

유사성 체크 방법을 이용한 Fuzzy Rule선택 Genetic Algorithm에 관한 연구

강전근*, 김명순**

*한국폴리텍대학교 스마트소프트웨어과

**동주대학교 전기전자과

e-mail:siji7@hanmail.net

A Study on the Choice of Fuzzy Rule Genetic Algorithm Using Similarity Check Method

Jeon-Geun Kang*, Myeong-Soon Kim**

*Dept of Smart Software, Korea Polytechnic University

**Dept of Electric&Electronic, Dong-Ju University

요 약

GA(Genetic Algorithm)는 자연계 진화 과정의 적자생존의 유전적 부호화 및 처리과정을 모델링함으로써 해석적으로 처리하기 힘든 문제의 최적화에 널리 이용하고 있으며, 퍼지제어에서 룰의 선택에도 적용된다.

본 논문에서는 일반적인 GA방법에 자료의 유사성을 체크하는 방법을 도입하여 Fuzzy Rule선택 환경에 적용하고 시뮬레이션을 통해 이를 확인한다.

시뮬레이션 결과 제안된 SFRGA(Similarity Fuzzy Rule Genetic Algorithm)방법은 일반적 GA방법보다 단축된 지연시간 효과와 부수적으로 조기포화 현상(premature convergence)의 감소 및 자동 배정 퍼지 클러스터링(Fuzzy clustering)의 가능성을 얻을 수 있었다.

1. 서론

일반적으로 퍼지제어에 있어 시행착오의 방법을 통해 적절한 제어룰을 찾고 있지만 많은 지연시간과 이행상태에서 시스템의 응답 특성이 불안정한 단점을 갖게 된다. 그리하여 이를 보완코자 하는 연구가 계속되는 중으로 영역을 대별하면 퍼지제어 규칙을, 학습을 통해 구현시키는 신경 구조망을 이용하는 방법, 실행측정표를 참고로 하는 자동조방식 등이 있다.

고전의 퍼지제어기에서 멤버쉽함수를 결정하고 그 추론룰을 형성하는데 인간의 경험에 전적으로 의존해야 되는 단점이 있고 이를 보완하는 방법으로 신경망의 학습능력을 이용하여 퍼지제어기의 멤버쉽함수와 추론룰을 자동적으로 생성코자 NDF(Neural Network Driven Fuzzy reasoning)가 제안되어 있다. 이 경우 입출력 샘플을 채취하여 그룹으로 나눌 필요가 있는데 이때 어느 그룹에 속하는가를 인위적으로 결정하게 된다. 따라서 이를 거리에 따라 구분해 줄 수 있는 자동화 필요성이 요청된다고 하겠다.

그리하여 유전자 집단의 크기가 작더라도 조기 포화가

일어나지 않도록 하고 NDF설계 시 그룹룰의 최적화 자동 배정을 할 수 있으며 일반적 유전자 알고리즘보다 빠른 수렴도를 가질 수 있는 SFRFA(Similarity Fuzzy Rule Genetic Algorithm)를 제안한다.

본 논문의 구성은 2장에서 유전자 알고리즘의 일반적 구성 원리를 기술하고 3장에서는 유전자 알고리즘과 룰 선택 관계에 대하여 4장은 유사성을 적용한 Fuzzy Rule 선택 유전자 알고리즘을 제시하며 5장에서는 모의 자료를 이용 시뮬레이션을 통해 검토해 보고 마지막으로 결론을 맺는다.

2. 유전알고리즘의 배경 및 일반적 원리

John Holland에 의해 제시된 유전 알고리즘은 자연 생태계의 진화과정에서 관찰된 적자생존(Survival of the fitters)의 원리를 컴퓨터 알고리즘과 결합시켜 정립된 최적화(optimization)알고리즘이다.

```

t = 0
initialize p(t)
evaluate p(t)
while termination condition false do
    select p(t+1) from p(t)
    recombine p(t+1)
    evaluate p(t+1)
    t = t + 1
    
```

(그림 1) 유전알고리즘의 기본구성

(그림1)에서 p(t)는 세대 t에서 개체군(population)을 나타낸다. 일반적인 유전 알고리즘은 크게 두 부분으로 구성되어 있는데 하나는 문제 해결에 가장 적합한 유전자형을 복제하는 선택 또는 생식 메카니즘이고 다른 하나는 선택된 유전자형을 무작위로 추출하여 적절한 작동 유전자를 사용, 새로운 유전자형을 생성하는 재조합 메카니즘이다.

2.1 선택 메카니즘

유전알고리즘에서 선택알고리즘은 적자를 탐색할 뿐만 아니라 개체군의 다양한 유전자형을 유지하는데 중요한 역할을 수행한다. 현재 다음과 같은 선택 스키머가 존재한다.

(1) Proportional 선택

(2) Ranking 선택

① Linear Ranking

② (μ, λ) i - Uniform Ranking

선택 스키머는 척도에 따라 여러 가지 방법으로 분류할 수 있다. 선택 확률이 실제 fitness값에 의존할 경우 세대에 선택확률은 변한다. 이것을 동적 선택이라 하며 proportional 선택이 여기에 속한다. 그리고 선택 확률이 단지 fitness값의 순위에 의존할 경우 모든 세대에서 고정된 값이 나온다. 이것을 정적 선택이라 하며 linear ranking 선택과 (μ, λ) -선택이 여기에 속한다.

2.2 재조합 메카니즘

재조합(recombination)은 우성생식을 모방한 상호교체(crossover), 돌연변이(mutation), 역위(inversion)의 세 종류가 있다.

일반적으로 유전자 알고리즘 구현 시 재조합 메카니즘으로는 상호교체와 돌연변이방법의 혼합형이 많이 쓰인다.

3. 유전자 알고리즘과 퍼지룰 선택

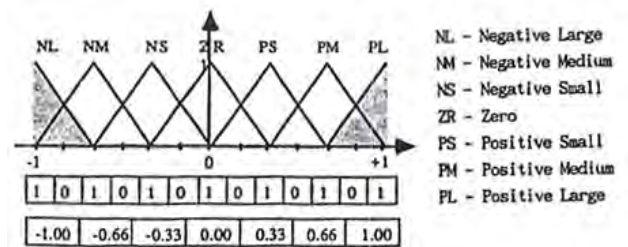
유전자 알고리즘은 퍼지시스템에서 IF-THEN Rule을 선택하기 위한 것과 퍼지 파라메타의 멤버십 함수를 학습하기 위한 것으로 사용할 수 있다[6].

또 IF-THEN Rule에 기초한 퍼지시스템은 제어 문제에 효과적이다.

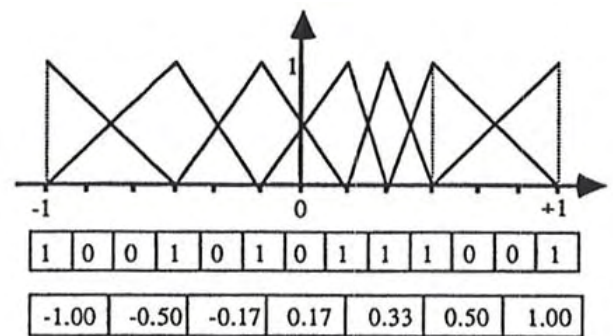
다음은 일반적인 제어 규칙을 표시한 형태예로

if E is NE and ΔE is ZO then U is PO

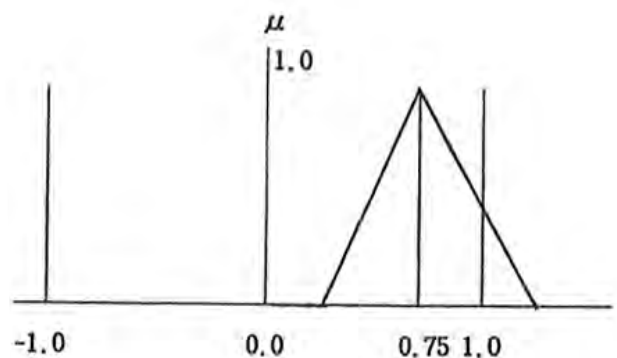
여기서 E는 오차, ΔE 는 오차의 변화, U는 제어명령이고 if~ZO는 전건부 then~후건부가 된다.



(그림 2) 퍼지제어에 사용된 퍼지구간



(그림 3) 최적화된 퍼지 구간



(그림 4) 후건부 언어 변수의 소속 함수

(그림 2)는 전건부의 소속 함수로 유전자 처리를 위한 [-1, +1]사이에 구간을 정해 부호한 것을 나타내 주고 있으며 (그림 3)은 유전자알고리즘을 이용하여, 최적화한 형태이다.

(그림 4)는 후건부 언어변수의 소속 함수를 나타낸다.

4. 유사성을 적용한 퍼지룰 선택 GA 알고리즘 구성

SFRGA 알고리즘은 다음을 고려하여 구성한다.

첫째 기존 제어기에서 표현된 모형은

$$R_2 : \text{IF } X_1 \text{ is } A_s \text{ and } X_2 \text{ is } B_s \text{ then } Y_s = a_{s0} + a_{s1}X_1 + a_{s2}X_2 (1 \leq s \leq r, r \text{은 Rule의 수})$$

여기서 X1, X2는 입력변수, y1, …, yr 은 각 Rule의 출력 변수이고 전체제어기 출력은

$$y^* = \frac{\sum_{s=1}^r \mu_s(X_1, X_2) * Y_s}{\sum_{s=1}^r \mu_s(X_1, X_2)}$$

가 되고 여기서 $\mu_s(x_1, x_2) = A_s(x_1), B_s(x_2)$ 로 나타난다. 이 같은 퍼지 제어기들은 전건부 퍼지 변수의 멤버쉽함수와 후건부 계수들의 결정이 어려운 문제점을 가지고 있는데 이를 해결하기 위해서는 다음과 같은 모형의 NDF(Network Driven Fuzzy reasoning)이 제시[10]되었다.

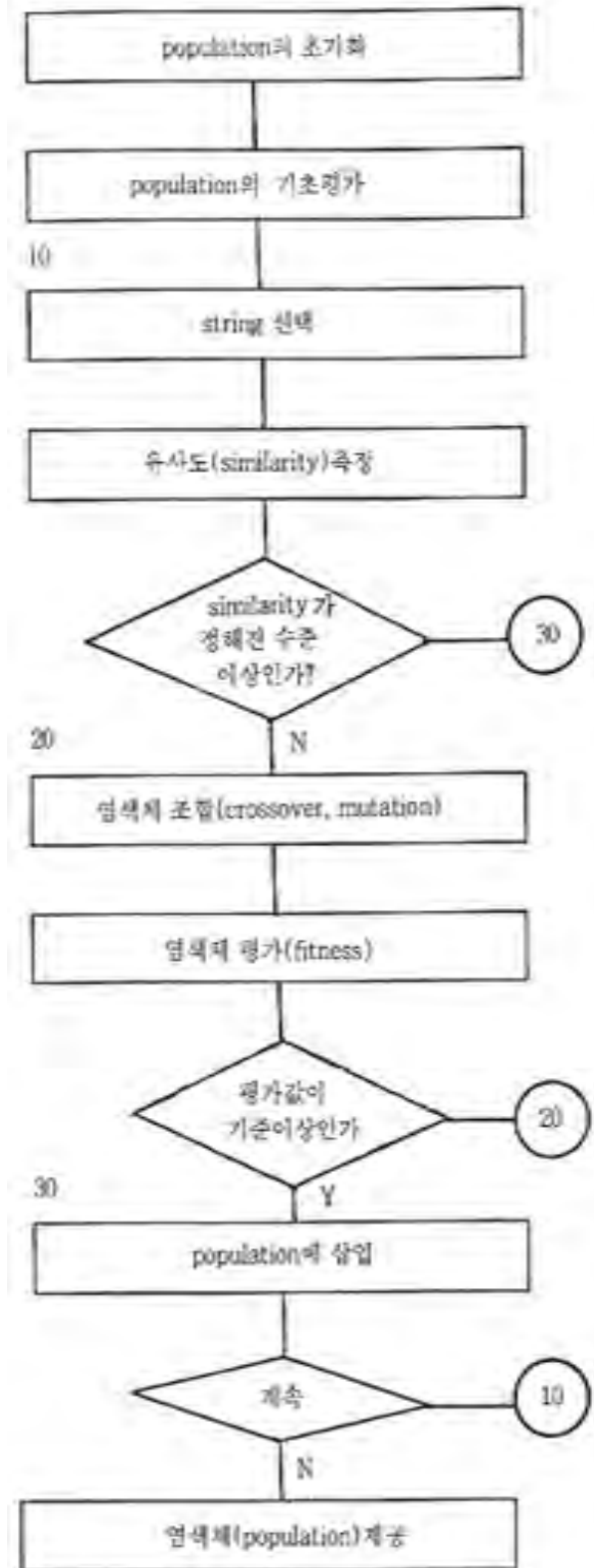
$$R_s : \text{IF } X = (X_1, \dots, X_n) \text{ is } A_s \text{ THEN } YS = \text{NNS}(X_1, \dots, X_m) \\ s=1, 2, 3, \dots, r, m \leq n (n \text{은 시스템 input의 수, } r \text{은 Rule의 수})$$

여기서 Rs 전건부와 후건부를 구성할 때 입출력 샘플을 채취하여 r개의 군(각 군은 한 개의 rule에 해당)으로 나누어야 하는데 이때 각 군(Group)에 속하는 사항을 인위적으로 편성해 왔다. 따라서 이를 보정할 필요성이 제기되는데 이는 크기, 간격의 정도를 측정함으로써 자동화가 가능하다.

둘째로 서론에서 제기한 것과 같은 이유로 조기포화현상이 발생되는데 이는 유전자 알고리즘 구현에 커다란 장애가 된다.

따라서 단축된 시간에서의 최적화된 퍼지룰의 선택과 입출력룰의 그룹화 및 조기포화 가능성 제기를 위해 유사성을 측정하여 해결하는 방안을 도입 다음과 같이 알고리즘을 구성 검토한다.

퍼지 집합에서 유사도(similarity)를 측정하는 방법은 Takefuji, Turksen, NCRI등이 있다.



(그림 5) 유사성을 적용한 유전자 알고리즘의 흐름도

NCRI(New max-min CRI)는 기존의 MAX-MIN CRI방법을 개선하여 뉴로퍼지 시스템의 설계방법론에서 제안한 것으로 본 논문에서도 모의실험 하여 비교한(그림 6)을 검토한 이를 유사도 측정 방법으로 시뮬레이션에 활용한다. 유전자 알고리즘을 위한 평가함수 (fitness)는 수학적 함

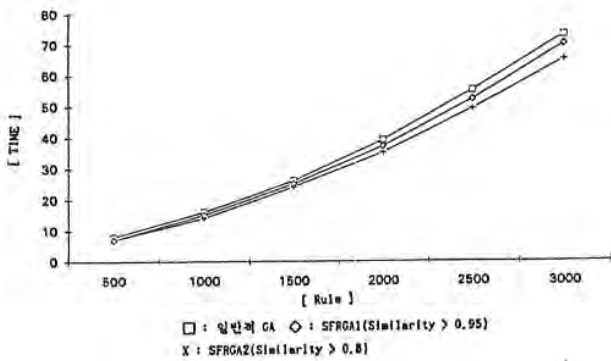
수인 f6 함수를 참고할 수 있는데 본고에서는 SFRGA 알고리즘의 수렴도 측정에 목표가 있으므로 평가함수를 0.6으로 고정한다.

5. 시뮬레이션

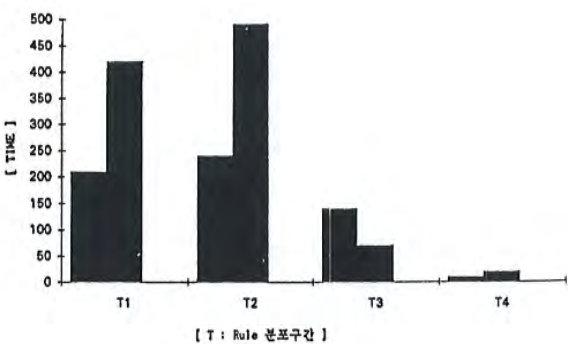
시뮬레이션 사용한 (그림 5)의 진화 과정은 다음과 같다. 첫째 설정한 모집단(population)으로부터 유사성(similarity)을 검사하여 유사도가 기준치를 통과하면 그대로 모집단에 남겨두고 둘째 유사도의 기준치를 통과 못한 유전자들은 일반적 진화과정을 거치도록 하되 먼저 상호교체(crossover)를 시행하고 불량할 경우 10회 재시도해 보며 그래도 적합(fitness)하지 못할 경우 mutation방법을 통하도록 한다.

시뮬레이션 결과 (그림 6)에서 나타난 바와 같이 일반적인 GA방법보다는 SFRGA방법이 지연시간에 있어서 우수한 결과를 얻을 수 있었으며, 따라서 빠른 응답시간을 요구하는 제어에 매우 효과적일 것으로 생각된다. 또 부수적으로 (그림 7)의 유사도 측정에 따른 룰의 분포도를 얻을 수 있어 룰의 그룹화 및 그룹의 최적화 제어점 산출 가능성을 보여준다.

유전자 집단의 크기가 작을수록 조기포화되는 현상은 실험데이터를 추출 분석해 본 결과 원래 population의 크기가 문제가 되지 않으면 예상대로 SFRGA에서는 크게 영향을 받지 않는 것으로 판단되었다.



(그림 6) SFRGA를 적용한 룰별 총 실행시간



(그림 7) 유사도에 따른 Rule 분포

6. 결론

제안된 SFRGA알고리즘이 일반적 GA알고리즘에 비해 빠른 수렴시간을 보임으로서 퍼지제어 환경에서 최적화 제어점 산출에 매우 유용한 것으로 생각되고 또한 유사도 측정 방법을 도입함으로써 NDF에 도움이 되는 자동적 그룹화가 기대되며 또 조기포화의 완화에도 효과가 있는 것으로 판단된다. 그러나 제안된 SFRGA에 대하여 지연시간 및 population 분석만으로는 단순 검토된 감이 있다. 따라서 향후 퍼지제어기에 적용해 볼 필요성과 유전자 집단의 변수(factor)에 변화를 주어 다양하고 좀 더 정밀한 검증이 요구된다.

참고 문헌

- [1] D.E. Goldberg, Genetic Algorithm in Serach, Optimization & Machine Learning, Addison-Wesley publishing co. 1989.
- [2] 백세희, 김용호, 심귀보, 전홍태, “유전알고리즘을 이용한 퍼지 베이스의 자동생성”, 전자공학회지, vol.29, pp 60-67, Mar.1992.
- [3] 박래정, 박철훈 “Genetic Algorithm에서 조기포화를 막는 방법”, 한국퍼지 시스템 학위 논문지, Apr.1993.
- [4] 한창욱,박정일,랜덤 신호기반 학습의 유전 알고리즘을 이용한 퍼지제어기 설계, Automation and System Engineering, Vol.7,No2, Feb.2001.
- [5] 남근,최재웅,최혜미,유전알고리즘-서포트 벡터 회귀를 이용한 공동주택 공사비 예측, 한국건설관리학회 논문지, Vol.15 Jul.2014.