

VmGA를 이용한 비선형 시스템의 뉴로-퍼지 모델링

최 종일 · 이 연우 · 주 영훈 · 박 진배  
 군산대학교 전자정보공학부 · 연세대학교 전기전자공학과

Neuro-Fuzzy Modeling for Nonlinear System Using VmGA

Jong-Il Choi\* · Yeun-Woo Lee\* · Young-Hoon Joo\* · Jin-Bae Park\*\*

School of Electronic & Information, Eng. Kunsan Univ. · \*Dept. of Electrical & Electronic Eng.

**Abstract** - In this paper, we propose the neuro-fuzzy modeling method using VmGA (Virus messy Genetic Algorithm) for the complex nonlinear system. VmGA has more effective and adaptive structure than sGA. In this paper, we suggest a new coding method for applying the model's input and output data to the optimal number of rules in fuzzy models and the structure and parameter identification of membership functions simultaneously. The proposed method realizes the optimal fuzzy inference system using the learning ability of neural network. For fine-tune of parameters identified by VmGA, back-propagation algorithm is used for optimizing the parameter of fuzzy set. The proposed fuzzy modeling method is applied to a nonlinear system to prove the superiority of the proposed approach through comparing with ANFIS.

1. 서 론

퍼지모델은 복잡하고 정의되지 않은, 그리고 불확실한 실제계 시스템의 언어적인 표현을 제공하며 이는 양식화된 수학적 모델링을 하지 않더라도 만족스러운 결과를 가져다준다. 또한 기존의 제어기 설계방법이 전문가의 지식에 의존하여 시행착오 적이며 적응적이지 못하다는 단점을 갖는 반면 퍼지 논리 제어기는 수학적으로 모델링하기 어렵거나 비선형 성을 지닌 경우 또한 외부의 환경이 불확실하게 변하는 경우에도 매우 효과적이며 강인하다. 최근에는 이러한 모델링 기법을 향상시키기 위하여 유전알고리즘이나 신경회로망과 같은 알고리즘이 사용되어져 왔다.

Shimajima[1]는 GA와 역전과 알고리즘을 사용한 구조를 제안하였으며, Horikawa[2]는 비선형 함수근사치 문제를 위한 퍼지모델의 역전과 학습에 의한 자동 동조 방법과 퍼지 NN의 세 가지 형식을 제안하였다. 또한 Jang[3]은 학습을 위해 역전과 알고리즘과 반복적인 최소제곱 방법을 사용하여 적응 네트워크 기반 퍼지 추론 시스템을 제안하였다. Joo[4]는 퍼지제어기의 구조 동정에 클러스터링 방법을 이용하고, 퍼지 규칙을 구성하고 있는 파라미터들은 유전 알고리즘을 이용하여 동정하였다. 그러나 기존의 여러 방법들에서는 제어기 구성요소 중 일부만을 동정한 형태였다. 본 논문에서는 바이러스 메시 유전 알고리즘(Virus messy Genetic Algorithm)사용한 뉴로 퍼지 모델링 기법을 제안한다. D.Goldberg[5]에 의해 제안된 mGA는 Deb, K.Gupta[6]등에 의해 발전되어져 왔다. 또한 기존의 smGA(simple mGA)의 향상을 위해 퍼지 신경망의 학습 능력을 사용하여 퍼지 추론 시스템의 규칙뿐만 아니라 파라미터까지 동시에 동정할 수 있는 알고리즘을 제안한다. 또한 virus 알고리즘[7-8]을 도입하여 GA가

가지는 초기 지역수렴의 문제를 해결하였다. 따라서 본 논문에서는 mGA를 사용하여 동정의 유연성을 증가시키고 동시에 mGA의 성능향상을 위해 신경망 이론을 도입하였으며, 바이러스 알고리즘을 사용하여 유전 알고리즘의 비선택적 특성상 발생할 수 있는 초기 지역수렴의 문제를 해결하였다. 마지막으로 제안된 방법은 ANFIS와 비교를 통하여 그 우수성을 입증하였다.

2. 퍼지-신경망

2.1 퍼지 모델

본 논문에서 사용된 퍼지 모델로는 다음의 식(1)의 IF-THEN 구조를 갖는 퍼지 모델을 사용한다.

$$RULE\ i: \text{If } X_1 \text{ is } A_1^i \text{ and } \dots X_n \text{ is } A_n^i \text{ Then } O_i \text{ is } \omega_i \quad (1)$$

$$(i=1, 2, 3, \dots n)$$

여기서, RULE i는 i번째 퍼지 규칙,  $O_i$ 는 i번째 규칙의 출력, n은 규칙 수를 나타낸다. 그림 1은 본 논문에서 사용된 가우시안(gaussian) 소속함수의 모양을 나타낸다.

그림 1의 가우시안 소속함수는 식(2)로 표현된다.

$$gaussian(x_i; c_i, \sigma_i) = e^{-\frac{1}{2} \left( \frac{x_i - c_i}{\sigma_i} \right)^2} \quad (2)$$

$$(i=1, 2, 3, \dots n)$$

여기서, x는 입력 데이터, c는 소속함수의 중심,  $\sigma$ 는 소속함수의 폭이다.

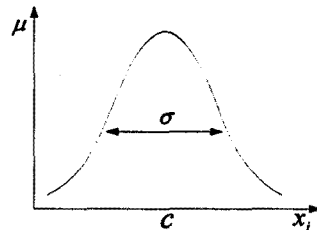


그림 1. 가우시안 소속함수

2.2 퍼지 신경망의 구조

본 논문에서는 Horikawa[8]가 제안한 퍼지 신경망 타입 III 형태 즉 결론부가 퍼지 소속함수인 경우의 모델을 사용하였다. 또한 제안한 모델은 5개의 layer를 가지는데 그 구조는 다음과 같다.

먼저 입력 층에서는 입력  $x_1, x_2$  그리고 소속함수의 파

라메터 중심( $c_{ij}$ )과 너비( $\sigma_{ij}$ )를 규칙 층으로 보낸다. 입력 데이터와 규칙층의 결선 강도는 1이고 바이어스로 연결된 입력 노드와 규칙층 사이의 결선 강도는 각각 소속함수의 중심과 너비를 결정한다.

규칙 층에서는 입력 층에서 받은 입력 데이터와 소속함수의 파라미터로 두 가지 연산을 하게 되는데 퍼지 추론 과정은 sum-product로 소속정도는 T-norm에 의해 결합되게 된다. 본 논문에서는 2입력 1출력 시스템을 사용하였으므로 식(3)과 같이 표현할 수 있다.

$$f(x, c, \sigma) = g_1(x_1, c_1, \sigma_1) \cdot g_2(x_2, c_2, \sigma_2) \quad (3)$$

$$= \exp\left(-\frac{(x_1 - c_1)^2}{\sigma_1^2} - \frac{(x_2 - c_2)^2}{\sigma_2^2}\right)$$

정규화 층에서는 다층 신경 회로망과 달리 은닉층과 출력층 사이에 정규화층이 존재한다. 이는 출력층에서 비퍼지화하는 과정의 예비단계이며, 두 개의 노드로 나누어 하나는 규칙층과의 결선 강도를 1로 하여 단지 규칙층 출력의 합을 구하고 다른 노드는 결선 강도와 규칙층 출력의 곱을 합한다. 그것은 다음의 식(4)와 식(5)에 의해 계산된다.

$$\Sigma_1 = \sum_{j=1}^n \omega_{1j} f_j(x, c, \sigma) \quad (4)$$

$$\Sigma_2 = \sum_{j=1}^n f_j(x, c, \sigma) \quad (5)$$

출력 층은 비퍼지화하는 단계로 정규화 층의  $\Sigma_1$ 과  $\Sigma_2$ 를 입력으로 받아 출력으로  $\Sigma_1/\Sigma_2$ 를 내보낸다. 이렇게 추론된 출력은 원래의 출력 데이터와 비교하여 오차 역전파 알고리즘에 의해 각 결선 강도를 갱신하게 된다.

### 3. VmGA의 구조 및 암호화

#### 3.1 VmGA 스트링의 구조 및 연산자

그림 2는 VmGA의 진화시에 나누어지는 개체군을 나타낸 것이다. VmGA는 가변스트링을 사용함으로써 더욱 순응적인 스트링 구조를 가질 수 있다. 또한 개체군의 진화시에 우수한 개체의 출현은 유전알고리즘의 재생연산자의 비선택적 특성상 우수한 개체의 염색체를 개체들에 확산시키게 되어 유전적 다양성을 상실하게 된다. 따라서 초기 지역 수렴이 발생할 수 있으며, 돌연변이 연산자에 의한 현재의 진화 방향을 벗어 날 때까지 적합도 향상은 기대할 수 없다. 그 이유는 기존의 유전알고리즘은 스키마를 간접적으로 다루기 때문이다. 따라서 본 논문에서는 바이러스 이론에 바탕을 둔 두 개의 연산자인 역전사 연산자와 형질도입 연산자를 도입하여 직접적으로 효과적인 스키마를 증가시키며, 바이러스 개체의 유전적 다양성도 보장해 줄 수 있다.

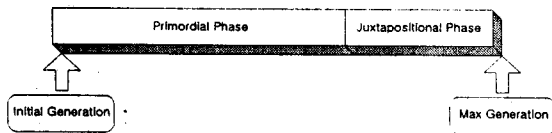


그림 1. 개체군 변형표

그림 2

그림 2에서와 같이 VmGA의 개체군은 원시상(prim-ordial phase)과 병치상(juxtapositional phase)으로 불리는 두 개의 상으로 이루어진다. 원시상에서는 선택 연산자를 사용하여 개체군의 많은 후보 스트링 중에서 진화시킬 개체를 선별하지만 하며, 병치상에서는 자르기와 붙이기 연산자를 사용하여 개체들을

진화시킨다. 또한 병치상에서는 바이러스 감염을 통한 연산이 이루어지게 된다. 따라서 두 개의 개체군 즉, 호스트 개체군(host population)과 바이러스 개체군(virus population)을 갖으며, 이때 호스트 개체군은 후보 해의 집합을 나타내며, 바이러스 개체군은 호스트 개체의 부분자열의 집합으로 정의 할 수 있다. 이때 초기 지역수렴의 대안이 될 수 있으며, 효과적인 스키마타를 증가시킬 수 있는 바이러스 감염연산에는 두 개의 연산자를 사용한다. 역전사 연산자는 바이러스 개체가 호스트 개체에 바이러스 개체의 유전 형질을 전해주는 연산자로서 정해진 비율의 임의로 선택된 호스트 개체를 감염시키게 된다. 또한 형질도입 연산자는 호스트 개체로부터 부분자열의 길이를 증가하거나 감소하여 형질을 도입하게 되고 바이러스의 적합도에 따라 연산을 수행하게 된다. 그러므로 감염율, 바이러스 적합도, 생명력의 파라미터들을 가지게 된다. 그림 3은 역전사 연산자와 형질도입 연산자를 나타낸 것이다.

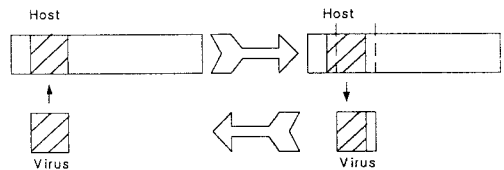


그림 3. 역전사 연산자와 형질도입 연산자

#### 3.2 VmGA 암호화

본 논문에서는 효과적인 시스템 모델링을 위해 기존의 mGA 암호화 기법을 변경하였다. 제안된 암호화 기법은 시스템의 구조와 파라미터를 동시에 동정할 수 있는 장점을 갖는다. 그림 4는 제안된 암호화 방법의 예를 나타낸 것이다.

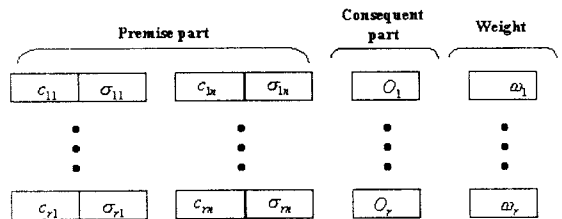


그림 4 제안된 스트링의 구조

제안된 mGA의 암호화 구조는 일반적인 mGA의 암호화 구조보다 더 순응적이며, VmGA를 사용하여 퍼지-신경망의 구조 및 파라미터를 동정한 후 오차 역전파 알고리즘을 사용하여 미세동조를 수행하게 된다.

### 4. 모의실험 및 결과고찰

VmGA를 사용한 뉴로-퍼지 모델링 방법의 효과적이고 유용함을 보이기 위해 본 논문에서는 Mackey-Glass 혼돈 시계열 데이터를 사용하여 기존의 모델링 기법과 비교하였으며, 식(6)의 미분지연방정식으로 표현된다.

$$\dot{x}(t) = \frac{0.2x(t-\tau)}{1+x^{10}(t-\tau)} - 0.1x(t) \quad (6)$$

본 절에서의 실험 목적은 시간  $t$ 까지 시계열의 과거 값을 사용하여 이후  $t+P$ 인 순간의 값을 예측하는 것이다. 이러한 예측의 일반적인 방법은  $\Delta$ 의 일정한 간격을 가진 시계열을  $D$ 점부터 사상을 생성하는 것이다. 즉,  $\{x(t-(D-1)\Delta), \dots, x(t-\Delta), x(t)\}$

에서 미래값  $x(t+P)$ 를 예측하는 것이다. 본 논문에서는  $D=4$ ,  $\Delta=P=6$ 으로 사용하였다.

모의 실험을 위해 방정식의 해는 4차 Runge-Kutta 방법을 이용한 수치 해석적 풀이로부터 얻었으며, time step은 0.1(sec)이고, 초기 조건  $x(0)$ 는 1.2,  $r$ 는 17이 사용되었다. 식 (7)은 데이터를 추출하는데 사용된 식을 보여준다.

$$\{x(t-18), x(t-12), x(t-6), x(t); x(t+6)\} \quad (7)$$

식 (7)에서  $t$ 는 601에서 1201이며, 이들 중 400개의 입출력 쌍들이 학습용 데이터이고, 나머지 200개의 입출력 쌍들은 동정화된 모델을 확인하기 위한 데이터로 사용되었다. 출력값을 구하는 비퍼지화 방법은 무게 중심법을 사용하였으며, VmGA 뉴로-퍼지 구조 동정을 위한 초기 파라미터로서 초기 개체군의 크기 300, 원시상과 병치상의 세대수 400, 자르기 확률 0.2, 붙이기 확률 1.0, 돌연변이율 0.2,  $\lambda$ 는 0.9, 미세동조시 반복되는 세대수는 1000이다.

혼돈 시계열 시스템의 퍼지 모델을 위해 200개의 입출력 데이터 집합을 추출하고, 그것을 VmGA의 뉴로-퍼지 동정 알고리즘에 적용하였으며, 학습된 데이터쌍은 0과 1사이에서 정량화되며, VmGA의 순위 선택 작업을 위해 처음에 무작위로 초기 모판을 선택한다. 또한 비용함수로는 평균 제곱 오차(Mean Square Error: MSE)를 사용하였다.

그림 5는 동정 단계에서의 MSE값의 변화를 나타낸 것이고, 그림 6은 제안된 방법에 의해 동정된 퍼지 규칙들의 소속함수를 나타낸 것이다. VmGA를 사용한 뉴로-퍼지 모델링 결과 6개의 퍼지 규칙을 얻었으며, 이러한 규칙들은 오차 역전파 알고리즘에 따라 학습시킨 결과 0.00597의 오차값을 얻을 수 있었다. 따라서 ANFIS[3]에 의한 오차값 0.007, 전체 규칙수 17개 보다 제안된 방법이 훨씬 우수한 성능을 나타냄을 알 수 있다. 그러므로 제안된 방법은 기존의 방법에 비해 적은 수의 규칙으로 우수한 모델링 성능을 나타냄을 알 수 있다.

#### 4. 결 론

본 논문에서는 VmGA를 이용한 퍼지-신경망 모델링 방법을 제안하였다. 제안된 방법은 VmGA를 사용하고 퍼지-신경망의 학습 능력을 이용하여 소속함수의 구조 및 파라미터들을 동정한 후, 신경망의 국소 학습 방법인 오차 역전파 알고리즘을 이용하여 동정된 모델을 미세동조 하는 방법이다. 기존의 SGA(simple Genetic Algorithm)에 비해 VmGA는 가변 스트림을 사용함으로써 유동적인 암호화 표현이 가능하며, 바이러스 연산자를 사용함으로써 SGA가 가질 수 있는 조기 지역수렴의 문제를 해결하였다. 또한 제안된 방법의 우수성을 입증하기 위해 Mackey-Glass 혼돈 시계열 시스템의 퍼지 신경망 모델의 동정 결과를 ANFIS와 비교를 통하여 제안된 방법의 우수성을 입증하였다.

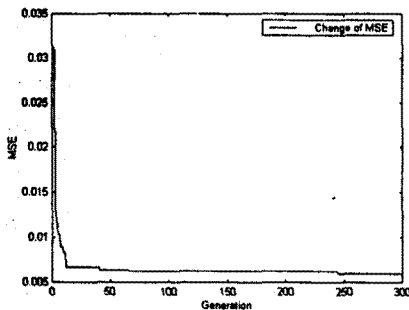


그림 5 동정 단계에서의 MSE 변화

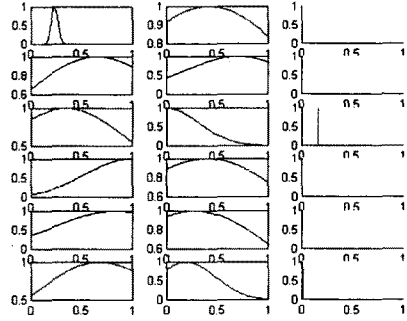


그림 6 동정된 퍼지 규칙들의 소속함수

감사의 글 : 본 연구는 두뇌한국 21 프로젝트에 의해 일부 지원 받았음.

#### (참 고 문 헌)

- [1] 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.
- [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, "Fuzzy System Modeling by Fuzzy Partition and GA Hybrid Schemes", Fuzzy Sets and Systems, Vol. 86, No. 3, pp. 279-288, 1997.
- [5] 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.
- [6] H. Kargupta, "The Gene Expression Messy Genetic Algorithm", Proc. of IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation, Nagoya, Japan, 1996.
- [7] N. Kubota, T. Fukuda and K. shimojima, "Virus-Evolutionary Genetic Algorithm for a Self-Organizing Manufacturing System", Computers & Industrial Engineering, Vol. 30, Issue 1015-1026, Sep. 1996.
- [8] N. Kubota, K. shimojima, T. Fukuda, "The Role of Virus Infection in Virus-Evolutionary Genetic Algorithm", Proc. of IEEE Int. Conf. on, pp. 182-187, 1996.