

# 유전자 알고리즘을 이용한 CDHMM의 최적화

°백창흠\*, 김태우\*, 이기정\*\*, 홍재근\*

\* 경북대학교 전자전기공학부, \*\* 포항대학교 전자계산기과

## An Optimization method of CDHMM using Genetic Algorithms

°Chang-Heum Baek\*, Tae-Woo Kim\*, Ki-Jeoung Lee\*\* and Jae-Keun Hong\*

\* Dept. of Electronics, Kyungpook National University

\*\* Dept. of Electronic Computer Science, Pohang College

wb@palgong.kyungpook.ac.kr

### 요 약

HMM (hidden Markov model)을 이용한 음성인식은 현재 가장 널리 쓰여지고 있는 방법으로, 이 중 CDHMM (continuous observation density HMM)은 상태에서 관측심불확률을 연속확률밀도를 사용하여 표현한다. 본 논문에서는 가우스 혼합밀도함수를 사용하는 CDHMM의 상태전이확률과, 관측심불확률을 표현하기 위한 인자인 평균벡터, 공분산 행렬, 가지하중값을 유전자 알고리즘을 사용하여 최적화하는 방법을 제안하였다.

유전자 알고리즘은 매개변수 최적화문제에 대하여 자연의 진화원리를 모방한 알고리즘으로, 염색체 형태로 표현된 개체군 (population) 중에서 환경에 대한 적합도 (fitness)가 높은 개체가 높은 확률로 살아남아 재생 (reproduction)하게 되며, 교배 (crossover)와 돌연변이 (mutation) 연산 후에 다음 세대 개체군을 형성하게 되고, 이러한 과정을 반복하면서 최적의 개체를 구하게 된다. 본 논문에서는 상태전이확률, 평균벡터, 공분산행렬, 가지하중값을 부동소수점수 (floating point number)의 유전자형으로 표현하여 유전자 알고리즘을 수행하였다. 유전자 알고리즘은 복잡한 탐색공간에서 최적의 해를 찾는 데 효과적으로 적용되었다.

### I. 서 론

HMM에 기반한 음성인식 시스템은 HMM의 파라미터가 maximum likelihood (ML)를 가지도록 훈련되며, 모델의 파라미터를 추정하기 위해 Baum-Welch 추정방법을 사용한다[1]. ML 방법은 데이터의 수가 충분하다는 가정이 필요하다. 훈련데이터가 부족하면 확률값이 지역최대값 (local maximum)에 수렴하는 경우가 많다.

본 논문에서는 복잡한 탐색공간에서 최적의 해를 찾는 문제에 쉽게 적용할 수 있으며 지역최대값에 수렴하는 문제의 해결에 좋은 성능을 보이는 것으로 알려져 있는 유전자 알고리즘[2]을 사용하여 CDHMM의 파라미터를 최적화하였다.

유전자 알고리즘은 최적화하려는 변수를 염색체 형태로 표현한다. 이 염색체들의 집단 (population) 중에서 해결해야 할 문제에 적합한 정도에 따라 적합도 (fitness value)가 계산되며, 각 염색체들은 적합도에 비례해서 다음 세대에 재생산될 확률을 가진다. 유전자 알고리즘에는 선택 (selection), 교배 (crossover), 돌연변이 (mutation) 등의 세 가지 기본적인 연산이 있다. 선택 연산은 적합도에 따라 다음 세대를 결정하기 위한 연산이다. 교배 연산은 염색체간에 서로 정보를 교환하기 위한 연산이고, 돌연변이 연산은 염색체 값을 임의의 값으로 바꾸어 전역적인 탐색이 가능하도록 하는 연산이다. 유전자 알고리즘의 구조를 그림 1에 나타내었다.

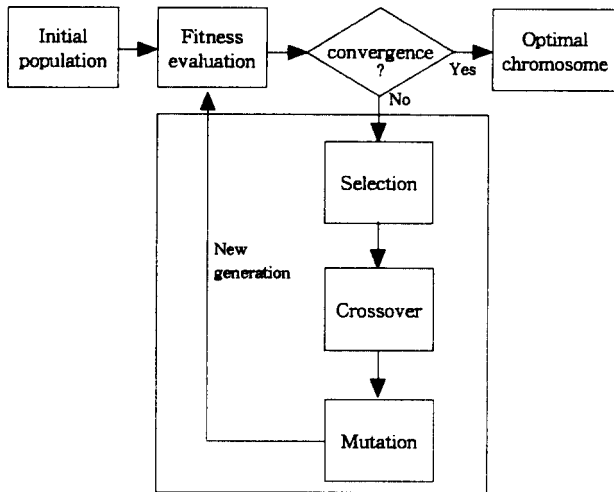


그림 1. 유전자 알고리즘의 구조

초기의 유전자 알고리즘은 염색체를 이진(binary) 형태로 표현하였으며, 값의 미세한 조정에는 어려움이 있었으나 염색체를 부동소수점수 형태로 취하면서 연산이 다양해지고 지역적 미세 조정이 편리하게 되었다[3]. 본 논문에서도 CDHMM의 파라미터를 부동소수점수의 유전자형으로 표현하여 다양한 적합도에 의한 파라미터의 최적화에 적용하였다.

## II. CDHMM

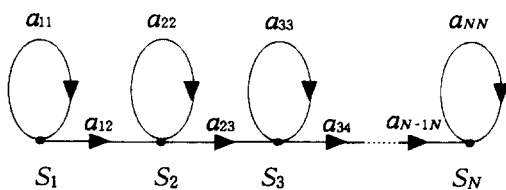


그림 2. 단순 좌우 HMM의 구조

$N$ 개의 상태를 가지는 단순 좌우 HMM의 구조를 그림 2에 나타내었다. HMM은 음성의 특징이 하나의 상태  $i$ 에서 다른 상태  $j$ 로 천이될 확률(상태천이확률,  $a_{ij}$ )과 상태  $j$ 에서 특징벡터  $o_t$ 가 나타날 확률(관측심볼확률,  $b_j(o_t)$ )에 의해 음성을 표현한다. CDHMM의 경우에는 관측심볼확률을 연속확률밀도를 사용하여 표현하며 상태  $j$ , 시간  $t$ 에서 가지 수가  $M$ 개인 경우에 특징벡터  $o$ 의 확률은

$$b_j(o) = \sum_{k=1}^M c_{jk} N(o, \mu_{jk}, U_{jk}) \quad (1)$$

로 표현된다. 여기서  $N$ 은 가우스 혼합밀도함수이고,  $c_{jk}$ 는 가지하중값,  $\mu_{jk}$ 와  $U_{jk}$ 는  $k$ 번째 가지의 평균과 분산이다. 혼련데이터에 의해 단어  $\nu$ 에 대해서 HMM의 파라미터( $\lambda^\nu$ )를 추정된 후에 인식과정에서 음성  $O$ 가 입력된다면

$$\nu^* = \arg \max_{1 \leq \nu \leq V} [P(O | \lambda^\nu)] \quad (2)$$

에 의해 최대의 확률값을 보이는 단어  $\nu^*$ 를 인식하게 된다. 여기서  $V$ 는 단어의 개수이다. 식 (2)의 확률값을 계산하는데는 주로 Viterbi 알고리즘을 사용한다.

## III. 유전자 알고리즘을 이용한 CDHMM의 최적화

### 1. 파라미터의 표현

HMM의 파라미터  $\lambda$ 를 아래의 식 (3)과 같이 상태천이 확률, 가지하중값, 확률밀도함수의 평균과 분산 순서의 염색체로 표현하였다.

$$\lambda = (a_{11}, \dots, a_{NN}, c_{11}, \dots, c_{NM}, \mu_{11}, \dots, \mu_{NM}, U_{11}, \dots, U_{NM}) \quad (3)$$

HMM의 파라미터를 유전자형으로 표현하기 위해서는 몇 가지의 구속조건을 고려해야 한다. 먼저 상태천이 확률  $a_{ij}$ 는

$$\sum_j a_{ij} = 1 \quad (4)$$

의 조건을 가진다. 본 논문에서는 단순 좌우구조 HMM으로 실험했으므로  $a_{ii}$ 를 구한 다음 식 (4)를 이용하여  $a_{i,i+1}$ 를 계산하였다. 가지하중값  $c_{jm}$ 은

$$\sum_m c_{jm} = 1 \quad (5)$$

의 조건을 가지므로 연산이 행해지면 각각의 합으로 나누어야 한다.

## 2. 적합도

염색체의 적합도는 두 종류의 함수를 사용하여 각각 실험하였다. 첫 번째 방법에서  $\nu$  단어의  $p$  번째 후보해  $\lambda_p^\nu$ 의 적합도를

$$f(\lambda_p^\nu) = P(O | \lambda_p^\nu) \quad (6)$$

로 계산하였다. 이 함수는 혼련데이터의 모델에 대한 Viterbi 확률값을 그대로 적합도로 사용한 방법이다. 그리고 두 번째 방법에서 적합도는

$$\begin{cases} f(\lambda_p^\nu) = P(O^{i-\nu} | \lambda_p^\nu) - P(O^{i+\nu} | \lambda_p^\nu), & \text{if } P(O^{i-\nu} | \lambda_p^\nu) > P_{th} \\ f(\lambda_p^\nu) = 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (7)$$

로 계산하였다. 여기서  $O^i$ 는 단어  $i$ 에 속하는 혼련데이터를 의미하며,  $P_{th}$ 는 문턱값이다. 두 번째 방법은 혼련하는 모델에 속하는 혼련단어의 확률값과 속하지 않는 혼련단어의 확률값의 차이를 적합도로 사용한 방법으로,  $P_{th}$ 는 모델에 속하는 단어의 확률값이 일정한 문턱값 이하로 떨어지는 것을 막는 역할을 한다.

## 3. 선택

초기의 유전자 알고리즘은 적합도에 단순히 비례하는 선택방법을 사용하였는데, 적합도 사이에 분산이 큰 초기에 적합도가 높은 소수의 개체들과 이들의 자손들이 개체군내에서 빠르게 증식되기 때문에 다양한 공간을 탐색하지 못하고 조기에 수렴하게 된다. 본 논문에서는 개체를 선택하는 강도를 일정하게 해주는 sigma scaling 방법을 이용하여 선택을 수행하였다. sigma scaling 방법은 시간  $t$ 에서 염색체  $\lambda_p$ 가 다음 세대에 선택될 기대값을 아래의 식 (8)로 표현한다[2].

$$\bar{S}(\lambda_p, t) = \begin{cases} 1 + \frac{f_i(\lambda_p) - \bar{f}_t(\lambda)}{2\sigma_t(\lambda)}, & \text{if } \sigma_t(\lambda) \neq 0 \\ 1, & \text{if } \sigma_t(\lambda) = 0 \end{cases} \quad (8)$$

여기서  $\bar{f}_t(\lambda)$ 는 시간  $t$ 에서 적합도의 평균이고,  $\sigma_t(\lambda)$ 는 적합도의 표준편차이다.

그리고 가장 적합도가 높은 개체 (elite model)는 항상 다음 세대에 선택되도록 하였다. 이것은 유전자 알고리즘에서의 선택이 확률적인 과정에 의해 이루어지기

때문에 최고의 적합도를 가졌다하더라도 다음 세대에 선택되지 않을 수 있기 때문이다. 초기의 elite 모델은 기존의 방법으로 혼련된 HMM을 사용하였다.

## 4. 교배

두 염색체 사이의 교배는 산술교배 (arithmetic crossover) 연산을 사용하였다. 교배는 두개의 개체들에서 서로 정보를 교환하여 새로운 개체를 만들기 위한 연산으로 교배확률 (crossover probability,  $P_c$ )에 의해 임의로 선택된 염색체  $\lambda_p = (p_1, p_2, \dots, p_N)$ 와  $\lambda_q = (q_1, q_2, \dots, q_N)$  간에 교배연산이 행해지면 생성되는 두개의 자손 염색체는

$$\begin{aligned} p_n' &= w \cdot p_n + (1-w) \cdot q_n \\ q_n' &= (1-w) \cdot p_n + w \cdot q_n \end{aligned} \quad (9)$$

이다. 여기서  $w$ 값으로 고정된 수를 사용하거나 임의의 수를 사용할 수 있고,  $n$ 은  $1 \leq n \leq N$ 의 값을 사용하거나 범위내의 임의 값을 사용할 수 있다. 본 실험에서는  $w$ 는 0.7로 고정시켰고, 교배연산의 범위는, 상태천이 확률과 가지하중값은 모든 범위에서, 평균과 분산은 상태가 나누어지는 부분에서 1점 교배 (1-point crossover) 하였다.

## 5. 돌연변이

돌연변이 연산은 돌연변이 확률 (mutation probability,  $P_m$ )에 의해 임의로 선택된 염색체의 값을 임의로 바꾸는 연산이다. 본 실험에서는 불균등 돌연변이 (non-uniform mutation) 연산을 사용하여 초기에는 전역적인 영역을 탐색하고 점차 지역적인 미세조정을 담당하도록 하였다. 선택된 염색체  $\lambda_p = (p_1, p_2, \dots, p_N)$ 에서  $k$ 번째 원소  $p_k$ 가 불균등 돌연변이의 대상으로 선택되고,  $p_k$ 의 정의역이  $[l, u]$ 라면 시간  $t$ 에서 돌연변이 연산에 의해 변화된  $p_k'$ 는

$$p_k' = \begin{cases} p_k' + \Delta(t, u - p_k'), & \text{if a random digit is 0} \\ p_k' - \Delta(t, p_k' - l), & \text{if a random digit is 1} \end{cases} \quad (10)$$

$$\Delta(t, y) = y \cdot (1 - \gamma^{(1-t/T)^b}) \quad (11)$$

가 된다. 여기서  $\gamma$ 는  $0 \leq \gamma \leq 1$ 의 값을 가지는 난수 (random number)이고,  $T$ 는 최대세대수이며,  $b$ 는 불균

동한 정도를 결정하는 상수이다. 본 실험에서는 돌연변이 연산이 행해질 염색체가 선택되면 하나의 상태를 단위로 돌연변이 연산을 수행하였다.

#### IV. 실험 결과

실험에서 개체군의 크기는 50개, 세대수는 100번, 교배 확률은 0.3, 돌연변이 확률은 0.3으로 하였다.

##### 1. 실험 데이터

훈련 및 인식실험에 사용된 데이터는 실험실 환경에서 10명의 화자(남녀 각각 5명)가 발음한 한국 도시명으로 15개의 2음절 도시명을 10회씩 발음한 단어이다. 샘플링 주파수는 12kHz이고, 12bit로 양자화하였다. 300샘플 길이의 Hamming 윈도우를 사용하였고, 100샘플간격으로 이동하며 12차의 LPC-cepstrum을 구하여 특징벡터로 사용하였다.

10명의 화자를 5개의 그룹(각각 남녀 1명)으로 나누어 round-robin 방식으로 인식실험을 하였다.

##### 2. 실험 결과

각 그룹의 인식률을 식 (6)을 적합도로 사용하여 실험한 결과(방법 1)와 식 (7)을 적합도로 사용하여 실험한 결과(방법 2)를 기존의 Baum-Welch 추정방법을 사용하는 경우와 함께 표 1에 나타내었다. 식 (7)을 적합도로 사용하는 경우에, 기존의 방법에서 인식률이 낮았던 그룹들(그룹 1, 2, 5)의 인식성능은 향상되었고, 비교적 인식률이 높았던 그룹들(그룹 3, 4)의 인식률은 변하지 않거나 약간 낮아졌다. 전체적인 인식률은 약간 향상되었다. 식 (7)의 적합도함수에서 문턱값에 따라 인식률에서 약간의 변화가 있었는데 문턱값이 기존방법에서 확률값의 95%로 하였을 때 가장 좋은 결과를 보였다. 식 (6)을 적합도로 사용하는 경우에는 인식률이 높아진 그룹도 있지만 전체적인 인식률은 낮아졌다. 하지만 실험에서 적합도로 사용한 Viterbi 확률값은 전체적으로 상승함을 확인하였다. 이것은 훈련데이터의 HMM에 대한 확률값이 높아지는 것이 인식률의 상승을 의미하는 것은 아니기 때문인 것으로 생각된다.

#### V. 결 론

본 논문에서는 CDHMM의 파라미터를 구하는 방법으

로 유전자 알고리즘을 사용하였다. 유전자 알고리즘은 복잡한 탐색공간에서 해를 찾아내는 문제에 간단하게 적용될 수 있으므로 기존의 방법보다 구현이 간단하고, 적합도를 나타내는 함수를 변형하면서 자신이 원하는 모델을 쉽게 만들 수 있다. 하지만 확실적인 방법에 의존하기 때문에 잘못된 방향으로 진화할 확률도 가지고 있다. 이와 같은 단점은 훈련을 여러 번 수행한 후에 최적의 값을 가지는 모델을 선택한다면 해결할 수 있을 것이다.

표 1. 각 그룹에 대한 인식률

	Baum-Welch method	Genetic algorithm	
		Method 1	Method 2
Group 1	82.7%	84.0%	84.3%
Group 2	81.0%	78.3%	81.3%
Group 3	90.7%	89.3%	90.3%
Group 4	95.7%	94.0%	95.7%
Group 5	74.3%	75.0%	76.0%
Average	84.9%	84.1%	85.5%

#### 참 고 문 헌

- [1] L. R. Rabiner, "A tutorial on hidden Markov model and selected applications in speech recognition," *Proc. IEEE*, vol. 77, no. 2, pp. 257-286, Feb. 1989.
- [2] M. Mitchell, *An Introduction to Genetic Algorithms*, The MIT Press, 1996.
- [3] Z. Michalewicz, *Genetic Algorithms + Data Structures = Evolution Program*, Springer-Verlag, 1995.
- [4] 장수현, 윤병주, "유전자알고리즘에서의 실수처리 방법 비교," *정보처리논문지*, 제5권, 제2호, pp. 361-371, 1998년 2월.
- [5] B. H. Juang, W. Chou and C. H. Lee, "Minimum classification error rate methods for speech recognition," *IEEE Trans. on Speech and Audie Processing*, vol. 5, no. 3, pp. 257-265, May 1997.
- [6] C. W. Chau, S. Kwong, C. K. Diu and W. R. Fahmer, "Optimization of HMM by a genetic algorithm," *Proc. ICASSP 97*, pp. 1727-1730.