

다중 에이전트 강화학습 기반 특징 선택에 대한 연구

김민우¹, 배진희¹, 왕보현², 임준식^{2*}

¹가천대학교 IT융합공학과 학생, ²가천대학교 컴퓨터공학과 교수

Study for Feature Selection Based on Multi-Agent Reinforcement Learning

Miin-Woo Kim¹, Jin-Hee Bae¹, Bo-Hyun Wang², Joon-Shik Lim^{2*}

¹Student, Division of IT Convergence Engineering, Gachon University

²Professor, Division of Computer Engineering, Gachon University

요약 본 논문은 다중 에이전트 강화학습 방식을 사용하여 입력 데이터로부터 분류에 효과적인 특징 집합을 찾아내는 방식을 제안한다. 기계 학습 분야에 있어서 분류에 적합한 특징들을 찾아내는 것은 매우 중요하다. 데이터에는 수많은 특징들이 존재할 수 있으며, 여러 특징들 중 일부는 분류나 예측에 효과적일 수 있지만 다른 특징들은 잡음 역할을 함으로써 올바른 결과를 생성하는 데에 오히려 악영향을 줄 수 있다. 기계 학습 문제에서 분류나 예측 정확도를 높이기 위한 특징 선택은 매우 중요한 문제 중 하나이다. 이러한 문제를 해결하기 위해 강화학습을 통한 특징 선택 방법을 제시한다. 각각의 특징들은 하나의 에이전트를 가지게 되며, 이 에이전트들은 특징을 선택할 것인지 말 것인지에 대한 여부를 결정한다. 에이전트들에 의해 선택된 특징들과 선택되지 않은 특징들에 대해서 각각 보상을 구한 뒤, 보상에 대한 비교를 통해 에이전트의 Q-value 값을 업데이트 한다. 두 하위 집합에 대한 보상 비교는 에이전트로 하여금 자신의 행동이 옳은지에 대한 판단을 내릴 수 있도록 도와준다. 이러한 과정들을 에피소드 수만큼 반복한 뒤, 최종적으로 특징들을 선별한다. 이 방법을 통해 Wisconsin Breast Cancer, Spambase, Musk, Colon Cancer 데이터 세트에 적용한 결과, 각각 0.0385, 0.0904, 0.1252, 0.2055의 정확도 향상을 보여주었으며, 최종적으로 0.9789, 0.9311, 0.9691, 0.9474의 분류 정확도를 보여주었다. 이는 우리가 제안한 방법이 분류에 효과적인 특징들을 잘 선별하고 분류에 대한 정확도를 높일 수 있음을 보여준다.

주제어 : 특징 선택, 강화 학습, 멀티 에이전트, 분류, 카운터 보상

Abstract In this paper, we propose a method for finding feature subsets that are effective for classification in an input dataset by using a multi-agent reinforcement learning method. In the field of machine learning, it is crucial to find features suitable for classification. A dataset may have numerous features; while some features may be effective for classification or prediction, others may have little or rather negative effects on results. In machine learning problems, feature selection for increasing classification or prediction accuracy is a critical problem. To solve this problem, we proposed a feature selection method based on reinforced learning. Each feature has one agent, which determines whether the feature is selected. After obtaining corresponding rewards for each feature that is selected, but not by the agents, the Q-value of each agent is updated by comparing the rewards. The reward comparison of the two subsets helps agents determine whether their actions were right. These processes are performed as many times as the number of episodes, and finally, features are selected. As a result of applying this method to the Wisconsin Breast Cancer, Spambase, Musk, and Colon Cancer datasets, accuracy improvements of 0.0385, 0.0904, 0.1252 and 0.2055 were shown, respectively, and finally, classification accuracies of 0.9789, 0.9311, 0.9691 and 0.9474 were achieved, respectively. It was proved that our proposed method could properly select features that were effective for classification and increase classification accuracy.

Key Words : Feature Selection, Reinforcement Learning, Multi-Agent, Classification, Counter Reward

*This research was supported by Basic Science Research Program through the National Research Foundation of Korea(NRF) funded by the Ministry of Education(2020R1I1A1A01066599)

*This research was supported by the MSIT(Ministry of Science and ICT), Korea, under the ITRC(Information Technology Research Center) support program(IITP-2021-2017-0-01630) supervised by the IITP(Institute for Information & communications Technology Promotion)

*Corresponding Author : Joon-Shik Lim(jslim@gachon.ac.kr)

Received October 31, 2021

Revised November 9, 2021

Accepted December 20, 2021

Published December 28, 2021

1. 서론

수많은 방법들과 기술들이 새롭게 등장하고 이러한 방법들과 기술들을 통해 데이터들을 수집하는 비용이 감소하면서 사용할 수 있는 변수들의 양이 기하급수적으로 증가하고 있다. 기계 학습 분야에 있어서 기계 학습 모델을 성공적으로 학습시키기 위해선 모델의 예측에 악영향을 주지 않으며 판단에 대한 변동을 최소화하는 특징들을 선별하는 것이 매우 중요하다[1-5]. 또한 이러한 최적화된 특징들은 결과에 대한 해석이나 높은 정확도에 있어서도 긍정적인 영향을 미친다[6, 7]. 기계 학습 영역에 있어서 특징 선택에 대한 연구는 매우 오랜 기간동안 연구되어 왔다. 그 중 대표적인 방법으로는 mRMR[8], Gini Impurity[9], Relief[10] 그리고 유전 알고리즘[11] 등이 있다. mRMR은 두 변수들 간의 상호 정보를 기반으로 특징을 선택하는 방법으로써, 두 개의 변수들이 서로 얼마나 의존적인지를 측정한다. 두번째는 Gini Impurity이다. Gini Index는 불평등의 정도를 나타내는 통계학적 지수이다. Gini Impurity는 Gini Index 이론을 기반으로 등장한 방법으로써, 이 값을 통해 클래스를 잘 구별할 수 있는지에 대한 여부를 알 수 있다. 세번째 방법인 Relief는 특징 공간에서 이웃하는 샘플들의 클래스 정보와 거리를 이용하는 방법이다. 이 방법은 임의의 샘플을 선택하여 선택한 샘플과 같은 클래스를 가지는 샘플과의 거리와 다른 클래스를 가진 샘플과의 거리를 이용하여 특징에 대한 점수를 계산한다. 마지막 방법으로는 유전 알고리즘을 이용한 방법이다. 이 방법은 유전 알고리즘을 통해 특징들의 조합을 만들어내고 만들어진 특징 조합의 적합도 값을 계산하여 문제 해결을 위한 최적의 조합을 찾는 방식이다. 이 경우, 적합도 값을 기계학습 알고리즘을 사용하여 계산한다.

위에서 언급한 특징 선택 방법들은 모두 매우 뛰어난 방법들이다. 하지만 점차 데이터의 복잡성이 증가함에 따라, mRMR이나 Gini Impurity와 같은 선형적인 분석 방법으로는 데이터에 대한 온전한 분석이 어려울 수 있다. Relief 알고리즘과 같은 경우에는 중복에 대한 구별을 하지 않으며 데이터의 양이나 편향에 대한 영향을 쉽게 받는다. 또한 mRMR이나 Gini Impurity 그리고 Relief 알고리즘의 경우, 분류에 효율적인 특징 하위집합이 나오는 것이 아닌 각 특징 별 계수 값이 나온다. 따라서 그러한 방식을 사용하여 최적의 하위집합을 찾기 위해선 추가적으로 SFS(Sequential Forward Search) 방식이나 SBS(Sequential Backward Search) 방식을 사

용하여 찾아내야 한다. 이러한 방식들은 특징의 크기가 클 경우, 많은 시간과 컴퓨팅 파워를 요구한다. 마지막으로, 유전 알고리즘을 이용한 특징 선택 방법은 본 논문에서 제시하는 방법과 유사하다. 하지만 유전 알고리즘의 경우에는 단순히 특징들의 조합을 기준으로 평가하는 반면에 본 논문에서 제안하는 방식은 특징들의 조합을 기준으로 각각의 특징들을 담당하는 에이전트를 학습하는 방법으로 그 방식에 차이가 있다. 강화학습은 최적의 의사 결정을 내릴 수 있는 좋은 방법 중 하나이다[12]. 강화학습을 이용한 특징 선택 방법은 유전 알고리즘을 이용한 특징 선택 방법의 장점 중 하나인 특징 조합에 대한 평가가 가능하다는 점이다. 또한 특징들에 대해서 각각 하나씩 에이전트를 할당하여 에이전트를 학습시키는 방법으로 좀 더 미세한 조정이 가능한 이점이 있다.

이 연구의 목표는 각각의 특징들에게 하나의 에이전트를 배정하여 에이전트의 행동에 의해서 어떠한 데이터 세트에 대해서라도 높은 정확도를 보여줄 수 있는 최적의 특징들을 선택하는 것이다. 데이터의 각 특징들마다 배정된 에이전트들은 각각 Q-value에 의해서 행동을 할지에 대한 여부를 결정한다. 에이전트들의 행동을 통해 보상과 카운터 보상(Counter Reward)를 구하고 두 보상의 비교를 통해 에이전트들의 Q-value를 조정한다. 마지막으로 이러한 방식의 알고리즘을 여러 데이터 세트에 적용하여 본 논문에서 제안한 알고리즘의 성능을 평가한다.

2. 데이터 세트

제안한 알고리즘의 성능 평가를 위하여 총 4가지의 데이터 세트를 사용한다.

- 1) Wisconsin Breast Cancer: 위스콘신 대학에서 제공한 유방암 데이터 세트이다. 데이터의 샘플 수는 총 569개로 212개의 음성과 357개의 양성으로 이루어져 있다. 특징들의 개수는 총 32개로 radius, texture, perimeter 등에 대한 정보가 기록되어 있다[13].
- 2) Spambase: 이 데이터 세트는 Spam인지 Non-Spam인지에 대한 레이블이 지정된 SMS 메시지 데이터 세트이다. 총 4,601개의 샘플들이 있으며, 1,813개의 Spam과 2,788개의 Non-Spam으로 구성되어 있다. 이 데이터 세트에는 총 57개의 특징들이 있으며 특정 문자들이 메시지에 얼마나 나타나는지에 대한 정보들이 기록되어 있다[13].

3) Musk: 이 데이터 세트는 Musk인지 Non-Musk인지에 대한 레이블이 지정된 데이터 세트이다. 데이터 세트에는 1,017개의 Musk 데이터 샘플들과 5,581개의 Non-Musk 데이터 샘플들로 이루어진 6,598개의 샘플들이 있다. Musk 데이터 세트는 총 168개의 특징들을 보유하고 있으나 처음 2개의 특징들은 분자와 형태의 이름을 의미하므로 이 실험에서 제외하였다 [13].

4) Colon Cancer: 프린스턴 대학에서 제공한 대장암 데이터 세트이다. 데이터 세트는 총 2,000개의 특징들과 68개의 샘플들로 구성되어 있다. 각 특징들은 유전자에 대한 정보를 나타내며, 62개의 샘플들은 40명의 정상인과 22명의 암 환자로 이루어져 있다[14].

1, 2, 3번 데이터 세트들은 UCI Machine Learning Repository에서 얻어 사용하였으며, 4번 데이터 세트는 Princeton University Gene Expression Project에서 받을 수 있다. Table 1은 실험 데이터의 구성을 보여준다.

Table 1. Experimental Datasets

Dataset Name	Features	Samples	Classes
Wisconsin Breast Cancer	32	569	2
Spambase	57	4,601	2
Musk	166 (excluding name attributes)	6,598	2
Colon Cancer	2,000	62	2

3. 방법

3.1 정의 및 개요

강화학습을 이용한 특징 선택 방법의 과정을 설명하기에 앞서, 먼저 본 논문에서 제안한 알고리즘의 몇 가지 정의를 소개하고자 한다.

- 1) 에이전트(Agents): 각 특징들마다 하나의 에이전트가 할당된다. 각 에이전트들은 정책에 따라 해당 특징의 사용여부를 결정한다.
- 2) 행동(Actions): 여러 에이전트들은 특징 하위집합을 구성하도록 행동한다. 하나의 에이전트는 두 가지 행동(선택/선택 취소) 중 하나를 수행한다.
- 3) 상태(S, State): 상태는 모든 에이전트들이 수행한 행동의 결과를 의미한다. 이 상태는 에이전트들이 행동을 수행한 후, 나타난 특징 하위집합으로 정의된다.

- 4) 보상(R, Reward) / 카운터 보상(CR, Counter Reward): 보상은 선택된 특징들에 의한 분류 정확도이다. 카운터 보상은 선택되지 않은 특징들에 의한 분류 정확도이다. 두 보상의 값을 비교하여 최종적으로 학습에 참여한 에이전트들은 보상 값을 긍정적이거나 부정적인 보상으로 받게 된다.

Fig 1은 본 논문에서 제안된 특징 선택 방법의 전반적인 개요를 보여준다. 각 특징별로 할당된 에이전트들은 특징을 선택할지에 대한 여부를 결정하고 그에 따른 행동을 취한다. 에이전트들의 행동에 의해서 선택되어진 특징들 사용하여 기계 학습 알고리즘을 통해 분류 정확도를 계산한다. 각 에이전트들은 정확도를 기반으로 구한 보상 값을 이용하여 학습한다.

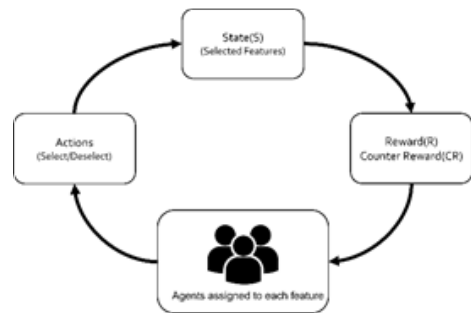


Fig. 1. Overview of Feature Selection Method using Reinforcement Learning

3.2 다중 에이전트 강화학습을 사용한 특징 선택 방법

본 논문에서 제안한 특징 선택 알고리즘은 다음과 같은 방식으로 진행된다.

단계 1: 엡실론-그리디 정책(Epsilon-Greedy Policy)에 사용할 엡실론(ϵ) 값과 학습률을 조절할 알파(α) 값을 설정한다. 그 다음으로 한 에피소드(Episode)가 진행되고 나면 엡실론(ϵ) 값을 감소시킬 엡실론 감소율(Epsilon Decay Rate) 값을 설정한다. 에이전트의 수는 실험을 진행할 데이터 세트의 특징 수와 동일하게 생성되며, 각 에이전트의 초기 Q-value 값은 랜덤하게 설정한다. 마지막으로 에피소드의 값을 설정하여 학습을 반복할 횟수를 정한다.

단계 2: 에피소드가 시작되면 에이전트들은 엡실론-그리디 정책에 의해서 행동을 결정한다. 엡실론(ϵ) 값에 따라 에이전트들은 탐험(Exploration)이나 활용(Exploitation)을 하게 된다. 탐험 행동을 하게 될 경우, 각 에이전트들은 랜덤하게 자신의 행동을 선택하게 된다.

반면에 활용 행동을 하게 될 경우, 에이전트들은 자신들의 Q-value 값에 따라 행동을 수행한다. 에이전트들이 할 수 있는 행동은 0과 1뿐이며, 0은 특징을 선택하지 않는 행동이고 1은 특징을 선택하는 행동이다. Fig 2는 각 특징 별로 배정된 에이전트의 행동들을 보여준다.

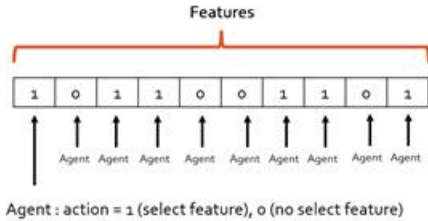


Fig. 2. Actions of Agents assigned to each Features

단계 3: 3번째 단계에서는 에이전트들이 수행한 행동에 의해 선택되어진 특징 하위집합에 대한 분류 정확도 (Accuracy)를 구한다. 이 때, 특징 하위집합은 강화학습 이론에서 말하는 상태(S, State)에 해당하고 선택된 특징들에 의한 분류 정확도는 보상(R, Reward)에 해당한다. 이 단계에서 우리는 보상과 함께 카운터 보상을 구한다. 선택되지 않은 특징들을 카운터 특징(Counter Feature)이라 부르며 카운터 특징을 통해 얻은 보상을 카운터 보상(CR, Counter Reward)이라 한다. 본 논문에서는 R과 CR를 구할 때, 대중적인 기계 학습 알고리즘인 인공신경망(ANN, Artificial Neural Network)를 사용하였다. Fig 3은 보상과 카운터 보상에 대해서 보여준다.

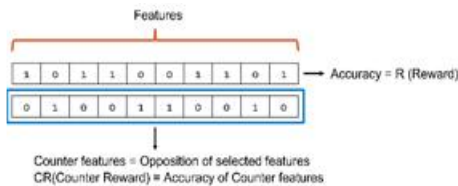


Fig. 3. Reward(R) and Counter Reward(CR) of Selected Features

단계 4: 이 단계에서는 이전 단계에서 구한 보상과 카운터 보상의 비교를 통해 각 에이전트들의 Q-value 값을 업데이트한다. 보상 값이 카운터 보상 값보다 클 경우, 보상 값에 알파(α) 값을 곱하여 각 에이전트가 취한 행동의 Q-value 값에 더한다. 반대의 경우, 보상에 알파(α) 값을 곱하여 에이전트의 Q-value 값에서 빼다. 각 에이전트들의 Q-value 값을 업데이트하고 난 이후에는 엡실론(ϵ) 값에 엡실론 감소율 값을 곱하여 엡실론 값을 감소

시킨다.

단계 5: 마지막으로 사전에 설정한 에피소드의 수만큼 단계 2 ~ 단계 4를 반복한다. 모든 에피소드가 끝나면 최종적으로 분류에 최적화된 특징 하위집합을 출력한다.

위 과정은 알고리즘 1로 표현된다.

```

Algorithm 1. Feature Selection Method using RL
Input: Number of Features: N, Epsilon value:  $\epsilon$ , Learning Rate:  $\alpha$ ,
Number of Episode: E, Epsilon Decay Rate: EDR
1. for n=1 to N do # make Agent
2.     make Agentn
3. End for
4. for i=1 to Number of Agents do # initialize Q values
5.     Q value of Agent,[random value, random value]
6. End for
7. for E=1 to Number of Episode do
8.     for i=1 to N do
9.         if random value >  $\epsilon$  do
10.            Agentido Exploitation
11.         else do
12.            Agentido Exploration
13.         End for
14.         Selected Features = Select Features(Actions)
15.         R = get Reward(Selected Features)
16.         CR = get Counter Reward(Selected Features)
17.         if CR <= R do
18.             for i=1 to Number of Agent do
19.                 Q value of Agent Action +=  $\alpha \times R$ 
20.             End for
21.         else do
22.             for i=1 to Number of Agent do
23.                 Q value of Agent Action -=  $\alpha \times R$ 
24.              $\epsilon = \epsilon \times \text{EDR}$ 
25.         End for
Return Selected Feature Subset
    
```

4. 결과

4.1 실험 구성

제안한 알고리즘의 구성은 다음과 같다. 총 에피소드의 수는 1000이며 초기 엡실론 값은 0.5이다. 하나의 에피소드가 끝나게 되면 엡실론 값에 0.995를 곱하여 그 값을 점점 줄여 나간다. 알파(α) 값은 0.2이다. 언급한 모든 설정 값들은 여러 번의 실험을 진행한 후, 가장 좋은 성능을 보인 설정 값으로 지정하였다. 모든 데이터 셋은 Z-Score 방식을 사용하여 정규화를 진행하였으며 5-겹 교차검증 방식(5-fold Cross Validation) 방식을 사용하여 검증하였다. 검증 수행 시 사용한 기계 학습 알고리즘은 인공신경망(ANN, Artificial Neural Network)이다. 본 실험에서 사용한 인공신경망은 두 개의 은닉층 (Hidden Layers)를 가지고 있으며 각각의 층(Layer)는 5개와 2개의 노드(Node)를 가진다. 활성화 함수 (Activation Function)으로는 ReLU를 사용하였으며 학습률(Learning Rate)은 0.1, 반복 횟수(Epochs)는 10

이다. 언급되지 않은 나머지 변수들은 sklearn 라이브러리[15]에서 제공하는 기본 값을 사용하였다. 위에 기술한 구성은 모든 실험에 동일하게 적용되었으며, 다른 특징 선택 방법에 대해서도 동일한 인공신경망 구성을 기반으로 실험을 진행하였다.

실험 결과에 대해 언급하기 전에, 앞서 언급했듯이, mRMR, Gini Impurity 그리고 Relief 알고리즘은 각 특징 별 점수가 나온다. 따라서 우리는 점수가 가장 높은 순서대로 나열하고 특징들의 수를 하나씩 늘리면서 가장 높은 분류 정확도가 나올 때까지 실험을 진행하는 SFS 방식을 사용하였다.

4.2 실험 결과

Table 2는 각 데이터 세트들에 대해서 서로 다른 특징 선택 방법을 적용하여 실험한 결과이다.

Wisconsin Breast Cancer의 경우, 4가지 특징 방법들과 우리가 제안한 방법의 정확도 차이는 크게 나지 않았지만 mRMR 방법으로 실험했을 때, 가장 높은 정확도를 보였다. 특징 선택을 진행하지 않고 실험을 한 경우에도 0.9404의 준수한 결과를 보였다. 이는 Wisconsin Breast Cancer 데이터 세트의 특징들이 모두 어느 정도 유의미한 특성을 가지고 있다고 볼 수 있다. 또한 Table 2의 결과를 통해 이 데이터 세트에는 선형적인 데이터 분석 방법이 가장 효율이 좋다는 것을 알 수 있다.

Spambase의 경우, 우리가 제안한 알고리즘이 0.9311의 정확도로 가장 좋은 결과를 보여주었다. 다른 실험 결과들에 비해서 유전 알고리즘과 제안한 방법이 높은 정확도를 보여주었다. 이러한 실험들의 결과를 통해, 이 데이터 세트의 경우에는 선형적인 분석 방법보다는 특징들의 조합에 의한 특징 선택 방법이 더 좋은 결과를 보여준다고 볼 수 있다.

Musk 데이터 세트의 경우에도 우리가 제안한 방법이 가장 높은 정확도를 보여주었다. 모든 특징을 사용했을 때에 비해서, 특징 선택을 진행하였을 때 높은 정확도의 향상을 보여주었다. 이는 Musk 데이터 세트에 상대적으로 많은 무의미한 특징들이 포함되어 있다고 볼 수 있다. 또한 유전 알고리즘과 우리가 제안한 방식이 다른 알고리즘에 비해 상대적으로 높은 분류 정확도를 보여주었다. 하지만 mRMR을 사용한 실험의 경우에도 높은 정확도를 보여주는 것으로 보아, Musk 데이터 세트의 특징들과 레이블 간의 선형성을 어느 정도 띄고 있다고 생각할 수 있다.

Colon Cancer 데이터 세트의 경우, 다른 실험들에 비해서 가장 큰 차이를 보여주었다. 선형적 분석 방법을 이용한 특징 선택은 아무런 방법을 사용하지 않았을 때에 비해서 어느 정도 높은 정확도를 보여주었다. 하지만 유전 알고리즘과 우리가 제안한 알고리즘과 같은 조합에 따른 특징 선택 방법이 훨씬 더 월등한 성능을 보여주었다. 또한 유전 알고리즘을 사용한 결과보다 우리가 제안한 특징 선택 방법에 의한 결과의 차이는 0.037로 대략 3.7%의 차이를 보였다. 이는 특징의 조합에 대한 평가와 더불어 특징 각각에 대한 조정이 조금 더 높은 성능을 보여준다고 볼 수 있다.

Table 2. Experimental Datasets and their Results

	Breast Cancer	Spam base	Musk	Colon Cancer
mRMR	0.9867	0.8608	0.9256	0.861
Gini Impurity	0.9687	0.8712	0.8967	0.868
Relief	0.9706	0.8595	0.9012	0.8806
Genetic Algorithm	0.9702	0.9168	0.9312	0.9106
Purposed Method	0.9789	0.9311	0.9691	0.9474
No Use	0.9404	0.8407	0.8439	0.7419

5. 결론

실험 결과를 통해 알 수 있듯이, 우리가 제안한 특징 선택 알고리즘은 대부분의 데이터 세트에 있어서 분류에 효과적인 특징들을 선택하였다. 기존의 특징 선택 방법들도 대부분의 데이터 세트들에 대해서 매우 좋은 성과를 보였지만, 특히 Colon Cancer 데이터 세트와 같이 특정한 관계를 따지기 어려운 데이터 세트에 대해선 우리가 제안한 알고리즘이 놀라운 성과를 보였다. 앞서 언급했듯이, 일반적으로 널리 쓰이는 특징 선택 방법들은 데이터 간의 관계를 따지는 방식들이 많다. 따라서 서로 간의 관계가 미약하지만 여러 특징들이 함께 적용되었을 때 높은 성능을 보이는 데이터에 대해서는 적용하기 어렵다. 또한 그 대안으로 사용되어지는 유전 알고리즘을 사용한 특징 추출 방법은 우리가 추구하는 방향과 매우 유사하지만, 그 역시 특징의 조합 자체에 집중이 되어있다는 한계를 가진다. 본 논문에서 우리가 제안한 알고리즘은 특징의 조합과 더불어 특징 하나하나에 대한 학습을 진행하여 조금 더 유연하게 학습이 가능하다.

하지만 이 알고리즘도 아직까지는 특징의 조합에 좀 더 강한 초점이 맞춰져 있어서 세세한 선택이 잘 이루어지지 않는다. 따라서 우리는 추후 각 에이전트들에 대한 학습 방법을 발전시켜 좀 더 세밀하게 특징을 선택할 수 있도록 발전시킬 계획이다.

REFERENCES

[1] Guyon, I., & Elisseeff, A. (2003). An introduction to variable and feature selection. *Journal of machine learning research*, 3(Mar), 1157–1182.

[2] Cai, J., Luo, J., Wang, S., & Yang, S. (2018). Feature selection in machine learning: A new perspective. *Neurocomputing*, 300, 70–79.

[3] Chandrashekar, G., & Sahin, F. (2014). A survey on feature selection methods. *Computers & Electrical Engineering*, 40(1), 16–28.

[4] Dash, M., & Liu, H. (1997). Feature selection for classification. *Intelligent data analysis*, 1(1–4), 131–156.

[5] Kira, K., & Rendell, L. A. (1992, July). The feature selection problem: Traditional methods and a new algorithm. In *Aaai* (Vol. 2, No. 1992a, pp. 129–134).

[6] Bousquet, O., Boucheron, S., & Lugosi, G. (2003, February). Introduction to statistical learning theory. In *Summer school on machine learning* (pp. 169–207). Springer, Berlin, Heidelberg.

[7] Bermingham, M. L., Pong-Wong, R., Spiliopoulou, A., Hayward, C., Rudan, I., Campbell, H., ... & Haley, C. S. (2015). Application of high-dimensional feature selection: evaluation for genomic prediction in man. *Scientific reports*, 5(1), 1–12.

[8] Peng, H., Long, F., & Ding, C. (2005). Feature selection based on mutual information criteria of max-dependency, max-relevance, and min-redundancy. *IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 27(8), 1226–1238.

[9] Raileanu, L. E., & Stoffel, K. (2004). Theoretical comparison between the gini index and information gain criteria. *Annals of Mathematics and Artificial Intelligence*, 41(1), 77–93.

[10] Kira, K., & Rendell, L. A. (1992). A practical approach to feature selection. In *Machine learning proceedings 1992* (pp. 249–256). Morgan Kaufmann.

[11] Mirjalili, S. (2019). Genetic algorithm. In *Evolutionary algorithms and neural networks* (pp. 43–55). Springer, Cham.

[12] Sutton, R. S., & Barto, A. G. (2018). *Reinforcement learning: An introduction*. MIT press.

[13] Asuncion, A., & Newman, D. (2007). UCI machine learning repository. Available: <http://archive.ics.uci.edu/ml>

[14] Alon, U., Barkai, N., Notterman, D. A., Gish, K., Ybarra, S., Mack, D., & Levine, A. J. (1999). Broad patterns of gene expression revealed by clustering analysis of tumor and normal colon tissues probed by oligonucleotide arrays. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96(12), 6745–6750.

[15] Pedregosa, F., Varoquaux, G., Gramfort, A., Michel, V., Thirion, B., Grisel, O., ... & Duchesnay, E. (2011). Scikit-learn: Machine learning in Python. *the Journal of machine Learning research*, 12, 2825–2830.

김민우 (Min-Woo Kim)

학사학위



· 2019년 8월 : 가천대학교 컴퓨터공학과(공학학사)
 · 2019년 9월 ~ 현재 : 가천대학교 IT융합공학과 석사과정
 · 관심분야 : 통계, 머신러닝, 강화학습
 · E-Mail : minwoo2305@gmail.com

배진희 (Jin-Hee Bae)

학사학위



· 2020년 2월 : 가천대학교 컴퓨터공학과(공학학사)
 · 2020년 3월 ~ 현재 : 가천대학교 IT융합공학과 석사과정
 · 관심분야 : 통계, 머신러닝, 강화학습
 · E-Mail : jhbae1368@gmail.com

왕보현 (Bo-Hyun Wang)

석사학위



· 2008년 2월 : 가천대학교 컴퓨터공학과(공학박사)
 · 2014년 7월 ~ 현재 : 가천대학교 IT대학 컴퓨터공학과 연구교수
 · 관심분야 : DB, 머신러닝, 딥러닝, 강화학습
 · E-Mail : bhwang99@gachon.ac.kr

임준식 (Joon-Shik Lim)

석사학위



· 1995년 3월 ~ 현재 : 가천대학교 IT대학 컴퓨터공학과
 · 관심분야 : 머신러닝, 강화학습, 퍼지 알고리즘
 · E-Mail : jslim@gachon.ac.kr