

論文96-33B-2-20

해공간의 매개변수화와 유전자 알고리즘을 이용한 BSB 신경망의 설계

(Design of Brain-State-in-a-Box Neural Networks Using Parametrization of Solution Space and Genetic Algorithm)

尹聖植*, 朴柱榮**, 朴大熙***

(Seong-sik Yoon, Joo-young Park, and Dai-hee Park)

요 약

본 논문은 BSB 신경망을 이용한 자기연상 메모리의 구현을 위하여 새로운 설계기술을 제안한다. 제안된 방법은 전체 해공간의 매개변수화와 유전자 알고리즘을 이용한 최적화를 기반으로 한다. 확립된 방법론의 적용 가능성이 시뮬레이션 예를 통해 보여지고, 그 장점이 실명된다.

Abstract

This paper proposes a new design technique that can be used for BSB(brain-state-in-a-box) neural networks to realize autoassociative memories. The proposed method is based on the parametrization of solution space and optimization using genetic algorithm. The applicability of the established technique is demonstrated by means of a simulation example, which illustrates its strengths.

I. 서 론

뉴우론의 상호결합에 의한 궤환 시스템(feedback system)이 Hebb 규칙에 의해 학습되면 새로운 개념의 기억장치로 활용될 수 있음^[1]이 Hopfield에 의해 보여진 이후, 자기연상 메모리(autoassociative memory)는 신경망의 주요 응용분야의 하나로 자리잡아 왔다. 그러나 이미 널리 알려진 바와 같이, Hopfi-

eld 신경망^[1]은 각각의 원형패턴(prototype pattern)이 전체 시스템의 고정점(fixed point)으로 저장되는 것을 보장하지 못하는 등 현실성있는 자기연상 메모리로 사용되기에는 그 역량이 아직 미흡한 실정이다. 이에 따라, 효과적인 연상기억을 가능하게 해줄 수 있는 대안을 찾기 위해 여러가지 신경망 모델 및 연결 강도 결정방법들이 제시되어 왔는데^[2-10], BSB 신경망(brain-state-in-a-box neural networks)은 이러한 종류의 연구에 있어서 중요한 위치를 차지하는 모델 중 하나이다.

BSB 신경망은 1977년에 Anderson 등에 의해 발표된 모델^[11]인데, 그 이후 궤환 및 상호결합을 이용하는 주요한 신경망으로써 주목받아 왔으며^[12], 이론적으로도 여러가지 흥미있는 특성들을 가지고 있음이 밝혀져 왔다.^[13-14] 그리고 최근에는 자기연상 메모리로서 일정수준의 성능을 보장할 수 있는 BSB 신경망 설계 방법론이 Lillo 등에 의해 제시된 바 있다.^[15]

* 正會員, 高麗大 大學院

(Graduate School of Korea University)

** 正會員, 高麗大 制御計測工學科

(Dept. of Control & Instrumentation Engineering, Korea Univ.)

*** 正會員, 高麗大 電算學科

(Dept. of Computer Science, Korea Univ.)

接受日字:1995年7月7日, 수정완료일:1995年12月29日

보다 효과적인 자기연상의 구현을 추구하는 이러한 방향의 연구들이 궁극적으로 실용성 있는 대안을 제시할 수 있기 위해서는, 다음과 같은 연상 메모리의 기본요건을 충족시킬 수 있어야 한다^[16-17]:

- ① 각 원형패턴이 점근적 안정인 평형점(asymptotically stable equilibrium point)으로 기억될 수 있어야 함.
- ② DOA(domain of attraction)가 조절가능하고 충분히 넓어야 함.
- ③ 원형패턴이 아닌 고정점, 즉 spurious states의 수가 적어야 함.
- ④ 기타: 전역적 안정성(global stability), 학습 및 망각(learning and forgetting) 능력, 고저장율(high storage efficiency) 등.

신경망을 이용한 자기연상 메모리의 구현을 다루는 연구의 대부분은 위의 여러가지 기준들 중 일부 항목에 초점을 맞추어 적당한 해(solution)의 하나를 찾아내는 방식을 취하고 있다. 하지만 기존의 접근방식과는 달리, 설계과정에서 일부 조건을 만족하는 해집단을 일정한 파라미터를 이용하여 매개변수화 할 수 있다면 최적화를 통한 성능향상이 가능해지게 된다. 이러한 관찰은 본 논문이 지향하는 새로운 연상 메모리 설계 방법론의 주요한 기초가 된다.

본 논문에서는 BSB 신경망을 이용하여 효과적인 자기연상 메모리를 설계하는 것을 목적으로, 주요 기본요건을 모두 만족하는 자기연상 메모리의 설계 문제를 일종의 다목적 최적화 문제(multi-objective optimization problem)로 이해하고, 우선 위의 조건 ①을 보장하는 해의 집합을 미리 매개변수화(parametrization) 해두고 나머지 조건들은 매개변수의 변화에 따르는 성능지수의 변화로부터 최적해를 찾는 과정에서 충족시키는 새로운 방법을 모색하였다. 여기에서 제시하는 설계방법은 크게 i) 매개변수화와 ii) 탐색의 두 과정으로 구분될 수 있다. 첫 단계에서는 원형패턴들이 BSB 신경망의 점근안정 평형점이 되도록 해주는 연결강도(weights) 및 바이어스 벡터(bias vectors)들로 이루어지는 집합을 우리가 다루기 쉬운 꼴로 매개변수화한다. 그리고, 다음 단계에서는 그 밖의 기준들 즉 DOA의 크기, spurious states의 수 등의 내용을 고려하는 적당한 성능지수(performance index)를 정의하고 이 지수를 극대화할 수 있는 매개변수를 탐색한다. 이 과정에서는 근래에 파라미터와 목적함수

사이에 미분가능성 등이 확보되기 힘든 문제의 최적화에 널리 사용되고 있는 유전자 알고리즘(genetic algorithm, GA)을 사용한다^[18]. 이상의 두 과정은 BSB 신경망을 이용한 자기연상 메모리의 설계과정에서 주요 기본요건을 최대한 고려할 수 있게 해주는 유용한 도구가 될 수 있다.

본 논문의 내용전개 순서는 다음과 같다. II장에서는 BSB 신경망의 기본원리를 설명하고 해공간의 매개변수화 방법을 제시하며, III장에서는 유전자 알고리즘을 이용한 탐색방법을 소개하고, II장의 결과와 GA를 결합하여 설계방법론을 완성한다. IV장에서는 구체적인 설계예를 통하여 본 연구의 방법론과 기존의 방법론과의 성능비교를 수행하며, 마지막으로 결론과 앞으로의 연구과제가 V장에서 언급된다.

II. BSB 신경망의 기본원리와 해공간의 매개변수화

n 개의 뉴우론으로 이루어지는 BSB 신경망의 동특성은 (1)식의 상태방정식(state equation)으로 표현될 수 있다^[11].

$$x(k+1) = g(x(k) + \alpha Wx(k)), \quad x(0) = x_0 \quad (1)$$

이 식에서 $x(k)$ 는 k 번째 시간스텝에서의 상태벡터로써 n 차원 실수벡터 공간의 원소가 되고, α 는 양수로써 $x(k)$ 의 하중합(weighted sum) $Wx(k)$ 가 다음 시간스텝에서의 $x(k+1)$ 값에 영향을 주는 정도를 제어하는 역할을 하며, $g: R^n \rightarrow R^n$ 는 그 출력의 i 번째 원소 $g_i(\cdot)$ 가 다음과 같이 정의되는 선형포화함수(linear saturating function)이다.

$$g_i(y) = \begin{cases} 1 & \text{if } y_i \geq 1 \\ y_i & \text{if } -1 < y_i < 1 \\ -1 & \text{if } y_i \leq -1 \end{cases}$$

선형포화함수가 갖는 특성에 따라, BSB 모델의 상태 궤적(state trajectories)은 집합 $H_n = [-1, 1]^n$ 위를 움직이게 된다. (1)식으로 표현되는 원래의 BSB 신경망은, 여타의 신경망에서와 마찬가지로 뉴우론 출력값의 하중합에 바이어스(bias)를 더해주는 경우, 더욱 다양한 함수를 나타낼 수 있게 된다. 이러한 효과를 고려하여 바이어스 벡터 b 를 도입하면 (1)식의 원모델은 다음과 같이 수정된다.

$$x(k+1) = g(x(k) + \alpha(Wx(k) + b)) = g((I + \alpha W)x(k) + \alpha b) \quad (2)$$

(1)식의 BSB 모델과 구별하기 위하여, (2)식의 모델은 때로 일반화된 BSB(generalized BSB, GBSB)로 불리우기도 한다. 본 논문에서는 바이어스 벡터 개념이 추가된 (2)식의 모델만을 BSB 신경망이라는 명칭하에 일관되게 사용하기로 한다.

BSB 모델의 평형점(equilibrium point), 점근적 안정성(asymptotic stability) 등의 개념은 다음 식으로 정의되는 매핑 $L: R^n \rightarrow R^n$ 과 $T: R^n \rightarrow R^n$ 를 사용하면 좀 더 간략하게 소개할 수 있다^[15].

$$L(x) = (I + aW)x + ab,$$

$$T(x) = g((I + aW)x + ab) = g(L(x))$$

벡터공간 R^n 에서의 유클리디안 노름(Euclidean norm)을 $\| \cdot \|$ 으로 표기하고, 중심 $y \in R^n$ 과 반경 $\epsilon > 0$ 을 갖는 구를

$$B_\epsilon(y) = \{x \in R^n : \|x - y\| < \epsilon\}$$

와 같이 표현하면, BSB 신경망의 평형점과 안정성 및 점근안정성 등의 개념은 다음과 같이 정의될 수 있다.

정의:

- i) $[-1, 1]^n$ 위의 점 x 가 $T(x) = x$ 를 만족하면, " x 는 BSB 신경망 (2)의 평형점이다"라고 한다.
- ii) BSB 신경망의 평형점 x^* 가 임의의 $\epsilon > 0$ 에 대하여,

$$x(0) \in B_\delta(x^*) \Rightarrow \forall k \geq 0, x(k) \in B_\epsilon(x^*)$$

를 만족하는 $\delta > 0$ 가 존재하는 성질을 가지면, "평형점 x^* 는 안정이다"라고 한다.

- iii) BSB 신경망의 평형점 x^* 가 안정이고, $x(0) \in B_\delta(x^*)$ 이면 $k \rightarrow \infty$ 일 때 $x(k) \rightarrow x^*$ 인 양수 δ 가 존재할 경우, "평형점 x^* 는 점근적 안정이다"라고 한다.

일반적으로 BSB 신경망의 평형점이 점근적 안정인지를 판별하는 것은 간단치 않은 문제이지만, $[-1, 1]^n$ 위의 정점(vertex)에 자리잡은 평형점 $x^* \in \{-1, 1\}^n$ 에 대해서는 손쉬운 판별방법이 존재한다^[15]. 즉 참고 문헌 [15]의 정리 1에 따르면, 정점 $x^* \in \{-1, 1\}^n$ 가

$$(L(x^*))_i, x_i^* > 1, \quad i=1, \dots, n \quad (3)$$

를 만족하면 x^* 는 점근적 안정인 평형점이 된다. 따라서, $\{-1, 1\}^n$ 위의 한점으로 주어지게 되는 각 원형 패턴이 (3)식의 조건을 만족하도록 연결강도 행렬 W 와 바이어스 벡터 b 를 조정해주면, 주어진 각각의 원형패

턴이 BSB 신경망 (2)의 점근적 안정인 평형점으로 자리잡게 됨을 보장할 수 있다. 이와 같이 원형 패턴들이 점근적 안정인 평형점으로 저장될 수 있도록 해주는 W 와 b 의 해공간을 일정한 매개변수(parameters)를 이용하여 표현해 주는 작업이 바로 본 논문의 일차 목적인 "해공간의 매개변수화"이다.

문제(해공간의 매개변수화):

n 개의 뉴uron으로 이루어진 (2)식의 BSB 신경망에 있어서 p 개의 원형 패턴 $s^m \in \{-1, 1\}^n, m = 1, \dots, p$ 각각이 점근적 안정인 평형점이 되도록 해주는 연결강도 행렬 W 와 바이어스 벡터 b 를 모은 해공간(solution space)를 구하라.

위의 문제와 조건 (3)으로부터, 매핑 L 을 정의하는 연결강도 행렬 W 와 바이어스 벡터 b 가 다음 식 (4)를 만족하면 주어진 원형패턴 $s^m, m = 1, \dots, p$ 는 모두 점근적 안정인 평형점이 됨을 보장할 수 있게 된다.

$$(L(s^m))_i, s_i^m > 1, \quad i = 1, \dots, n, \quad m = 1, \dots, p \quad (4)$$

본 장에서는 위의 문제의 요구를 최대한 수용하여 (4)식을 만족하는 전체 해공간을 표현할 수 있는 매개변수화를 먼저 얻고, 다음 단계에서 공학적으로 좀더 다루기 편리한 형태인 단순화된 매개변수화를 구하기로 한다.

① 조건 (4)를 만족하는 모든 해의 표현

(4)식을 만족하는 모든 W, b 의 집합은 다음의 과정을 통해 얻을 수 있다. 우선 확장된 원형패턴(augmented prototype pattern) $[(s^m)^T \ 1]^T$ 을 각 열(column)로 갖는 행렬 S 를 정의한다:

$$S = \begin{bmatrix} s^1 & \dots & s^p \\ 1 & \dots & 1 \end{bmatrix} \in \{-1, 1\}^{(n+1) \times p}$$

조건 (4)를 행렬 S 를 이용하여 달리 표현하면 다음과 같다:

$$[(I + aW) \ ab] S = P \quad (5)$$

단 여기서 행렬 $P \in R^{n \times p}$ 는 다음 조건 i)과 ii)를 만족하는 임의의 행렬이다.

$$i) \begin{cases} p_{jm} > 1 & \text{if } s_j^m = 1, \quad m = 1, \dots, p, \quad j = 1, \dots, n \\ p_{jm} < -1 & \text{if } s_j^m = -1, \quad m = 1, \dots, p, \quad j = 1, \dots, n \end{cases} \quad (6)$$

ii) S 의 행(row)들은 P 의 행공간(row space)을

span함.

행렬 S 의 SVD(singular value decomposition)을 사용하면 (5)식을 만족하는 W 와 b 를 좀더 구체적으로 표현할 수 있다. S 의 SVD는 다음 식과 같이 표현되는데,

$$S = U \Sigma V^T = [U_1 \ U_2] \begin{bmatrix} D & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} V_1^T \\ V_2^T \end{bmatrix} = U_1 D V_1^T$$

여기서 U , V 는 각각 직교행렬(orthogonal matrix)이고, D 는 양수를 대각요소로 갖는 대각행렬이며, $U_1 \in R^{(n+1) \times \text{rank}(S)}$, $U_2 \in R^{(n+1) \times (n+1 - \text{rank}(S))}$ 와 $V_1 \in R^{p \times \text{rank}(S)}$, $V_2 \in R^{p \times (p - \text{rank}(S))}$ 는 각각 U 와 V 의 부분행렬들이다. 위의 결과를 이용하면 (5)식으로부터

$$[I + aW \ ab] U_1 D V_1^T = P$$

가 성립하므로,

$$[I + aW \ ab] U_1 = P V_1 D^{-1}$$

를 얻게 되고 이식으로부터 (4)식을 만족하는 해공간은 다음과 같은 꼴로 표현할 수 있다.

$$[I + aW \ ab] = P V_1 D^{-1} U_1^T + Q U_2^T \quad (7)$$

(여기서 Q 는 임의의 $n \times (n+1 - \text{rank}(S))$ 행렬임) 최종적으로 (7)식의 좌우변을 정리함으로써 조건 (4)를 만족하는 W 와 b 의 전체집합이 얻어지게 된다. 이상의 과정을 통하면 원형패턴들의 접근안정성을 충족시키는 W 와 b 를 (7)식의 p_{ij} , q_n 를 이용하여 매개변수화할 수는 있지만, (7)식의 모양 및 P , Q 에 가해지는 조건 등이 까다로우므로 이 매개변수화는 탐색과정에서 곧바로 활용되기 힘든 단점을 갖는다. 따라서, (7)식을 이용한 매개변수화는 실용적인 의미를 갖는다고 할 수 있다.

② 조건 (4)를 만족하는 해공간의 부분집합에 대한 매개변수화

(7)식의 매개변수화를 얻을 때와는 정반대의 전략, 즉 전체 해공간의 표현을 추구하는 대신 일부 해공간을 다루기 쉬운 형태로 나타낼 수 있는 매개변수화를 생각해 보자. Lillo 등에 의해 얻어진 식^[15]은 이러한 전략의 매개변수화에 대해 좋은 출발점을 제공해 준다. 행렬 B 와 V 가

$$B = [b \ \dots \ b] \in R^{n \times p}, \quad V = [s^1 \ \dots \ s^p] \in (-1, 1)^{n \times p}$$

와 같이 정의되고 V 의 pseudoinverse가 V^+ 로 표기될 때, W 와 b 가 다음 식 (8)을 만족하면 각 원형 패턴 s^m , $m = 1, \dots, p$ 은 점근적 안정인 평형점이 된다^[15].

$$W = (D V - B) V^+ + \Lambda (I - V V^+) \quad (8)$$

여기서 행렬 D 는

$$\forall i, d_{ii} > \sum_{j \neq i} |d_{ij}| \quad (9)$$

를 만족하고, 행렬 Λ 는

$$\forall i, \lambda_{ii} < - \sum_{j \neq i} |\lambda_{ij}| - |b_i| \quad (10)$$

를 만족하며, 벡터 b 는

$$\forall i, d_{ii} < \sum_{j \neq i} |d_{ij}| + |b_i| \quad (11)$$

를 만족한다. (8)식에서는 해공간을 이루는 W 와 b 가 (9)-(11) 조건을 만족하는 파라미터 d_{ij} , λ_{ij} 에 의해 매개변수화되고 있다. 이러한 매개변수를 통한 표현을 곧바로 탐색과정에 이용하고자 할 경우에는 탐색공간이 너무나 고차원이 되는 문제점에 부딪히게 된다. 이러한 문제점을 피하기 위하여 행렬 D 와 Λ 를 각각 $\tau_1 I$ 와 $-\tau_2 I$ 로 대신하면, 탐색공간의 차원을 훨씬 축소시킬 수 있다. 따라서, 조건 (4)를 만족시키는 행렬 W 와 벡터 b 들 중 일부는 다음 식과 같이 간략하게 매개변수화될 수 있다:

$$W = (\tau_1 V - B) V^+ - \tau_2 (I - V V^+) \quad (12)$$

$$0 < \tau_1 < |b_i| < \tau_2, \quad i = 1, \dots, n \quad (13)$$

위의 표현 중 $\forall i, 0 < \tau_1 < |b_i| < \tau_2$ 부분은 조건 (9)-(11)에 $D = \tau_1 I$, $\Lambda = -\tau_2 I$ 를 직접 대입함으로써 얻어진 것이다. 이러한 과정을 거쳐 얻은 파라미터 탐색공간은 비록 저차원의 공간을 형성하지만, 충분한 우수한 해를 포함하는 성질을 가진다.

III. BSB 신경망의 상태해석과 유전자 알고리즘을 이용한 우수해의 탐색

(12)식을 이용한 연결강도 행렬 W 의 표현에 있어서, 파라미터 τ_1 , τ_2 , $b = [b_1 \ \dots \ b_n]^T$ 이 조건 (13)을 만족하면, 일단 각 원형패턴이 점근적 안정인 평형점으로 저장됨은 보장된다. 그러나 DOA의 크기

및 spurious states의 수 등의 성능은 파라미터가 조건 (13)으로 표현되는 공간 내의 어떤 위치를 차지하느냐에 따라 달라진다. 다음에서는 (12)-(13)을 만족하는 파라미터 τ_1, τ_2, b 를 취하는 BSB 신경망 $BSB(\tau_1, \tau_2, b)$ 들 중 충분히 큰 DOA와 작은 수의 spurious states를 갖는 신경망을 찾기 위한 우수해 탐색 방법론을 제시하기로 한다. 이 방법론의 기본골격은 i) $BSB(\tau_1, \tau_2, b)$ 에 대한 상태전이(state transition)과정 해석 ii) DOA 크기와 spurious states의 갯수를 반영한 성능지수의 정의 및 iii) 유전자 알고리즘을 이용한 우수해의 탐색으로 이루어진다.

1. BSB 신경망의 상태전이과정 해석

BSB 신경망을 이루는 뉴우론의 수가 많지 않을 경우에는, 실제로 $[-1, 1]^n$ 위의 각 정점을 초기치로 하여 $x(k)$ 의 전이과정을 관찰함으로써 신경망 $BSB(\tau_1, \tau_2, b)$ 의 성능평가를 위한 기본자료를 제공받을 수 있다. 이러한 전이과정 해석에, 퍼지시스템의 동특성 해석^[19]에 유용하게 사용된 바 있는 unravelling algorithm^[20]을 일부 수정하여 사용하면 필요한 정보를 효과적으로 표현할 수 있는 장점을 취할 수 있다. 즉, $[-1, 1]^n$ 위의 각 정점에서 출발한 상태궤적(state trajectory)이 궁극적으로 어떠한 평형점 또는 리미트 사이클(limit cycle)에 도달하느냐에 따라 정점들을 그룹(group)으로 나누고, 각 정점 $z \in [-1, 1]^n$ 에는 그룹수(group number) $G(z)$ 를 할당한다. 그리고 최종적으로 평형점 z^* 에 도달하는 그룹에 속하는 초기정점 z 들에 대해서는 해밍거리(Hamming distance) $HD(z, z^*)$ 를 기억해 둔다. 이외에도, 필요에 따라 최종 평형점 또는 리미트 사이클에 이르기까지 몇 번의 시간스텝이 소요되었는지를 나타내는 스텝수(step number) $S(z)$, 최종적으로 도달한 주기궤적(periodic motion)의 주기수(periodicity number) $P(z)$ 등을 기록한다. 이러한 과정을 거친 후에 $[-1, 1]^n$ 위의 각 정점 z 가 갖는 $G(z), HD(z, z^*)$ 값을 모두 조사하여 분류하면, 각 정점을 출발한 상태궤적이 궁극적으로 어떠한 평형점 혹은 진동모드에 도달했는지를 분명히 나타낼 수 있다. 이러한 정보로부터 각 원형패턴이 갖는 DOA(domain of attraction)와 spurious state의 위치 등이 구해진다. 그밖에, spurious states의 DOA, 전체 신경망의 수렴속도 및 진동모드의 특성등의 정보도 필요에 따라 얻을 수

있다.

2. 성능지수의 정의

(12)식의 매개변수화 과정에서는 각 원형패턴을 접근적 안정인 평형점으로 기억하게 해주는 BSB 신경망들을 파라미터 τ_1, τ_2, b 를 이용하여 매개변수화된 집합으로 표현하였다. 이제 이 집합의 원소 $BSB(\tau_1, \tau_2, b)$ 가 자기연상 메모리로서 어느 정도의 우수성을 갖는지를 정량적으로 표현하기 위하여 성능지수 $J(\tau_1, \tau_2, b)$ 를 다음과 같이 정의한다.

$$J(\tau_1, \tau_2, b) = 0.8 \frac{1}{p} \sum_{m=1}^p \left(\sum_{i=1}^n w_i \frac{N_i^m}{T_i^m} \right) + 0.2 \frac{1}{1+F} \quad (14)$$

여기서 T_i^m, N_i^m, F, w_i 등은 다음과 같이 정의되는 양수이다:

T_i^m : 원형패턴 s^m 과 해밍거리 i 만큼의 거리를 유지하는 정점들의 갯수.

N_i^m : 원형패턴 s^m 과 해밍거리 i 만큼의 거리를 유지하는 정점들 중 그 상태궤적이 원형패턴 s^m 으로 수렴하는 정점들의 갯수.

F : spurious states의 갯수

w_i : 각 N_i^m / T_i^m 에 곱해지는 무게상수(weighting factor):

$$w_1 = 0.6, w_2 = 0.3, w_3 = w_4 = \dots = 0.1.$$

위의 성능지수는 각 원형패턴이 갖는 DOA의 크기와 spurious states의 갯수, 즉 서론에서 소개된 바 있는 자기연상 메모리의 기본요건 중 ②와 ③에 초점을 맞추고 있다. 성능지수 J 가 사용자의 주관 및 필요에 따라 다양한 형태로 수정될 수 있음은 물론이다.

3. 유전자 알고리즘을 이용한 우수해 탐색

Holland에 의해 제안된 유전자 알고리즘은 자연 생태계의 적자 생존의 원리를 모방한 이론으로써 전역적인 탐색을 통해 주어진 목적함수 $Y=G(X)$ 의 최적화 문제를 해결하기 위한 탐색 알고리즘이다^[18]. 유전자 알고리즘은 평가 함수(evaluation function), 유전 연산자, 그리고 문제의 해를 표현하는 염색체(chromosome)로 구성되며, 이 염색체를 점진적으로 개선시켜 나감으로써 최적의 해를 얻게 된다. 유전자 알고리즘의 유전 연산자에는 재생산(reproduction), 교배(crossover), 돌연변이(mutation)등이 있다. 다음은 일반적인 유전자 알고리즘이다.

- [1] 염색체의 길이를 결정한 후 변수 X 값을 2진수로 표현하여 초기 염색체를 구성한다.
- [2] [1]의 초기 염색체를 사용하여 초기 집단을 구성한다.
- [3] 집단내에 있는 각각의 염색체를 10진수 코드로 변환시킨 다음, 함수 G(X)의 적합도값 (fitness value)을 계산한다.
- [4] 유전자 집단에서 각각의 염색체들은 다시 2진수로 변환되고 적합도값에 비례하여 교배와 돌연변이의 진화과정을 거쳐 새로운 집단을 얻는다.
- [5] 원하는 값이 얻어질 때까지 [3] ~ [4]를 반복한다.

교배는 두 염색체간의 임의의 교차점(cross site)에서 교차가 발생하는 것을 말하며, 교차점은 난수 발생에 의해 구한다. 돌연변이는 부모의 염색체중 임의의 비트가 현재 비트값의 대립되는 값으로 바뀌는 것이다. 즉, 선택된 비트값이 0이면 1로, 1이면 0으로 변환된다. 그림 1은 염색체의 표현 방법을 보여주며, 그림 2는 8 비트 크기의 염색체 X와 Y의 교배를 보여준다. 그리고 그림 3은 임의의 점에서의 돌연변이 연산을 나타낸다.

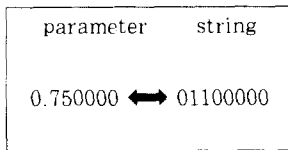


그림 1. 염색체의 표현
Fig. 1. Representation of a chromosome.

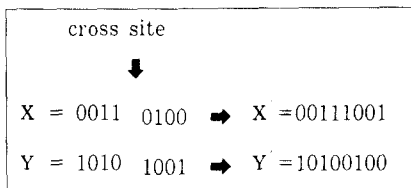


그림 2. 염색체의 교배
Fig. 2. Crossover of chromosomes.

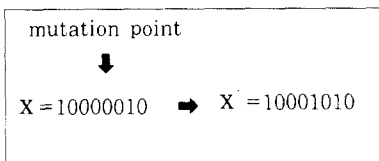


그림 3. 돌연변이
Fig. 3. Mutation.

유전자 알고리즘은 단일해가 아닌 해집단을 사용하므로 전역적인 최적해에 가까운 답을 제시할 수 있는 장점을 가진다.

본 논문이 제시하는 우수해 $BSB(\tau_1, \tau_2, b)$ 의 탐색과정에서는 변수 $\tau_1, \tau_2, b_1, \dots, b_n$ 이 이진 염색체 $X = [T_1 T_2 \beta_1 \dots \beta_n]$ 로 표현된다. 여기서 $T_1, T_2, \beta_1, \dots, \beta_n$ 각각은 10 비트정도의 이진부호로 이루어지는데 이들 중 T_1 과 T_2 는 음이 아닌 정수(integer) $[T_1]_{10}, [T_2]_{10}$ 를 표현하는 이진수이다. 그리고 $\beta_i, i = 1, \dots, n$ 는 각각 부호 비트와 $[0, 1]$ 사이의 이진 소수로 구성된다. 10진수로의 코드 변환 과정에서 T_i 는 일정한 상수 $\gamma_1, \gamma_2 > 0$ 를 이용하여 $[T_i]_{10} \times \gamma_1 + \gamma_2$ 를 취한 후 작은 수가 τ_1 를 생성하고 나머지가 τ_2 를 제공한다. 즉,

$$\begin{aligned} \tau_1 &= \gamma_1 \min \{ [T_1]_{10}, [T_2]_{10} \} + \gamma_2 \\ \tau_2 &= \gamma_1 \max \{ [T_1]_{10}, [T_2]_{10} \} + \gamma_2 \end{aligned} \quad (15)$$

그리고 매개변수 b_i 는 (15)를 통해 얻어진 τ_1, τ_2 와 염색체 X 내의 이진수 β_i 로부터

$$b_i = (\pm 1) [(\beta_i)_{10} \tau_1 + (1 - (\beta_i)_{10}) \tau_2] \quad (16)$$

와 같이 얻는다(여기서 \pm 부호는 β_i 의 부호에 따라 결정됨). 이와 같은 코드변환은 비교적 손쉬울 뿐만 아니라, 교배 및 돌연변이 과정에서 조건 (13)을 만족하지 못하는 염색체가 출현하는 것을 방지해 준다. 다시 말해서 (15)-(16)의 코드변환은 본 논문이 추구하는 제한조건을 갖는 최적화(constrained optimization) 문제를, 마치 제한조건이 없는 경우와 같이 편리하게 다룰 수 있게 만들어 주는 특수한 역할을 한다. 마지막으로, 유전자 알고리즘의 적용과정 중 적합도 값으로는 (14)식에서 정의한 성능지수 $J(\tau_1, \tau_2, b)$ 가 사용되었다.

IV. 시뮬레이션

본 논문을 통해 정립된 설계방법론을 검증하기 위해 10개의 뉴우론을 갖는 BSB 신경망에 6개의 원형패턴을 저장하는 자기연상 메모리 설계문제¹⁵⁾를 고려하였다. 원형패턴을 이루는 이진 벡터들은 다음과 같다:

$$\begin{aligned} s^1 &= [-1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1 \ -1 \ -1 \ -1]^T \\ s^2 &= [1 \ 1 \ -1 \ -1 \ -1 \ 1 \ -1 \ -1 \ 1 \ -1]^T \end{aligned}$$

$$s^3 = [-1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1 \ -1 \ 1 \ -1 \ -1 \ -1]^T$$

$$s^4 = [-1 \ 1 \ -1 \ -1 \ -1 \ -1 \ 1 \ -1 \ 1 \ 1]^T$$

$$s^5 = [1 \ -1 \ -1 \ 1 \ 1 \ -1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1]^T$$

$$s^6 = [1 \ 1 \ -1 \ 1 \ -1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1 \ -1]^T$$

편의상 위의 각 이진벡터를 그에 대응하는 십진수를 이용하여 표기하기로 한다. 즉 벡터의 엔트리(entry) 중 -1을 0으로 바꾼 후 십진수로 바꾸어 주면 본 메모리 설계문제에서 기억하고자 하는 평형점은 각각 267, 456, 496, 622, 786, 860이 됨을 알 수 있다. 본 논문의 III장에 설명된 방법론에 따라 $\alpha = 0.3$, $\gamma_1 = \gamma_2 = 0.05$, 집단크기 30, 세대수 1000, 교배율 0.25, 돌연변이율 0.01로 시뮬레이션을 수행한 결과, 가장 좋은 성능을 갖는 신경망을 제공하는 파라미터의 값은 다음과 같았다:

$$\tau_1 = 2.050, \tau_2 = 3.900.$$

$$b = \begin{bmatrix} -2.915 & 2.546 & -3.831 & 2.999 & 2.774 & -3.245 & 3.498 \\ -2.369 & 3.266 & -3.683 \end{bmatrix}^T$$

위의 파라미터를 사용했을 때의 BSB(τ_1, τ_2, b)는, 같은 문제에 대하여 Lillo 등이 제시한 결과^[15]에 비해 월등한 성능을 보여 주었다. spurious states의 수는 각각 2개로 같았고 DOA의 경우에는 표 1과 2의 비교에서 볼 수 있듯이 크게 향상된 결과를 보여 주었다.

표 1. Lillo^[15] 등에 의해 설계된 BSB 신경망이 갖는 DOA

Table 1. DOA of the BSB model designed by Lillo, et. al.^[15]

HD State \	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
267	1	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0
456	1	10	16	15	12	7	0	0	0	0	0
496	1	4	2	1	0	0	0	0	0	0	0
622	1	6	4	1	0	0	0	0	0	0	0
786	1	7	6	3	0	0	0	0	0	0	0
860	1	7	5	13	13	8	3	1	0	0	0

표 1, 2의 (i,j) 엔트리는 i-번째 원형패턴으로부터 해밍거리 (j-1)을 유지하는 전체 정점들 중 궁극적으로 원형패턴 s^i 에 도달하게 되는 정점들의 수를 의미한다. 따라서 DOA의 관점에서, 각 엔트리의 값이 클수록 우

수한 연상메모리가 된다. Lillo의 논문에서는, DOA와 spurious states의 갯수 등이 BSB 신경망 설계과정에서 고려되기는 하였으나 최적화를 통한 설계 개선에 까지 이르지지는 못하였다. 위의 도표를 통한 비교로부터, 해공간을 편리한 형태로 매개변수화하고 성능지수를 적절히 정의하며 효과적인 최적화 방법론을 적용할 경우에는 더욱 우수한 BSB 신경망의 설계가 가능함을 알 수 있다.

표 2. 제안된 방법론을 이용하여 설계한 BSB 신경망의 DOA

Table 2. DOA of the BSB model designed by the proposed method.

HD State \	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
267	1	10	37	44	31	15	1	1	0	0	0
456	1	10	35	43	26	3	1	0	0	0	0
496	1	10	32	22	8	3	0	1	0	0	0
622	1	10	41	56	37	11	0	0	0	0	0
786	1	10	35	29	11	0	0	0	0	0	0
860	1	10	32	26	5	1	0	0	0	0	0

V. 결론 및 토의

본 논문에서는 BSB 신경망을 이용하여 자기연상 메모리를 설계하는 과정을 다루었다. 이 설계과정이 여타 관련 논문의 경우와 구별되는 점은, 전체 메모리 설계 과정을 다목적 최적화 문제로 인식하여 단계적인 접근을 시도하였다는 점이다. 즉, 첫 단계에서 우선 가장 주요한 목적요소인 원형패턴들의 점근적 안정성 보장을 해공간의 매개변수화를 통해 확보한 다음, 여타의 목적요소를 고려하여 정의된 성능지수를 GA를 이용하여 최적화함으로써 자기연상 메모리의 기본요건을 전반적으로 반영하는 형식을 취하였다. 따라서 본 논문에서 제시하는 해공간의 매개변수화와 유전자 알고리즘을 이용한 BSB 신경망 설계 방법론은 i) 각 원형패턴이 점근적 안정인 평형점이 됨을 완전히 보장하고, ii) DOA와 spurious states의 갯수 측면에서 극대의 효과를 거둘 수 있는 자기연상 메모리의 설계를 가능하게 해준다. 이와 같은 전략은 최근에 발표된 바 있는 BSB 신경망 설계 방법론에 비해 우수한 결과를 제공함이 시뮬레이션을 통해 보여졌다.

본 논문의 방법론이 더욱 완벽한 자기연상 메모리를 제공할 수 있기 위해서는 장치 몇가지 방향으로의 개선이 필요한데, 이를 간략히 설명하면 다음과 같다. 우선, 전체의 뉴uron 갯수가 클 때, 즉 대규모의 BSB 신경망 설계작업에서는 고차원의 상태공간을 다루어야 하므로 III장 1절에서 사용한 상태해석 방법론을 직접 적용하기가 곤란해진다. 이러한 문제점은 대규모 BSB 시스템을 위한 근사해석 방법론의 개발, 혹은 전체의 상태공간에 대한 정보를 필요로 하지 않는 성능지수의 발견 등을 통해 해결될 수 있다. 그리고, 본 논문에서 고려하지 못한 전역적 안정성을 포함한 나머지 기본요건 등에 대한 추가적 고려도 요구된다. 이러한 고려는 이론적 해석이 뒷받침된 새로운 매개변수화 및 성능지수의 변경 등을 통해 이루어질 수 있다. 이상의 내용들이 보완될 때, 본 논문의 방법론은 대규모의 실제적 연상메모리의 설계문제에 도전할 수 있는 길을 열어줄 수 있을 것으로 기대된다.

참 고 문 헌

- [1] J. J. Hopfield, "Neural networks and physical systems with emergent collective computational abilities," in *Proc. Nat. Acad. Sciences*, vol. 79, pp. 2554-2558, 1982.
- [2] L. Personnaz, I. Guyon, and G. Dreyfus, "Information storage and retrieval in spin-glass like neural networks," *J. Physique Letters*, vol. 46, pp. L359-L365, 1985.
- [3] L. Personnaz, I. Guyon, and G. Dreyfus, "Collective computational properties of neural networks: New learning mechanisms," *Phys. Rev., A*, vol. 34, pp. 4217-4228, 1986.
- [4] J. H. Li, A. N. Michel, and W. Porod, "Qualitative analysis and synthesis of a class of neural networks," *IEEE Trans. Circuits Syst.*, vol. 35, pp. 976-986, 1988.
- [5] J. H. Li, A. N. Michel, and W. Porod, "Analysis and synthesis of a class of neural networks: Variable structure systems with infinite gains," *IEEE Trans. Circuits Syst.*, vol. 36, pp. 713-731, 1989.
- [6] J. H. Li, A. N. Michel, and W. Porod, "Analysis and synthesis of a class of neural networks: Linear systems operating on a closed hypercube," *IEEE Trans. Circuits Syst.*, vol. 36, pp. 1405-1422, 1989.
- [7] A. N. Michel, J. Si, and G. Yen, "Analysis and synthesis of a class of discrete-time neural networks described on a closed hypercube," *IEEE Trans. Neural Networks*, vol. 2, pp. 32-46, 1991.
- [8] A. N. Michel, J. A. Farrell, and W. Porod, "Qualitative theory of neural networks," *IEEE Trans. Circuits Syst.*, vol. 36, pp. 229-243, 1989.
- [9] J. A. Farrell and A. N. Michel, "A synthesis procedure for Hopfield's continuous-time associative memory," *IEEE Trans. Circuits Syst.*, vol. 37, pp. 877-884, 1990.
- [10] A. N. Michel, J. A. Farrell, and H. F. Sun, "Analysis and synthesis techniques for Hopfield type synchronous discrete neural networks with application to associative memory," *IEEE Trans. Circuits Syst.*, vol. 37, pp. 1356-1366, 1990.
- [11] J. A. Anderson, J. W. Silverstein, S. A. Ritz, and R. S. Jones, "Distinctive features, categorical perception, and probability learning: Some applications of a neural model," in *Neurocomputing: Foundations of Research*, J. A. Anderson and E. Rosenfeld, Eds. Cambridge, MA: MIT Press, 1988.
- [12] S. Grossberg, "Nonlinear neural networks: Principles, mechanisms, and architectures," *Neural Networks*, vol. 1, pp. 17-61, 1988.
- [13] H. J. Greenberg, "Equilibria of the brain-state-in-a-box(BSB) neural model," *Neural Networks*, vol. 1, pp. 323-324, 1988.

- [14] S. Hui and S. H. Zak, "Dynamical analysis of the brain-state-in-a-box (BSB) neural models." *IEEE Trans. Neural Networks*, vol. 3, pp. 86-94, 1992.
- [15] W. E. Lillo, D. C. Miller, S. Hui and S. H. Zak, "Synthesis of brain-state-in-a-box(BSB) based associative memories." *IEEE Trans. Neural Networks*, vol. 5, pp. 730-737, 1994.
- [16] A. N. Michel and J. A. Farrell, "Associative memories via artificial neural networks." *IEEE Contr. Syst. Mag.*, vol. 10, pp. 6-17, 1990.
- [17] G. Yen and A. N. Michel, "A learning and forgetting algorithm in associative memories: Results involving pseudo-inverses." *IEEE Trans. Circuits Syst.*, vol. 38, pp. 1193-1205, 1991.
- [18] Z. Michalewicz, *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Programs*, 2nd ed. Springer-Verlag, New York, 1994.
- [19] Y. Y. Chen and T. C. Tsao, "A description of the dynamical behavior of fuzzy systems." *IEEE Trans. Syst., Man and Cybernetics*, vol. 19, pp. 745-755, 1989.
- [20] C. S. Hsu and R. S. Guttalu, "An unravelling algorithm for global analysis of dynamical systems: An application of cell-to-cell mappings." *ASME Journal of Applied Mechanics*, vol. 47, pp. 940-948, 1980.

저자 소개



尹 聖 植(正會員)

1971년 12월 1일생. 1994년 고려대학교 제어계측공학과 졸업(공학사). 1994년 3월 ~ 현재 고려대 대학원 정보공학과 석사과정. 주관심분야는 신경망, Gripper 설계 및 제어, 퍼지제어, 강인제어.

유전자 알고리즘 등임



朴 桂 榮(正會員)

1961년 2월 13일생. 1983년 2월 서울대 전기공학과 졸업(공학사). 1992년 8월 University of Texas at Austin 전기 및 컴퓨터 공학과 졸업(공학박사). 1993년 ~ 현재 고려대 제어계

측공학과 조교수. 주관심분야는 신경망, 제어이론, 비선형시스템 등임



朴 大 熙(正會員)

1959년 10월 12일생. 1982년 2월 고려대 수학과 졸업(이학사). 1984년 2월 고려대 대학원 수학과 졸업(이학석사). 1989년 12월 Florida 주립대학 대학원 전산학과 졸업(이학석사). 1992년 5월

Florida 주립대학 대학원 전산학과 졸업(이학박사). 1993년 ~ 현재 고려대 전산학과 조교수. 주관심분야는 퍼지시스템, 신경망, 유전자 알고리즘 등임