

진화론적 정보 입자에 기반한 퍼지 관계 기반 퍼지 추론 시스템의 최적 설계

Optimal Design of Fuzzy Relation-based Fuzzy Inference Systems Based on Evolutionary Information Granulation

박건준*, 김현기**, 오성권***
(Keon-Jun Park, Hyun-Ki Kim, Sung-Kwun Oh)

Abstract - In this paper, we introduce a new category of fuzzy inference systems based on information granulation to carry out the model identification of complex and nonlinear systems. Informal speaking, information granules are viewed as linked collections of objects(data, in particular) drawn together by the criteria of proximity, similarity, or functionality. Granulation of information with the aid of Hard C-Means(HCM) clustering algorithm help determine the initial paramters 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 inital parameters are tuned effectively with the aid of the genetic algorithms(GAs) and the least square method. The propsed model is contrasted with the performance of the conventional fuzzy models in the literature.

Key Words : Information Granulation, HCM Clustering, Fuzzy Relation, Fuzzy Inference Systems, Genetic Algorithms

1. 서 론

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 적용적으로 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 이용하여 후반부 구조로는 구조 1(간략 퍼지 추론), 구조 2(선형 퍼지추론)와 구조 3(회귀다항식 퍼지 추론)을 이용한다. 이의 평가를 위해 비선형 함수를 모델링하여 기존 퍼지 모델링 방법과 비교 평가한다.

2. 정보 입자

정보 입자는 근접성, 유사성 또는 기능성 등에 인하여 서로 결합되는 요소(특히, 수치 데이터)의 실체이다. 본 논문에서는 입출력 관계의 특성을 이용하여 모델링을 수행한다. 따라서 데이터의 특성을 파악하는 것이 매우 중요하다. 입출력 데이터의 특성을 찾아내기 위해 HCM 클러스터링 알고리즘을 이용한다.

2.1 HCM 클러스터링

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

[단계 1] 클러스터 개수 ($2 \leq c \leq n$)를 결정하고, 소속행렬 U 를 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 입출력 데이터의 중심값을 적용하여 퍼지 모델을 구축한다.

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

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

[단계 2] 모든 입력 변수에 대해 퍼지 공간이 서로 관계되는 공간을 구한다. 이는 퍼지 규칙에 맞게 형성되고, 중심값은 전반부 초기 멤버십 함수의 정점이 된다.

* 準會員 : 圓光大學 制御計測工學科 博士課程

** 正會員 : 水原大學 電氣電子工學部 教授 · 工博

*** 正會員 : 圓光大學 制御計測工學科 教授 · 工博

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

$$[x_1, \dots, x_k, y] \rightarrow [v_{1j}, \dots, v_{kj}, M_j] \quad (2)$$

3. 퍼지 추론 시스템

3.1 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 임률적으로 정의하였으나 이는 데이터들이 가지고 있는 특성을 제대로 반영하지 못하는 단점이 있다. 그래서 전반부 파라미터 동정을 위해 HCM 클러스터링에 의해 초기 멤버십함수의 정점을 동정한다.

3.2 후반부 동정

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

i) 구조 1(간략 퍼지추론)

후반부가 단일 상수항만을 가지는 것으로, 이와 같은 추론법을 간략 퍼지추론법이라 한다. 제안된 퍼지 모델은 식 (3)과 같은 형태를 가지는 구형 규칙들로 구성되며, 퍼지 추론에 의해 추론된 값 y_j^* 는 식 (4)와 같다.

$$R^j: \text{IF } x_1 \text{ is } A_{j1} \text{ and } \dots \text{ and } x_k \text{ is } A_{jk} \text{ Then } y_j - M_j = a_{j0} \quad (3)$$

$$y_j^* = \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} y_j}{\sum_{j=1}^n w_{ji}} = \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} (a_{j0} + M_j)}{\sum_{j=1}^n w_{ji}} \quad (4)$$

ii) 구조 2(선형 퍼지추론)

후반부가 일차 선형식을 가지며, 이와 같은 추론법을 선형 퍼지추론법이라 한다. 퍼지 모델은 식 (5)의 형태를 가지는 구형 규칙들로 구성되고, 추론된 값 y_j^* 는 식(6)과 같다.

$$R^j: \text{IF } x_1 \text{ is } A_{j1} \text{ and } \dots \text{ and } x_k \text{ is } A_{jk} \quad (5)$$

$$\text{Then } y_j - M_j = a_{j0} + a_{j1}(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj})$$

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

$$= \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} (a_{j0} + a_{j1}(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj}) + M_j)}{\sum_{j=1}^n w_{ji}}$$

iii) 구조 3(회귀다항식 퍼지추론)

후반부가 일차 선형식 및 각 입력의 곱의 다항식 형태를 가지는 것으로, 이와 같은 추론법을 회귀다항식 추론법이라 하고, 이 퍼지 모델은 식 (7)와 같이 구성된다.

$$R^j: \text{If } x_1 \text{ is } A_{j1} \text{ and } \dots \text{ and } x_k \text{ is } A_{jk} \quad (7)$$

$$\text{Then } y_j - M_j = a_{j0} + a_{j1}(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj}) + a_{j(k+1)}(x_1 - v_{1j})(x_2 - v_{2j}) + \dots + a_{j(k+k(k-1)/2)}(x_{k-1} - v_{k-1j})(x_k - v_{kj})$$

회귀다항식 추론에 의해 추론된 값 y_j^* 는 다음과 같다.

$$y_j^* = \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} y_j}{\sum_{j=1}^n w_{ji}} \quad (8)$$

$$= \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} (a_{j0} + a_{j1}(x_1 - v_{1j}) + \dots + a_{jk}(x_k - v_{kj}) + a_{j(k+1)}(x_1 - v_{1j})(x_2 - v_{2j}) + \dots + a_{j(k+k(k-1)/2)}(x_{k-1} - v_{k-1j})(x_k - v_{kj}) + M_j)}{\sum_{j=1}^n w_{ji}}$$

4. 퍼지 모델의 최적화

4.1 유전자 알고리즘

유전자 알고리즘은 자연 선택과 유전학에 기반으로 하는 확률적인 탐색방법으로써 탐색과 해의 가능영역들을 균형 있게 이용하기 위하여 생산, 교배, 돌연변이의 과정을 수행하는 일반성 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 찾아나가기 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.

5. 실험 데이터를 통한 결과 고찰

본 논문에는 제안된 모델의 적용 및 타당성을 평가하기 위해 식(9)과 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 입출력 데이터 쌍을 제안된 모델에 적용함으로써 모델의 타당성 및 정확도를 기존 모델과 비교 검토한다. 모델의 평가 기준인 성능지수는 MSE(Mean Squared Error), 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 제안한 정보 입자에 의한 퍼지 관계 기반 퍼지 모델에 유전자 알고리즘을 이용하여 최적적으로 파라미터를 동정한 성능지수를 보여준다.

표 1. 기존 퍼지 모델의 성능지수

| MFs | 구조 | PI | MFs | 구조 | PI |
|-----|------|---------|-----|------|---------|
| 2x2 | 구조 1 | 0.07706 | 3x2 | 구조 1 | 0.05339 |
| | 구조 2 | 0.02686 | | 구조 2 | 0.00979 |
| | 구조 3 | 0.01774 | | 구조 3 | 0.00398 |
| 2x3 | 구조 1 | 0.04664 | 3x3 | 구조 1 | 0.04897 |
| | 구조 2 | 0.01487 | | 구조 2 | 0.00175 |
| | 구조 3 | 0.00398 | | 구조 3 | 0.00015 |

그림 1은 표 2에서 입력에 대한 멤버십 함수의 수가 각각 3개이고 구조 3의 경우에 대하여 최적적으로 동정된 파라미터를 보여주며, 그림 2는 같은 경우에 제안된 퍼지 모델의 최적화 탐색과정을 보여준다.

표 3은 기존의 퍼지모델과 제안한 퍼지 모델과의 동정 예를 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 |
|-----|------|---------|-----|------|---------|
| 2x2 | 구조 1 | 0.07706 | 3x2 | 구조 1 | 0.06761 |
| | 구조 2 | 0.02686 | | 구조 2 | 0.01232 |
| | 구조 3 | 0.01489 | | 구조 3 | 0.00434 |
| 2x3 | 구조 1 | 0.04664 | 3x3 | 구조 1 | 0.03888 |
| | 구조 2 | 0.01453 | | 구조 2 | 0.00048 |
| | 구조 3 | 0.00318 | | 구조 3 | 0.00008 |

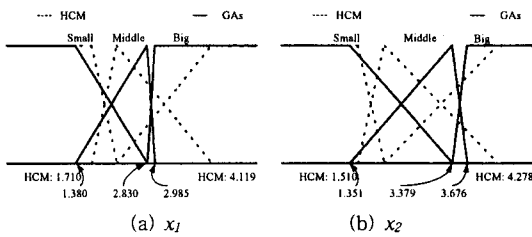


그림 1. 동정된 파라미터

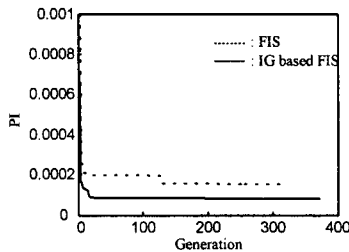


그림 2. 최적화 탐색과정

표 3. 기존 퍼지모델과 동정 예리 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 | 9 | 0.0033 |
| | MFPNN | 9 | 0.0023 |
| Our Model | 6(2x3) | 0.00318 | |
| | 9(3x3) | 0.00008 | |

6. 결론

비선형 공정에 대해 체계적이고 효율적인 모델을 얻기 위하여 진화론적 정보 입자에 기반한 퍼지 관계 기반 퍼지 시스템의 최적구조를 제안하였고, 그것의 특성과 상세 설계 절차를 토의하였다. HCM 클러스터링 알고리즘에 의한 정보 입자는 퍼지규칙의 전,후반부에 각각 사용될 멤버쉽함수의 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 입력력 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 입력력 특징을 이용함으로써 복잡하고 비선형이 강한 공정에 기존의 퍼지 모델들 보다 성능이 향상된 퍼지 모델을 설계할 수 있었다.

감사의글

본 연구는 산업자원부의 지원에 의하여 기초전력 연구원 (R-2003-B-274) 주관으로 수행된 과제임.

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.