클러스터링 기법 및 유전자 알고리즘을 이용한 퍼지 뉴럴 네트워크 모델의 최적화에 관한 연구

박춘성, 윤기찬, 박병준, 오성권
원광대학교 제어계측공학과, 전라북도 익산시 신용동 344-2 ㊕570-749

A Study On Optimization Of Fuzzy-Neural Network Using Clustering Method And Genetic Algorithm

Chunseong Park, Kichan Yoon, Byoungjun Park and Sungkwun Oh
Dept. of Control & Instrumentation Engineering, Wonkwang Univ., Iksan, KOREA

Abstract - In this paper, we suggest a optimal design method of Fuzzy-Neural Networks model for complex and nonlinear systems. FNNs have the stucture of fusion of both fuzzy inference with linguistic variables and Neural Networks. The network structure uses the simpified inference as fuzzy inference system and the BP algorithm as learning procedure. And we use a clustering algorithm to find initial parameters of membership function. The parameters such as membership functions, learning rates and momentum coefficients are easily adjusted using the genetic algorithms. Also, the performance index with weighted value is introduced to achieve a meaningful balance between approximation and generalization abilities of the model. To evaluate the performance index, we use the time series data for gas furnace and the sewage treatment process.

1. 서 론

비선형시스템은 복잡성과 불확실성이 존재하므로 수학적으로 시스템을 정확히 모델링할 수 없을 뿐만 아니라 불가능하다. 퍼지-뉴럴 네트워크 (Fuzzy-Neural Network)은 퍼지 추론의 언어적논리를 규칙의 형태로 표현할 수 있는 능력과 신경망의 학습기능을 결합한 것으로 여러 산업분야에서 성공적으로 적용되고 있는 지능형 모델의 중에서 탁월한 성능을 발휘한다. 본 논문에서는 Yamakawa에 의해 제안된 퍼지-뉴럴 네트워크모델을 기본 모델로 한다. 이 모델은 다른 모델에 비해서 학습속도가 빠르고, 수렴특성이 매우 우수하다. 그러나 퍼지 추론부의 소속함수를 주어진 대상과는 상관없이 입력영역을 균등하게 분할함으로써 결정한다. 이것은 모델의 성능을 저하시켜 최적의 모델을 얻기가 어렵다. 이러한 문제점에 대한 개선방법으로 주어진 데이터의 특성에 맞게 소속함수를 정의 하는 것이 중요하다. 클러스터링 알고리즘을 사용하여 초기의 FNNs모델의 퍼지공간을 나누고 소속함수를 정의한다. 그리고 유전자 알고리즘을 사용하여 최적화를 수행한다. 제안된 개선방안은 가스로 공정, 하수처리 공정에 적용하여 기존의 최적화 방법보다 더 나은 모델을 구축할 수 있음을 보여준다. 또한, 본 연구에서는 학습 및 테스트 데이터의 성능 결과의 상호 균형을 얻기 위한 하중값을 가진 성능 지수가 제시된다.

2. 본 론

2.1 퍼지-뉴런의 구조

Yamakawa에 의해 제안된 퍼지-뉴럴 네트워크모델의 구조는 그림1과 같으며, 퍼지추론부에 규칙의 형태는 보수적 소속함수를 가지는 간략추론법이 사용되고, 신경망의 학습은 오류역전파 알고리즘(Error Backpropagation Algorithm)을 합성하여 다른 모델들에 비해 학습속도가 빠르고 수렴능력이 우수하다.

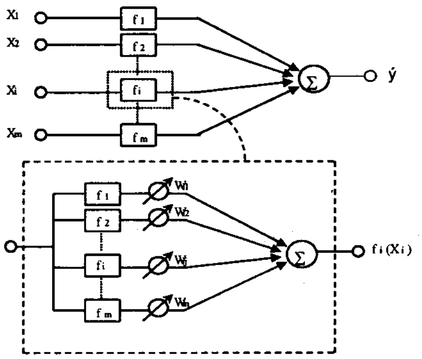


그림1. Yamakawa의 FNN의 구조

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

2.2 클러스터링 알고리즘

클러스터링 알고리즘은 데이터의 분류를 위해서 사용된다. 클러스터링이란 데이터의 내부의 비슷한 패턴, 속성, 형태 등의 기준을 통해 데이터를 분류하여 내부의 구조를 찾아내는 것이다. 본 논문에서는 데이터들간의 거리를 기준으로 하여 근접한 정도를 측정하고, 이를 바탕으로 데이터를 분류하는 HCM(Hard C-mean)방법을 이용한다. Yamakawa에 의해 제안된 퍼지-뉴럴 네트워크모델의 구조는 주어진 데이타에 대하여 최소값과 최대값을 임의의 개수로 균등하게 분할하게 일률적으로 소속함수를 정의하게 한다. 그러므로 주어진 데이타의 특성을 살리지 못한다는 점에서 모델의 성능에 좋은 영향을 끼치지 못한다. 그러므로 이 특성에 맞는 소속함수를 정의하는 것이 보다 효율적이다. HCM방법을 이용하여 입력데이터의 특성을 분류하여 클러스터들의 중심을 소속함수의 중심값으로 사용한다.

2.3 유전자 알고리즘

최적화 문제에서 탁월한 성능을 발휘하는 유전자 알고리즘은 자연 세계의 진화 과정(유전자적 특성, 적자생존)을 이용한 탐색 알고리즘이다. 기존의 방법들과는 달리 미분에 대한 제약도 없고, 지역극소가 존재하더라도 문제없이 적용이 가능하므로 최적화 해결에 많이 응용되고 있다. 제안된 모델의 최적화를 위하여 사용된 유전자 알고리즘은 변수를 2진코딩하여 코딩된 문자열을 하나의 개체로 그리고 개개의 비트를 유전자처럼 취급하고, 개개의 점을 탐색하는 것이 아닌 동시에 여러지점을 탐색하고, 미분과 같은 수학적 연산이 아닌 결과의 적합도를 목적함수으로 수행한다. 그리고 결정적인 방법이 아닌 확률적인 방법을 사용한다.

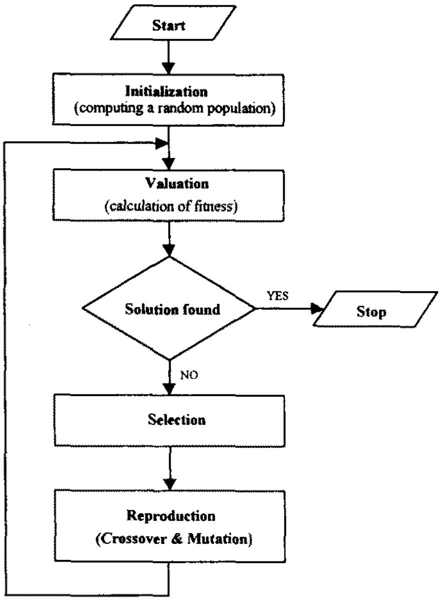


그림2. 유전자 알고리즘의 수행 과정

본 논문에서는 제안된 모델의 최적화을 위하여 클러스터링 알고리즘에 의해 얻어진 중심값, 신경망의 학습률 및 모멘텀계수를 유전자 알고리즘을 통하여 자동동조을 한다.

2.4 하중값을 가진 목적함수

본 논문에서는 학습 및 테스트 데이터의 성능 결과의 대하여 위한 하중값을 가진 목적함수가 제시된다.

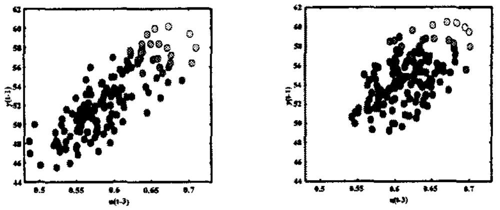
$$f = \theta \times \mathrm{pi} + (1-\theta) \times \mathrm{E_pi} \qquad (2)$$

pi는 학습데이터, E_pi는 테스트데이터, 그리고 θ는 pi와 E_pi에 대한 하중값을 나타내다. 이 목적함수는 데이터의 성능향상이 최대가 되도록 하기위해 전반부 소속함수 즉 삼각형 소속함수의 모든 파라미터들은 변화한다.하중값 설정에 따라 특징을 가진다. 만약 θ가 1이면 모델은 학습을 바탕으로 최적화되고, θ가 0이면 모델은 테스트을 바탕으로 최적화된다. 그리고 θ가 0.5이면 학습과 테스트는 모두 같은 비중을 가지고 평가한다. $\alpha \in [0,1]$에 대해서 $\theta = \alpha$이면 학습과 테스트 모두를 포함하고, α의 선택은 퍼지모델의 근사화 일반화 사이에서 최적화에 대한 방향을 설정한다. 일반적으로 θ는 독립적으로 조절하고, 선택할 수 있다.

3. 시뮬레이션

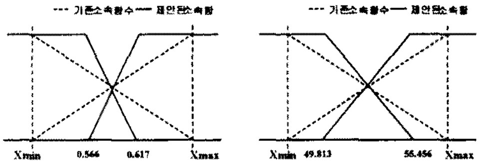
3.1 가스로공정

가스로 공정은 많은 연구자들이 제안하는 모델링 기법을 성능 평가하는데 널리 사용되는 데이터이다. 가스로 공정 데이터는 1개의 입력과 1개의 출력으로 구성된 296쌍의 입출력 데이터집합으로 절반은 학습데이터로, 나머지 절반은 테스트데이터로 이루어졌으며 입력(u)은 GAS의 흐름을 나타내고 출력(y)은 이산화탄소(CO_2)의 농도를 나타낸다. 본 논문에서는 제안된 모델의 입력으로 u(t-3)과 y(t-1)을, 출력으로 y(t)으로 2입력 1출력을 사용한다. 그림4은 데이타의 최소값과 최대값에 의해 소속함수를 정의한 것과 HCM에 의해 얻어진 중심값을 소속함수로 정의한 것을 나타낸 것이다. Xmin은 데이터의 최소값, Xmax은 데이터의 최대값이다. 표1은 가스로공정에 대한 기존모델과 데이타의 최소값과 최대값에 의해 소속함수를 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동조한 모델, HCM에 의해 얻어진 중심값을 소속함수로 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동조한 모델을 비교하였고, θ값 설정에 따라 성능지수을 나타낸 것이다. 그림5과 그림6은 가스로공정에서 유전자 알고리즘을 이용하여 동조된 FNN모델의 출력과 실 데이타의 출력과의 비교를 나타낸 것으로 동정 모델의 정확도를 알 수 있다.



(a) 학습 데이터 (b)테스트 데이터

그림3. u(t-3),y(t-1),y(t)에 의한 가스로공정 데이터



(a) u(t-3) (b) y(t-1)

그림4. HCM을 이용한 수처리 데이터의 소속함수의 정의

표1. 하중값을 가진 목적함수에 의한 성능지수

기존모델		Weight	FNNs(유전자)		FNNs(유전자+HCM)	
pi	E_pi	(θ)	pi	E_pi	pi	E_pi
0.023	0.341	0	0.116	0.251	0.101	0.264
		0.4	0.045	0.266	0.068	0.259
		0.6	0.030	0.287	0.055	0.273
		0.75	0.028	0.294	0.046	0.276
		1	0.022	0.339	0.042	0.325

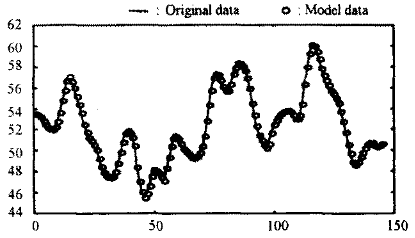


그림5. 제안된 모델의 학습성능(θ =0.75)

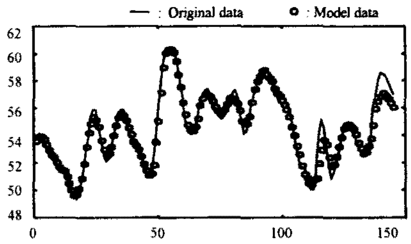


그림6. 제안된 모델의 테스트성능(θ =0.75)

3.2 하수처리 공정

하수처리를 위한 다양한 방법중 가장 많이 사용되는 것이 활성오니를 이용한 방법으로, 침사지, 최초침전지, 폭기조 및 최종침전지로 구성된다. 하수처리 공정 데이터는 4개의 입력과 1개의 출력구조를 가진다. 본 논문에서는 제안된 방법을 통해 수도권 하수처리장 중의 하나를 모델로 선정하여 1년분 수질 데이터로부터 모델링 하였다. 혼합액 부유물(MLSS), 잉여오니흐름율(WSR), 반송율 설정치(RRSP), 용존산소 설정치(DOSP)을 입력으로 하고, 부유물의 농도(ESS)를 출력으로 하는 2입력 1출력 구조를 가진다. 그림8은 데이타의 최소값과 최대값에 의해 소속함수를 정의한 것과 HCM에 의해 얻어진 중심값을 소속함수로 정의한 것을 나타낸 것이다. Xmin은 데이터의 최소값, Xmax은 데이터의 최대값이다. 표2은 수처리공정에 대한 기존모델과 데이타의 최소값과 최대값에 의해 소속함수를 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동조한 모델, HCM에 의해 얻어진 중심값을 소속함수로 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동조한 모델을 비교하였고, θ값 설정에 따라 성능지수을 나타낸 것이다.

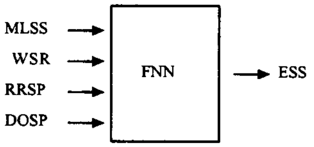
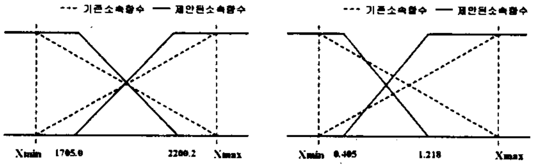


그림7. 수처리공정 모델링을 위한 FNN의 입출력구조



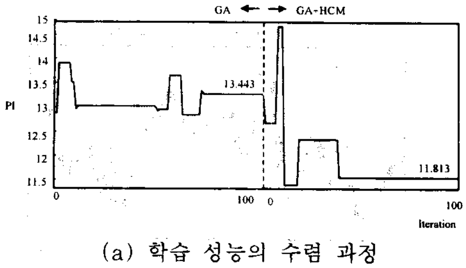
(a) MLSS (b)WSR

그림8. HCM을 이용한 수처리 데이터의 소속함수의 정의

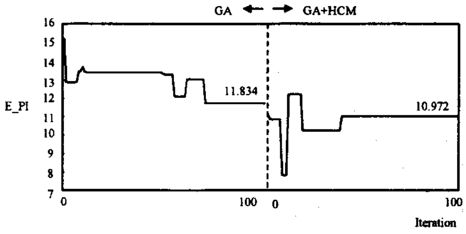
표2. 하중값을 가진 목적함수에 의한 성능지수

기존모델		Weight	FNNs(유전자)		FNNs(유전자+HCM)	
pi	E_pi	(θ)	pi	E_pi	pi	E_pi
23.462	20.997	0	14.599	11.507	20.471	6.769
		0.4	13.634	11.683	15.125	6.989
		0.6	13.443	11.834	11.813	10.972
		0.75	12.670	13.769	11.234	12.288
		1	11.964	25.252	9.534	18.024

(입력:MLSS, WSR 출력:ESS)



(a) 학습 성능의 수렴 과정



(b) 테스트 성능의 수렴 과정

그림9. 제안된 모델의 최적화 과정(θ=0.6)

그림9은 수처리공정에서 데이타의 최소값과 최대값에 의해 소속함수를 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동조한 모델과 HCM에 의해 얻어진 중심값을 소속함수로 정의하고 유전자 알고리즘을 이용하여 동조한 모델의 수렴성을 비교하였다.

4. 결 론

본 논문에서는 퍼지추론과 신경망이 결합된 퍼지-뉴럴 네트워크를 사용하여, 비선형공정에 대한 모델링을 행하였다. 체계적이고 효율적인 모델링을 얻기 위하여 클러스터링 알고리즘과 유전자 알고리즘을 이용한 초기값 설정이 시도되었다. 비선형성이 상대적으로 약한 가스로에서는 주어진 데이터가 비교적 균일하게 분포되어 있으므로 클러스터 중심값 측정의 효율면에서 다소 떨어진다. 그러므로 주어진 데이터의 특징에 따라 소속함수를 균일하게 설정하여 유전자 알고리즘을 사용하면 기존의 모델보다 성능 향상을 보인다. 그러나 수처리 공정에서는 주어진 데이터가 비선형성이 강한 특징이 있으므로 클러스터링 알고리즘을 사용하여 소속함수를 정의하면 기존 모델보다 우수한 모델를 구축할 수 있다. 그리고 하중값을 가진 목적함수에서 하중값의 설정은 근사화·일반화에 따라 학습과 테스트 사이에 상호 연계를 통한 최적화 향상을 위한 방향을 제시하였다.

[참 고 문 헌]

[1] Takeshi Yamakawa, "A Neo Fuzzy Neuron and Its Applications to System Identification and Prediction of the System Behavior", *Proceed ings of the 2nd International Conference on Fuzzy logic & Neural Networks*, pp.477-483, 1992.

[2] Takeshi Yamakawa, "A New Effectie Learning Algorithm for a Neo Fuzzy Neuron Model", *5th IFS World Conference*, pp.1017-1020, 1993.

[3] David E. Goldberg, *"Genetic Algorithms in search, Optimization & Machine Learing"*, Addison-wesley.

[4] Zbigniwe Michalewicz, *"Genetic Algoriths + Data Structure = Evolution Programs"*, Springer-Verlag.

[5] 오성권, 노석범, 남궁문, "퍼지-뉴럴 네트워크 구조에 의한 비선형 공정시스템의 지능형 모델링",한국퍼지 및 지능시스템학회 논문집 제5권 제4호, pp.41-55, 1995.

[6] 최재호, 오성권, 안태천, 황형수, "유전자 알고리즘을 사용한 퍼지-뉴럴네트워크 구조의 최적모델과 비선형공정시스템으로의 응용", 한국퍼지 및 지능 시스템학회 '96 추계학술대회 논문집 Vol.6, No.2, pp302-305, 1996.

[7] 최재호, 박춘성, 오성권, 안태천, "FNN성능 개선을 위한 클러스터링기법의 적용," 한국 퍼지 및 지능 시스템학회 '97 추계학술대회 학술발표논문집 Vol. 7, No, 2, pp135-138, 1997