

DNA 코딩 기법을 이용한 웨이블릿 기반 퍼지 모델링

Wavelet-Based Fuzzy Modeling Using a DNA Coding Method

주영훈 · 이연우 · 유진영

Young Hoon Joo, Yeun Woo Lee, Jin Young Yu

군산대학교 전자정보공학부

요 약

본 논문에서는 DNA 코딩 방법을 이용하여 새로운 웨이블릿 기반 퍼지 모델링 방법을 제안한다. DNA 코딩 방법은 기존의 유전 알고리즘에 비해 지식 표현에 있어서 더 다양하고, 최적화 수행에 있어서 더 좋다고 알려져 있다. 그 이유는 DNA 코딩 방법은 생물학적 DNA에 기반하여 더 풍부한 유전 정보를 암호화할 수 있기 때문이다. 제안한 방법은 웨이블릿 변환 기법을 사용함으로써 퍼지 모델을 생성한다. 여기서, 계수들은 DNA 코딩 방법을 이용하여 동정된다. 즉, 웨이블릿 변환과 DNA 코딩 방법의 장점들을 사용함으로써 더 좋은 퍼지 모델을 생성한다. 제안된 방법의 우수성을 증명하기 위해서 기존의 유전 알고리즘과 그 결과를 비교한다.

Abstract

In this paper, we propose a new wavelet-based fuzzy modeling using a DNA coding method. Generally, it is well known that the DNA coding method is more diverse in the knowledge expression and better in the optimization performance than the genetic algorithm (GA) because it can encode more plentiful genetic information based on the biological DNA. The proposed method makes a fuzzy model by using the wavelet transform, in which coefficients are identified by the DNA coding method. Thus we can effectively get the fuzzy model of nonlinear system by using the advantages of both wavelet transform and DNA coding method. In order to demonstrate the superiority of the proposed method, it is compared with the GA.

Key words : DNA coding techniques, fuzzy modeling, genetic algorithm, wavelet transform

1. 서 론

복잡하고 불확실한 비선형 시스템을 수학적으로 모델링하는 경우에는 비선형성의 고차 모델을 이용하거나 모델 근사화 방법들을 이용하더라도 만족할 만한 모델을 얻기 어렵다. 이러한 시스템을 다루기 위해 if-then 규칙 형식으로 표현되는 퍼지 모델링 기법이 활발히 연구되어지고 있다.

Zadeh[1]에 의해 최초로 도입된 퍼지 논리 개념은 각계에서 새로운 가능성을 보여주었다. Tong[2]은 퍼지 논리를 바탕으로 시스템을 묘사하는 퍼지 모델링 기법을 제안하여 복잡한 비선형 시스템의 모델링에 새로운 접근 방법을 제시하였다. 그 후 Pedrycz[3]는 상대 퍼지 집합과 Zadeh의 조건 확률 분포에 기초하여 퍼지 시스템의 새로운 동정 알고리즘을 제안하였고, Xu[4]는 퍼지 규칙의 구조 동정 및 파라미터 추정과 연관 자기 학습 알고리즘을 포함하는 일반적 퍼지 시스템 동정 기법을 제안하였다. Sugeno[5]는 비선형 시스템의 입출력 데이터만으로 시스템의 정성적 모델(qualitative model)을 구하는 방법과 결론부를 선형식으로 대체하는 퍼지 모델의 동정 방법을 제안하였다.

상기 연구에서 알 수 있듯이 퍼지 모델링 방법의 주 관심사는 전문가적 경험을 이용하여 미지의 시스템을 퍼지 규칙으로 정확히 묘사하는 데 있다. 최근에는 전역 최적화 탐색 기법인 유전 알고리즘을 이용한 퍼지 모델링 방법의 많은 연구가 진행되고 있다.

유전 알고리즘은 생물학적 유전학(biological genetics)과 자연 선택설(natural selection)을 바탕으로 한 탐색 알고리즘이며, 퍼지 모델링시 각종 파라미터 최적화에 효과적인 방법으로 많이 사용되고 있다. 그러나, 유전 알고리즘은 비선형성이 강한 시스템에 대하여 최적의 해를 찾지 못하고 국소적인 값에 빠질 위험이 있으며 최적의 해를 찾기 위해 많은 시간을 필요로 하게 된다. 이에 Joo는 유전 알고리즘과 클러스터링 기법을 이용해 퍼지 모델의 파라미터와 구조를 동정하는 자동 동정 기법[6]과 유전 알고리즘의 변형된 형태의 mGA(messy Genetic Algorithm)를 이용한 퍼지 모델링 기법을 제안하였다[7]. 또한, 최근 이러한 유전 알고리즘의 문제점을 해결하기 위한 방법의 하나로 생물학적 DNA 구조를 이용한 DNA 코딩 기법이 연구되고 있다 [8].

유전 알고리즘은 최적 해를 찾기 전에 국소 값에 도달하는 것과 최적 해를 찾기 위해서는 많은 시간이 필요하다는 단점에 비해, DNA 코딩 기법은 염색체의 가변적인 형태와 비트 단위가 아닌 생물의 DNA 구조에 의한 해석으로 유전 알고리즘보다 빠르게 최적 해를 찾을 수 있으며 다변적인 염색체의 구조와 지식의 융통성 있는 표현으로 최적 해를 구하는데 유전 알고리즘보다 유리하다고 알려져 있다 [8].

접수일자 : 2003년 9월 10일

완료일자 : 2003년 12월 03일

본 연구는 산업자원부의 지원에 의하여 기초전력공학공동 연구소 주관으로 수행된 과제임(과제번호: R-2003-B-078).

Wang과 Zeng[9]은 퍼지 기저 함수(fuzzy basis function, FBF)의 선형 합으로 퍼지 시스템을 표현하였고 Lin[10]은 퍼지 모델의 변형을 통하여 이산 웨이브렛 변환과의 등가 모델을 획득하였다. 기본 웨이브렛 기저 함수는 특별한 형태의 밴드 통과(band-pass) 필터로 생각할 수 있으며, 웨이브렛 변환의 상대 대역폭 불변성은 기본 웨이브렛 기저에 대한 시간 축 방향 축소 및 확대에 의해 충족되어진다. 이와 같은 이유로 현대의 디지털 신호처리와 영상 압축, 기본적인 여러 알고리즘 수행의 속도 증진과 디지털 신호의 잡음을 제거하기 위해 웨이브렛이 많이 사용되고 있다.

Donoho[11]의 Unconditional Basis의 개념을 기초로 한 웨이브렛 기반 퍼지 모델링은 퍼지 추론 시스템의 FBF의 선형 합이 웨이브렛 함수의 선형 합과 같도록 FBF와 후반부를 구성하여 웨이브렛 변환과 등가를 형성하도록 함으로써 웨이브렛 변환이 갖고 있는 장점을 공유할 수 있다. 즉, Unconditional Basis에 의한 에너지 압축이 뛰어나기 때문에 작은 규칙만으로도 정확한 퍼지모델을 구할 수 있고 기저함수로 웨이브렛 함수를 사용함으로써 일시적인 신호의 묘사에 뛰어나기 때문에 일시적인 변화가 심하여 기존의 방법으로는 퍼지 모델의 획득이 어려웠던 신호의 퍼지 모델을 보다 정확하게 구할 수 있다. 그러나, 기저함수로 사용하는 웨이브렛 함수가 직교성이 있다면 내적을 이용하여 쉽게 파라미터들을 구할 수 있는 반면 제약조건으로 인해 해의 탐색범위가 줄어드는 문제점이 있다. 따라서, 광범위한 해의 탐색을 위하여 직교성이라는 제약 조건을 벗어난 웨이브렛 함수를 선택하여야 한다. 웨이브렛 기반 퍼지 모델을 구하기 위해서는 웨이브렛 함수에 대한 계수 또는 퍼지 추론 시스템의 후반부와 웨이브렛 함수의 파라미터 또는 퍼지추론 시스템의 소속함수의 파라미터를 동정해야하는 문제가 있다.

본 논문에서는 DNA 코딩 기법을 이용한 웨이브렛 기반 퍼지 모델링에 대한 새로운 방법을 제안한다. 제안된 방법은 여러 개의 퍼지 규칙 기저를 갖으며 퍼지 모델의 변형을 통해서 웨이브렛 변형과 등가의 퍼지 모델을 형성, 웨이브렛 변형의 장점을 상속받게 된다. 또한, 퍼지 시스템의 파라미터들과 규칙 수를 동정하기 위해 DNA 코딩기법이 사용된다. 마지막으로, 본 논문에서 제안된 방법은 대표적인 비선형 시스템인 Mackey-Glass 혼돈시스템의 퍼지 모델링에 적용함으로써, 그 우수성을 입증하기 위해 GA와 비교한다.

2. 이산 웨이브렛 변환과 퍼지모델

2.1 이산 웨이브렛 변환

모든 함수 또는 신호 $f(x)$ 는 식 (1)과 같이 기저함수들의 선형합으로 나타낼 수 있다.

$$f(x) = \sum_k c_j(k) \varphi_{j,k}(x) + \sum_k \sum_{j=j_0} d_j(k) \psi_{j,k}(x) \quad (1)$$

여기서, $\varphi_{j,k}(x)$ 는 스케일 함수, $\psi_{j,k}(x)$ 는 웨이브렛 함수이다. 식 (1)에서 첫 번째의 합은 저해상도의 근사화이며, 두 번째의 합은 고해상도의 근사화가 된다. 즉, 웨이브렛 변환은 $L^2(R) \rightarrow L^2(R^2)$ 의 매핑으로 저역 통과 필터인 스케일 함수와 고역 통과 필터인 웨이브렛 함수로 나눌 수 있다. 모든 j, k 에 대해 $\varphi_{j,k}(x)$ 와 $\psi_{j,k}(x)$ 가 서로 직교한다면 식 (1)의 계수 $c_j(k)$ 와 $d_j(k)$ 를 내적의 합으로 구할 수 있다. 여기서, 계수를 구하는 것을 웨이브렛 변환이라 하며 이러한

다해상도 수식은 신호를 자세한 성분들로 분해하여 나타냄으로써 신호를 시간-주파수로 표현할 수 있다. 따라서, 식 (1)의 $\psi_{j,k}(x)$ 는 식 (2)로 나타낼 수 있다.

$$\psi_{j,k}(x) = a^{-j/2} \psi(a^{-j}x - bk) \quad (2)$$

또한, 다차원 웨이브렛 함수를 단일 차원의 웨이브렛 함수의 텐서곱(tensor product)으로 나타내면 식 (3)과 같다.

$$\Psi(x) = \psi_1(x_1) \cdots \psi_n(x_n) \quad (3)$$

여기서, 단일 차원의 웨이브렛 변환은 n 개의 직교방향으로 분리되어 있다고 가정하며, 각각의 항이 푸리에 변환된 식 (4)를 얻을 수 있다.

$$\hat{\Psi}(\omega) = \hat{\psi}_1(\omega_1) \cdots \hat{\psi}_n(\omega_n) \quad (4)$$

여기서, $\hat{\Psi}(\omega)$ 는 $\Psi(x)$ 의 푸리에 변환이며 식 (5)의 admissibility 조건을 만족하여야 한다.

$$\int \frac{|\hat{\psi}_i(\omega_i)|^2}{|\omega_i|} d\omega_i < \infty \quad (5)$$

감쇄 조건하에서 식 (5)는 음과 양의 무한대에서 0으로 수렴하는 각각의 $\psi_i(x_i)$ 에 대해서 식 (6)과 같이 적분한 값이 0인 것을 선택한다면 식 (5)를 만족시킬 수 있다.

$$\int \Psi_i(x_i) dx_i = 0 \quad (6)$$

한편, 웨이브렛 프레임이 되기 위해서는 식(7)의 조건도 만족하여야 한다.

$$A \|f\|^2 \leq \sum_{j,k} |(f, \psi_{j,k})|^2 \leq B \|f\|^2 \quad (7)$$

여기서, $A > 0, 0 < B < \infty$ 이다. 따라서, 식 (6)과 식 (7)을 만족하는 $\psi_i(x_i)$ 를 웨이브렛 프레임으로 설정하면 된다. 본 논문에서는 위의 두 가지 필요조건을 만족시키는 mother 웨이브렛 함수로 식 (8)의 'Mexican Hat'을 이용한다. 이 함수는 가우시안 확률 밀도 함수를 두 번 미분한 함수에 비례한 함수에서 유도된다.

$$\Psi(x_i) = a(1 - a_i x_i^2) e^{-\frac{a x_i^2}{2}} \quad (8)$$

식 (8)을 식 (2)와 식 (3)에 대입하면 식 (9)를 얻을 수 있다.

$$\psi_{j,k} = a^{\frac{j_1}{2}} a_1 [1 - a_1 (a^{-j_1} x_1 - b_1 k_1)^2] e^{-\frac{a_1 (a^{-j_1} x_1 - b_1 k_1)^2}{2}} \cdots - a^{\frac{j_n}{2}} a_n [1 - a_n (a^{-j_n} x_n - b_n k_n)^2] e^{-\frac{a_n (a^{-j_n} x_n - b_n k_n)^2}{2}} \quad (9)$$

2.2 퍼지모델

퍼지 모델에서 변수들 사이의 관계는 퍼지 if-then 규칙들의 관계로 나타내며, 본 논문에서 사용된 규칙의 형태는 식 (10)과 같다.

$$\text{Rule } i: \text{ If } x_1 \text{ is } A_{i1}, \cdots, x_n \text{ is } A_{in}, \\ \text{Then } y_i \text{ is } d_i a_1 (1 - a_1 x_1^2) a_2 (1 - a_2 x_2^2) \cdots a_n (1 - a_n x_n^2) \quad (10)$$

여기서, Rule i 는 i 번째 규칙, x_j 는 j 번째 입력 변수, y_i 는 i 번째 출력 변수, A_{ij} 는 가우시안 함수로 정의되는 j 번째 입력의 i 번째 규칙에 대한 소속 함수이며, 결론부는 식 (9)에서의 'Maxican Hat' 웨이브렛 함수의 가우시안 함수부분을 제외한 나머지 부분의 곱으로 이루어져 있다. 즉, 일반적인 퍼지 모델의 후반부를 웨이브렛 기반 퍼지 모델의 규칙을 나타내도록 함으로써 웨이브렛 변환과 등가의 모델을 획득할 수 있다. 따라서, 여러개의 퍼지 규칙 기저를 갖는 퍼지 추론 시스템에서 임의의 퍼지 규칙 기저에 대한 출력은 식 (11)과 같이 FBF의 선형 합으로 표현할 수 있다.

$$y_j = \sum_{i=1}^n B_i(x)y_i \quad (11)$$

식 (10)을 식 (11)에 적용하면 식 (12)를 얻을 수 있다.

$$y_j = \sum_{i=1}^n B_i d_i a_i^2 \alpha_i (1 - \alpha_i (a_i^{-1} x_1 - b_i k_1)^2) \cdots a_i^2 \alpha_i (1 - \alpha_i (a_i^{-1} x_n - b_i k_n)^2) \quad (12)$$

여기서, $B_i = \prod_{k=1}^n A_{ik}(x_k) / \sum_{i=1}^n \prod_{k=1}^n A_{ik}(x_k)$ 이며, d_i 는 실수이다. 따라서 최종적인 출력 y 는 식 (13)로부터 구할 수 있다.

$$y = \sum_{i=1}^n y_i = \sum_{i=1}^n \sum_{k=1}^n d_{i,k} \Psi_{i,k} \quad (13)$$

식 (13)은 여러 개의 퍼지 규칙 기저를 갖는 퍼지 모델의 후반부를 변형함으로써 이산 웨이브렛 변환과 등가가 됨을 나타낸다. 즉, 'Maxican Hat' 웨이브렛 함수를 이용한 경우, 웨이브렛 함수내의 가우시안 함수부분이 퍼지 모델의 소속 함수 $A_{ik}(x)$ 가 되고, 가우시안 함수부분을 제외한 부분의 곱이 식 (10)의 변형된 퍼지 모델의 후반부를 형성함으로써 변형된 퍼지 모델이 웨이브렛 변환과 등가임을 알 수 있다.

3. DNA 코딩 기법을 이용한 퍼지 모델 동정

DNA 코딩 기법은 생물학적 DNA의 구조에 기반 하여 만들어진 최적화 기법으로 일반적으로 유전 알고리즘보다 지식의 표현이 다양하고, 최적화 성능이 우수한 것으로 알려져 있다 [8].

DNA는 하나의 세대에서 다른 세대로부터 전달되는 유전 정보의 첫 번째 전달자이며 DNA 분자들은 두 개의 길고 상보적인 체인들이 함께 얽여있는 기본적인 쌍들로 이루어져 있다. DNA는 sugar phosphate을 중심으로 4종류의 염기들의 결합으로 이루어진다. DNA에서 4종류의 염기들은 Adenine(A), Guanine(G), Thymine(T) and Cytosine(C)이며 염색체는 DNA 이중 나선으로 구성된다. DNA 나선들에서의 염기들은 상보적인 염기 접합 규칙을 따른다. T와 G는 각각 A, C와 한 쌍이 된다.

DNA에서 정보의 암호화는 유전자 합성의 과정동안 추출되어지고, 유전 정보 암호화 표현은 mRNA 배열의 구조를 필요로 한다. 또한 DNA는 mRNA로 전사되어 리보솜에서 단백질로 번역된다. 즉, 아미노산을 암호화하는 DNA의 배열에 따라 아미노산의 합성 순서를 결정하여 여러 종류의 단백질을 만들어 낸다. 그 중심 과정은 다음과 같다.

- **transcription** : formation of mRNA from DNA
- **translation** : formation of protein from mRNA
- **protein folding**

생물학적 DNA의 기본적 요소는 4개의 핵산(nucleotide)이다. 핵산은 A, G, C, 및 T으로 구성되고, 3개의 핵산이 결합하여 하나의 코돈(codon)을 형성한다. 이러한 64개의 코돈은 유전정보를 가지는 아미노산(amino acid)으로 번역되어진다. 그림 1은 위의 과정을 나타낸 것이며, 표 1은 아미노산 번역표이다. 표 1에서 각각의 아미노산이 가지는 유전정보를 나타내는 괄호 안의 값은 입력 및 출력 학습데이터 상에서 임의로 분할된 값을 지정하는 역할을 한다.

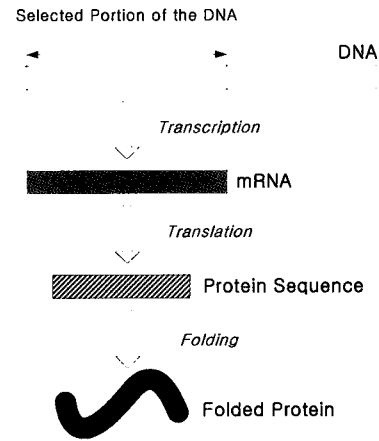


그림 1. 유전 정보 암호화의 표현

Fig. 1 Expression of the genetic information coding

표 1. 코돈에서 유전정보를 갖는 아미노산의 번역
Table 1. Translation from codons to amino acids

1st position (5'end)	2nd position(middle)				3rd position (3'end)
	T	C	A	G	
T	Phe(1)	Ser(10)	Tyr(4)	Cys(19)	T
	Phe(1)	Ser(10)	Tyr(4)	Cys(19)	C
	Leu(9)	Ser(10)	Stop	Stop	A
	Leu(9)	Ser(10)	Stop	Trp(20)	G
C	Leu(9)	Pro(7)	His(5)	Arg(11)	T
	Leu(9)	Pro(7)	His(5)	Arg(11)	C
	Leu(9)	Pro(7)	Gln(14)	Arg(11)	A
	Leu(9)	Pro(7)	Gln(14)	Arg(11)	G
A	Ile(2)	Thr(8)	Asn(15)	Ser(10)	T
	Ile(2)	Thr(8)	Asn(15)	Ser(10)	C
	Ile(2)	Thr(8)	Lys(16)	Arg(11)	A
	Met(3)	Thr(8)	Lys(16)	Arg(11)	G
G	Val(6)	Ala(12)	Asp(17)	Gly(13)	T
	Val(6)	Ala(12)	Asp(17)	Gly(13)	C
	Val(6)	Ala(12)	Glu(18)	Gly(13)	A
	Val(6)	Ala(12)	Glu(18)	Gly(13)	G

따라서, 코돈은 아미노산으로 번역되고, 아미노산이 가지는 유전정보에 따라 퍼지규칙이 생성된다. 또한 각각의 개체들은 유전 연산자를 이용하여 진화하게 되며 본 논문에서는

교차(Crossover), 돌연변이(Mutation), 삭제(Deletion), 삽입(Insertion) 및 도치(Inversion) 연산자를 사용하였고, 이러한 과정을 거쳐 적합도가 높은 개체는 다음 세대로 재생된다.

그림 2는 각각의 유전 연산자들의 연산 원리를 나타낸 것이며, 그림 3은 본 논문에서 제안된 염색체에서의 퍼지 규칙의 생성과정을 나타낸 것이다.

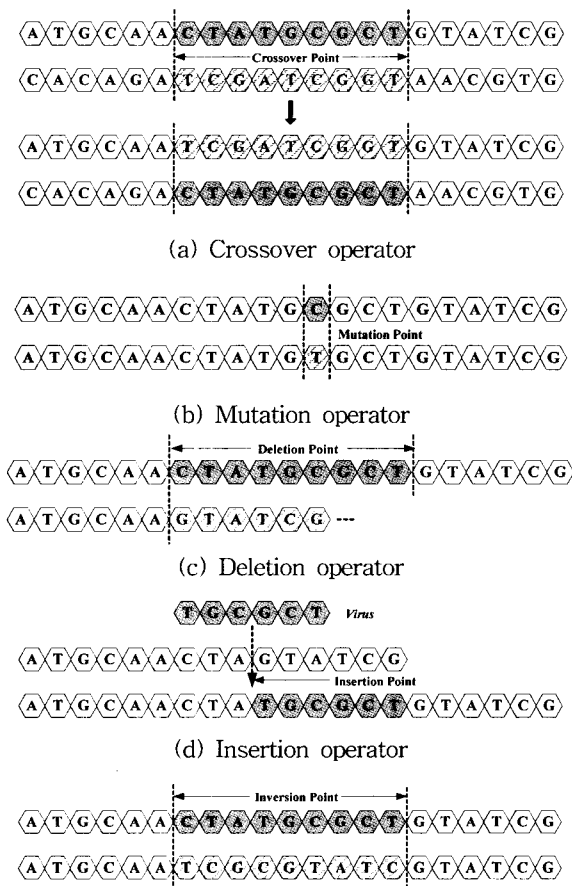


그림 2. 유전 연산자
Fig. 2 Genetic operators

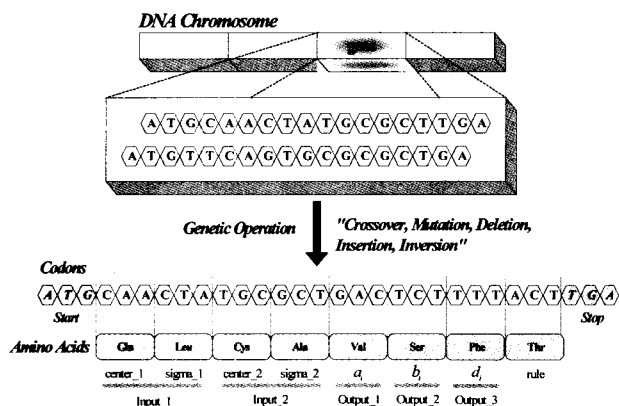


그림 3. 퍼지 규칙의 생성
Fig. 3 Generation of fuzzy rules

일반적으로 퍼지모델링의 최적화는 평가 함수값을 최소화시키는 퍼지 규칙의 수와 소속함수의 파라미터를 찾는 것이다. 한편, GA에서는 적합도 함수를 최대화시키도록 진화가 이루어지므로 최소화 문제를 최대화 문제로 변경하여야 한다. 식 (14)는 본 논문에서 사용된 적합도 함수를 나타낸다.

$$f(PI_{mse}, PI_{rule_n}) = \lambda \frac{1}{1 + PI_{mse}} + (1 - \lambda) \frac{1}{1 + PI_{rule_n}} \quad (14)$$

식 (14)의 적합도 함수의 사용은 모델의 정확성 (PI_{mse})과 규칙의 수 (PI_{rule_n})를 감소시키는데 있다. 여기서, λ ($0 \leq \lambda \leq 1$)는 하중 상수이다. 입력 범위내의 일부 입력에 대해서 공집합(null set)이 발생할 경우, 모델 출력을 생성하지 못하므로 유용한 퍼지 모델이 될 수 없으므로 식 (15)와 같은 패널티(penalty) 함수를 도입하여 유용하지 않은 퍼지 모델의 생성을 막는다.

$$P = \sum_{i=1}^N p_i \quad (15)$$

따라서, 식 (14)와 식 (15)에서 식 (16)과 같은 최종 적합도 함수를 얻는다.

$$f(PI_{mse}, PI_{rule}) = \left\{ \lambda \frac{1}{1 + PI_{mse}} + (1 - \lambda) \frac{1}{1 + PI_{rule}} \right\} \frac{1}{1 + P} \quad (16)$$

4. 모의실험

본 논문에서 제안된 퍼지 모델링 방법의 우수성을 입증하기 위해 Mackey-Glass 혼돈 시계열 시스템 [13]을 퍼지 모델링에 이용한다. Mackey-Glass 혼돈 시스템은 식 (17)과 같은 미분 지연 방정식으로 정의된다.

$$\dot{x}(t) = \frac{0.2x(t-\tau)}{1 + x^{10}(t-\tau)} - 0.1x(t) \quad (17)$$

본 예제의 실험 목적은 임의의 시간 t 까지 시계열의 과거 값을 사용하여 이후 $t+P$ 인 순간의 값을 예측하는 것이다. 이러한 예측의 일반적인 방법은 Δ 의 일정한 간격을 가진 시계열을 D점부터 사상을 생성하는 것이다. 즉, $[x(t-(D-1)\Delta), \dots, x(t-\Delta), x(t)]$ 에서 미래값 $x(t+P)$ 를 예측하는 것이다. 여기에서, $D=4$, $\Delta=P=6$ 으로 정하였다. 또한, 모의 실험을 위해 방정식의 해는 4차 Runke-Kutta 방법을 이용한 수치 해석적 풀이로부터 얻었으며, 시간 간격은 0.1 [sec]이고, 초기 조건 $x(0)$ 는 1.2, τ 는 17로 하였다.

식 (18)는 시스템의 입출력 데이터 샘플을 추출하는데 사용된 식을 보여준다.

$$[x(t-18), x(t-12), x(t-6), x(t); x(t+6)] \quad (18)$$

식 (18)에서 혼돈 시계열 시스템의 퍼지 모델을 위해 $t=25$ 에서부터 $t=524$ 의 500개의 입출력 데이터 집합을 추출하였으며 제안된 방법의 초기 파라미터는 표 2와 같다.

표 2. 초기 파라미터
Table 2. Initial parameters

Parameters	Value
Generation (DNA, GA)	200
Population (DNA, GA)	300
Crossover rate (DNA, GA)	0.9
Mutation rate (DNA, GA)	0.01
Deletion rate (DNA)	
Insertion rate (DNA)	
Inversion rate (DNA)	

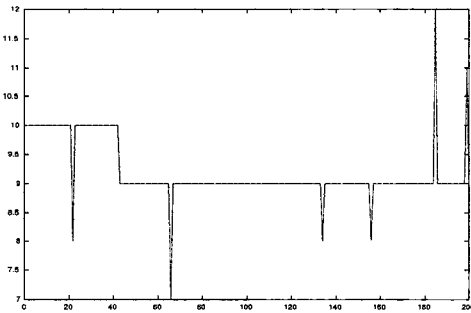


그림 4. 규칙의 변화
Fig. 4 Change of rules

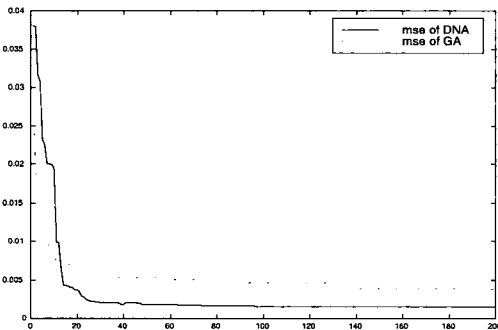


그림 5. DNA와 GA에서 MSE의 변화
Fig. 5 Changes of MSE in the DNA and GA

제안된 방법과 GA를 이용한 모의 실험 결과는 그림 4-7과 같다. 그림 4는 세대수 변화에 따른 규칙의 변화를 나타낸 것이며, 그림 5는 MSE값의 변화를 GA와 비교한 것으로서 제안된 방법의 MSE값은 0.0015로 GA에 의한 MSE값보다 우수함을 알 수 있었다. 그림 5와 그림 6은 실제 출력과 GA, 그리고 제안된 방법과의 동정결과를 비교한 것이다. 상기 결과에서 알 수 있듯이, 에너지가 몇몇 계수에 집중하는 웨이브렛 변환의 특성과 유전정보의 표현이 용이한 DNA 코딩 기법의 결합은 기존의 GA 방법에 비해 매우 효과적인 모델링 기법임을 알 수 있다. 끝으로 표 3은 제안된 방법과 다른 알고리즘들과의 NDEI값을 비교한 것이다.

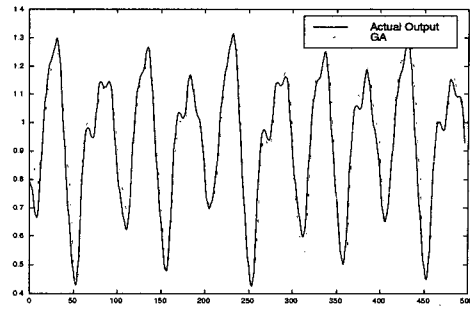


그림 6. GA를 이용한 동정결과
Fig. 6 The identification result in GA

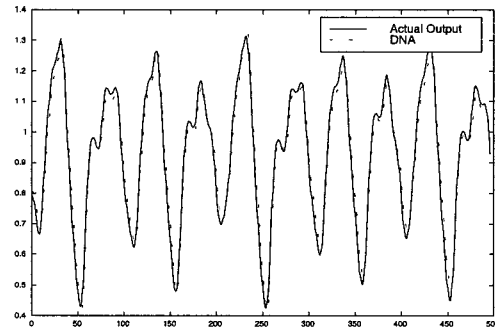


그림 7. 제안된 방법을 이용한 동정결과
Fig. 7. The proposed identification result

표 3. 제안된 방법과 다른 알고리즘과의 비교
Table 3. Comparisons with proposed method and other methods

Method	Non-dimensional error index
ANFIS[15]	0.007
AR model[15]	0.19
Cascaded-correlation NN[16]	0.06
Backpropagation MLP[16]	0.02
6th-order polynomial[16]	0.04
Linear predictive method[16]	0.55
Ours	0.001

5. 결 론

본 논문에서는 DNA 코딩 기법을 이용한 웨이브렛 기반 퍼지 모델링 기법에 대한 새로운 방법을 제안하였다. 제안된 방법은 DNA 코딩 기법을 이용하여 웨이브렛 변환의 계수를 동정한 후 웨이브렛 변환과 등가관계에 있는 퍼지 시스템 모델을 형성, 퍼지 규칙의 구조와 파라미터를 동시에 동정시키는 모델링 기법이다. 본 논문에서는 기존의 GA에 비하여 좀 더 효과적인 암호화 기법인 DNA 코딩 기법과 급격한 변화를 갖는 함수에 대하여 강인한 웨이브렛 변환의 장점을 이용

하여 대표적인 비선형 시스템인 Mackey-Glass 혼돈 시계열 시스템의 퍼지 모델링에 적용하였다. 제안된 방법은 모의 실험을 통하여 sGA(simple Genetic Algorithm, sGA)와 비교를 하였으며, 기존의 알고리즘들과 NDEI 값의 비교를 통하여 제안된 방법의 우수성을 입증하였다.

참 고 문 헌

[1] L. A. Zadeh, "Fuzzy Sets", Int. Jour. of Information control, vol. 8, pp. 338-353, 1965.

[2] R. M. Tong, "The Evaluation of Fuzzy Models Derived form Experimental Data", Fuzzy Sets and Systems, vol. 4, pp. 1-12, 1980.

[3] W. Pedrycz, "An Identification Algorithm in Fuzzy Relational Systems", Fuzzy Sets and Systems, vol. 13, pp. 153-167, 1984.

[4] C. W. Xu, "Fuzzy Model Identification and Self-learning for Dynamic Systems", IEEE Trans. Sys. Man. Cybern., vol. 17, No. 4, pp. 683-689, 1987

[5] M. Sugeno and T. Yasukawa, "A Fuzzy Logic Based Approach to Qualitative Modeling", IEEE Trans. Fuzzy Sys., vol. 1, pp. 7-31, 1993.

[6] Y. H. Joo, H. S. Hwang, K. B. Kim, and K. B. Woo, "Fuzzy System Modeling by Fuzzy Partition and GA Hybrid Schemes", Fuzzy Sets and Systems, vol. 86, No. 3, pp. 279-288, 1997.

[7] 주영훈, 이연우, 박진배, "메시 유전알고리즘 기반 퍼지 모델 동정", 대한전기학회 논문지, vol. 49D, No. 8, pp. 407-414, 2000.

[8] T. Yoshikawa, T. Furuhashi, and Y. Uchikawa, "A Combination of DNA Coding Method with Pseudo-Bacterial GA for Acquisition of Fuzzy Control Rules", The 1st Online Workshop on Soft Computing(WCSI), 1996. 8

[9] X. J. Zeng and M. G. Singh, "Approximation Accuracy Analysis of Fuzzy Systems with the Center-Average Defuzzifier", Proc. FUZZ-IEEE/IFES'95, pp. 109-116, 1995.

[10] C. K. Lin and S. D. Wang, "Fuzzy Modeling Using Wavelet Transforms", Electronics Letter, vol. 32, pp. 2255-2256, 1996.

[11] A. Bruce, D. Donoho, and H. Y. Gao, "Wavelet Analysis for Signal Processing", IEEE Spectrum, vol. 33, pp. 26-35, 1996

[12] I. Daubechies. "The Wavelet Transform, Time-frequency Localization and Signal analysis," IEEE Trans. on Inform. Theory, Vol. 36, pp. 961-1005, 1990.

[13] M. C. Mackey and L. Glass. "Oscillation and Chaos in Physiological Control Systems", Science, vol. 197, pp. 287-289, 1977.

[14] J. S. Jang. "ANFIS: Adaptive-Network-based Fuzzy Inference Systems", IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, vol. 23, No. 03, pp. 665-685, 1993.

[15] A. S. Lapedes and R. Farber. "Nonlinear signal processing using neural networks: prediction and system modeling", Technical Report LA-UR-87-2662, 1987.

[16] R. S. Crowder III, and D. Touretzky, G. Hinton and T. Sejnowski. "Predicting the Mackey-Glass timeseries with cascade-correlation learning". Proceedings of the 1990 Connectionist Models Summer School, pp. 117-123, 1990.

저 자 소 개

주영훈 (Young Hoon Joo)

제 13권 2호(2003년 4월호) 참조

이연우(Yeun Woo Lee)

제 13권 2호(2003년 8월호) 참조

유진영(Jin Young Yu)



2002년 : 군산대 제어계측공학 졸업
2002년-현재 : 군산대 대학원 전자정보공학과 석사과정

관심분야 : 퍼지 모델링, 지능제어, 유전알고리즘, DNA computing

Phone : 063-469-4706

Fax : 063-469-4706

E-mail : yujin411@hanmail.net