

유전자 알고리즘과 합성 성능지수에 의한 최적 퍼지-뉴럴 네트워크 구조의 설계

The Design of Optimal Fuzzy-Neural Networks Structure by Means of GA and an Aggregate Weighted Performance Index

오 성 권, 윤 기 찬, 김 현 기
(Sung-Kwun Oh, Ki-Chan Yoon, and Hyun-Ki Kim)

Abstract In this paper, we suggest an optimal design method of Fuzzy-Neural Networks(FNN) model for complex and nonlinear systems. The FNNs use the simplified inference as fuzzy inference method and Error Back Propagation Algorithm as learning rule. And we use a HCM(Hard C Means) Clustering Algorithm to find initial parameters of the membership function. The parameters such as parameters of membership functions, learning rates and momentum coefficients are adjusted using genetic algorithms. Also, an aggregate objective function (performance index) with a weighted value is proposed to achieve a sound balance between approximation and generalization abilities of the model. According to selection and adjustment of a weighting factor of an aggregate objective function which depends on the number of data and a certain degree of nonlinearity (distribution of I/O data), we show that it is available and effective to design an optimal FNN model structure with a mutual balance and dependency between approximation and generalization abilities. This methodology sheds light on the role and impact of different parameters of the model on its performance (especially, the mapping and predicting capabilities of the rule based computing). To evaluate the performance of the proposed model, we use the time series data for gas furnace, the data of sewage treatment process and traffic route choice process.

Keywords: fuzzy-neural networks, simplified inference, error back propagation algorithm, clustering algorithm, genetic algorithm, aggregate weighted performance index.

I. 서론

비선형 공정의 복잡성과 불확실성을 제어하기 위해 많은 연구가 계속되고 있으며, 이 중 지능형 모델은 수학적 모델로 해결하지 못했던 문제들과 어려움들을 극복하였고 만족스러운 결과를 가져왔다. 이러한 지능형 모델에는 사람의 자연적인 언어 체계를 표현하는데 효과적인 퍼지모델과 생물학적 신경 계통을 공학에 응용한 신경회로망을 들 수 있다.

퍼지모델은 1965년 Zadeh에 의해 창안된 “퍼지 집합” 이론을 이용하여 비선형적이고 복잡한 실 시스템의 특성을 해석하는데 적용함으로써 수학적 모델보다 좋은 결과를 가져왔다.

신경체계의 구조를 응용한 신경회로망은 단순한 기능을 수행할 수 있는 신경소자들의 병렬연결로 이루어져 있다. 기능면에 있어서도 생물학적 신경망과 마찬가지로 병렬 분산처리함으로써 계산처리 능력을 증가시켰고, 학습이나 훈련을 통해 연결강도를 조절하여 정보를 추가하거나 변형할 수 있는 적응 학습능력을 가지고 있다.

최근에는 이러한 퍼지모델과 신경회로망이 가지고 있는 독특한 특성들을 살리면서 지능 모델의 효율과 성능향상을 위해 두 모델의 융합에 관한 연구가 활발히 진행되고

있다. 이는 퍼지추론에 의한 시스템과 신경회로망 시스템이 가지는 장점을 결합함으로써 보다 나은 시스템 성능 특성을 얻기 위한 퍼지-뉴럴 융합화 연구로써 양 이론의 유사성과 상호 보완관계를 이용한다. 이를 양 이론의 유사성은 퍼지추론의 최소·최대 연산(min-max operation)이 신경회로망의 곱셈-덧셈 연산(product-sum operation)에 해당되며, 또한 부분적인 특성함수인 멤버십함수, 시그모이드 함수에 의해 시스템 전체의 복잡한 비선형성을 표현한다는 점이며, 상호 보완관계란 퍼지추론이 논리구조를 취급하는 반면에, 신경회로망은 학습기능을 가지는 점이다. 이를 융합에 관한 연구가 여러 가지 각도에서 다양하게 제시되고 있는데 Takagi, Hayashi[1]등은 신경회로망으로 구동되는 퍼지추론을 제안하였으나 입출력 수가 적은 경우는 그 효과가 미미하고, 전반부가 신경회로망으로 특성화된 함수로 구성되어 기존의 퍼지 추론보다 시스템표현에 있어서 정성적으로 이해하기가 힘들다는 단점을 가지고 있다. Horikawa[2]는 퍼지-뉴럴네트워크에 의한 합성 방법과 동정에 관한 연구를 하였는데, 이 경우에는 퍼지규칙의 전반부인 시그모이드 형태의 멤버십함수 초기치 설정이 어렵고, 최적성능으로의 수렴특성이 나쁘다. 또한 한정된 비선형 데이터가 아닌 입출력 데이터가 많은 경우에는 학습에 의한 성능 개선시 시그모이드 함수는 좋은 특성을 나타내지 못한다. Imaasaki [6]는 퍼지규칙이 전반부 네트워크, 추론네트워크, 후반부 네트워크로 구성된 구조화된 신경회로망을 제안하였으나, 추론 네트워크의 추가학습에 의해 오랜 학습시간과 튜닝의 난점이 있다. 그리고 입

접수일자 : 1999. 3. 29., 수정완료 : 1999. 11. 20.

오성권, 윤기찬 : 원광대학교 전기전자공학부

김현기 : 수원대학교 전기전자정보통신공학부

* 본 논문은 1998년 한국학술진흥재단의 학술연구비에 의하여 지원되었음.

출력수 증가에 따른 네트워크 구성시 경험적인 방법이 많이 요구되며, 시스템 표현에 있어서도 정성적으로 이해하기가 힘들다. Nomura[3]는 멜타규칙에 의한 퍼지 추론의 자동동조 방법을 제안하였는데 학습에 의한 튜닝으로 각 규칙마다 멤버쉽함수가 변형되므로 퍼지규칙 수가 증가하며, 입출력수가 증가함에 따라 더 많은 퍼지규칙수가 요구된다. Yamakawa[4,5]에 의해 제안된 FNN은 보수적(complementary) 멤버쉽함수를 가지는 퍼지규칙과 오류역전파 알고리즘을 사용한 신경회로망의 학습을 결합한 형태이다. 그러나 멤버쉽함수의 퍼지입력 공간 선택 및 파라미터 선택의 어려움이 있다. 그리고 Oh[12]에 의해 제안된 퍼지모델은 전반부 규칙 멤버쉽함수의 적합도 계산시 멤버쉽함수 정점의 초기치와 데이터분포에 따라 overflow 현상과 같은 불안정성을 나타내고, 선형추론시 학습 성능은 overfitting에 의해 우수하지만 예측 성능을 평가하는 테스트 성능에서는 큰 오차를 발생시킨다.

본 논문에서는 Yamakawa가 제안한 모델을 이용하여 최적 FNN구조를 얻고자 한다. 이 모델은 다른 구조에 비해 학습속도가 빠르고, 안정성이 높으며, 수렴특성이 매우 우수하다는 장점을 가졌다. 주어진 시스템에 대해 퍼지입력 공간을 균등하게 분할하여 멤버쉽함수를 정의함으로써 그 계통의 특성을 반영하지 못했다 따라서 이러한 문제를 해결하기 위해 HCM(Hard C-Means) 클러스터링 알고리즘을 사용하여 시스템의 특성에 맞게 퍼지입력 공간을 분할을 통하여 초기 멤버쉽함수의 파라미터를 얻는다. 그리고 유전학과 진화이론에 바탕을 둔 확률적인 탐색 방법인 유전자 알고리즘을 이용하여 모델을 최적화한다. 즉 HCM 클러스터링 알고리즘을 사용하여 입출력 데이터분포에 따라 멤버쉽함수 파라미터의 초기치를 결정한 다음, 이 초기 파라미터를 이용한 탐색영역 설정 후 유전자 알고리즘의 최적 탐색과정으로부터 멤버쉽함수의 파라미터를 동조함으로써 최적 모델을 구축한다. 또한 학습 데이터 및 테스트 데이터를 고려한 퍼지-뉴런네트워크 모델 성능 즉 근사화 및 일반화 능력 모두를 고려한 성능결과를 위해 하중 계수를 가진 합성 목적함수를 제안한다. 모델의 성능지수는 데이터의 개수, 비선형성의 정도(입출력 데이터 분포) 등에 의해 상호 의존성을 가진 근사화 및 예측의 정확도에 따라 차이가 나므로 하중계수의 선택과 조절을 통하여 공정시스템의 최적모델을 구축할 수 있다. 제안된 모델은 가스로공정, 하수처리공정 및 교통 경로선택공정에서 얻어진 데이터를 이용하여 성능을 평가하며 기존 방법에 비해 우수한 모델을 구축할 수 있음을 보인다.

II. 퍼지-뉴런 네트워크 모델

퍼지와 신경회로망의 두 구조가 유사성과 상호 보완적인 특성으로부터 결합이 시도되었다. 이 결합에 의한 퍼지-뉴런네트워크 구조는 퍼지이론의 언어적 논리를 규칙의 형태로 표현할 수 있는 능력과 신경회로망의 학습기능의 상호 높은 융통성을 가지게 되는데, 결합방법으로는 퍼지와 신경회로망을 단순히 각각의 특성을 살리면서 구조만을 결합시키는 형태와 완전히 특성을 융합시키는 형태 두

가지로 구분된다.

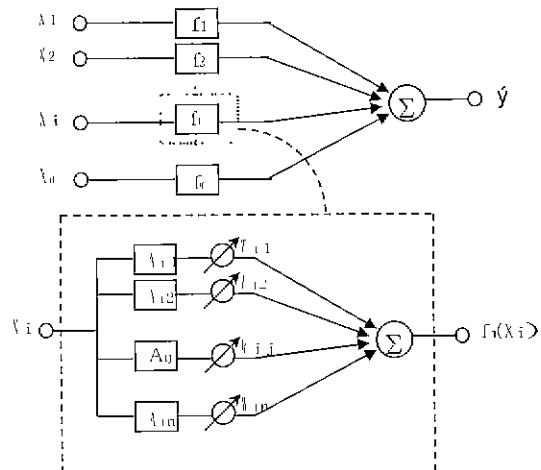


그림 1. Yamakawa의 퍼지-뉴런 네트워크

Fig. 1 Yamakawa's fuzzy-neural network.

본 논문에서 사용되는 Yamakawa 등에 의해 제안된 퍼지 뉴런 네트워크모델은 후자에 해당되며, 구조는 그림 1과 같이 퍼지추론과 뉴런 네트워크의 오류역전파 알고리즘(error backpropagation algorithm)을 합성한 형태이다. 그림 1에서 X_i 는 입력으로 각 퍼지-뉴런에 입력된 신호 X_i 는 퍼지-뉴런의 특성을 나타내는 비선형함수 f_i 에 의해 출력 $f_i(X_i)$ 를 생성한다. 일반적인 신경회로망과는 달리 함수 f_i 에 시그모이드 함수는 포함되지 않는다. 비선형 함수 f_i , 즉, 각 퍼지 뉴런에서 입력 신호 X_i 는 각 멤버쉽함수를 거쳐 적합도가 구해지고, 적합도는 연결 하중계수와 곱해지며 이들이 대수적으로 합해져 j 번째 퍼지-뉴런의 출력이 된다. 각 퍼지-뉴런에서 출력된 값들은 (1)과 같이 모두 대수적으로 합해져 \hat{y} 를 최종적으로 출력하게 된다.

$$\hat{y} = f_1(X_1) + f_2(X_2) + \dots + f_m(X_m) = \sum_{i=1}^m f_i(X_i) \quad (1)$$

여기서, m 은 퍼지-뉴런의 수이다

$$\begin{aligned} R^1 : & \text{ IF } X_1 \text{ is } A_{i1} \text{ Then } y_{i1} = w_{i1} \\ & \vdots \\ R^j : & \text{ IF } X_j \text{ is } A_{ij} \text{ Then } y_{ij} = w_{ij} \\ & \vdots \\ R^n : & \text{ IF } X_n \text{ is } A_{in} \text{ Then } y_{in} = w_{in} \end{aligned} \quad (2)$$

각각의 퍼지-뉴런(f_i)의 내부구조는 퍼지규칙을 이루고 있으며 그 규칙은 (2)와 같다. (2)에서 R^j 는 j 번째 퍼지규칙을 나타내며, A_{ij} 는 전반부의 퍼지변수이고 그림 2와 같이 멤버쉽함수 μ_{ij} 로 표현된다. 후반부의 w_{ij} 는 상수이며 그림 1의 연결 하중계수를 나타내며, 퍼지추론의 전반부 멤버쉽함수는 이웃하는 멤버쉽함수와 보수적(complementary)인 관계를 가지는 삼각형 형태이다(그림 2)

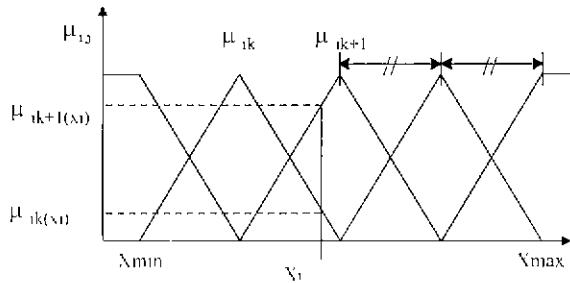


그림 2. 기존방법을 이용한 멤버쉽함수 정의.

Fig. 2. MF definition Using original method.

X_i 에서 $f_i(X_i)$ 로의 사상(mapping)은 퍼지추론과 비퍼지화에 의해 이루어진다. (2)의 최종 추론결과는 (3)과 같다. 이 식은 무게 중심법(center of gravity)에 의한 비퍼지화(defuzzification) 과정까지 포함한다.

$$f_i(X_i) = \frac{\sum_{j=1}^n \mu_j(X_i) \cdot w_j}{\sum_{j=1}^n \mu_j(X_i)} \quad (3)$$

입력변수 X_i 는 그림 2와 같이 동시에 두개의 멤버쉽함수 $k, k+1$ 에만 영향을 받기 때문에 (3)은 다음과 같이 다시 쓸 수 있다.

$$f_i(X_i) = \frac{\mu_{ik}(X_i) \cdot w_{ik} + \mu_{ik+1}(X_i) \cdot w_{ik+1}}{\mu_{ik}(X_i) + \mu_{ik+1}(X_i)} \quad (4)$$

보수적 관계를 가지는 두개의 이웃하는 멤버쉽함수의 입력변수에 대한 적합도 합은 언제나 1이 된다 즉, $\mu_{ik}(X_i) + \mu_{ik+1}(X_i) = 1$ 따라서,

$$f_i(X_i) = \mu_{ik}(X_i) \cdot w_{ik} + \mu_{ik+1}(X_i) \cdot w_{ik+1} \quad (5)$$

이와 같은 특징 때문에 추론속도가 증가하는 효과를 얻을 수 있다.

퍼지-뉴럴네트워크의 학습[10]은 그림 1의 멤버쉽함수 뒷부분에 위치하는 연결 하중계수를 모델에 가장 적절한 값으로 조정해 나가면서 이루어진다. 학습방법은 신경회로망의 학습에 가장 일반적으로 사용되는 오류역전파 알고리즘이 사용되는데, 이는 최종출력과 원래 데이터 간의 차, 즉 오차를 바탕으로 이루어진다. 본 논문에서는 (6)과 같은 형태의 출력오차를 사용한다.

$$E_p = (y_p - \hat{y}_p)^2 \quad (6)$$

여기서 E_p 는 각 데이터에 대한 오차이고, y_p 는 주어진 출력 데이터(교사신호), \hat{y}_p 는 모델의 출력을 나타낸다 m 개의 입력 데이터 쌍이 주어진 경우, 퍼지-뉴럴네트워크의 최종 출력 오차는 다음과 같다.

$$E = \frac{1}{m} \sum_{p=1}^m E_p \quad (7)$$

연결 하중계수의 조절은 (8)과 같이 기존의 값에 오차로부터 구해진 조절량 만큼의 변화를 더해주면 된다

$$w(\text{new}) = w(\text{old}) + \Delta w \quad (8)$$

오차 E_p 를 최소화하기 위한 연결 하중계수의 변화량 Δw 는 (9)에서 보이는 것처럼 경사강하법(gradiant descent method)을 이용하여 구할 수 있다

$$\Delta w_n = \eta \left(\frac{-\partial E_p}{\partial w_n} \right) \quad (9)$$

여기서 η 는 학습률이다.

그리고 모멘텀 계수 α 까지 포함하는 연결 하중계수 조절식은 (10)과 같다.

$$\Delta w_n = 2 \cdot \eta \cdot (y_p - \hat{y}_p) \cdot \mu_n(X_i) + \alpha(w_n(t) - w_n(t-1)) \quad (10)$$

III. 클러스터링 알고리즘을 이용한 초기 멤버쉽 함수

기존 퍼지-뉴럴네트워크 모델의 구조는 주어진 데이터에 대하여 최소값과 최대값을 임의의 개수로 균등하게 분할하여 이를적으로 멤버쉽함수의 정점을 정의했다. 따라서 주어진 데이터의 특성을 살리지 못하고 모델의 성능에 좋은 영향을 끼치지 못했다. 그러므로 계통의 특성에 맞은 멤버쉽함수의 정점을 정의하는 것이 보다 성능을 향상시키는 방법이다. 본 논문에서는 데이터들간의 거리를 기준으로 하여 근접한 정도를 측정하고, 이를 통해 데이터를 분류하는 HCM(Hard c-means)방법을 이용한다[12]. HCM 클러스터링 알고리즘을 사용하여 입력데이터의 거리에 따른 특성을 분류하고 그 클러스터들의 중심을 그림 3과 같이 각 멤버쉽함수의 정점으로 사용한다. 즉 0과 1로 구성된 행렬 U 를 이용하여 각 클러스터의 중심 벡터 V 를 계산한다.

$$U_{ik} = \begin{cases} 1 & x_k \in A_i \\ 0 & x_k \notin A_i \end{cases}$$

$$V_i^{(h)} = \frac{\sum_{k=1}^n x_k U_{ik}^{(h)}}{\sum_{k=1}^n U_{ik}^{(h)}}$$

데이터들로부터 중심 벡터 V 의 거리 d_{ik} 을 계산하여 최적의 분류가 된 행렬 U 를 결정되면, 중심 벡터 V 를 계산하여 이 값을 전반부 삼각형 멤버쉽함수의 정점 값으로 사용한다.

$$d_{ik} = \left\{ \sum_{j=0}^m (x_{kj} - V_{ij})^2 \right\}^{1/2}$$

그림 3에서 X_{min} 은 데이터의 최소값, X_{max} 은 데이터의 최대값이고 C_n 은 각 클러스터의 중심이다.

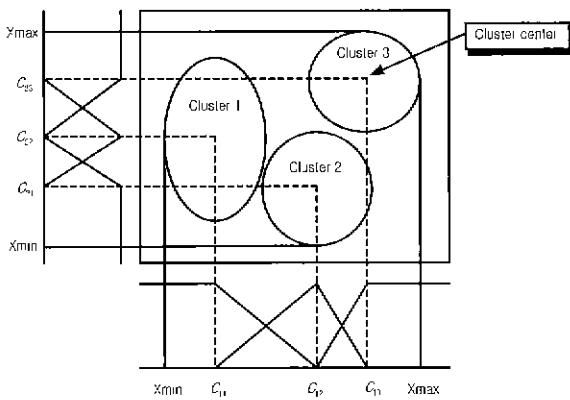


그림 3. HCM을 이용한 멤버쉽함수 정의

Fig. 3. Membership function definition using HCM.

IV. 유전자 알고리즘을 이용한 최적화

최적화 문제에서 탁월한 성능을 발휘하는 유전자 알고리즘은 자연 세계의 진화 과정(유전자적 특성, 적자생존)을 이용한 탐색 알고리즘이다[7]. 기존의 방법들과는 달리 선형, 연속, 미분가능 등의 제한이 없기 때문에 다양한 분야에 별다른 제한 없이 적용할 수 있다는 장점을 가진다. 본 논문에서는 우리가 원하는 최적의 값을 얻기 위한 최적화 방법으로써 유전자 알고리즘과 하중값을 가진 합성 성능지수를 사용한다[12].

1. 유전자 알고리즘에 의한 FNN 동조

지능형 모델은 모델링을 수행하기 전에 설정해 주어야 하는 여러 종류의 초기값을 가지고 있다. 페지추론의 경우는 멤버쉽함수의 개수, 멤버쉽함수의 중심 등과 같은 값들이고, 신경회로망에서는 층의 개수, 각 층의 노드 개수, 학습률, 모멘텀계수 등이다. 이 값들은 모델의 성능에 민감하게 작용하기 때문에, 이 값을 최적으로 설정해주는 것이 모델의 정도를 높이는데 중요한 역할을 한다.

유전자 알고리즘에서 사용하는 수는 기본적인 형태로 실수를 사용하지만 내부적으로 2진수를 사용하게 되며, 경우에 따라서는 2진수의 사용 없이 실수만을 사용하기도 한다. 탐색지점으로 실수가 주어지면 이를 2진수로 변환하게 된다. 변환된 각 비트는 염색체처럼 취급되고, 염색체가 모여 유전자를 이루며 개체(individual)라 불린다. 이 개체가 탐색할 때 사용되는 하나의 지점을 의미한다. 동시에 여러 점을 탐색하기 위해 개체를 동시에 여러 개 사용되는데 이를 군집이라 한다. 개체에 존재하는 염색체의 수와 군집의 크기는 필요한 정밀도만큼 정해주면 된다. 여기까지가 최적화 시킬 변수가 1개인 경우이고, 변수가 2개 이상일 때는 그림 4처럼 한 개체에 여러 변수의 정보를 담은 직렬 방식을 사용한다. 이 때 각 변수들은 10 bit로 정의하고 이들을 모두 하나의 개체안에 연결해 사용한다.

본 논문에서도 HCM 클러스터링 알고리즘에 의해 얻어진 정점 c_n 과 학습률 및 모멘텀계수를 최적으로 설정해 주기 위하여 유전자 알고리즘을 이용한 모델의 최적화 과정을 수행하게 된다. 이 때 학습률의 탐색 범위는 0.001~

0.01로 설정하고, 모멘텀계수의 탐색 범위는 0.00001~0.005로 설정하였다. 제안된 모델의 최적화를 위하여 사용된 유전자 알고리즘은 2진(binary)형태의 직렬 방식을 사용하였고, 선택(selection)연산으로 roulette-wheel방식, 교차(crossover)연산은 one-crossover방식, 돌연변이연산은 선택된 비트를 반전시키는 invert방식을 사용하였다.

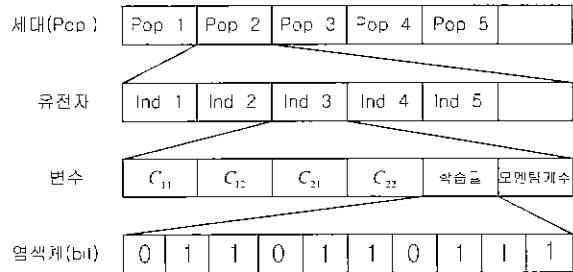


그림 4. 유전자 알고리즘 데이터 구조의 계층 표현.

Fig. 4. A class expression of genetic algorithms data structure.

표 1 유전자 알고리즘의 파라미터.

Table 1. Parameter of genetic algorithm.

Population size	60
Maximum generation	100
Crossover rate	0.6
Mutation rate	0.35

2. 하중값을 가진 합성 성능지수

입출력 데이터로 시스템을 모델링할 때 가장 문제가 되는 것은 구축된 모델이 학습 데이터만을 사용한 모델로써 시스템을 구축하는 경우이다. 이는 대상 공정의 모델을 주어진 데이터에 의해서만 성능향상을 꾀하였기 때문에 실 공정에 적용하면 많은 오차를 발생시키고 정확한 예측능력을 가지지 못하였다. 이러한 현상은 비선형 공정인 경우 더욱 문제가 된다. 그것을 해결하기 위하여 여러 방법이 제안되고 있는데 가장 간단한 방법은 테스트 데이터를 모델 생성 적용시켜보는 것이다. 그러나 이것 또한 공정모델에 대한 성능 평가를 정확히 반영하지 못한다.

따라서 본 논문에서는 주어진 학습 데이터를 이용하여 페지-뉴럴네트워크 모델을 구축하고 테스트 데이터를 사용하여 모델을 평가하기 위한 균사화 및 일반화의 상호 균형과 의존 능력을 가진 합성 성능지수(목적 함수)를 이용하여 상호 연계된 최적 모델 구조 생성에 의한 성능지수의 향상을 꾀하였다[12]. 이를 위해 학습 및 테스트 데이터의 성능 결과에 대한 하중값을 가진 목적함수를 다음과 같이 정의한다.

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

PI는 학습데이터에 대한 성능지수, E_PI는 테스트데이터에 대한 성능지수, 그리고 θ 는 PI와 E_PI에 대한 하중

값을 나타내고 목적함수는 모델의 성능향상이 최적이 되도록 하기 위해 전반부 멤버쉽함수의 모든 파라미터들과 학습률, 모멘텀 계수들은 유전자 알고리즘에 의해 조절된다.

하중값 θ 의 선택은 근사화능력과 일반화 능력 사이에서 상호 균형에 의한 목적함수 $J(\cdot)$ 를 최적화시키는 방향으로 모델의 파라미터를 동조합으로써 최적폐지-뉴런 네트워크를 구축한다.

V. 실험적 연구

본 논문에서는 모델의 성능을 확인하기 위하여 3종류의 데이터를 이용해 시뮬레이션을 행한다. 첫 번째는, 많은 연구자들에 의해 모델의 성능을 판단하기 위해 사용되는 가스로공정데이터이고, 두 번째는 하수처리공정중 대부분을 차지하고 있는 활성오니공정 데이터를 이용한다. 세 번째는 교통 경로선택공정을 이용한다. 이들 데이터는 입력과 출력의 관계를 나타내는 다수의 집합으로 나타나어진다. 성능평가 기준은 PI(Performance Index)중에서 오차의 제곱에 대한 평균을 구하는 (12)과 같은 형태인 MSE(Mean Squared Error) 혹은 (13)을 사용한다.

$$PI = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2 \quad (12)$$

$$PI = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}_i|^2} \quad (13)$$

여기에서, \hat{y}_i 는 실 모델의 출력, y_i 는 주어진 출력 데이터, n 은 데이터 개수를 나타낸다.

1 가스로공정

제안된 FNN모델링을 Box와 Jenkins[8]가 사용한 가스로 시계열 데이터를 이용하여, 입출력 데이터인 가스 흐름율과 연소된 이산화탄소 농도의 가스로 공정을 모델링한다. 입력이 가스 흐름률이고 출력이 이산화탄소 농도인 1 입력 1 출력의 가스로 시계열 입출력 데이터 296쌍을 시뮬레이션을 위해 입력으로 $u(t-3)$ 과 $y(t-1)$, 출력으로 $y(t)$ 를 사용하는 2입력 1 출력으로 설정하여 사용한다[11,12]. 또한 데이터 집합은 학습과 테스트 데이터로 나누어 FNN에 의한 모델링을 하고, 유전자 알고리즘으로 모델을 최적화한다.

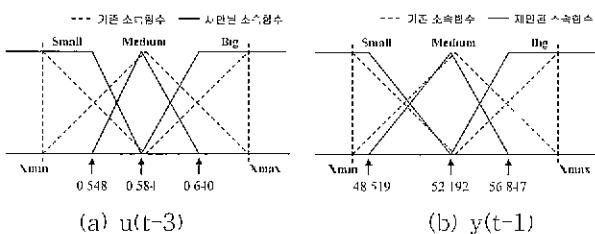


그림 5 HCM을 이용한 가스로 공정의 초기 멤버쉽 함수 정의.

Fig. 5. The definition of initial membership functions of gas furnace process by HCM.

그림 5는 가스로공정 입출력데이터의 최소, 최대값에 의한 멤버쉽함수를 정의하였고 또한 HCM 클러스터링 알고리즘에 의한 멤버쉽함수 정의를 상호 비교하여 보여주고 있다. 그림 5와 같이 HCM 클러스터링 알고리즘을 사용하여 데이터의 특성을 반영하여 초기 멤버쉽함수를 정의하고 이를 유전자 알고리즘에 의해 성능지수를 최소화시킴으로써 멤버쉽함수의 조절된 파라미터를 구한다. 여기에서 X_{min} 은 데이터의 최소값, X_{max} 은 데이터의 최대값이다.

가스로 공정 데이터는 입출력 데이터분포가 균일하여 비선형성이 상대적으로 약한편이기 때문에, 성능지수가 우수하게 나타난다. 표 2에서는 데이터의 최소, 최대값에 의해 전반부 멤버쉽함수를 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동정한 FNN모델과, HCM 클러스터링 알고리즘에 의해 얻어진 정점을 멤버쉽함수로 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동정한 FNN모델에 대한 각 입력변수의 비선형 폐지-뉴런에 포함된 멤버쉽함수의 개수를 설정하고, 학습 회수를 300번으로 모델링을 한 성능지수를 보여준다 그리고, θ 값 설정에 따라 FNN모델의 멤버쉽함수의 파라미터들과 학습률, 모멘텀 계수를 유전자 알고리즘에 의해 자동 동조합으로써 근사화 능력과 일반화 능력을 가진 최적FNN모델의 성능지수를 구한다.

표 2. 멤버쉽함수의 개수에 따른 가스로공정의 성능 지수.

Table 2. Performance index of gas furnace process by means of the change of number of membership functions.

(a) 최소, 최대값에 의한 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델

입력	Weight (θ)	멤버쉽함수의 개수					
		2 : 2		3 : 2		3 : 3	
		PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI
u(t-3)	0	0.097	0.254	0.156	0.279	0.062	0.275
	0.2	0.064	0.260	0.059	0.272	0.077	0.272
	0.5	0.035	0.281	0.028	0.295	0.032	0.288
	0.8	0.027	0.298	0.026	0.301	0.026	0.304
	1	0.022	0.334	0.022	0.335	0.022	0.338

(b) HCM 클러스터링 알고리즘에 의한 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델

입력	Weight (θ)	멤버쉽함수의 개수					
		2 : 2		3 : 2		3 : 3	
		PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI
u(t-3)	0	0.173	0.259	0.200	0.267	0.112	0.251
	0.2	0.106	0.253	0.073	0.274	0.054	0.254
	0.5	0.033	0.278	0.041	0.277	0.033	0.276
	0.8	0.027	0.294	0.030	0.291	0.032	0.276
	1	0.026	0.304	0.023	0.342	0.024	0.336

표 2에서 보는바와 같이 HCM 클러스터링 알고리즘 사용에 의해 각 입력변수 멤버쉽함수 증가에 따른 각 함수 정점의 초기치 변화로 모델의 일반화 성능 즉 예측 성능의 향상을 피할수 있다. 이 결과를 통하여 멤버쉽함수의 개수가 각각 3개이고 $\theta=0.8$ 즉 목적함수가 $J(\text{PI}, E_{\text{PI}}) = 0.8\text{PI} + 0.2E_{\text{PI}}$ 일 때 모델은 최적화되었다 이때 학습성능지수는 0.032이고 테스트 성능지수는 0.276이다.

선택된 모델에 대하여 그림 6은 가스로 입력 데이터에 따른 멤버쉽함수의 정점과 학습률, 모멘텀계수를 유전자 알고리즘에 의해 자동 동조 되는 과정을 표현한 그림이다. 새로운 세대의 목적함수값과 그 전 세대의 목적함수값을 서로 비교하여 그 값이 적은 최적값만을 나타내고 세대의 진행에 따라 향상된 즉 최적값으로 동조된다. 따라서 세대의 진행에 따른 최소 목적함수값을 가지기 위해 최적 파라미터로 동조되는 과정을 나타낸 것이 그림 6와 같다. 그림 6(a)는 입력 $u(t-3)$ 을 HCM 알고리즘에 의해 얻어진 멤버쉽함수의 파라미터를 그림과 같이 유전자 알고리즘에 의해 탐색을 통하여 C_1 은 0.484, C_2 는 0.576, C_3 는 0.706의 최적값을 얻었다. 그림 6(b)는 입력 $y(t-1)$ 을 그림 6(a)와 같은 방법으로 C_1 은 43.956, C_2 는 54.323, C_3 는 59.846의 최적값을 얻었다. 그리고 유전자 알고리즘에 의해 학습률과 모멘텀 계수를 탐색 과정을 통하여 학습률 0.004977, 모멘텀 계수 0.000352의 최적값을 얻었다. 이런 탐색 과정을 통하여 최적화된 멤버쉽함수는 그림 7에서 보여진다.

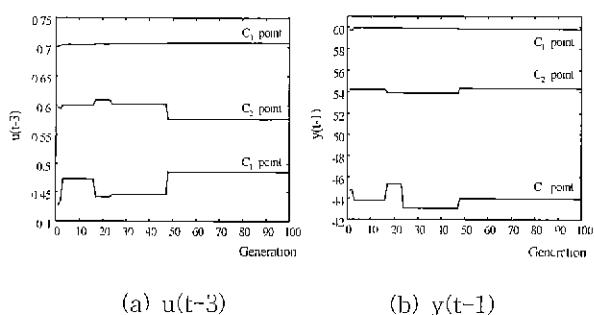


그림 6 유전자 알고리즘 및 HCM에 의한 FNN모델의 최적 파라미터 탐색 과정($\theta=0.8$).

Fig. 6. The search process of optimal parameters for FNN model by GA and HCM.

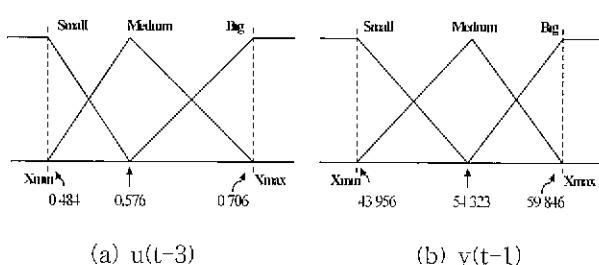


그림 7 유전자 알고리즘과 HCM을 사용한 멤버쉽 함수의 최종 동조값.

Fig. 7. The final tuned value of membership function by GA and HCM.

그림 8은 그림 6의 파라미터 동조를 위해, 유전자 알고리즘과 HCM을 이용한 FNN모델(HCM+GA)의 성능지수 최적화 과정을 나타낸 것이다. 그림 8(a)는 (11)의 θ 가 0.8인 경우에 합성 목적함수 $J(\text{PI}, E_{\text{PI}})$ 가 최적값으로 수렴할 때 모델의 학습 데이터에 의한 성능지수(PI) 및 테스트 데이터에 의한 성능지수(E_PI)가 세대의 진행에 따른 최적화과정을 나타낸다. 그림 8(b)는 $\theta=0$ (실선)일 때 즉 테스트 데이터에 의한 평가용 성능지수 E_PI를 최소화시키는 방향으로 모델의 각 파라미터를 동조함으로써 학습 데이터에 의한 FNN모델을 최적화시킨다. 이 경우는 모델의 예측능력에 큰 관심과 초점을 맞춘 경우이다. 그리고 $\theta=1$ (점선)일 때 즉 학습 데이터에 의한 성능지수 PI를 최소화시키는 방향으로 모델의 각 파라미터를 동조함으로써 최적 FNN모델을 생성한다. 이 경우는 모델의 일반화능력보다는 근사화능력에 더 많은 관심을 두는 경우이다.

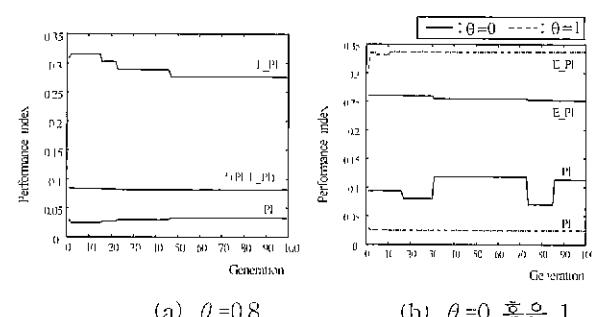


그림 8. 유전자 알고리즘 및 HCM에 의한 FNN모델의 각 성능지수 최적화 과정.

Fig. 8 The optimization process of each performance index for FNN model by GA and HCM.

표 3. 다른 모델링 방법과 성능 비교.

Table 3. Comparison of performance with other modeling methods.

Type	PI	E_{PI}	Total No. of M.F.
Fuzzy model [11] (Complex)	0.024	0.328	4
	0.022	0.326	4
	0.020	0.333	6
Fuzzy model [12] (HCM + GA)	0.035	0.289	4
	0.022	0.333	6
	0.026	0.272	4
Proposed FNN model (GA)	0.027	0.298	4
	0.026	0.304	6
Proposed FNN model (HCM + GA)	0.027	0.294	4
	0.032	0.276	6

표 3은 (12)에 의해 다른 동정된 모델과 성능비교를 나타낸다. 이 표에 의하면 본 논문에서 제안된 방법이 침플

넥스 알고리즘을 사용한 퍼지모델과 비교하여 학습 성능 지수는 거의 비슷한 결과를 나타내지만 예측 성능을 평가하기 위한 테스트 성능지수는 우수함을 나타낸다. 그리고 유전자 및 HCM 알고리즘을 사용한 퍼지모델의 경우에, 간략추론에서는 학습 성능 및 테스트 성능이 향상됨을 알 수 있고, 선형추론에서는 학습, 테스트 성능이 약간 떨어진다. 그러나 퍼지모델은 전반부 규칙 멤버쉽함수의 적합도 계산시 멤버쉽함수 정점의 초기치와 데이터분포에 따라 overflow현상과 같은 불안정성을 나타내지만 본 논문에서 사용된 FNN모델은 각 변수에 따른 퍼지 공간 분할에 의해 학습하는 구조적 형태로 안정된 시스템을 구축 할 수 있다.

2. 하수처리 공정

하수처리를 위한 다양한 방법중 가장 많이 사용되는 것이 활성오니 방법이고, 그를 이용한 하수처리 공정은 침사지, 최초침전지, 폭기조 및 최종침전지로 구성된다. 그 공정에서 혼합액 부유물(MLSS), 영여오니흐름률(WSR), 반송율 설정치(RRSP), 용존산소 설정치(DOSP)을 입력으로 하고, 부유물의 농도(ESS)를 출력으로 하는 4입력 1출력 구조를 이용한다. 현재 대부분의 하수처리 플랜트는 제어 공정에서 조절 데이터를 얻기 위해 수학적 모델을 이용하고 있다. 그러나 이러한 수학적 모델이 하수처리공정 변수들 사이의 관계를 정확하고 효과적으로 설정하지 못하므로, 제안된 방법을 통해 수도권 하수처리장 중의 하나를 모델로 선정하여 1년분 수집 데이터로부터 모델링하였다 [10,12].

그림 9는 입력으로 MLSS와 WSR데이터를 최소, 최대값에 의한 멤버쉽함수의 양 정점을을 정의하였고 또한 HCM 클러스터링 알고리즘에 의해 얻어진 각 멤버쉽함수의 정점을 구한 후 멤버쉽함수를 정의한 것을 상호 비교하여 보여주고 있다. X_{min} 은 데이터의 최소값, X_{max} 은 데이터의 최대값이다.

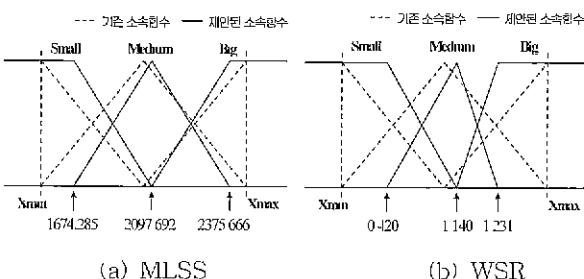


그림 9 HCM을 이용한 수처리 공정의 초기 멤버쉽 함수 정의

Fig. 9. Definition of initial membership functions of sewage treatment process using HCM.

수처리공정은 가스로공정에 비해 개수가 1/6정도로 적고, 비선형성도 강하기 때문에, 모델링에 많은 어려움이 따른다. 표 4에서는 데이터의 최소값과 최대값에 의해 전반부 멤버쉽함수를 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동정한 FNN모델과, HCM 클러스터링 알고리즘에 의해 얻

어진 정점을 멤버쉽함수로 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동정한 FNN모델의 각 성능지수를 나타낸다. 이들 모델은 각 입력변수의 멤버쉽함수 개수를 표 4과 같이 설정하고 학습 회수 100번을 행하였고, θ 값 설정에 따라 FNN모델의 멤버쉽함수의 파라미터들과 신경망의 학습률, 모멘텀 계수를 유전자 알고리즘에 의해 자동 동조함으로써 균사화 능력과 일반화 능력을 가진 최적 FNN모델의 성능지수를 구한다.

표 4에서 볼 수 있듯이 HCM 클러스터링 알고리즘을 이용한 FNN모델이 균사화 성능 및 일반화 성능이 향상됨을 알 수 있다. 이 하수처리 공정데이터는 앞서 설명한 가스로 공정보다 주어진 데이터가 균일하지 않고 분산된 구조로 비선형이 강한 특성을 가지므로 본 논문에서 제안된 방법에 의해 데이터의 특성을 반영함으로써 좀 더 나은 예측 능력을 가진 최적화 모델을 구축할 수 있다. 각각에 의한 결과가 표 4에 보여지며 이 결과를 통하여 얻어진 최적 모델로는, HCM 클러스터링 알고리즘을 사용한 FNN모델의 멤버쉽함수 개수가 각각 3개이고 θ 가 0.8이며 입력이 MLSS, WSR인 경우를 선택하였다. 이때 학습성능지수는

표 4. 멤버쉽함수의 개수에 따른 수처리공정 성능 지수.

Table 4. Performance index of sewage treatment process by means of the change of number of membership functions.

(a) 최소, 최대값에 의한 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델

입력	Weight (θ)	멤버쉽함수의 개수					
		2 2		3 2		3 3	
		P1	E_P1	P1	E_P1	P1	E_P1
MLSS	0	13.734	11.493	14.563	11.866	14.448	9.813
	0.2	14.310	11.567	13.851	11.882	14.301	9.441
	0.5	13.209	12.680	13.112	12.538	12.632	11.322
	0.8	12.674	13.613	12.718	13.394	10.163	14.698
	1	11.879	24.036	11.632	24.451	10.249	27.977
MLSS	0	16.907	14.364	16.641	12.927	14.353	13.462
	0.2	14.948	14.611	16.461	12.927	14.979	12.805
	0.5	13.300	15.611	14.881	13.274	13.910	14.074
	0.8	12.135	18.826	12.500	17.046	11.186	21.496
	1	12.130	21.572	11.871	19.897	11.103	25.325
MLSS	0	16.674	14.073	17.314	14.452	15.163	14.105
	0.2	16.667	14.222	16.097	14.516	15.727	13.969
	0.5	13.383	15.707	15.157	13.879	14.367	14.885
	0.8	11.719	19.540	12.560	17.046	8.933	26.535
	1	11.835	21.683	11.595	20.526	8.439	31.961
WSR	0	14.237	12.431	12.676	10.341	12.633	10.058
	0.2	14.527	12.640	12.636	10.240	12.611	9.891
	0.5	13.813	12.740	12.678	10.443	12.769	9.740
	0.8	13.674	12.791	12.572	10.167	11.629	12.431
	1	13.419	14.129	12.302	14.049	10.737	16.815
WSR	0	15.901	11.971	13.746	10.357	13.234	10.485
	0.2	14.481	12.084	13.191	10.200	13.021	10.301
	0.5	13.281	13.204	12.631	10.428	11.786	11.644
	0.8	12.765	13.635	10.927	15.277	9.202	15.632
	1	12.508	14.071	10.728	15.563	9.193	16.072
RRSP	0	19.141	16.904	18.836	15.977	15.519	14.857
	0.2	18.051	17.261	19.711	15.563	14.439	15.010
	0.5	16.840	18.099	15.581	18.098	13.960	15.541
	0.8	16.257	18.836	14.996	19.243	14.092	15.918
	1	15.718	20.452	14.810	19.338	13.322	20.424

(b) HCM 클러스터링 알고리즘에 의한 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델

입력 gx1	gn2 (θ)	Weight	멤버쉽함수의 개수					
			2 2		3 2		3 3	
			PI	E.PI	PI	E.PI	PI	E.PI
MLSS	WSR	0	20471	6763	18122	7090	17234	5902
		0.2	18962	6370	15973	7084	15589	6434
		0.5	11028	7698	14119	8191	13034	7280
		0.8	9709	16934	10140	11181	9920	10129
		1	9534	18024	9339	17241	8791	15582
MLSS	RRSP	0	19892	9471	17907	9645	15644	8970
		0.2	16778	10621	17017	9337	15466	10302
		0.5	13734	13229	13951	10662	13772	10011
		0.8	11780	15905	11617	15492	11174	14205
		1	10557	16374	11029	19199	9814	21779
MLSS	DOSP	0	27422	11787	20201	10400	17566	10136
		0.2	17073	12085	15618	12264	22147	9754
		0.5	14005	13263	11665	13693	13053	14438
		0.8	9053	24441	9211	19981	8969	23946
		1	8443	31629	8425	30359	8217	35294
WSR	RRSP	0	14183	8889	13100	8387	13845	8697
		0.2	14399	9115	13289	7776	13226	8339
		0.5	13468	9471	12871	8646	12552	9013
		0.8	10760	14999	11281	11863	9887	16014
		1	9914	15516	10545	16613	10060	19687
WSR	DOSP	0	17842	7923	15691	7674	14972	7501
		0.2	17209	8030	14692	7913	15931	6573
		0.5	11321	11423	11630	9966	12209	8958
		0.8	8409	15238	8192	15229	8707	13829
		1	8995	18636	8149	15931	7708	17756
RRSP	DOSP	0	19612	13387	13946	13212	15030	12888
		0.2	12772	14180	14379	13705	12377	13149
		0.5	12975	14669	11826	15870	12372	13350
		0.8	11007	15979	9029	23466	9704	18869
		1	10344	19350	10264	18435	9645	18223

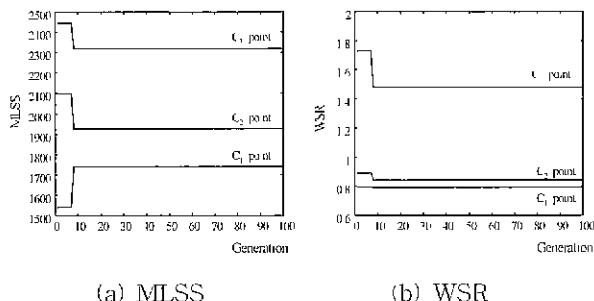


그림 10. 유전자 알고리즘과 HCM에 의한 FNN모델의 최적 파라미터 탐색 과정($\theta=0.8$).

Fig. 10. The search process of optimal parameters for FNN model by GA and HCM

9.920이고 테스트 성능지수는 10.129이다.

선택된 모델에 대하여 그림 10은 수처리 입력 데이터에 따른 멤버쉽함수의 정점과 학습률, 모멘텀계수를 유전자 알고리즘에 의해 자동 동조되는 과정을 보여주고 있다. 즉 그림 10은 각 세대마다 진화하며 합성 목적함수가 최적값이 되도록 파라미터값의 동조과정을 나타낸다. 그림 10(a)는 입력 MLSS를 HCM 알고리즘에 의해 얻어진 멤버쉽함수의 초기 파라미터를 그림과 같이 유전자 알고리즘에 의해 탐색을 통하여 C_1 은 1741.348, C_2 는 1926.686, C_3 는

2318.553의 값을 얻었다. 그림 10(b)는 입력 WSR로 그림 10(a)와 같은 방법으로 C_1 은 0.794, C_2 는 0.841, C_3 는 1.478의 값을 얻었다. 그리고 유전자 알고리즘에 의해 학습률과 모멘텀 계수를 탐색 과정을 통하여 학습률 0.008760, 모멘텀 계수 0.000499의 최적값을 얻었다. 그리고 최종 동조된 멤버쉽함수는 그림 11에서 보여진다.

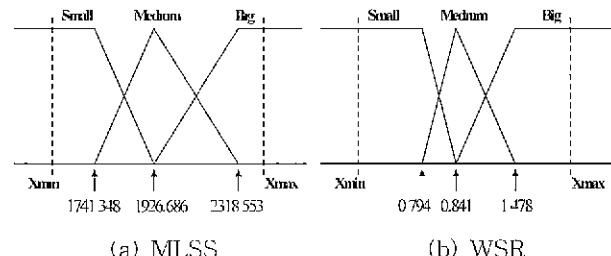


그림 11. 유전자 알고리즘과 HCM을 사용한 멤버쉽 함수의 최종 동조값 (입력 : MLSS, WSR).

Fig. 11. The final tuned value of membership function by GA and HCM.

그림 12은 그림 10의 파라미터 동조를 위해, 유전자 알고리즘과 HCM을 이용한 FNN모델의 성능지수 최적화 과정을 나타낸다.

그림 12(a)는 (11)의 θ 가 0.8인 경우에 합성 목적함수 f 가 최적값으로 수렴할 때, 모델의 학습 데이터에 의한 성능지수와 테스트 데이터에 의한 성능지수가 세대의 진행에 따른 최적화과정을 나타낸다. 그림 12(b)는 $\theta=0$ (실선)인 경우로 평가용(테스트) 데이터에 의한 성능지수 E.PI를 최소화시키는 방향으로 FNN모델을 최적화 시키며, 모델의 근사화 보다는 일반화 즉 예측 능력을 보다 강화시키는데 그 초점을 둔다. 그림 12(b)는 $\theta=1$ (실선)인 경우로 학습 데이터에 의한 성능지수 PI를 최소화시키는 방향으로 최적FNN모델을 생성시킴을 보인다.

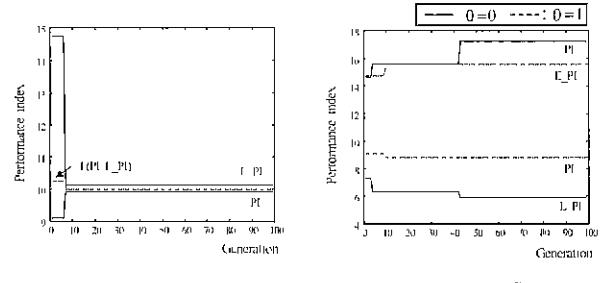


그림 12. 유전자 알고리즘과 HCM에 의한 FNN모델의 각 성능지수의 최적화

Fig. 12. The optimization process of each performance index for FNN model by GA and HCM.

표 5에서 다른 동정된 모델과 그 성능을 비교하였다. 간략추론의 경우에 캠플렉스 알고리즘을 사용한 퍼지모델

[11]과 유전자 및 HCM 알고리즘을 사용한 퍼지모델[12]을 본 논문의 FNN모델과 비교하여 학습 및 테스트 성능지수가 향상됨을 알 수 있고, 선형추론의 경우에 각 퍼지모델들[11,12]에 의한 학습 성능은 overfitting에 의해 우수하지만 테스트 데이터에 의한 모델 성능에서는 큰 오차를 발생시키므로 실 공정 적용에서는 FNN모델이 더 우수한 성능을 나타낼 수 있다. 이는 제안된 FNN모델이 간략추론 퍼지모델보다 근사화 및 일반화 능력 모두 우수한 것으로 나타났고, 선형추론 퍼지모델보다 근사화 능력은 떨어지나 일반화 즉 예측능력은 월등히 향상됨을 알 수 있다. 이 표에 의하면 HCM 클러스터링 알고리즘을 사용하여 데이터의 특성을 모델에 반영함으로써 최소, 최대값으로 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델보다 학습 및 테스트 데이터에 의한 모델 성능지수가 모두 우수한 결과를 얻었다.

표 5. 다른 모델링 방법과 성능 비교.

Table 5. Comparison of performance with other modeling methods.

Type		P1	E_P1	Total No. of M.F.
Fuzzy model [11] (Complex)	Simplified	13.726	16.206	4
		12.802	15.915	6
	Linear	6.396	54.233	4
		0.001	923.324	6
Fuzzy model [12] (HCM + GA)	Simplified	12.352	11.179	6
	Linear	0.001	126.912	6
Proposed FNN model (GA)	12.674	13.613	4	
	10.163	14.698	6	
Proposed FNN model (HCM + GA)	11.813	10.972	4	
	9.920	10.129	6	

3. 교통 경로 선택

도로망에 대한 교통량배분은 종래부터 교통계획 및 공학에 있어서 실무자 및 연구자의 관심을 불러일으키고 있는 분야중의 하나이다. 이에 대한 연구는 1950년대부터 산업경제의 발전에 따라 미국, 유럽, 일본 등 선진국을 중심으로 사람 및 물동량 수송을 위해 수많은 고속도로가 계획 설계 건설되며 되어, 경쟁관계에 있는 도로간 즉 2개 경로 또는 다수 경로간에 어떻게 적절하게 교통량배분하여 원활한 수송시스템을 구축할 것인가가 교통계획에 있어 큰 문제로 대두되어 일반도로에서 고속도로로, 또는 고속도로에서 일반도로로의 교통량전환 모델에 대한 연구가 진행되게 되었다. 이것에 대한 기본개념은 전부 아니면 전무(all or nothing)법이 이용되고 있는데 이것은 임의의 기종점(OD) 교통량은 가장 짧은 경로로 흐른다는 것을 배경으로 하고 있다[10].

그림 13은 본 논문에서 실행 대상으로 한 경쟁관계에 있는 2개의 경로를 나타낸 것이다. 경로선택의 모델화는 교

통수단 및 교통로의 상이, 그리고 경쟁 경로수 등에 의해 다양하게 전개되어지지만 논문에서는 목적함수의 주요 요소로 시간비용과 교통비용만을 생각한다. 성능지수는 (13)에 의해 정의된다

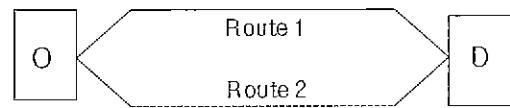


그림 13. 경로선택의 간단한 예.

Fig. 13. Simple example of route choice.

그림 14는 교통 경로선택공정 입력데이터의 최소, 최대값을 이용하여 전반부 멤버쉽함수를 정의한 것과 HCM 클러스터링 알고리즘에 의해 얻어진 정점을 이용하여 멤버쉽함수를 정의한 것을 비교하여 보여주고 있다. 여기에서 X_{min} 은 데이터의 최소값, X_{max} 은 데이터의 최대값이다

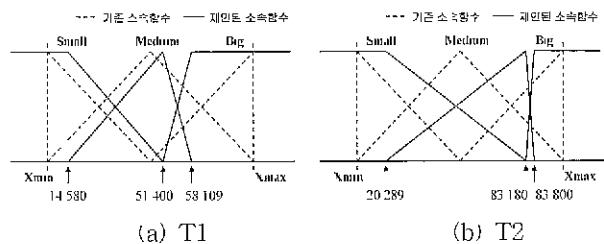


그림 14. HCM을 이용한 교통 선택 경로공정의 초기 멤버쉽함수 정의.

Fig. 14. Definition of initial membership functions of traffic route choice process using HCM.

교통 경로선택공정을 최소, 최대값에 의해 전반부 멤버쉽함수를 정의하고 유전자 알고리즘으로 동조한 FNN모델과, HCM 클러스터링 알고리즘으로 멤버쉽함수를 정의하고 유전자 알고리즘으로 동조한 FNN모델에 대한 퍼지-뉴런에 포함된 각각의 입력변수의 멤버쉽함수의 개수를 표 6와 같이 설정하고, 학습 회수를 200번으로 모델링을 한 성능지수를 보여준다.

이 결과를 통하여 HCM 클러스터링 알고리즘으로 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델의 성능지수가, 최소, 최대값으로 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델과 비교하여 데이터 수가 적은 교통선택 데이터에서는 약간 향상되거나 거의 비슷하게 나타났다. 교통 경로 선택 데이터는 데이터의 수가 적은 관계로 HCM 클러스터링 알고리즘에 의한 멤버쉽함수의 분할에 효과가 미미하므로 큰 성능 향상은 나타나지 않을 수 있음을 알 수 있었다.

표 6의 결과로부터 HCM 클러스터링 알고리즘으로 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델로 각 입력변수의 멤버쉽함수 개수증가에 따른 모델 성능지수를 나타낸다. 이때 학습 성능지수는 0.858이고 테스트 성능지수는 1.409이다. 그림 15는 선택된 모델에 대하여 멤버쉽함수의 정점과 학습률, 모멘트계수가 유전자 알고리즘에 의해 자동 동정되어 최적화 되는 과정을 보여주고 있다. 그림 15(a)는 입력 T1을

HCM 알고리즘에 의해 얻어진 멤버쉽함수의 파라미터를 그림과 같이 유전자 알고리즘에 의해 탐색을 통하여 C_1 은 32.353, C_2 는 50.224, C_3 는 64.988의 값을 얻었다. 그럼 15(b)는 입력 T2을 그림 15(a)와 같은 방법으로 C_1 은 12.970, C_2 는 82.845, C_3 는 84.136의 값을 얻었다. 그리고 유전자 알고리즘에 의해 학습률과 모멘텀 계수를 탐색 과정을 통하여 학습률 0.006806, 모멘텀 계수 0.000162의 최적값을 얻었다. 이런 파라미터의 탐색 과정에 동조된 멤버쉽함수는 그림 16에서 보여진다. 그리고, 그림 17은 유전자 및 HCM에 의한 FNN모델 성능지수의 최적화 과정을 나

표 6. 멤버쉽함수의 개수에 따른 교통 경로선택 공정의 성능지수.

Table 6. Performance index of traffic route choice process by means of the change of number of membership functions.

(a) 최소, 최대값에 의한 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델

입력		Weight (θ)	비례함수의 개수						
gx1	gx2		2 2		3 2		3 3		
			PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI	
T1	T2	0	1.001	1.001	1.006	1.007	1.006	1.005	
		0.2	1.003	1.004	1.003	1.004	1.007	1.005	
		0.5	1.003	1.005	1.004	1.005	1.004	1.003	
		0.8	1.001	1.002	1.004	1.006	1.005	1.007	
		1	1.001	1.002	1.005	1.006	1.004	1.004	

(b) HCM 클러스터링 알고리즘에 의한 멤버쉽함수를 정의한 FNN모델

입력		Weight (θ)	멤비설합수의 개수						
gx1	gx2		2 2		3 2		3 3		
			PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI	
T1	T2	0	1.001	1.001	1.001	1.001	1.034	1.015	
		0.2	1.001	1.001	1.004	1.004	1.007	1.008	
		0.5	1.001	1.001	1.001	1.002	1.007	1.009	
		0.8	1.000	1.001	1.002	1.003	0.858	1.409	
		1	1.001	1.001	1.003	1.004	0.773	1.556	

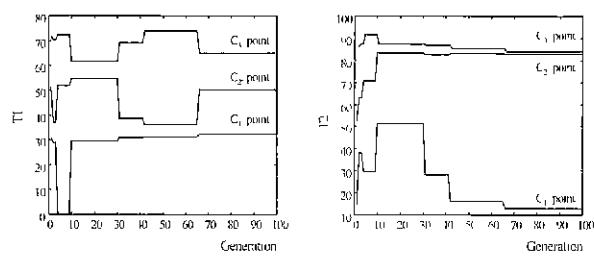
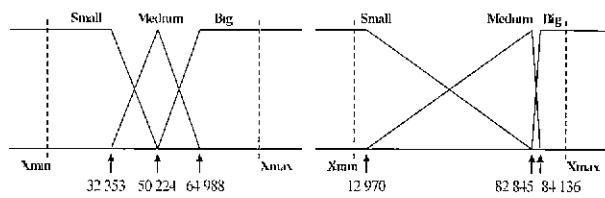


그림 15 유전자 알고리즘과 HCM에 의한 FNN모델의 최적 파라미터 탐색 과정 ($\theta=0.8$)

Fig. 15. The search process of optimal parameters for FNN model by GA and HCM

타낸 것이다.

표 7은 (13)에 의해 최소, 최대값으로 멤버쉽을 정의한 모델과 HCM 알고리즘으로 정의한 모델의 성능을 비교하였다. 이 표에 알 수 있듯이 비슷한 성능을 나타낸다.



(a) T1 (b) T2

그림 16 유전자 알고리즘과 HCM을 사용한 멤버쉽
함수의 최종 동조값.

Fig. 16 The final tuned value of membership function using GA and ICM.

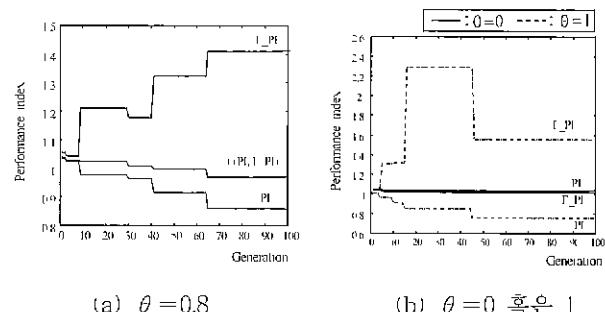


그림 17. 유전자 알고리즘과 HCM에 의한 FNN모델의 각 성능지수의 최적화.

Fig. 17. The optimization process of each performance index for FNN model by GA and HCM

표 7. 다른 모델링 방법과 성능 비교

Table 7 Comparison of performance with other modeling methods

Type		PI	E_PI	Total No. of M.F.	
Fuzzy model [11] (Complex)	Simplified	1.397	1.246	4	
		1.444	1.596	6	
	Linear	2.073	2.281	4	
		0.001	1.273	6	
Proposed FNN model (GA)		1.001	1.002	4	
		1.005	1.007	6	
Proposed FNN model (HCM + GA)		1.000	1.001	4	
		0.858	1.409	6	

VI 결론

본 논문에서는 퍼지추론과 신경망이 결합된 퍼지-뉴럴 네트워크를 사용하여, 여러 가지 비선형 특성을 가지는 데 이다에 대해 모델링을 해보았다. 체계적이고 효율적인 최

적화 모델을 구축하기 위하여 HCM 클러스터링 알고리즘과 유전자 알고리즘을 사용하였다. 앞 결과에서 알 수 있듯이 복잡하고 비선형인 공정에 대하여 유전자 알고리즘을 이용하여 최적화 된 모델을 구축할 수 있었다. 그리고 HCM 클러스터링 알고리즘에 의한 초기값을 사용함으로써 비선형성이 상대적으로 약하고 비교적 균일하게 분포된 데이터 구조와 입출력 데이터 수가 적은 경우에는 뚜렷한 성능향상을 나타내지 못하지만, 비선형성이 강하여 균일하지 않고 분산된 구조를 가지는 경우 좀 더 우수한 특히 예측성능이 향상된 모델을 구축할 수 있었다. 그리고 합성 녹적함수에서 하증값의 설정으로부터 FNN모델의 근사화 및 일반화사이에서 최적 성능결과에 대한 해석을 시도함으로써 FNN모델의 근사화와 일반화 사이의 상호 연계를 통한 최적화 향상을 계시하였다. 또한 실 공정에서 하증값의 변화에 따른 주어진 조건, 즉 모델설계자의 의도, 공정모델의 비선형 정도, 데이터 양에 따라 제안된 FNN모델의 성능 개선과 최적화 방향을 시도하였다.

참고문헌

- [1] H. Takagi and I. Hayashi, "NN-driven fuzzy reasoning," *Int J. of Approximate Reasoning*, vol.5, no. 3, pp. 191-212, 1991.
- [2] S. I. Horikawa, T. Furuhashi, and Y. Uchigawa, "On fuzzy modeling using fuzzy neural networks with the back propagation algorithm," *IEEE trans. Neural Networks*, vol. 3, no. 5, pp. 801-806, 1992.
- [3] H. Nomura and Wakami, "A self-tuning method of fuzzy control by descent methods," *4th IFS'91*, pp.155-159, 1991.
- [4] T. Yamakawa, "A neo fuzzy neuron and its applications to system identification and prediction of the system behavior," *Proceedings of the 2nd International Conf. on Fuzzy logic & Neural Networks*, pp. 477-483, 1992.
- [5] T. Yamakawa, "A new effective learning algorithm for a neo fuzzy neuron model," *5th IFS World Conf.*, pp. 1017-1020, 1993.
- [6] 今崎直樹, 木治潤一, "ファジィルール構造化ニユーネットツク," 日本ファジイ學會誌 vol. 4, no. 5, pp. 987-995, 1992.
- [7] Zbigniew Michalewicz, *Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Programs*, Springer-Verlag.
- [8] Box and Jenkins, *Time Series Analysis, Forecasting and Control*, Holden Day, San Francisco, CA.
- [9] 오성권, 우광방, "퍼지추론 방법에 의한 퍼지동정과 하수처리공정시스템 응용," 대한전자공학회 논문집 제31권 B편 제6호, pp. 43-52, 1994.
- [10] 오성권, 노석범, 남궁문, "퍼지-뉴럴 네트워크 구조에 의한 비선형 공정시스템의 지능형 모델링," 한국퍼지 및 지능시스템학회 논문집 제5권 제4호, pp. 41-55, 1995.
- [11] 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).
- [12] 박병준, 오성권, 안태천, 김현기, "유전자 알고리즘과 하증값을 이용한 퍼지 시스템의 최적화," 대한전기학회 논문집 제18권 A편 제6호, pp. 789-799, 1999.
- [13] 오성권, "퍼지모델 및 제어이론과 프로그램", 기다리 출판사, 1999

오 성 권



1957년 2월 13일 생. 1981년 연세대학교 전기공학과 졸업. 1983-89년 금성산전 연구소(선임연구원). 1993년 연세대학교 대학원 전기공학과 졸업(공박). 1996-97 캐나다 Manitoba대학 전기 및 컴퓨터 공학과 Post-Doc. 1993 현재 원광대 제어계측공학과 부교수 관심분야는 시스템자동화, 퍼지이론 및 신경회로망 응용, 지능형 모델링 및 제어 등.

김 현 기



1955년 2월 26일 생. 1977년 연세대학교 전기공학과 졸업. 1991년 동 대학원 졸업(공박). 1998-현재 산업기술정책연구소 심의위원. 1989-현재 수원대학교 진기전자정보통신공학부 교수. 관심분야는 시스템자동화 및 감시제어, 지능형 모델링 및 제어 등.

윤 기찬



1974년 7월 18일 생. 1998년 원광대학교 전자공학과 졸업. 1998년~현재 동대학교 제어계측공학과 석사과정. 관심분야는 시스템자동화, 퍼지이론 및 신경회로망 응용, 지능형 모델링 및 제어 등.