

하이브리드 동정 알고리즘에 의한 최적 퍼지 시스템에 관한 연구

A Study on Optimal Fuzzy Systems by Means of Hybrid Identification Algorithm

박병준 · 오성권

Byoung-Jun Park and Sung-Kwun Oh

원광대학교 제어계측공학과

요 약

복잡하고 비선형적인 시스템의 규칙베이스 퍼지모델링을 위하여 퍼지시스템의 최적 동정알고리즘을 연구한다. 비선형 시스템은 퍼지모델의 입력변수와 퍼지 입력 공간 분할에 의한 구조 동정과 파라미터 동정을 통해 표현된다. 본 논문에서 규칙베이스 퍼지모델링은 비선형 시스템을 위해 퍼지추론 방법과 두 종류의 최적화 이론의 결합에 의한 하이브리드 구조를 이용하여 시스템 구조와 파라미터 동정을 수행한다. 퍼지모델의 추론방법은 간략추론 및 선형추론에 의한다. 제안된 하이브리드 최적 동정 알고리즘은 유전자 알고리즘과 개선된 캠플렉스 방법을 이용한다. 여기서, 유전자 알고리즘은 전반부 퍼지규칙의 멤버십함수의 초기 파라미터들을 결정하기 위해 사용되고, 강력한 자동 동조 알고리즘이 개선된 캠플렉스 방법은 정교한 파라미터들을 얻기 위해 수행된다. 따라서, 최적 퍼지모델을 위해 전반부 파라미터 동정에는 하이브리드형의 최적 알고리즘을 이용하고 후반부 동정에는 최소자승법을 이용한다. 또한, 학습과 테스트 데이터에 의해 생성된 퍼지모델의 성능 결과 사이의 상호 균형을 얻기 위해 하중계수를 가지는 합성 성능지수를 제안한다. 제안된 모델의 성능평가를 위해 두 가지 수치적 예를 이용한다.

ABSTRACT

The optimal identification algorithm of fuzzy systems is presented for rule-based fuzzy modeling of nonlinear complex systems. Nonlinear systems are expressed using the identification of structure such as input variables and fuzzy input subspaces, and parameters of a fuzzy model. In this paper, the rule-based fuzzy modeling implements system structure and parameter identification using the fuzzy inference methods and hybrid structure combined with two types of optimization theories for nonlinear systems. Two types of inference methods of a fuzzy model are the simplified inference and linear inference. The proposed hybrid optimal identification algorithm is carried out using both a genetic algorithm and the improved complex method. Here, a genetic algorithm is utilized for determining initial parameters of membership function of premise fuzzy rules, and the improved complex method which is a powerful auto-tuning algorithm is carried out to obtain fine parameters of membership function. Accordingly, in order to optimize fuzzy model, we use the optimal algorithm with a hybrid type for the identification of premise parameters and standard least square method for the identification of consequence parameters of a fuzzy model. Also, an aggregate performance index with weighting factor is proposed to achieve a balance between performance results of fuzzy model produced for the training and testing data. Two numerical examples are used to evaluate the performance of the proposed model.

1. 서 론

대부분의 현상들이 근본적으로 비선형성을 내포하고 있다. 따라서 선형성을 바탕으로 개발된 기존의 방법들을 이용해 이들을 해석하기에는 많은 어려움에 부딪히게 된다. 초기에는 비선형성을 근사적으로 선형화시킴으로써 이를 극복하려는 시도가 이루어졌으나 근

본적인 한계를 넘지는 못하였다. 이후 근본적으로 개념을 달리하는 다양한 시도가 이루어지고 있는데, 특히 1965년에 Zadeh에 의해 창안된 “퍼지집합” 이론은 비선형적이고 복잡한 실 시스템의 특성을 해석하는데 적용함으로써 기존의 방법보다 좋은 결과를 가져왔다.

퍼지 알고리즘과 복잡한 시스템의 언어 모델링을 이용하여 1974년 Mamdani가 제어에 응용한 것이 퍼지 제어의 시초이며, 퍼지제어를 발달시킨 것은 퍼지 알

고리즘과 언어 모델링이다. 퍼지 알고리즘이란 crisp 알고리즘을 퍼지화한 것으로 모호한 지시를 포함한다. 또한 언어 모델링이란, 복잡한 시스템의 모델링을 위해 제안된 것으로 Zadeh의 부적합성 원리에 근거를 두고 있다. 퍼지 제어기와 퍼지모델의 성능은 퍼지규칙의 구성 방법에 의존하며 보다 좋은 성능을 위해서는 퍼지규칙의 동정이 필연적이다.

퍼지시스템 이론의 발전으로 퍼지모델 동정 알고리즘의 접근 방식도 향상되었다. 1980년도 초에, 언어적 접근 방식[1,2]과 퍼지 관계 방정식에 기초한 접근방식[3,4]이 퍼지모델의 동정 방법으로써 제안되었다. 언어적 접근방식에서, Tong은 논리적 조사 방법에 의해 가스로 공정을 동정하였고[7], B. Li는 이 방법의 수정으로 더 좋은 결과를 얻는 방법[5]과 결정 데이터에 기초한 자기 학습 알고리즘을 제안하였다. 그러나 이 알고리즘은 필요한 컴퓨터 용량 및 계산시간 때문에 고계다변수 시스템의 적용에 문제점을 가지고 있다[8]. Pedrycz는 언어적 모델링에서 기준 퍼지집합 개념에 의해 해석하였고[2], T. Li등은 간단한 SISO 퍼지모델에 대한 자기학습 알고리즘을 제안하였다[8]. 퍼지관계 방정식에 기초한 접근방식에서, Pedrycz는 퍼지관계 방정식에 의해 새로운 합성규칙인 기준 퍼지집합과 Zadeh의 제한적 가능성 분포의 개념에 기초해서 동정하였고[3], Xu는 이 두 가지 방법에 기초한 기준 퍼지집합 이론과 자기학습 알고리즘에 의해 퍼지관계 모델을 구성하여 동정하였으나[5,8], 직접추론방식을 사용했기 때문에 혼합(선형)추론방식 보다 그 성능이 떨어지는 단점이 있다. Sugeno는 자신이 제안한 선형 퍼지추론식에 경험적 방법을 통한 구조동정으로 컴플렉스법과 최소자승법에 의해 시스템을 동정하였으나 [10], 전반부 구조동정에서 반복적인 퍼지분할에 의한 경험에 의존하는 문제점이 있다. 또한 퍼지 클러스터링 방법에 의해 가스로 공정을 동정하였으나[11,12], 직접 추론법에 의한 것으로 동정성능이 떨어졌으며 이 것의 개선방법으로 선형추론을 이용한 방법이 제안되기도 하였다[6].

본 논문에서는 규칙베이스 퍼지모델링을 이용한 퍼지시스템의 하이브리드 최적 동정 알고리즘이 복잡한 비선형 시스템 해석을 위해 제안된다. 제안된 규칙베이스 퍼지모델링은 비선형 시스템에 대해 퍼지 추론 방법과 최적화 이론을 이용하여 시스템에 대한 구조동정과 파라미터 동정을 수행한다. 기본구조는 규칙의 후반부를 단일 상수로 표현한 간략추론(구조 1)과 선형함수로 표현한 선형추론(구조 2)를 사용하고, 멤버쉽함수는 두 구조 모두 삼각형 형태의 멤버쉽함수를 사용한다.

최적 퍼지모델을 구축하기 위해 전반부 파라미터 동정에는 하이브리드형을 후반부 파라미터 동정에는 표준 최소자승법을 사용한다. 제안된 최적 동정 알고리즘인 하이브리드 알고리즘은 유전자 알고리즘이 가지는 한계를 극복하기 위해 유전자 알고리즘과 개선된 컴플렉스 방법이 결합한 형태이다. 여기서 유전자 알고리즘은 멤버쉽함수의 초기 파라미터 결정을 위해 사용되고 개선된 컴플렉스 방법은 이 초기 파라미터를 이용하여 정교한 튜닝에 위한 최적 파라미터를 얻는데 있다. 모델링은 주어진 시스템의 입출력 관계를 나타내는 입출력 데이터상을 이용하여 수행하게 되는데, 모든 데이터를 학습에만 사용하던 기존의 방법을 벗어나 데이터를 학습용과 테스트용으로 구분하여 퍼지모델의 성능 즉 근사화와 일반화 능력(예측능력) 모두를 고려하여 모델을 구축한다. 이를 위해 하중계수를 가진 새로운 목적함수[17,19,21]를 사용하는데, 이 목적함수(성능지수)는 데이터의 개수, 비선형성의 정도 (입출력 데이터 분포), 퍼지추론 방식 등으로부터 상호 의존성을 가진 근사화 및 예측능력의 정확도에 차이가 남으로 하중계수의 선택, 조절을 통하여 공정 시스템의 최적 모델을 구축할 수 있다.

가스로 공정의 시계열 데이터[9]와 하수처리 공정 데이터[16,19]를 제안된 규칙베이스 퍼지모델의 성능 평가를 위해 사용한다. 제안된 규칙베이스 퍼지모델의 성능을 기존의 퍼지모델링과 동정 오차면에서 비교한다.

2. 퍼지 동정 알고리즘

규칙베이스 퍼지모델의 동정은 전반부와 후반부의 동정으로 나누어진다. 전반부와 후반부 동정은 다시 구조와 파라미터 동정으로 나누어진다. 전반부 구조동정은 규칙의 입력변수의 선택과 공간의 퍼지분할(작다, 크다 등)을 결정하는 것으로 퍼지 공간 분할, 즉 퍼지 구현 규칙의 수를 정하는 것과 같다. 전반부 파라미터 동정은 멤버쉽함수의 파라미터를 설정하는 문제이다. 후반부 동정은 일반적으로 선형 시스템의 동정 문제와 같으며 후반부 변수의 선택과 파라미터를 결정하는 것이다.

퍼지모델링에서 전반부 동정, 즉 규칙의 구조 동정 및 파라미터의 동정은 비선형 시스템을 표현하는데 있어서 매우 중요하다. 다시 말하면 전반부 입력 변수의 선택과 선택된 입력 변수의 공간 분할 그리고 파라미터는 비선형 시스템의 성능을 결정하는데 많은 영향을 미친다. 따라서 본 논문에서는 퍼지모델의 최적화를 위해 입출력에 의해 유기된 데이터 분포 구조를 통해 전반부 입력 변수를 결정하고 전반부 파라미터

동정은 하이브리드형의 최적화 알고리즘을 이용하여 동정한다. 규칙의 후반부 파라미터는 표준 최소자승법(최대 피벗팅 알고리즘을 가지는 가우스 소거법)을 사용하여 결정한다.

2.1 전반부 동정

전반부 구조 동정은 변수증가법에 따라 각 변수 선택에 의한 퍼지분할의 수를 하나씩 증가시키면서 최적구조를 찾아내는 추적방법[10]이 사용되었으나, 여기에서는 전반부 구조를 미리 결정함으로써 기준의 방법에 의한 퍼지모델과 하이브리드 알고리즘에 의한 전반부 파라미터 동정에 따른 퍼지모델의 성능지수를 비교한다. 퍼지규칙의 전반부는 삼각형 멤버쉽함수와 2 입력을 사용한다. 두 입력과 출력에 의해 유기된 데이터 분포 구조로부터 퍼지규칙의 전반부 입력변수를 선택하며 멤버쉽함수로 삼각형함수를 사용한다.

2.2 후반부 동정

퍼지모델의 후반부 동정은 구조의 선택(구조 1 및 구조 2)과 그들의 파마미터를 동정하는 문제이다. 구조 1은 후반부가 단일 상수항만을 가지고, 구조 2는 후반부가 일차선형식 형태를 가진다. 각각의 후반부 구조로부터 시스템 입출력 데이터와 최소자승법을 사용하여 파라미터를 동정한다. 두 가지 구조에 의한 퍼지규칙추론과 파라미터 동정을 위한 매개변수 추정은 다음과 같다.

2.2.1 구조 1(후반부 : 상수)

후반부가 단일 상수항만을 가지는 것으로, 이와 같은 추론법을 간략추론법이라 한다. 이 퍼지모델은 아래와 같은 형태를 가지는 구현규칙들로 구성된다.

$$R^j \text{ IF } x_1 \text{ is } A_{j1} \text{ and } \dots \text{ and } x_k \text{ is } A_{jk} \text{ Then } a_{j0} \quad (1)$$

$$y_i^* = \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} y_i}{\sum_{j=1}^n w_{ji}} = \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} a_{j0}}{\sum_{j=1}^n w_{ji}} = \sum_{j=1}^n \hat{w}_{ji} a_{j0} \quad (2)$$

여기서 R^j 는 $j(j=1, \dots, n)$ 번째 규칙, $x_l(l=1, \dots, k)$ 는 입력변수, $A_{jl}(j=1, \dots, n; l=1, \dots, k)$ 는 퍼지집합의 멤버쉽함수, a_{j0} 는 상수이고 n 은 규칙 수, y_i^* 는 $i(i=1, 2, \dots, m)$ 번째 데이터의 추론된 값, w_{ji} 는 R^j 의 전반부 적합도, 그리고 \hat{w}_{ji} 는 R^j 의 정규화된 전반부 적합도이다. 후반부 파라미터 동정에서 전반부 입력변수 및 파라미터가 주어지면, PI(Performance Index)를 최소화하는 최적 후반부 파라미터를 결정할 수 있다. PI는 원 시스템의 출력 데이터와 모델의 데이터간의

차이를 의미하는 성능지수로 식(3)과 같이 정의된다.

$$PI = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m (y_i - y_i^*)^2 \quad (3)$$

여기서 y_i 는 원 시스템의 출력, y_i^* 는 퍼지모델의 출력이며 m 은 데이터 전체 수이다.

최소자승법에 의해 성능지수를 최소로하는 후반부 파라미터의 동정은 식(4)에 의해 구해진다.

$$\hat{a} = (X^T X)^{-1} X^T Y \quad (4)$$

$$\begin{aligned} x_i^T &= [w_{1i}, \dots, w_{ni}], & a^T &= [a_{10}, \dots, a_{n0}] \\ Y &= [y_1, y_2, \dots, y_m]^T, & \\ X &= [x_1, x_2, \dots, x_m]^T \end{aligned} \quad (5)$$

2.2.2 구조 2(후반부 : 일차 선형식)

후반부가 일차 선형식으로 표현된 것으로 선형추론법 또는 혼합추론법이라 한다. 이 퍼지모델은 식(6)의 형태를 가지는 구현규칙들로 구성된다.

$$R^j \text{ IF } x_1 \text{ is } A_{j1} \text{ and } \dots \text{ and } x_k \text{ is } A_{jk} \text{ Then } y = f_j(x_1, \dots, x_k) \quad (6)$$

여기서 f_j 는 입력 변수의 선형함수이다.

$$f_j = a_{j0} + a_{j1}x_1 + \dots + a_{jk}x_k \quad (7)$$

출력 y_i^* 는 구조 1에서와 같은 방법으로 결정한다.

$$\begin{aligned} y_i^* &= \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} y_i}{\sum_{j=1}^n w_{ji}} = \frac{\sum_{j=1}^n w_{ji} f_j(x_1, \dots, x_k)}{\sum_{j=1}^n w_{ji}} \\ &= \sum_{j=1}^n \hat{w}_{ji} (a_{j0} + a_{j1}x_1 + \dots + a_{jk}x_k) \end{aligned} \quad (8)$$

후반부 파라미터는 식(4)에 의해 계산된다.

$$\begin{aligned} x_i^T &= [w_{1i}, \dots, w_{ni}, x_1, w_{1i}, \dots, x_k, w_{ni}, \dots, x_k, w_{ni}], \\ a^T &= [a_{10}, \dots, a_{n0}, a_{11}, \dots, a_{n1}, \dots, a_{1k}, \dots, a_{nk}] \\ Y &= [y_1, y_2, \dots, y_m]^T, X = [x_1, x_2, \dots, x_m]^T \end{aligned} \quad (9)$$

3. 하이브리드 알고리즘을 이용한 최적화

3.1 최적화 문제

최적화에 대한 요구는 다양한 분야에서 발생하고 있고, 이를 해결하기 위한 노력 역시 끊임없이 이루어지고 있다. 대표적인 해결책은 미분과 같은 수치적 해석을 기반으로 하는 방법들로 연속적이며 극소점이 하

나인 경우에 적합한 해를 제공해주고 있다. 그러나, 실제로는 컨벡스하지 않거나 극점이 여러개이고 불연속적이며 노이즈가 포함되어 있는 등[15] 그렇지 못한 경우가 더 많은 비중을 차지하고 있다. 이러한 경우들을 해결하기 위해 기하학적 해석법이나 랜덤서치와 같은 방법들이 제시되고 있다.

최근에는 Holland가 자연계의 적응에 대해 연구하면서 정립한 유전자 알고리즘이 최적화 분야에 적용되어 눈에 띄는 결과를 보여주고 있다. 유전자 알고리즘은 최적화 문제에 있어서 향상된 성능을 가진 새로운 해들을 얻기 위해 사실적 정보를 효과적으로 이용하는 능력을 가지고 있기 때문에 매우 유용하며, 또한 복잡한 탐색 공간에서 강한 탐색 능력을 제공한다는 것이 이론상 그리고 경험적으로 증명되었다. 뿐만 아니라, 그들은 경사 하강법(gradient descent method)과는 달리 지역 극소에 빠지지 않는다. 그러나 유전자 알고리즘은 전역 극소영역을 찾을 수 있으나 전역 극소점까지 도달하지 못하는 한계성을 가지고 있다.

기하학적 해석을 기반으로 하고 있는 개선된 컴플렉스 알고리즘[19]은 기존의 최적화 이론인 심플렉스 방법을 확장한 컴플렉스 방법을 수정한 것으로 목적 함수를 최소화시키는 제약조건이 주어진다. 주어진 제약조건에 의해 개선된 컴플렉스 알고리즘은 강력한 성능을 발휘한다. 그러나 초기값 설정에 따라 시스템의 성능에 많은 영향을 미치기 때문에 개선된 컴플렉스 알고리즘 또한 초기조건의 문제를 가지고 있다.

3.2 유전자 알고리즘

Holland[15]는 파라미터 공간의 동정에 있어서 높은 성능 영역을 위해 지역 탐색 루틴에 의해 수행되는 유전자 알고리즘을 제안했다. 후에 지역 탐색 능력은 형식이 없는 돌연변이에 의해 개선되었다[14].

유전자 알고리즘은 생물학적 진화, 자연선택, 유전자 재조합, 군집 또는 개체에서 “적자생존”的 생물학 원리에 바탕을 둔 확률적 탐색 방법이다. 유전자 알고리즘은 잠재적으로 좋은 결과를 가져다주는 과정을 추적하고, 반면에 지역 극소에 빠질 가능성을 제거하기 위해 임의의 지점을 검사함으로써, 해 공간 전체를 탐색할 수 있는 능력을 가진다[13]. 유전자 알고리즘의 특징은 주어진 값을 2진 코딩하여 코딩된 문자열을 하나의 개체로 그리고 개개의 비트를 유전자처럼 취급하며, 하나의 지점부터 최적지점으로 가 아닌 동시에 여러 지점에서 최적지점을 찾아 나간다. 그리고 미분과 같은 수학적 연산이 아닌 결과의 적합도를 기준(목적함수)으로 수행되며, 결정적인 방법이 아닌 확률

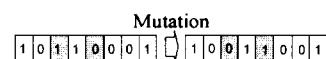
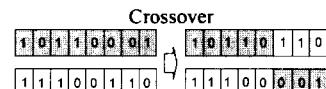


그림 1. 유전자 알고리즘 연산자

variable 1	variable 2	variable n
1101010101	0110101000	1110101011
1000011010	0110111011	0101011101
0110101001	1110101111	1101010111

그림 2. 다변수 동정 위한 적렬방식

적인 방법이다.

유전자 알고리즘은 그림 1과 같은 기본 연산자를 가지고 있다. 교배(crossover) 연산자는 두 단계의 과정을 가지는데 첫 번째 단계는 교배 유전자로부터 염색체들은 짹짓는다. 두 번째 단계로 짹지어진 문자열 쌍은 문자열의 k 위치가 $[1, l-1]$ 사이에서 확률적으로 균일하게 선택되어진다. 여기서 l 은 문자열의 길이이다. 선택된 k 와 l 사이의 모든 특성들이 교차함으로써 두 개의 새로운 문자열이 생성되는 과정으로 교배가 이루어진다. 돌연변이(mutation) 연산자는 문자열 위치의 값을 임의로 변경한다. 2진 코딩에서 돌연변이는 0을 1로 또는 1을 0으로 바꾸는 것을 의미하며 지역 극소를 벗어나는데 매우 중요한 역할을 한다. 적절하게 정의된 적합도 함수와 함께 조합된 연산자는 유전자 알고리즘의 주요 부분이 된다.

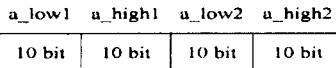
유전자 알고리즘은 확률적이거나 알려진 사양의 집합으로부터 만들어진 문자열의 군집을 가지고 3단계 평가(evaluation), 선택(selection), 재생산(reproduction) -를 통해 반복 수행된다.

본 논문에서는 퍼지추론의 방법, 삼각형 멤버쉽함수의 특성, 그리고 하중계수를 바탕으로 퍼지모델을 최적화한다. 모델의 정도를 높이기 위해 유전자 알고리즘을 이용하여 퍼지추론의 전반부 파라미터를 동정한다.

제안된 모델의 최적화를 위하여 사용된 유전자 알고리즘은 2진(binary)형의 적렬방식(그림 2)을 사용하며, 선택연산으로는 룰렛-휠(roulette-wheel)방식, 교배연산은 1점 교차(one-point crossover) 연산을 사용한다. 그리고 돌연변이 연산은 선택된 비트를 반전시키는 인버트(invert)방식을 사용한다. 세대는 100세대, 군집은 60개체까지 진행시켰으며, 각 문자열의 길이는 10비트를, 교배율은 0.6, 돌연변이 발생율은 0.35를 사용한다. 그림 3은 모델의 최적화를 위해 사용된 유전자 알고리즘의 데이터 구조를 보여준다.

Cromosome	Genetic or Individual	Population
'0' 또는 '1'	1001110111 0101100010 0111010111	1001110111 0101100010 0111010111

(a) 유전자 알고리즘의 데이터 구조



(b) 4변수 동정을 위한 유전자(개체) 구조

그림 3. 모델 최적화를 위한 유전자알고리즘의 데이터 구조

3.3 개선된 컴플렉스 방법

컴플렉스 방법[2]에 기준의 최적화 이론인 심플렉스 개념을 확장, 융합함으로써 수정된 컴플렉스 방법[19]을 이용한다. 이 컴플렉스 방법은 목적함수를 최소화시키는 방법인 심플렉스 방법에 제약조건이 주어지는 경우로 식(10) 형태의 수식을 풀기 위해 반사, 확장, 축소의 각 단계를 반복 수행함으로써 수렴성을 보다 향상시켰다.

$$\text{Minimize } f(X)$$

$$\text{Subject to } g_j(X) \leq 0, j=1, 2, \dots, m$$

$$x_i^{(l)} \leq x_i \leq x_i^{(u)} \quad i=1, 2, \dots, n \quad (10)$$

3.4 하이브리드 알고리즘

유전자 알고리즘은 위에서 설명했듯이 다른 알고리즘에 비해 전역극소를 찾을 확률이 높기 때문에 모델의 최적화 기법 중에서 뛰어난 성능을 발휘하고 있다. 그러나 유전자 알고리즘은 전역극소 근처에 접근하는 능력은 뛰어나지만 자연계의 동적인 안정을 찾기 위해 고안된 알고리즘이기 때문에 공학적으로 추구하는 정적인 안정점을 찾기에는 부족한 면이 있다. 다시 말하면 많은 최소점의 지역 극소를 제거하고 반면에 모델의 성능지수가 최소가 되는 전역 극소 영역을 찾지만 탐색 능력의 한계성 때문에 전역 극소점을 도달하는데 어려움을 겪는다.

또한 기하학적 개념, 즉 반사, 확장, 축소 기본개념을 바탕으로 하는 컴플렉스 방법은 초기값의 영향을 많이 받기는 하지만 초기값에 대응하는 극소점을 찾기가 용이한 반면 초기값 설정에 많은 어려움이 있다. 즉, 잘못된 초기값 설정은 결과적으로 지역 극소에 빠지게 된다.

따라서 유전자 알고리즘과 컴플렉스 방법의 장점을 이용하여 상호 결합된 하이브리드 알고리즘은 아래 기술된 각 알고리즘의 단점 및 한계성을 극복하여 보다

최적화된 모델 구조의 생성 효과를 얻을 수 있다.

1) 유전자 알고리즘에서는 탐색영역이 넓어 광범위한 영역에서 최적값 추출이 용이한 반면, 컴플렉스 방법은 제한된 영역 및 경계조건에서만이 멤버쉽함수의 최적 파라미터를 추출할 수 있을 뿐이다. 즉, 퍼지규칙의 전반부 적합도 계산시 멤버쉽함수 파라미터의 제한 영역을 벗어나는 경우에 "0"의 값 발생에 따른 오버플로우(overflow) 현상이 자주 발생한다.

2) 유전자 알고리즘은 전역 극소 영역 발견이 용이하나 그 영역에서 최저값을 가지는 최적점 선택에 어려움이 있는 반면에 컴플렉스 방법은 제한된 영역에서 최적점 추출이 용이하다.

3) 유전자 및 컴플렉스 알고리즘을 이용해 퍼지규칙 전반부 멤버쉽함수의 파라미터를 추출하여 최종 퍼지규칙의 출력력을 구하는 경우에, 유전자 알고리즘은 생물학적 연산에 의한 최적화 기법으로 초기값 설정이 넓은 탐색영역에서도 최적 파라미터 추출이 용이한 반면, 컴플렉스 방법은 기하학적 연산에 의한 최적화개념으로 입력출력 데이터 분포에 따른 멤버쉽함수의 파라미터가 일정영역 및 경계를 벗어나는 초기치 설정에 의해서는 최적 파라미터 발견의 어려움은 물론 퍼지규칙의 적합도 계산 오차에 따른 최종출력을 얻을 수 없는 경우가 많다. 이는 앞서 설명한 첫째 및 둘째의 특성에 기인하여 발생됨을 알수 있다.

따라서 컴플렉스 알고리즘에서 사용되는 초기값을 유전자 알고리즘으로 구하여 컴플렉스 알고리즘의 초기값 문제에 따른 어려움과 유전자 알고리즘의 탐색능력의 한계성을 극복한다. 따라서, 유전자 및 컴플렉스 알고리즘의 합성에 의한 하이브리드 구조에 의해 퍼지규칙의 멤버쉽함수 파라미터의 자동 튜닝으로부터 최적 퍼지모델을 구축할 수 있다.

3.5 하증계수를 가진 목적함수

기존에 제시된 지능형 모델링 방법은 대부분 학습용 데이터 집합만을 사용하여 대상 공정의 모델을 구축하여 주어진 데이터에 의해서만 성능향상을 피하였기 때문에 실 공정에 적용하여 많은 오차를 발생시키고 정확한 예측 능력을 가지지 못하였다. 이러한 현상은 비선형 공정인 경우 더욱 문제가 된다. 이러한 문제를 해결하기 위하여 여러 방법이 제안되고 있는데 가장 간단한 방법은 테스트 데이터를 공정 모델에 적용시켜 가장 우수한 모델을 선정하는 것이다. 그러나 이것 또한 공정 모델에 대한 평가를 정확히 반영하지 못한다.

따라서 본 연구에서는 주어진 데이터를 이용하여 퍼지 모델링하고 퍼지규칙을 추출한 다음, 그 생성된 모

델에 테스트 데이터를 사용하여 모델을 평가하고 최적모델을 추출한다. 또한 목적함수로 각 성능 지수에 하중계수를 가지는 목적함수 $f(PI, E_PI)$ 를 사용한다 [19,21]. 즉 학습 데이터와 테스트 데이터에 의한 각 성능지수에 하중계수를 곱한 합성 목적함수로써 아래와 같이 정의되며 제안된 하이브리드 알고리즘의 목적함수로 사용한다.

$$f(PI, E_PI) = \theta \times PI + (1 - \theta) \times E_PI \quad (11)$$

θ 와 $(1 - \theta)$ 는 각각 PI 와 E_PI 에 대한 하중계수이다. PI 는 학습 데이터에 대한 성능지수를, E_PI 는 테스트 데이터에 대한 성능지수를 의미한다.

4. 실험적 연구

이 장에서는 퍼지 모델링에 이용되었던 몇 가지의 잘 알려진 데이터 집합을 가지고 모델을 구현하고 평가한다. 실험 데이터로 가스로 공정 데이터[9]와 하수처리 공정 데이터[16,19]를 사용한다.

4.1 가스로 공정

제안된 규칙 베이스 퍼지모델링을 Box와 Jenkins가 사용한 가스로 시계열 데이터[9]에 적용한다. 입출력 데이터 296쌍을 이용하여 가스 흐름율과 연소된 이산화탄소 농도의 가스로 공정을 퍼지모델링한다. 메탄 가스 흐름율($u(t)$)은 실험에서 -2.5에서 2.5로 변하는 것을 사용하나 실제 공정에서 메탄 가스 흐름율($u_m(t)$)은 식(12)에 의해 0.5에서 0.7로 변한다. u 는 입력으로 메탄 가스 흐름율이고 출력 y 는 이산화탄소 농도이다.

$$u_m(t) = 0.60 - 0.048 \times u(t) \quad (12)$$

그림 4는 입출력 데이터 집합에 의해 유기된 데이

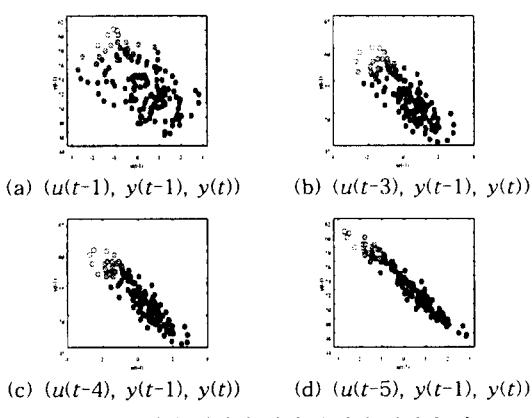


그림 4. 데이터 집합에 의해 유기된 데이터 점들

터의 분포 구조를 보여준다. 이 데이터 분포 구조로부터 데이터 집합 $(u(t-3), y(t-1), y(t))$ 및 $(u(t-4), y(t-1), y(t))$ 을 선택하였으며 이외의 $(u(t-1), y(t-1), y(t))$, \dots , $(u(t-5), y(t-1), y(t))$ 그리고 $(u(t-3), y(t-2), y(t))$, $(u(t-3), y(t-3), y(t))$ 등에 의한 데이터 분포는 덜 균일하고 흩어진 분포구조로 선택된 데이터 집합보다 모델 성능이 현저히 떨어진다.

따라서 퍼지모델 구축을 위해 퍼지규칙 전반부 퍼지입력 변수로 그림 4(b), (c)의 입출력 데이터 분포를 가지는 변수를 이용한다. 또한 가스로 공정의 데이터 집합은 학습 데이터와 테스트 데이터로 나누어 퍼지추론에 의해 모델링하고 제안된 하이브리드 알고리즘에 의해 모델은 최적화된다. 제안된 퍼지 모델은 각 입력변수에 대해 2개의 멤버쉽함수를 가진 4개의 규칙으로 구성된다.

퍼지모델의 후반부 구조는 앞 절에서 언급한 구조 1, 2를 사용한다. 후반부 파라미터 동정으로 최대 피벗팅(maximal pivoting) 알고리즘을 가지는 가우스 소거법에 의한 표준 최소자승법을 사용한다. 표 1과 2는 유전자 알고리즘과 하이브리드 알고리즘을 이용

표 1. 구조 1의 성능지수

입력	입력	θ	Complex		GA		Hybrid	
			[17,19]	PI	E_PI	PI	E_PI	PI
$u(t-3)$	$y(t-1)$	0.0	0.112	0.306	0.117	0.306	0.115	0.305
		0.25	0.055	0.316	0.056	0.316	0.056	0.316
		0.5	0.024	0.328	0.023	0.344	0.024	0.329
		0.75	0.023	0.331	0.022	0.335	0.023	0.331
		1.0	0.022	0.335	0.022	0.335	0.022	0.335
$u(t-4)$	$y(t-1)$	0.0			0.180	0.313	0.093	0.363
		0.25			0.141	0.320	0.090	0.363
		0.5			0.085	0.384	0.082	0.368
		0.75			0.082	0.368	0.082	0.368
		1.0			0.080	0.377	0.080	0.377

표 2. 구조 2의 성능지수

입력	입력	θ	Complex		GA		Hybrid	
			[17,19]	PI	E_PI	PI	E_PI	PI
$u(t-3)$	$y(t-1)$	0.0	0.023	0.306	0.031	0.278	0.018	0.262
		0.25	0.023	0.306	0.029	0.283	0.018	0.263
		0.5	0.022	0.326	0.018	0.264	0.018	0.265
		0.75	0.022	0.331	0.018	0.279	0.018	0.264
		1.0	0.022	0.333	0.018	0.350	0.017	0.289
$u(t-4)$	$y(t-1)$	0.0			0.086	0.216	0.073	0.251
		0.25			0.097	0.242	0.070	0.230
		0.5			0.072	0.220	0.068	0.238
		0.75			0.073	0.266	0.071	0.231
		1.0			0.067	0.272	0.067	0.306

하여 퍼지 입력공간의 파라미터를 동정한 성능지수이다. 또한 이들은 하중계수를 가진 목적함수에서 θ 의 선택에 따른 각 모델의 성능지수를 포함한다.

표 1과 2에서 보여지는 것처럼 제안된 모델은 구조 1에서 보다는 구조 2에서 향상된 성능을 보여준다. 이것은 구조 1이 그림 4(b), (c)에서 보듯이 균일한 데 이타 분포 구조와 규칙 후반부가 상수항으로 표현되어 데이터 입력 출력 상호관계가 미약하기 때문에 최적화에 있어서 제안된 하이브리드 구조가 유전자 알고리즘 및 기존 방법을 사용했을 때와 비슷한 성능을 나타내지만, 구조 2는 입력 출력 관계가 1차 선형식으로 표현되는 선형추론으로 최적화 성능이 향상됨을 볼 수 있다. 이와 같이 공정의 입력 출력 데이터 분포 구조가 어느 정도 균일하고 비선형 정도가 약한 경우에 퍼지 규칙의 후반부가 상수항인 경우보다 입력변수들의 상호관계를 더 잘 표현하는 선형식인 경우가 더욱 퍼지 모델의 정확도를 높일 수 있음을 알 수 있다. 또한 표 1과 표 2에서 볼 수 있듯이 하중계수 선택, 조절에 의해 근사화 및 예측성능을 고려한 설계자의 의도를 반영함으로써 좀 더 나은 모델을 구축할 수 있다.

여기서, 최적의 퍼지모델을 위해 입력이 $u(t-3)$, $y(t-1)$ 일 때, 구조 2의 $\theta=1.0$ 을 선택하였다. 이때 학습 성능지수는 0.017이고 테스트 성능지수는 0.289이다. 선택된 모델에 대하여 그림 5와 6은 각 입력 변수에 대한 멤버쉽함수의 파라미터 탐색과정과 동정된 파라미터를 보여준다. 하이브리드 알고리즘에 의한 퍼지모

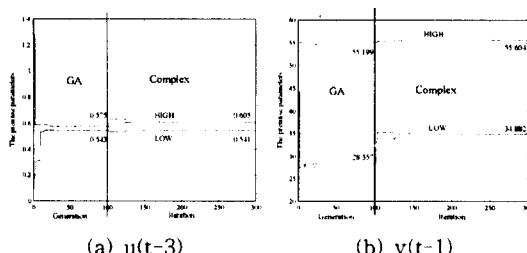


그림 5. 하이브리드 알고리즘에 의한 구조 2에서 멤버쉽함수의 파라미터 탐색과정($\theta=1.0$)

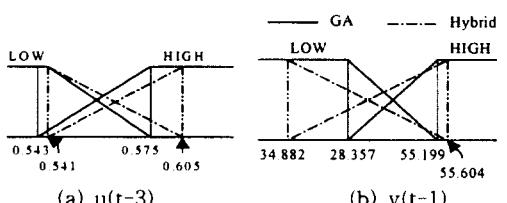


그림 6. 구조 2의 동정된 멤버쉽함수의 파라미터($\theta=1.0$)

델의 최적화 탐색과정은 그림 7에서 보여준다.

표 3은 기존의 퍼지모델과 동정 오차를 비교하여 보여준다. Tong[7], Pedrycz[2], Xu[5], Sugeno[8]의 모델은 학습 데이터에 대한 성능지수 결과(PI)만을 보여주며, 이를 모델 성능과 양측을 다 고려한 Oh[17, 19]의 모델과 비교시 학습 데이터만 사용한 경우에 Oh의 PI보다 성능이 좋지 않음을 알 수 있다. 본 논문에서 제안된 하이브리드 및 GA 모델은 Oh의 모델과 비교시 학습 및 테스트 데이터에 의한 모델 성능이 우수함을 알 수 있고, 특히 선형추론 구조에서 예측성능이 보다 우수함을 알 수 있다. 여기서 Oh의 모델은 최적화 알고리즘인 개선된 캠플렉스만을 사용한 모델이다.

4.2. 하수처리 공정

본 논문에서는 수도권 하수처리장 중의 하나를 모델로 설정하여 이 처리장의 1년치 수질 데이터를 토대로 활성오니공정을 앞 절에서 제안한 퍼지 추론에 의해 퍼지모델링을 하고 하이브리드 알고리즘으로 모델을 최적화한다.

하수처리에는 활성오니공정[16,19,21]이 일반적으로

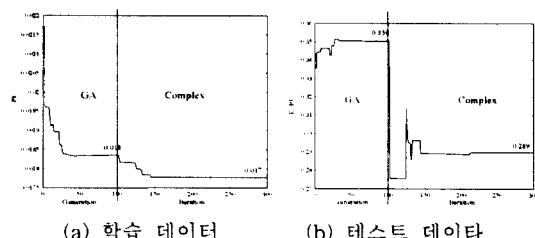


그림 7. 하이브리드 알고리즘을 이용한 구조 2에서 최적화 탐색과정($\theta=1.0$)

표 3. 기존 퍼지모델과 동정 오차 비교

Model name	Inference Method	PI	E_PI	Total No. of rules
Tong's model[7]		0.469		19
Pedrycz's model[2]		0.776		20
Xu's model[5]		0.328		25
Sugeno's model[8]		0.355		6
Oh's model [17,19]	Simplified	0.149		6
	Linear	0.024	0.328	4
		0.134		4
	Linear	0.022	0.326	4
Proposed model (GA)	Simplified	0.023	0.344	4
	Linear	0.018	0.264	4
Proposed model (Hybrid)	Simplified	0.024	0.329	4
	Linear	0.018	0.265	4

사용되고 있다. 하수처리 공정에서 침사지와 최초 침전지를 통과한 처리수에 잔존 용해 물질과 고형물은 활성오니처리(Activated Sludge Process : ASP)를 함으로써 유출수 수질의 질적 변화를 향상시킬 수 있다. 활성오니공정은 침사지, 최초 침전지, 폭기조 및 최종 침전지를 포함한다. 침사지와 최초 침전지에서는 하수 중에 포함된 혼탁물질의 입자가 중력에 의해 침강된다. 폭기조에서는 수 시간 연속적으로 하수중에 공기가 흡입된다. 유기물 제거의 중심을 이루는 미생물은 폭기조의 과정에서 자연 발생하는 다 종류의 미생물 군이고 이를 활성오니라 한다. 응집한 미생물의 덩어리를 플록(floc)이라 한다. 활성오니는 폭기조내 공기로부터 용해한 산소에 의해 유기물을 생물화학적으로 산화해서 증식하고 대사과정에서 유기물을 물과 탄산 가스로 분해한다. 최종 침전지에서 플록(floc)은 침강 제거되고 맑은 물이 3차 처리 공정으로 유입된다. 한편 최종 침전지에서 침강한 미생물은 폭기조 입구에서 재순환 되어 다시 유기물 제거에 사용된다.

본 논문에서는 활성오니공정을 폭기조 및 최종 침전지를 하나의 단일 모델로 설정하여, 실제 최초 침전지로 유입되는 생물학적 산소요구량 및 유입수의 부유물 농도를 측정하고, 최종침전지에서 유출되는 생물학적 산소요구량 및 부유물 농도를 통하여 하수처리 정도를 비교한다. 모델은 MLSS, WSR, RRSP, DOSP를 입력으로 하고, ESS를 출력으로 하는 4입력 1출력 구조를 가진다. 하수처리 공정으로부터 얻어진 52개 데이터를 이용하여 전반부 26개는 학습 데이터로, 후반부 26개는 테스트 데이터로 이용한다.

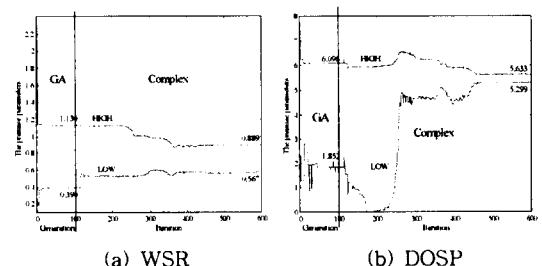
폐지모델의 후반부는 구조 1, 2를 사용하며, 후반부 파라미터 동정으로 최소자승법을 사용한다. 표 4는 구조 1에 대해 유전자 알고리즘에 의한 폐지 입력공간의 파라미터 값을 동정한 성능지수와 하이브리드 알고리즘을 이용한 성능지수를 비교하여 보여준다. 이것은 또한 각 입력에 대한 θ 의 선택에 따른 폐지모델의 성능지수를 포함한다.

구조 1에서는 하이브리드 알고리즘에 의한 최적 모델로 $\theta = 0.5$ 일 때 WSR(2), DOSP(4) 입력을 선택하였으며, 이 때 학습 성능지수는 12.395이고 테스트 성능지수는 11.752이다. 선택된 모델에 대한 멤버쉽함수의 파라미터 탐색과정은 그림 8에, 동정된 파라미터는 그림 9에서 볼 수 있다. 그림 10는 하이브리드 알고리즘에 의한 폐지모델의 최적화 탐색과정을 보여준다.

또한 구조 2의 성능지수는 표 5에 보였다. 이 하수 처리 공정은 앞서 설명한 가스로 공정보다 입출력 데이터 분포가 균일하지 않고 분산되어 있는 것으로 보아 비선형이 강한 특성을 가지므로 본 논문에서 제안

표 4. 구조 1의 성능지수(MLSS:1, WSR:2, RRSP:3, DOSP:4)

입력	입력	θ	Complex		GA		Hybrid (GA+Complex)	
			PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI
1	2	0.0	13.90	16.16	13.24	14.00	13.44	12.20
		0.25	13.75	16.18	13.78	14.20	12.54	12.12
		0.5	13.72	16.20	12.84	14.15	12.40	12.20
		0.75	13.65	16.32	12.76	14.25	12.05	12.64
		1.0	7.93	17.37	12.72	14.80	11.96	13.24
1	3	0.0			13.13	13.47	13.19	13.43
		0.25			12.91	13.49	12.92	13.46
		0.5	13.03	13.25	12.87	13.53	12.80	13.56
		0.75			11.73	15.33	11.72	15.36
		1.0			9.91	117.70	9.53	156.13
1	4	0.0			15.71	16.37	16.14	15.62
		0.25			15.60	16.40	15.67	15.54
		0.5	16.28	10.60	14.60	17.12	14.34	16.30
		0.75			13.28	19.86	11.87	21.44
		1.0			12.99	21.91	11.05	25.24
2	3	0.0			15.32	13.39	15.21	12.48
		0.25			15.29	13.41	14.20	12.68
		0.5	19.14	16.90	15.22	13.47	14.19	12.69
		0.75			15.13	13.65	14.14	12.79
		1.0			14.64	16.94	13.60	15.36
2	4	0.0			15.98	14.18	13.13	11.00
		0.25			15.98	14.18	13.13	11.05
		0.5	14.28	10.13	15.65	14.34	12.39	11.75
		0.75			14.12	17.38	12.72	16.39
		1.0			14.06	17.71	11.41	15.69
3	4	0.0			19.11	15.70	18.99	14.92
		0.25			18.09	15.74	17.53	14.72
		0.5	17.34	14.81	17.85	15.88	17.34	14.81
		0.75			16.66	18.30	14.70	19.53
		1.0			16.68	18.29	14.69	19.57

그림 8. 하이브리드 알고리즘에 의한 구조 1에서 멤버쉽함수의 파라미터 탐색과정($\theta = 0.5$)

한 하이브리드 알고리즘에 의해 폐지규칙의 후반부가 상수항보다는 입력변수들의 상호관계(correlation)를 더

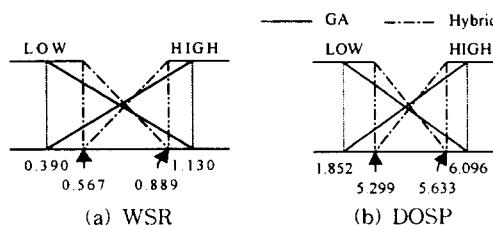
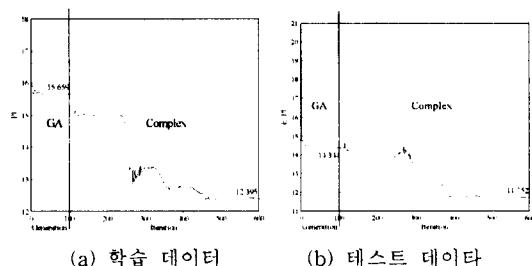
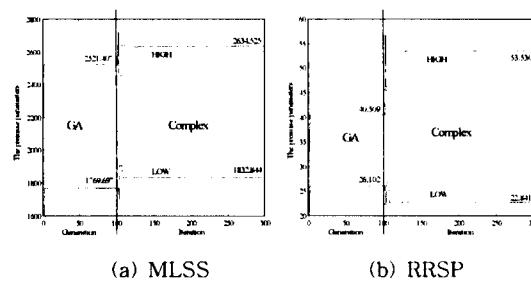
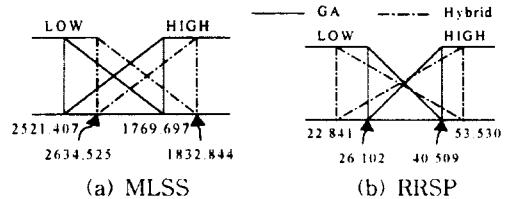
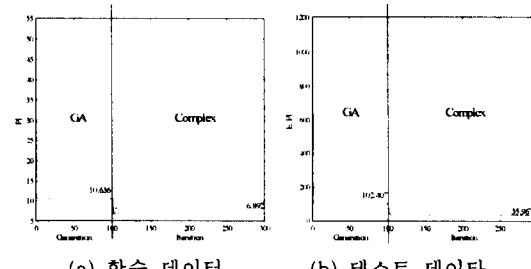
그림 9. 구조 1의 동정된 멤버쉽함수의 파라미터($\theta = 0.5$)그림 10. 하이브리드 알고리즘을 이용한 구조 1의 최적화 탐색과정($\theta = 0.5$)

표 5. 구조 2의 성능지수

입력 입력	θ	Complex [17,19]		GA		Hybrid(GA+Complex)	
		PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI
1 2	0.0	6.39	53.19	6.09	43.81	11.45	19.31
	0.25	6.39	53.19	6.11	43.16	11.38	20.77
	0.5	6.39	54.23	7.08	32.97	7.15	24.65
	0.75	6.39	54.59	6.13	42.39	11.22	20.91
	1.0	2.01	252.08	2.88	980.63	5.91	511.28
1 3	0.0			13.31	65.58	9.03	23.44
	0.25			13.31	65.58	9.03	23.33
	0.5	2.73	88.81	13.31	65.58	5.80	49.12
	0.75			10.63	102.40	6.89	35.96
	1.0			0.44	29841.63	6.63	41.09
1 4	0.0			11.69	30.78	12.01	17.90
	0.25			9.32	30.81	12.01	17.90
	0.5	5.02	83.89	7.55	26.15	7.77	25.26
	0.75			7.78	25.24	9.06	26.02
	1.0			1.97	2283.51	7.70	70.20
2 3	0.0			8.66	22.33	9.06	15.64
	0.25			8.70	22.06	9.05	15.64
	0.5	8.04	111.11	8.65	26.56	8.46	20.98
	0.75			8.58	21.92	8.63	16.46
	1.0			0.85	8702.67	4.13	5529.07
2 4	0.0			6.43	30.67	11.81	16.53
	0.25			6.10	26.91	11.81	16.53
	0.5	7.87	46.39	6.87	28.59	6.33	26.71
	0.75			6.10	27.11	8.63	16.47
	1.0			3.21	822.61	10.96	593.31
3 4	0.0			7.18	39.35	8.56	14.27
	0.25			3.80	33.18	8.4	14.26
	0.5	4.25	32.88	4.13	66.81	8.48	21.28
	0.75			3.25	41.45	8.19	14.62
	1.0			1.52	71.56	7.36	50.03

잘 표현하는 선형식인 경우가 더욱 정확도를 높일 뿐만 아니라, 유전자 알고리즘 및 기존 방법보다도 예측 성능을 월등히 개선시킬 수 있음을 알 수 있다. 구조 2에서는 최적 퍼지모델로 $\theta = 0.75$ 일 때 입력으로 MLSS(1)와 RRSP(3)를 선택하였으며 이때 모델의 학습 성능지수는 6.892이고 테스트 성능지수는 35.967이다. 선택된 모델에 대해 그림 11과 12는 멤버쉽함수의 파라미터 탐색과정과 동정된 파라미터이다. 그림 13은 하이브리드 알고리즘에 의한 퍼지모델의 최적화 탐색과정이다.

표 6은 기존 퍼지모델과 동정 오차를 비교하였다. 제안된 하이브리드 모델은 Oh의 모델(complex 알고리즘에 의한 모델)과 유전자 알고리즘에 의한 모델보다 두 퍼지추론 구조 양측 모두에서 성능이 개선됨을 알 수 있고, 특히 예측성능의 향상을 꾀할 수 있다.

그림 11. 하이브리드에 의한 구조 2에서 멤버쉽함수 파라미터 탐색과정($\theta = 0.75$)그림 12. 구조 2의 동정된 멤버쉽함수의 파라미터($\theta = 0.75$)그림 13. 하이브리드 알고리즘에 의한 구조 2의 최적화 탐색과정($\theta = 0.75$)

또한 선형추론에 있어서 규칙 수를 증가시키면 학습 성능은 향상되나 테스트 성능 면에서는 큰 오차를 발생시킬 수 있다. 이것은 입력 수를 증가 시켰을 때도 같은 결과를 보여주고 있다. 입력이 증가되면 규칙 수가 증가되고 간략추론에서는 입력을 두 개로 선택했을 때와 비슷한 결과를 얻었으며 선형추론에서는 과도 추종으로 인해 테스트 데이터에 대한 큰 오차가 발생한다. 따라서 제안된 하이브리드 모델은 적은 입력으로도 모델의 특성을 잘 표현할 수 있고 적은 규칙으로 좋은 성능을 보여줄 수 있다.

이상에서 언급한 바와 같이 본 논문에서 사용된 개선된 캠플렉스 및 GA 동정 알고리즘을 통해 동정오차를 줄임으로써 학습 데이터에 의한 성능개선은 물론 테스트 데이터에 의한 성능 즉 예측기능을 보다 향상시킨 퍼지모델을 구축할 수 있음을 알 수 있다.

5. 결 론

본 논문에서는 하이브리드 알고리즘과 하중계수를 가지는 목적함수를 이용하여 최적의 퍼지규칙을 생성하는데 있어서 효과적인 동정 기법을 보였다. 하이브리드 알고리즘을 이용하여 유전자 및 캠플렉스 알고리즘이 가진 각 단점과 한계성을 극복함으로써 퍼지 규칙 전반부 멤버쉽함수의 파라미터 값을 자동 동조하여 최적 퍼지모델을 구현하였다. 또한, 퍼지 추론방법의 두 구조(간략구조 1), 선형구조 2)와 삼각형 멤버쉽함수 사용에 의한 효과와 분석을 통해 각각의 최적 퍼지모델 구조의 유용성 및 타당성 평가를 시도하였다. 즉, 실험 예에서 볼 수 있듯이 본 논문에서는 복잡한 비선형 시스템에 대해 하이브리드 동정 알고리즘을 이용하여 최적 퍼지모델을 설계할 수 있었으며, 특히 입출력 데이터 분포 구조 즉 비선형성이 강

표 6. 기존 퍼지모델과 동정 오차 비교

Model	Inference Method	PI	E_PI	No. of rules (Membership of each variable)	Input variables
Oh's model [17,19]	Simplified	13.72	16.20	4 (2*2)	
		14.10	16.56	6 (3*2)	MLSS, WSR
		12.80	15.91	8 (4*2)	
		12.62	12.56	8 (2*2*2)	MLSS, WSR, DOSP
	Linear	7.51	20.94	16(2*2*2*2)	MLSS, WSR, RRSP, DOSP
		6.39	54.23	4 (2*2)	
		1.46	8.06e+4	6 (3*2)	MLSS, WSR
		0.001	923.32	8 (4*2)	
Proposed model (GA)	Simplified	2.22	1.05e+3	8 (2*2*2)	MLSS, WSR, DOSP
		3e-4	800.81	16(2*2*2*2)	MLSS, WSR, RRSP, DOSP
		12.84	14.15	4 (2*2)	
		12.31	13.11	6 (3*2)	MLSS, WSR
		12.75	17.58	8 (4*2)	
	Linear	10.61	15.27	8 (2*2*2)	MLSS, WSR, DOSP
		6.48	15.90	16(2*2*2*2)	MLSS, WSR, RRSP, DOSP
		7.08	32.97	4 (2*2)	
		2e-4	187.91	6 (3*2)	MLSS, WSR
		1.3e-3	1.01e+3	8 (4*2)	
Proposed model (Hybrid)	Simplified	2e-4	341.67	8 (2*2*2)	MLSS, WSR, DOSP
		0.0	219.68	16(2*2*2*2)	MLSS, WSR, RRSP, DOSP
		12.40	12.20	4 (2*2)	
		11.36	10.73	6 (3*2)	MLSS, WSR
		12.35	16.44	8 (4*2)	
	Linear	12.04	12.61	8 (2*2*2)	MLSS, WSR, DOSP
		6.67	15.41	16(2*2*2*2)	MLSS, WSR, RRSP, DOSP
		7.15	24.65	4 (2*2)	
		5e-5	132.48	6 (3*2)	MLSS, WSR
		1.8e-3	638.85	8 (4*2)	
		9e-6	212.43	8 (2*2*2)	MLSS, WSR, DOSP
		1e-6	120.10	16(2*2*2*2)	MLSS, WSR, RRSP, DOSP

한 정도에 따른 각 퍼지추론 구조 특성과 퍼지모델 성능면에서, 규칙 후반부 입력 변수들의 상호 연관관계 및 합성 목적함수를 통하여 성능결과를 분석, 고찰함으로 효율적이고 안정된 최적 퍼지모델을 구축할 수 있었다. 또한 하중계수를 가지는 목적함수에 의해 퍼지모델의 근사화와 일반화 사이에서 최적 성능결과에 대한 해석을 시도함으로써 모델의 근사화와 일반화 사이에 상호 연계를 통한 최적화 향상을 위한 방향을 제시하였다.

참고문헌

- [1] R. M. Tong, "Synthesis of fuzzy models for industrial processes", *Int. J. Gen. Syst.*, Vol. 4, pp. 143-162, 1978.
- [2] W. Pedrycz, "An identification algorithm in fuzzy relational system", *Fuzzy Sets Syst.*, Vol. 13, pp. 153-167, 1984.
- [3] W. Pedrycz, "Numerical and application aspects of fuzzy relational equations", *Fuzzy Sets Syst.*, Vol. 11, pp. 1-18, 1983.
- [4] E. Czogola and W. Pedrycz, "On identification in fuzzy systems and its applications in control problems", *Fuzzy Sets Syst.*, Vol. 6, pp. 73-83, 1981.
- [5] C. W. Xu, "Fuzzy system identification", *IEEE Proceeding* Vol. 126, No. 4, pp. 146-150, 1989.
- [6] M. Sugeno and T. Yasukawa, "Linguistic modeling based on numerical data", *IFSA'91 Brussels, Computer, Management & System Science*, PP. 264-267, 1991.
- [7] R. M. Tong, "The evaluation of fuzzy models derived from experimental data", *Fuzzy Sets Syst.*, Vol. 13, pp. 1-12, 1980.
- [8] C.W. Xu and Y. Zailu, "Fuzzy model identification self-learning for dynamic system", *IEEE Trans. on Syst. Man, Cybern.*, Vol. SMC-17, No. 4, pp. 683-689, 1987.
- [9] Box and Jenkins, "Time Series Analysis, Forecasting and Control", Holden Day, SanFrancisco, CA.
- [10] T. Takagi and M. Sugeno, "Fuzzy identification of systems and its applications to modeling and control", *IEEE Trans. Syst. Cybern.*, Vol. SMC-15, No. 1, pp. 116-132, 1985.
- [11] M. A. Ismail, "Soft Clustering Algorithm and Validity of Solutions", *Fuzzy Computing Theory, Hardware and Applications*, edited by M. M. Gupta, North Holland, pp. 445-471, 1988.
- [12] L. X. Xuanli and B. Gerado, "Validity measure for fuzzy cluster", *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, Vol. PAMI-13, No. 8, pp. 841-847, Aug. 1991.
- [13] David E. Goldberg, "Genetic Algorithms in search, Optimization & Machine Learning", Addison-wesley, 1989.
- [14] Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Programs", Springer-Verlag, 1992.
- [15] Holland, J. H. "Adaptation in Natural and Artificial Systems-An Introductory Analysis with Applications to Biology, Control, and Artificial Intelligence", The MIT Press, Cambridge, MA, 1992.
- [16] 오성권, 김현기, 우광방, "활성오너공정의 퍼지 모델링과 제어시스템", 대한 전기학회 논문집 40권 10호 PP. 1072-1083, 1990년 10월.
- [17] S. K. Oh and W. Pedrycz, "Identification of Fuzzy Systems by means of an Auto-Tuning Algorithm and Its Application to Nonlinear Systems", *Fuzzy Sets and Syst.*, 1999(To appear).
- [18] C. S. Park, S. K. Oh, and W. Pedrycz, "Fuzzy Identification by means of Auto-Tuning Algorithm and Weighting Factor", *The Third Asian Fuzzy Systems Symposium(AFSS)*, PP. 701-706, 1998.
- [19] S. K. Oh, "Fuzzy Identification by Means of an Auto-Tuning Algorithm and a Weighted Performance Index", 한국 퍼지 및 지능 시스템학회 논문지, Vol. 8, No. 6, pp. 106-108. 1998.
- [20] 오성권, "퍼지모델 및 제어이론과 프로그램", 기다리 출판사, 1999년 3월.
- [21] 박병준, 오성권, 안태천, 김현기, "유전자 알고리즘과 하증값을 이용한 퍼지시스템의 최적화", 대한전기학회 논문지, 48A권 6호, pp. 789-799 1999.



박 병 준 (Byoung Jun Park)

1998년 : 원광대 제어계측공학과 졸업
1998년~현재 : 동 대학교 제어계측공학과 석사과정
주관심분야 : 시스템자동화, 퍼지이론 및 신경회로망 응용, 지능형 모델링 및 제어 등



오 성 권 (Sung Kwun Oh)

1981년 : 연세대학교 전기공학과 졸업
1983~1989년 : 금성산전연구소(선임연구원)
1993년 : 연세대학원 전기공학과 졸업(공박)
1996~1997 : 캐나다 Manitoba대학 전기 및 컴퓨터공학과 Post-Doc.
1993~현재 : 원광대 제어계측공학과 부교수

주관심분야 : 시스템자동화, 퍼지이론 및 신경회로망 응용, 지능형 모델링 및 제어 등