

# 해공간의 매개변수화와 DOA 성능지수의 최적화를 이용한 BSB 신경망 설계

## Design of BSB Neural Networks Using Parametrization of Solution Space and Optimization of Performance Index on Domain of Attraction

임영희\*, 박주영\*\*, 박대희\*

### ABSTRACT

This paper presents an efficient design method to realize an associative memory with BSB neural networks by means of the parametrization of the solution space and searching for the optimal solution using an evolution program. In particular, the performance index based on DOA analysis in this paper may make an associative memory implementation to reach on the level of practical success.

### I. 서론

효과적인 연상 메모리의 구현을 위해 여러 가지 신경망 모델 및 연결강도 결정 방법들이 제시되어 왔다[1][2][3]. 1977년 Anderson[4] 등에 의해 제안된 BSB(brain-state-in-a-box) 신경망은 이러한 종류의 연구에 있어서 중요한 위치를 차지하는 모델 중 하나이다. 또한 최근에는 Lillo 등 [2] 에 의해 연상 메모리로서 일정 수준의 성능을 보장할 수 있는 BSB 신경망 설계 방법론이 제시된 바 있다. 보다 효과적인 연상 메모리의 구현을 추구하는 이러한 방향의 연구들이 궁극적으로 실용성 있는 대안을 제시할 수 있기 위해서는, 다음과 같은 연상 메모리의 기본 요건들을 충족시킬 수 있어야 한다[1][5]:

- ① 각각의 원형 패턴들이 점근적 안정인 평형점(asymptotically stable equilibrium point)으로 기억될 수 있어야 한다.
- ② 저장된 각 평형점에 대한 DOA(domain of attraction)가 조절 가능하고 충분히 커야 한다.

---

\*고려대학교 자연과학대학 전산학과, \*\*고려대학교 자연과학대학 제어계측공학과

의 크기 50, 세대수 1000, 교배 확률 0.5,  $\tau_1$ ,  $\tau_2$ 에 대한 돌연변이 확률 0.1,  $b_i$ 에 대한 돌연변이 확률 0.03을 사용하였다. 또한 초기 집단의 각 염색체는 난수 발생에 의해  $\tau_1 \in [3, 12]$ ,  $\tau_2 \in [7.5, 30]$ ,  $\beta_i \in [-1, 1]$ ,  $\beta_i \neq 0$ 이 되도록 초기화하였다. 실험 결과 충분한 크기의 DOA를 갖는 최적화된 매개변수는 다음과 같다:

$$\tau_1 = 7.047, \quad \tau_2 = 9.166,$$

$$b = [-7.059 \quad 7.051 \quad -7.088 \quad 7.122 \quad 7.049 \quad 7.048 \quad 7.055 \quad -7.053 \quad 7.048 \quad -7.049]^T$$

다음의 표 1은 Lillo 등[2]에 의해 제시된 연결강도 행렬  $W$ 와 바이어스 벡터  $b$ 를 BSB 신경망에 적용한 결과 발생하는 각 평형점에 대한 DOA를 해밍 거리에 따라 분류한 것이다, 표 2는 본 논문에서 제안된 방법에 의해 찾은 위의 매개 변수 값을 BSB 신경망에 적용한 결과이다.

실험 결과 본 논문에서 제안된 방법의 경우 Lillo 등[2]의 결과보다 DOA가 월등히 커졌으며, 원형 패턴이 아닌 평형점, 즉 의사 원형 패턴은 2개로 Lillo의 결과와 같았다. Lillo 등에 의해 매개 변수화된 전체 해공간을 다루기 쉬운 일부 해공간으로 축소하였음에도 불구하고, 진화 프로그램의 사용으로 인해 보다 우수한 해를 찾을 수 있음을 알 수 있다. 이는 평가 함수를 통한 DOA의 적절한 고려와 단일 해가 아닌 해집단을 통한 탐색의 결과이다. 또한 unravelling algorithm을 응용한 상태 전이 과정 해석을 이용, 정확한 DOA 값을 성능 지수로 사용한 저자들의 이전 연구[6]에 비해 DOA는 다소 떨어지지만, 대규모 신경망의 연상 메모리 구현에 대한 가능성을 제시해 준다.

표 1. Lillo[2]등에 의해 설계된 BSB 신경망의 DOA

HD		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
		원형 패턴	267	1	4	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 2. 본 논문에서 제안된 방법에 의한 BSB 신경망의 DOA

HD		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
		원형 패턴	267	1	10	15	10	3	0	0	0	0
456	1		10	15	5	1	0	0	0	0	0	0
496	1		10	29	38	27	11	0	0	0	0	0
622	1		10	28	28	11	2	0	0	0	0	0
786	1		10	16	10	2	0	0	0	0	0	0
860	1		10	16	2	3	0	0	0	0	0	0

- ③ 원형 패턴이 아닌 고정점, 즉 의사 원형 패턴(spurious state)의 수가 적어야 한다.
- ④ 그밖에 전역적 안정성(global stability), 학습 및 망각 능력(learning & forgetting) 능력, 고 저장율(high storage efficiency) 등을 갖추어야 한다.

신경망을 이용한 연상 메모리의 구현을 다루는 대부분의 연구들은 위의 여러 가지 조건중 일부 항목에만 초점을 맞추어 적당한 해중 하나를 찾아내는 방식을 취하고 있다. 그러나 기존의 접근 방식들과는 달리, 설계 과정에서 일부 조건을 만족하는 해집단을 매개변수화(parametrization)할 수 있고, 이를 최적화할 수 있다면 연상 메모리의 성능 향상을 기대할 수 있다.

본 논문의 저자는 BSB 신경망을 이용하여 위의 주요 기본 요건들을 만족하는 연상 메모리를 구현한 바 있다[6]. 즉 연상 메모리의 설계 문제를 일종의 다목적 최적화 문제(multi-objective optimization problem)로 이해하고, 우선 각 원형 패턴이 점근적 안정인 평형점으로 저장됨을 보장하는 해공간을 매개변수화하고, 다음 과정에서 유전자 알고리즘을 이용하여 DOA는 크고, 의사 원형 패턴의 수는 최소가 되도록 매개 변수를 최적화 하였다. 그러나 각 평형점의 DOA 크기 예측을 위해 사용된, unravelling algorithm[8]을 응용한 상태 전이 과정 해석은 대규모의 신경망을 다룰 경우, 상태 공간내의 정점의 수가 지나치게 많아지므로 이러한 방법은 비현실적이라는 문제점을 안고 있다. 따라서 본 논문에서는 각 원형 패턴이 갖는 DOA를 구하기 위해 연결강도 행렬의 원소들이 DOA의 크기에 미치는 영향을 직접 파악하여 DOA 측면에서 유리한 방향으로 연결강도를 조정함으로써 대규모 신경망에서의 연상 메모리 구현 가능성을 제시한다. 또한 유전자 알고리즘 대신 진화 프로그램을 사용함으로써 매개변수를 이진 문자열(binary string)로의 변형 과정 없이 직접 최적화 과정에 적용하고자 한다.

## II. BSB 신경망과 해공간의 매개변수화

본 논문에서 사용되는 n개의 뉴론으로 구성된 BSB 신경망의 동특성은 다음의 상태 방정식(state equation)으로 표현된다[4].

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

여기서  $x(k)$ 는 k번째 시간 스텝에서의 상태 벡터이고,  $W$ 는 연결강도 행렬이며,  $\alpha$ 는 양수이다. 또한  $g: R^n \rightarrow R^n$ 는 출력의 i번째 원소  $g_i(\cdot)$ 가 다음과 같이 정의되는 선형 포화 함수(linear saturating function)이다:

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

일반적으로 BSB 신경망의 각 평형점이 점근적 안정인지를 판별하는 것은 간단한 문제가 아니지만,  $[-1, 1]^n$  위의 정점에 자리잡은 평형점  $x^* \in (-1, 1)^n$ 에 대해서는 손쉬운 판별 방법이 존재

한다. 즉 정점  $x^* \in \{-1, 1\}^n$ 가

$$(L(x^*))_i x_i^* > 1, \quad i = 1, \dots, n \quad (2)$$

를 만족하면,  $x^*$ 는 점근적 안정인 평형점으로 기억된다[3]. 이때 조건 (2)의 매핑  $L: R^n \rightarrow R^n$ 은  $L(x) = (I + \alpha W)x + ab$ 이다.

Lillo 등[2]에 의해 수식화된 해공간의 매개변수화 과정을 BSB를 이용한 연상 메모리의 최적화 과정에 곧바로 이용할 경우 탐색 공간이 고차원이 되는 문제점이 발생한다. 따라서 행렬  $D$ 와  $\Lambda$ 를 각각  $D = \tau_1 I$ ,  $\Lambda = -\tau_2 I$ 로 변환함으로써 전체 해공간을 다루기 쉬운 일부 해공간으로 축소하고자 한다. 따라서 각 원형 패턴들이 점근적 안정인 평형점으로 저장되는 해공간의 매개변수화 과정은 다음과 같이 변형된다.

$$W = (\tau_1 V - B)V^+ - \tau_2(I - VV^+) \quad (3)$$

$$0 < \tau_1 < |b_i| < \tau_2, \quad i = 1, \dots, n \quad (4)$$

식 (3), (4)에 의해  $n$ 개의 뉴론으로 이루어진 BSB 신경망이  $p$ 개의 원형 패턴들을 각각 점근적 안정인 평형점으로 저장하도록 연결강도 행렬  $W$ 와 바이어스 벡터  $b$ 의 해공간을  $\tau_1$ ,  $\tau_2$ ,  $b_i$ 에 의해 다루기 쉬운 형태로 매개변수화 하였다.

### III. DOA의 근사 해석과 진화 프로그램을 이용한 매개변수의 최적화

#### 3.1 DOA의 근사 해석과 성능 지수의 정의

신경망을 이루는 뉴론의 수가 많지 않을 경우,  $[-1, 1]^n$  위의 각 정점을 초기치로 한  $x(k)$ 의 전이 과정을 관찰함으로써 DOA, 의사 원형 패턴의 수와 같은 신경망의 성능 평가를 위한 유용한 정보를 제공받을 수 있다[6]. 그러나 대규모의 신경망을 다룰 경우, 상태 공간내의 정점의 수가 지나치게 많아지므로 unravelling algorithm[7]을 이용한 상태 전이 과정 해석은 적용이 불가능해진다. 따라서 본 논문에서는 이러한 문제점을 해결하기 위하여 DOA를 정확하게 예측하는 대신, 연결강도 행렬의 원소들이 DOA 크기에 미치는 영향을 직접 파악하여 DOA 측면에서 유리한 방향으로 연결강도들을 변화시킨다. 즉 해공간의 매개변수화 과정에 이용되었던 부등식 (2)에 대한 관찰로부터, DOA는 부등식의 좌변의 크기가 우변보다 얼마나 큰가에 따라 영향을 받게 됨을 알 수 있다. 마찬가지로 부등식 (2)에 대한 관찰로부터 연결강도 원소들중 일부가 다른 항들에 비해 매우 큰 절대치를 갖는 경우에는, 큰 절대치를 갖는 항에 곱해지게 될 원형 패턴의 원소들중 한 비트만 바뀌어도 부등식 (2)가 더 이상 성립하지 않을 수도 있다. 그러므로 연결강도 행렬의 표준편차는 DOA에 영향을 주는 중요한 요소가 될 수 있다. 이러한 정성적인 관찰은 궁극적으로 매개변수가 DOA의 크기에 미치게 되는 영향을 수식화할 수 있게 해준다. 따라서 BSB 신경망이 연상 메모리로서 어느 정도의 우수성을 갖는지를 정량적으로 표현해 주는 성능 지수  $J(\tau_1, \tau_2, b)$ 는 다

음과 같이 정의할 수 있다.

$$J(\tau_1, \tau_2, b) = 10 \times \min\{(L(s^m))_i s_i^m\} - 9.09 \times (W \text{의 표준편차}) \quad (5)$$

### 3.2 진화 프로그램을 이용한 매개 변수의 최적화

#### 3.2.1 염색체의 표현

BSB 신경망을 위한 진화 프로그램의 염색체(chromosome)는 실수 형태이며 다음과 같이 매개 변수  $\tau_1, \tau_2, \beta_i$ 로 이루어진다.

$\tau_1$	$\tau_2$	$\beta_1$	...	$\beta_n$
----------	----------	-----------	-----	-----------

이때 바이어스 벡터  $b_i$ 는 조건 (4)에 의하여 각 염색체의  $\tau_1$ 과  $\tau_2$ 값에 따라 그 범위가 달라지므로,  $b_i$  대신 각 염색체의 유전인자(gene)에  $[-1, 1]$  구간의 값을 가지며, 0이 아닌  $\beta_i$ 를 사용한다. 따라서 바이어스 벡터  $b_i$ 는  $\beta_i$ 로부터 조건 (4)를 만족하도록 다음과 같이 결정된다:

$$b_i = \begin{cases} (\tau_2 - \tau_1)\beta_i - \tau_1, & \text{if } \beta_i < 0 \\ (\tau_2 - \tau_1)\beta_i + \tau_1, & \text{if } \beta_i > 0 \end{cases} \quad (6)$$

#### 3.2.2 유전 연산자

교배 연산의 경우 고전적인 유전자 알고리즘에서 일반적으로 사용되는 단순 교배(simple crossover)를 사용한다. 이는 두 부모 염색체가 난수 발생에 의해 선택된 교차점 이후의 유전인자를 서로 교환함으로써 수행된다. 돌연변이 연산은 진화 프로그램에 지역적 미세 조정 메커니즘(local fine-tuning mechanism)을 제공하는 비균등 돌연변이 연산(non-uniform mutation)을 사용한다[8].

## IV. 실험 방법 및 결과 분석

본 논문에서 제안된 방법의 유용성을 보이기 위해 10개의 뉴론을 갖는 BSB 신경망에 6개의 원형 패턴을 저장하는 연상 메모리[3]를 구현하였다. 기억하고자 하는 원형 패턴은 다음과 같다:

$$\begin{aligned} s^1 &= [-1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1 \ -1 \ -1 \ -1]^T & s^2 &= [1 \ 1 \ -1 \ -1 \ -1 \ 1 \ -1 \ -1 \ 1 \ -1]^T \\ s^3 &= [-1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1 \ -1 \ 1 \ -1 \ -1 \ -1]^T & s^4 &= [1 \ -1 \ -1 \ 1 \ 1 \ -1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1]^T \\ s^5 &= [1 \ -1 \ -1 \ 1 \ 1 \ -1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1]^T & s^6 &= [1 \ 1 \ -1 \ 1 \ -1 \ 1 \ 1 \ 1 \ -1 \ -1]^T \end{aligned}$$

편의상 위의 이진 벡터를 그에 대응하는 십진수를 이용하여 표기하기로 한다. 즉 벡터의 엔트리(entry)중 -1을 0으로 바꾼 후, 십진수로 바꾸면 위의 원형 패턴들은 각각 267, 456, 496, 622, 786, 860이 됨을 알 수 있다. 이러한 연상 메모리의 구현에 사용된 진화 프로그램의 매개 변수는 집단

## V. 결론

본 논문에서는 연상 메모리의 설계 문제를 일종의 다목적 최적화 문제로 이해하고, BSB 신경망에 진화 프로그램을 적용하여 보다 완성된 연상 메모리를 구현하였다. 우선 각각의 원형 패턴이 점근적 안정인 평형점으로 저장되도록 하는 해공간을 다루기 쉬운 형태로 매개변수화하고, 이후 이러한 매개 변수들을 진화 프로그램을 이용하여 DOA가 충분히 커지도록 최적화 하였다. 이때 신경망의 뉴런의 개수가 많지 않을 경우에만 사용 가능한 상태 전이 과정 해석 대신, 연결강도 행렬  $W$ 의 원소들이 DOA 크기에 미치는 영향을 파악하여, 진화 프로그램을 이용하여 DOA 측면에서 유리한 방향으로 연결강도를 조정함으로써 대규모 신경망에서의 연상 메모리 구현의 가능성을 제시한다.

### 참고 문헌

- [1] G. Yen and A. N. Michel, "A learning and forgetting algorithm in associative memories: Results involving pseudo-inverse," *IEEE Trans. Circuits Syst.*, vol. 38, pp. 1193-1205, 1991.
- [2] W. E. Lillo, D. C. Miller, S. Hui, and S. H. Zak, "Synthesis of brain-state-in-a-box(BSB) based associative memory," *IEEE Trans. Neural networks*, vol. 5, no. 4, pp. 576-583, 1994.
- [3] H. Oh and S. C. Kothari, "Adaptation of the relaxation method for learning in bidirectional associative memory," *IEEE Trans. Neural Networks*, vol. 5, no. 4, pp. 576-583, 1994.
- [4] J. A. Anderson, J. W. Silverstein, S. A. Ritz, and R. S. Jones, "Distinctive feature, 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.
- [5] A. N. Michel and J. A. Farrell, "Associative memories via artificial neural networks," *IEEE Contr. Syst. Mag.*, vol. 10, pp. 6-17, 1990.
- [6] 윤성식, 박주영, 박대회, "새로운 방식의 BSB(brain-state-in-a-box) 신경망 설계," *대한전기학회 95년 하계학술대회 논문집*, pp. 971-973, 1995.
- [7] C. S. Hsu and R. S. Guttalu, "An unravelling algorithm for global analysis of dynamical systems: An application of cell to cell mapping," *ASME Journal of Applied Mechanics*, vol. 47, pp. 940-948, 1980.
- [8] Z. Michalewicz, "*Genetic Algorithms + Data Structure = Evolution Programs*," second Ed., Springer-Verlag, 1994.