

Fuzzy Model Identification using a mGA Hybrid Schemes

周永君* · 李演禹** · 朴珍培***

(Young-Hoon Joo · Yeun-Woo Lee · Jin-Bae Park)

Abstract - This paper presents a systematic approach to the input-output data-based fuzzy modeling for the complex and uncertain nonlinear systems, in which the conventional mathematical models may fail to give the satisfying results. To do this, we propose a new method that can yield a successful fuzzy model using a mGA hybrid schemes with a fine-tuning method. We also propose a new coding method of chromosome for applying the mGA to the structure and parameter identifications of fuzzy model simultaneously. During mGA search, multi-purpose fitness function with a penalty process is proposed and adapted to guarantee the accurate and valid fuzzy modes. This coding scheme can effectively represent the zero-order Takagi-Sugeno fuzzy model. The proposed mGA hybrid schemes can coarsely optimizes the structure and the parameters of the fuzzy inference system, and then fine tune the identified fuzzy model by using the gradient descent method. In order to demonstrate the superiority and efficiency of the proposed scheme, we finally show its application to two nonlinear systems.

Key Words : Fuzzy inference system, Genetic algorithm, messy GA, TS fuzzy model, Gradient descent method

1. 서 론

복잡하고 불확실한 비선형 시스템을 수학적으로 모델링하는 경우에는 비선형성의 고차의 모델을 이용하거나 모델 근사화 방법들을 이용한다 하더라도 만족할 만한 모델을 얻기 어렵다. 이러한 시스템을 다루기 위해 if-then 규칙 형식으로 표현되는 퍼지 모델링 기법이 활발히 연구되어 왔다 [1-8].

Zadeh [9]에 의해 최초로 도입된 퍼지 논리 개념은 각계에서 새로운 가능성을 보여 주었다. Tong [10]은 퍼지 논리를 바탕으로 시스템을 묘사하는 퍼지 모델링 기법을 제안하여 복잡한 비선형 시스템의 모델링에 새로운 접근 방법을 제시하였다. Sugeno [1]은 비선형 시스템의 입력력 데이터만으로 시스템의 정성적 모델 (qualitative model)을 구하는 방법과 결론부를 선형식으로 대치하는 퍼지 모델의 동정 방법을 제안하였다. 상기 연구에서 알 수 있듯이 퍼지 모델링 방법의 주관심사는 전문가적 경험을 이용하여 미지의 시스템을 퍼지 규칙으로 정확히 묘사하는 데 있다. 최근에는 전역 최적화 탐색 기법인 유전 알고리즘을 이용한 새로운 퍼지 모델링 방법이 제시되어 많은 연구가 진행되고 있다. Joo

[4-6]는 퍼지 모델의 구조 동정에 클러스터링 방법을 이용하고, 퍼지 규칙을 구성하고 있는 파라메터들은 유전 알고리즘을 이용하여 동정하는 방법을 제안하였으며, Shimojima [7]는 유전 알고리즘을 이용하여 계층적 구조를 갖는 퍼지 모델링 방법을 제안하였다.

유전 알고리즘은 생물학적 유전학과 자연 선택을 바탕으로 한 탐색 알고리즘이다. 기존의 유전 알고리즘은 문제의 최적화 해의 공간을 고정된 길이와 고정된 위치의 스트링으로 암호화한다. 이렇게 스트링으로 암호화된 개체(individual)는 적합한 정도를 평가하는 적합도 함수를 계산하는데 쉬운 장점이 있다. 즉, 최적화 하고자 하는 파라메터들을 염색체로 표현하고, 적합도가 높은 유전자를 추출하여 교배와 돌연변이 등을 통해 새로운 염색체를 생성해낸다. 이와 같이 만들어진 염색체는 세대를 거치면서 최적화가 이루어지게 된다. 이와 같이 기존의 유전 알고리즘에서는 암호화된 고정된 길이의 염색체에서 적합한 대립 유전자(allele)가 전역 최적해에 수렴하도록 하여 얻어진다. 그러나, 암호화 할 문제에 대한 해의 구조를 정확히 알지 못하므로 암호화된 스트링을 무작위로 발생시켜서 적합한 연계(linkage)를 얻기 어렵다는 단점을 가지고 있다. 여기서, 빈약한 연계는 유전 알고리즘에 의한 빌딩 블록이 붕괴될 확률이 매우 높아지는 것을 의미한다. 역위 (inverse)나 재배열 (reordering) 방법이 유전 인자의 순서를 탐색하는데 사용될 수 있을 지라도 시간적으로 느려서 유용하게 사용되지 못한다. 이러한 단점을 보완하기 위하여 최근에 메시 유전 알고리즘이 제안되었다. 메시 유전 알고리즘(messy genetic

* 正會員 : 群山大工大 電子情報工學部 助教授 · 工博
** 準會員 : 群山大工大 電氣電子制御工學科 博士課程
*** 正會員 : 延世大工大 電氣컴퓨터工學科 副教授 · 工博
接受日字 : 2000년 11월 23일
最終完了 : 2000년 7월 4일

algorithms, mGA)는 1989년 Goldberg [11, 12]에 의해 제시된 방법으로 Illinois대학의 Goldberg 등을 중심으로 발전되어 왔다. 이를 이용하여 Kargupta [13]는 유전자 표현 메시 유전 알고리즘(gene expression messy genetic algorithm, GEMGA)을 제안하여 블랙박스 최적화 문제(black box optimization, BBO)에 적용하였으며, Hoffmann [14]은 메시 유전 알고리즘을 계층적 퍼지 추론 시스템의 규칙을 최적화하는데 적용하여 이동 로봇의 최적 경로를 찾는데 적용하였다. 또한, Chowdhury [15]는 메시 유전 알고리즘을 사용하여 도립 진자를 제어하여 정상 상태 오차가 존재하지 않도록 하는데 성공하였다. 이와같이, 메시 유전 알고리즘은 개체를 표현하는데 가변 길이 스트링을 사용하므로 유동적인 암호화 표현이 가능하고 이는 구조적인 퍼지 규칙을 최적화하는데 이용한 다수의 연구 결과가 있다 [14, 16]. 그러나, 상기 논문에서 제안한 퍼지 모델링 방법은 단지 퍼지 규칙을 구성하고 있는 소속함수의 파라메터의 동정에만 국한하였다. 따라서, 퍼지 규칙의 구조와 파라미터를 동시에 동정 가능한 방법의 개발이 요구된다.

본 논문에서는 메시 유전 알고리즘과 경사법(gradient descent method)을 혼합한 퍼지 모델의 자동 동정 알고리즘을 제안한다. 본 논문에서 제안한 방법은 퍼지 추론 시스템의 규칙의 최적화 뿐만 아니라, 소속함수의 파라메터를 동시에 동정하고, 그 동정된 모델을 경사법을 이용하여 파라메터의 미세 동조를 하는 방법을 제안한다. 이를 위해, 새로운 유전 염색체를 제안한다. 또한, 비선형 시스템의 퍼지 모델링시에 규칙의 수와 모델의 정확성을 고려한 다목적 적합도 함수를 제안한다. 마지막으로, 제안한 퍼지 모델링 방법의 효율성 및 타당성을 증명하기 위하여 복잡한 비선형 시스템과 Mackey-Glass 혼돈 시계열 시스템의 예제를 통하여 그 우수성을 입증한다.

2. mGA에 의한 퍼지 모델 동정

2.1 퍼지 모델

본 논문에서는 동정될 모델로 Takagi-Sugeno(TS) 퍼지 모델을 사용하였다. TS 퍼지 모델은 규칙의 출력이 실수치로 나타나며, 사용된 TS 퍼지 모델의 i 번째 규칙은 식 (1)과 같다.

$$\begin{aligned} \text{Plant Rule } i : & \text{ IF } x_1(t) \text{ is } \Lambda_1^i \text{ and } x_n(t) \text{ is } \Lambda_n^i, \\ & \text{ THEN } y \text{ is } \omega_i \quad (i=1, 2, \dots, r) \end{aligned} \quad (1)$$

여기서, Rule i 는 i 번째 퍼지 규칙을 나타내며, Λ_j^i ($j=1, 2, \dots, n$)는 퍼지 집합, $x_j(t)$ ($j=1, 2, \dots, n$)는 입력변수, y 는 출력변수, ω_i 는 퍼지 성글론으로 실수이며, r 은 규칙들의 총 개수이다. 사용된 소속함수는 그림 1에 도시되어 있으며 전제부의 부등변 삼각형 소속함수는 식 (2)로 표현된다.

$$\Lambda_j^i(x_j; a_{ij}, b_{ij}, c_{ij}) = \begin{cases} \frac{x_j - a_{ij}}{b_{ij} - a_{ij}} & a_{ij} \leq x_j \leq b_{ij} \\ \frac{c_{ij} - x_j}{b_{ij} - a_{ij}} & b_{ij} \leq x_j \leq c_{ij} \\ 0 & x_j > c_{ij} \text{ or } x_j < a_{ij} \end{cases} \quad (2)$$

여기서, a_{ij} 는 원쪽 꼭지점, b_{ij} 는 중심, 그리고 c_{ij} 는 오른쪽 꼭지점이며, 입력에 대한 i 번째 규칙의 적합도 μ_i 는 식 (3)과 같다.

$$\mu_i(x(t)) = \prod_{j=1}^n \Lambda_j^i(x_j(t)) \quad (3)$$

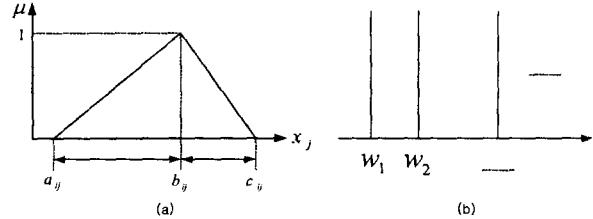


그림 1 (a) 전반부 소속함수, (b) 후반부 소속함수

Fig. 1 Membership function

또한, 출력값을 구하는 비퍼지화 방법은 무게 중심법으로 구하여 식 (4)로 표현된다.

$$y^* = \frac{\sum_{i=1}^r \mu_i(x(t)) \omega_i}{\sum_{i=1}^r \mu_i(x(t))} \quad (4)$$

여기서, $\Lambda_j^i(x_j(t))$ 는 Λ_j^i 에 대한 $x_j(t)$ 의 소속 정도이다.

퍼지 모델링은 구조의 동정과 파라미터 동정의 두 가지로 나누어 생각할 수 있다. 즉, 구조의 동정에서는 규칙수의 최소화와 퍼지 추론 시스템 구조의 최소화를 위한 것이고, 파라미터 동정은 입력 변수들과 입력 공간 내의 몇몇 퍼지 부분공간 분할의 선택에 따라 멤버쉽 함수의 파라미터들을 동정하는 것이다. 본 논문의 목적은 시스템의 입출력 데이터를 사용하여 퍼지 모델을 구하는 것으로 구조 동정과 파라미터 동정을 동시에 최적화 하는 방법을 제안하는 것이다.

2.2 메시 유전 알고리즘의 개요

기존에 많이 이용되는 유전알고리즘은 자연 선택을 통한 적자생존이라는 진화의 원리를 이용하여 확률적인 방법으로 최적해를 찾아가는 최적화 기법중의 하나이다. 최적공간의 해들은 고정된 길이, 고정된 위치에 맞게 스트링을 암호화한다. 여기에서 각각의 가능한 해를 하나의 개체(individual)로 본다. 이 개체는 보통 하나 또는 여러 개의 염색체로 구성되며, 이 개체들의 집합을 개체군(population)이라 한다. 각 개체들은 몇 가지 연산자에 의해 변형되는데 이 연산자들을 유전 연산자라 하며, 재생 연산자, 교차 연산자, 돌연변이 연산자가 있다. 기존의 유전 알고리즘은 많은 국소 최적해를 갖는 비선형 시스템에서의 전체 최적해를 구하는 문제에 많이 사용되었다. 그러나, 풀고자하는 해의 집합인 염색체는 세대가 바뀌어도 고정된 길이를 갖는 단점을 갖는다. 따라서, 이러한 단점을 보완하기 위해 본 논문에서는 가변 스트링을 갖는 mGA를 사용하여 퍼지 모델링의 방법을 제안한다. mGA는 탐색 과정 중 다루기 어려운 빌딩 블록과 스키마 이론에 관련된 최적화 방법을 이용한 형태에 의해 서로 결합하는 장점이 있다고 알려져 있다 [13]. 그림 2는 mGA의 진화시에 나누어지는 개체군의 모양을 보여 준다. 그림

그림 2에서와 같이 mGA의 개체군은 원시상(primordial phase)과 병치상(juxtapositional phase)의 두 개의 상으로 이루어진다. 원시상에서는 선택 연산자를 사용하여 개체군의 많은 후보 스트링 중에서 진화시킬 개체를 선별하기만 한다. 즉, 이 단계에서는 진화를 하지 않고 선택 과정만 반복하므로 개체군의 크기는 선택 연산과 동시에 감소하게 된다. 이것은 일정한 세대를 거친 후에는 개체군의 크기는 고정된다. 병치상에서는 보통의 유전 알고리즘에서 사용하는 돌연변이 연산자와 교차연산자 대신 자르기(cut)와 붙이기(splice) 연산자를 사용하여 개체들을 진화시킨다.

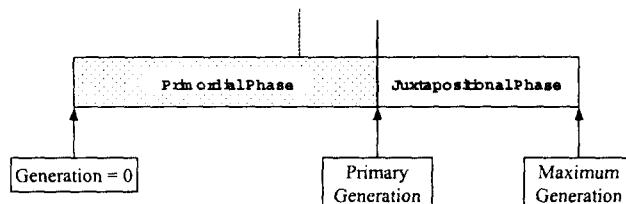


그림 2 대표적인 개체군 변형 표

Fig. 2 A typical population reduction schedule

그림 3은 mGA의 연산자인 자르기와 붙이기 연산자들의 연산과정을 보여준다. 그림에서와 같이, 자르기 연산자는 두 부모 개체에서 무작위로 선택된 위치에서 스트링을 자르며, 붙이기 연산자는 이전에 자르기 연산자에 의해 무작위로 선택되어 잘라진 두 스트링을 잇는다. 이때, 자르기와 붙이기 연산자는 보통 교차 연산자와 비슷한 방법으로 두 부모 스트링에 동시에 적용된다. 자르기와 붙이기 연산과정은 기존의 GA에서 교차 연산과정과 비슷하지만 두 연산자의 연산과정은 여러 면에서 교차 연산과정과 다르다. 교차 연산자는 두 부모 스트링의 동일한 위치에 교차점을 갖지만 자르기와 붙이기 연산자는 동일한 위치의 교차점을 가질 필요가 없다. 따라서, 생성되는 자손 스트링은 이전의 스트링의 길이와 다르게 변경된다.

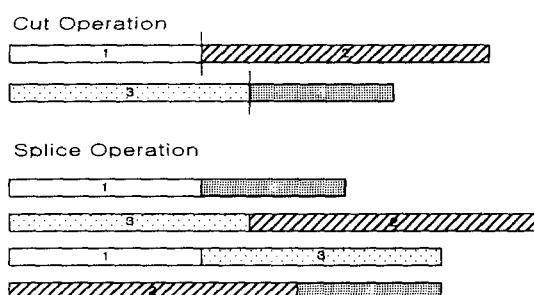


그림 3 자르기와 붙이기 연산자

Fig. 3 Cut and splice operator

그림 3에서와 같이 두 부모 스트링으로부터 네 가지 종류의 자손 스트링이 생성될 수 있으며, 다음 세대로의 진화시에는 그 중 2개의 스트링만을 선택하여 사용하게 된다. 자르기 연산자는 p_c 의 확률을 가지고 무작위로 선택된 위치

에서 스트링을 자르고, 붙이기 연산자는 고정된 확률 p_s 에 따라 무작위로 선택된 순서에 의해 두 개의 스트링을 잇는다. 여기서, p_c 와 p_s 는 기존의 GA에서 사용된 교배율과 돌연변이율과 같이 정하여 사용한다.

2.3 mGA에서의 암호화 방법

메시 유전 알고리즘의 초기 유전자(구하고자 하는 해의 집단)들은 가변 길이의 스트링들로 랜덤하게 결정되며, 각각의 유전자는 정수들의 쌍으로 만들어진다. 즉, 메시 유전 알고리즘에서 대립 유전 인자는 의미를 나타내는 인덱스(index)와 이에 해당하는 값 value)으로 구성되며 (index, value)와 같이 표현할 수 있다. 그림 4는 각각 3개로 퍼지 분할 된 입력 변수 X_1 , X_2 , 그리고 5개로 퍼지 분할된 출력 변수 Y 에서의 퍼지 구문의 암호화 과정의 한 예를 도시한 그림이다. 그림 4에서와 같이 "X1 is Positive"와 같은 하나의 퍼지 구문은 (1, 3)의 정수 쌍과 같이 암호화된다. 여기서, 1은 입력 변수 X_1 을 나타내고, 3은 세 번째 퍼지 멤버쉽 함수인 Positive를 나타낸다. 또한, 그림 4에서 (3, 5)는 퍼지 구문 "Y is Far Right"를 나타낸다. 여기서, 3은 출력 변수 Y 를 나타내고, 5은 출력 변수의 다섯 번째 퍼지 멤버쉽 함수인 Far Right를 나타낸다

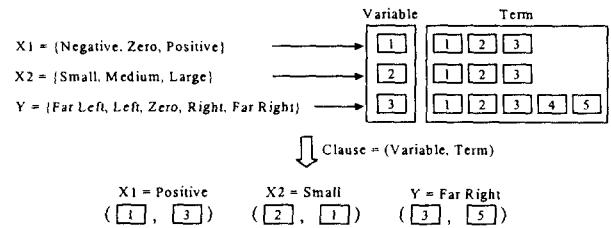


그림 4 mGA에서 퍼지 구문의 암호화

Fig. 4 Coding of a fuzzy clause by a mGA

퍼지 규칙은 퍼지 구문들의 무질서한 집합으로 구성되어 있다. 그림 5는 mGA에서 퍼지 규칙을 암호화하는 예를 보여준다. 세 개의 구문 (1, 3):(3, 1):(2, 1)은 퍼지 규칙 "If X_1 is Positive and X_2 is Small, Then Y is Far Left"와 같이 표현되며, 그 구문들을 구성하고 있는 퍼지 규칙은 랜덤한 순서로 배열된다.

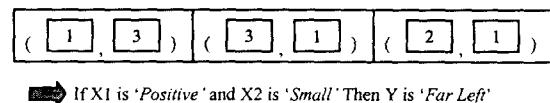


그림 5 mGA에서 퍼지 규칙의 암호화 예

Fig. 5 Example of a fuzzy rule by mGA

mGA의 진화시 그림 5에서 제시한 암호화 방법대로 퍼지 규칙이 생성되지 않을 때, 즉, 완전한 퍼지 규칙으로 표현되지 않을 때, under-specification과 over-specification의 문제가 나타난다. 그림 6은 퍼지 규칙들의 under-specification의 한 예를, 그림 7은 퍼지 규칙들의 over-specification의 한 예를 보여준다. 만약, 그림 7과 같이 over-specification이 발생한

다면 이 규칙은 무시를 한다. 또한, Over-specification이 발생할 때 퍼지 규칙들은 다양한 구문들을 가지며, 각각 다른 퍼지 형태들을 갖는다. 이때, 이것을 암호화하는 방법 중 한 가지 방법은 첫 번째 오는 규칙을 선택하거나 같은 변수 구문들을 결합하는 것으로 이러한 현상을 피한다.

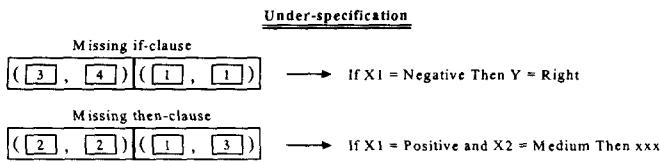


그림 6 퍼지 규칙들의 under-specification

Fig. 6 Under-specification of fuzzy rules

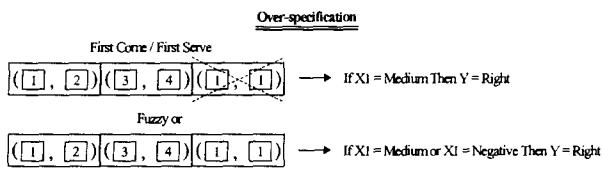


그림 7 퍼지 규칙들의 over-specification

Fig. 7 Over-specification

규칙의 암호화 과정은 구문을 이용하여 만들지만, 규칙-베이스는 규칙들의 집합으로 만들어진다. 규칙들을 구성하고 있는 퍼지 규칙-베이스는 퍼지 규칙의 암호화 과정처럼 랜덤하게 결정된다. 퍼지 규칙의 암호화 과정에서와 마찬가지로 규칙-베이스의 암호화 과정에서도 under-specification과 over-specification의 문제가 발생한다. 어떤 제어입력에 대해서 적당한 규칙이 없을 때 under-specification이 발생하며, 이 경우에 디폴트(default) 제어 동작이 취해진다. 또한, over-specification의 경우에는 두 개의 동일한 if-part를 가진 두 개의 규칙이 서로 다른 then-part를 가질 때 발생한다. 이는 단지 그림 8에서와 같이 중복된 규칙 중 하나를 취하여 규칙 베이스를 생성한다..

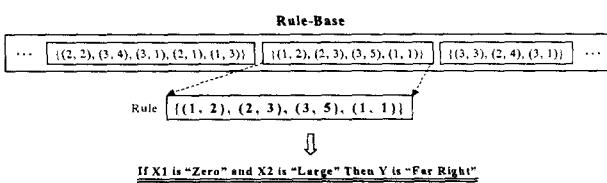


그림 8 퍼지 규칙 베이스의 암호화 과정

Fig. 8 Coding of fuzzy rule-base

Note] mGA의 유전 인자는 유전 인자와 인덱스의 값을 가리키는 쌍으로 구성된다. 예를 들어, 스트링에서 유전 인자 $(1, 3)$ 은 3을 갖는 첫 번째 유전 인자이며 일반적인 GA에서 와는 달리, 스트링에서 유전 인자의 순서는 mGA에서 중요하지 않다. 즉, $\{(1, 3)(3, 1)(2, 1)\}$ 와 $\{(2, 1)(1, 3)(3, 1)\}$ 는 의미상 같은 스트링이다. 주의해야 할 것은 하나의 스트링은 모든 유전 인자를 포함하도록 제한되지 않으며 같은 유전 인자가 한 스트링에서 한 번 이상 존재할 수 있다는 것이다. $\{(1, 3)(2, 1)\}$ 과 $\{(1, 3)(2, 1)(3, 2)(1, 1)\}$ 같은 같은 인덱스가

중복되어도 모두 유효하다. 인덱스가 중복된 유전 인자가 있는 경우는 선택 순서의 원리에 따라 앞에 있는 인덱스를 선택하고 나중에 중복되어 나오는 인덱스는 무시해 버리면 된다. 즉, $\{(1, 3)(2, 1) (3, 2)(1, 1)\}$ 는 $\{(1, 3)(2, 1)(3, 2)\}$ 와 같은 의미를 갖게된다. 전자의 경우에는 유전 인자가 없는 경우 세 번째 유전 인자 $(3, x)$ 에 대한 기본 값을 설정해두어 누락된 것을 채워주는 방법을 사용할 수 있다. 또는 이러한 개체를 사용할 수 없는 개체로 인정하여 모두 제외시킬 수 있다. 따라서 mGA 스트링들은 유전 인자를 충분히 채울 수 있는 스트링을 필요로 한다.

2.4 mGA를 사용한 퍼지 모델의 암호화

본 절에서는 mGA를 이용한 비선형 시스템의 퍼지 모델의 구조와 파라미터를 동시에 동정 가능한 염색체 구조를 제안한다. TS 퍼지 모델에서의 스트링들은 하나 또는 그 이상의 하위 스트링들을 포함한 구조를 가지며, 각각의 스트링들에 의해 문제의 해들을 포함하게 된다. 적합도 함수는 스트링이 문제 해들을 얼마나 만족하는지를 평가한다.

그림 9는 본 논문에서 제안하는 mGA를 이용한 퍼지 모델링에서의 염색체 구조를 나타낸다. 본 그림은 세 개로 분할된 두 개의 입력 변수와 실수치인 출력 변수를 이용한 시스템에서의 스트링 구조의 한 예를 도시한 그림이다. 그림에서와 같이, 기존의 mGA의 스트링 구조와 다르게 하나의 유전 인자는 세 개의 요소로 나누어 구성된다. 그러므로, 파라메터 행렬에서 p 값을 갖는 (i, j) 번째 성분은 유전 인자 $\{(i, j, p)\}$ 로 나타낼 수 있다. 여기서, (a_{ij}, b_{ij}, c_{ij}) 는 각각 i 번째 퍼지 규칙에서 j 번째 입력 변수의 부등변 삼각형 소속함수의 파라미터를 나타내며, w_i 는 후반부의 실수값을, 그리고, 하증값의 0 또는 1은 규칙의 유무를 나타낸다. 그림에서 알 수 있듯이 본 논문에서 제안한 염색체의 구조는 소속함수의 파라미터뿐 만 아니라 규칙의 수를 동시에 동정하는 염색체 구조를 갖음을 볼 수 있다.

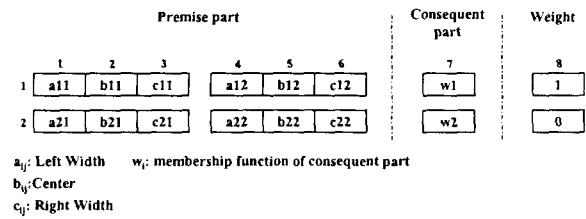
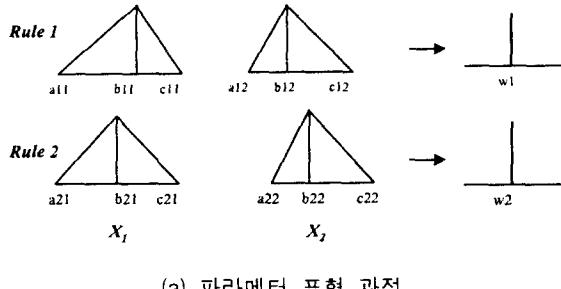


그림 9 퍼지 모델링에서 스트링의 구조

Fig. 9 The structure of a string in fuzzy modeling

제안된 퍼지 규칙 암호화의 자세한 예를 그림 10과 11에 보였다. 여기서 암호화와 복호화는 퍼지 규칙 베이스의 한 규칙에 대해 적용된다. 그림 10은 본 논문에서 제안된 mGA의 암호화 과정을 보여주며, 그림 11은 퍼지 추론 시스템의 결과를 보여준다. 제안된 mGA 암호화 구조는 일반적인 mGA 암호화 구조보다 더 순용성 있는 구조를 갖는다. 즉, 본 논문에서 제안한 염색체의 구조는 퍼지 시스템의 구조

동정뿐 만 아니라 멤버쉽 함수의 파라메터 동정도 동시에 할 수 있는 장점을 갖는다.



(a) 파라메터 표현 과정

R_1	(1, 1, a11)	(1, 2, b11)	(1, 3, c11)	(1, 4, a12)	(1, 5, b12)	(1, 6, c12)	(1, 7, w1)	(1, 8, 1)
R_2	(2, 1, a21)	(2, 2, b21)	(2, 3, c21)	(2, 4, a22)	(2, 5, b22)	(2, 6, c22)	(2, 7, w2)	(2, 8, 0)

(b) 스트링의 암호화

그림 10 제안된 mGA 암호화 과정의 예

Fig. 10 An example in the proposed mGA coding

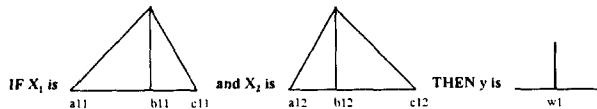


그림 11 결과적인 퍼지 추론 시스템

Fig. 11 The resulting fuzzy inference system

2.5 적합도 함수

일반적으로 퍼지 모델링의 최적화는 평가 함수값을 최소화시키는 퍼지 규칙의 수와 소속함수의 파라미터를 찾는 것이다. 한편, 유전알고리즘에서는 적합도 함수를 최대화시키도록 진화가 이루어지므로 최소화 문제를 최대화 문제로 변경하여야 한다. 본 논문에서는 다음과 같은 적합도 함수를 기본으로 한다.

$$\begin{aligned} f(PI_{accuracy}, PI_{size}) \\ = \lambda \frac{1}{1 + PI_{accuracy}} + (1 - \lambda) \frac{1}{1 + PI_{size}} \end{aligned} \quad (5)$$

여기서,

$$PI_{accuracy} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (y_i - y_i^d)^2 \quad (6)$$

$$PI_{size} = r \quad (7)$$

식 (6)에서 N 은 동정 데이터의 개수, y_i 와 y_i^d 는 각각 시스템의 출력과 목적값을 나타낸다. 또한, 식 (7)에서 r 은 퍼지 규칙의 수이다. 식 (5)와 같은 적합도 함수의 사용은 모델의 정확성 $PI_{accuracy}$ 와 규칙의 수 PI_{size} 를 감소시키는 데 있다. 식 (5)에서 λ ($0 \leq \lambda \leq 1$)는 하중 상수로, λ 가 크면 퍼지 추론 시스템은 좀 더 정확해지고, 반대로 작으면 적은 규칙의 수가 결정된다. 그러나, 입력 범위내의 일부 입력에 대해서 공집합(null set)이 발생할 경우, 모델 출력을 생성하지 못하므로 유용한 퍼지 모델이 될 수 없다. 따라서,

본 논문에서는 이 문제를 해결하기 위하여 식 (8)과 같은 패널티(penalty) 함수를 도입하여 유용하지 않은 퍼지 모델의 생성을 막는다.

$$P = \sum_{i=1}^N p_i \quad (8)$$

식 (8)에서 p_i 의 값은 주어진 i 번째 입력 데이터 집합을 위한 퍼지 추론 시스템에서 공집합들이 존재한다면, 정수 값이고, 그렇지 않으면 0이다. 식 (5)와 식 (8)을 결합하면 식 (9)와 같은 최종 적합도 함수를 얻는다.

$$\begin{aligned} f(PI_{accuracy}, PI_{size}) \\ = \left\{ \lambda \frac{1}{1 + PI_{accuracy}} + (1 - \lambda) \frac{1}{1 + PI_{size}} \right\} \frac{1}{1 + P} \end{aligned} \quad (9)$$

2.6 소속함수의 미세 조정

퍼지 시스템의 모델링에 mGA를 적용함으로써 유전 알고리즘의 전역 탐색의 이점을 이용할 수 있으나, 유전 알고리즘이 갖는 본질적인 약점인 근사 최적해(near optimum) 수렴의 보완을 필요로 한다 [6]. 또한, 기존의 경사법은 초기해에 대단히 민감하여 초기해를 잘못 선정하였을 경우 국부최적해(local minimum)에 빠질 위험이 있다. 따라서, 본 논문에서는 이러한 단점을 상호 보완하기 위해 mGA에 의해 동정된 해를 경사법의 초기값으로 사용함으로써 전역 최적해(global optimum)의 획득을 모색한다.

경사법에 의한 파라미터 값들의 미세 조정은 식 (10)의 평가함수를 최소화하는 방향으로 이루어진다.

$$E = \frac{1}{2} (y - y^d)^2 \quad (10)$$

여기서, y 는 식 (4)에 의해 계산되어지는 퍼지 추론 시스템 출력이다.

평가함수 E 의 값을 감소시키기 위하여 소속함수 파라미터 a_{ij} , b_{ij} , c_{ij} , w_i 에 대하여 E 가 감소하는 방향 벡터를 구하기 위하여 체인 규칙을 사용하면 식 (11)과 같이 구할 수 있다.

$$\begin{aligned} \frac{\partial E}{\partial a_{ij}} &= \frac{\mu_i(x)}{\sum_{i=1}^N \mu_i(x)} \frac{1}{A_j^i(x_i)} (y - y_d)(w_i - y) \frac{\partial A_j^i(x_i)}{\partial a_{ij}} \\ \frac{\partial E}{\partial b_{ij}} &= \frac{\mu_i(x)}{\sum_{i=1}^N \mu_i(x)} \frac{1}{A_j^i(x_i)} (y - y_d)(w_i - y) \frac{\partial A_j^i(x_i)}{\partial b_{ij}} \\ \frac{\partial E}{\partial c_{ij}} &= \frac{\mu_i(x)}{\sum_{i=1}^N \mu_i(x)} \frac{1}{A_j^i(x_i)} (y - y_d)(w_i - y) \frac{\partial A_j^i(x_i)}{\partial c_{ij}} \\ \frac{\partial E}{\partial w_i} &= \frac{\mu_i}{\sum_{i=1}^N \mu_i} (y_i - y_i^d) \end{aligned} \quad (11)$$

또한, 소속함수의 파라미터를 갱신하는 학습식은 다음과 같다

$$\begin{aligned} a_{ij}(k+1) &= a_{ij}(k) - K_a \frac{\partial E}{\partial a_{ij}} \\ b_{ij}(k+1) &= b_{ij}(k) - K_b \frac{\partial E}{\partial b_{ij}} \\ c_{ij}(k+1) &= c_{ij}(k) - K_c \frac{\partial E}{\partial c_{ij}} \\ w_i(k+1) &= w_i(k) - K_w \frac{\partial E}{\partial w_i} \end{aligned} \quad (12)$$

여기서, K_a , K_b , K_c , 그리고 K_w 는 학습율(learning rate)이고, k 는 학습 횟수이다.

본 논문에서 제안한 퍼지 모델링 방법을 도식적으로 설명하면 그림 12와 같다.

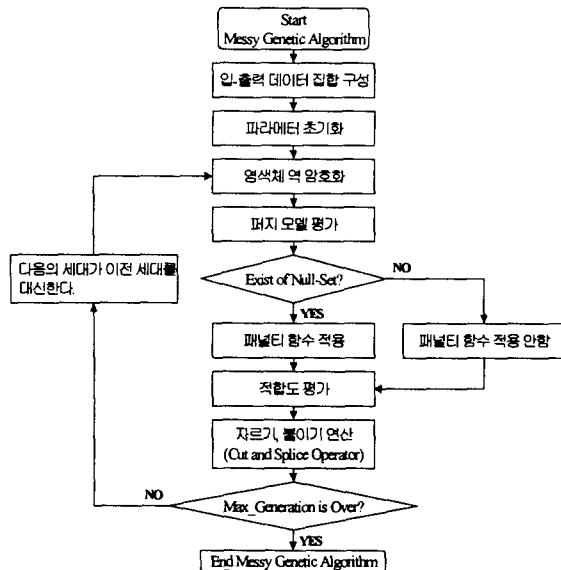


그림 12 메시 유전 알고리즘의 최적화 알고리즘

Fig. 12 Optimization algorithm of mGA

3. 모의 실험

모의 실험에서는 복잡한 비선형 시스템과 Mackey-Glass 혼돈 시계열 시스템의 퍼지 모델링을 통하여 제안된 방법의 우수성을 실험한다.

3.1 복잡한 비선형 시스템의 퍼지 모델링

식 (13)은 첫 번째 예제로 사용된 복잡한 비선형 시스템의 수학적 모델을 나타낸다.

$$\begin{aligned} z &= 3(1-x)^2 e^{-x^2-(y+1)^2} - 10\left(\frac{x}{5} - x^3 - y^5\right)e^{-x^2-y^2} \quad (13) \\ &- \frac{1}{3} e^{-(x+1)^2-y^2} \quad (1 \leq x, y \leq 5) \end{aligned}$$

식 (13)은 두 개의 입력 변수와 하나의 출력 변수를 가지며, 입력변수와 출력 변수값의 범위는 각각 1에서 5사이의 실수이다. 이 비선형 시스템의 퍼지 모델을 위해 50개의 입력 데이터 집합을 무작위로 추출하고 그것을 mGA의 혼합된 동정 알고리즘에 적용하였다. 학습된 데이터 쌍은 0과 1사이에서 정규화하였다.

mGA의 순위 선택 작업을 위해 우리는 처음에 무작위로 초기 모판을 선택하였다. 비용함수로는 평균 제곱 오차 (mean square error, MSE)를 사용하였으며 소속함수의 초기값은 $[0, W]$ 공간의 임의의 실수로 하였다.

$$W = \frac{2(X_{\max} - X_{\min})}{R} \quad (14)$$

식 (14)에서 X_{\max} 과 X_{\min} 은 입력공간의 최대값과 최소값을, R 은 초기 퍼지 규칙의 수이다. 또한, 소속함수의 초기값들은 최종 퍼지 모델의 정확도를 향상시키기 위하여 충분히 겹치도록 하였다. mGA의 혼합된 구조 동정을 위한 초기 파라미터들로써 초기 개체군의 크기는 500, 원시상과 병치상에서의 세대수 400, 자르기 확률 0.2, 붙이기 확률 1.0, 돌연변이율 0.2, λ 는 0.9, 반복되는 세대수는 1000으로 하였으며, 미세조정 단계에서의 학습율 K_a , K_b , K_c 와 K_w 는 각각 10^{-3} 을 사용하였다.

그림 13은 mGA를 이용한 퍼지 모델의 동정 과정에서의 MSE 변화를 보여주며, 그림 14는 미세 동정과정에서의 MSE의 변화를 도시한 그림이다. mGA동정 결과 동정후 규칙수는 6개이며, 그 때의 MSE는 6.2×10^{-3} , 미세 동조후 MSE는 1.8×10^{-3} 로 정확한 퍼지 모델을 동정하였다. 그림 15는 비선형 시스템의 동정결과를 도시한 그림이며, 그림 16은 시스템 출력간의 오차를 나타낸 그림이며, 그림 17은 동정된 퍼지 규칙들의 소속함수를 나타낸 것이다.

상기 그림에서 알 수 있듯이 본 논문에서 제안한 방법은 복잡한 비선형 시스템의 입력/출력 데이터를 이용하여 효과적인 퍼지 모델을 구했음을 알 수 있다.

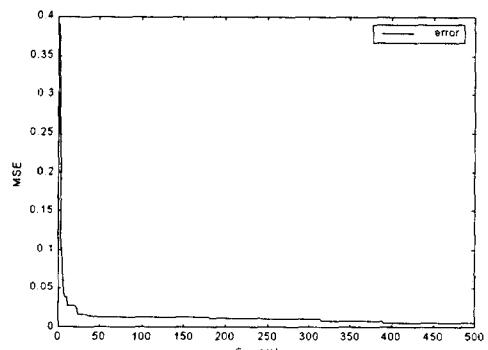


그림 13 mGA 동정단계에서 MSE의 변화

Fig. 13 Change of MSE in the mGA tuning stage

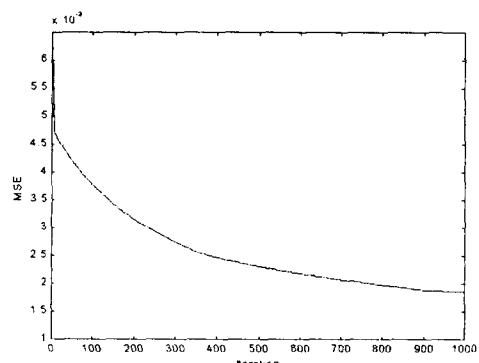


그림 14 미세 조정 단계에서의 MSE의 변화

Fig. 14 Change of MSE in the fine tuning stage

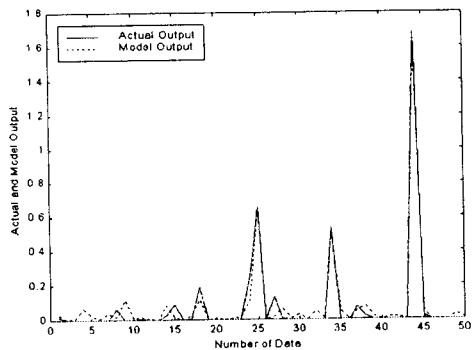


그림 15 비선형 시스템의 동정결과

Fig. 15 Identification result of the nonlinear system

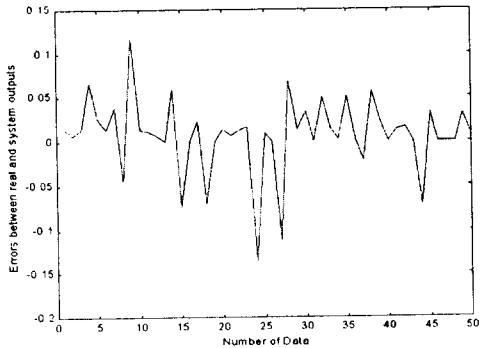


그림 16 시스템 출력간의 오차

Fig. 16 Errors between real and system outputs

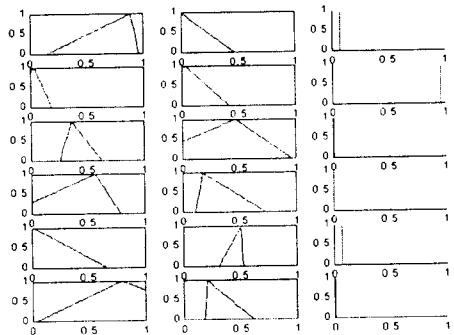


그림 17 동정된 퍼지 규칙들의 소속함수

Fig. 17 MF of the identified fuzzy rules

3.2 Mackey-Glass Chaos Time Series

두 번째 예제로써 사용된 시스템은 Mackey-Glass 혼돈 시스템의 퍼지 모델링이다. Mackey-Glass 혼돈 시스템은 식 (15)와 같은 미분 지연 방정식으로 정의된다.

$$\dot{x}(t) = \frac{0.2x(t-\tau)}{1+x^{10}(t-\tau)} - 0.1x(t) \quad (15)$$

그림 (16)은 Mackey-Glass 시계열 데이터 곡선을 보여준다. 본 예제의 실험 목적은 임의의 시간 t 까지 시계열의 과거 값을 사용하여 이후 $t+P$ 인 순간의 값을 예측하는 것이다. 이러한 예측의 일반적인 방법은 Δ 의 일정한 간격을 가진 시계열을 D점부터 사상을 생성하는 것이다. 즉, $[x(t-(D-1)\Delta), \dots, x(t-\Delta), x(t)]$ 에서 미래값 $x(t+P)$ 를 예측하는 것이다. 여기서, $D=4$, $\Delta=P=6$ 으로 초기값을 정하였다. 또한, 모의 실험을 위해 방정식의 해는 4차 Runge-Kutta 방법을 이용한 수치 해석적 풀이로부터 얻었으며, 시간 간격은 0.1 [sec]이고, 초기 조건 $x(0)$ 는 1.2, τ 는 17로 하였다. 식 (16)은 본 시스템의 입출력 데이터 샘플을 추출하는데 사용된 식을 보여준다.

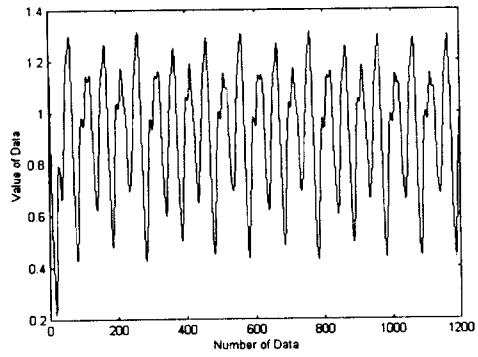


그림 18 Mackey-Glass 시계열 데이터 출력

Fig. 18 Output for mackey-glass serial data

$$[x(t-18), x(t-12), x(t-6), x(t); x(t+6)] \quad (16)$$

먼저, 혼돈 시계열 시스템의 퍼지 모델을 위해 200개의 입출력 데이터 집합을 추출하고, 그것을 mGA의 혼합된 동정 알고리즘에 적용하였다. 또한, mGA의 순위 선택 작업을 위해 처음에 무작위로 초기 모판을 선택하며, 비용함수로는 앞의 예제와 같이 평균 제곱 오차를 사용하였으며 mGA의 초기 파라미터 설정 값은 원시상과 병치상에서의 세대수는 200으로 설정하였고, 초기 개체군의 크기와 자르기, 불이기 확률 그리고 돌연변이율, λ , 반복되는 세대수는 예제 1과 동일하게 설정하였다.

그림 19는 mGA의 동정 단계에서의 MSE의 변화를, 그림 20은 미세 동정 단계에서의 MSE의 변화를, 그림 21은 mGA와 미세 동조 기법을 사용하여 동정된 결과를 실 플랜트 출력과 비교한 그림이며, 그림 22는 실제 출력과 동정된 출력간의 오차를 도시한 그림이고, 그림 23은 동정된 퍼지 규칙들의 소속함수를 나타낸 것이다. 모의 실험 결과, 규칙 수는 7개이며, 동정단계에서의 MSE는 5.7×10^{-3} , 미세동정 단계에서의 MSE는 5.5×10^{-3} 로 매우 만족한 결과를 얻을 수 있었다. 이 결과는 Jang이 [18]에서 제시한 방법(규칙 수 16개, MSE는 7×10^{-3})과 비교하여 우수한 결과를 나타낸다.

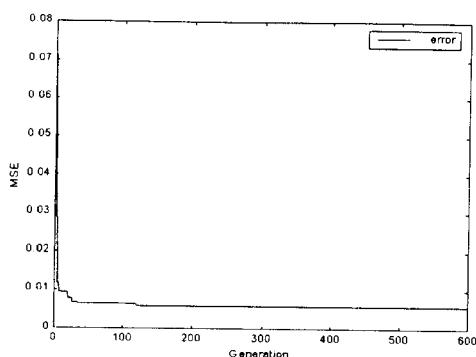


그림 19 mGA 동정 단계에서 MSE의 변화
Fig. 19 Changes of MSE in the mGA stage

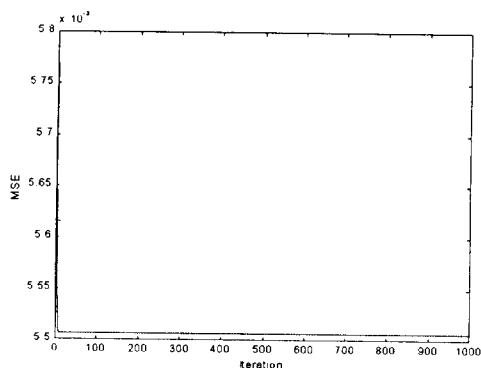


그림 20 미세 조정 단계에서의 MSE의 변화
Fig. 20 Change of MSE in the fine tuning stage

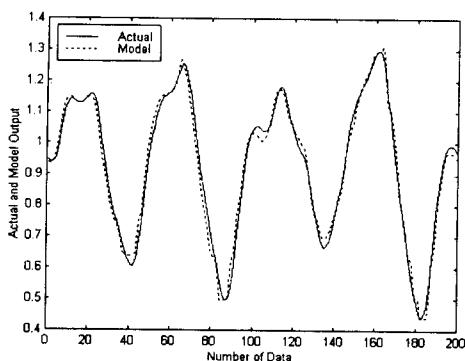


그림 21 동정 결과
Fig. 21 The identification result

4. 결 론

본 논문에서는 복잡하고 불확실한 비선형 시스템의 입출력 데이터를 이용하여 최적의 퍼지 모델을 구하는 방법을 제안하였다. 또한, 퍼지 규칙의 동정과 소속함수의 파라미터의 동시 동정을 위하여 메시 유전 알고리즘의 새로운 암호화 방법을 제안하였다. 제안된 방법은 두 단계로 구성된다.

먼저, 비선형 시스템의 입출력 데이터를 사용하여 제안된 mGA 방법에 의해 퍼지 모델의 구조와 파라미터 동정을 구한 후, 경사법을 사용하여 파라미터를 미세 동조하는 방법이다. 제안된 방법은 퍼지 추론 시스템의 구조뿐 만 아니라 파라미터를 동시에 동정할 수 있음을 보였으며, 경사법을 이용하여 mGA로 동정된 모델의 미세 동정을 하는 방법을 보였다. 본 논문에서 제안된 방법은 모의 실험에서 복잡한 비선형 시스템과 Mackey-Glass 혼돈 시계열 시스템에 적용하여 그 우수성을 입증하였다.

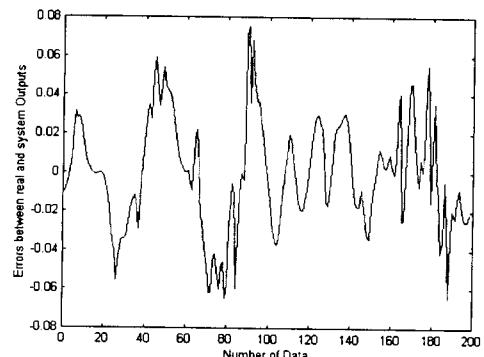


그림 22 시스템 출력간의 오차
Fig. 22 Errors between real and system outputs

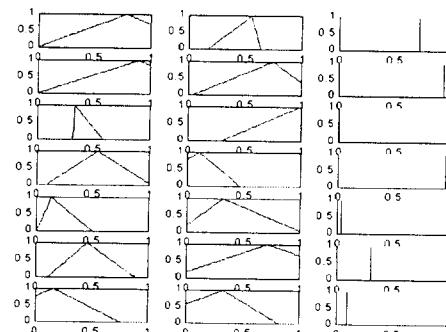


그림 23 동정된 퍼지 규칙들의 소속함수
Fig. 23 Membership functions of the identified fuzzy rules

감사의 글
1999년 대한전기학회 학술대회에서 본 논문을 우수논문으로 추천해 주신 위원님께 감사드립니다.

참 고 문 헌

- [1] M. Sugeno and T. Yasukawa, "A Fuzzy Logic Based Approach to Qualitative Modeling", IEEE Trans. Fuzzy Sys., Vol. 1, pp. 7-31, 1993.
- [2] S. Horikawa, T. Furuhashi and Y. Uchikawa, "On Fuzzy Modeling Using Fuzzy Neural Networks with

- the Back-Propagation Algorithm", IEEE Trans. On Neural Networks, Vol. 3, No. 5, pp. 801-806, 1992.
- [3] J. S. Jang, "ANFIS: Adaptive-Network-Based Fuzzy Inference Systems", IEEE Trans. System, Man and Cybernetics, Vol. 23, No. 3, pp. 665-684, 1993.
- [4] Y. H. Joo, H. S. Hwang, K. B. Kim and K. B. Woo, "Linguistic Model Identification for Fuzzy System", Electronics Letters, Vol. 31, No. 4, pp. 330-331, 1995.
- [5] Y. H. Joo, H. S. Hwang, K. B. Kim and K. B. Woo, "Fuzzy System Modeling and Its Application to Mobile Robot Control", Fuzzy Logic and Its Applications to Engineering, Information Sciences, and Intelligent Systems, Kluwer Academic Publisher, pp. 147-156, 1995.
- [6] Y. H. Joo, H. S. Hwang, K. B. Kim and K. B. Woo, "Fuzzy System Modeling by Fuzzy Partition and GA Hybrid Schemes", Fuzzy Sets and Systems, Vol. 86, No. 3, pp. 279-288, 1997.
- [7] K. Shimojima, T. Fukuda and Y. Hasegawa, "Self-Tuning Fuzzy Modeling with Adaptive Membership Function, Rules, and Hierarchical Structure Based on Genetic Algorithm", Fuzzy Sets and Systems, Vol. 71, pp. 295-309, 1995.
- [8] F. Hoffmann and G. Pfister, "A New Learning Method for the Design of Hierarchical Fuzzy Controllers Using Messy Genetic Algorithms", Proc. IFSA'95, 1995.
- [9] L. A. Zadeh, "Fuzzy Sets", Int. Jour. of Information control, vol. 8, pp. 338-353, 1965.
- [10] R. M. Tong, "The Evaluation of Fuzzy models Derived from Experimental Data", Fuzzy Sets & Systems, Vol. 4, pp. 1-12, 1980.
- [11] K. Deb and D.E. Goldberg, "mGA in C: A Messy Genetic Algorithm in C", IlliGAL Report No. 91008, 1991.
- [12] D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning, Addison-Wesley, 1990.
- [13] D. E. Goldberg, B. Korb, and K. Deb, "Messy Genetic Algorithms: Motivation, Analysis, and First Results", Complex Systems, Vol. 3, No. 5, pp. 493-530, 1989.
- [14] F. Hoffmann and G. Pfister, "A New Learning Method for the Design of Hierarchical Fuzzy Controllers Using Messy Genetic Algorithms", Proc. IFSA'95, 1995.
- [15] M. Chowdhury and Y. Li, "Messy Genetic Algorithm Based New Learning Method for Structurally Optimized Neuro-fuzzy Controllers", Proc. IEEE Int. Conf. on Industrial Tech., 1996.
- [16] H. Kargupta, "The Gene Expression Messy Genetic Algorithm", Proc. of IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation, Nagoya, Japan, 1996.

- [17] C. Karr, "Genetic Algorithms for Fuzzy Controllers", AI EXPERT, pp. 26-35, 1991.
- [18] J. S. R. Jang and C. T. Sun, "Predicting Chaotic Time Serie with Fuzzy If-Then Rules", IEEE Trans. on Fuzzy Systems, pp 1079-1082, 1993

저 자 소 개



주 영 훈 (周 永 烹)

1958년 6월 26일 생. 1982년 연세대 공대 전기공학과 졸업. 1984년 동 대학원 전기 공학과 졸업. 1995년 동 대학원 전기공학과 졸업(공박). 1986~1995년 8월 삼성전자(주) 자동화연구소(선임연구원). 1998년 ~1999년 미국 휴스頓대학 전기 및 컴퓨터공학과 교환교수, 1995년 9월 ~ 현재 군산대 공대 전자정보공학부 조교수
Tel : 063-469-4706
E-mail : yhjoo@ks.kunsan.ac.kr



이 연 우 (李 演 福)

1975년 8월 1일 생. 1998년 군산대 공대 제어계측공학과 졸업. 2000년 동 대학원 전기전자제어공학과(제어계측전공) 졸업. 2000년 3월 ~ 현재 동 대학원 전기전자제어공학과 박사과정
Tel : 063-469-4706
E-mail : jaryong@hanmail.net



박 진 배 (朴 珍 培)

1954년 8월 7일 생. 1977년 연세대 공대 전기공학과 졸업. 1990년 Kansas State University 공대 전기 및 컴퓨터 공학과 졸업(공박). 1990~1991년 Kansas State University 공대 전기 및 컴퓨터 공학과 조교수. 현재 연세대 공대 전기 · 컴퓨터공학과 부교수
Tel : 02-361-2773
E-mail : jbpark@control.yonsei.ac.kr