
퍼지 규칙 최적화를 위한 유전자 알고리즘

임창균*, 정영민*, 김응곤**

A genetic algorithm for generating optimal fuzzy rules

Chang-Gyoon Lim*, Young-Min Jung*, Eung-kon Kim**

요 약

이 논문은 유전자 알고리즘을 이용한 최적의 퍼지 규칙을 만드는 방법을 제시한다. 퍼지 규칙은 첫 번째 단계에서 학습 데이터를 이용해 생성된다. 이 단계에서 퍼지 c-Means 군집화 알고리즘과 군집 유효성을 사용해 구조를 결정하고 퍼지 규칙 수가 되는 군집 수를 결정한다. 첫 번째 단계에서 구조가 결정되면 퍼지 규칙의 매개변수들은 유전자 알고리즘을 이용해서 조율된다. 또한, 비대칭 가우시안 소속 함수를 위해 분산 매개변수는 좌·우값을 따로 관리하여 조율한다. 이 방법은 가중치와 분산 공간에서 유전자 알고리즘을 사용함으로써 전역 최소 쪽으로 수렴하도록 한다.

ABSTRACT

This paper presents a method for generating optimal fuzzy rules using a genetic algorithm. Fuzzy rules are generated from the training data in the first stage. In this stage, fuzzy c-Means clustering method and cluster validity are used to determine the structure and initial parameters of the fuzzy inference system. A cluster validity is used to determine the number of clusters, which can be the number of fuzzy rules. Once the structure is figured out in the first stage, parameters relating the fuzzy rules are optimized in the second stage. Weights and variance parameters are tuned using genetic algorithms. Variance parameters are also managed with left and right for asymmetrical Gaussian membership function. The method ensures convergence toward a global minimum by using genetic algorithms in weight and variance spaces.

키워드

유전자 알고리즘, 신경망, 퍼지 신경망, 퍼지 추론 시스템

1. 서론

소프트 컴퓨팅은 신경망, 퍼지 집합 이론, 근사 추론, 유전자 알고리즘을 이용해 시스템을 최적화하는데 있다. 신경망은 학습과 적응 능력을 가지고 있고 퍼지

집합 이론은 퍼지 규칙을 이용한 지식 표현능력을 보여준다. 또한 유전자 알고리즘은 임의 탐색 방법을 이용해 최적화를 유도할 수 있는 방법을 제시한다. 이들 방법들은 자신의 특징뿐 아니라 결점들 또한 가지고 있기 때문에 이들 기법들의 장점들을 융합함으로써

*여수대학교 컴퓨터공학과
접수일자 : 2003. 6. 28.

**교신저자: 순천대학교 컴퓨터공학과

최적을 해법을 가져올 수 있을 것이다.

본 논문에서는 먼저 퍼지 시스템의 규칙의 수를 최적화하기 위해 분류 방법을 사용한다. 분류라고 함은 어떤 대상이 되는 객체가 있을 때 그 객체가 어떤 범주(category)에 해당 되느냐에 대한 결론을 내리는 것이다. 이를 위해 퍼지 c-Means 알고리즘을 사용하는데 분류를 위해 군집의 수를 미리 정한다. 그러나 자동으로 규칙의 수를 결정하기 위해서 군집의 유효성과 관련된 이론을 이용하여[1] 군집의 수를 정할 수 있도록 한다. 여기서 정해진 군집의 수가 주어진 문제의 최적의 퍼지 규칙수가 된다.

퍼지 규칙 수가 정해지면 주어진 문제에 적합하도록 퍼지 규칙과 관련된 여러 가지 변수들을 최적으로 조절하는 학습 절차가 필요하다. 퍼지 규칙에 대한 소속 함수는 가우시안 함수를 사용한다. 가우시안 소속 함수는 함수의 특성상 분산에 대한 정보를 조절할 필요가 있다. 시스템 성능의 향상을 위해서 가우시안 함수를 비대칭적으로 유지하고자 하기 때문에 이를 위해 좌·우의 값이 다른 분산 값을 유지 할 필요가 있다. 제안된 퍼지 시스템은 기본적으로 신경망 구조를 이용하고 있기 때문에 가중치에 관한 정보 또한 중요하다. 이러한 방법들은 훈련 데이터의 입력과 출력의 쌍이 모두 사용된다는 점에서 Sugeno 방법[2]과 차이가 있다.

LI[3]는 연쇄법을 사용하여 비대칭 가우시안 소속 함수를 이용해 중심 값, 가중치, 그리고 분산에 대한 매개변수들을 갱신하였다. 그러나 이 방법은 경사하강법(gradient descent method)을 사용했기 때문에 지역 최소치에 빠질 가능성이 많다. 이 문제를 해결하기 위해서 유전자 알고리즘을 이용해 조절하고자 한다. 이들 매개변수 중에서 각 클래스의 중앙값들은 고정시킨다. 중앙값들은 단지 각 그룹을 대표하는 의미 있는 값으로서 가우시안 소속 함수의 중심 값으로 사용되기 때문이다. 분산과 관련된 매개변수는 비대칭으로 관리하기 위해 왼쪽과 오른쪽으로 구분하여 관리한다. 따라서 유전자 알고리즘은 훈련 데이터를 사용해서 퍼지 규칙을 위한 최적의 매개변수를 찾는다.

결과적으로 본 논문에서는 퍼지 c-Means와 군집 유효성 검사 방법을 이용해 신경망 구조형태의 퍼지 추론 시스템의 구조를 확정하고, 이 규칙과 관련된 매개변수들을 유전자 알고리즘을 이용해서 최적화를 이

룬다. 즉, 학습 데이터를 이용해 퍼지 "IF THEN" 규칙을 구축하고 이와 관련된 매개변수들을 최적화 하여 전문가 시스템의 정형을 구축한다.

II. 퍼지 규칙 최적화를 위한 유전자 알고리즘

2.1 퍼지 신경망 시스템 모델링

퍼지 이론과 신경망 이론의 장점을 이용해 보다 나은 시스템을 구축해 주어진 문제를 해결하기 위해서는 학습능력, 최적화 능력, 연결구조, 인간이 이해하기 쉬운 "IF THEN" 규칙들, 전문가로부터 얻을 수 있는 지식을 획득할 수 있어야한다. 따라서 퍼지 신경망 시스템은 퍼지 "IF THEN" 규칙을 조건부와 결론부의 가중치를 이용한 퍼지 추론 시스템으로 표현될 수 있다. 이러한 구조를 이용하여 학습을 통해 규칙을 자율적으로 최적화 할 수 있도록 한다.

제안된 방법은 학습 데이터를 이용하여 학습 단계에서 퍼지 규칙을 생성함으로써 기존의 방법보다 좋은 결과를 가져올 수 있도록 한다. 최적의 퍼지 규칙을 생성하기 위해 군집화 방법을 이용해 먼저 그 구조를 결정한다. 이를 위한 시스템의 일반적인 구조는 입력층, 은닉층, 출력 층으로 구성된 그림 2.1과 같은 형태가 된다.

우선 여러 개의 입력과 하나의 출력을 갖는 시스템을 고려해보자. 입력변수와 출력의 차원은 주어진 시스템에 따라 미리 고정된다. 여기서 사용할 모델은 단순화된 퍼지 신경망 모델을 사용한다[4]. 퍼지 신경망 구조는 기본적으로 신경망 구조로 이루어진 퍼지 추론 시스템이다. n 차원의 벡터가 입력으로 퍼지 추론 시스템에 적용되면 학습 단계에서 퍼지 규칙들이 만들어 진다.

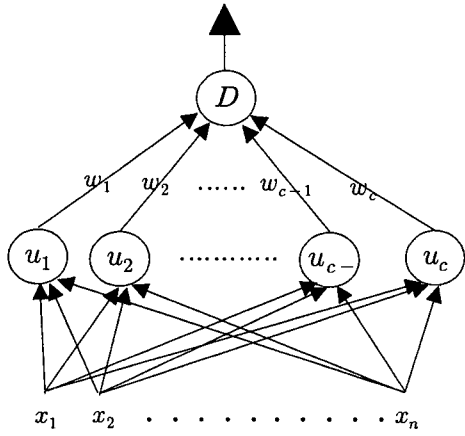


그림 2.1 적용될 퍼지 신경망 모델
Fig. 2.1 A Proposed Nuzzy Neural Network Model

다중 입력 단일 출력 시스템인 경우 다음 식 (2.1)은 n -차원(dimensional) 입력 벡터 $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ 에 의해 규칙의 형태가 정의 되고 식(2.1)은 1개의 출력 변수 y 를 갖는 퍼지 모델의 규칙을 나타낸다.

Ri : IF x_1 is A_{i1} and x_2 is A_{i2} and and x_n is A_{in} THEN y is w_i
 $i = 1, 2, \dots, c$ (2.1)

여기서 A_{i1}, \dots, A_{in} 는 입력 소속 함수를 w_i 는 출력 값을 나타낸다.

퍼지 추론 시스템을 위한 소속 함수로 가우시안(Gaussian) 함수를 사용한다. 입력 벡터를 $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ 로 정의하고 j 번째 요소에 대한 i 번째 규칙의 소속 정도를 계산하기 위한 함수는 식 (2.2)을 사용한다.

$$A_{ij}(x_j) = \exp\left(-\frac{\|x_j - v_{ij}\|^2}{2\sigma_j^2}\right) \quad i = 1, 2, \dots, c \quad j = 1, 2, \dots, n \quad (2.2)$$

지식 베이스 응용을 위해 퍼지 추론을 정의할 필요가 있다. 입력 벡터에 대한 i 번째 규칙의 소속 값을 계산하기 위해서는 식 (2.3)을 이용한다.

$$u_i = A_{i1}(x_1) \cdot A_{i2}(x_2) \cdot \dots \cdot A_{in}(x_n) \quad (2.3)$$

규칙의 조건부에 대한 소속 값과 결론부의 가중치 값은 퍼지 값이다. 따라서 주어진 입력 값에 대해 최종 결과를 구하기 위해 식 (2.4)를 이용해 비퍼지화를 시켜 최종 결과 값을 얻는다.

$$y_k = \frac{\sum_{i=1}^c u_{ik} w_i}{\sum_{i=1}^c u_{ik}} \quad (2.4)$$

2.2 시스템 구조 결정

주어진 문제를 해결하기 위한 시스템의 구조를 파악하기 위해서 기본적으로 퍼지 c -Means 군집화 기법[3]과 군집 유효성 검사[1]를 통해 결정한다. 그러나 다른 점은 거리를 구할 때 식 (2.6)과 같이 가중치와 원하는 출력 정보를 모두 이용하고 있다. N 개의 데이터 쌍을 $\{(\mathbf{x}_k, y'_k), k=1 \text{ to } N\}$ 로 정의 했을 때 식 (2.5)는 목적함수를 나타낸다.

$$J(u_{ik}, \mathbf{v}_i) = \left(\sum_{k=1}^N \sum_{i=1}^c u_{ik}^m d_{ik}^2 \right) \quad (2.5)$$

$$(d_{ik})^2 = \| \mathbf{x}_k - \mathbf{v}_i \|^2 + (y'_k - w_i)^2 \quad (2.6)$$

여기서 \mathbf{v}_i 는 입력 공간에서 i 번째 규칙의 중심 값을 갖는 벡터이고 w_i 는 i 번째 규칙의 출력을 나타낸다. u_{ik} 는 k 번째 입력 데이터 \mathbf{x}_k 가 i 번째 군집에 속하는 정도에 따라 0과 1사이의 값을 갖게 된다. 초기에는 중심 값과 가중치 값이 고정됨으로서 식 (2.7)을 정의할 수 있다.

$$u_{ik} = \frac{1}{\sum_{j=1}^c \left(\frac{d_{ik}}{d_{jk}} \right)^{2/(m-1)}} \quad \forall i, k \quad (2.7)$$

u_{ik} 가 계산된 후 중심 값 \mathbf{v}_i 와 가중치 값 w_i 를 식 (2.8)과 식 (2.9)을 이용해 구할 수 있다.

$$\mathbf{v}_i = \frac{\sum_{k=1}^N (u_{ik})^m \mathbf{x}_k}{\sum_{k=1}^N (u_{ik})^m} \quad \forall i, \quad (2.8)$$

$$w_i = \frac{\sum_{k=1}^N (u_{ik})^m y_k^i}{\sum_{k=1}^N (u_{ik})^m} \quad \forall i, \quad (2.9)$$

퍼지 규칙수를 결정하기 위해서 퍼지 c-Means 군집화 방법을 사용한다 하였는데, 이 알고리즘은 군집 수를 미리 설정해야 한다는 것이다. 식 (2.5)는 군집의 수에 대해 단조롭게 감소하는 특징을 가지고 있기 때문에 규칙의 수는 총 데이터 수보다 작거나 같은 특징을 갖는 군집 척도를 유도할 수 있다. 이러한 문제를 군집 유효성(cluster validity)[1,5,6]이라 하는데, 학습 데이터를 이용해 자동적으로 퍼지 규칙 수를 결정할 수 있도록 한다. 군집 유효성을 결정하기 위해서 식 (2.10)을 이용한다.

$$Z(c) = \sum_{k=1}^N \sum_{i=1}^c u_{ik}^m (d_{ik}^2 - dd_{io}^2) \quad (2.10)$$

여기서

$$dd_{io}^2 = \| \mathbf{v}_i - \mathbf{x}_o \|^2 + (w_i - y_o)^2, \quad \mathbf{x}_o = \frac{\sum_{k=1}^N \mathbf{x}_k}{N}, \quad y_o = \frac{\sum_{k=1}^N y_k}{N} \quad (2.11)$$

이다.

식 (2.10)에서 첫 번째 항목이 의미하는 것은 각 그룹 내에서의 에러(WGSS-Within Group Sum of Squared Error)를 나타내고 두 번째 항목은 그룹사이의 에러(BGSS- Between Groups Sum of Squared Error)를 의미한다. 따라서 Z(c)의 최소화를 군집의 수를 선택하는 기준으로 사용한다.

$$\text{Min} \{ Z(c), c = 1 \text{ to } C \} \quad (2.12)$$

군집의 수를 정하기 위해서는 식 (2.10)을 최소화하는 것이다. 또한 최종 군집의 수를 결정하는 방법은 단조롭게 감소하던 Z(c)값이 증가하는 시점이다. 따라서 Z(c)값이 증가하는 바로 전의 값이 전체 데이터에 대한 군집의 수가 된다. 퍼지 규칙수를 결정과 시스템 구조 설정을 위한 알고리즘을 표 2.1에 정리 하였다.

진화형 유전 생식을 하는 최적 전략에 기반을 둔 유전자 알고리즘은 집단 유전학에서 생물의 적응도를 측정하는 척도로서 적합도(fitness)를 이용한다. 이 적합도는 생존율이나 출생률에 기인하는 번식의 성공도라 할 수 있다. 따라서 유전자 알고리즘에서는 최종

적으로 주어진 해 공간(solution space)에서 통계적인 방법에 근거하여 전역 탐색의 평균에 의해 최대의 적합도를 갖는 개체를 찾는 것이다.

표 2.1 퍼지 규칙수를 결정과 시스템 구조 설정을 위한 알고리즘

Table 2.1 Algorithm for determining the number of fuzzy rule and system s

- [1] 초기화 단계
 지수의 가중 : $m > 0$,
 에러 허용치(임계 값) : $\epsilon > 0$,
 최대 군집의 수 : C,
 최대 반복 횟수 : T,
 초기 군집 유효성 값 : Z(1). 식 (2.10) 사용.
- [2] $c = 2$ 부터 C까지 반복 수행
- [3] $u_{ik} \in [0,1]$ 를 임의의 값으로 초기화
- [4] $t = 1$ 부터 T까지 반복 수행
- [5] 식 (2.8), (2.9)와 $u_{ik}(t)$ 를 이용해 새로운 중심 값($v_i(t)$)와 가중치 ($w_i(t)$)를 계산
- [6] 단계 5에서 계산된 값과 식 (2.7)을 이용해 $u_{ik}(t)$ 를 갱신
- [7] Δ 를 계산
- [8] 만일 $\Delta > \epsilon$ 이면 t를 증가하고 단계 5로 가서 반복 수행
- [9] 만일 $\Delta \leq \epsilon$ 이면 새로운 Z(c)를 계산
- [10] $Z(c) > Z(c-1)$ 이면 알고리즘을 멈춤
- [11] $Z(c) \leq Z(c-1)$ 이면 c를 하나 증가시키고 단계 3으로 가서 반복 수행

이 절에서는 식 (2.1)의 퍼지 규칙에서 사용될 매개 변수들을 유전자 알고리즘을 이용하여 최적화하기 위한 방법을 모색한다. 본 논문에서는 비대칭형 소속 함수를 제안했기 때문에 분산 값을 좌측과 우측으로 나누어 조율한다. 또한 매개변수를 최적화하기 위해서 유전자 알고리즘을 사용한다.

퍼지 시스템의 출력을 위한 비퍼지화 방법은 식 (2.4)를 이용하고 적합도를 평가하기 위한 목적 함수를 식 (2.13)과 같이 정의 한다.

$$E = \frac{1}{2} \sum_{k=1}^N (y_k - y_k^t)^2 \quad (2.13)$$

기존 연구에서는 연쇄법을 이용해 퍼지 규칙에 대한 중심 값, 분산 값, 그리고 가중치 값들을 조율했다 [3]. 유전자 알고리즘은 초기 값은 임의 값을 할당하는데 시스템 특성상 일정한 범위 내의 실수 유전자를 사용하게 된다. 각 규칙에 대한 중심 값들은 시스템 구조 파악 단계에서 각 군집의 중심 값으로 이루어진다. 이 값들은 각 군집에 대한 대표성을 지니고 있기 때문에 변화시킬 필요가 없이 고정 시킨 후 분산과 관련된 매개변수들만 조율한다.

또한 분산과 관련된 매개변수들은 관련된 중심 값들의 영역을 벗어나지 못하도록 일정한 영역 내에서 조율한다. 그러나 가중치 값과 관련된 매개변수 값들의 영역은 특별히 제한하지 않는다. 퍼지 규칙을 위한 소속 함수 $A_{ij}(x_j)$ 에 대한 식은 식(2.2)를 변경해 식(2.14)로 정의한다. 이 식을 이용하면 좌·우 분산 값을 이용한 비대칭 소속 함수가 됨을 알 수 있다.

$$A_{ij}(x_j) = \begin{cases} \exp\left(\frac{-(x_j - v_{ij})^2}{2(\sigma_{jl}^i)^2}\right) & \text{if } x_j \leq v_{ij} \\ \exp\left(\frac{-(x_j - v_{ij})^2}{2(\sigma_{jr}^i)^2}\right) & \text{if } x_j > v_{ij} \end{cases}$$

$$j = 1, 2, \dots, n \quad (2.14)$$

$$i = 1, 2, \dots, c$$

여기서 v_{ij} 는 i 번째 규칙의 중심 값을 나타내고, σ_{jr} 은 규칙 i 의 j 번째 요소에 대한 오른쪽 분산 값이며, σ_{jl} 은 규칙 i 의 j 번째 요소에 대한 왼쪽 분산 값을 의미한다.

각 규칙에서 조율되어야 할 검색체의 개수는 입력 데이터의 요소의 수에 달려 있다. 예를 들어 시스템의 입력이 2차원으로 구성되어 있는 경우 4개의 좌·우 분산과 관련된 매개변수와 가중치와 관련된 매개변수 한 개를 포함해 총 5개로 구성된다. 또한 Iris 데이터의 경우에는 군집이 3개로 나누어지기 때문에 3개의 퍼지 규칙을 구성할 수 있다. 따라서 전체 조율되어야 할 검색체의 수는 15개가 된다. 10개의 유전형을 갖는 유전자 집단의 구조는 그림 2.2에서 보여준다. 그림에

서 11번째의 유전형은 최고의 적합도를 갖도록 하여 조율이 끝난 후에 이를 최종 값으로 사용한다.

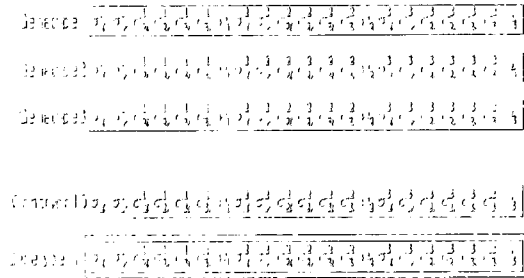


그림 2.2 3개 퍼지 규칙에 대해 조율되어야 할 검색체

Figure 2.2 Chromosome to be Tuned with 3 Fuzzy Rules

분산과 관련된 초기 값과 식 (2.9)를 이용해 구한 가중치의 초기값을 마지막 유전형에 할당한다. 즉, 초기의 유전형이 최고의 적합도를 갖는다고 가정한다, 예를 들어 그림 2.2에서 보듯이 10개의 유전형을 사용한다고 가정하면 11번

째 유전형에 최고의 적합도를 갖는 유전자를 배치시킨다. 이후에는 11번째 유전형에는 모든 유전형 중에서 최고의 적합도를 갖는 유전형을 복사한다. 따라서 11개의 유전형 중에서 최고 적합도를 갖는 유전형을 마지막 유전형에 복사함으로써 계속 생존할 수 있도록 한다. 유전자 알고리즘을 이용하여 퍼지 규칙을 최적화하기 위한 알고리즘은 표 2.2에 정리하였다.

표 2.2 유전자 알고리즘을 이용한 퍼지 규칙의 매개변수 조율

Table 2.2 Parameter Tuning of Fuzzy Rules using Genetic Algorithm

- [1] 퍼지 c-Means 군집화 방법과 식 (2.10)을 이용한 군집 유효성 방법으로 시스템 구조 결정. (군집 수와 퍼지 규칙수가 같음)
초기 가중치 값과 분산에 대한 초기값을 구함.
- [2] 초기 가중치 값과 분산값을 마지막 유전형에 복사하고 나머지 유전형들은 임의의 값을 발생시켜 초기 유전자 집단을 생성.
- [3] 퍼지 추론과 목적함수 식 (2.13)을 이용해 초기 유전자 집단에 대한 적합도 계산.
- [4] 재생산 - 유전자 알고리즘 연산자와 선택된 개체들로부터 다음 세대를 생성
- 4.1 선택 연산자 수행
(각 유전형의 적합도를 마지막 유전형의 적합도와 비교하여 최고의 적합도를 갖는 유전형을 마지막 유전형에 배치)
- 4.2 교배 연산자 수행
(선택에 의해서 생존이 결정된 유전형에 대해 교배)
- 4.3 돌연변이 연산자 수행
(임의로 유전형을 선택하여 돌연변이 시킴)
- [5] 퍼지 추론과 목적함수 식 (2.13)을 이용해 새로 생성된 유전자 집단에 대한 적합도 계산.
- [6] 만일 최적의 유전자가 발견되면 종료하고 아니면 단계 4로 이동

III. 실험결과

3.1 Iris 데이터와 실험환경

3장에서 패턴인식 연구 분야에서 널리 사용되는 FISHER의 붓꽃자료(Iris 데이터[7])를 이용해 2장에서 제안한 알고리즘을 여러 실험을 통해서 그 효율성을 보이고자 한다. FISHER의 Iris 데이터의 각 클래스는 Iris plant의 한 형태를 나타내며 이는 setosa(C¹), versicolor(C²), virginica(C³)형태의 3가지 종류로 나누어진다. 총 150개의 개체들을 추출해서 cm단위로 측정된 데

이터를 mm 단위로 변환한 자료인데 각 클래스는 50의 데이터로 구성되어 있다. 각 데이터는 4개의 속성을 갖는 4차원으로 이루어져 있으며, 이들 속성은 Sepal Length(SL), Sepal Width(SW), Petal Length(PL), 그리고 Petal Width(PW)이다.

본 실험에서는 유효성 검사의 결과를 그래프로 보이기 위하여 PL과 PW만으로 구성된 2차원 데이터로 재구성하여 사용한다. 전체 150개의 데이터 중에서 75개는 학습 데이터로 사용하고 나머지는 테스트 데이터로 사용한다. 학습 데이터 중에서 각 클래스에 25개씩 할당한다.

3.2 퍼지 규칙 수 결정을 위한 군집 유효성 실험

이 절에서는 최적의 퍼지 규칙수를 군집 유효성 값에 따라 결정하기 위한 실험을 행하였다. 각 군집의 거리의 차를 0.1과 0.01, 0.00001로 변화를 주면서 실험 해본 결과 각 중심의 값은 변화가 거의 없음을 알 수 있었다. Iris 데이터는 3개의 클래스로 나뉘어져 있지만 식 (2.10)을 이용해 군집 유효성을 검사해본 결과 4개의 군집으로 나눌 수 있음을 그림 3.1에서 볼 수 있다. Z(c)값이 감소하다 증가하는 시점에서 군집의 수를 결정할 수 있다. 여기서 결정된 군집의 수가 시스템의 퍼지 규칙수가 된다. 규칙 수 변화에 따른 실험 결과는 3.5에서 비교 분석 하였다.

Iris 학습 데이터를 이용해 퍼지 c-Means 군집화 방법과 식 (2.10)을 이용해 실험한 결과 4개의 군집으로 나눌 수 있었으므로 4개의 규칙을 사용해 다음과 같은 퍼지 추론 시스템을 구성 할 수 있다.

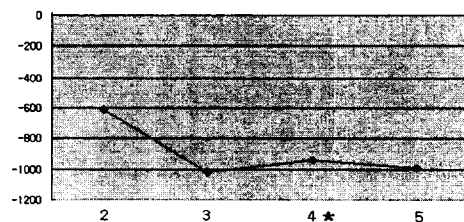


그림 3.1 Z(c)값에 의한 최적의 규칙 수 결정
Fig. 3.1 Determination of an optimal number of fuzzy rules based on Z(c)

- R₁ : IF PL is A₁₁ and PW is A₁₂ THEN y is w₁
- R₂ : IF PL is A₂₁ and PW is A₂₂ THEN y is w₂

R_3 : IF PL is A_{3l} and PW is A_{3r} THEN y is w_3

R_4 : IF PL is A_{4l} and PW is A_{4r} THEN y is w_4

위에서 정의한 규칙에 대한 소속 함수는 식 (2.2)에서 정의한 가우시안 함수를 사용한다. 따라서 퍼지 규칙과 관련된 매개변수는 소속 함수의 중심 값과 분산 값이며 결론부의 가중치 값으로 구성된다. 여기서 중심 값은 각 군집의 대표 값을 나타내기 때문에 고정시키므로 조절할 필요가 없다. 분산 값에 대해서는 비대칭 가우시안 소속 함수를 사용하기 때문에 좌·우 값을 따로 관리해야 한다. 또한 시스템의 구조상 가중치 값도 시스템의 최적화를 위해서 조절이 필요하다.

군집 유효성에 따라 본 실험을 위한 학습 데이터는 군집의 수가 4개임을 그림 3.1에서 알 수 있었다. 따라서 4개의 규칙에 대해 유전자 알고리즘을 이용해 조절해야 할 매개변수의 수는 각 규칙에 대해 5개가 된다. 즉, PL에 대한 좌측 분산 값(PLL), PL에 대한 우측 분산 값(PLR), PW에 대한 좌측 분산 값(PWL), PW에 대한 우측 분산 값(PWR), 그리고 가중치 값(w)으로 구성된다. 그러므로 4개의 퍼지 규칙에 대해 갱신되어야 할 총 매개변수는 20개가 된다. 첫 번째 단계에서 얻어진 매개변수 값들은 표 3.1에 정리되어 있다. 중심 값을 제외한 값들은 맨 마지막을 유전형에 복사되어 최고의 적합도를 갖는다고 가정한다.

3.3 대칭 가우시안 소속 함수를 이용한 인식 결과

이 절에서는 첫 번째 단계에서 구한 매개변수들을 이용해 실험을 한다. 표 3.1은 군집이 4개일 때의 각 군집의 중심 값, 분산 값, 그리고 가중치 값을 보여준다. 이들은 분산과 관련된 매개변수 값들이 좌·우 값들이 같기 때문에 가우시안 소속 함수가 대칭임을 쉽게 알 수 있다.

표 3.1 4개 규칙에 대한 소속 함수의 초기 매개변수 값

Table 3.1 Initial Parameter Values of Membership Function for 4 Rules

규칙	중심 값		분산 값				가중치 w
			PLL	PLR	PWL	PWR	
1	1.46043	0.24815	0.37075	0.37075	0.0183	0.0183	1.00088
	9	6	9	9	41	41	2
2	6.30380	2.16184	3.90843	3.90843	0.4749	0.4749	8.99754
	4	5	3	3	43	43	0
3	4.32654	1.34851	2.83835	2.83835	0.2846	0.2846	5.00032
	8	9	2	2	95	95	2
4	5.17596	1.95426	3.55400	3.55400	0.5033	0.5033	8.99758
	3	7	0	0	26	26	4

테스트 데이터도 학습 데이터와 마찬가지로 목표 값을 각 클래스에 대해 같은 값을 부여하였다. 결과를 해석하는 방법은 각 데이터에 대해 출력 값이 목표 값을 중심으로 상하 0.5이하의 편차를 가져오면 이는 정확히 인식을 했다고 정의한다. 그림 3.2에서 보면 *setosa*와 *versicolor* 클래스에 대해서는 어느 정도 인식을 보여준데 반해 *virginica* 클래스는 많은 오류를 가져옴을 볼 수 있다. 대칭 가우시안 소속 함수를 사용했을 때 테스트 데이터에 대한 인식률은 73%를 보여 주었다. 본 논문에서 제안한 방법과의 비교 분석은 3.6절에서 보여준다.

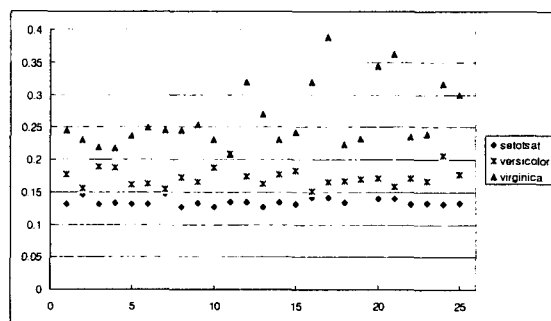


그림 3.2 대칭 가우시안 소속 함수 이용했을 때의 인식 결과

Fig. 3.2 Recognition Result using Symmetrical Gaussian Membership Fun.

3.4 연쇄법을 이용해 조율된 비대칭 소속 함수를 이용한 인식 결과

LI는 경사하강법을 기반으로 한 연쇄법을 이용하여 소속 함수의 매개변수들을 조율할 수 있도록 하였다 [3]. 초기 매개변수 값들은 표 3.1의 값들을 사용하여 같은 조건하에서 본 논문에서 제안한 방법과 비교하기 위해 실험해 보았다. 학습 데이터를 이용해 실험을 해본 결과 학습 중의 에러 값은 0.9에서 더 이상 감소하지 않고 다시 증가하는 현상을 볼 수 있었다. 이는 학습이 더 이상 향상되지 않음을 의미한다. 표 3.2에서는 연쇄법을 이용해 조율된 매개변수의 값들을 보여주고 있다. 표 3.1과는 다르게 분산과 관련된 매개변수 값들이 좌·우가 동일하지 않음을 볼 수 있다. 또한 중심과 관련된 값들도 바뀌었음을 알 수 있다.

Iris의 테스트 데이터를 이용해 앞에서 행한 실험과 같은 환경에서 실험해보았다. 그림 3.3에서 보면 앞의 실험 결과와 비교해 성능이 월등히 향상되었음을 볼 수 있다. 즉, 대칭 소속 함수를 사용했을 때 보다 전체 인식이 향상되었을 뿐 만 아니라 virginica 클래스도 상당히 좋은 결과를 보여준다. 심지어는 setosa 클래스도 앞의 실험 결과와 비교해도 향상되었음을 알 수 있다. versicolor 클래스 데이터중 하나가 virginica 클래스로 할당되었음을 이 실험

표 3.2 연쇄법을 이용했을 때 조율된 매개변수들 값

Table 3.2 Parameter values after Tuning using Chain Rule

규칙	중심 값		분산 값				가중치 (w)
			PLL	PLR	PWL	PWR	
1	2.503	0.808	0.661	0.675	0.179	0.260	0.944
2	7.011	1.635	2.123	2.077	0.516	0.789	3.016
3	4.970	1.128	1.750	1.452	0.512	0.072	2.129
4	5.167	2.624	1.403	1.231	0.319	0.250	1.750

를 통해서 볼 수 있다. 비대칭 가우시안 소속 함수를 사용한 결과가 대칭 소속 함수를 사용한 것보다 성능이 향상되었음이 실험을 통해 증명되었다. 이 실험에서 전체 인식은 96%를 보여주었다. 이 결과와 본 논문에서 제안한 방법의 비교는 4.6절에서 보여준다.

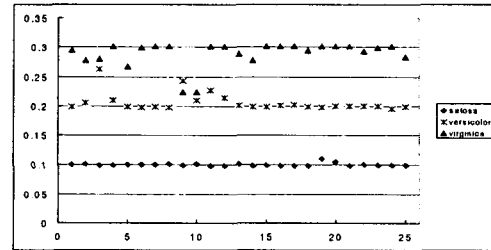


그림 3.3 비대칭 소속 함수와 연쇄법을 이용했을 때의 인식 결과

Fig. 3.3 Recognition Result using Asymmetrical Gaussian Membership Fun. and Chain Rule

3.5 제안된 방법을 이용해 조율된 비대칭 소속 함수를 이용한 인식 결과

결과 연쇄법을 이용한 매개변수 조율은 경사하강법이 가지는 한계 때문에 앞 절의 실험에서도 알 수 있듯이 지역최소치에 빠질 가능성이 많다는 것이다. 이를 극복하기 위해 본 논문에서는 유전자 알고리즘을 사용한 새로운 방법을 제시하였는데, 우선 같은 조건하에서 규칙의 수를 변경해 보면서 최적의 규칙 수 결정에 대한 결과를 실험하였다.

대칭 가우시안 소속 함수를 주어진 시스템에 대한 최적의 소속 함수가 되게 하기 위한 비대칭 소속 함수로 만들기 위해 유전자 알고리즘을 이용한다. 본 실험을 위해 유전자의 크기를 20, 교배 확률을 0.5, 그리고 돌연변이 비율을 0.01로 하여 표 2.2에서 제안한 방법을 이용해 실험을 해보았다.

그림 3.4에서는 군집수 변화에 따른 학습이 세대별로 에러율이 어떻게 변하는지를 보여준다. 5개의 군집을 사용했을 때 가장 높은 에러율을 보여 주었으며 4개의 군집을 사용했을 때 학습 에러율이 가장 낮다는 것을 볼 수 있다. 결과적으로 어떤 시스템에 대해 반드시 많은 규칙을 사용해야 좋은 결과를 가져온다고 볼 수 없다는 것을 알 수 있다.

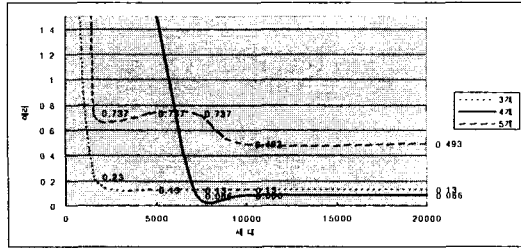


그림 3.4 군집수 변화에 따른 각 세대별 학습 에러 비교
Fig. 3.4 Comparison of each Generation Training Error in terms of Clusters

앞의 실험에서 초기 유전형을 위한 매개변수에 할당할 임의의 값을 할당할 범위를 설정할 수 있었다. 제안된 알고리즘을 이용해 비대칭 가우시안 소속 함수에 대한 분산과 관련된 매개변수들과 시스템 구조상의 가중치 값을 조율한 후의 결과를 표 3.3에서 보여준다. 이 결과는 앞에서 실험한 연쇄법을 이용한 조율 방법의 결과와 다른 형태의 비대칭 소속 함수를 보여준다. 중심 값은 조율하지 않고 고정 시켰기 때문에 표 3.1의 값을 사용한다.

표 3.3 제안된 알고리즘을 이용했을 때 조율된 매개변수들 값
Table 3.3 Parameter values after Tuning using the Proposed Algorithm

규칙	분산 값				가중치 (w)
	PLL	PLR	PWL	PWR	
1	5.456	6.721	1.595	0.066	4.323
2	7.359	6.886	0.341	2.211	2.013
3	8.822	0.055	8.877	3.641	4.840
4	3.366	1.452	9.438	5.126	3.509

첫 번째 단계에서 구한 각 군집에 대한 중심 값들과 제안된 알고리즘을 이용해 조율된 분산과 관련된 매개변수들을 값들을 식 (2.14)에 적용하여 소속 함수를 그려보면 그림 3.5와 같이 된다. 퍼지 c-Means 군집화 방법과 군집 유효성을 검사하는 식 (2.10)을 이용해 시스템 구조가 결정되는데, 이때 결정된 군집 수와 퍼지 규칙수가 같음을 앞에서 언급한바 있다. 따라서 다음 그림들은 4개의 규칙베이스 R_1, R_2, R_3, R_4 에 대한 소속 함수를 그래프로 표시한 것이다. 그림에서 볼 수 있듯이 각 규칙에 대한 소속 함수가 중

심 값을 기준으로 비대칭임을 볼 수 있다.

학습 데이터를 이용해 나온 결과가 반드시 테스트 데이터를 이용한 결과 역시 좋다고 보장할 수 없다. 따라서 임의로 규칙의 수를 고정해서 테스트 데이터를 이용해 인식 결과를 비교 분석하여 군집 유효성에 따른 결과가 우수함을 보인다.

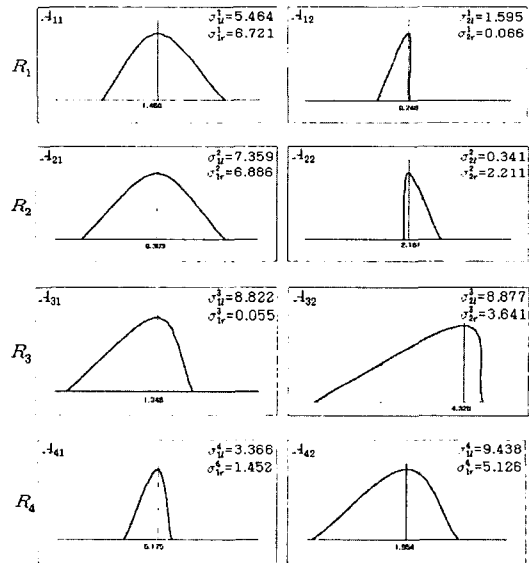


그림 3.5 군집 수가 4일 때 각 규칙에 대한 비대칭 소속 함수
Fig. 3.5 Asymmetrical Membership Function for Each Rule in 4 Clusters

주어진 입력 벡터의 i 번째 규칙에 대한 소속 값을 계산하기 위해 식(2.3)을 이용한다. 퍼지 추론을 위한 최종 결과는 각 규칙에 대한 소속 값과 조율된 가중치 값들을 식(2.4)에 적용해 계산한다. 이와 같은 방법으로 군집의 수를 임의로 3개, 4개, 5개로 정했을 때의 실험을 하였다. 본 실험을 위해 Iris 데이터의 나머지 75개 테스트 데이터를 이용해 퍼지 추론을 거친 결과를 비교하였다.

표 3.4와 3.5에서는 Iris 테스트 데이터를 유전자 알고리즘을 이용해 학습된 퍼지 추론 시스템을 이용해 규칙의 수에 따른 인식률을 비교해 보았다. 제안된 퍼지 추론 시스템의 비퍼지화를 통해 얻은 결과가 0.05과 0.15사이의 값이면 첫 번째 클래스인 setosa로 할당하고, 0.15와 0.25사이의 값이면 두 번째 클래스인

versicolor로 인식 시킨다. 마지막으로 세 번째 클래스인 virginica는 0.25부터 0.35까지 사이 값으로 한다.

실험 결과에 따르면 주어진 Iris 데이터에 대해서 4개의 규칙을 사용했을 때 최적의 인식률을 나타낸다. 비록 주어진 데이터는 명백히 세 개의 클래스로 주어졌지만 제안된 시스템은 군집 유효성의 결과가 최적의 규칙수임을 실험 결과를 통해 알 수 있었다. 주어진 학습 데이터 자체에 대한 애러가 있음에도 불구하고 테스트 결과 본 실험에서는 높은 인식률을 보여 주었다.

표 3.4 규칙수 변화에 따른 인식률
Table 3.4 Recognition Results in Different Rule Numbers

규칙 수	매개변수 수	클래스	데이터 수	애러 수	제곱	최적 애러	인식률 (%)	전체 인식률 (%)
3	15	setosa	25	6	12,000	0.13	76	54
		versicolor	25	11			56	
		virginica	25	17			32	
4	20	setosa	25	0	7,211	0.085	100	98
		versicolor	25	1			96	
		virginica	25	1			96	
5	25	setosa	25	0	14,000	0.493	100	69
		versicolor	25	4			84	
		virginica	25	19			24	

3.6 기존의 방법들과 비교

이 절에서는 지금까지 실험했던 결과들을 모아서 비교 분석해 본다. 각 실험들은 같은 조건에서 행해졌다. 결과를 비교하기 위해 군집 유효성 결과에 따라 모든 퍼지 시스템은 4개의 규칙을 갖는 환경에서 실험한 결과를 비교 분석한다. 학습 데이터를 이용해 얻은 매개변수들을 퍼지 추론 시스템에 적용해 인식 결과를 비교분석 했으며 그 결과를 표 3.5에 정리하였다.

표 3.5 소속 함수 형태에 따른 인식률 비교
Table 3.5 Comparison of Recognition Rates in Different Membership Functions

소속 함수 유형 (조율 방법)	클래스 인식 범위	데이터 수	애러 수	인식률 (%)	전체 인식률
비대칭 (연쇄법)	$0.05 < setosa \leq 0.15$	25	0	100	96
	$0.15 < versicolor \leq 0.25$	25	1	96	
	$0.25 < virginica \leq 0.35$	25	2	92	
비대칭 (유전자 알고리즘)	$0.05 < setosa \leq 0.15$	25	0	100	98
	$0.15 < versicolor \leq 0.25$	25	1	96	
	$0.25 < virginica \leq 0.35$	25	1	96	
대칭 (조율 없음)	$0.05 < setosa \leq 0.15$	25	1	96	73
	$0.15 < versicolor \leq 0.25$	25	1	96	
	$0.25 < virginica \leq 0.35$	25	18	24	

기존의 비대칭으로 가우시안 소속 함수를 사용한 방법은 연쇄법을 이용해 퍼지 규칙에 있는 매개변수를 조율하였는데, 그 결과는 전체 96%의 인식률을 보여준다. 이결과 표 3.5에서 볼 수 있듯이 본 논문에서 제안한 방법을 사용한 것보다 2% 낮은 인식률을 보여준다. 표에 의하면 기존의 방법에서 virginica 클래스에 대한 인식이 더 좋지 못함을 볼 수 있다. 이 문제를 우리가 제안한 알고리즘에서는 이를 정확히 인식함으로써 성능을 향상 시켰다.

또 하나 주목할 대목은 왜 소속 함수를 비대칭으로 사용하느냐 하는 문제이다. 이에 대한 답을 얻기 위해 군집화 단계에서 얻은 매개변수들을 이용하여 대칭 소속 함수를 이용해 실험해 본 결과 versicolor 클래스에서는 다른 두 방법과 같은 결과를 가져옴을 볼 수 있었으나, setosa와 virginica 클래스의 인식률의 차이를 볼 수 있었다. 특히 대칭 소속 함수를 사용했을 때 virginica 클래스 인식률이 아주 좋지 않음을 볼 수 있다.

결론적으로 시스템의 성능향상을 위해서는 우선 최적의 퍼지 규칙수를 사용해야 하며, 소속 함수를 최적으로 조율하여야 한다. 여러 가지 실험을 통하여 유전자 알고리즘을 이용한 퍼지 규칙을 학습 시키는 것이 최적의 결과를 가져옴을 알 수 있었다.

IV. 결 론

본 논문에서는 퍼지 시스템의 매개변수를 유전자 알고리즘을 이용하여 최적화 시키는 방법을 제시하였다. 여기서 사용되는 기법들은 우선 시스템의 구조를 파악하기 위해 퍼지 c-Means 방법과 군집 유효성을 사용하였다. 학습 데이터를 퍼지 c-Means 방법을 적용한 결과는 주어진 데이터를 최적의 그룹으로 분리된다. 분리된 그룹은 각각의 퍼지 규칙이 생성되어 이에 대한 매개변수가 생성된다. 이때 사용하는 소속 함수는 가우시안 함수이다.

연쇄법을 사용하여 중심 값, 분산 값 그리고 가중치와 관련된 매개변수들을 갱신하였는데 이 방법은 최적 해를 구할 수 가 없다. 따라서 본 논문에서는 분산과 가중치에 대한 매개변수를 유전자 알고리즘을 사용했다. 중심에 대한 값은 고정시켰는데 그 이유는 시스템 구조 파악 단계에서 이미 최적의 중심 값으로 구해 졌기 때문에 이를 조율할 의미가 없다는 것이다. 단지 시스템의 최적화를 위해 필요한 매개변수를 조율한다. 분산과 관련된 매개변수는 제한된 범위 내에서 시스템의 최적화를 위해서 조율한다. 가중치에 관한 매개변수는 어떤 제약도 두지 않고 조율하였다.

본 논문에서 제안한 방법의 유효성을 검증하기 위해서 Iris 데이터를 이용해 기본적인 결과를 보여주었다. 미분을 이용한 기존의 방법과 비교 분석을 단계별 수행 응답 결과와 실제 데이터를 이용한 결과를 비교분석 하였다. 제안된 방법을 패턴인식의 대표적인 데이터를 가지고 패턴인식과 유사한 방법으로 실험을 행하였는데 이를 제어분야에 적용할 필요성을 느낀다.

참고문헌

[1] J.C. Dunu, "Well-separated Cluster and Optimal Fuzzy Partition." J. Cybern., Vol. 4, pp. 95-104, 1974.
 [2] I. Hayashi, H. Nomura and N. Wakami, "Artificial Neural Network Driven Fuzzy Control and Its Application to the Learning of Inverted Pendulum System.", Proc. of 3rd IFSA Congress, pp.

610-613, 1989.

[3] Rui-Ping LI and Masao Mukaidono, "A New Approach to Rule Learning Based on Fusion of Fuzzy Logic and Neural Networks.", IEICE TRANS. INF. & SYST., VOL. E78-D, NO. 11 NOVEMBER 1995.
 [4] S. Horikawa, T.Furahashi, S. Okuma, and Y. Uchikawa, "Comosition Methods of F u z z y Neural Networks and their Performance Evaluation.", in Proc IIZUKA '88, pp.183-184, 1998.
 [5] J.C. Bezdk, "Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms.", New York, Plenum, 1981.
 [6] Y. Fukuyama and M. Sugeno, "A New Method of Choosing the Number of Clusters for Fuzzy c-Means Method.", in Proc. 5th Fuzzy Symp., pp. 247-250, 1989.
 [7] Anderson E., "The Iris of the Gaspé peninsula.", Bulletin American Iris Society, Vol. 59, pp. 2-5, 1935.

저자 소개



임창균(Chang-Gyoon Lim)

1984년 2월 : 조선대학교 이학사
 1987년 2월 : 조선대학교 이학석사
 1992년 2월 : 조선대학교 공학박사
 1997년 Wayne State University (Ph.D)

1997- 현재 여수대학교 공과대학 컴퓨터공학과 조교수
 ※관심분야 : 소프트 컴퓨팅, 임베디드 시스템, 지능 제어, 인공지능

정영민(Young-Min Jung)

여수대학교 대학원 컴퓨터공학과 석사과정
 ※관심분야 : 임베디드 시스템, 인공지능



김응곤(Eung-kon Kim)

1980년 2월 : 조선대학교 공학사
1987년 2월 : 한양대학교 공학석사
1992년 2월 : 조선대학교 공학박사
1984년 8월~1986년 8월 :

금성반도체(주) 연구원

1987년 3월~1991년 2월 : 국방과학연구소 선임연구원
1991년 3월~1993년 2월 : 여수수산대학교 컴퓨터공
학과 전임강사

1997년 3월~1998년 2월 : 미국 University of California,
Santa Cruz Post Doc.

1993년 3월~현재 : 순천대학교 컴퓨터과학과 부교수
※관심분야 : 컴퓨터그래픽스, 영상처리, 가상현실, 원격
교육