HCM과 하이브리드 동정 알고리즘을 이용한 퍼지-뉴럴 네트워크 구조의 최적 설계

論 文
50D-7-5

Optimal Design of Fuzzy-Neural Networks Structure Using HCM and Hybrid Identification Algorithm

吳 聖 權* · 朴 浩 成** · 金 賢 起***
(Sung-Kwun Oh · Ho-Sung Park · Hyun-Ki Kim)

Abstract - This paper suggests an optimal identification method for complex and nonlinear system modeling that is based on Fuzzy-Neural Networks(FNN). The proposed Hybrid Identification Algorithm is based on Yamakawa's FNN and uses the simplified inference as fuzzy inference method and Error Back Propagation Algorithm as learning rule. In this paper, the FNN modeling implements parameter identification using HCM algorithm and hybrid structure combined with two types of optimization theories for nonlinear systems. We use a HCM(Hard C-Means) clustering algorithm to find initial apexes of membership function. The parameters such as apexes of membership functions, learning rates, and momentum coefficients are adjusted using hybrid algorithm. The proposed hybrid identification algorithm is carried out using both a genetic algorithm and the improved complex method. Also, an aggregate objective function(performance index) with weighting factor is introduced to achieve a sound balance between approximation and generalization abilities of the model. According to the 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 mutual balance and dependency between approximation and generalization abilities. 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.

Key Words : Fuzzy-Neural Networks, Hybrid Optimal Identification Algorithm, Clustering Algorithm, Genetic Algorithm, Improved Complex Method.

1. 서 론

퍼지-뉴럴네트워크 모델은 복잡성과 불확실성을 나타내는 비선형 공정에서 다른 지능형 모델에 비해 보다 나은 성능을 가지고 있다. 이는 퍼지논리와 신경망이 갖는 독특한 특성들을 살리면서 모델의 효율과 성능이 향상되는 방향으로 퍼지 논리와 신경망을 하나의 모델로 융합한 형태이기 때문이다.

퍼지논리는 1965년 Zadeh[1]에 의해 창안된 "퍼지 집합" 이론을 이용하여 비선형적이고 복잡한 실 시스템의 특성을 해석하는데 적용함으로써 수학적 모델보다 좋은 결과를 가져왔다. 이것은 기존의 0이나 1중 하나의 값만을 선택해야 하는 이분법과는 달리 0과 1사이의 폐구간내 임의의 실수값을 가질 수 있어 비선형 시스템에 내재되어 있는 불확실성을 효과적으로 나타내었으며, 이들 시스템의 정적 혹은 동적 특성을 언어 변수를 사용하여 묘사하였다. 이 언어적인 변수를 표현하는 입력변수, 즉 멤버쉽 함수는 주어진 데이터에 대하여 퍼지 집합으로 표현하여 소속정도를 나타낸다. 여기에 IF.....THEN 형식으로 퍼지규칙과 추론 과정을 거쳐 출력값을 결정한다. 하지만 멤버쉽 함수와 규칙을 결정하는데 많은 어려움을 가지고 있다. 이 문제를 해결하기 위해 학습능력을 가진 신경망과의 융합이 시도되었다.

하지만 여전히 퍼지추론부에서는 멤버쉽 함수의 개수, 멤버쉽 함수 중심 등과 신경망에서는 층의 개수, 각 층의 노드 개수, 학습율, 모멘텀 계수 등과 같은 초기값 결정에 체계적인 방법이 제시되어 있지 않아 이를 조정하기 위해서 시행착오 및 전문가의 경험으로 결정해야하는 단점이 있다. 또한 이들의 잘못된 선택은 모델자체의 수렴성이나 정확성에 악영향을 미칠 수 있기 때문에 신중한 선택이 요구된다. 따라서, 이들의 선택시 좀 더 객관적인 방법을 이용한다면 모델의 신뢰성을 높일 수 있다[2-5].

본 논문에서는 Yamakawa[6, 7]가 제안한 모델을 이용하여 최적 FNN구조를 얻고자 한다. 이 모델은 보수적인 (complementary) 멤버쉽 함수를 가지는 퍼지규칙과 오류역전파 알고리즘을 사용한 신경회로망의 학습을 결합한 형태로 다른 퍼지-뉴럴네트워크 모델에 비해서 학습속도가 빠르고, 수렴특성이 매우 우수하다는 장점을 가졌으나, 주어진 시스템에 대해 퍼지입력 공간을 균등하게 분할하여 멤버쉽 함수를 정의함으로써 주어진 데이터의 특성을 반영하지는 못했다. 따라서 이러한 문제를 해결하기 위해 HCM(Hard C-Means) 클러스터링 알고리즘을 사용하여 시스템의 특성에 맞게 퍼지 입력 공간의 분할을 통하여 초기 멤버쉽 함수의 파라미터를 얻는다. 또한 유전학과 진화이론에 기반한 확률적인 탐색 방

* 正 會 員 : 圓光大 電氣電子工學部 副教授 · 工博
** 正 會 員 : 圓光大 制御計測工學科 博士課程
*** 正 會 員 : 水原大 電氣電子情報通信工學部 副教授 · 工博
接受日字 : 2001年 3月 26日
最終完了 : 2001年 6月 19日

법인 유전자 알고리즘[8,9]과 유전자 알고리즘이 가지는 한계를 극복하기 위해 개선된 컴플렉스 알고리즘[18]을 결합한 하이브리드 알고리즘을 이용하여 모델을 최적화한다. 즉 HCM 클러스터링 알고리즘을 사용하여 주어진 입출력 데이터 분포의 특성에 따라 멤버쉽 함수 파라미터의 초기 정점을 결정한 다음, 이 초기 파라미터 정점을 이용한 탐색영역 설정 후 유전자 알고리즘으로 극소점에 도달하는 파라미터를 동조한다.

그 후 개선된 컴플렉스 알고리즘을 이용하여 유전자 알고리즘에 의해 얻어진 파라미터를 더욱 정교한 튜닝을 통해 최적 파라미터를 얻어 정확한 퍼지-뉴럴네트워크 모델을 구축한다. 또한 학습 및 테스트 데이터를 고려한 퍼지-뉴럴네트워크 모델 성능 즉 근사화 및 일반화 능력 모두를 고려한 성능결과를 위해 하중 계수를 가진 합성 목적함수를 제안한다[11]. 모델의 성능지수는 데이터의 개수, 비선형성의 정도(입출력 데이터 분포)등에 의해 상호 의존성을 가진 근사화 및 예측의 정확도에 따라 차이가 있으므로 하중계수의 선택과 조절을 통하여 공정시스템의 최적모델을 구축할 수 있다.

제안된 모델은 가스로 공정[10], 하수처리 공정[11] 및 교통 경로선택공정[11, 17]에서 얻어진 데이터를 이용하여 성능을 평가하며 기존 방법에 비해 우수한 모델을 구축할 수 있음을 보인다.

2. 퍼지-뉴럴네트워크 모델

2.1 퍼지-뉴럴네트워크의 구조

퍼지-뉴럴네트워크는 퍼지와 신경회로망의 두 구조가 유사성과 상호 보완적인 특성으로부터 결합이 시도되었다. 이 결합에 의한 퍼지-뉴럴네트워크 구조는 퍼지이론의 언어적 논리를 규칙의 형태로 표현할 수 있는 능력과 신경회로망의 학습기능과의 상호 높은 융통성을 가지게 되는데, 본 논문에서 제안한 퍼지-뉴럴 네트워크의 모델은 그림 1에서 보이는 바와 같이 다른 모델에 비해서 학습속도가 빠르고, 수렴특성이 매우 우수하다는 장점을 가지는 각 입력변수에 따른 퍼지 입력공간분할에 의한 FNN[6, 7]구조를 사용한다.

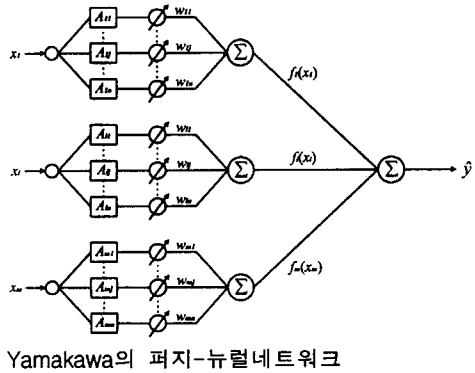


그림 1 Yamakawa의 퍼지-뉴럴네트워크
Fig. 1 Yamakawa's fuzzy-neural networks

본 논문에 사용한 FNN 모델은 Yamakawa에 의해 제안된 퍼지-뉴럴네트워크 모델로써 구조는 그림 1과 같이 퍼지추론과 뉴럴네트워크의 오류 역전파 알고리즘을 합성한 형태이다. 그림 1에서 x_i는 입력으로, 각 퍼지-뉴런에 입력된 신호 x_i는 퍼지-뉴런의 특성을 나타내는 비선형함수 f_i에 의해 출력 $f_i(x_i)$를 생성한다. 일반적인 신경망과는 달리 함수 f_i내에 시그모이드 함수는 포함되지 않는다. 비선형 함수 f_i 즉, 각 퍼지-뉴런에서 입력 신호 x_i는 각 멤버쉽 함수를 거쳐 적합도가 구해지고, 적합도는 연결 가중치와 곱해지며 이들이 대수적으로 합해져 i번째 퍼지-뉴런의 출력이 된다. 각 퍼지-뉴런에서 출력된 값들은 식 (1)과 같이 모두 대수적으로 합해져 $\hat{y}$을 최종적으로 출력하게 된다.

$$\hat{y}=f_1(x_1)+f_2(x_2)+\cdots+f_m(x_m)=\sum_{i=1}^{m}f_i(x_i) \tag{1}$$

여기서, m은 퍼지-뉴런의 수이다.

각각의 퍼지-뉴런(f_i)의 내부구조는 퍼지규칙을 이루고 있으며 그 규칙은 식 (2)와 같은 간략추론 방법을 이용한다.

$$R^j:\ IF\ \ x_i\ is\ A_{ij}\ \ Then\ \ \ y_{ij}=w_{ij} \tag{2}$$

식 (2)에서 R^j는 j번째 퍼지규칙을 나타내며, A_{ij}는 전반부의 퍼지변수이고 그림 2와 같이 멤버쉽 함수 μ_{ij}로 표현된다. 후반부의 w_{ij}는 상수이며, 그림 1에서 나타내듯이 연결 가중치를 나타낸다. 퍼지추론의 전반부 멤버쉽 함수는 그림 2에서 볼 수 있듯이 이웃하는 멤버쉽 함수와 보수적(complementary)인 관계를 가지는 삼각형 형태를 사용한다.

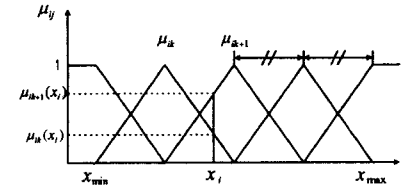


그림 2 기존방법을 이용한 멤버쉽 함수 정의
Fig. 2 MF definition using original method

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

$$f_i(x_i)=\frac{\sum_{j=1}^{n}\mu_{ij}(x_i)\cdot w_{ij}}{\sum_{j=1}^{n}\mu_{ij}(x_i)} \tag{3}$$

입력변수 x_i는 그림 2와 같이 동시에 두개의 멤버쉽 함수 k, k+1에만 영향을 받기 때문에 식 (3)은 다음과 같이 다시 쓸 수 있다.

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

보수적 관계를 가지는 2개의 이웃하는 멤버쉽 함수의 입력변수에 대한 적합도 합은 언제나 1이 되므로, $\mu_{ik}(x_i)+\mu_{ik+1}(x_i)=1$이 된다. 따라서, 다시 식 (5)와 같이 쓸 수 있다.

$$f_i(x_i)=\mu_{ik}(x_i)\cdot w_{ik}+\mu_{ik+1}(x_i)\cdot w_{ik+1} \tag{5}$$

이와 같은 특징 때문에 추론속도가 증가하는 효과를 얻을 수 있다.

퍼지-뉴럴네트워크의 학습은 그림 1의 멤버쉽 함수 뒷부분에 위치하는 연결 가중치를 모델에 가장 적절한 값으로 조정해 나가면서 이루어진다. 학습방법은 신경망의 학습에 가장 일반적으로 사용되는 오류 역전파 알고리즘이 사용된다.

본 논문에서는 식 (6)과 같은 형태의 출력오차를 사용한다[7].

$$E_p=(y_p-\hat{y_p})^2 \tag{6}$$

여기서 E_p는 각 데이터에 대한 오차를 의미하며, y_p는 주어진 출력 데이터, $\hat{y_p}$는 모델의 출력데이터를 나타낸다. m개의 입출력 데이터 쌍이 주어진 경우, 퍼지-뉴럴 네트워크의 최종 출력 오차는 식 (7)과 같이 된다.

$$E=\frac{1}{m}\sum_{p=1}^{m}E_p \tag{7}$$

연결 가중치의 조절은 식 (8)과 같이 기존값과 오차로부터 구해진 조절량 만큼의 변화를 더해주면 된다.

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

오차 E_p를 최소화하기 위한 연결 가중치의 변화량 Δw는 식 (9)에서 보이는 것처럼 경사강하법(gradient descent method)을 이용하여 구할 수 있다.

$$\Delta w_{ij}=\eta\left(-\frac{\partial E_p}{\partial w_{ij}}\right) \tag{9}$$

여기서, η는 학습율이다.

식 (9)에서 우변의 편미분은 사슬법칙(chain rule)에 의해 식 (10)과 같이 세 부분으로 전개될 수 있다.

$$-\frac{\partial E_p}{\partial w_{ij}}=-\frac{\partial E_p}{\partial \hat{y_p}}\cdot\frac{\partial \hat{y_p}}{\partial f_i(x_i)}\cdot\frac{\partial f_i(x_i)}{\partial w_{ij}} \tag{10}$$

식 (10)에서 우측 식의 각 항은 식 (11)과 같이 유도된다.

$$-\frac{\partial E_p}{\partial \hat{y_p}}=2(y_p-\hat{y_p}),\quad \frac{\partial \hat{y_p}}{\partial f_i(x_i)}=1,\quad \frac{\partial f_i(x_i)}{\partial w_{ij}}=\mu_{ij}(x_i) \tag{11}$$

그러므로 변화량, Δw_{ij}는 식 (11)으로부터 식 (12)와 같이 된다.

$$\Delta w_{ij}=2\cdot\eta\cdot(y_p-\hat{y_p})\cdot\mu_{ij}(x_i) \tag{12}$$

여기에 모멘텀을 더해 학습시간을 좀 더 단축시키고, 또한 학습성능을 향상시킨다. 모멘텀은 식 (13)과 같이 현재의 연결 가중치와 그 이전 연결 가중치의 차이에 의해 계산된다.

$$m(t)=w(t)-w(t-1) \tag{13}$$

이렇게 계산된 모멘텀은 모멘텀 계수라 불리우는 α와 곱해져 연결 가중치 조절식에 추가된다. 모멘텀까지 포함하는 연결 가중치의 최종 조절식은 식 (14)와 같다.

$$\Delta w_{ij}=2\cdot\eta\cdot(y_p-\hat{y_p})\cdot\mu_{ij}(x_i)+\alpha(w_{ij}(t)-w_{ij}(t-1)) \tag{14}$$

2.2 HCM 클러스터링 알고리즘

기존 퍼지-뉴럴네트워크 모델의 구조는 주어진 데이터에 대하여 최소값과 최대값을 임의의 개수로 균등하게 분할하여 일률적으로 멤버쉽 함수를 정의하였으나 주어진 데이터의 특성을 살리지 못하고 모델의 성능에 좋은 영향을 끼치지 못했다. 따라서 본 논문에서는 데이터들간의 거리를 기준으로 하여 근접한 정도를 측정하고, 이를 통해 데이터를 분류하는 HCM방법을 이용하여 데이터 특성에 맞는 멤버쉽 함수를 정의하였다. 단계별 HCM 클러스터링 알고리즘의 수행과정은 다음과 같다.

[단계 1] 클러스터의 개수 $(2\le c\le n)$를 결정하고, 소속행렬 U를 $U^{(0)}\in M_c$으로 초기화한다.

$$M_c=\left\{U\mid u_{ij}\in\{0,1\},\ \sum_{i=1}^{c}u_{ik}=1,\ 0<\sum_{k=1}^{m}u_{ik}<m\right\} \tag{15}$$

여기서, $u_{ij}(i=1,2,\cdots,c\ ;\ j=1,2,\cdots,m)$는 소속행렬의 파라미터.

[단계 2] 각각의 클러스터에 대한 중심벡터 V_i를 구한다.

$$V_i=\{v_{i1},v_{i2},\cdots,v_{ij},\cdots,v_{im}\},\quad v_{ij}=\frac{\sum_{k=1}^{m}u_{ik}\cdot x_{kj}}{\sum_{k=1}^{m}u_{ik}} \tag{16}$$

여기서, i는 i번째 클러스터, j는 j번째 입력 변수(j=1,…,m), n은 data 수.

[단계 3] 각각의 클러스터 중심과 데이터와의 거리를 계산하여 새로운 소속행렬 $U^{(r)}$을 생성한다.

$$d_{ik}=d(x_k-V_i)=\|x_k-V_i\|=\left[\sum_{j=1}^{m}(x_{kj}-v_{ij})^2\right]^{1/2} \tag{17}$$

$$u_{ik}^{(r+1)}=\begin{cases}1 & d_{ik}^{(r)}=\min\{d_{ik}^{(r)}\}\ \text{for all } j\in c\\ 0 & otherwise\end{cases} \tag{18}$$

여기서, d_{ik}는 k번째 데이터 sample x_k와 i번째 클러스터 중심 V_i의 기하학적 거리

[단계 4] 만일 식 (19)을 만족한다면 종료하고, 그렇지 않으면 $r=r+1$로 놓고 [단계 2]로 간다.

$$\|U^{(r+1)}-U^{(r)}\|\le\varepsilon\ (\text{tolerance level}) \tag{19}$$

3. 하이브리드 알고리즘을 이용한 최적화

최적화에 대한 요구는 다양한 분야에서 발생하고 있고, 이를 해결하기 위한 노력 역시 끊임없이 이루어지고 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, 유전자 알고리즘은 경사 하강법(gradient descent method)과는 달리 지역 극소에 빠지지 않는 장점이 있다. 그러나 유전자 알고리즘이 지역극소에 빠지지 않을 가능성이 매우 큰 반면, 전역 극소영역 안에서 최적해에 근접하기 위한 소요시간이 크므로 유전자 알고리즘을 통하여 전역 극소영역 안에서 준최적(near-optimal) 초기값을 탐색한 후 일반 최적화 방법을 수행한다.

기하학적 해석을 기반으로 하고 있는 개선된 컴플렉스 알고리즘[18]은 기존의 최적화 이론인 심플렉스 방법을 확장한 컴플렉스 방법을 수정한 것으로 목적함수를 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.

본 논문에서는 이러한 유전자 알고리즘과 컴플렉스 알고리즘의 장점을 이용하여 상호 결합된 하이브리드 알고리즘을 제안하여 각각의 알고리즘에 대한 단점 및 한계성을 극복하여 보다 최적화된 모델 구조의 생성 효과를 얻을 수 있음을 보인다. 그림 3은 위에서 설명된 HCM 알고리즘과 하이브리드 알고리즘에 의한 최적화 수행순서를 나타낸 것이다.

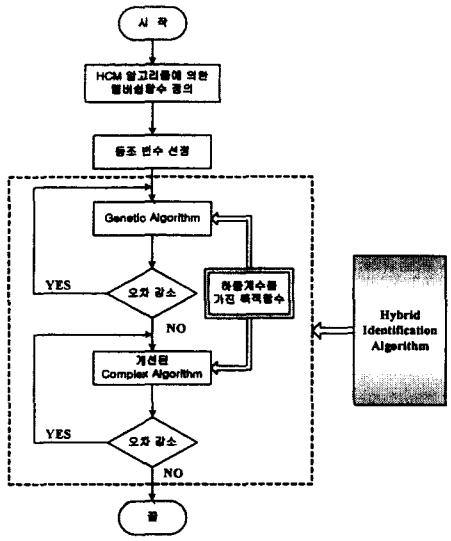


그림 3 최적화 수행순서
Fig. 3 Optimization flowchart

3.1 유전자 알고리즘

최적화 문제에서 탁월한 성능을 발휘하는 유전자 알고리즘[8,9]은 생물학적 진화, 자연선택, 유전자 재조합, 군집 또는 개체에 대한 "적자생존"의 생물학 원리에 바탕을 둔 확률적 탐색 방법이다. 또한 기존의 방법들과는 달리 선형, 연속, 미분가능 등의 제한이 없기 때문에 다양한 분야에 별다른 제한 없이 적용할 수 있다는 장점을 가진다. 제안한 모델의 최적화를 위하여 사용된 유전자 알고리즘은 반복을 통해서 최적 지점에 접근해 가는 방법을 사용하고 탐색지점으로 실수가 주어지면 이를 2진수(binary)로 변환하게 된다. 변환된 각 비트는 염색체처럼 취급되고, 염색체가 모여 유전자를 이루며 개체(individual)라 불린다. 즉, 각 염색체는 그림 4와 같이 모두 하나의 개체 안에 연결해 사용한다. 염색체(변수)는 10 bit로 정의하고, 개체가 탐색할 때 사용되는 하나의 지점을 의미한다. 동시에 여러 점을 탐색하기 위해 개체를 동시에 여러 개 사용되는데 이를 군집이라 한다.

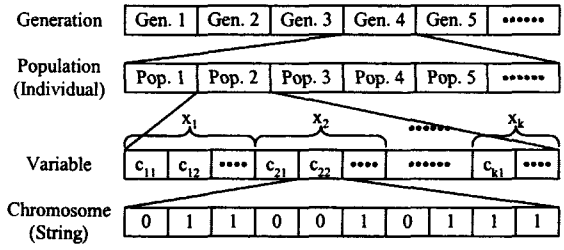


그림 4 유전자 알고리즘 데이터 구조의 계층 표현
Fig. 4 Class expression of genetic algorithms data structure

본 논문에서는 하이브리드 동정 알고리즘에 있어서 개선된 컴플렉스 알고리즘의 초기값을 위해 퍼지-뉴럴네트워크의 모델에 대한 멤버쉽 함수의 정점과 학습율, 모멘텀 계수를 최적으로 설정해 주기 위하여 유전자 알고리즘을 이용하여 모델의 최적화 과정을 수행하게 된다. 유전자 알고리즘을 시뮬레이션하기 위해 설정된 각각의 개체에 존재하는 염색체의 수와 군집의 크기에 대한 파라미터의 정의로써, 한 개체에 여러 변수의 정보를 담은 직렬 방식을 사용한다. 선택 연산으로 roulette-wheel방식, 돌연변이연산은 선택된 비트를 반전시키는 invert방식, 교차연산은 one-crossover방식을 사용하였다.

세대는 100세대, 군집은 60개체까지 진행시켰으며, 각 문자열의 길이는 10 bit를, 교배율은 0.6, 돌연변이 발생율은 0.35를 사용한다.

3.2 개선된 컴플렉스 알고리즘

개선된 컴플렉스 알고리즘[18]은 기존의 최적화 이론인 심플렉스 개념을 확장, 융합함으로써 목적함수를 최소화시키는 심플렉스 방법에 제약조건이 주어지는 경우로 식 (20)의 형태의 수식을 풀기 위한 방법이다. 본 논문에서는 유전자 알고리즘의 수렴 한계를 극복하기 위해 초기 유전자 알고리즘에 의해 동조된 퍼지-뉴럴네트워크의 멤버쉽 함수 정점과 학습율, 모멘텀 계수에 대한 각각의 파라미터들을 다시 정밀하게 자동동조 한다.

최적의 파라미터를 동조하기 위해 실행횟수를 500번, 표준편차를 0.000001로 설정하고 반사를 1, 확장을 2, 그리고 축소를 0.5로 사용하였다.

개선된 컴플렉스 알고리즘의 수행은 다음과 같다.

$$\textit{Minimize}\ \ f(\mathbf{X})$$

Subject to

$$g_j(\mathbf{X}) \le 0, \qquad j=1,2,\cdots,m \tag{20}$$
$$x_i^{(l)} \le x_i \le x_i^{(u)} \qquad i=1,2,\cdots,n$$

여기서, l은 하한, u는 상한을 나타낸다.

<Step 1> FNN의 멤버쉽 함수 정점과 학습율, 모멘텀 계수를 포함하는 해집합 $\boldsymbol{X}_k=(x_1^k,\cdots,x_n^k\ ;\ k=1,\cdots n, n+1,\cdots,m)$을 선정한다. 일반적으로 m은 $2n$개를 선정한다. (여기서 n은 초기 정점의 수)

<Step 2> 심플렉스의 개념에서 반사(Reflection), 확장(Expansion), 축소(Contraction)의 기본 개념을 이용하여, α, β, γ의 초기값을 다음과 같이 설정한다.

I) 반사(Reflection) : $\boldsymbol{X}_r = \boldsymbol{X}_o + \alpha(\boldsymbol{X}_o - \boldsymbol{X}_h)$ (21)

II) 확장(Expansion) : $\boldsymbol{X}_e = \boldsymbol{X}_o + \gamma(\boldsymbol{X}_r - \boldsymbol{X}_o)$ (22)

III) 축소(Contraction) : $\boldsymbol{X}_c = \boldsymbol{X}_o + \beta(\boldsymbol{X}_h - \boldsymbol{X}_o)$ (23)

<Step 3> $\boldsymbol{X}_h$와 $\boldsymbol{X}_l$은 최대 함수값 $f(\boldsymbol{X}_h)$와 최소 함수값 $f(\boldsymbol{X}_l)$에 대응하는 정점이다. $\boldsymbol{X}_o$는 $i=h$를 제외한 모든 정점 $\boldsymbol{X}_i$의 중심이다. 반사 $\boldsymbol{X}_r$은 $\boldsymbol{X}_h$ = max $f(\boldsymbol{X}_i)$, $(i=1,\cdots,k)$, $\boldsymbol{X}_o=\frac{1}{(m-1)}(\sum_{i=1}^{m}\boldsymbol{X}_i-\boldsymbol{X}_h)$, $\alpha=\{\|\boldsymbol{X}_r-\boldsymbol{X}_o\|\}/\{\|\boldsymbol{X}_o-\boldsymbol{X}_h\|\}$을 가지는 식 (21)에 의해 구해진다.

만약 $\boldsymbol{X}_r$이 조건을 만족하지 않으면, 새로운 점 $\boldsymbol{X}_r$은 $\boldsymbol{X}_r = (\boldsymbol{X}_o + \boldsymbol{X}_r)/2$에 의해 구해진다. 이 과정은 $\boldsymbol{X}_r$이 조건을 만족할 때까지 반복된다.

<Step 4> 만약 반사방법에서 $f(\boldsymbol{X}_r) < f(\boldsymbol{X}_l)$에 대해 점 $\boldsymbol{X}_r$이 발생한다면, 즉 반사방법에서 새로운 작은 값을 생성한다면, $\gamma=\{\|\boldsymbol{X}_e-\boldsymbol{X}_o\|\}/\{\|\boldsymbol{X}_r-\boldsymbol{X}_o\|\}>1$을 가지는 식 (22)에 의해 $\boldsymbol{X}_r$을 $\boldsymbol{X}_e$로 확장한다.

만약, $\boldsymbol{X}_e$가 조건을 만족하지 못하면, 새로운 점 $\boldsymbol{X}_e$는 $\boldsymbol{X}_e = (\boldsymbol{X}_o + \boldsymbol{X}_e)/2$에 의해 구해진다. 이 과정은 $\boldsymbol{X}_e$가 주

어진 조건을 만족할 때까지 반복된다. 만약 $f(X_e) < f(X_l)$이면 X_e에 의해 점 X_h를 다시 설정하고 반사 과정을 다시 수행한다. 반면에, $f(X_e) > f(X_l)$이면 X_h를 X_r로 대치하고 반사 과정을 다시 수행한다.

<Step 5> 만약 반사 과정에서 점 X_r이 $f(X_r) > f(X_i)(i=h$를 제외한 모든 $i)$ 그리고 $f(X_r) < f(X_h)$에 대해 발생한다면, X_r에 의해 점 X_h를 다시 설정한다. 이 경우, $\beta = \frac{\| X_c - X_o \|}{\| X_h - X_o \|}$를 가지는 식 (23)에서처럼 간단하게 축소된다. 만약 $f(X_r) > f(X_h)$이면 이전의 점 X_h을 변경하지 않고 X_c을 이용한다. 만약 X_c가 조건을 만족하지 않는다면, 새로운 점 X_c은 $X_c = (X_o + X_c)/2$에 의해 구해진다. 이 과정은 X_c가 조건을 만족할 때까지 반복 계산된다. 만약 축소 과정이 $f(X_c) < \min[f(X_h), f(X_r)]$에 대해 점 X_c를 생성한다면 X_h은 X_c에 의해 다시 설정하고 다시 반사 방법을 수행한다. 반면에 만약 $f(X_c) \geq \min[f(X_h), f(X_r)]$이면, $(X_i + X_l)/2$에 의해 모든 X_i을 다시 설정하고 반사 방법을 다시 수행한다.

<Step 6> 이 방법은 한 정점에서 함수의 표준편차가 다음 식 (24)처럼 주어진 작은 값 ε보다 작으면 수렴한다고 가정한다.

$$Q = \left\{ \sum_{i=1}^{n+1} \frac{\{(f(X_i) - f(X_0)\}^2}{n+1} \right\}^{1/2} \leq \varepsilon \qquad (24)$$

만약 Q가 식 (24)를 만족하지 않으면 <Step 3>으로 간다.

3.3 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 제거하여 모델의 성능지수가 최소가 되는 전역 극소 영역을 찾지만 탐색 능력의 한계성 때문에 전역 극소점에 도달하는데 소요시간을 많이 필요로 한다.

반면에 컴플렉스 방법은 초기값에 대응하는 극소점을 찾기가 용이하지만 초기값의 영향을 많이 받기 때문에 초기값 설정에 많은 어려움이 있다. 따라서 잘못된 초기값 설정은 결과적으로 지역 극소에 빠지게 된다.

이에 유전자 알고리즘과 컴플렉스 방법의 장점을 이용하여 상호 결합된 하이브리드 알고리즘은 아래 기술된 각 알고리즘의 단점 및 한계성을 상호 보완 및 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 경계조건에서 최적 파라미터를 추출할 수 있을 뿐이다.

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

3) 유전자 및 컴플렉스 알고리즘을 이용하여 멤버쉽 함수의 파라미터, 학습율, 그리고 모멘텀 계수를 추출하여 최종 출력을 구하는 경우, 유전자 알고리즘은 생물학적 연산에 의한 최적화 기법으로 초기값 설정이 넓은 탐색 영역에서도 최적 파라미터 추출이 용이한 반면, 컴플렉스 방법은 기하학적 연산에 의한 최적화개념으로 입출력 데이터 분포에 따른 멤버쉽 함수의 파라미터가 일정영역 및 경계를 벗어나는 초기치 설정에 의해서는 최적 파라미터 발견의 어려움은 물론 최종출력을 얻을 수 없는 경우가 많다. 이는 앞서 설명한 첫째 및 둘째의 특성에 기안하여 발생됨을 알 수 있다.

따라서 컴플렉스 알고리즘에서 사용되는 초기값을 유전자 알고리즘으로 구하여 컴플렉스 알고리즘의 초기값 문제에 따른 어려움과 유전자 알고리즘의 탐색 능력의 한계성을 극복한다. 그러므로, 유전자 및 컴플렉스 알고리즘의 합성에 의한 하이브리드 구조에 의해 멤버쉽 함수의 파라미터, 학습율, 그리고 모멘텀 계수를 자동 튜닝함으로써 최적의 퍼지-뉴럴 네트워크 모델을 구축할 수 있다.

3.4 하중계수를 가진 목적함수

입출력 데이터로 시스템을 모델링 할 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 못한다. 이러한 현상은 비선형 공정인 경우 더욱 문제가 된다. 이 문제를 해결하기 위하여 본 논문에서는 주어진 학습 데이터를 이용하여 퍼지-뉴럴네트워크 모델을 구축하고 테스트 데이터를 사용하여 모델을 평가하기 위하여 근사화 및 일반화의 상호 균형과 의존 능력을 가진 합성 목적 함수(성능지수)를 이용하여 상호 연계된 최적 모델 구조를 생성한다[11]. 이를 위해 학습 및 테스트 데이터의 성능 결과에 대한 하중계수를 가진 목적함수인 합성 성능지수로써 식 (25)와 같이 정의한다.

$$f(PI, E_PI) = \theta \times PI + (1-\theta) \times E_PI \qquad (25)$$

θ는 PI와 E_PI에 대한 하중계수를 나타내고, PI는 학습 데이터에 대한 성능지수, E_PI는 테스트 데이터에 대한 성능지수를 나타낸다. 식 (25)와 같이 정의한 하중계수를 가진 목적함수는 $\alpha \in [0, 1]$에 대해서 $\theta = \alpha$이면 학습과 테스트 모두를 포함하고, α의 선택은 모델의 근사화와 일반화 사이에서 상호 균형에 의한 최적화를 시도한다. 이 의미는 학습 데이터에 의한 퍼지-뉴럴 네트워크모델의 성능지수 PI를 구하고, 학습 데이터에 의해 생성된 퍼지-뉴럴 네트워크에 테스트 데이터를 가하여 평가용 성능지수 E_PI를 구하는 것이다. 구해진 PI와 E_PI 각각에 하중계수 θ와 $1-\theta$을 곱한 다음, 합에 의한 목적함수 $f(\cdot)$을 최적화시키는 방향으로 모델의 파라미터를 동조함으로써 최적 퍼지-뉴럴 네트워크를 구축한다. 이것은 모델 자체의 근사화 능력과 일반화 능력을 상호 고려한 목적함수의 형태로 적절한 하중계수 선정에 따라 최적 퍼지-뉴럴네트워크 모델을 구축할 수 있다.

4. 시뮬레이션 및 결과고찰

본 논문에서는 모델의 성능을 확인하기 위하여 가스로 공정데이터[10], 하수처리 공정 데이터[11], 그리고 교통 경로선

택공정[11, 17]을 이용한다. 성능평가 기준은 가스로 공정과 하수처리 공정 데이터는 식 (26)과 같은 MSE(Mean Squared Error)을 사용하고 교통 경로선택공정은 식 (27)를 사용한다.

$$PI = \frac{1}{n}\sum_{n=1}^{n}(y_i - \hat{y}_i)^2 \quad (26)$$

$$PI = \sum_{n=1}^{n}|y_i - \hat{y}_i| \quad (27)$$

여기에서, $\hat{y}_i$는 실 모델의 출력, y_i는 주어진 출력 데이터, n은 데이터 개수를 나타낸다.

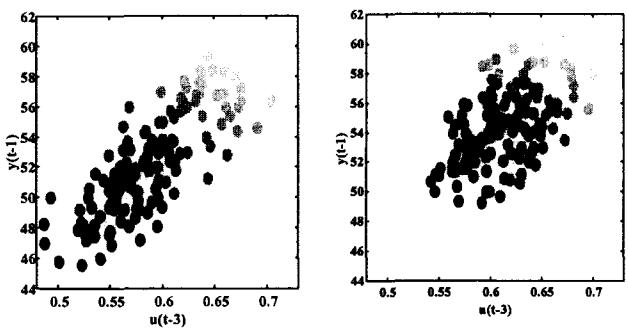
4.1 가스로 공정

제안된 모델의 성능을 평가하기 위해서 사용된 Box와 Jenkins[10]의 가스로 시계열 데이터는 입출력 데이터인 가스 흐름율과 연소된 이산화탄소 농도의 가스로 공정으로부터 추출된다. 메탄가스 흐름율($X(t)$)은 실험에서 -2.5에서 2.5로 변하는 것을 사용하나 실제 공정에서의 메탄가스 흐름율($X_m(t)$)은 식 (28)에 의해 0.5에서 0.7로 변한다.

$$X_m(t) = 0.6 - 0.048 \times X(t) \quad (28)$$

입력($u(t)$)은 가스 흐름율이고 출력($y(t)$)은 이산화탄소 농도인 1입력 1출력의 가스로 시계열 데이터 296쌍을 시뮬레이션 하기 위해 균일한 입출력 분포구조를 가지는 입력 $u(t-3)$, $y(t-1)$과 출력 $y(t)$의 2입력 1출력으로 설정하여 사용한다. 또한 입력 데이터의 집합을 학습과 테스트 데이터로 나누어 퍼지-뉴럴 네트워크를 모델링하고 하이브리드 동정 알고리즘을 사용하여 모델의 최적화한다.

그림 5는 입력 $u(t-3)$, $y(t-1)$과 출력 $y(t)$에 대한 데이터의 분포를 보여준다. 제안된 데이터 집합 [$u(t-3)$, $y(t-1)$; $y(t)$] 이외에 [$u(t-1)$, $y(t-1)$; $y(t)$], ···, [$u(t-5)$, $y(t-1)$; $y(t)$] 및 [$y(t-3)$, $y(t-2)$; $y(t)$], [$u(t-3)$, $y(t-3)$; $y(t)$]등과 같은 입출력 데이터 분포는 제안된 입출력 데이터 구조보다 덜 균일하고 흩어진 분포구조로 성능이 현저히 떨어짐을 알 수 있다.

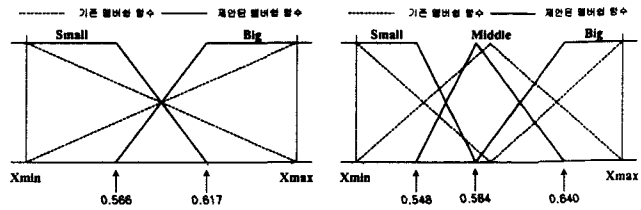


(a) 학습 데이터 (b) 테스트 데이터

그림 5 데이터 집합[$u(t-3)$, $y(t-1)$; $y(t)$]에 유기된 데이터 점들
Fig. 5 Data points induced by I/O data set [$u(t-3)$, $y(t-1)$; $y(t)$]

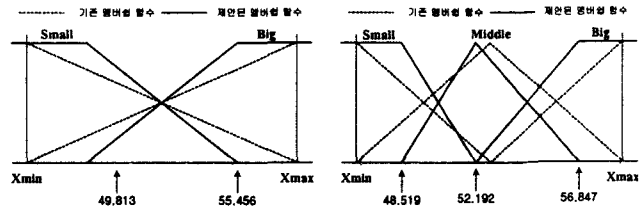
그림 6은 가스로 공정 입력 데이터에 대해서 기존의 최소, 최대값에 의해 멤버쉽 함수를 정의한 것과 제안된 HCM 클러스터링 알고리즘에 의해 멤버쉽 함수를 정의한 것과의 상호 비교하여 보여준 것이다.

그림 6과 같이 HCM 클러스터링 알고리즘을 사용하여 초기 멤버쉽 함수를 정의하고 이를 하이브리드 알고리즘에 의해 성능지수를 최소화시킴으로써 데이터 특성을 반영한 모델을 구축할 수 있다. 여기서 Xmin은 데이터의 최소값, Xmax는 데이터의 최대값이다.



(a-1) 멤버쉽 함수 : 2개 (a-2) 멤버쉽 함수 : 3개

(a) u(t-3)



(b-1) 멤버쉽 함수 : 2개 (b-2) 멤버쉽 함수 : 3개

(b) y(t-1)

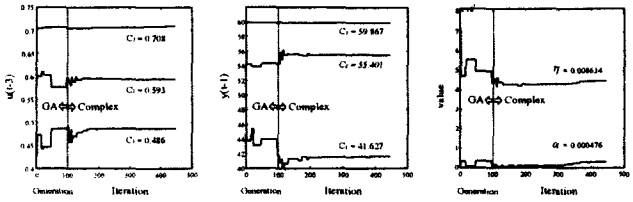
그림 6 HCM을 이용한 가스로 공정의 초기 멤버쉽 함수 정의
Fig. 6 Definition of initial membership functions of gas furnace process by HCM

표 1에서는 θ값 설정에 따라 FNN 모델의 멤버쉽 함수의 파라미터들과 학습율, 모멘텀 계수를 하이브리드 동정 알고리즘에 의해 자동 동조함으로써 근사화 능력과 일반화 능력을 가진 최적 FNN 모델의 성능지수를 나타낸 것이다. 표에서 보여지는 것처럼 가스로 공정과 같이 주어진 데이터가 균일한 구조를 가지고 비선형성 정도가 약한 데이터에서는 근사화 및 일반화 능력 측면에서 그 효과가 미미함을 알 수 있다. 멤버쉽 함수의 수가 증가함에 따라서는 근사화와 일반화 성능이 전반적으로 약간 향상됨을 알 수 있다. 가스로 공정인 경우 각 입력에 대한 멤버쉽 함수의 수가 3개이고 θ가 0.8일 때 최적모델을 구축함을 알 수 있었다. 이때의 학습성능지수는 0.027이고 테스트 성능지수는 0.289이다.

표 1 멤버쉽 함수의 개수에 따른 가스로 공정의 성능지수
Table 1 Performance index of gas furnace process according to the number of membership functions

입력		Weight	멤버쉽 함수의 개수					
			2 : 2		3 : 2		3 : 3	
gx1	gx2	(θ)	PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI
u(t-3)	y(t-1)	0.0	0.106	0.256	0.241	0.251	0.099	0.247
		0.2	0.064	0.250	0.064	0.257	0.063	0.249
		0.4	0.049	0.258	0.050	0.260	0.050	0.254
		0.5	0.043	0.264	0.044	0.268	0.043	0.261
		0.6	0.037	0.271	0.040	0.274	0.036	0.266
		0.8	0.027	0.292	0.027	0.303	0.027	0.289
		1.0	0.022	0.336	0.023	0.341	0.022	0.337

그림 7은 선택된 모델에 대해 하이브리드 알고리즘에 의해서 멤버쉽 함수의 정점(C_1, C_2, C_3)과 학습율(η), 모멘텀 계수(α)가 자동 동조되는 과정을 표현한 그림이다.

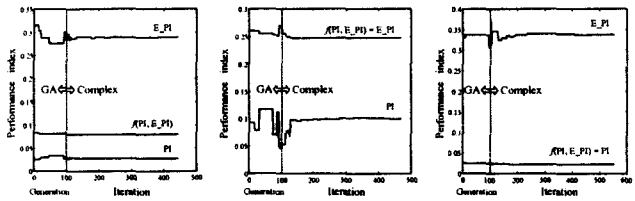


(a) u(t-3) (b) y(t-1) (c) η 과 α

그림 7 하이브리드 알고리즘에 의한 FNN 모델의 최적 파라미터 탐색 과정(θ=0.8)

Fig. 7 The search process to optimal parameters for FNN model by Hybrid Algorithm(θ=0.8)

그림 8은 하중 계수에 따라 하이브리드 알고리즘을 이용한 FNN모델의 성능지수 최적화 과정을 나타낸 것이다.



(a) θ=0.8 (b) θ=0 (c) θ=1.0

그림 8 하이브리드 알고리즘에 의한 FNN 모델의 각 성능지수의 최적화 과정

Fig. 8 The optimization process of each performance index for FNN model by Hybrid Algorithm

즉 HCM 클러스터링에 의해서 얻어진 초기 멤버쉽 함수의 파라미터 정점들과 FNN 모델의 학습율, 모멘텀 계수를 유전자 알고리즘으로 1차 동조한 다음, 그 동조된 값을 개선된 컴플렉스의 초기값으로 이용하여 더욱 정밀하게 동조한 것이다. 그림 (a)는 식 (25)의 하중 계수 θ가 0.8인 경우일 때이고, (b)는 θ가 0.0인 경우일 때 그리고 (c)는 θ가 1.0인 경우일 때의 각각에 대한 최적화 과정을 나타낸 것이다. 그림에서도 볼 수 있듯이 모델의 일반화와 근사화를 고려한다면 하중 계수가 0.8인 경우일 때 최적의 모델을 구축할 수 있음을 알 수 있다.

표 2 다른 모델링 방법과 성능 비교(θ=0.8)

Table 2 Comparison of performance with other modeling methods(θ=0.8)

MODEL		PI	PI_s	E_PI_s	No. of rules
Tong's Model[13]		0.469			19
Pedrycz's Model[14]		0.776			20
Xu's Model[15]		0.328			25
Sugeno's Model[16]		0.355			6
Oh's Model[11,18]	Simplified		0.024	0.328	4
	Linear		0.022	0.326	4
			0.021	0.364	6
			0.020	0.333	8
Proposed (HCM + Hybrid)			0.027	0.292	4
			0.027	0.303	5
			0.027	0.289	6

표 2는 동일한 데이터를 사용하여 성능 지수를 식 (26)에 의해 계산된 값으로 다른 동정된 모델과 성능비교를 나타낸다. 이 표에 의하면 본 논문에서 제안한 방법인 주어진 데이터 특성을 반영하기 위해 HCM 클러스터링으로 초기 멤버쉽 함수의 정점을 정의한 다음, 하이브리드 동정 알고리즘을 이용하여 최적의 모델을 구축했을 때의 결과가 기존 모델 비해서 학습 성능 및 테스트 성능이 향상됨을 알 수 있다.

표 2에서 명시된 것 중에서 PI는 전체 데이터를 이용하여 모델의 학습 성능만을 구한 것이다. 전체 데이터를 학습과 테스트 데이터로 나눴을 때, 학습 데이터에 대한 성능지수를 PI_s로 표기했으며 테스트 데이터에 대한 성능지수는 E_PI_s로 표기하였다.

4.2 하수처리 공정

본 논문에서는 수도권 하수처리장 중의 하나를 모델로 선정하여 이 처리장의 1년치 수질 데이터를 토대로 활성오니 공정을 본 논문에서 제안한 하이브리드 동정 알고리즘을 이용하여 최적의 모델을 구축한다. 하수처리에는 활성오니공정[11]이 일반적으로 사용되고 있다.

본 논문에서는 활성오니공정을 폭기조 및 최종 침전지를 결합한 하나의 단일 모델로 설정하여, 실제 최초 침전지로 유입되는 생물학적 산소 요구량 및 유입수의 부유물 농도를 측정하고, 최종 침전지에서 유출되는 생물학적 산소요구량 및 부유물 농도를 모아서 하수처리 정도를 비교한다. 모델은 혼합액 부유물(MLSS), 잉여오니흐름율(WSR), 반송율 설정치(RRSP), 용존산소 설정치(DOSP)을 입력으로하고, 부유물의 농도(ESS)를 출력으로 하는 4입력 1출력 구조를 가진다. 하수처리 공정으로부터 얻어진 52개 데이터를 이용하여 전반부 26개 데이터는 학습 데이터로, 나머지 후반부 26개의 데이터는 테스트 데이터로 이용한다. 그림 9는 하수처리시스템의 개요도를 나타낸 것이다.

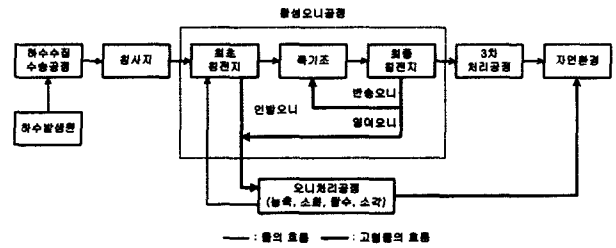
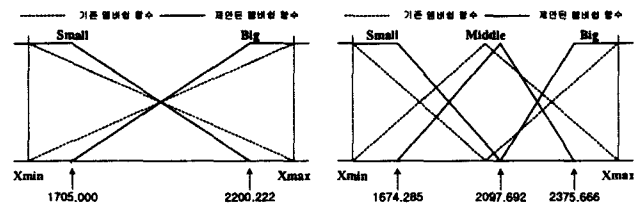


그림 9 하수처리시스템의 개요도

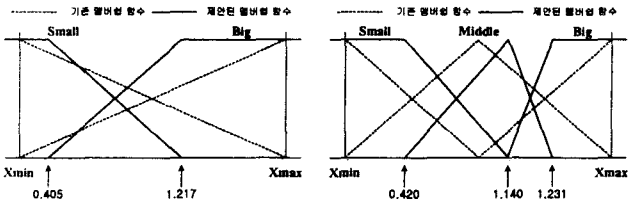
Fig. 9 Configuration of sewage treatment system

그림 10은 입력으로 MLSS와 WSR 데이터에 대해서 기존의 최소, 최대값에 의해 멤버쉽 함수를 정의한 것과 제안된 HCM 클러스터링 알고리즘에 의해 멤버쉽 함수를 정의한 것을 비교하여 보여준 것이다.



(a-1) 멤버쉽 함수 : 2개 (a-2) 멤버쉽 함수 : 3개

(a) MLSS



(b-1) 멤버쉽 함수 : 2개 (b-2) 멤버쉽 함수 : 3개

(b) WSR

그림 10 HCM을 이용한 하수처리 공정의 초기 멤버쉽 함수 정의

Fig. 10 Definition of initial membership functions of sewage treatment process by HCM

표 3에서는 θ 값 설정과 입력에 따라 FNN 모델의 멤버쉽 함수의 파라미터들과 학습율, 모멘텀 계수를 하이브리드 동정 알고리즘에 의해 자동 동조함으로써 근사화 능력과 일반화 능력을 가진 최적 FNN 모델의 성능지수를 나타낸 것이다. 하수처리 공정인 경우 입력이 MLSS와 WSR을 사용할 때 다른 입력을 사용할 때 보다 성능이 우수함을 알 수 있었다. 그 중에서 특히 각각에 대한 멤버쉽 함수의 수를 3개로 정의하고 하중 계수 θ를 0.6으로 설정했을 때 최적의 모델을 구축함을 알 수 있다. 이때의 학습성능지수는 9.971이고 테스트 성능지수는 9.428이다.

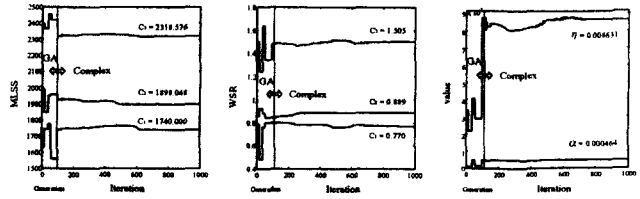
표 3 멤버쉽 함수의 개수에 따른 하수처리 공정 성능지수

Table 3 Performance index of sewage treatment process according to the number of membership functions

입력		Weight	멤버쉽 함수의 개수					
			2 : 2		3 : 2		3 : 3	
gx1	gx2	(θ)	PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI
MLSS	WSR	0.0	18.578	6.296	17.702	6.389	19.589	5.550
		0.2	16.922	5.847	14.941	7.068	14.407	5.539
		0.4	15.413	6.484	13.948	7.665	13.267	6.024
		0.5	13.855	7.731	13.543	7.794	11.313	8.707
		0.6	13.401	8.287	12.334	8.310	9.971	9.428
		0.8	9.755	16.081	9.915	14.672	9.059	11.283
		1.0	9.191	22.816	8.780	23.621	8.277	22.472
MLSS	RRSP	0.0	22.246	8.083	22.629	6.846	21.028	6.379
		0.2	16.247	10.008	17.833	8.700	18.073	6.847
		0.4	15.390	10.355	13.733	10.330	14.381	7.823
		0.5	11.679	12.829	13.643	10.385	13.864	8.247
		0.6	11.359	13.098	12.408	12.876	10.894	14.860
		0.8	10.577	15.742	10.554	15.014	10.417	15.799
		1.0	10.399	17.513	10.409	22.462	9.298	24.919
MLSS	DOSP	0.0	21.996	9.760	24.172	8.175	25.789	7.816
		0.2	19.146	10.124	21.074	8.476	19.485	9.265
		0.4	15.711	11.565	17.002	10.471	15.916	10.824
		0.5	13.662	13.429	15.739	11.509	14.861	11.681
		0.6	12.742	14.655	10.838	16.600	13.078	11.554
		0.8	9.580	19.527	9.463	18.679	8.024	18.751
		1.0	8.216	33.237	7.941	30.030	7.400	31.814

표 3에서 알 수 있듯이, 가스로 공정과 비교했을 때 하수처리 공정과 같이 데이터 수가 적고 데이터가 균일하지 않고 분산된 구조를 가지며 특히, 비선형성이 강한 데이터일수록 본 논문에서 제안한 하이브리드 동정 알고리즘이 더욱 효과적임을 알 수 있다.

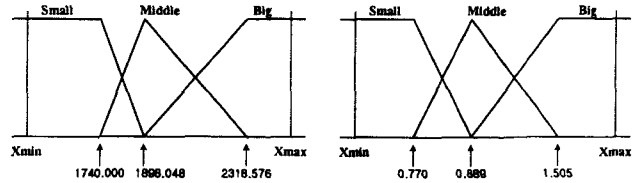
선택된 모델에 대하여 그림 11은 입력 데이터에 따른 멤버쉽 함수의 정점(C_1, C_2, C_3)과 학습율(η), 모멘텀 계수(α)를 하이브리드 알고리즘에 의해 자동 동조되는 과정을 보여주고 있다. 그리고 탐색 과정을 통하여 최종 동조된 멤버쉽 함수는 그림 12에서 보여진다.



(a) MLSS (b) WSR (c) η 과 α

그림 11 하이브리드 알고리즘에 의한 FNN 모델의 최적 파라미터 탐색 과정(θ=0.6)

Fig. 11 The search process to optimal parameters for FNN model by Hybrid Algorithm(θ=0.6)

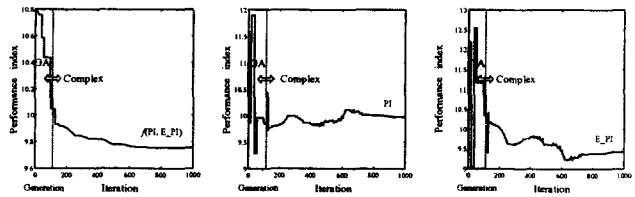


(a) MLSS (b) WSR

그림 12 멤버쉽 함수의 최종 동조값(θ=0.6)

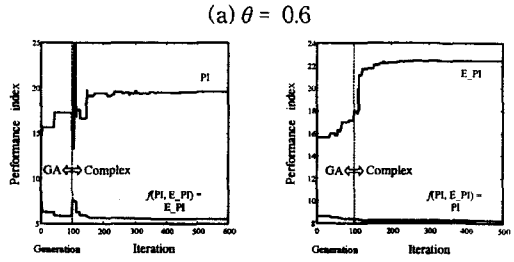
Fig. 12 The final tuned values of MF(θ=0.6)

그림 13은 각각의 하중 계수의 선택에 따른 하이브리드 알고리즘에 의한 FNN 모델의 최적화 탐색을 수행하는 과정을 보이고 있다. 그림에서도 볼 수 있듯이 모델의 일반화와 근사화를 고려한다면 하중 계수가 0.6인 경우일 때 최적의 모델을 구축할 수 있음을 알 수 있다.



(a-1) 목적함수 (a-2) PI (a-3) E_PI

(a) θ = 0.6



(b) θ = 0 (c) θ =1.0

그림 13 하이브리드 알고리즘에 의한 FNN 모델의 각 성능지수의 최적화 과정

Fig. 13 The optimization process of each performance index for FNN model by Hybrid Algorithm

표 4에서 다른 동정된 모델과 그 성능을 비교하였다. 표에서 볼 수 있듯이 본 논문에서 사용된 개선된 컴플렉스 및 GA 동정 알고리즘을 통해 동정오차를 줄임으로써 학습 데이터에 의한 성능개선은 물론 테스트 데이터에 의한 성능 즉

예측기능을 보다 향상시킨 FNN 모델을 구축 할 수 있음을 알 수 있다.

표 4 다른 모델링 방법과 성능 비교(θ=0.6)

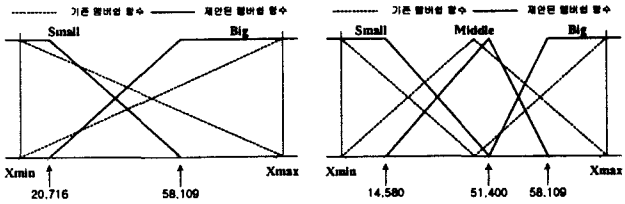
Table 4 Comparison of performance with other modeling methods(θ=0.6)

MODEL		PI_s	E_PI_s	No. of rules
Oh's Model[11]	Simplified	13.72	16.20	4
		14.10	16.56	6
		12.80	15.91	8
	Linear	6.39	54.23	4
		1.46	8.06e+4	6
		0.001	923.32	8
Fuzzy Model[19]	Simplified	12.35	11.17	6
	Linear	0.001	126.91	6
FNN Model[20]		13.759	9.244	4
		12.349	10.192	9
Proposed Model (HCM + Hybrid)		13.40	8.28	4
		12.33	8.31	5
		9.97	9.42	6

4.3 교통 경로 선택

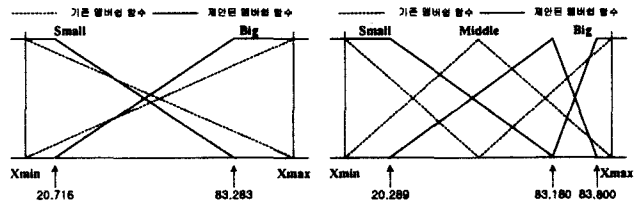
도로망에 대한 교통량배분은 종래부터 교통계획 및 공학에 있어서 실무자 및 연구자의 관심을 불러일으키고 있는 분야 중의 하나이다. 이에 대한 연구는 1950년대부터 산업경제의 발전에 따라 선진국을 중심으로 경쟁관계에 있는 도로간 즉 2개 경로 또는 다수 경로간에 어떻게 적절하게 교통량을 배분하여 원활한 수송시스템을 구축할 것인가가 교통계획에 있어 큰 문제로 대두되어 일반도로와 고속도로와의 상호 교통량전환 모델에 대한 연구가 진행되게 되었다. 이것에 대한 기본개념은 전부 아니면 전무(all or nothing)법이 이용되고 있는데 이것은 임의의 기종점(OD) 교통량은 가장 짧은 경로로 흐른다는 것을 배경으로 하고 있다.

이러한 배경으로부터 본 연구에서는 현실의 교통시스템에 있어서의 교통이용자의 경로선택 행동시 존재하는 선택행동 지식과 그것에 존재하는 퍼지성에 근거하여 교통흐름 상에서의 경로선택 행동 모델화를 시도하였다. 본 연구의 중요한 관점은 불완전 정보하에서의 도로 이용자의 경로선택행동을 도로 이용자의 경로선택 의사결정 규칙과 의사결정 요인속에 포함된 퍼지성을 고려하여 모델화를 시도하는 것이다. 이를 위해 본 연구에서는 하이브리드 FNN 모델을 구축하고 모델에 대한 평가를 시도하였다. 모델의 성능지수는 식 (27)를 이용한다. BL(Binary Logit) 모델에 대한 샘플 데이터[11, 17]을 이용하고 두 입력 T1과 T2는 route 1과 route 2에 대한 교통통행 비용이다.



(a-1) 멤버쉽 함수 : 2개 (a-2) 멤버쉽 함수 : 3개

(a) T1



(b-1) 멤버쉽 함수 : 2개 (b-2) 멤버쉽 함수 : 3개

(b) T2

그림 14 HCM을 이용한 교통 선택 경로 공정의 초기 멤버쉽 함수 정의

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

그림 14는 기존의 최소, 최대값에 의해 멤버쉽 함수를 정의한 것과 제안된 HCM 클러스터링 알고리즘에 의해 멤버쉽 함수를 정의한 것을 비교하여 보여준 것이다.

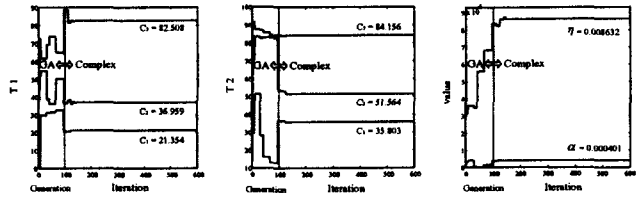
표 5에서는 θ 값 설정에 따라 FNN 모델의 멤버쉽 함수의 파라미터들과 학습율, 모멘텀 계수를 하이브리드 동정 알고리즘에 의해 자동 동조함으로써 근사화 능력과 일반화 능력을 가진 최적 FNN 모델의 성능지수를 나타낸 것이다.

표 5 멤버쉽 함수의 개수에 따른 교통 경로 선택 공정의 성능지수

Table 5 Performance index of traffic route choice process according to the number of membership functions

입력		Weight	멤버쉽 함수의 개수					
			2 : 2		3 : 2		3 : 3	
gx1	gx2	(θ)	PI	E_PI	PI	E_PI	PI	E_PI
T1	T2	0.0	1.000	1.000	1.000	1.000	0.780	0.777
		0.2	1.000	1.000	1.000	1.000	0.791	0.785
		0.4	1.000	1.000	1.000	1.000	0.829	0.829
		0.5	1.000	1.000	1.001	1.001	0.759	0.759
		0.6	1.000	1.000	1.000	1.000	0.819	0.820
		0.8	1.000	1.000	1.000	1.000	0.765	0.768
		1.0	1.000	1.000	1.000	1.000	0.652	0.655

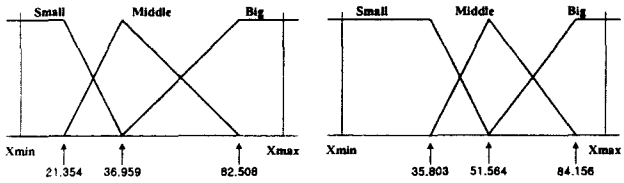
표 5에서 보이는 것처럼 멤버쉽 함수의 수가 증가함에 따라서는 근사화와 일반화 성능이 향상됨을 알 수 있다. 각 입력에 대한 멤버쉽 함수의 수가 3개이고 θ가 0.8일 때 최적 모델을 구축함을 알 수 있다. 이때의 학습성능지수는 0.765이고 테스트 성능지수는 0.768이다. 또한 모델의 근사화만을 고려한 경우 즉, 하중 계수가 1인 경우 성능이 일반화를 고려한 경우보다 성능이 우수함을 알 수 있다.



(a) T1 (b) T2 (c) η과 α

그림 15 하이브리드 알고리즘에 의한 FNN 모델의 최적 파라미터 탐색 과정(θ=0.8)

Fig. 15 The search process to optimal parameters for FNN model by Hybrid Algorithm(θ=0.8)



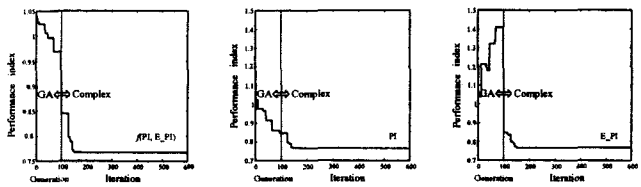
(a) T1 (b) T2

그림 16 멤버쉽 함수의 최종 동조값(θ=0.8)

Fig. 16 The final tuned values of MF(θ=0.8)

선택된 모델에 대하여 그림 15는 입력 데이터에 따른 멤버쉽 함수의 정점(C_1, C_2, C_3)과 학습율(η), 모멘텀 계수(α)를 하이브리드 알고리즘에 의해 자동 동조되는 과정을 보여주고 있다. 그리고 탐색 과정을 통하여 최종 동조된 멤버쉽 함수는 그림 16에서 보인다.

그림 17은 위에서 선택한 모델에 대해서 하이브리드 알고리즘으로 FNN 모델의 최적화 탐색을 수행하는 과정을 보이고 있다.



(a) 목적함수 (b) PI (c) E_PI

그림 17 하이브리드 알고리즘에 의한 FNN 모델의 각 성능지수의 최적화 과정

Fig. 17 The optimization process to each performance index for FNN model by Hybrid Algorithm

표 6은 식 (27)에 의해 기존 모델과 제안된 모델의 성능을 비교하여 나타내었다. 이 표에 알 수 있듯이 제안된 방법이 다른 방법과 비교하여 학습 및 테스트 성능이 향상됨을 알 수 있다. 이는 유전자 알고리즘이 수렴 한계성을 가지므로 최적의 파라미터에 접근하지 못하였으나 개선된 컴플렉스 알고리즘을 적용하여 각각의 단점을 극복하므로 최적의 모델을 구축하였음을 나타내고 있다.

표 6 다른 모델링 방법과 성능 비교(θ=0.8)

Table 6 Comparison of performance with other modeling methods(θ=0.8)

MODEL		PI	PI_s	E_PI_s	No. of rules
BL(Binary Logit) model[17]		5.452			
PS(Production System) model[21]		2.0			
Oh's Model[11]	Simplified		1.397	1.246	4
			1.444	1.596	6
	Linear		2.073	2.281	4
			0.001	1.273	6
Proposed Model (HCM + Hybrid)			1.000	1.000	4
			0.765	0.768	6

5. 결 론

본 논문에서는 하이브리드 동정 알고리즘과 하중 계수를 가지는 목적함수를 이용하여 최적의 퍼지-뉴럴네트워크 모델을 구축하는데 있어서 효과적인 동정 기법을 보였다. 또한 기존의 모델들과 달리 HCM 클러스터링 알고리즘을 이용하여 초기 멤버쉽 함수의 정점을 결정함으로써 주어진 데이터의 특성을 반영하여 더욱 정교하고 더 정확한 예측 능력을 가진 모델을 구축할 수 있었다. 즉, 제안한 하이브리드 동정 알고리즘을 이용하여 유전자 및 컴플렉스 알고리즘이 가진 각 단점과 한계성을 극복함으로써 체계적이고 효율적인 모델을 구축할 수 있었다.

제안된 방법은 멤버쉽 함수의 초기 파라미터를 HCM 클러스터링 알고리즘으로 결정함으로써 주어진 데이터의 특성을 반영하였고, 결정된 멤버쉽 함수의 초기 파라미터 정점들과 학습율, 모멘텀 계수를 1차로 유전자 알고리즘으로 동조한 다음, 동조된 각 파라미터 값들을 다시 개선된 컴플렉스 알고리즘의 초기값으로 적용하여 더욱 정밀하게 동조함으로써 하이브리드 동정 알고리즘을 통하여 최적의 모델을 구축하였다. 시뮬레이션 및 결과 고찰에서 볼 수 있듯이 본 논문에서 제안한 알고리즘은 비선형성이 상대적으로 약하고 비교적 균일하게 분포된 데이터 구조에서는 뚜렷한 성능향상을 나타내지 못하지만, 비선형성이 강하며 균일하지 않고 분산된 구조와 입출력 데이터 수가 적은 경우에서는 학습 및 테스트 성능이 향상된 모델을 구축 할 수 있었다. 또한 하중 계수를 가지는 목적함수 의해 FNN 모델의 근사화 및 일반화사이에서 최적 성능결과에 대한 해석을 시도함으로써 FNN모델의 근사화와 일반화 사이의 상호 연계를 통한 최적화 향상을 제시하였다.

감사의 글

이 논문은 2001년도 원광대학교의 교비지원에 의해서 연구됨

참 고 문 헌

[1] L. A Zadeh, "Fuzzy sets", Inf. Control 8, 338-353, 1965.

[2] H. Takagi and I. Hayashi, "NN-driven Fuzzy Reasoning", Int. J. of Approximate Reasoning, Vol. 5, No. 3, pp. 191-212, 1991.

[3] N. Imasaki, J. Kiji, and T. Endo, "A Fuzzy Rule Structured Naural Networks", Journal of Japan Society for Fuzzy Theory and Systems, Vol. 4, No. 5, pp. 987-995, 1992(in Japanese).

[4] H. Nomura and Wakami, "A Self-Tuning Method of Fuzzy Control by Descent Methods", 4th IFSA'91, pp. 155-159, 1991.

[5] Shin-ichi Horikawa, Takeshi Furuhashi, and Yoshiki 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.

[6] Takeshi Yamakawa, "A Neo Fuzzy Neuron and Its Applications to System Identification and Prediction of the System Behavior", Proceedings of the 2nd

International Conference on Fuzzy logic & Neural Networks, pp. 477-483, 1992.
[7] Takeshi Yamakawa, "A New Effectie Learning Algorithm for a Neo Fuzzy Neuron Model", 5th IFSA World Congress, pp. 1017-1020, 1993.
[8] David E. Golderg, "Genetic Algorithm in search, Optimization & Machine Learning", Addison wesley, 1989.
[9] Zbigniwe Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs", Springer-Verlag, 1992.
[10] Box and Jenkins, "Time Series Analysis, Forcasting and Control", 2nd ed. Holden Day, SanFrancisco, CA, 1976.
[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., Vol. 115, No. 2, pp. 205-230, 2000.
[12] 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.
[13] R. M. Tong, "The evaluation of fuzzy models derived from experimental data", Fuzzy Sets and Systems., Vol. 13, pp. 1-12, 1980.
[14] W. Pedrycz, "An identification algorithm in fuzzy relational system", Fuzzy Sets Syst., Vol. 13, pp. 153-167, 1984.
[15] C. W. Xu, "Fuzzy system identification", IEE Proceeding, Vol. 126, No. 4, pp. 146-150, 1989.
[16] M. Sugeno and T. Yasukawa, "Lingustic modeling based on numerical data", IFSA'91 Brussels, Computer, Management & System Science, pp. 264-267, 1991.
[17] S. Morihayashi, "The Forecasting and Test of Disaggregate Model", Text of Infrastructure of Civil Engineering of Japan, Vol. 15, JSCE, 1984(in Japanese).
[18] 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. 106-118, 1998.
[19] B. J. Park, W. Pedrycz and S. K. Oh, "Identification of Fuzzy Models with the Aid of Evolutionary Data Granulation", IEE Proc. Control Theory Appl., 2001(submitted).
[20] 윤기찬, 박병준, 오성권, "개선된 퍼지 입력 공간에 의한 퍼지-뉴럴 네트워크와 이의 최적화", 제14차 한국자동제어학술회의 논문집, B권, pp. B_315 - B_317, 1999.
[21] T. Akiyama, "Modeling of route choice behaviour using knowledge based techniques", JSCE, Vol. 11, pp. 65-72, 1993(in Japanese).
[22] 오성권, "퍼지모델 및 제어이론과 프로그램," 기다리출판사, 1999.

저 자 소 개

오 성 권 (吳 聖 權)

1957년 2월 13일 생. 1981년 연세대 전기공학과 졸업. 1983-89년 금성산전연구소(선임연구원). 1993년 연세대 대학원 전기공학과 졸업(공박). 1996-97년 캐나다 Manitoba대학 전기 및 컴퓨터공학과 Post-Doc. 1993년-현재 원광대 전기전자 및 정보공학부 부교수. 주관심분야는 시스템자동화, 퍼지이론 및 신경회로망 응용, 지능형 모델링 및 제어 등.

Tel : 063-850-6342
E-mail : ohsk@wonkwang.ac.kr

박 호 성 (朴 浩 成)

1974년 1월 20일 생. 1999년 원광대 제어계측공학과 졸업. 동대학원 석사(2001), 2001년-현재 동대학 박사과정. 관심분야는 퍼지, 뉴럴네트워크 및 뉴로-퍼지등의 지능형 모델링과 제어, 시스템 자동화 등.

Tel : 063-850-6342
E-mail : sung@gaebyok.wonkwang.ac.kr

김 현 기 (金 賢 起)

1955년 2월 26일 생. 1977년 연세대 전기공학과 졸업. 1985년 동 대학원 전기공학과 졸업(석사). 1991년 동 대학원 졸업(공박). 1997년-현재 경기지역 산학연 기술지원단 단장. 1998년-현재 산업기술정책연구소 심의위원. 2000년-현재 사단법인 산학연 컨소시엄 전국협의회 회장. 1989년-현재 수원대학교 전기전자정보통신공학부 교수. 주관심분야는 시스템자동화 및 감시제어, 지능형모델링 및 제어 등.

Tel : 031-220-2300
E-mail : hkkim@mail.suwon.ac.kr