

유전자 알고리즘에 의한 최적 Interval Type-2 퍼지 논리 시스템

김대복\*, 오성권\* 김현기\*  
수원대학교\*

Optimized Interval Type-2 Fuzzy Logic System by Means of Genetic Algorithms

Dae-Bok Kim\*, Sung-Kwun Oh\*, Hyun-Ki Kim\*  
Dept. of Electrical Engineering, The University of Suwon\*

**Abstract** - Type-2 퍼지 논리 집합은 언어적인 불확실성을 다루기 위하여 고안된 Type-1 퍼지 논리 집합의 확장한 것이다. Type-2 퍼지 논리 시스템은 외부 노이즈를 효율적으로 다룰 수 있다. 본 논문에서는 불확실성을 표현하기위해서 전·후반부 멤버십 함수로 삼각형 형태의 Type-2 퍼지 집합을 사용한다. 전반부 멤버십 함수의 정점을 결정하는데 유전자 알고리즘(Genetic Algorithms)으로 멤버십 함수의 정점을 결정한다. 제안된 모델은 모델 평가에 주로 사용되는 가스로 시계열 데이터를 적용하고, 테스트 데이터로 노이즈에 영향 받은 데이터를 사용하여 수치적인 예를 보인다.

1. 서 론

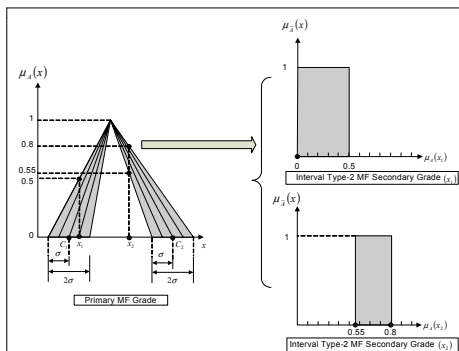
기존의 Type-1 퍼지 논리 시스템은 불확실성을 효율적으로 다룰 수 없다. 그러나 Zadeh[1]에 의하여 소개된 Type-2 퍼지 집합을 기반으로 한 Type-2 퍼지 논리 시스템은 불확실성 정보가 멤버십 함수로 표현함으로써 불확실성을 효율적으로 다룰 수 있다. Type-2 퍼지 집합은 General Type-2 퍼지 논리 집합과 Interval Type-2 퍼지 논리 집합으로 두 종류로 나누어진다. General Type-2 퍼지 논리 집합은 계산이 복잡하고 Secondary 멤버십 함수 구조를 결정하는데 어렵다. 반면에 Interval Type-2 퍼지 논리 집합[2]은 Secondary 멤버십 크기가 '1'로 일정한 값을 갖기 때문에 General Type-2 퍼지 논리 집합보다 계산량이 적고 멤버십 함수의 크기가 일정하므로 함수 구조를 결정하기 쉽다.

본 논문에서는 비선형 모델의 설계를 위한 Interval Type-2 퍼지 논리 집합을 이용한 Type-2 퍼지 논리 시스템을 설계한다. 전반부 멤버십 함수의 중심결정은 C-means 클러스터링 알고리즘[3]을 사용하고, 후반부 멤버십 함수의 중심결정은 유전자 알고리즘(Genetic Algorithms)[4]으로 동정한다. 비선형 모델 평가에 대표적으로 사용되는 Box-Jenkins의 가스로 시계열 데이터[5]를 제안된 모델에 적용하고, 학습 데이터에 인위적인 노이즈가 포함되었을 경우 Type-2 퍼지 논리 시스템과 Type-1 퍼지 논리 시스템과 비교한다.

2. Interval Type-2 퍼지 논리 시스템

2.1 Interval Type-2 퍼지 논리 집합

Type-1 퍼지 논리 집합은 멤버십 함수의 크기가 crisp 값으로 정의되어 있다. 반면에 Type-2 퍼지 논리 집합은 멤버십 함수의 크기가 퍼지 집합으로 정의 되어 있다. Type-2 퍼지 집합은 "퍼지 속의 퍼지 집합"이다. 본 연구에서는 계산량이 적고 멤버십 함수가 '1'로 일정한 Interval Type-2 퍼지 논리 시스템을 다룬다. Interval Type-2 퍼지 논리 집합의 멤버십 함수는 그림1로 표현되고, Interval Type-2 퍼지 논리 집합은 식(1)로 표현되어진다.



<그림 1> Interval Type-2 멤버십 함수

그림1에서 음영으로 된 부분이 불확실성을 표현한 부분이다.

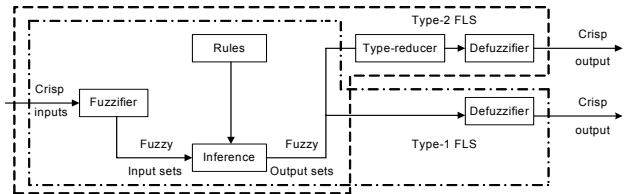
$$\tilde{A} = \int_{x \in X} \mu_{\tilde{A}}(x)/x = \int_{x \in X} \left( \int_{u \in J_x} 1/u \right) / x \quad J_x \subseteq [0,1] \quad (1)$$

여기서  $f_x(u)$ 는 secondary 멤버십 함수이고,

$J_x$ 는 secondary 멤버십 함수영역인  $x$ 의 primary 멤버십이다.

2.2 Interval Type-2 퍼지 논리 시스템 설계

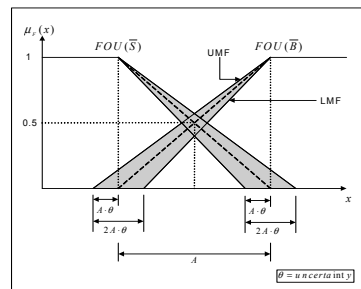
그림 2는 Type-2 퍼지 논리 시스템의 표현한 그림이다.



<그림 2 > Type-2 퍼지 논리 시스템

2.2.1 전·후반부 멤버십 함수의 설계

전·후반부 멤버십 함수는 삼각형을 멤버십 함수를 사용한다. Type-2의 경우 멤버십 함수의 정점을 기준으로 정점과 정점 사이의 거리의 일정한 비율만큼의 불확실성을 갖도록 설계하였다.



<그림 3> Interval Type-2 멤버십 함수 설계

2.2.2 추론부

Type-1 퍼지 집합은 입력 변수  $x$ 에 대해서 하나의 멤버십 값만 존재하지만 Interval Type-2 퍼지 집합은 UMF(Upper Membership Function)과 LMF(Lower Membership Function)으로 구성되어 있다. 멤버십 함수  $\mu_{F_i}(x_k)$ 에서  $\underline{\mu}_{F_i}(x_k)$ 와  $\bar{\mu}_{F_i}(x_k)$ 를  $\mu_{F_i}(x_k)$ 에 대한 Lower와 Upper 멤버십 함수로 표현된다.

입력에 대한  $l$  번째 규칙의 전반부 연산 결과는 식 (2)와 같다.

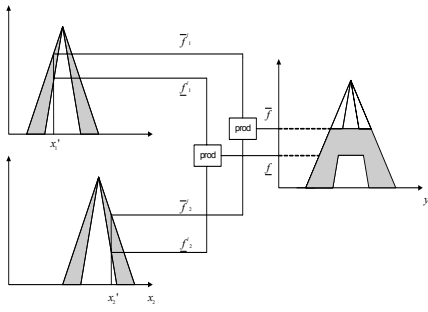
$$F^l(x) = [f^l(x), \bar{f}^l(x)] \equiv [f^l, \bar{f}^l] \quad (2)$$

여기에서,

$$f^l(x) = \underline{\mu}_{F_1}(x_1) \star \dots \star \underline{\mu}_{F_l}(x_p) \quad (3)$$

$$\bar{f}^l(x) = \bar{\mu}_{F_1}(x_1) \star \dots \star \bar{\mu}_{F_l}(x_p) \quad (4)$$

$\star$  is  $T$ -norm operator



〈그림 4〉 Interval Type-2 퍼지 논리 시스템 추론

그림2는 Interval Type-2 퍼지 논리 시스템 추론을 표현한 그림이다. 모델의 최종 출력 집합은 식 (5)로 정리된다.

$$\mu_B(\tilde{y}) = \int_{b \in ((\underline{f}_1 \star \underline{\mu}_{\tilde{f}_1}(y)) \vee \dots \vee (\underline{f}_n \star \underline{\mu}_{\tilde{f}_n}(y)), (\overline{f}_1 \star \overline{\mu}_{\tilde{f}_1}(y)) \vee \dots \vee (\overline{f}_n \star \overline{\mu}_{\tilde{f}_n}(y)))} 1/b \quad (5)$$

### 2.2.3 Centroid of Set(COS) Type Reducer

Type-1 퍼지 논리 집합과 Interval Type-2 퍼지 논리 집합의 큰 차이점은 Type-reducer가 존재유무에 있다. 식(5) 언어된 모델의 Interval Type-2 퍼지 논리 집합의 출력은 Type-1 퍼지 논리 집합의 형태를 갖고 있다. 최종 출력 값은 crisp한 값을 얻기 위해서 “Type-reducer”부분이 필요하다. Type-reducer방법 중에서 Centroid of Set Type Reducer 방법을 사용한다. Type-2 퍼지 논리 집합의 최대·최소 무게 중심 결정에 Karnik와 Mendel이 제안한 KM 알고리즘[6]을 이용한다.

### 2.2.4 비퍼지화기

모델의 최소 출력과 최대 출력의 평균값으로 최종 모델 출력을 얻는다.

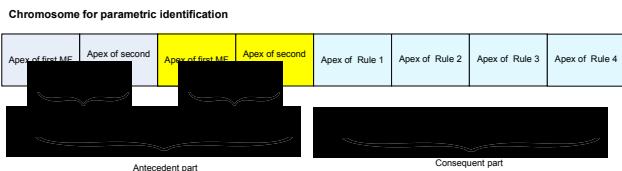
$$y(x) = \frac{y_l + y_r}{2} \quad (6)$$

## 3. 유전자 알고리즘(Genetic Algorithms)

유전자 알고리즘[3]은 자연 선택과 유전학에 기반으로 하는 확률적인 탐색방법으로써 탐색과 해의 가능영역들을 균형 있게 이용하기 위하여 생산, 교배, 돌연변이의 과정을 수행하는 일반성 있는 탐색방법으로 비선형 최적화 이론에 탁월한 성능을 발휘하고 있다. 기존의 다른 탐색방법들과 달리 유전자 알고리즘은 해가 될 가능성이 있는 개체집단을 유지하면서 그들 모두가 동시에 최적값을 찾거나 가기 때문에 지역 극소에 빠질 위험을 어느 정도 해결할 수 있다는 점과 더불어 모델의 성능지수가 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.

대상 시스템을 퍼지 모델링하기 위해서는 전문가와 시행착오에 의존하는 어려움이 있다. 이를 해결하기 위해 주어진 시스템의 입력변수 및 멤버십 함수 그리고 후반부 구조를 유전자 알고리즘을 통해 구조를 찾아낸다.

전·후반부 파라미터 동정에서 멤버십 함수의 정점의 최적화에 사용되었다. 그림5에 염색체의 구성을 보인다.



〈그림 5〉 GA에서 염색체의 구성

### 4. 시뮬레이션 및 결과 고찰

가스료 시계열 데이터는 입력 데이터인 가스 흐름을  $u(t)$ 와 연소된 이산화탄소 농도  $y(t)$ 의 가스료 공정으로부터  $u(t-3)$ ,  $u(t-3)$ ,  $u(t-3)$ ,  $y(t-3)$ ,  $y(t-2)$ ,  $y(t-1)$ 의 6개 입력을 적용한다. 출력은  $y(t)$ 이다. 전체 시

스템 입력력 데이터 쌍 296개 중 처음 148개의 데이터는 학습 데이터로 이용하고 나머지 148개의 데이터는 테스트 데이터로 나누어 모델의 근사화와 일반화 능력을 평가한다. 입력력 데이터 중에서 모델링에 가장 적합한  $u(t-3)$ ,  $y(t-1)$  입력력 구조를 이용한다.  $u(t-3)$ 의 2개의 입력변수와  $y(t-1)$ 의 한 개의 출력 변수를 설정한다. 멤버십 함수의 수는 각 입력 변수에 대해 각 2개이고 입력 변수는 2개로 결정했다. 모델의 평가 기준인 성능지수는 수치 데이터인 가스로 공정에 대해서 MSE(Mean Squared Error), 식7을 사용한다. 표1은 제안된 모델의 가스로 공정 적용을 위해 사용된 유전자 알고리즘의 최적화 초기 파라미터이다.

$$PI = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m (y_i - \hat{y}_i)^2 \quad (7)$$

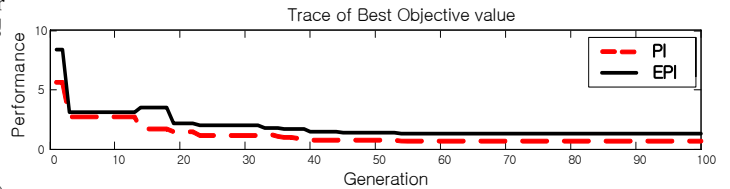
〈표1〉 모델링을 위한 초기 파라미터

파라미터	값
세대수	200
집단 크기	100
교배율	0.65
돌연변이율	0.05

표2는 기존의 Type-1 퍼지 로직 시스템과 제안된 Type-2 퍼지 로직 시스템의 가스로 공정 데이터에 대한 성능 비교를 나타낸다.

〈표2〉 Type-1과 Type-2 성능 비교

	불확실성	PI	e-PI
Type-1	0	0.9009	1.5377
Type-2	0.1	0.6324	1.2981



〈그림 6〉 Type-2 세대에 따른 성능지수 변화

## 5. 결 론

본 논문에서 유전자 알고리즘을 통해 불확실성을 표현할 수 있는 Interval Type-2 퍼지 논리 시스템을 설계하였다. 위의 실험을 통해서 테스트 입력에 인위적인 노이즈를 포함시켰을 때 불확실성이 포함된 Interval Type-2 퍼지 논리 시스템이 Type-1 퍼지 논리 시스템보다 우수한 성능을 보이는 것을 알 수가 있다. 노이즈에 민감한 실제 공정에서 유연한 적용을 기대 할 수 있겠다.

감사의 글  
이 논문은 2007년도 정부(교육인적자원부)의 재원으로 한국학술진흥재단의 지원을 받아 수행된 연구임 (KRF-2007-313-D00710).

### 〈참 고 문 헌〉

- [1] L.A Zadeh, "The concept of a linguistic variable and its application to approximate reasoning-1," Information Sciences, vol. 8, pp. 199-249, 1975.
- [2] J.M. Mendel, R.I. John, and F. Lui, "Interval type-2 fuzzy logic system made simple," IEEE Trans. on Fuzzy System, vol. 14, pp. 808-821, Dec. 2006.
- [3] J.M. Mendel, "Uncertain Rule-Based Fuzzy Logic System: Introduction and New Directions," Prentice-Hall, Upper-Saddle River, Nj, 2001.
- [4] D. E. Goldberg, "Genetic Algorithm in search, Optimization & Machine Learning," Addison wesley, 1989.
- [5] G.E. P. Box and F.M. Jenkins, "Time Series Analysis : Forecasting and Control 2nd ed," Holden-day, 1976.
- [6] N.N, Karnik and J.M. Mendel, "Centroid of a type-2 fuzzy set," Information Sciences, vol. 132, pp. 195-200, 2001.