

유전자 알고리즘을 이용한 신경회로망의 구조 진화에 관한 연구

A Study on the Structure Evolution of Neural Networks using Genetic Algorithms

°김 대 준, 이 상 환, 심 귀 보

중앙대학교 제어계측공학과 로보틱스 및 지능정보시스템 연구실

Tel:820-5319; Fax:817-0553; E-mail: kbsim@cau.ac.kr

Abstract Usually, the Evolutionary Algorithms(EAs) are considered more efficient for optimal system design because EAs can provide higher opportunity for obtaining the global optimal solution. This paper presents a mechanism of co-evolution consists of the two genetic algorithms(GAs). This mechanism includes host populations and parasite populations. These two populations are closely related to each other, and the parasite populations plays an important role of searching for useful schema in host populations. Host population represented by feedforward neural network and the result of co-evolution we will find the optimal structure of the neural network. We used the genetic algorithm that search the structure of the feedforward neural network, and evolution strategies which train the weight of neuron, and optimize the net structure. The validity and effectiveness of the proposed method is exemplified on the stabilization and position control of the inverted-pendulum system.

Keywords genetic algorithms, host populations, parasite populations, co-evolution, optimal structure.

1. 서 론

뉴럴 네트워크를 이용하여 어떤 문제를 해결하고자 할 때 뉴럴 네트워크의 중간층의 개수와 연결강도의 수를 적절히 결정하는 것은 매우 중요한 문제이다. 만일 중간층과 연결강도의 수가 너무 많으면 자유 파라메타의 수가 많아져서 응답시간 및 학습시간이 많이 걸리며, 학습시 초기값에 따라 가중치가 전역 최소값에 도달하지 않고 계산량이 증가하는 등의 문제가 있다. 반대로 중간층과 연결강도의 수가 너무 적으면 입출력 패턴을 기억하지 못하고 학습이 최적해에 수렴하지 않는다. 따라서 일반적으로 허용오차를 만족하는 범위 내에서 최소의 네트워크를 구하는 것이 가장 이상적이다^[1].

최근 최적의 신경회로망을 얻기 위하여 유전자 알고리즘을 이용한 진화하는 네트워크에 대한 연구가 활발히 진행되고 있으며 많은 연구결과가 보고되어 있다. 예를 들면 유전자 알고리즘을 이용하여 전방향 신경망의 구조와 가중치를 동시에 진화시키는 방법^{[2][3]}, 유전자 알고리즘을 이용하여 전방향 신경망의 구조를 진화시키고 온라인 학습방법에 따라 가중치를 학습시키는 방법^[4], 동적 귀환 신경망의 구조를 진화 프로그래밍을 이용하여 진화시키고 진화전략을 이용하여 가중치를 학습시키는 방법^[5] 등의 연구가 보고되어져 있다. 하지만 이러한 일반적인 진화연산은 다음과 같은 문제점을 가지고 있다.

첫째로, 개체의 적합도를 평가하는데 많은 양의 계산량이 필요하다. 둘째로, 좋은 해를 얻기 위한 확률을 증가시키기 위해서는 많은 개체군이 필요하다. 셋째로, 진화하는 도중에 좋은 계수를 얻기 위해서는 긴 진화시간이 요구된다^[6].

본 논문에서는 공진화의 개념을 도입하여 위에서 언급한 일반적인 진화연산의 문제점을 해결하였다.

유전자 알고리즘의 탐색성능을 향상시키기 위하여 기존의 유전자 알고리즘 중에서 우수한 스키마의 탐색을 행하는 유전자 알고리즘을 병용함으로써 기존의 유전자 알고리즘을 포함하는 주(host)개체군과 스키마의 탐색을 행하는 부(parasite) 개체군을 동시에 진화시킨다^[7]. 주 개체군과 부 개체군이 동시에 진화함으로써 작은 개체수로서 빠른 시간내에 최적의 신경회로망을 탐색하는 것이 목적이다.

본 논문에서는 전방향 신경회로망의 구조를 탐색하기 위하여 유전자 알고리즘(GA)과 진화전략(ES)을 이용하였다. 유전 알고리즘은 진화 알고리즘 중에서 가장 많이 사용되어고 있으며 돌연변이와 교배 연산자를 사용하여 전역적인 해를 구하는 방법이고, 진화전략은 자연계의 진화현상에 기반한 계산 모델로서 실수치 탐색에 적합한 방법이다.

유전자 알고리즘을 이용하여 신경 회로망의 구조를 표현할 때 발생하는 용장성(redundancy)의 문제점을 해결하기 위하여 노드의 입력합에 따라서 노드를 재배열하고, 구조 진화시 교배로 인하여 생긴 자손의 유전성을 유지하기 위해서 신경회로망의 중간층을 기준으로 해서 교배 연산을 행하였다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2절에서는 본 논문에서 도입한 공진화의 개념과 매카니즘, 3절에서는 진화 알고리즘을 이용한 신경회로망의 구조 진화 및 학습, 4절에서는 제안한 방법을 도입진자의 안정화 및 위치제어에 적용하여 컴퓨터 시뮬레이션을 통하여 제안한 수법의 유효성을 확인하고, 마지막으로 5절에서 결론을 맺는다.

2. 공진화의 개념과 메카니즘

본 논문에서는 전방향 신경회로망의 구조를 탐색하기 위하여 유전자 알고리즘을 사용하였다. 우선, 제안한 방법에서 사용한 2가지의 유전 알고리즘 모델에 대하여 살펴보도록 하자.

첫 번째 모델은 전방향 신경회로망의 구조를 유전 알고리즘으로 표현한 것으로서 주어진 환경에 대하여 교배와 돌연변이 연산자를 이용하여 전역적 탐색을 행하고, 이것을 주 개체군(host populations)이라고 부른다. 두 번째 모델은 주 개체군의 좋은 형태의 스키마를 탐색하는 것으로서 주 개체군과 마찬가지로 교배와 돌연변이 연산자를 사용하며 이것을 부 개체군(parasite populations)이라고 부른다.

2.1 주 개체군의 구성

주(host) 개체군은 주어진 환경에 대하여 유전 연산자(교배, 돌연변이)를 이용하여 적합도를 판정하며, 주 개체군의 신경 회로망의 구조는 유전자 알고리즘으로 표현된다.

유전 알고리즘은 자연계의 적자생존과 유전학에 근거한 병렬, 전역적 탐색 알고리즘으로 탐색 공간이 미분가능하거나 연속이라는 가정이 필요하지 않으며 해공간 내에서 동시에 여러개의 상태들을 평가하여 전역적인 해를 찾을 가능성이 큰 방법이다.

2.2 부 개체군의 적합도 평가

부 개체군은 주 개체군의 우수한 스키마를 탐색하는 역할을 한다. 주 개체군의 유전정보를 이용하여 부 개체군이 새로운 유전정보를 생성하는 것을 기생이라고 부른다.

부 개체군의 개체인 스키마의 적합도는 주 개체군의 개체 중에서 임의로 n 개의 개체를 샘플링하여 기생을 행함으로써 구할 수 있다. 즉, n 개의 샘플링된 개체는 부 개체군에서 각 개체의 적합도를 계산하기 위하여 사용되어지고, 부 개체군에 의하여 평가를 받은 개체와 주 개체군 중에서 적합도에 비례하여 새로운 주 개체군을 형성한다.

부 개체군의 개체 j 의 적합도 F_j 를 구하는 과정은 다음과 같다^[7]. (f_i : 주 개체군의 개체 i 의 적합도)

1. 부 개체군의 개체 j 가 어떤 주 개체에 대하여 기생을 행하는가 결정
2. 부 개체군의 개체 j 가 기생을 행하는 주 개체를 i_1, \dots, i_n 으로 한다. 기생 후 얻어진 새로운 주 개체를 $\hat{i}_1, \dots, \hat{i}_n$ 으로 한다.
3. 부 개체군의 개체 j 의 적합도를 계산하기 위해 일회의 기생에 대한 적합도 함수를 다음과 같이 한다. 이 적합도 함수는 기생에 의한 주 개체의 적합도의 개선도를 나타낸다.

$$\hat{f}_k = \max(0, f_{i_k} - f_{i_j}) \quad (k=1, \dots, n) \quad (1)$$

4. 부 개체군의 개체 j 의 적합도 F_j 를 다음과 같이 구한다.

$$F_j = \sum_{k=1}^n \hat{f}_k \quad (2)$$

3. 신경회로망의 구조 진화 및 학습

3.1 진화전략을 이용한 학습^{[8][9]}

진화전략은 자연계의 진화현상에 기반한 모델로서 국소해가 많은 최적화 문제의 해를 구하는 것을 목적으로 1963년 독일의 I. Rechenberg에 의해 제안되었다. 진화전략의 특징은 주 연산자

로는 돌연변이를 사용하고 주로 실수치 탐색에 쓰인다^[8].

진화전략에서의 개체는 $(\vec{x}, \vec{\sigma})$ 와 같이 실수벡터로 나타낸다. 여기서 \vec{x} 는 상태공간상의 위치벡터이며, $\vec{\sigma}$ 는 표준편차 벡터가 된다. 이 때 돌연변이에 의한 다음 세대의 개체는 다음과 같이 표현된다.

$$\vec{x}^{t+1} = \vec{x}^t + M(\vec{0}, \vec{\sigma}) \quad (3)$$

단, $M(\vec{0}, \vec{\sigma})$ 는 평균이 $\vec{0}$ 이고, 표준편차가 $\vec{\sigma}$ 인 임의의 수를 나타낸다.

진화전략의 선택은 확률적이지 않고 결정적으로 행해진다. 즉, 부모벡터의 선택방법에 의해 나누어진 (μ, λ) -ES와 $(\mu + \lambda)$ -ES 중에서 적합도가 높은 순서대로 μ 개의 개체를 선택한다. 또한 진화전략에서는 최적해를 찾기 위해서 수렴율을 최적화하는 1/5 규칙을 적용한다. 1/5 규칙이란 「성공하는 돌연변이의 비율을 1/5로 하라는 것이다. 만약 성공하는 돌연변이의 비율이 1/5보다 커지면 $\vec{\sigma}$ 를 크게 하고, 1/5보다 작아지면 $\vec{\sigma}$ 의 값을 작게 한다」. 이 규칙의 직관적인 의미는 「탐색의 효율을 높이기 위하여 돌연변이에 의해 성공하는 비율이 커지면 탐색을 보다 큰 보폭으로 계속하고, 그렇지 않으면 탐색의 보폭을 줄여라」라고 하는 것이다.

다음의 그림 1은 기본적인 진화전략의 흐름도를 나타낸 것이다.

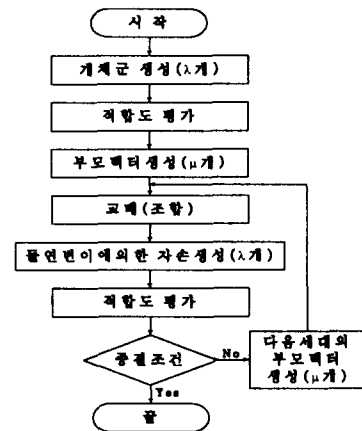


그림 1. 진화전략의 흐름도

Fig. 1. Flowchart of the evolution strategies

3.2 유전 알고리즘을 이용한 구조 진화

본 논문에서는 전방향 신경회로망의 구조를 이진으로 부호화하고 연결강도를 실수로 부호화 하였다. 이진으로 부호화된 주 개체군의 신경회로망 구조는 부 개체군의 스키마에 의해서 우수한 개체가 탐색되어진 뒤 진화전략에 의하여 탐색되어진 연결강도가 학습되어진다.

3.2.1 적합도 함수

신경망의 구조를 진화하고 적절한 연결강도를 구하기 위해서는 구조와 연결강도에 대한 평가기준이 있어야 한다. 본 논문에서는 최적의 신경회로망을 얻기 위하여 유전 알고리즘의 적합도 함수를 진화전략에서 구한 적합도 함수와 노드 및 연결강도 함수의 곱의 형태로 (4)식과 같이 정하였다^[5].

$$fit_{GA} = fit_{ES} \cdot f(n) \cdot f(w) \quad (4)$$

$$f(n) = \frac{a}{n_{max} - n_{min}}(n - n_{min}) \quad (0 < a \leq 1) \quad (5)$$

$$f(w) = \frac{b}{w_{max} - w_{min}}(w - w_{min}) \quad (0 < b \leq 1) \quad (6)$$

(4)식에서 fit_{ES} 는 진화전략에서 구한 적합도 함수, $f(n)$ 은 노드의 함수, $f(w)$ 는 연결강도의 함수를 각각 나타내고, (5)식과 (6)식의 a 와 b 는 노드와 연결강도의 함수가 전체 적합도에 미치는 비율을 나타낸다.

만일 적합도 함수를 합쳐서 형태로 설정하면 어떤 특정한 함수의 영향을 많이 받고 다른 함수의 영향이 전체 적합도에 적절히 고려되지 않을 수 있다. 따라서 본 연구에서는 곱의 형태로 적합도를 표현하여 각 함수의 비율로서 전체 적합도를 표현하였다.

노드와 연결강도의 함수는 노드와 연결강도의 개수가 증가함에 따라 감소하는 형태를 취하기 위하여 (5)식 및 (6)식과 같이 정하였다.

3.2.2 유전 연산자^[9]

전방향 신경회로망의 구조 진화 시 서로 다른 구조에 대하여 임의로 교배 연산을 수행하면 유전자 알고리즘의 중요한 특성인 자손의 유전성을 상실할 위험이 있다. 따라서 본 논문에서는 전방향 신경회로망의 중간층을 기준으로하여 교배 연산을 함으로써 자손의 유전성을 최대한 보장해 주었고 미리 정해진 돌연변이 확률에 의하여 구조의 탐색을 행하였다.

4. 독립 진자의 안정화 및 위치 제어

3장에서 제안한 수법을 비선형성이 강한 독립진자 시스템의 안정화 및 위치 제어에 적용하여 그 유효성을 검토한다^[10]. 아래의 그림 2는 진화연산을 이용한 동적 귀환 신경망의 진화 과정을 독립진자에 적용한 블록 다이어그램이다.

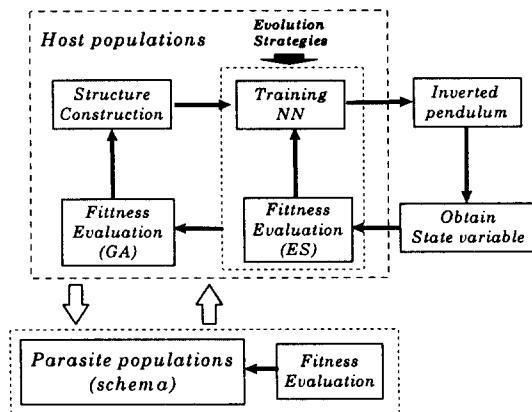


그림 2. 독립진자 공진화 시스템의 블록 다이어그램
Fig. 2. Block diagram of inverted pendulum system with co-evolution

그림에서 독립진자 시스템의 다이내믹스는 아래와 같다.

$$\ddot{x} = \frac{F + m_p l [\dot{\theta}^2 \sin \theta - \ddot{\theta} \cos \theta]}{m_c + m_p} \quad (7)$$

$$\ddot{\theta} = \frac{g \sin \theta + \cos \theta \left[\frac{-F - m_p l \dot{\theta}^2 \sin \theta}{m_c + m_p} \right]}{l \left[\frac{4}{3} - \frac{m_p \cos^2 \theta}{m_c + m_p} \right]} \quad (8)$$

단, 수레의 질량을 m_c , 질량이 m_p 이고 길이가 2l인 진자를 모델로 하였다.

표 1. 탐색하고자 하는 신경망 모델의 설정
Table 1. Setting of the neural network model to search

구분	설정값
입력 노드의 수	4
출력 노드의 수	1
최소 중간층 노드의 수	1
최대 중간층 노드의 수	10

전방향 신경망의 최소 노드수를 6개, 최대 노드수를 15개로 하여 구조를 탐색하였다. 초기 수레의 위치는 기준점에서 1m 떨어져 있고 수레에 15N의 힘을 가했을 경우와 진자를 10° 기울였을 때 진자의 안정화 및 수레의 위치 제어를 목적으로 하였다.

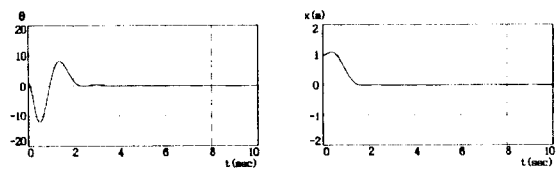
주 개체군과 부 개체군의 유전자 알고리즘을 시뮬레이션하기 위하여 각각의 유전자 집단의 크기를 20, 20으로 하였고 부 개체군의 스키마 적합도를 계산하기 위하여 주 개체군의 임의의 5개의 개체에 대하여 기생을 실시하였다. 부 개체군을 사용하지 않고 유전자 알고리즘만을 사용하여 진화를 한 경우는 유전자 집단의 크기를 60으로하여 제안한 방법과의 성능을 비교하였다.

교배 연산 확률은 0.8로 하였으며, 구조 진화시 교배 후 생긴 자손의 유전성을 보장하기 위하여 신경회로망의 중간층을 기준으로 하여 교배 연산을 행하였고, 돌연변이 확률은 0.002로 설정하였다.

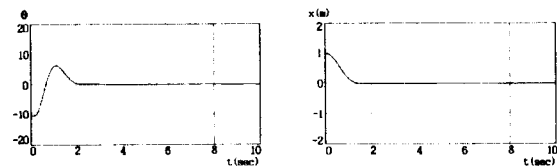
공진화에 의하여 20세대 진화 후 미리 지정해 준 최소의 구조인 1개의 중간층 노드와 5개의 연결강도를 가진 구조가 탐색되었다.

그림 3은 탐색되어진 구조를 이용해서 독립진자의 안정화 및 위치 제어를 수행한 결과이다. 그림(a)는 수레에 초기조건으로 15N의 힘을 가한 경우이고, 그림(b)는 초기조건으로 진자를 10° 기울인 경우에 대하여 θ 와 x 의 수렴성을 각각 보인 것이다.

시뮬레이션 결과로부터 알 수 있는 바와 같이 초기 조건에 상관없이 독립진자가 빠른 시간 안에 목표값에 수렴하고 있음을 알 수 있다.



(a) 수레에 가한 초기 힘 : 15N
(a) Initial force applied to cart is 15N



(b) 진자의 초기 각 : 10°
(b) Initial angle of pendulum is 10°

그림 3. θ 와 x 의 수렴성
Fig. 3. Convergency of θ and x

한편, 그림 4는 진화하는 동안의 공진화한 경우와 종래의 유전자 알고리즘만을 사용하여 진화한 경우의 평균 적합도의 변화를 비교한 것이다. 그림에서 알 수 있는 바와 같이 공진화를 사용한 경우가 종래의 유전자 알고리즘만을 사용한 경우보다 우수한 성능을 보임을 알 수 있다. 이 경우 각각의 유전자 집단의 크기는 공진화의 경우 주 개체군과 부 개체군을 20, 20으로 하였고 종래의 유전자 알고리즘만을 사용한 경우는 유전자 집단의 크기를 60으로 하였다.

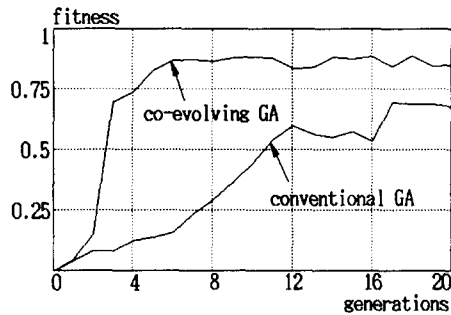


그림 4. 평균 적합도의 변화
Fig. 4. Change of mean fitness

5. 결론

본 논문에서는 주 개체군(Host populations)과 부 개체군(Parasite populations)이 동시에 진화함으로써 최적의 신경회로망 구조를 탐색하는 방법을 제안하였다. 주 개체군은 전방향 신경회로망의 구조를 유전 알고리즘(Genetic Algorithms)으로 표현한 것으로서 주어진 환경에 대하여 교배와 돌연변이 연산자를 이용하여 전역적 탐색을 행하고 부 개체군은 주 개체군에서 좋은 형태의 스키마를 탐색하는 것으로서 주 개체군과 마찬가지로 교배와 돌연변이 연산자를 사용하여 우수한 개체의 탐색을 행한다. 부 개체군의 스키마를 이용하여 주 개체군의 우수한 형태의 개체를 탐색하고, 그 결과 작은 개체수를 가지고 빠른 시간내에 최적의 신경회로망 구조를 탐색할 수 있었으며, 탐색되어진 구조의 연결강도는 진화전략(Evolution Strategies)을 이용하여 학습시켰다.

제안한 방법을 비선형성이 강한 도립진자의 안정화 및 위치 제어에 적용하였다. 시뮬레이션 결과에서 알 수 있듯이 공진화를 사용한 경우가 종래의 유전자 알고리즘만을 사용한 경우보다 작은 개수의 개체수를 가지고 빠른 시간내에 좋은 성능을 보임을 알 수 있다.

감사의 글

본 논문은 정보통신부 대학기초연구(과제명 : 인공생명의 실현과 정보통신 분야의 응용에 관한 연구)의 지원에 의한 결과임

참고문헌

- [1] 김대준, 이동욱, 심귀보, "저차원화된 리커런트 뉴럴 네트워크를 이용한 비주얼 서보잉," 한국퍼지 및 지능 시스템학회 춘계학술대회 논문집('97 KFIS), pp. 259-262, 1997. 3. 29
- [2] S.G. Roberts and M. Turega, "Evolving neural network structures : an evaluation of encoding techniques," *Proceeding of the International Conference in Ales, France*, pp. 96-99, 1995.
- [3] Minoru Fukumi et al. "A Method to Designa Neural Network by the Genetic Algorithm with Partial Fitness," *시스템 制御情報學會論文集*, Vol. 9, No. 2, pp. 74-81, 1996.
- [4] 조철현, 공성근, "유전 알고리즘을 이용한 전방향 신경망의 구조 최적화," *인공지능, 신경망 및 퍼지 시스템 춘계종합학술대회 논문집*, pp. 131-136, 1996.
- [5] 김대준, 이동욱, 심귀보, "진화연산을 이용한 리커런트 뉴럴 네트워크의 저차원화에 대한 연구," *로보틱스·제어계측·자동화 종합학술대회*, pp. 28-31, 1997. 3. 14
- [6] Q. Zhao, "A Co-Evolution Algorithm for Neural Network Learning," *ICNN*, pp. 432-437, 1997.
- [7] H. Handa, N. Bada, O. Katai, T. Sawaragi, T. Horiuchi, "Genetic Algorithms Including a Mechanism of Co-evolution," *SICE*, pp. 7-10, 1996.
- [8] Beack et al. "An Survey of Evolution Strategies," *Proc. of 4th International Conference on Genetic Algorithms(ICGA)*, 1991.
- [9] Zbigniew Michalewicz, "Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs," Springer-Verlag, pp. 160-168, 1995.
- [10] 이동욱, 심귀보, "진화전략을 이용한 도립진자의 안정화 및 위치제어," *한국퍼지 및 지능 시스템학회 논문지*, pp. 71-79, 1996. 12.