

바이러스 메시 유전 알고리즘에 의한 퍼지 모델링

The Fuzzy Modeling by Virus-messy Genetic Algorithm

주영훈* · 최종일* · 박진배**

Young-Hoon Joo, Jong-Il Choi, and Jin-Bae Park

* 군산대학교 공과대학 전자정보공학부

** 연세대학교 공과대학 전기 및 컴퓨터공학과

요 약

비선형 시스템의 성공적인 퍼지 모델을 구성하기 위한 최적의 퍼지 추론 시스템의 동정은 중요하고도 어려운 문제이다. 전통적으로 유전 알고리즘은 어느 정도의 전역 최적해를 찾을 수 있기 때문에 퍼지 모델의 구조와 파라미터를 동정하는데 사용되어왔다. 그러나, 유전 알고리즘은 개체군 진화시 우수한 개체의 출현은 지역수렴의 원인이 된다. 따라서, 본 논문에서는 바이러스 메시 유전알고리즘을 이용한 효과적인 퍼지 모델링 방법을 제안한다. 제안된 방법은 지역 정보가 개체군 내에서 교환됨으로써 지역 수렴의 대안이 될 수 있을 뿐 아니라, 가변길이 스트링을 사용함으로써 좀더 효과적이고 적응적인 구조를 가질 수 있다. 또한 본 논문에서 제안한 방법의 우수성과 일반성을 증명하기 위해 복잡한 비선형 시스템과 가스로의 퍼지모델링에 적용하였다.

ABSTRACT

In the construction of successful fuzzy models for nonlinear systems, identification of an optimal fuzzy inference system is an important and difficult problem. Traditionally, sGA(simple genetic algorithm) way has been used to identify structures and parameters of fuzzy model because it has the ability to search the optimal solution somewhat globally. But SGA optimization process can be the reason of premature local convergence when the appearance of superior individual at the population evolution. Therefore, in this paper we propose a method that can yield a successful fuzzy model using VmGA. The proposed method not only can be the countermeasure of premature convergence through the local information changed in population, but also has more effective and adaptive structure with respect to using changeable length string. In order to demonstrate the superiority and generality of fuzzy modeling using VmGA, we finally applied the method to the fuzzy modeling of a complex nonlinear system

Key Words : Fuzzy modeling, simple Genetic Algorithm, Virus-mGA,

1. 서 론

퍼지 모델링은 수학적으로 모델링하기 어렵거나 비선형성을 가지는 경우에 효과적이고 강인하다고 알려져 있다. 따라서, 이러한 비선형 시스템을 표현하기 위한 퍼지 모델링 기법이 활발하게 연구되어 왔다[1-5]. 퍼지 모델링의 가장 주된 목적은 주어진 시스템을 퍼지 규칙과 퍼지 집합으로 정확히 묘사하는데 있다. 그러나 전문가의 지식에 기초한 기존의 퍼지 모델은 많은 시간을 필요로 한다. 최근에는 유전 알고리즘을 이용한 퍼지 모델링 방법이 제시되고 있다. Joo는 퍼지모델의 구조동정에 클러스터링 방법을 이용하였으며, Shimojima는 계층적 구조를 갖는 퍼지 모델링 방법을 제안하였다[6-7].

유전 알고리즘은 선택, 교차, 돌연변이 연산자로 구성된

자연적인 진화과정을 시뮬레이션 하는 통계학적인 최적화 방법이다. 기존의 유전 알고리즘은 문제의 최적화와 해의 공간을 고정된 길이와 고정된 위치의 스트링으로 암호화 한다. 최적화 하고자 하는 파라미터들을 검색체로 표현하고, 적합도가 높은 유전 인자를 추출 교배와 돌연변이 등을 통해 새로운 검색체를 생성하며, 세대를 거치면서 최적화가 이루어지게 된다. 그러나 암호화할 문제에 대한 해의 구조를 정확하게 알지 못하므로 암호화된 스트링을 무작위로 발생 시켜서 적합한 연계를 얻기 어렵다는 단점을 가진다. 이러한 단점을 보완하기 위해 최근에는 Goldberg에 의해 메시-유전알고리즘이 제안되어 졌으며, Kargupta와 Hoffmann등에 의해 발전되어져왔다[8-10]. 또한 스카마 이론은 유전알고리즘의 기본적인 이론으로써 잘 알려져 있다. 효과적인 스카마타의 증가는 해를 효과적으로 탐색하게 하고 모든 개체군이 최적의 해로 진화할 수 있게 한다. 하지만 유전 알고리즘은 스카마타를 직접적으로 다루지 않는다. 또한 유전 알고리즘에서의 비례적인 선택은 초기에 높은 적합도를 가지는 개체가 출현할 경우 조기 지역 수렴의 원인이 될 수도 있으며, 비례적인 선택의 특성상 효과적인 스카마타뿐만 아니라 비효과적인 스카마타도 동시에 증가시킨다. 이러한 단점을 보완하기

접수일자 : 2000년 11월 18일

완료일자 : 2000년 11월 18일

본 연구는 두뇌 한국 21 프로젝트에 의해 일부 지원받았습니다.

위하여 생태학적인 모델[11], 평행 GA[12], 혼성 GA[13], 바이러스 진화 유전 알고리즘[14]와 같은 다양한 방법들이 제안되어져 왔다. 본 논문에서는 바이러스 메시 유전 알고리즘에 의한 퍼지 모델의 자동 동정 알고리즘을 제안한다. 본 논문에서 제안한 방법은 가변길이 스트링을 사용함으로써 동정의 유연성을 증가시킬 뿐만 아니라 바이러스 연산자를 사용하여 호스트와 바이러스 개체 사이의 수평적 진화와 세대간 유전적 정보의 수직적 진화 모두를 기반으로 하여 공동 진화를 도의함으로써 조기 지역 수렴에 대한 방한이 될 수 있다는 특징을 가진다.

2. 바이러스-메시 유전 알고리즘을 이용한 퍼지 모델링

2.1 퍼지 모델

본 논문에서는 동정될 모델로 Tagaki-Sugeno(TS) 퍼지 모델을 사용하였다. TS 퍼지 모델은 규칙의 출력이 실수치로 나타나며, 사용된 TS 퍼지 모델의 i번째 규칙은 식 (1)과 같다.

$$\begin{aligned} & \text{Plant Rule } i: \\ & \text{IF } x_1(t) \text{ is } \Lambda_1^i \text{ and } x_n(t) \text{ is } \Lambda_n^i, \text{ THEN } y \text{ is } \omega_i \\ & \quad \quad \quad (i=1, 2, \dots, r) \end{aligned} \tag{1}$$

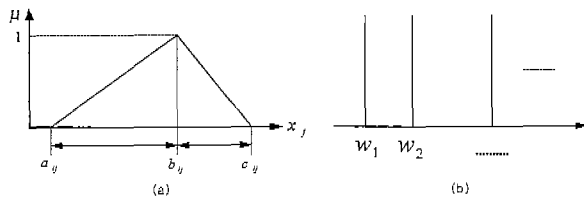


그림 1. (a) 전반부 소속함수, (b) 후반부 소속함수
Fig. 1. (a) Membership function of the premise part, (b) Membership function of the consequent part

$$\Lambda_j^i(x_j; a_{ij}, b_{ij}, c_{ij}) = \begin{cases} \frac{x_j - a_{ij}}{b_{ij} - a_{ij}} & a_{ij} \leq x_j \leq b_{ij} \\ \frac{b_{ij} - x_j}{b_{ij} - a_{ij}} & b_{ij} \leq x_j \leq c_{ij} \\ 0 & x_j > c_{ij} \text{ or } x_j < a_{ij} \end{cases} \tag{2}$$

여기서, Rule i는 i번째 퍼지 규칙을 나타내며, Λ_j^i ($1 < j < n$)는 퍼지 집합, $x_j(t)$ ($1 < j < n$)는 입력변수, y는 출력변수, ω_i 는 퍼지 싱글톤으로 실수이며, r은 규칙들의 수이다. 그림 1은 사용된 소속 함수를 나타내고 있으며, 전체부의 삼각형 소속함수는 식 (2)와 같이 표현된다. 여기서 a_{ij}, b_{ij}, c_{ij} 는 각각 왼쪽 꼭지점, 중심, 오른쪽 꼭지점을 의미한다. 식 (3)은 입력에 대한 i번째 규칙의 적합도이며, $\Lambda_j^i(x_j(t))$ 는 Λ_j^i 에 대한 $x_j(t)$ 의 소속 정도이다. 본 논문에서는 출력값을 구하는 비퍼지화 방법으로 무게 중심법을 사용하였으며 식 (4)에 나타내었다.

$$\mu_i(x(t)) = \prod_{j=1}^n \Lambda_j^i(x_j(t)) \tag{3}$$

$$y^* = \frac{\sum_{i=1}^r \mu_i(x(t)) \omega_i}{\sum_{i=1}^r \mu_i(x(t))} \tag{4}$$

본 논문에서는 시스템의 입출력 데이터를 사용하여 퍼지 모델을 구하는 것으로 구조와 파라미터를 동시에 동정하여 최적화 하는 방법을 제안한다.

2.2 Virus-mGA의 구조

유전 알고리즘은 자연 선택을 통한 적자생존이라는 진화의 원리를 이용하여 확률적인 방법으로 최적해를 찾아가는 최적화 기법중의 하나이다. 이러한 해들은 고정된 길이, 고정된 위치에 스트링을 암호화한다. 각각의 해를 하나의 개체라 하며, 이 개체들의 집합을 개체군이라 한다.

개체들은 재생(reproduction), 교차(crossover), 돌연변이(mutation operator) 연산자에 의해 연산이 수행되며, 이러한 기존의 유전 알고리즘은 많은 국소 최적해를 갖는 비선형 시스템에서 전체 최적해를 구하는 문제에 많이 사용되어 진다. 그러나 sGA(simple genetic algorithm)는 풀고자 하는 해의 집합인 염색체에 있어서 세대가 바뀌어도 고정된 길이를 갖는 단점을 갖는다. 이에 Virus-mGA는 가변스트링을 사용함으로써 더 순응적인 스트링 구조를 가질 수 있다. 또한 개체군의 진화시에 우수한 개체의 출현은 유전알고리즘의 재생연산자의 비례선택의 특성상 우수한 개체의 염색체를 개체들에 확산시키게 되어 유전적 다양성을 상실하게 된다. 따라서 조기 지역 수렴이 발생할 수 있으며, 돌연변이 연산자에 의한 현재의 진화 방향을 벗어 날 때까지 적합도 향상은 기대할 수 없다. 그 이유는 기존의 유전알고리즘은 스키마타를 간접적으로 다루기 때문이다. 따라서 본 논문에서는 바이러스 이론에 바탕을 둔 두 개의 연산자인 역전사 연산자와 형질도입 연산자를 도입하여 직접적으로 효과적인 스키마타를 증가시키며, 바이러스 개체의 유전적 다양성도 보장해 줄 수 있다. 그림 2는 진화시에 나누어지는 개체군의 모양을 보여준다. 원시상(Primordial phase)에서는 선택 연산자를 사용하여 호스트 개체군의 많은 후보 스트링 중에서 진화시킬 개체를 선별하기만 하고 병치상(Juxtapositional phase)에서 보통의 유전 알고리즘에서 사용하는 돌연변이 연산자와 교차 연산자 대신 다루기 쉬운 자르기와 붙이기 연산자를 사용하여 개체들을 진화시키며 부모 개체에서 무작위로 선택된 위치에서 스트링을 자르기 때문에 후손 스트링은 이전의 스트링의 길이와 다르게 변경되어 동정의 유연성을 증가시킨다

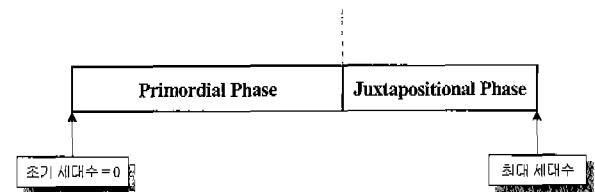


그림 2. 개체군 변형 표
Fig. 2. A typical population reduction schedule

그림 3은 자르기와 붙이기 연산과정을 나타낸 것이며 자르기와 붙이기는 각각 자르기 확률 p_c 와 붙이기 확률 p_s 에 따라 연산이 수행된다. 또한 병치상에서는 바이러스 감염을

통한 연산이 이루어지게 된다. 따라서 그림 4와 같이 두 개의 개체군 즉, 호스트 개체군(host population)과 바이러스 개체군(virus population)을 갖으며, 이때 호스트 개체군은 후보 해의 집합을 나타내며, 바이러스 개체군은 호스트 개체의 부분자열의 집합으로 정의 할 수 있다. sGA에서 비례적인 선택은 조기 지역수렴의 원인이 될 수도 있을 뿐만 아니라 효과적인 스키마타를 증진시키면서 동시에 비효과적인 스키마타도 함께 증가시킨다는 문제점이 있다. 이를 막기 위해 개체군의 현재 상태에 따라 지역과 전역사이의 탐색율은 적응적으로 변화시킬 수 있도록 하기 위해 두개의 바이러스감염 연산자를 도입하여 호스트와 바이러스 개체사이의 수평적 진화와 세대간 유전적 정보의 수직적 진화모두를 기반으로 하여 공동 진화를 모색한다. 따라서, 이러한 바이러스 감염연산자에 의해 지역과 전역의 탐색공간을 동시에 고려한다.

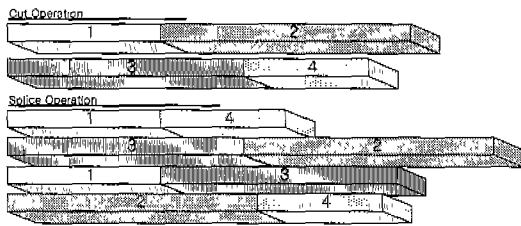


그림 3. 자르기와 붙이기 연산
Fig. 3. Cut and splice operations

그림 5는 두 개의 바이러스 감염 연산자인 역전사 연산자와 형질도입 연산자이다. 이것은 자르기와 붙이기 연산자에 추가된 연산자이다.

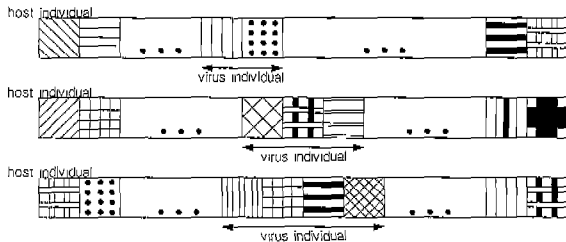


그림 4. 감염된 호스트 개체
Fig. 4. Infected host individuals

역전사 연산자는 바이러스 개체가 호스트 개체에 바이러스 개체의 유전 형질을 전해주는 연산자로서 정해진 비율의 임의로 선택된 호스트 개체를 감염시키게 된다. 또한 형질도입 연산자는 호스트 개체로부터 부분자열의 길이를 증가하거나 감소하여 형질을 도입하게되고 바이러스의 적합도에 따라 연산을 수행하게 된다.

그러므로 감염율, 바이러스 적합도, 생명력의 파라미터들을 갖게 되며, 식 (5)는 바이러스의 적합도를 나타내는 식이다.

$$fitvirus_{ij} = fithost_j - fithost_i \quad (5)$$

$$fitvirus_{ij} = \sum_{j=1}^S fitvirus_{ij}$$

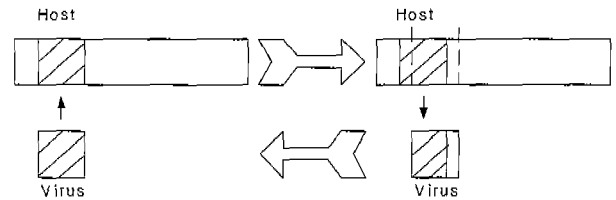


그림 5. 역전사 연산자와 형질도입 연산자
Fig. 5. Reverse transcription operator and transduction operator

여기서 $fithost_j$ 와 $fitvirus_{ij}$ 는 각각 j번째 호스트 개체에 감염하기 전과 후의 적합도, $fitvirus_{ij}$ 는 i번째 바이러스가 j번째 호스트를 감염시키기 전과 감염시킨 후의 호스트 개체의 적합도의 차이, 그리고 $fitvirus_{ij}$ 는 i번째 바이러스의 적합도이다.

$$infrate_{i,t+1} = (1 + \beta)infrate_{i,t} \quad \text{if } fitvirus_{ij} \geq 0 \quad (6)$$

$$(1 - \beta)infrate_{i,t} \quad \text{if } fitvirus_{ij} < 0$$

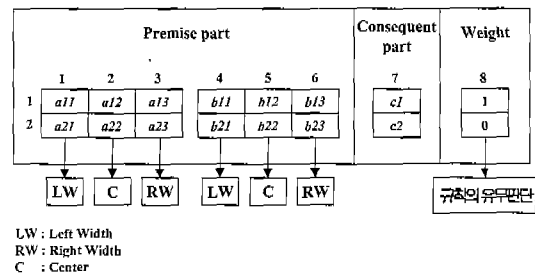
식 (6)과 같이 표현되는 감염율은 초기에 정해진 값으로 시작해서 각 세대마다 바이러스 개체의 적합도가 양수면 증가시키고 음수이면 감소시킨다. 생명도 계수는 식 (7)과 같이 나타낼 수 있다.

$$life_{i,t+1} = r \times life_{i,t} + a \times fitvirus_{ij} \quad (7)$$

여기에서, $life_{i,t+1}$ 는 t+1세대에서의 생존율이고, $life_{i,t}$ 는 t세대에서의 생존율, r은 생명 감소율, a는 생명도 계수를 나타낸다. 만약 생명도가 양의 값을 가지면 바이러스 개체는 다음 세대에 남고 음의 값을 갖는다면 랜덤하게 선택된 호스트 개체로부터 새로운 부분스트링 형질을 도입한다.

2.3 Virus-mGA의 유전 암호화 방법

그림 6은 퍼지 모델의 파라미터와 구조를 동정하기 위하여 염색체의 암호화 기법을 표현한 것이다.



LW : Left Width
RW : Right Width
C : Center

그림 6. 퍼지 모델링에서 스트링의 구조
Fig. 6. structure of a string in fuzzy modeling

본 논문에서 퍼지 추론 시스템의 정밀도와 크기의 성능 평가는 식 (8)에 의해서 결정된다.

$$PI_{accuracy} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (y_i - y_i^d)^2 \quad (8)$$

$$PI_{size} = r \quad (9)$$

식 (9)에서 r은 규칙의 수이고 y_i^d 는 원하는 출력이다. 이와 같은 동정의 목적은 정밀도와 규칙의수를 감소시키는데 있

다. 일반적으로 최대값을 갖는 적합도 값을 사용하며, 변환된 형태의 성능지표 함수에서의 적합도 함수는 식 (10)과 같이 결정된다.

$$f(PI_{accuracy}, PI_{size}) = \lambda \frac{1}{1 + PI_{accuracy}} + (1 - \lambda) \frac{1}{1 + PI_{size}} \quad (10)$$

여기서, λ ($0 \leq \lambda \leq 1$)는 결선 강도이다. 공집합(null set)을 형성하는 퍼지 모델은 입력 범위내의 일부 입력에 대해서는 공집합이 발생하여 모델 출력을 생성하지 못하므로 유용한 모델이 될 수 없다. 따라서 페널티 함수를 도입하여 유용하지 못한 모델의 생성을 막는다.

$$P = \sum_{i=1}^N p_i \quad (11)$$

식 (11)에서 p_i 의 값은 주어진 i 번째 입력 데이터 집합을 위한 퍼지 추론 시스템에서 공집합들이 존재한다면, 정수 값이고, 그렇지 않으면 0이다. 또한 식 (10)과 (11)을 결합하여 식 (12)와 같은 적합도 함수를 얻는다.

$$f(PI_{accuracy}, PI_{size}) = \left\{ \lambda \frac{1}{1 + PI_{accuracy}} + (1 - \lambda) \frac{1}{1 + PI_{size}} \right\} \frac{1}{1 + P} \quad (12)$$

3. 시뮬레이션 및 결과 고찰

본 절에서는 Box와 Jenkins[17]가 제시한 가스로의 시계열 데이터를 사용하여 가스로의 연소된 이산화탄소의 농도를 퍼지 모델링하였다. 이 데이터 쌍은 가스유입률 $u(t)$ 를 입력으로 하고 CO_2 밀도 $y(t)$ 를 출력으로 하는 296개의 데이터 쌍을 갖는다. 본 모의 실험에서는 $u(t-4)$ 와 $y(t-1)$ 의 두 개의 입력을 사용하여 현재의 출력값 $y(t)$ 를 예측하는 것이다. 표 1은 본 실험을 위해 사용된 파라미터 값을 나타낸 것이다.

표 1. 모델링을 위한 초기 파라미터들
Table 1. Initial parameters for modeling

| Parameter's name | Parameter's value |
|----------------------------------|-------------------|
| Maximum generation number | 200 |
| Population number | 100 |
| Cut rate | 0.2 |
| Splice rate | 1.0 |
| Mutation rate | 0.2 |
| λ | 0.9 |
| Iterated generation number | 1000 |
| K_a, K_b, K_c, K_w | 10^{-5} |
| Reduction rate, Life coefficient | 0.1, 0.9 |

그림 7은 적합도의 변화를 나타낸 것으로 효과적으로 적합도가 증가하고 있다는 것을 알 수 있다. 또한, 그림 8에서의 MSE값도 효과적으로 감소하고 있음을 알 수 있다. 표 2

는 다른 기법에 의한 퍼지 모델링의 규칙의 수와 MSE값을 나타낸 것이다. 표에서 볼 수 있듯이 다른 방법에 비해 본 논문에서 제안한 방법이 규칙 수나 정확도면에서 우수함을 나타낸다는 것을 알 수 있다.

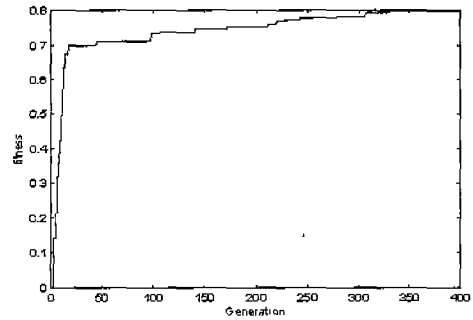


그림 7. Virus-mGA에서의 적합도의 변화
Fig. 7. Change of fitness of virus-mGA

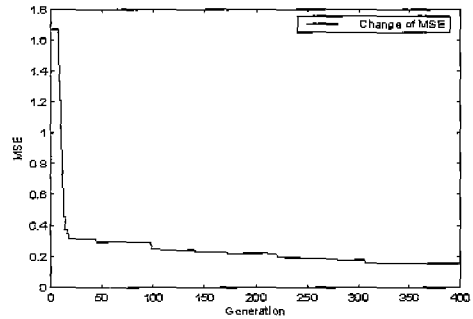


그림 8. Virus-mGA에서의 MSE의 변화
Fig. 8. Change of MSE of virus-mGA

표 2. 다른 모델들과의 비교

Table 2. Comparisons of our model with other models

| Model name | Inputs | Number of rules | MSE |
|--------------|-----------------------------|-----------------|-------|
| Tong's[1] | y_{k-1}, u_{k-4} | 19 | 0.496 |
| Pedrycz's[3] | y_{k-1}, u_{k-4} | 81 | 0.320 |
| Xu's[2] | y_{k-1}, u_{k-4} | 25 | 0.328 |
| Sugeno's[16] | $y_{k-1}, u_{k-3}, u_{k-4}$ | 6 | 0.190 |
| Ours | y_{k-1}, u_{k-4} | 6 | 0.152 |

표 3은 본 논문에서 제안한 퍼지 모델링 과정을 통해 최종적으로 등장된 퍼지 규칙의 파라미터 행렬을 나타낸 것이며, 그림 9는 소속함수를 나타낸 그림이다. 마지막으로 그림 10은 가스로의 시계열 데이터의 실제 출력과 모의실험의 결과 구한 퍼지 모델의 출력을 비교한 그림이다. 그림에서 볼 수 있듯이 본 논문에서 제안한 방법이 실제 출력을 근사하게 모델링 했다는 것을 알 수 있다.

표 3. 동정된 퍼지 규칙들의 파라미터
Table 3. Identified parameters of the fuzzy rules

| | X_1 | | | X_2 | | | Y |
|-------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|--------|
| | a_{11} | b_{11} | c_{11} | a_{21} | b_{21} | c_{21} | |
| rule1 | 0.4327 | 0.0287 | 0.2527 | 0.2723 | 0.9337 | 0.2453 | 0.8827 |
| rule2 | 0.9728 | 0.6759 | 0.8269 | 0.7957 | 0.2396 | 0.5926 | 0.0344 |
| rule3 | 0.6720 | 0.2452 | 0.8408 | 0.5030 | 0.6254 | 0.9720 | 0.9649 |
| rule4 | 0.7268 | 0.5304 | 0.6337 | 0.6603 | 0.6092 | 0.3679 | 0.5335 |
| rule5 | 0.4575 | 0.7384 | 0.4707 | 0.4587 | 0.6273 | 0.1451 | 0.3280 |
| rule6 | 0.1346 | 0.9860 | 0.9928 | 0.0448 | 0.5227 | 0.4623 | 0.5574 |

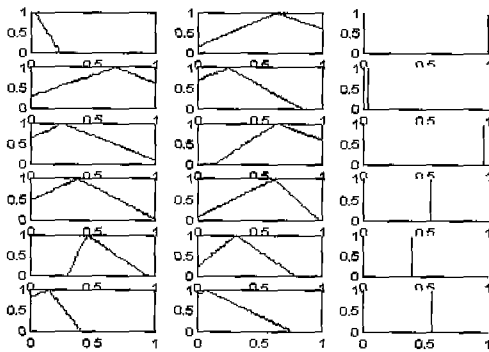


그림 9. 동정된 퍼지 모델
Fig. 9. Identified fuzzy model

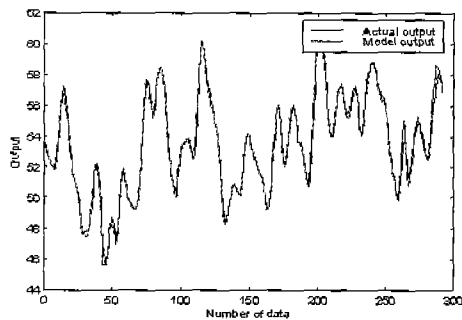


그림 10. 실제 출력과 모델출력
Fig. 10. Actual output and model output

4. 결 론

본 논문에서는 Virus-mGA를 이용하여 퍼지 모델링시 소속함수의 규칙과 파라미터를 동시에 동정 할 수 있는 알고리즘을 제안한다. 일반적으로 GA가 가지고 있는 조기 지역수렴의 문제를 바이러스 연산자를 이용하여 해결하였으며, 호스트 개체와 바이러스 개체 사이의 수평적 진화와 세대간 유전 정보의 수직적 진화를 동시에 모색함으로써 지역과 전역의 탐색공간을 동시에 고려한다. 또한 GA의 교차연산자 대신 mGA의 자르기과 붙이기 연산자를 사용함으로써 동정의 유연성을 증가시킨다는 장점을 가진다. 따라서 본 논문은 기존의 GA가 가질 수 있는 조기 지역수렴의 문제를 해결하고

동정의 유연성을 증가시킬 수 있는 장점을 가진다. 마지막으로 본 논문에서 제안한 방법을 미선형 시스템과 가스로의 퍼지모델링에 적용하여 우수성과 효율성을 검증하였다.

참 고 문 헌

- [1] R. M. Tong, "The Evaluation of Fuzzy Models Derived from Experimental Data," *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 4, pp. 1-12, 1980.
- [2] C. W. Xu, "Fuzzy Model Identification and Self-learning for Dynamic Systems," *IEEE Trans. Syst. Man. Cybern.*, vol. 17, no. 4, pp. 683-689, 1987.
- [3] W. Pedrycz, "An Identification Algorithm in Fuzzy Relation Systems," *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 13, pp. 153-167, 1984.
- [4] H. Takagi and Sugeno, "Fuzzy Identification of Systems and Its Application to Modeling and Control," *IEEE Trans. on Sys. Man and Cybern.*, vol. 15, pp. 116-132, 1985.
- [5] M. Sugeno and G. T. Kang, "Structure Identification of Fuzzy Model," *Fuzzy Sets and Systems*, vol. 28, pp. 15-33, 1988.
- [6] Y. H. Joo, H. S. Hwang, K. B. Kim and K. B. Woo, "Linguistic Model Identification for Fuzzy System," *Electronics*, vol. 31, no. 4, pp. 330-331, 1995.
- [7] 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.
- [8] D. E. Goldberg, *Genetic Algorithms in Search, Optimization & Machine Learning*, Addison- Wesley, 1990.
- [9] D. E. Goldberg, B. Korb, and K. Deb, "Messy Genetic Algorithms: Motivation, Analysis, and First Results," *Complex Systems*, vol. 3, no. 5, pp. 493-530, 1989.
- [10] H. Kargupta, "The Gene Expression Messy Genetic Algorithm," *Proc. of IEEE Int. Conf. on Evolutionary Computation*, Nagoya, Japan, 1996.
- [11] Y. Davidor, "A Natural Occurring Niche & Species Phenomenon: The Model and First Results," *Proc. of The Fourth Int. Conf. on Genetic Algorithms* 257-263, 1991.
- [12] S. Mahfoud, and D. E. Golderg, "A Genetic Algorithm for Parallel Simulated Annealing, Parallel Problem Solving from Nature 2," *Elsevier Science Publishers B. V.* 1992.
- [13] J. Renders, and H. Bersini, "Hybridizing Genetic Algorithms with Hill-Climbing Methods for Global Optimization: Two Possible Ways," *Proc. for The First IEEE Cong. on Evolutionary Computing*, vol. 1, pp. 312-317, 1994.
- [14] N. Kubota, T. Fukuda and K. shimojima, "Virus -Evolutionary Genetic Algorithm for a Self -Organizing Manufacturing System," *Computers & Industrial Engineering*, vol. 30, Issue 4, pp. 1015-1026, Sep. 1996.

저 자 소 개



주 영 훈 (Young-Hoon Joo)

1978년 연세대학교 전기공학과 졸업.
1984년 연세대 대학원 전기공학과졸업.
1995년 동 대학원 전기공학과 졸업(공학박).
1986~1995년 8월 삼성전자(주) 자동화연
구소(선임연구원).
1998~1999년 미국 휴스턴대학 전기 및
컴퓨터공학과 교환교수.

1995~현재 군산대 공대 전자정보공학부 조교수.
2000~현재 한국퍼지 및 지능시스템학회 이사 및 편집부위
원장.
2001~현재 대한전기학회 제어계측분과 편집위원

관심분야 : 퍼지제어, 지능제어, 유전 알고리즘, 신경회로망,
지능형 로봇, 인터넷기반 가상 실험실.
E-mail : yhjoo@kunsan.ac.kr



최 종 일 (Jong-II Choi)

2000년 군산대학교 제어계측과 졸업.
2000년~현재 동 대학원 석사과정

관심분야 : 퍼지 제어, 시스템 모델링, 신
경회로망, 유전알고리즘
E-mail : jongiree@hanmir.com



박 진 배 (Jin-Bae Park)

1977년 : 연세대 전기공학과 졸업.
1990년 : Kansas State Univ. 전기 및 컴
퓨터 공학과 졸업(공학박)
1990~1991년 : Kansas State Univ. 전기
및 컴퓨터 공학과 조교수.
1998~1999년 : 연세대 창업보육센터
(센터장)
1998~1999년 : 연세대 연세공학원 (부원장)
1994. 9~현재 : 연세대 공과대학 전기 및 컴퓨터공학과 (부
교수)
1999년~현재 : 대한전기학회 평의원.
1999년~현재 : 제어자동화시스템공학회 이사

관심분야 : 자동제어, 강인제어, 지능제어. 계측제어, 필터링
이론 및 시스템 동정
E-mail : jbpark@control.yonsei.ac.kr