

적응형 계층적 공정 경쟁 유전자 알고리즘을 이용한 정보입자 기반 퍼지집합 퍼지모델의 최적화

Optimization of IG_based Fuzzy Set Fuzzy Model by Means of Adaptive Hierarchical Fair Competition-based Genetic Algorithms

최정내¹, 오성권²

^{1,2} 경기도 화성시 수원대학교 전기공학과
E-mail: ohsk@suwon.ac.kr

요 약

본 논문에서는 계층적 공정 경쟁 유전자 알고리즘을 통한 비선형시스템의 정보입자 기반 퍼지집합 퍼지집합 모델의 최적화 방법을 제안한다. 퍼지집합 모델은 주로 전문가의 경험에 기반을 두어 얻어지기 때문에 동정과 최적화 과정이 필요하며 GAs를 이용하여 퍼지모델을 최적화한 연구가 많이 있다. GAs는 전역 해를 찾을 수 있는 최적화 알고리즘으로 잘 알려져 있지만 조기수렴 문제를 포함하고 있다. 병렬유전자 알고리즘(PGA)은 조기수렴을 더디게 하고 전역 해를 찾기 위한 진화알고리즘이다.

적응형 계층적 공정 경쟁기반 유전자 알고리즘(AHFCGA)을 이용하여 퍼지모델의 입력변수, 멤버쉽함수의 수, 멤버쉽함수의 정점 등의 전반부 구조와 파라미터를 동정하였고, LSE를 사용하여 후반부 파라미터를 동정하였으며 실험적 예제를 통하여 제안된 방법의 성능을 평가한다.

Key Words : Fuzzy Set-based Fuzzy Model, Information Granulation(IG), Hard C-Means(HCM), Genetic Algorithms(GAs), Adaptive Hierarchical Fair Competition Genetic Algorithms (AHFCGA)

1. 서 론

1965년 Zadeh[1]에 의해 창안된 “퍼지집합” 이론을 계기로 하여 비선형적이고 다변수인 시스템을 대상으로 한 퍼지 모델링 기법의 유용성은 이미 잘 알려져 있으며 이들은 퍼지추론 시스템에 기초하고 있다. 퍼지모델의 성능은 퍼지규칙의 구성 방법에 의존하며 보다 좋은 성능을 위해서는 퍼지규칙의 동정이 필연적이다. 1980년대 초에 언어적 접근 방식과 퍼지관계식에 기초한 접근 방식이 제안되었다. 후반부에 선형식을 사용하는 Sugeno-Takagi 모델은 정교한 규칙 기반 모델의 초석이 되었으며, 콤플렉스법과 최소자승법에 의해 동정하는 방법이 제안되었다[2].

Pedrycz 와 Oh는 진보된 퍼지모델들을 제안하고, 유전자 알고리즘을 이용하여 구조와 전반부 파라미터를 최적화 하는 방법을 제시하였다[3-6]. 많은 연구에도 불구하고 퍼지모델의 동정에 관한 문제는 여전히 큰 관심 대상으로 남아있다.

본 논문은 퍼지집합 퍼지모델의 최적화에 중점을 두었으며, 최적화를 위해서 적응형 계

층적 공정 경쟁 기반 병렬유전자 알고리즘(AHFCGA)을 개발하고 적용하였다. 일반적으로 유전자 알고리즘은 전역해를 찾을 수 있는 최적화 알고리즘으로 잘 알려져 있으며, 많은 응용에 성공적으로 사용되고 있다. 그렇지만 탐색공간이 크거나, 파라미터 수가 많은 경우 세대가 증가해도 더 좋은 최적해를 찾지 못하고 지역해에 빠지는 조기수렴 문제를 내재하고 있다.

조기 수렴을 억제하고 전역해를 찾기 위한 해결방안으로써 병렬유전자 알고리즘이 개발되었으며[6], 특히 병렬유전자 알고리즘의 한 구조인 적응형 계층적 정당 경쟁 구조는 큰 탐색공간을 갖는 문제에 효과적이다[7].

퍼지모델의 설계는 구조와 파라미터의 최적화 두 부분으로 수행된다. 먼저 AHFCGA에 기반을 두어 퍼지집합 기반 모델의 입출력변수, 입출력 변수에 대한 멤버쉽함수의 수, 후반부의 구조 등을 선택 및 멤버쉽함수의 초기정점이 구해지며, 파라미터 최적화에서는 최소자승법에 의하여 후반부 파라미터와 AHFCGA에 의하여 전반부 파라미터가 최적화된다.

2. 정보 입자 기반 퍼지모델

2.1 정보 입자

정보 입자[1, 2]는 근접성, 유사성 또는 기능성의 기준에 의해 서로 결합된 물체(특히, 데이터 점)의 연결된 모임으로 간주된다. 정보 입자화는 어떤 문제를 쉽게 이해하기 위해 수행되는 인간의 고유 활동이며, 특히, 어떤 문제를 다루기 쉬운 몇 개의 큰 덩어리로 나누는 것을 목적으로 한다. 이러한 방법으로 이 문제들은 기존보다 더 적은 계산적인 복잡성을 위해 잘 정의된 하위문제(모듈)들로 분할된다. 정보 입자는 클러스터링, Granular Computing 및 진화컴퓨팅의 융합, 결합 및 확장을 통해 데이터의 전처리, 지능모델의 초기 구조 또는 파라미터를 결정함으로써 정보 데이터의 특성을 효과적으로 반영하게 된다. 본 논문에서는 데이터들 간의 거리를 기준으로 근접한 정도를 측정하여 데이터를 특성별로 분류하는 HCM 클러스터링 알고리즘[3]을 이용한다. 본 논문에서는 HCM 클러스터링을 통해 입출력 데이터의 중심값을 이용하여 퍼지모델의 전반부 멤버쉽함수의 초기 정점을 동정하고, 후반부 입출력 데이터의 중심값을 적용하여 정보 입자 기반 퍼지모델을 구축한다.

2.2 전반부 동정

퍼지 모델링에서 전반부 동정, 즉 구조 동정 및 파라미터 동정은 비선형 시스템을 표현하는데 있어서 매우 중요하다. 기존의 방법은 멤버쉽함수를 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 멤버쉽함수의 정점을 동정한다.

HCM 클러스터링을 통한 정보 입자에 의한 전반부 동정은 다음과 같다.

전체 데이터 집합 $U = \{x_1, x_2, \dots, x_l; y\}$ 이고, 여기서 $x_k = [x_{1k}, \dots, x_{mk}]^T$, $y = [y_1, \dots, y_m]^T$, l 은 변수의 수 그리고 m 은 데이터의 수로 가정한다.

[단계 1] 전체 데이터 집합 U 를 각각의 입력 데이터와 출력 데이터의 데이터 집합 X_k 로 배열한다.

$$X_k = \{x_k; y\} \quad (1)$$

여기서, X_k 는 k 번째 입력 데이터와 출력 데이터의 데이터 집합이고, $k=1, 2, \dots, l$ 이다.

[단계 2] 데이터 집합 X_k 로부터 중심 벡터 v_{kg} 를 구하기 위해 HCM 클러스터링을 시행한다.

[단계 2-1] 데이터 집합 X_k 를 c 개의 클러스터(정보 입자)로 분류한다.

[단계 2-2] 각 클러스터의 중심 벡터 v_{kg} 를 계산한다.

$$v_{kg} = \{u_{k1}, u_{k1}, \dots, u_{kc}\} \quad (2)$$

[단계 3] 중심 벡터 v_{kg} 로 해당하는 입력의 개별적인 퍼지 공간을 분할하고 각 클러스터에 Small, Big과 같은 언어적 변수를 할당한다.

[단계 4] 중심 벡터 v_{kg} 를 멤버쉽함수의 초기 정점으로 설정한다.

2.3 후반부 동정

퍼지 모델의 후반부 동정도 전반부와 마찬가지로 구조 동정과 파라미터 동정으로 나뉘어진다. 정보 입자에 따른 다항식 함수의 초기값을 가지고 구조를 동정한다.

[단계 1] j 번째 규칙의 퍼지 공간에 속한 데이터 집합을 찾는다.

[단계 2] 각 규칙에서 산술 평균에 의한 데이터 집합의 중심 벡터 V_j 를 계산한다.

$$V_j = \{V_{1j}, V_{2j}, \dots, V_{kj}; M_j\} \quad (3)$$

여기서, $j=1, 2, \dots, n$. V_{kj} 와 M_j 는 각각 입력 데이터와 출력 데이터의 중심값이다.

[단계 3] 중심 벡터 V_j 를 후반부 다항식 함수의 초기값으로 설정한다.

정보입자를 기반으로 퍼지집합 모델은 후반부 다항식의 형태에 따라 다음처럼 4가지가 있다.

$$R^j: \text{If } x_1 \text{ is } A_{1j} \text{ and } x_2 \text{ is } A_{2j} \text{ then } y_j = M_j = f_j(x_1, \dots, x_k)$$

Typ 1 : 간략식

$$f_j(x_1, \dots, x_k) = a_{j0} \quad (4)$$

Type 2 : 선형식

$$f_j(x_1, \dots, x_k) = a_{j0} + a_{j1}(x_1 - V_{j1}) + \dots + a_{jk}(x_k - V_{jk}) \quad (5)$$

Type 3 : 2차식

$$f_j(x_1, \dots, x_k) = a_{j0} + a_{j1}(x_1 - V_{j1}) + \dots + a_{jk}(x_k - V_{jk}) + a_{j(k+1)}(x_1 - V_{j1})^2 + \dots + a_{j(2k)}(x_k - V_{jk})^2 \quad (6)$$

Type 4 : 변형된 2차식

$$f_j(x_1, \dots, x_k) = a_{j0} + a_{j1}(x_1 - V_{j1}) + \dots + a_{jk}(x_k - V_{jk}) + a_{j(k+1)}(x_1 - V_{j1})^2 + \dots + a_{j(2k)}(x_k - V_{jk})^2 + a_{j(2k+1)}(x_1 - V_{j1})(x_2 - V_{j2}) + \dots + a_{j(k+2)(k+1)/2}(x_{k-1} - V_{j(k-1)})(x_k - V_{jk}) \quad (7)$$

3. AHFCGA 기반 퍼지모델의 최적화

GAs는 많은 분야에 효과적으로 사용되고 있지만 복잡한 최적해 탐색 문제에 대해서는 세대가 증가해도 최적해를 찾지 못하고 지역해에 수렴하는 조기수렴 문제가 발생하게 되며, 이것은 진화 알고리즘에서 해결해야 할 문제이다. 조기수렴 문제를 해결하기 위한 방법으로 여러 개의 집단을 사용하여 집단간의 개체가 이주하는 구조를 갖는 병렬유전자 알고리즘

이 있으며, 그중에서도 계층적 경쟁 방법 (Hierarchical Fair Competition ; HFC)을 도입한 AHFCGA가 있다. 이 방법은 사회적 교육 시스템에서 동등 수준을 가진 그룹으로 나누어 학습에 대한 경쟁을 하며, 우수한 인재를 상위 그룹으로 진급하는 체계를 병렬 유전자 알고리즘에 적용한 것으로써, 유전자 알고리즘의 수행과정에서 각 개체들을 적합도별로 나누어 경쟁을 시킴으로써 공평한 경쟁을 통해 처음 생성된 낮은 수준의 개체가 개선될 기회도 없이 탈락하는 경우를 방지한다. 왜냐하면 돌연변이 연산 등에 의해 처음 임의로 생성된 개체가 상당세대를 통해 진화된 높은 수준의 개체와 유사한 성능을 갖기는 매우 희박하기 때문이다. 낮은 수준의 개체도 다음 세대에서 높은 성능을 갖는 개체로 진화하면, 그 수준에 맞는 집단으로 바로 이동할 수 있다. 이와 같은 원리를 통해서 항상 아래 수준의 집단으로부터 높은 수준의 개체가 올라올 수 있는 통로를 만들어 놓음으로써, 조기 수렴을 최대로 방지할 수 있다.

AHFCGA는 여러 개의 집단이 계층적으로 구성되어있으며, 각 집단은 특정 범위의 적합도를 갖는 개체들로 구성되어 있으며, 하위수준의 집단으로부터 개체의 진입을 위한 문턱적합도를 갖고 있다. 여기서 문턱값의 결정은 많은 시행착오를 통해야 하며, 최적화 문제에 따라 결정하기가 매우 어렵다. AHFCGA는 세대가 증가하면서 통계적 계산을 통하여 문턱값을 변화 시켜준다.

각 집단을 독립적으로 진화하게 되며 진화과정 중 우수한 개체는 자기 수준에 맞는 상위 집단으로 이주하게 된다. 그림 1은 AHFCGA에서 집단의 계층적 구조를 보여주며 화살표는 개체들의 이동 가능한 방향을 의미한다. 가장 열등한 집단(Access deme)의 개체는 모든 상위집단으로 이동할 수 있으며, 가장 우수한 집단(Elite deme)은 단지 다른 집단으로부터 개체를 받을 수 만 있다.

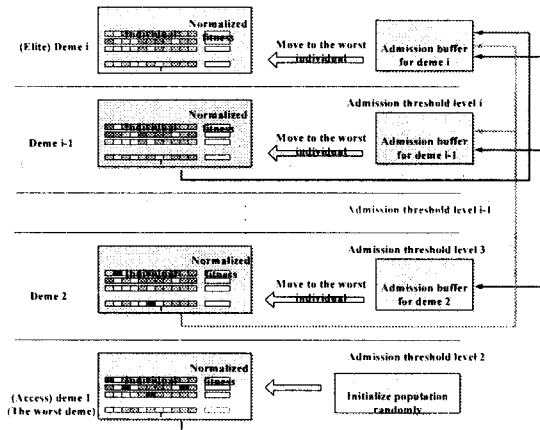


그림 1. AHFCGA의 이주 구조

본 논문에서 사용된 AHFCGA는 실수형 GAs를 기반으로 했으며, 각각 집단에서 선형 순위기반 선택, 수정된 단순교배, 균일 돌연변이 알고리즘을 사용하였다.

퍼지모델의 최적화를 위해서 구조 동정에서는 입력변수의 수, 사용될 입력의 선택, 선택된 입력변수에 대한 멤버쉽함수의 수 그리고 후반부 추론방식의 탐색에 사용되었으며, 전반부 파라미터 동정에서 멤버쉽함수의 정점의 최적화에 사용되었다. 그림 2에 염색체의 구성을 보인다.

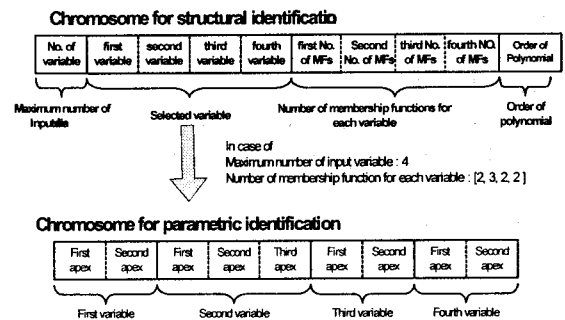


그림 2. AHFCGA에서 염색체의 구성

4. 시뮬레이션

시뮬레이션 예로써 (8)처럼 Sugeno가 사용한 비선형 시스템을 고려한다.

$$y = (1 + x_1^2 + x_2^{1.5})^2, 1 \leq x_1, x_2 \leq 5 \quad (8)$$

퍼지모델을 구하기 위해 Sugeno가 사용한 50개의 입출력 데이터가 이용되었다.

본 연구에서는 50개의 데이터 중 30개를 모델을 동조하기위한 Training 데이터로 사용하였고, 나머지 20개를 모델을 평가하기위한 Testing 데이터로 사용하였다. 또한 AHFCGA의 성능비교 대상으로 한 개의 집단을 갖는 실수코딩 유전자 알고리즘(rGA)을 사용하였다.

먼저 구조 동정으로부터 사용될 변수는 x_1, x_2 모두 사용하고 각 변수에 대한 멤버쉽함수의 수는 4, 2개로 선택되었고, 후반부 다항식은 선형식(Type 2)이 선택되었다.

표1에서는 rGA와 AHFCGA에서 설정된 진화 알고리즘의 파라미터를 보인다.

	rGA	AHFCGA
세대수	300	300
집단수	1	5
집단크기	100	20×5
교배율	0.65	0.65
돌연변이율	0.1	0.1

표 2에서는 파라미터 최적화후 모델의 성능지수를 보인다. 성능지수로 Mean Square Error (MSE)를 사용하였다. 그림 3에서는 파라미터

동조과정에서 rGA와 AHFCGA의 세대에 따른 목적함수의 수렴과정을 보인다. AHFCGA가 rGA보다 저 좋은 성능을 보임을 알 수 있다.

표 2. HFCGA와 rGA와 성능지수비교

진화알고리즘	PI	EPI
rGA	5.7615E-4	0.001329
HFCGA	4.1507E-4	0.001335

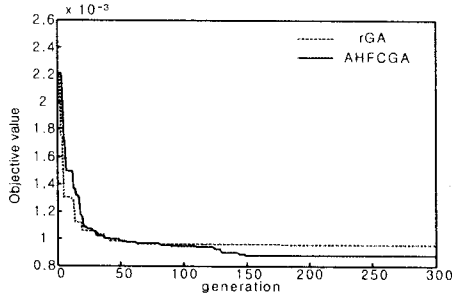
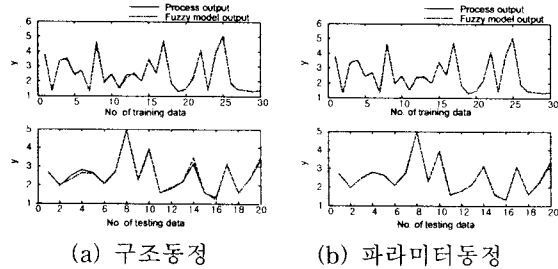
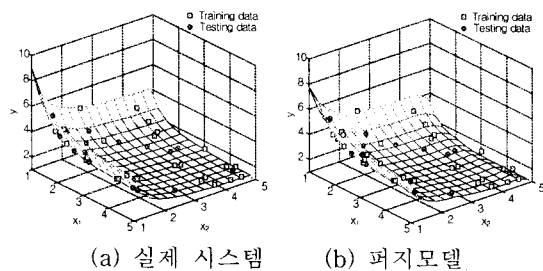


그림 3. 진화알고리즘에서 수렴곡선

그림4에서는 구조동정 후에 실제데이터와 모델출력데이터와 파라미터 동정 후 출력을 비교한다. 구조동정만 했을 경우에는 Testing 데이터에 대하여 오차가 비교적 많이 발생하지만 파라미터 최적화를 통하여 오차를 더욱더 줄일 수가 있다. 그림5에서는 실제 시스템의 입출력 평면과 퍼지모델의 입출력 평면을 보인다. 구해진 퍼지모델은 실제모델과 거의 유사한 형태를 갖게 된다.



(a) 구조동정 (b) 파라미터동정
그림 4. 실제데이터와 퍼지모델의 비교



(a) 실제 시스템 (b) 퍼지모델
그림 5. 실제 시스템과 퍼지모델의 입출력평면

5. 결론

본 논문에서는 비선형 공정에 대해 체계적이고 효율적인 모델을 얻기 위하여 새로운 최적화 알고리즘인 AHFCGA를 적용하였다. 먼저 구조 동정에서는 HCM에 의한 초기 정점에 대하여 입력변수의 수, 입력변수의 선택, 선택된 입력변수에 대한 멤버쉽함수의 수, 후반부

구조의 선택에 적용되었고, 선택된 구조에 대하여 멤버쉽함수의 정점을 최적화 하는 전반부 파라미터 동정의 두 부분에 AHFCGA가 적용되었다. 제안된 방법은 기존의 단순 유전자 알고리즘을 사용하는 방법보다 우수한 성능을 보인다.

감사의 글

이 논문은 2006년도 교육인적자원부의 재원으로 한국과학기술진흥재단의 지원을 받아 수행된 연구임 (KRF-2006-311-D00194)

참 고 문 헌

[1] L. A Zadeh, "Fuzzy sets," *Inf. Control* 8, pp.338-353, 1965.
 [2] T. Tagaki and M. sugeno, "Fuzzy identification of system and its applications to modeling and control", *IEEE Trans. Syst. Cybern.*, Vol. SMC-15, No. 1, pp. 116-132, 1985
 [3] W. Pderycya 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] S.-K. Oh and W. Pedrycz, "Identification of Fuzzy Systems by means of an Auto-Tuning Algorithm and Its Application to Nonlinear Systems," *Fuzzy Sets and Syst.*, Vol. 115, No. 2, pp. 205-230, 2000.
 [6] Lin, S.C., Goodman, E., Punch, W.: *Coarse-Grain Parallel Genetic Algorithms: Categorization and New Approach*. IEEE Conf. on Parallel and Distrib. Processing. Nov. (1994)
 [7] Hu, J.J., Goodman, E.: *The Hierarchical Fair Competition (HFC) Model for Parallel Evolutionary Algorithms*. Proceedings of the 2002 Congress on Evolutionary Computation: CEC2002. IEEE. Honolulu. Hawaii. (2002)
 [8] L. X. Wang, J. M. Mendel, "Generating fuzzy rules from numerical data with applications," *IEEE Trans. Systems, Man, Cybern.*, Vol. 22, No. 6, pp. 1414-1427, 1992.
 [9] J. S. R. Jang, "ANFIS: Adaptive-Network-Based Fuzzy Inference System," *IEEE Trans. System, Man, and Cybern.*, Vol. 23, No. 3, pp. 665-685, 1993.