

論文98-35S-4-7

공진화를 이용한 신경회로망의 구조 최적화

(Structure Optimization of Neural Network using Co-Evolution)

全孝炳*, 金大垞**, 沈貴寶***

(Hyo-Byung Jun, Dae-Joon Kim, and Kwee-Bo Sim)

요 약

일반적으로 진화 알고리즘은 개체군을 이용한 탐색방법으로서 전역적 최적해를 구하는 데 많이 사용되는 방법이고 최적의 시스템을 디자인 할 경우 유용한 방법이다. 본 논문에서는 유전자 알고리즘으로 구성되어진 두 개의 개체군이 상호 보완적으로 진화하는 공진화의 메커니즘에 의해 최적의 신경회로망을 구성하는 방법을 제안한다. 이 메커니즘은 주 개체군과 부 개체군으로 구성되어 있으며 두 개체군은 서로 밀접한 관련을 가지고 있다. 주 개체군은 기존의 유전자 알고리즘을 이용하여 주어진 환경에서 진화하고, 스키마로 구성되어진 부 개체군은 주 개체군의 유용한 스키마를 탐색하는 역할을 한다. 주 개체군의 신경망 구조는 중간층의 노드만 제한 루프를 가지고 있는 대각 제한 신경망을 사용하였고, 유전자 알고리즘에 의하여 탐색되어진 구조는 진화전략에 의해 연결강도가 학습되어진다. 부 개체군의 스키마와 주 개체군의 유전자 알고리즘이 동시에 진화함으로써 공진화를 사용한 경우가 기존의 유전자 알고리즘만을 사용하여 탐색을 행한 경우보다 작은 개체 수를 가지고 빠른 시간 안에 최적의 신경망 구조를 탐색할 수 있음을 스키마 정리를 통해 보이고 시뮬레이션을 통해 이를 확인한다. 본 논문에서는 제안한 방법을 도립진자의 안정화 및 위치제어에 적용하여 컴퓨터 시뮬레이션을 통하여 그 유효성을 확인한다.

Abstract

In general, Evolutionary Algorithms(EAs) are referred to as methods of population-based optimization. And EAs are considered as very efficient methods of optimal system design because they can provide much opportunity for obtaining the global optimal solution. This paper presents a co-evolution scheme of artificial neural networks, which has two different, still cooperatively working, populations, called as a host population and a parasite population, respectively. Using the conventional genetic algorithm the host population is evolved in the given environment, and the parasite population composed of schemata is evolved to find useful schema for the host population. The structure of artificial neural network is a diagonal recurrent neural network which has self-feedback loops only in its hidden nodes. To find optimal neural networks we should take into account the structure of the neural network as well as the adaptive parameters, weights of neurons. So we use the genetic algorithm that searches the structure of the neural network by the co-evolution mechanism, and for the weights learning we adopted the evolutionary strategies. As a result of co-evolution we will find the optimal structure of the neural network in a short time with a small population. The validity and effectiveness of the proposed method are inspected by applying it to the stabilization and position control of the inverted-pendulum system. And we will show that the result of co-evolution is better than that of the conventional genetic algorithm.

* 準會員, 中央大學校 制御計測學科
(Dept. of Control and Instrumentation Eng.
Chung-Ang Univ.)

** 正會員, LG 精密 研究所
(LG Precision Co.)

*** 正會員, 中央大學校 電子電氣工學部
(School of Electronic and Electrical Eng.
Chung-Ang Univ.)

接受日字: 1997年10月24日, 수정완료일: 1998年3月12日

I. 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, 학습 시 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 신경망을 얻기 위하여 진화 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] 등이 보고되어졌다.

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, 진화연산에 필요한 파라메타를 적절히 결정하기 어렵다.

본 논문에서는 공진화의 개념을 도입하여 위에서 언급한 일반적인 진화연산의 문제점을 해결하였다. 공진화의 개념은 자연계에서 모든 생명체, 특히 피식자와 포식자, 숙주와 기생충의 진화 관계를 설명할 때 매우 유용하다. 즉, 지금과 같은 복잡한 자연계는 서로 다른 종들이 개별적으로 진화를 했다기보다는 서로간에 영향을 주면서 함께 발전적인 방향으로 진화를 해왔다는 설명이다. 이러한 공진화의 개념을 뉴럴 네트워크에 적용한 예로는, 복잡한 시스템을 여러 개의 부시스템으로 나누어 진화연산으로 학습한 후 다시 결합하는 방법(divide and conquer)을 이용하여 뉴럴 네트워크를 학습시키는 연구가 보고되어져있다^[6]. 또한

계층적 구조를 가진 개체로 구성된 두 개의 집단이 서로 상대방 집단에 적응해감으로서 최적의 유전자 프로그래밍을 생성하는 방법^[7]과 주어진 자료를 순서적으로 정렬하는 네트워크를 구성하기 위해 데이터와 공진화하는 방법^[8] 등이 보고되어져있다.

본 논문에서는 공진화 메커니즘을 이용하여 뉴럴 네트워크의 구조를 최적화 하는 방법을 제안한다. 기존의 뉴럴 네트워크 구조를 염색체로 표현하여 유전자 알고리즘에 의해 최적의 구조를 탐색하는 방법은 앞서 지적한 바와 같은 문제점을 가지고 있기 때문에, 제안하는 방법에서는 유전자 알고리즘의 탐색성을 향상시키기 위하여 우수한 스키마의 탐색을 행하는 유전자 알고리즘을 병용함으로써 기존의 유전자 알고리즘을 포함하는 주(host)개체군과 스키마의 탐색을 행하는 부(parasite) 개체군을 동시에 진화시킨다. 주 개체군과 부 개체군이 동시에 진화함으로써 기존의 유전자 알고리즘만을 사용하여 탐색을 행한 경우보다 작은 개체 수로써 빠른 시간 내에 최적의 신경망을 탐색하는 것을 목적으로 하며, 이를 공진화에 있어서 스키마 정리를 통해 보인다.

본 논문에서는 유전자 알고리즘(GA)의 공진화 메커니즘에 의해 대각 귀환 신경망의 구조를 탐색하고, 각 진화 단계에서의 평가를 위해 진화전략(ES)을 사용하여 뉴럴 네트워크를 학습하였다. 유전자 알고리즘은 진화 알고리즘 중에서 일반적으로 많이 사용되고 있는 방법으로서 돌연변이(mutation)와 교차(crossover) 연산자를 사용하여 전역적인 해를 구하는 방법이고, 진화전략은 자연계의 진화현상에 기반한 계산 모델로서 실수치 탐색에 적합한 방법이다.

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

II. 공진화의 개념과 메커니즘

본 논문에서는 신경망의 구조를 탐색하기 위하여 유전자 알고리즘을 사용하였다. 우선, 제안한 방법에서 사용한 2종류의 개체군 모델에 대하여 살펴보도록 하

자.

첫 번째 모델은 대가 체환 신경망의 구조를 유전자 알고리즘으로 표현한 것으로서 주어진 환경에 대하여 적합도를 평가받고 교차와 돌연변이 연산자를 이용하여 전역적 탐색을 행하며, 이것을 주 개체군(host population)이라고 부른다. 두 번째 모델은 주 개체군의 좋은 형태의 스키마를 탐색하는 것으로서 주 개체군과 마찬가지로 교차와 돌연변이 연산자를 사용하며 이것을 부 개체군(parasite population)이라고 부른다. 즉 집단에 내재하고 있는 부분구조를 표현하는 스키마 중에는 GA에 의해 효율적으로 탐색을 행하기 위한 유용한 정보를 가진 것이 있으며, 이러한 스키마에 의해 주 개체군의 탐색 방향에 영향을 줌으로써 탐색 성능을 향상시킬 수 있다.

아래의 그림 1은 주 개체군과 스키마로 이루어진 부 개체군이 상호 보완적으로 진화하는 공진화의 메커니즘을 나타낸 것이다.

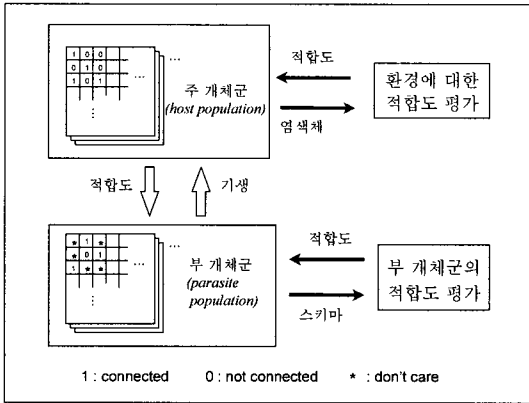


그림 1. 공진화의 메커니즘
Fig. 1. Mechanism of co-evolution.

1. 주 개체군의 구성

주(host) 개체군은 주어진 환경에 대하여 유전 연산자(교차, 돌연변이)를 이용하여 적합도를 판정하며, 부 개체군의 개체인 스키마와의 공진화를 통하여 신경망의 구조를 탐색하기 위하여 구조의 탐색 시에는 1(연결되어 있음)과 0(연결되어 있지 않음)으로 신경망의 구조정보를 이진 유전자 알고리즘으로 나타내었고 학습 시에는 연결강도의 값을 -1~1의 실수값으로 하여 진화전략에 의해 연결강도의 학습을 행하였다.

유전자 알고리즘은 자연계의 적자생존과 유전학에

근거한 병렬, 전역적 탐색 알고리즘으로 탐색 공간이 미분 가능하거나 연속이라는 가정이 필요하지 않으며 해공간 내에서 동시에 여러 개의 상태들을 평가하여 전역적인 해를 찾을 가능성이 큰 방법이다.

2. 부 개체군의 적합도 평가

부 개체군은 주 개체군의 우수한 스키마를 탐색하는 역할을 한다. 주 개체군의 유전정보를 이용하여 부 개체군이 새로운 유전정보를 생성하는 것을 「기생」이라고 부른다.

부 개체군의 개체인 스키마의 적합도는 주 개체군의 개체 중에서 임의로 n 개의 개체를 샘플링 하여 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.

1. 부 개체군의 개체 j 가 어떤 주 개체에 대하여 기생을 행하는가 결정한다. 즉 부 개체군의 개체 j 에 대해 주 개체군중에서 n 개의 개체를 임의로 선택한다.
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 개선 정도를 나타낸다.

$$\hat{f}_k(t) = \max[0, f(\hat{i}_k, t) - f(i_k, t)] \quad (k=1, \dots, n) \quad (1)$$

여기서 $f(i_k, t)$ 는 t 세대에서의 개체 i_k 에 대한 적합도, $f(\hat{i}_k, t)$ 는 부 개체군의 개체 j 에 대해 기생을 취한 후의 개체 \hat{i}_k 에 대한 적합도를 나타낸다.

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

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

주 개체 i_k 에 기생을 취한 것 중에서, (1)식에서 구한 \hat{f}_k 값이 가장 높은 \hat{i}_k 를 주 개체 i_k 와 교환함으로써 기생 시 얻은 정보를 주 개체군으로 전하게 된다. 그리고 (2)번 식과 같이 부 개체군의 적합도를 구함으로써 주 개체군에 의해 부 개체군의 성능을 평가 받아 우수한 스키마를 찾게되고, 이것이 다시 (1)식에 의해 주 개체군에 기생을 함으로써 적은 개체로 빠른 시간 내에 우수한 개체를 찾게 된다.

3. 공진화에 있어서 스키마 정리

유전자 알고리즘에 이론적 근거를 제공하는 중요한 두 가지 이론으로는 스키마 정리와 빌딩블록 가설이 있다. 빌딩블록 가설은 길이가 짧고 적합도가 높은 스키마인 빌딩블록들이 경쟁관계에서 이겨내어 결합함으로써 최적의 해가 만들어 질 수 있다는 전제를 말한다.

그리고 스키마의 길이가 짧고 차수가 낮으며 평균치 이상의 적합도를 가진 스키마(빌딩블록)의 다음 세대에 선택될 인스턴스의 수는 지수 함수적으로 증가한다고 하는 스키마 정리는 다음과 같은 식으로 표현된다¹⁹⁾.

$$m(H, t+1) \geq m(H, t) \cdot \frac{f(H, t)}{\bar{f}(t)} \cdot \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} - p_m \cdot \alpha(H) \right] \quad (3)$$

여기서, $m(H, t)$ 는 세대 t 에 있어서의 스키마 H 의 인스턴스 개수, $f(H, t)$ 는 t 세대에서 스키마 H 의 적합도, $\bar{f}(t)$ 는 t 세대의 모든 개체의 평균 적합도, p_c , p_m 는 각각 교차 확률과 돌연변이 확률, $\delta(H)$ 는 스키마의 길이, $\alpha(H)$ 는 스키마의 차수를 나타낸다.

본 논문에서 제안하는 공진화의 의미는 부 개체군의 개체 j 가 스키마 H 를 나타낸다고 할 때, 이 스키마가 주 개체군에 기생을 함으로서 주 개체군내에 스키마 H 의 인스턴스 수를 증가시키는 과정이라고 볼 수 있다.

즉 (3)식의 세대 t 에서의 스키마 H 의 인스턴스 개수 $m'(H, t)$ 는 주 개체군내에 있던 것과 기생에 의해 새로이 생성된 것의 합으로 표현할 수 있다.

$$m'(H, t) = m(H, t) + \hat{m}(H, t) \quad (4)$$

여기서 $\hat{m}(H, t)$ 는 기생에 의해 증가된 인스턴스의

수로서 다음과 같다.

$$\hat{m}(H, t) = \frac{1}{2} \sum_{k=1}^n \{ \text{sgn}[f(\hat{i}_{kl}, t) - f(i_k, t)] + 1 \} \quad (5)$$

즉 스키마 H 로 기생을 했을 때의 적합도가 이전의 적합도 보다 큰 경우 주 개체 i_k 는 스키마 H 의 인스턴스 \hat{i}_{kl} 로 치환되므로, 그 숫자만큼 주 개체군내에는 스키마 H 의 인스턴스가 증가하게 된다.

또한 공진화의 효과로 인한 t 세대에서의 스키마 H 의 적합도 $f'(H, t)$ 는 다음과 같이 된다.

$$f'(H, t) = \frac{\sum_{i \in I_H} f(i, t) + \sum_{i \in \hat{I}_H} f(\hat{i}_{kl}, t)}{m(H, t) + \hat{m}(H, t)} \quad (6)$$

여기서 I_H 는 스키마 H 의 현재대의 인스턴스에 대한 인덱스 집합이고, \hat{I}_H 는 기생에 의해 추가된 스키마 H 의 인스턴스에 대한 인덱스 집합이다.

그러므로 (5)식과 (6)을 이용하여 (3)식의 스키마 정리를 다시 쓰면 (7)식과 같이 된다.

$$m(H, t+1) \geq m'(H, t) \cdot \frac{f'(H, t)}{\bar{f}(t)} \cdot \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} - p_m \cdot \alpha(H) \right] \quad (7)$$

여기서 스키마 H 의 적합도를 평균 적합도로 정의하였으므로, 기생되는 개체 수 n 에 비해 주 개체군의 수가 충분히 크다면, 특히 반복되는 긴 세대에 대해서는 $f'(H, t) \approx f(H, t)$ 가 성립한다¹⁹⁾.

그러므로 공진화에 있어서 스키마 정리는 (8)식과 같이 쓸 수 있다.

$$m(H, t+1) \geq [m(H, t) + \hat{m}(H, t)] \cdot \frac{f(H, t)}{\bar{f}(t)} \cdot \left[1 - p_c \cdot \frac{\delta(H)}{l-1} - p_m \cdot \alpha(H) \right] \quad (8)$$

위 식의 의미는 (3) 식과 비교했을 때 공진화를 함으로서 우수한 스키마에 대해 인스턴스를 $\hat{m}(H, t)$ 만큼 증가시킴으로서 다음 세대에 그 스키마에 대한 인스턴스 수가 일반 유전자 알고리즘에서 보다 더 높은 차수로 증가한다는 것이다.

그리고 이러한 적합도가 높은 스키마, 즉 빌딩블록들이 경쟁관계에서 이겨내어 결합함으로써 보다 적은 수의 개체로서 빠른 시간 내에 최적의 해가 구해질 수 있게된다.

III. 신경망의 구조 진화 및 학습

1. 신경망의 구조 진화

주 개체군의 신경망 구조는 그림 2와 같이 중간층 노드에서만 자기 케환 루프를 가지는 대각 케환 신경망으로 하였다.

대각 케환 신경망의 표현식은 다음과 같다.

$$O(k) = \sum_j W_j^p X_j(k) \quad (9)$$

즉,

$$X_j(k) = f(S_j(k)) \quad (10)$$

$$S_j(k) = W_j^p X_j(k-1) + \sum_i W_{ij}^h I_i(k) \quad (11)$$

이 된다. 여기서 $f(\cdot)$ 는 활성화 함수(시그모이드 함수), $X_j(k)$ 는 j 번째 중간층 노드의 출력, $S_j(k)$ 는 j 번째 중간층 노드로 들어오는 외부입력의 합, W_j^p 는 자기 케환 루프, W_{ij}^h, W_j^p 는 각각 입력층-중간층, 중간층-출력층 연결강도를 나타낸다.

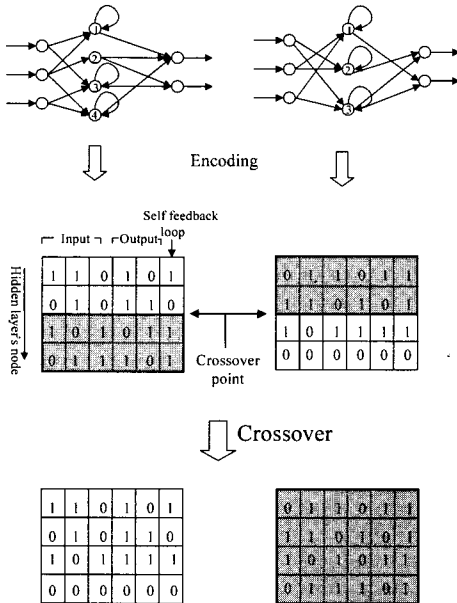


그림 2. 대각 케환 신경망 구조의 코드화 및 교차
Fig. 2. Encoding scheme and crossover method.

신경망의 구조 진화 시 서로 다른 구조에 대하여 임의로 교차 연산을 수행하면 유전자 알고리즘의 중요한 특성인 자손의 형질 유전성을 상실할 위험이 있다. 따라서 본 논문에서는 그림 2와 같이 유전자 알고리즘

을 이용하여 신경망의 구조를 표현할 때 발생하는 용장성(redundancy)의 문제점을 해결하기 위하여 중간층 노드의 입력 합에 따라서 노드를 재배열하고, 대각 케환 신경망의 중간층을 단위로 하여 교차 연산을 함으로써 자손의 유전성을 최대한 보장해 주었고 미리 정해진 돌연변이 확률에 의하여 구조의 탐색을 행하였다. 그림 2에서는 입력이 3개, 출력이 2개인 경우의 대각 케환 신경망 구조 및 코드화 방법, 그리고 교차 연산 방법의 예를 보인다. 이때 중간층에서의 노드의 번호는 각 노드로 들어오는 입력 총합의 순서로 배열한 것이다.

이와 같이 대각 케환 신경망의 구조를 이진으로 부호화 하여 주 개체군으로 하고, 이진 구조에 don't care symbol(*)를 포함한 스키마를 부 개체군으로 하여, 2절에서 설명한 바와 같이, 유전자 알고리즘에 의해 공진화를 행함으로써 우수한 개체, 즉 최적의 뉴럴 네트워크 구조를 탐색하였다.

2. 진화전략을 이용한 학습^{[9] [10]}

구조가 주어진 뉴럴 네트워크는 학습을 통해 그 네트워크의 성능을 평가받아야 한다. 공진화에 의해 탐색되어진 뉴럴 네트워크의 구조를 평가하기 위한 학습 방법으로서 본 논문에서는 연결 강도를 실수로 부호화한 후 진화전략을 사용하였다.

진화전략은 자연계의 진화현상에 기반한 모델로서 국소해가 많은 최적화 문제의 해를 구하는 것을 목적으로 1963년 독일의 I. Rechenberg에 의해 제안되었다. 진화전략의 특징은 주 연산자로는 돌연변이를 사용하고 주로 실수치 탐색에 쓰인다^[10].

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.

$$\vec{x}^{t+1} = \vec{x}^t + N(\vec{0}, \vec{\sigma}) \quad (12)$$

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

진화전략의 선택은 확률적이 아니고 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 최적화 하는 1/5 규칙을

적용한다. 1/5 규칙이란 「성공하는 돌연변이의 비율을 1/5로 하라는 것이다. 만약 성공하는 돌연변이의 비율이 1/5보다 커지면 σ 를 크게 하고, 1/5보다 작아지면 σ 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 3은 기본적인 진화전략의 흐름도를 나타낸 것이다.

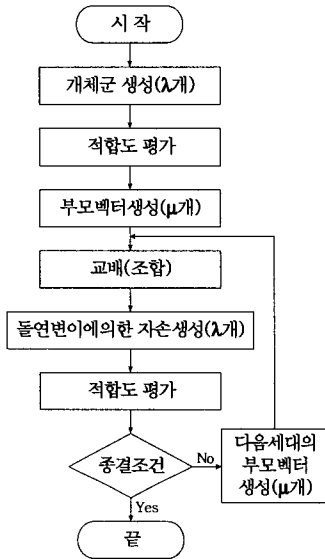


그림 3. 진화전략의 흐름도
Fig. 3. Flowchart of the evolution strategies.

3. 적합도 함수

신경망의 구조를 진화하고 적절한 연결강도를 구하기 위해서는 구조와 연결강도에 대한 평가기준이 있어야 한다. 본 논문에서는 최적의 신경망을 얻기 위하여 유전자 알고리즘의 적합도 함수를 진화전략에서 구한 적합도 함수와 노드 및 연결강도 함수의 곱의 형태로 (13)식과 같이 정하였다^[5].

$$fit_{GA} = fit_{ES} \cdot f(n) \cdot f(w) \tag{13}$$

$$f(n) = \frac{a}{n_{max} - n_{min}} (n - n_{min}) \quad (0 < a \leq 1) \tag{14}$$

$$f(w) = \frac{b}{w_{max} - w_{min}} (w - w_{min}) \quad (0 < b \leq 1) \tag{15}$$

(13)식에서 fit_{ES} 는 진화전략에서 구한 적합도 함수, $f(n)$ 은 노드의 함수, $f(w)$ 는 연결강도의 함수를 각각

나타내고, (14)식과 (15)식의 n_{max} 는 최대 노드 수, n_{min} 는 최소 노드 수, w_{max} 와 w_{min} 는 각각 연결강도의 최대, 최소 수, n 과 w 는 각각 개체의 노드 수와 연결강도 수, a 와 b 는 노드와 연결강도의 함수가 전체 적합도에 미치는 비율을 나타낸다. 여기서 최소 노드 수는 1로 하였으며, 최대 연결강도 수는 완전 연결되었을 때의 연결강도 수로 하였다. 그리고 최대 노드 수와 최소 연결강도 수는 주어진 문제의 입력력 개수에 따라서 설계자가 정해주게 된다.

만일 적합도 함수를 합 의 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.

그리고 노드와 연결강도의 함수는 각각 (14), (15)식과 같이 노드와 연결강도의 개수가 증가함에 따라 적합도가 감소하는 형태를 취함으로써, 뉴럴 네트워크의 성능을 유지하면서 최소의 노드와 연결강도를 가지는 구조가 높은 적합도를 가지게 하였다.

IV. 독립 진자의 안정화 및 위치 제어

3장에서 제안한 수법을 비선형성이 강한 독립진자 시스템의 안정화 및 위치 제어에 적용하여 그 유효성을 검토한다^[11]. 아래의 그림 4는 진화연산을 이용한 대각 케환 신경망의 진화 과정을 독립진자에 적용한 블록 다이어그램이다.

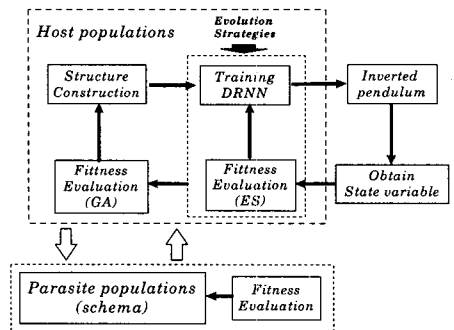


그림 4. 독립 진자 공진화 시스템의 블록 다이어그램
Fig. 4. Block diagram of inverted pendulum system with co-evolution.

그림에서 수레의 질량을 m_c , 질량이 m_p 이고 길이가 2l인 진자를 모델로 했을 때 독립진자 시스템의 다이

나믹스는 아래와 같다.

$$\ddot{x} = \frac{F + m_p l [\dot{\theta}^2 \sin \theta - \ddot{\theta} \cos \theta]}{m_c + m_p} \quad (16)$$

$$\ddot{\theta} = \frac{g \sin \theta + \cos \theta \left[\frac{-F - m_p l \dot{\theta}^2 \sin \theta}{m_c + m_p} \right]}{l \left[\frac{4}{3} - \frac{m_p \cos^2 \theta}{m_c + m_p} \right]} \quad (17)$$

신경망의 최소 중간층 노드 수를 1개, 최대 중간층 노드 수를 10개로 하여 구조를 탐색하였다. 초기 수레의 위치는 기준 점에서 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 시물레이션하기 위하여 각각의 유전자 집단의 크기를 20, 20으로 하였고 부 개체군의 스키마 적합도를 계산하기 위하여 주 개체군의 임의의 5개의 개체에 대하여 기생을 실시하였다.

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

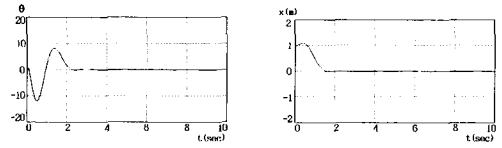
구 분	설정값
입력 노드의 수	4
출력 노드의 수	1
최소 중간층 노드의 수	1
최대 중간층 노드의 수	10

교차 연산 확률은 0.8로 하였으며, 구조 진화 시 교차 후 생긴 자손의 유전성을 보장하기 위하여 신경망의 중간층을 기준으로 하여 교차 연산을 행하였고, 돌연변이 확률은 0.002로 설정하였다.

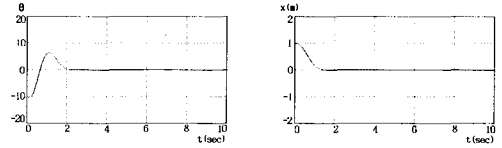
공진화에 의하여 20세대 진화 후 미리 지정해 준 최소의 구조인 1개의 중간층 노드와 5개의 연결강도를 가진 구조가 탐색되었다.

그림 5는 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.

시물레이션 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 5. θ 와 x 의 수렴성
Fig. 5. Convergency of θ and x .

한편, 그림 6은 진화하는 동안의 공진화한 경우와 종래의 유전자 알고리즘만을 사용하여 진화한 경우의 평균 적합도의 변화를 비교한 것이다.

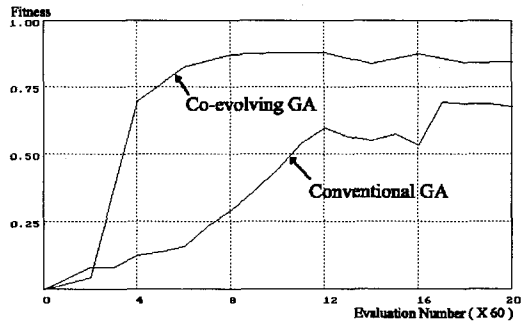


그림 6. 평균 적합도의 변화
Fig. 6. Change of mean fitness.

공진화의 경우 주 개체군의 개체 수를 N , 부 개체군의 개체수를 M , 기생하는 개체 수를 n 이라고 했을 때, 한 세대동안 평가받는 총 회수는 $N+n \times M$ 이 된다. 따라서 부 개체군을 사용하지 않고 유전자 알고리즘만을 사용하여 진화를 한 경우와 공진화를 한 경우의 비교를 위해서는 동일한 평가 회수에 대해 각각의 경우의 평균 적합도를 살펴보아야 한다. 본 논문에서는 주 개체군과 부 개체군의 유전자 집단의 크기가 각각 20 이고, 종래의 유전자 알고리즘 만을 사용한 경우의 유전자 집단의 크기는 60으로 하고, 평가 회수의 증가에 따른 평균 적합도의 변화를 살펴보았다.

그림에서 알 수 있는 바와 같이 공진화를 사용한 경우가 종래의 유전자 알고리즘만을 사용한 경우보다 우수한 성능을 보임을 알 수 있다. 이것은 앞서 스키마 정리에서 보인 바와 같이 공진화의 경우 우수한 스키마의 인스턴스 수가 종래의 유전자 알고리즘보다 더욱 높은 차수로 증가함을 보이는 것이다.

V. 결 론

본 논문에서는 주 개체군(Host populations)과 부 개체군(Parasite populations)이 동시에 진화함으로써 최적의 신경망 구조를 탐색하는 방법을 제안하였다. 또한 공진화에 있어서 스키마 정리를 유도함으로써 공진화가 기존의 유전자 알고리즘에 비해 상대적으로 우수함을 보였다.

주 개체군은 대각 제한 신경망의 구조를 유전자 알고리즘(Genetic Algorithms)으로 표현한 것으로서 주어진 환경에 대하여 교차와 돌연변이 연산자를 이용하여 전역적 탐색을 행하고, 부 개체군은 주 개체군에서 좋은 형태의 스키마를 탐색하는 것으로서 주 개체군과 마찬가지로 교차와 돌연변이 연산자를 사용하여 우수한 개체의 탐색을 행한다. 부 개체군의 스키마를 이용하여 주 개체군의 우수한 형태의 개체를 탐색하고, 그 결과 작은 개체 수를 가지고 빠른 시간 내에 최적의 신경망 구조를 탐색할 수 있었으며, 스키마의 기생에 의해 주 개체군이 국소 최소점에 빠지는 것을 방지할 수 있다.

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 개체 수를 가지고 빠른 시간 내에 좋은 성능을 보임을 알 수 있다.

※ 이 연구는 1997년도 정보통신 연구관리단의 대학 기초 연구 지원에 의한 결과임(과제번호 : 97-G-0214)

참 고 문 헌

[1] 김대준, 이동욱, 심귀보, "저차원화된 리커런트 뉴럴 네트워크를 이용한 비주얼 서보잉," 한국퍼

지 및 지능 시스템학회 춘계학술대회 논문집('97 KFIS), pp. 259-262, 1997.

- [2] S.G. Roberts and M. Turega, "Evolving neural network structures : an evaluation of encoding techniques," *Artificial Neural Nets and Genetic Algorithms*, Springer-Verlag Wien New York, pp. 96-99, 1995.
- [3] Minoru Fukumi et al. "A Method to Design a 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, 공성곤, "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 논문집*, pp. 28-31, 1997.
- [6] Q. Zhao, "A Co-Evolution Algorithm for Neural Network Learning," *ICNN*, pp. 432-437, 1997.
- [7] John R. Koza, "Genetic Evolution and Co-Evolution of Computer Programs," *Artificial Life II*, Addison-Wesley, 1991.
- [8] W. Daniel Hillis, "Co-Evolving Parasites Improve Simulated Evolution as an Optimization Procedure," *Artificial Life II*, Addison-Wesley, 1991.
- [9] Zbigniew Michalewicz, *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, Springer-Verlag, 1995.
- [10] Beack et al. "An Survey of Evolution Strategies," *Proc. of 4th International Conference on Genetic Algorithms (ICGA)*, 1991.
- [11] 이동욱, 심귀보, "진화전략을 이용한 도립진자의 안정화 및 위치제어," *한국퍼지 및 지능 시스템학회 논문지*, pp. 71-79, 1996. 12.

저 자 소 개



金 孝 焮(準會員)

1969년 2월 23일생. 1997년 2월 중앙대학교 제어계측공학과 졸업(공학사). 1997년 3월 ~ 현재 중앙대학교 제어계측학과 (로보틱스 및 지능정보 시스템 전공) 석사과정. 주 관심 분야는 신경망, 퍼지, 진화연산, 강화학습, 인공생명, 자율분산 시스템 등



金 大 竣(正會員)

1972년 7월 6일생. 1996년 2월 중앙대학교 제어계측공학과 졸업(공학사). 1998년 2월 중앙대학교 대학원 제어계측학과 (로보틱스 및 지능정보 시스템 전공) 졸업(공학석사).

현재 LG 정밀 연구소 (연구원). 주 관심 분야는 로보틱스, 진화연산, 신경망, 인공생명, 로봇 비전 등

沈 貴 寶(正會員) 第 35卷 S 編 第 3號 參照

현재 중앙대학교 전자전기공학부 부교수(로보틱스 및 지능정보 시스템 연구실)