M_j = a_0 + a_{j1}(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj}) + a_{j(k+1)}(x_1 - v_{1j})^2 + \dots + a_{j(2k)}(x_k - v_{kj})^2 + a_{j(2k+1)}(x_1 - v_{1j})(x_2 - v_{2j}) + \dots + a_{j(k+2)(k+1)/2)}(x_{k-1} - v_{(k-1)j})(x_k - v_{kj})$$

추론된 값 y_j^* 는 다음과 같다.

$$y_j^* = \frac{\sum_{i=1}^n w_{ji} y_j}{\sum_{i=1}^n w_{ji}} \quad (6)$$

$$= \frac{\sum_{i=1}^n w_{ji} (a_0 + a_{j1}(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj}) + a_{j(k+1)}(x_1 - v_{1j})^2 + \dots + a_{j(2k)}(x_k - v_{kj})^2 + a_{j(2k+1)}(x_1 - v_{1j})(x_2 - v_{2j}) + \dots + a_{j(k+2)(k+1)/2)}(x_{k-1} - v_{(k-1)j})(x_k - v_{kj}) + M_j)}{\sum_{i=1}^n w_{ji}}$$

3. 퍼지 모델의 최적화

제안된 퍼지 추론 시스템의 최적 설계를 위해 HCM 클러스터링 알고리즘을 통해 데이터를 특성별로 분류하고, 분류된 클러스터들의 중심을 사용하여 초기 멤버십 파라미터를 동정한다. 그런 다음, 유전자 알고리즘을 사용하여 최적의 파라미터를 동정하게 된다.

3.1 HCM 클러스터링

본 논문에서는 데이터들간의 거리를 기준으로 근접한 정도를 측정하여 데이터를 특성별로 분류하는 HCM 클러스터링 알고리즘[4]을 이용하였다. HCM 클러스터링에 의한 데이터 분류는 다음과 같다.

[단계 1] 클러스터 개수 ($2 \leq c \leq n$)를 결정하고, 소속행렬 U를 초기화한다.

[단계 2] 각각의 클러스터에 대한 중심벡터를 구한다.

[단계 3] 각각의 클러스터 중심과 데이터와의 거리를 계산하여 새로운 소속행렬을 생성한다.

[단계 4] 만일 종료 조건을 만족한다면 종료하고, 그렇지 않으면 [단계 2]로 간다.

본 논문에서는 HCM 클러스터링 알고리즘을 이용하여 퍼지 모델의 전반부 초기 파라미터를 동정하고, 후반부 입력력 데이터의 중심값을 적용하여 퍼지 모델을 구축한다.

[단계 1] 클러스터링 알고리즘을 이용하여, 각 입력 데이터의 중심값을 구한다.

$$[x_1, y] \rightarrow [c_{1i}, m_{1i}], \dots, [x_k, y] \rightarrow [c_{ki}, m_{ki}] \quad (7)$$

[단계 2] 각각의 입력 변수에 대한 퍼지 공간을 구한다. 각각의 퍼지 공간이 퍼지 규칙을 형성하고, 단계 1에서 구한 중심값은 전반부 초기 멤버십 함수의 정점이 된다.

[단계 3] 각각의 퍼지 공간에 속한 입력력 데이터쌍 (x_1, \dots, x_k, y) 을 구하여 새로운 입력력 데이터의 중심값 (v_{ki}, M_j) 을 구한다. 이는 후반부 다항식 함수의 초기값이 된다.

$$[x_k, y] \rightarrow [v_{ki}^k, \dots, v_{ki}^k, M_j] \quad (8)$$

3.2 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 자연 선택과 유전학에 기반하여 하는 확률적인 탐색방문으로써 탐색과 해의 가능영역들을 균형 있게 이용하기 위하여 생산, 교배, 돌연변이의 과정을 수행하는 일관성 있는 탐색법으로 비선형 최적화 이론에 탁월한 성능을 발휘하고 있다[5]. 기존의 다른 탐색방법들과 달리 유전자 알고리즘은 해가 될 가능성이 있는 개체집단을 유지하면서 그들 모두가 동시에 최적값을 찾아가기 때문에 지역 극소에 빠질 위험을 어느 정도 해결할 수 있다는 점과 더불어 모델의 성능 지수가 최소가 되는 전역 극소 영역을 찾는 능력을 갖고 있으며, 또한 기존의 방법들과는 달리 선형, 연속, 미분가능 등의 제한이 없기 때문에 다양한 분야에 별다른 제한 없이 적용할 수 있다는 장점을 가진다는 것이 중요한 특징이다.

4. 실험 데이터를 통한 결과 고찰

제안된 모델의 적용 및 타당성을 평가하기 위해 식(9)와 같이 표현되는 2입력 1출력 비선형 함수를 이용한다.

$$y = (1 + x_1^{-2} + x_2^{-1.5})^2, \quad 1 \leq x_1, x_2 \leq 5 \quad (9)$$

비선형 특징을 가진 시스템 방정식으로부터 얻어진 50개의 입력력 데이터 쌍을 제안된 모델에 적용함으로써 모델의 타당성 및 정확도를 기존 모델과 비교 검토한다. 모델의 평가 기준인 성능지수는 MSE, 식 (10)을 이용한다.

$$PI = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (y_i - \hat{y}_i)^2 \quad (10)$$

표 1은 기존의 퍼지 모델에 유전자 알고리즘을 이용하여 동정한 성능지수를 보여주며 표 2는 제안된 퍼지 모델에 유전자 알고리즘을 이용하여 최적으로 파라미터를 동정한 성능지수를 보여준다. 표 1과 표 2를 비교해 보면 구조3의 경우 성능이 향상된 것을 볼 수 있다.

표 1. 기존 퍼지 모델의 성능지수

MFs	구조	PI	MFs	구조	PI
2+2	구조 1	0.02839	3+2	구조 1	0.01897
	구조 2	0.02857		구조 2	0.01577
	구조 3	0.01752		구조 3	0.01158
2+3	구조 1	0.02327	3+3	구조 1	0.01498
	구조 2	0.01788		구조 2	0.01670
	구조 3	0.00709		구조 3	0.00300
4+4	구조 1	0.01414	5+5	구조 1	0.01176
	구조 2	0.01228		구조 2	0.00286
	구조 3	0.00066		구조 3	0.00003

그림 1은 표 2에서 입력에 대한 멤버십 함수의 수가 각각 5개이고 구조 3의 경우에 대하여 최적으로 동정된 파라미터

를 보여준다. 그림 2는 표 1과 표 2에서 각각 멤버십 함수의 수가 5개이고 구조 3의 경우에 대한 최적화 탐색과정을 보여준다. 표 3은 기존의 퍼지모델과 제안된 퍼지 모델과의 동정 에러를 보여준다. 표에서 볼수 있듯이 기존의 퍼지 모델보다 좋은 성능을 보여주며 향상되었음을 알 수 있다.

표 2. 제안된 퍼지 모델의 성능지수

MFs	구조	PI	MFs	구조	PI
2+2	구조 1	0.03019	3+2	구조 1	0.02031
	구조 2	0.02857		구조 2	0.01868
	구조 3	0.00966		구조 3	0.00044
2+3	구조 1	0.02477	3+3	구조 1	0.01742
	구조 2	0.02229		구조 2	0.01666
	구조 3	0.00341		구조 3	0.00173
4+4	구조 1	0.01680	5+5	구조 1	0.01053
	구조 2	0.00473		구조 2	0.00320
	구조 3	0.00010		구조 3	1.040e-9

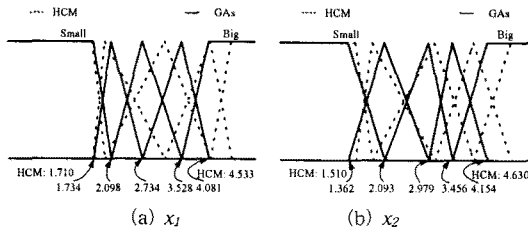


그림 1. 동정된 파라미터

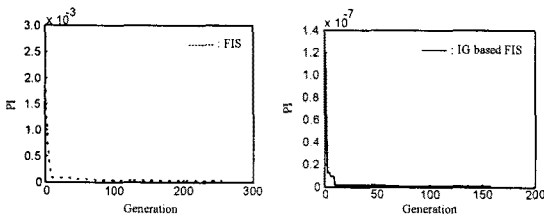


그림 2. 최적화 탐색과정

표 3. 기존 퍼지모델과 동정 에러 비교

Model	규칙수	PI
Sugeno and Yasukawa[6]	6	0.079
Gomez-Skarmeta et al.[7]	5	0.070
Kim et al.[8]	3	0.019
Kim et al.[9]	3	0.0089
Oh et al.[10]	Basic PNN	0.0212
	Modified PNN	0.0041
Park et al.[11]	BFPNN	0.0033
	MFPNN	0.0023
Our Model	8(4+4)	0.00010
	10(5+5)	1.040e-9

5. 결론

본 논문에서는 비선형 공정에 대해 체계적이고 효율적인 모델을 얻기 위하여 새로운 퍼지 지합 기반 퍼지 시스템의

최적구조를 제안하였다. 각 입력에 대해 퍼지 공간을 분할하여 퍼지 모델을 구축하였고, HCM 클러스터링 알고리즘에 의한 데이터 입자는 퍼지규칙의 전,후반부에 각각 사용될 멤버십함수의 초기 정점 및 다항식 함수의 초기값과 같은 그러한 퍼지모델의 초기 파라미터를 결정한다. 그리고 그 초기 파라미터는 유전자 알고리즘 및 표준최소자승법에 의해 효과적으로 동정된다. 결과적으로 제안된 퍼지 모델은 입출력 데이터의 특징을 모델에 반영하기 위해 클러스터링 알고리즘을 사용하여 퍼지 입력 공간을 정의하였고, 또한 후반부 다항식 함수에 의한 정보 입자 기반 구조 동정 및 파라미터 동정을 수행하였다. 제안된 모델은 데이터 입자를 이용함으로써 새로운 퍼지 모델을 설계할 수 있었다.

감사의 글

이 논문은 2004년도 학술진흥재단의 지원에 의하여 연구되었음(KRF-2004-002-D00257).

참고 문헌

- [1] L. A Zadeh, "Fuzzy sets," Inf. Control 8, pp.338-353, 1965.
- [2] ———, "Fuzzy logic = Computing with words," IEEE Trans. Fuzzy Syst., Vol. 4, No. 2, pp. 103-111, 1996.
- [3] W. Pedryca and G. Vukovich, "Granular neural networks," Neurocomputing, Vol. 36, pp. 205-224, 2001.
- [4] P. R. Krishnaiah and L. N. Kanal, editors. Classification, pattern recognition, and reduction of dimensionality, volume 2 of Handbook of Statistics. North-Holland, Amsterdam, 1982.
- [5] D. E. Goldberg, "Genetic Algorithm in search, Optimization & Machine Learning," Addison Wesley, 1989.
- [6] M. Sugeno and T. Yasukawa, "A Fuzzy-Logic-Based Approach to Qualitative Modeling," IEEE Trans. on Fuzzy systems, Vol. 1, No. 1, pp. 7-13, 1993.
- [7] A.-F. Gomez-Skarmeta, M. Delgado and M. A. Vila, "About the use of fuzzy clustering techniques for fuzzy model identification," Fuzzy Sets and Systems, Vol. 106, pp. 179-188, 1999.
- [8] E.-T. Kim, M.-K. Park, S.-H. Ji, M.-N. Park, "A new approach to fuzzy modeling," IEEE Trans. on Fuzzy systems, Vol. 5, No. 3, pp. 328-337, 1997.
- [9] E.-T. Kim, H.-J. Lee, M.-K. Park, M.-N. Park, "a simply identified Sugeno-type fuzzy model via double clustering," Information Sciences, Vol. 110, pp. 25-39, 1998.
- [10] S.-K. Oh, W. Pedrycz and B.-J. Park, "Polynomial Neural Networks Architecture: Analysis and Design," Computers and Electrical Engineering, Vol. 29, Issue 6, pp. 703-725, 2003.
- [11] B.-J. Park, W. Pedrycz and S.-K. Oh, "Fuzzy Polynomial Neural Networks: Hybrid Architectures of Fuzzy Modeling," IEEE Trans. on Fuzzy Systems, Vol. 10, No. 5, pp 607-621, Oct. 2002.