

論文99-36C-11-9

PfSGA를 이용한 MLP분류기의 구조 학습 및 수화인식에의 응용

(A Structural Learning of MLP Classifiers Using PfSGA and Its Application to Sign Language Recognition)

金商雲*, 愼晟孝*

(Sang-Woon Kim and Seong-Hyo Shin)

요 약

주어진 응용에 적합한 MLP 분류기의 위상 구조를 효율적으로 학습하기 위하여 종족 유전 알고리즘(SGA)과 파라미터 프리 유전 알고리즘(PfGA)을 결합한 파라미터 프리 종족 유전 알고리즘(PfSGA)을 제안한다. SGA는 전체 탐색 공간을 은닉층 뉴런의 수에 따라 여러 개의 영역(종족)으로 분할한 후, 학습 과정 중 기준에 미달되는 종족에 대해서는 학습을 중단시킴으로써 불필요한 탐색을 줄이는 학습법이다. 그러나 SGA는 돌연변이나 교배 확률 등 학습 파라미터 설정에 따라 분류기의 성능이 달라진다. 따라서 이 논문에서는 SGA와 PfGA를 결합하여 파라미터 설정에 무관하도록 하였다. 벤치마크 데이터와 수화 단어에 대하여 실험한 결과 PfSGA는 기존의 SGA에 비해 학습 시간을 단축시킬 수 있으며, 파라미터의 설정에 영향을 받지 않았다. 또한 기존의 방법에 비해 오인식율과 위상 구조 등에 있어서 효율적임을 확인하였다.

Abstract

We propose a PfSGA(parameter-free species genetic algorithm) to learn the topological structure of MLP classifiers being adequate to given applications. The PfSGA is a combinational method of SGA(species genetic algorithm) and PfGA(parameter-free genetic algorithm). In SGA, we divide the total search space into several subspaces(species) according to the number of hidden units, and reduce the unnecessary search by eliminating the low promising species from the evolutionary process. However the performances of SGA classifiers are readily affected by the values of parameters such as mutation ratio and crossover ratio. In this paper, therefore, we combine SGA with PfGA, for which it is not necessary to determine the learning parameters. Experimental results on benchmark data and sign language words show that PfSGA can reduce the learning time of SGA and is not affected by the selection parameter values on structural learning. The results also show that PfSGA is more efficient than the existing methods in the aspect of misclassification ratio, learning rate, and complexity of MLP structure.

I. 서론

MLP(multi-layered perceptron) 분류기의 학습에 영

* 正會員, 明知大學校 컴퓨터學部

(Div. of Computer Science & Eng., Myongji Univ.)

※ 이 논문은 1999년 韓國學術振興財團의 학술연구비

(과제번호: 1998-001-E00979)에 의하여 지원되었음.

接受日字:1998年9月21日, 수정완료일:1999年10月5日

향을 미치는 위상 구조는 입력층, 은닉층, 출력층 뉴런의 수를 각각 I , H , O 라고 할 때, I 는 특징 차원의 수에 따라 결정되며 O 는 클래스의 수로 결정된다. 그러나, 주어진 응용에 적합한 H 는 설계자의 경험에 의하여 결정되고 있다. 이러한 문제를 해결하기 위하여 GA(genetic algorithm)를 이용하는 방법이 연구되었다^{[1][2]}. 처음에는 GA를 이용하여 MLP의 가중치만을 구하였으나^[1], 점차 위상 문자열과 가중치 문자열을 이용하여 MLP의 구조를 자동적으로 결정하는 연구로 발전하였

다^[2]. 그러나, 이 방법으로 도출한 MLP는 필요 이상의 은닉층 뉴런을 갖고, 또한 완전 연결 구조로써 불필요한 링크를 포함한다. 따라서 꼭 필요한 링크들만을 갖는 선택적 연결의 MLP를 구하는 연구가 이루어졌다^[3]. 그런데 이 방법에서는 가중치뿐만 아니라 은닉층 뉴런의 수 및 링크의 필요 여부까지 학습해야 하기 때문에 학습 시간이 길게 된다.

학습시간을 줄이기 위하여 GA에 종족(species) 개념을 도입하여 최적 구조를 도출할 수 있는 SGA(species genetic algorithm)이 제안되었다^[4]. SGA는 전체 탐색 공간을 은닉층 뉴런의 수 H 에 따라 종족이라고 하는 서브공간으로 분할한 다음, 불필요하다고 판단되는 종족에 대해서는 탐색을 중단함으로써 전체적인 학습 시간을 줄이는 방법이다. 그러나 SGA는 H 에 따라 공간을 분할하기 때문에 I 에 대해서는 최적화시키지 못하게 된다. 이를 해결하기 위하여 주성분 분석 신경망을 이용하여 특징차원을 최적화 한 다음 SGA를 적용하는 방법이 연구되었다^[5]. 그러나 이 방법은 돌연변이 확률, 교배 확률 등의 파라미터 설정과 공간 분할 방법에 따라 학습 속도 및 오인식율 등 분류기의 성능이 달라질 수 있다. 따라서 본 논문에서는 PfGA(parameter-free genetic algorithm)^[6]와 SGA를 결합한 PfSGA(parameter-free species genetic algorithm)을 제안한다.

PfSGA는 SGA의 탐색 공간 분할 및 불필요한 공간 제거 방법과 PfGA의 빠른 학습 속도 및 파라미터의 선택이 불필요하다는 장점을 이용한 방법으로, PfGA와 SGA의 특성을 충분히 나타낼 수 있도록 두 알고리즘을 결합해야 한다. 이를 위해 본 논문에서는 우선 SGA에서와 같이 H 를 기준으로 여러 개의 종족으로 분할한 다음, 각 서브공간을 필요한 링크의 수에 따라 다시 여러 개의 서브공간으로 분할한다. 그리고 각각의 서브공간을 PfGA를 이용하여 학습하도록 한다. PfSGA는 SGA에 비해 공간 분할을 세분화함으로써 종족 내 PfGA의 학습 효율 증가, 불필요한 종족 제거의 신중성, 학습 속도 향상 등의 효과를 볼 수 있다.

본 논문에서는 SGA와 PfGA를 효율적으로 결합하기 위한 한 방법을 제시하고, 여러 종류의 벤치마크 데이터를 이용해 그 성능을 평가한다. 그리고 실제 응용 예로서 수화 영상 통신^[7]을 위한 수화단어 인식에 PfSGA를 적용한 결과에 대하여 보고한다.

II. SGA와 PfGA

1. SGA 학습

주어진 응용에 적합한 MLP의 위상 구조는 은닉층 뉴런의 수 H 와 필요한 가중치 링크의 연결로 압축할 수 있다. 특히 H 를 학습 가능한 최소한의 수로 하는 것이 위상 구조의 복잡도를 줄일 수 있다. SGA^[4]는 적절한 H 를 결정하기 위하여 종족 개념을 이용하였으며, 필요한 링크의 연결은 염색체 내의 위상 문자열을 이용한다. SGA의 주된 학습 방법은 전체 탐색 공간을 H 값에 따라 여러 서브공간으로 분할한 후 이들 중 성공할 가능성이 적은 서브공간은 탐색에서 제외시키는 것이다. 즉, 학습이 불필요하다고 인정되는 은닉층 뉴런의 수에서는 학습을 더 이상 진행시키지 않는다.

그림 1은 SGA의 학습 구조와 서브공간과의 관계를 나타낸다. 여기서 W 는 전체 탐색 공간이며, 이 W 에 의해 $W_1 \sim W_m$ 의 서브공간으로 분할될 수 있다. 이 서브공간들을 학습하기 위하여 SGA에는 전체 m 개의 종족이 있으며, 종족 $S_i(1 \leq i \leq m)$ 는 k 개의 염색체들을 가지고 H 값이 i 인 서브공간 W_i 를 학습한다. 종족 내의 염색체들은 GA 방법에 의해 학습한다.

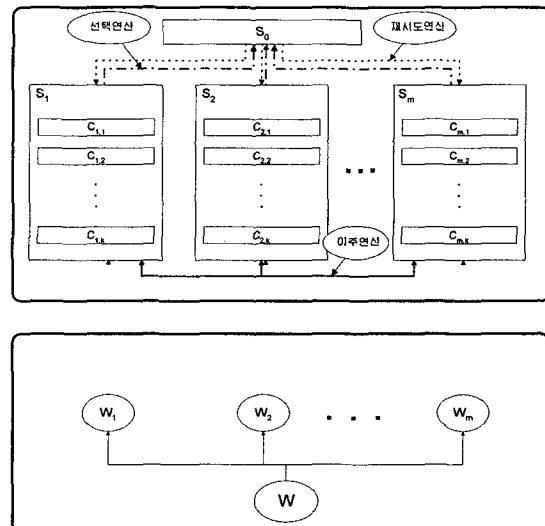


그림 1. SGA의 학습 구조와 공간 분할

Fig. 1. Learning structure and space division of SGA.

SGA에서는 GA의 돌연변이, 교배 등의 유전 연산 이외에 이주(migration), 재시도(reintroduction), 선택

(selection) 등의 유전 연산이 사용된다. 이 연산들은 종족 S_0 에 의해 제어된다. 이주 연산은 한 종족 내의 염색체를 다른 종족으로 옮기는 연산이며, 학습이 부진한 종족 내의 염색체를 다른 종족으로 옮겨 학습이 잘 이루어지는 종족일수록 염색체를 많이 보유할 수 있게 한다. 선택 연산은 각 종족에서 최고 적합도 값을 갖는 염색체를 선택하는 연산이며, 선택된 연산은 S_0 에 저장한다. 재시도 연산은 일정기간 학습이 제대로 이루어지지 않을 경우 기존의 염색체들을 다시 초기화하여 재학습하는 연산이다. 이 때 S_0 에 있는 최고 염색체를 바탕으로 초기화함으로써 그 동안 학습했던 정보들을 유지할 수 있다.

SGA의 염색체 구조는 그림 2와 같다. 여기서 u 는 입력층과 은닉층 사이의 가중치이며, v 는 은닉층과 출력층 사이의 가중치이다. 또한 $f(\cdot)$ 는 태그 비트로써 링크의 연결여부를 나타내며, 가중치 문자열은 각 링크의 가중치를 나타내는 실수 문자열이다.

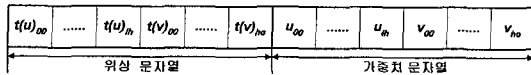


그림 2. SGA의 염색체 구조
Fig. 2. Chromosome structure of SGA.

2. PfGA 학습

PfGA는 기존 GA의 돌연변이 확률, 교배 확률, 초기 염색체의 수 등의 파라미터를 설계자가 지정해야 한다는 단점을 해결하고, 또한 학습하는 동안 염색체의 수가 평균 1~3개로 소량이며, 가변적인 특징을 갖고 있어 학습 시간을 단축할 수 있다^[6]. PfGA의 학습 알고리즘은 그림 3과 같고, 여기서 W 는 전체 학습 공간이며, P 는 염색체 풀(pool)이다. 학습은 그림 내의 번호 순서로 이루어지며, 번호별 수행 내용은 다음과 같다.

①, ②는 W 로부터 임의로 하나의 염색체를 선정하여 P 로, ③은 W 로부터 임의로 두 개의 염색체를 선정하여 C_1, C_2 로 하여 교배연산, ④는 교배로 생성된 자식염색체 중 한 염색체에 대하여 확률 1/2로 돌연변이를 수행, ⑤는 교배로 생성된 2염색체와 C_1, C_2 중에서 선택-도태연산으로 선택된 1~3개의 염색체를 P 로 되돌려준다. ⑥은 P 의 염색체수가 2보다 크거나 같으면 ③으로 가고, 1이면 ②로 간다.

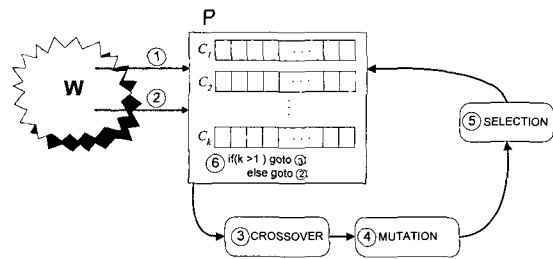


그림 3. PfGA의 학습 구조
Fig. 3. Learning structure of PfGA.

그러나 PfGA는 염색체의 수가 소량이기 때문에 지역적 최소치에 빠질 위험이 있으며, 탐색 공간이 클수록 초기 학습 속도가 느리기 때문에 MLP의 위상구조와 같은 넓은 탐색 공간의 학습에는 적절하지 못하다. 따라서 이 논문에서는 SGA의 탐색 공간 분할 개념과 결합하여 탐색 공간을 여러 개의 작은 공간으로 분할한 후, 각 분할 영역에 PfGA를 적용하는 방법을 제안한다.

III. PfSGA 학습

1. PfSGA의 구조

PfSGA는 SGA의 공간 분할 및 제거와 PfGA의 빠른 학습 속도 및 파라미터 설정의 불필요성을 결합시킨 방법이다. 전체 학습 구조는 SGA의 방법을 이용하나 종족 내의 구조를 달리함으로써 기존의 SGA 성능을 개선시킨다. 우선 SGA로 종족 분할을 수행한 후, 종족 내에 GA를 이용하는 하나의 염색체 풀을 위치시키는 대신, PfGA를 이용하는 여러 개의 염색체 풀을 위치시킨다.

그림 4는 PfSGA의 학습 구조와 각 종족에 할당된 서브공간의 관계를 나타낸 것이다. 그림 1과 그림 4를 비교하면, SGA는 전체 학습 공간을 H 에 의해 m 개로 분할한 후 종족별로 학습하나, PfSGA는 H 에 의해 종족에 할당된 서브공간을 다시 분할하여 여러 개의 염색체 풀에 재배치한다. 즉, PfSGA는 전체 학습 공간을 SGA에 비해 보다 작은 서브공간으로 세분화하여 학습한다. 그리고, 재시도, 선택 연산은 SGA에서와 동일하게 사용되나 이주 연산은 PfSGA의 특성에 맞추어 변형되며(3.3절 참조), 염색체는 SGA와 동일한 구조를 이용한다.

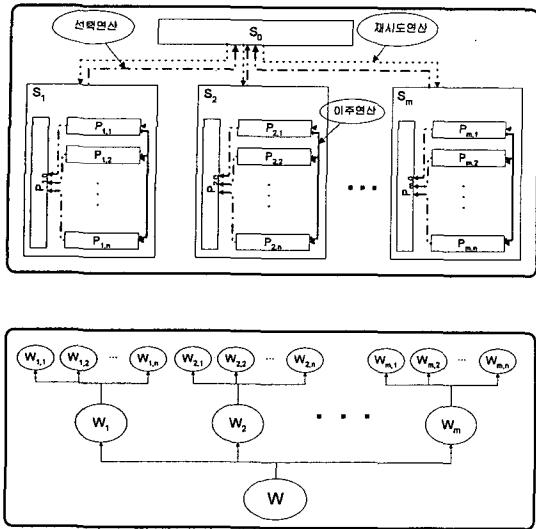


그림 4. PfSGA의 학습 구조와 공간 분할
Fig. 4. Learning structure and space division of PfSGA.

그림 4에서 W 와 W_i 는 SGA에서와 같이 H 값에 의한 공간 분할이다. 그러나 PfSGA는 W_i 를 다시 n 개의 서브공간으로 분할하며 $W_{i,j}(1 \leq i \leq m, 1 \leq j \leq n)$ 로 표기한다. 여기서 n 은 전체 링크의 수인 $(I+O) \times H$ 이 된다. $W_{i,j}$ 로의 분할 기준은 연결되어 있는 링크의 수로 한다. 즉 $W_{i,j}$ 는 W_i 중 위상문자열에서 그 값이 '1'인 비트의 수가 j 개인 서브공간을 의미한다. 또한 종족 S_i 는 n 개의 염색체 풀을 가지고 있으며 $P_{i,j}$ 로 표기한다. 이 $P_{i,j}$ 는 $W_{i,j}$ 영역을 학습하게 되고, 그림 2의 P와 같은 구조로 $C_{i,j,k}$ 인 k 개의 염색체들을 가진다. 여기서 $C_{i,j,k}$ 는 은닉층 뉴런의 수가 i 개, 링크의 수가 j 개인 k 번째 염색체를 뜻한다. 그리고 S_0 는 종족들에 대한 제거 연산을 제어하며, 각 종족마다 $P_{i,0}$ 를 두어 $P_{i,j}$ 들의 제거 및 생성을 제어한다.

2. PfSGA의 학습 알고리즘

PfSGA의 학습 알고리즘은 그림 5와 같다. SGA와 학습 과정과 유사하나, PfGA 학습 알고리즘 및 풀 제거 작업이 추가되었다.

단계 1과 단계 2는 초기화 작업으로써 임의로 종족의 수 m 과 풀의 수 n 을 결정한 후, 학습 세대 t 를 0으로 한다. 단계 3은 PfGA의 ①, ②단계에 해당한다. PfGA에서의 이 연산은 학습하는 동안 빈번히 발생하는데 반하여 전체 탐색 공간에서 임의로 염색체를 추

출하는데 그치고 있다. 그러나 PfSGA에서 $P_{i,j}$ 는 서브공간 $W_{i,j}$ 에서만 염색체를 추출하며, 만약 $W_{i,j}$ 가 불필요한 공간이라고 판단되어 $P_{i,j}$ 가 제거될 경우 $W_{i,j}$ 에서의 염색체 추출은 더 이상 이루어지지 않는다. 즉 탐색이 필요하다고 판단되는 서브공간에서만 염색체를 추출하게 함으로써 불필요한 염색체의 추출을 줄여 학습 효율을 늘릴 수 있다.

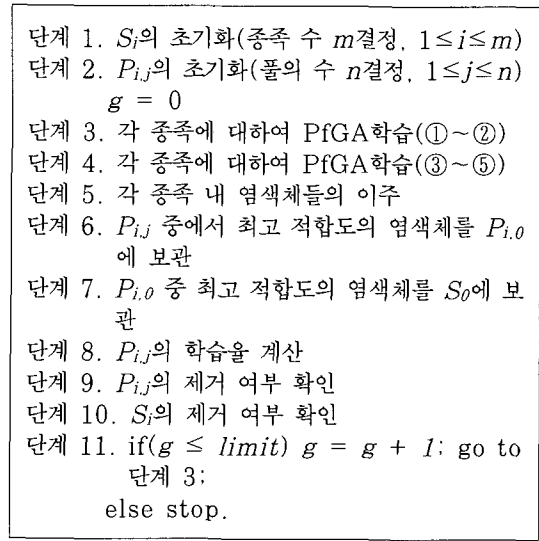


그림 5. PfSGA의 학습 알고리즘
Fig. 5. Learning algorithm of PfSGA.

단계 4는 PfGA의 주 학습 단계인 ③~⑤단계로 각 종족에 대하여 적용한다. 단계 5는 돌연변이, 교배 연산에 의해 변형된 염색체를 적합한 풀로 이주시키는 연산이다. 연결된 링크의 수가 j 개인 $C_{i,j,k-1}$ 과 $C_{i,j,k}$ 를 교배 또는 돌연변이 연산을 수행했을 경우, 이 자식 염색체들의 링크의 수는 항상 j 개가 되지는 않는다. 따라서 자식 염색체의 링크에 수를 갖고 탐색하고 있는 풀로 자식 염색체를 이주시킨다. 만약 해당 풀이 제거되어 있을 경우에는 이 염색체는 자동적으로 제거된다. SGA에서는 이주 확률을 이용하는 반면 PfSGA는 위상문자열의 상태에 따라 이주 연산을 수행한다. 그러나 학습이 잘 이루어지는 풀일수록 염색체의 수를 많게 하고, 학습이 잘 이루어지지 않는 풀일수록 그 수를 줄여 이후 제거되도록 한다는 이주 연산의 기본적인 목적은 동일하다.

단계 6은 $P_{i,j}$ 내 염색체 $C_{i,j,k}$ 들 중에서 적합도 값이 가장 좋은 염색체를 추출하는 단계이며 이 염색체

를 $C_{i,j}(t)$, 적합도 값을 $F_{i,j}(t)$ 라고 한다. $P_{i,j}$ 의 $C_{i,j}(t)$ 들 중 가장 적합도가 큰 염색체를 $P_{i,0}$ 에 $C_i(t)$ 로 저장하며 이 때의 적합도 값을 $F_i(t)$ 로 한다. 여기서 적합도 값은 MLP분류기의 오차를 나타내는 MSE (mean squared error)와 복잡도를 나타내는 엔트로피 (entropy)로 구성하였으며 식 (1)과 같다^[4].

$$F_{i,j,k}(t) = [MSE_{i,j,k}(t) + \lambda \times ENTROPY_{i,j,k}(t)]^{-1} \quad (1)$$

여기서, $F_{i,j,k}(t)$ 는 $C_{i,j,k}(t)$ 의 적합도 값, λ 는 $\lambda_0 L + i, j(t)$, λ_0 는 초기 상수, $L_{i,j}(t)$ 는 $P_{i,j}$ 의 학습율이다. 그리고, $ENTROPY_{i,j,k}(t)$ 는 MLP의 복잡도를 판단하는 기준으로써 식(2)와 같다.

$$ENTROPY_{i,j,k}(t) = - \sum_{i,j} P_{ij} \log_2 P_{ij} \quad (2)$$

$$P_{ij} = |w_{ij}| / \sum_{i,j} |w_{ij}|.$$

단계 7은 전체 염색체들 중에서 적합도 값이 가장 좋은 염색체를 추출하는 단계로써, $F_i(t)$ 들을 상호 비교하여 가장 높은 값을 갖는 염색체를 추출하여 S_0 에 저장한다. 이 염색체와 적합도 값을 각각 $C(t)$ 와 $F(t)$ 로 한다.

단계 8은 $P_{i,j}$ 의 학습율 $L_{i,j}(t)$ 를 계산하는 단계이다. $L_{i,j}(t)$ 는 t세대에서 $P_{i,j}$ 의 학습율로써, 학습 시작으로부터 t세대까지의 학습한 양을 나타내며 식(3)과 같이 계산한다. 식(3)에서 $F_{i,j}(t)$ 는 t세대에서 $P_{i,j}$ 내 최고의 적합도를 갖는 염색체의 적합도 값이다.

$$L_{i,j}(t) = \max(F_{i,j}(t)) - \min(F_{i,j}(t)), \forall t, 0 \leq t \leq t \quad (3)$$

단계 9는 PfSGA 학습에서 풀을 없애는 제거연산이다. 돌연변이, 교배 등의 연산은 매 세대에 이루어지나 제거 연산은 $F_i(t)$ 의 변화에 따라 필요에 의해 종족별로 이루어진다. 풀 제거 연산이 이루어지는 세대를 r_1 이라고 하며 다음의 조건에 의한다.

$$\text{if } (F_i(t) > \alpha \times F_i(r_1 - 1)) \text{ then remove_}P_{ij}();$$

여기서, α 는 1.2~2.0사이의 상수이고, $\text{remove_}P_{ij}()$ 는 학습율이 가장 부진한 풀을 제거하는 함수이다. 이 연산으로 불필요하다고 판단되는 $P_{i,j}$ 가 제거되면 $W_{i,j}$ 가 탐색 공간에서 제외된다.

단계 10은 SGA의 종족 제거 작업으로써 단계 9와 같이 불필요한 영역의 축소를 수행하며, 다음과 같이 이루어진다. 종족의 제거 또한 $F(t)$ 의 변화에 따라 이루어지며, 종족 제거 연산이 이루어지는 세대를 r_2 라고 한다.

$$\text{if } (F(t) > \beta \times F(r_2 - 1)) \text{ then remove_}P_i();$$

여기서, β 는 2.0~4.0 사이의 상수이다. $\text{remove_}P_i()$ 는 학습율이 제일 부진한 종족 S_i 가 제거되며 자동적으로 W_i 의 탐색이 중지된다. 이 때, W_i 를 분할하여 만든 서브공간 $W_{i,j}$ 또한 탐색이 중지된다. 즉, 단계 10은 넓은 단위의 서브 공간, 단계 9는 작은 서브 공간을 제거하는 연산으로써, 단계 10만 수행하는 SGA에 비해 불필요한 공간의 제거가 신중하게 이루어진다.

IV. 실험 및 결과 고찰

1. 실험 데이터 및 실험 방법

제안 방법의 성능 평가를 위하여 표 1과 같은 IRIS, E13B, LETTER의 세 가지 벤치마크 데이터를 사용하였다. 여기서 E13B는 수표에서 사용하는 14가지의 비트맵 문자에 대한 이진패턴이며, LETTER는 여러 폰트의 알파벳에서 16개의 특징을 추출한 실수패턴이다.

표 1. 벤치마크 데이터의 특성

Table 1. Characteristics of benchmark data.

특성 데이터	특징수	클래스 수	패턴의 수		
			전체	학습	테스트
IRIS	4	3	150	75	75
E13B	63	14	5,614	560	5,054
LETTER	16	26	5,200	1,040	4,160

GA, SGA, PfGA, PfSGA의 네 가지 방법에 대하여 실험한 후 그 성능을 비교 평가하였다. Sun sparc/20에서 C언어를 이용하였으며, 실험 결과는 세 가지 데이터에 대해 20~30번씩 반복 수행한 후 평균치를 표현하였다. 각 방법별 실험 파라미터 값들은 다음과 같으며, 실험을 통해 설정하였다.

(1) GA: 전체 염색체 수 = 150, 학습 세대 = 1,000(IRIS), 2,000(E13B, LETTER), 돌연변이 확률 =

0.01, 교배 확률 = 0.7.

(2) SGA: 한 종족의 초기 염색체 수 = 20, 한 종족의 최대 염색체 수 = 100, 학습 세대 = 1,000 (IRIS), 2,000(E13B, LETTER), 돌연변이 확률 = 0.01, 교배 확률 = 0.7, 초기 종족의 수 = 10.

(3) PfGA: 학습 세대 = 100,000(IRIS), 200,000(E13B, LETTER).

(4) PfSGA: 학습 세대 = 5,000(IRIS), 10,000(E13B, LETTER), 초기 종족의 수 = 10, 한 종족(Si)의 초기 풀의 수 $(n) = i \times (I + O)$, $\alpha = 1.3$, $\beta = 2.0$.

실험 조건에서 각 방법 별로 학습 세대를 달리하였다. 이는 각 방법마다 세대 당 소요되는 학습시간이 다르기 때문에, 전체 학습 시간을 동일하게 하기 위함이다.

2. GA와 SGA의 학습 결과 비교

GA와 SGA의 성능을 평가하기 위하여 표 1의 실험 데이터를 같은 시간동안 학습한 후의 결과를 MSE, 오인식율, MLP 분류기의 구조로 나누어 측정하였으며 그 결과는 표 2와 같다. 우선 학습 속도 면을 비교하기 위하여 동일한 시간동안 학습한 후의 MSE를 살펴보았다. 학습이 빨리 이루어지는 방법일수록 많은 오차를 줄일 수 있기 때문에 MSE가 작게 된다. 세 데이터에 대하여 GA가 SGA에 비해 MSE가 큰 것을 볼 수 있다. 특히 LETTER, E13B와 같은 고차원 데이터에 대해서는 GA가 각각 0.054, 0.104인데 비하여 SGA는 각각 0.019와 0.063으로 저차원 데이터인 IRIS에 비해 그 차이가 더욱 큰 것을 보인다. 따라서, 종족에 의한 불필요한 영역의 제거 방법이 학습 속도에 많은 영향을 미친다는 것을 확인할 수 있다.

표 2. GA와 SGA의 성능 비교 H : 은닉층 뉴런의 수, L : 전체링크의 수

Table 2. Performance comparisons of GA and SGA. H : No. of neuron in hidden layer, L : No. of total links.

방법	GA			SGA			
	IRIS	E13B	LETTER	IRIS	E13B	LETTER	
MSE	0.026	0.054	0.104	0.009	0.019	0.063	
오인식율	450	682	27.35	430	484	23.15	
구조	H	2.56	7.01	12.31	2.63	6.58	13.01
	L	12.44	278.42	254.21	12.18	208.91	209.57

오인식율은 GA와 SGA는 큰 차이를 보이지는 않지

만, MLP의 구조 측면을 비교해 보면 많은 차이를 보인다. 본 실험에서 측정한 MLP 구조의 최적화 기준으로 은닉층 뉴런의 수 H와 링크의 수 L로 하였다. 실험 결과, H에서는 큰 차이가 없으나, L에 있어서는 많은 차이를 보인다. 특히, 저차원인 IRIS에서는 별 차이가 없으나, 차원이 큰 E13B와 LETTER의 경우에는 많은 차이를 보여, 고차원의 데이터일수록 SGA가 효과적임을 보인다. 그림 6은 IRIS에 대한 SGA 학습 결과의 MPL 구조로 H=3, L=12인 선택적 연결 구조이다. 그림에서 두 번째 입력 뉴런(I2)과 세 번째 은닉층 뉴런(H3)은 불필요한 뉴런으로, 분류기를 구현할 때 제거할 수 있다.

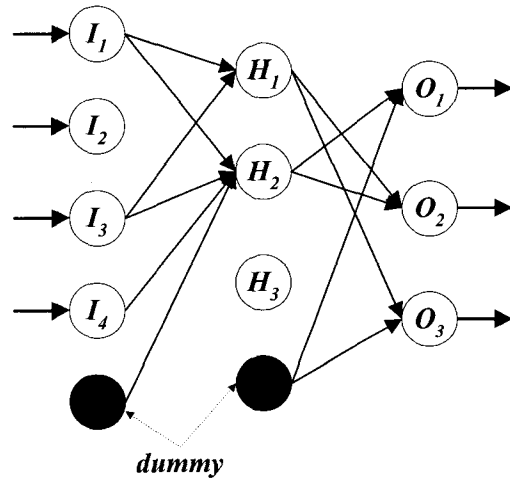


그림 6. IRIS에 대한 MLP 분류기 구조의 예 Fig. 6. Example of a MLP classifier for IRIS.

이와 같은 학습 결과는 SGA는 GA에 비해 오인식율을 저하시키지 않고 빠른 시간내에 최적 또는 준최적의 은닉층 뉴런과 링크를 가진 MLP 구조를 학습할 수 있음을 보인다.

3. PfGA와 PfSGA의 학습 결과 비교

PfGA와 PfSGA의 성능을 평가하기 위하여 SGA의 경우와 같이 학습한 결과를 MSE, 오인식율, MLP의 구조로 나누어 측정하였으며 그 결과는 표 3과 같다. 두 방법 모두 학습 파라미터의 설정이 필요 없는 방법이지만, 종족 개념을 이용한 PfSGA가 그렇지 않은 PfGA에 비해 그 성능이 양호함을 보인다.

교배, 돌연변이 확률 등 파라미터의 설정은 GA와 SGA에 있어서 성능에 영향을 미친다. 특히 돌연변이

확률은 교배 확률보다 성능에 많은 영향을 미친다^{[4],[5]}. 따라서, PfGA와 PfSGA에서는 유전 연산 파라미터를 설정할 필요가 없기 때문에 설계자의 부담을 덜어주게 된다. 즉, 기존의 GA보다 종족 개념을 이용한 SGA가 학습속도, 오인식율, MLP의 구조 등에서 그 성능이 우수하다. 그러나 SGA에서 학습 파라미터 설정이 잘못되었을 경우에는 성능이 저하될 수 있다. 따라서 파라미터의 설정이 필요 없는 PfGA를 이용하는 방법에 대한 실험을 하였으나, 입력 차원이나 클래스가 큰 문제에 대해서는 PfGA가 그 성능을 발휘하지 못하였으며 오히려 기존의 GA보다 성능이 저하되었다. 그러나 PfGA와 SGA를 결합한 PfSGA의 경우에는 SGA보다 성능이 향상되는 것을 확인할 수 있었다.

표 3. PfGA와 PfSGA의 성능 비교 H : 은닉층 뉴런의 수, L : 전체링크의 수

Table 3. Performance comparisons of PfGA and PfSGA H : No. of neuron in hidden layer, L : No. of total links.

방법 항목	PfGA			PfSGA			
	IRIS	E13B	LETTER	IRIS	E13B	LETTER	
MSE	0.029	0.073	0.132	0.009	0.018	0.095	
오인식율	4.60	9.28	30.02	4.30	4.78	21.72	
구조	H	3.15	9.05	14.05	2.55	7.10	13.90
	L	12.70	301.45	294.05	12.15	179.70	179.10

PfGA는 적은 수의 염색체를 이용하여 학습하는 방법이기 때문에 특징의 차원수가 적은 IRIS의 경우에는 GA와 별로 차이가 없지만, 특징의 차원 및 클래스의 수가 많은 E13B, LETTER의 경우에는 비효율적인 것으로 나타났다. XOR 데이터와 같이 작은 탐색 공간에서는 PfGA가 GA보다 학습 속도가 빠르게 나타났지만, 이 논문에서 사용된 데이터와 같은 넓은 탐색 공간에서는 오히려 반대의 결과를 나타내었다. 그러나 PfGA를 SGA와 결합한 PfSGA에서는 PfGA의 특징을 충분히 부각시킬 수 있어 성능이 탁월하게 향상되는 것을 확인할 수 있었다. 이는 SGA를 이용하여 탐색 공간을 분할함으로써 PfGA 염색체 풀이 적은 공간에서 탐색을 수행되도록 하였기 때문이다.

4. 수화 단어 인식에의 응용

본 논문에서 제안한 알고리즘의 실제 응용에 대한 효율성을 고찰하기 위하여 수화 영상 통신의 수화 인

식에 적용하였다. 최근 인터넷상의 아바타(avatar) 통신 및 서로 다른 언어간 언어의 벽을 넘기 위한 방법으로 수화를 이용한 영상통신이 연구되고 있다^[7]. 이 때 실시간 통신을 위하여 수화 동영상을 송수신하는 대신에 각 클라이언트에 수화 애니메이션을 생성하기 위한 캐릭터 모델을 준비하여 놓고 수화 파라미터만을 전송하는 지적 통신 방법을 생각할 수 있다. 본 논문에서는 수화통신을 위한 지적 코딩 방법의 일환으로 PfSGA를 이용하여 수화 파라미터를 인식하는 실험을 수행하고 결과를 고찰하였다.

수화는 손의 모양, 방향, 움직임, 위치로 의미를 전달한다. 수화 모델의 각 관절은 회전할 수 있는 축과 회전할 수 있는 범위가 정해져 있다. 이 때 관절이 회전할 수 있는 축의 수를 자유도라 한다. 손의 위치와 손바닥의 방향을 결정하는 어깨(Shoulder), 팔꿈치(Elbow), 손목(Wrist)의 자유도에 대한 3D 관절각 파라미터 구조는 그림 7과 같다.

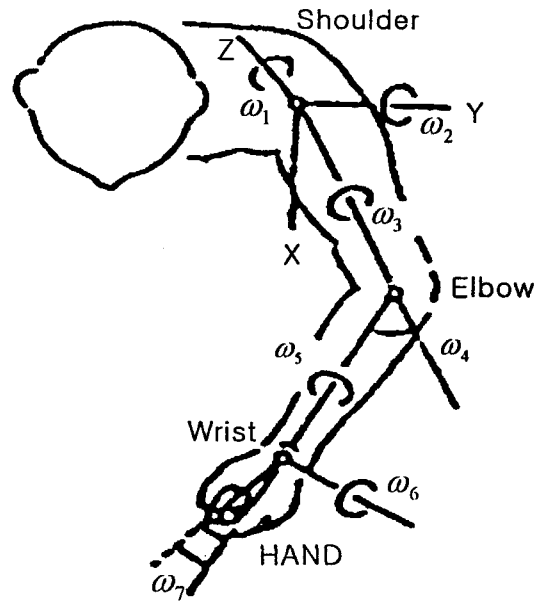


그림 7. 팔 관절각의 자유도
Fig. 7. Degree of freedom of an arm.

그림에서 $\omega_1, \omega_2, \omega_3$ 는 어깨 관절을 중심으로 좌표계를 설정했을 때의 각 축을 중심으로한 회전각이고, ω_4, ω_5 는 팔꿈치 관절의 회전각, ω_6, ω_7 은 손목 관절의 회전각이다. 따라서 한쪽 팔에 7개의 자유도가 있다. 또한 한 손에는 손가락 뿌리 관절에 2개, 손가락 마디 관절에 각 1개씩, 한 손가락에 4개가 존재하므로 모두

20 자유도(=4×5)가 존재한다. 그러므로, 양 쪽 팔에 대해 모두 54(=27×2) 자유도가 존재한다.

본 논문에서는 수화 중 숫자 /1/에서 /9/까지의 지화에 대해서 인식 실험을 수행하였다. 인식 데이터의 입력 차원은 수화의 파라미터 자유도와 같은 54이고, 클래스의 수는 9이다. 또한 학습 데이터로는 500개, 테스트 데이터로는 1,000개를 사용하였다. 이때 학습 및 테스트 데이터는 평균 0, 편차 3의 가우시안 함수로 발생시킨 잡음을 표준 데이터에 더하여 생성하였다.

표 4는 수화 영상 통신을 위한 수화인식에서 각 방법별 오인식율, MSE, MLP의 구조를 비교한 것으로, 표 2와 표 3의 실험 결과와 같은 경향을 보이고 있다.

표 4. 수화 인식률의 비교 H : 은닉층 뉴런의 수, L : 전체링크의 수

Table 4. Comparisons of sign language recognition rate H : No. of neuron in hidden layer, L : No. of total links.

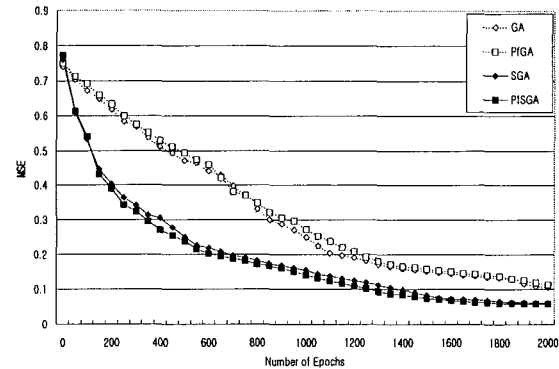
방법 항목	GA	SGA	PfGA	PfSGA	
MSE	0.107	0.062	0.114	0.059	
오인식율	2.10	1.58	2.16	1.55	
구조	H	8	7	9	7
	L	299.20	233.73	308.71	211.68

표 2, 3, 4의 결과를 종합해보면 MSE와 링크의 수와 밀접한 관계를 갖고 있다. MSE를 빨리 줄이는 방법일수록 링크의 수 또한 많이 줄일 수 있다. 특히 입력 차원 및 클래스의 수가 커질수록 이 차이는 현저하게 나타난다.

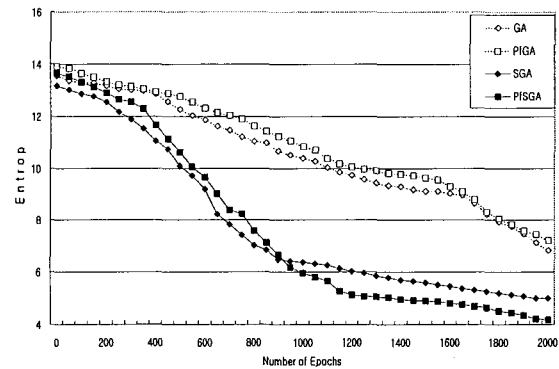
그림 8은 수화 데이터 학습을 위한 MSE와 엔트로피 값의 감소 과정을 나타낸다. 모든 방법이 학습 초기에는 엔트로피 감소율이 정지 상태를 보여 구조를 줄이는 학습은 이루어지지 않고 MSE를 줄이는 학습이 주로 이루어지고, 학습 후반에는 MSE보다는 엔트로피를 줄이는 학습이 주로 이루어진다. 이는 실험에서 설정한 적합도 함수가 학습 초기에는 MSE, 후기에는 구조 학습에 비중을 두게 설정되었기 때문이다. 따라서, 학습 속도가 부진하여 MSE를 줄이는 작업이 늦어지는 방법은 구조를 최적화시키는 속도 또한 느려지게 된다.

그림 8(a)는 SGA와 PfSGA는 학습 초기부터 MSE를 줄이는 작업이 활발하게 이루어지는데 반하여, GA와

PfGA는 이 방법들보다 더디게 진행되는 것을 보여준다. 그림 8(b)는 GA와 PfGA는 엔트로피 학습이 1,400~1,600회 사이에서 시작되는 것에 비해 SGA와 PfSGA는 600~800회 정도부터 이루어지며, 1,500회 정도에 거의 수렴하여 학습이 빠르게 진행됨을 보인다.



(a)



(b)

그림 8. 수화 데이터에 대한 학습과정. (a) MSE의 감소, (b) entropy의 감소

Fig. 8. Learning process for sign language data. (a) reduction of MSE, (b) reduction of entropy.

V. 결론

본 논문에서는 종족 유전 알고리즘 SGA와 파라미터의 설정에 무관한 유전 알고리즘 PfGA을 결합한 PfSGA을 이용하여 MLP분류기의 위상구조를 학습하는 방법을 제안하였다. 세 종류의 벤치마크 데이터를 대상으로 제안 방법의 학습성능을 실험한 결과, SGA와 PfSGA가 GA와 PfGA에 비해 빠른 시간 내에 최적의 위상구조를 선택할 수 있음을 확인하였다. 또한 수화 영상 통신을 위한 수화단어 인식에 적용한 결과 벤치

마크 데이터에서와 같은 결과를 보였다. 실험결과, PfGA 단독으로 학습하였을 경우에는 GA보다 성능이 저하되었으나, SGA와 결합하여 학습한 PfSGA의 경우에는 SGA와 동등한 학습 효과를 보였다. 특히 특징 차원 및 클래스수의 수가 클수록 기존의 방법에 비해 성능이 우수하였으며, PfSGA는 SGA의 단점인 학습 파라미터 설정 문제를 해결하였을 뿐만 아니라 SGA에 비해 성능도 우수함을 보였다.

참 고 문 헌

- [1] H. Kitano, "Empirical studies on the speed of convergence of neural network training using genetic algorithms," Proc. of AAI, pp. 789-795, 1990.
- [2] D. Dasgupta and D. R. McGregor, "Designing application-specific neural networks using the structured genetic algorithm," Proc. of COGANN, pp. 87-96, 1992.
- [3] T. Nagao, T. Agui and H. Nagahashi, "Structural evolution of neural networks having arbitrary connections by a genetic method," IEICE Trans. on Information and Systems, vol. E76-D, no. 6, pp. 689 - 697, Jun. 1993.
- [4] 慎晟孝, 金商雲, "종족 유전 알고리즘을 이용한 MLP분류기의 구조학습," 대한전자공학회논문지-C, 제 35권 제 2호, pp. 112 - 119, 1998. 2
- [5] S. -W. Kim, S. -H. Shin and Y. Aoki, "A structural learning of neural-network classifiers using PCA networks and species genetic algorithms," IEICE Trans. on Fundamentals(EA), vol. E81-A, no. 6, pp. 1183 - 1186, Jun. 1998.
- [6] 澤井 季文, 木津左千夫, 遠藤 哲郎, "파라메타프리-遺傳的 알고리즘과 定常狀態遺傳的 알고리즘과의 성능比較," 電子情報通信學會論文誌, vol. J81-D-II, no. 6, pp. 1455-1459, 1998. 6
- [7] 金商雲, 吳芝英, 青木由直, "인터넷상에 3차원 모델을 이용한 한-일 실시간 수화 통신 시스템의 구축을 위한 기초적인 검토," 대한전자공학회논문지-S, 제36권 제7호, pp. 811-820, 1999. 7

저 자 소 개

金商雲(正會員) 第36卷 S編 第7號 參照
명지대학교 컴퓨터학부 교수

慎晟孝(正會員) 第35卷 C編 第2號 參照
마인드텔 선임연구원