유전자 알고리즘을 이용한 효율적인 패턴 분류 시스템 구현

이호현°, 최용호, 서원택, 조범준,
조선대학교 컴퓨터공학과

The implementation of efficient pattern classification system using the gene algorithm

Ho-hyun Lee *, Yong-ho Choi *,Won-taek Seo *, Beom-Joon Cho *,
*Deft of Computer Engineering, Chosun University, Kwangju 501-759, Korea
E-mail : mctms@msn.com, peanuts@chosun.ac.kr,
wontagi@chosun.ac.kr,bjcho@chosun.ac.kr

요 약

현재 많은 관심의 대상이 되고 있는 데이터 마이닝은 대용량의 데이터베이스로부터 일정한 패턴을 분류하여 지식의 형태로 추출하는 작업이다. 데이터 마이닝의 대표적인 기법인 군집화는 군집내의 유사성을 최대화하고 군집들간의 유사성을 최소화 시키도록 데이터 집합을 분할하는 것이다. 데이터 마이닝에서 군집화는 대용량 데이터를 다루기 때문에 원시 데이터에 대한 접근 횟수를 줄이고 알고리즘이 다루어야 할 데이터 구조의 크기를 줄이는 군집화 기법이 활발하게 사용된다. 그런데 기존의 군집화 알고리즘은 잡음에 매우 민감하고, local minima에 반응한다. 또한 사전에 군집의 개수를 미리 결정해야 하고, initialization 값에 따라 군집의 성능이 좌우되는 문제점이 있다. 본 연구에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 자동으로 군집의 개수를 결정하는 LONGEPRO 알고리즘을 제안하고, 여기서 제시하는 적합도 함수의 최적화된 군집을 찾아내여 조금더 효율적인 알고리즘을 만들어 대용량 데이터를 다루는 데이터 마이닝에 적용해 보려 한다.

1. 서론

현재 관심의 대상이 되고 있는 데이터 마이닝은 대용량의 실재 데이터로부터, 미리 알려지지 않았지만 잠재적으로 유용한, 암시적인 정보를 발굴하는 작업이라는 의미이다. 정보를 발굴하는 작업이라는 말은 수 많은 데이터로부터 의미 있는 정보 패턴을 분류해 내어 이것을 지식의 형태로 추출 하는 것이다. 여기서 데이터를 분류해내는 것은 군집화를 이루어 내는 것과도 같다. 데이터 마이닝의 대표적인 기법인 군집화는 군집내의 유사성을 최대화하고, 군집들간의 유사성을 최소화 시키도록 데이터의 집합을 분할하는 것이다. 대용량의 데이터베이스에서 최적의 효율화를 내기 위해서는 원시데이터에 대한 접근 횟수를

줄이고, 이것을 알고리즘이 적용 대상이 데이터 구조의 크기를 줄이는 군집화 기법에 많은 관심이 보이고 있다. 본 연구에서는 군집화에 유전자 알고리즘을 적용한다 특히 유전자 알고리즘 성능에 영향이 많은 여러가지 함수를 적용하여 이에 유전자 알고리즘내에서 최적의 군집화를 이끌어내는 함수를 찾아내는 연구에 중점을 둔다.

2. 관련연구

유전자 알고리즘은 자연계의 진화현상으로부터 유도된 기계학습의 한 모델이다. "자연은 자연 선택선택과 적자생존을 통해 적용된 유기체를 골라낸다"는 다윈의 자연선택의 원리를 모방하였다. 유전자 알고리즘의 수행과정은 첫째, 다양한 정보를 다루기 쉽게 부호화 할 수 있도록 일정 길이의 이진 문자열로 개체를 만들고 초기값으로 할 세대를 생성한다. 둘째, 가능한 가설 집합인 모집단에서 모든 개체들의 적합도를 계산한다. 셋째, 개체에서 교배 적합도=비례 재생성, 돌연 변이 등과 같은 유전적 조작들을 수행함으로써 새로운 모집단을 생성한다. 마지막 단계로, 과거의 모집단은 무시하고 새로운 모집단을 사용하여 위의 과정을 반복한다. 유전자 알고리즘은 접합한 가성을 얻어내는 방법으로서 모델링 하기 힘든 복잡한 문제에도 적용이 가능하고 병렬화가 가능하다.

본 연구에서는 군집화에 유전자 알고리즘을 적용하며, 특히 유전자 알고리즘의 성능을 좌우한다고 할 수 있는 적합도 함수에 관한 연구에 중점을 두고 있다. 적합도 함수란, 임의의 개체가 문제의 해에 얼마나 적합한지를 나타내는 척도이다. 따라서 문제의 해가 될 가능성이 있는 것들을 평가하는 환경의 역할을 수행 하는 것으로, 일정의 목적함수를 라고 할 수 있다. 적합도 함수의 중요성은 다양한 군집화 평가 함수로 이용 되면서 부각 되었다. 응집성과 분리성을 이용한 군집화의 개념에 이용되면서 이 두가지 평가함수를 이용한 목적함수가 나오면서 군집화의 여부를 평가 하여 분리 할 수 있게 되었다.

현재 데이터마이닝에 적용되는 유전자 알고리즘은 초기의 유전자 알고리즘, Mcssy Genetic Algorithm, Genetic Programming, Parallel Genetic Algorithm, GABIL, GA-IDE, GIGAR, LONGEPRO 등을 들 수 있다. 각기 다양한 특성을 가지고 있으며 현재 데이터마이닝에 폭넓게 적용되고 있다.

3. 유전자 알고리즘 분류 기준과 분석

3.1 분류기준

본 연구에서는 데이터마이닝에 널리 사용되고 활발한 연구가 진행중인 유전자 알고리즘들 중에서 초기의 유전자 알고리즘, Mcssy Genetic Algorithm, Genetic Programming, Parallel Genetic Algorithm, GABIL, GA-IDE, GIGAR, LONGEPRO, 8가지 세부 유전자 알고리즘을 선정하였다. 유전자 알고리즘의 근원을 기계학습 이론에 바탕을 두고 데이터 마이닝 문제 해결에 적용된다는 것을 감안하여 유전자 알고리즘을 실험하기 위하여 각 기준에 대한 척도를 설정하기로 하였다. 여기서 사용된 기준은 각 유전자 알고리즘별 성능면, 사용자 측면, 유전자 알고리즘별 특징 그리고 기타 정보를 중심으로 기준 척도를 만들어 사용하였다. 여기서 유전자 알고리즘을 이용하기 위한 다음과 같은 내용을 알 수 있었다. 분할적 군집화는 사전에 군집의 개수를 결정해주어야 하며, 초기 군집의 중심 설정과 잡음에 따라 알고리즘의 성능이 민감하게 좌우되는 문제점이 있다. 그래서 최근 통계적 기법이나 유전자 알고리즘을 이용하여 자동으로 군집의 개수를 결정해주고자 하는 연구가 이루어지고 있다. 또한 유전자 알고리즘을 이용하여 지역적 최적해(local minima)에 수렴될 수 있는 문제점을 해결하기 위한 연구도 진행되고 있다.

본 논문에서 찾고자 하는 유전자 알고리즘은 다양한 NP-Complete조합 최적화 문제를 해결하는데 매우 유용한 알고리즘을 찾는 것이다. 자연도태와 진화의 원리에 기반을 둔 유전자 알고리즘을 분석하여. 특히 전역적 탐색 및 최적화, 기계학습의 도구로 사용 가능한 유전자 알고리즘을 찾아 이를 데이터 마이닝에 적용하는 것이다. 그래서 우리는 가장 최적화를 이루는 유전자 알고리즘을 선택하기로 하였다.

- 개체군 초기화

각 군집의 중심값으로 개체를 표현하고, 각각의 개체는 임의의 값에 의해 가변길이를 갖도록 하였다.

- 적합도 함수(fitness function)

군집의 두 개의 대표값을 가지고 군집의 내부적 특징인 응집거리과 군집간의 외부적 거리를 나타내는 근접거리를 계산한다. 이를 이용하여 군집간의 연관성과 특징을 고려한 유사도(similarity)[8]값을 측정하고 적합도 함수로 이용한다. 다음의 식에 유사도 개념이 정리되어 있다.

$$\text{유사도}_{ij} = \frac{1}{\text{응집거리}_{ij} \times \text{근접거리}_{ij}^{\,2}}$$

$$\text{응집거리}_{ij} = \frac{\text{연결거리}_{ij}}{\frac{\text{연결거리}_i + \text{연결거리}_j}{2}}$$

$$\text{근접거리}ij = \frac{\sum_{a}^{ni}\sum_{b}^{nj} W_{ra} \times W_{rb} \times \|r_a - r_b\|^2}{n_i \times n_j}$$

$$\text{연결거리}ij = \sum_{a}^{ni}\sum_{b}^{nj} W_{ra} \times W_{rb} \times \|r_a - r_b\|^2$$

$$\text{연결거리}i = \frac{\sum_{a}^{ni}\sum_{b}^{ni} W_{ra} \times W_{rb} \times \|r_a - r_b\|^2}{2}$$

r_a, r_b : 대표값 벡터

n_i : 소군집 i에 속하는 대표값의 개수

W_{ra} : 대표값 r_a가 대표하는 원시데이터 개체 수

- 선택(selection)

룰렛휠(roulette wheel)방법과 엘리트 방법(elitist model)을 함께 사용한다[3].

- 교배(Crossover)

유전인자들이 고정길이가 아닌 가변길이이며 위치에 상관없게 정의되었다.

- 돌연변이(Mutation)

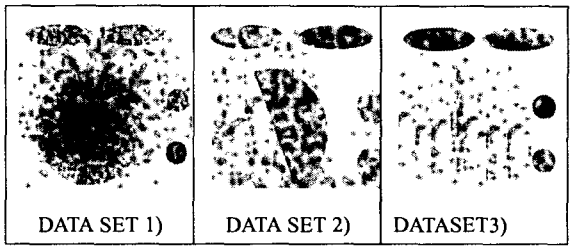
정규적 돌연변이 연산자와 가우시안 함수를 사용하여 선택된 특정 유전인자의 값을 바꿔준다.

3.2 유전자 알고리즘 분석

유전자 알고리즘의 입력 데이터 타입은 기본적으로 비트 문자열에 기반하고 있다. 또한, 시간 복잡도는 데이터 크기 n에 대하여 O(n3)이며, 규모 확장성은 작으나 병렬화가 가능해지면서 VL(very large)의 개념이 가능해졌다. 또한, 이 알고리즘은 최적해가 결과값으로 나옴으로써 결과 설명이 가능하고 일반적으로 유전자 알고리즘은 별도의 훈련시간이 필요치 않으나 일부 알고리즘에서는 훈련시간이 필요하다는 것을 알 수 있었다. 사용되는 교배 확률, 돌연변이 확률, 모집단의 크기, 그 외 선택, 암호화, 교배, 돌연변이형 등의 여러 가지가 있으며 따라서 사용이 용이하지가 않다. 이 알고리즘은 병렬/분석이 가능하고 분류, 예측, 최적화의 영역에 적용 되어 질 수 있다.

4. 구현 및 고찰

본 시스템은 Windows 2000 Server 환경에서 C#, MS SQL2000를 이용하여 실험을 실시하였고, Mcssy Genetic Algorithm, Genetic Programming, Parallel Genetic Algorithm, GABIL, GA-IDE, GIGAR이상의 알고리즘은 국소 값에 수렴하여 적절한 중심을 찾지 못하는 반면, LONGEPRO 알고리즘은 자동적으로 군집의 개수를 찾아낼 뿐만 아니라 비교적 정확한 군집을 현성하고 있다. 2000개의 데이터와 5개의 군집이 존재하는 이차원 공간 데이터로 실험한 결과, 제안한 알고리즘은 서로 다른 크기의 잡음이 섞여 있는 데이터 집합에서 양질의 군집을 찾아냄을 알 수 있다. 다음과 같다.



실제 데이터인 UCI Machine Learning Repository의 데이터로 본 알고리즘의 유효성을 검증해 본 결과, 다음과 같이 비교적 좋은 군집화 성능을 보였다. 군집의 성능을 평가하기 위해 사용된 성능 평가함수는

다음의 식의 i로 측정하였는데 D_i는 군집 i에 속하는 모든 데이터 체계들 간의 평균거리이고 i는 D_i의 평균이다.

$$i = \sum_{i=1}^{k} \frac{D_i}{k} \bullet D_i = \frac{\sum_{a=1}^{ni}\sum_{b=1}^{ni}\sqrt{(x_a - x_b)^2}}{n_i(n_i - 1)}$$

각 알고리즘별로 최적의 알고리즘을 선정하였으며, 그 근거는 각기 다르다. LONGEPRO 알고리즘의 장점으로는 최종세대의 결과값이 곧 최적해를 나타냄으로 결과에 대한 별도의 해석이 필요 없다는 점과 결과값을 적용하기가 쉽다는 것, 그리고 다양한 데이타 형태의 적용가능하며 넓은 영역의 데이타를 핸들링할 수 있으며, 많은 최적화 문제의 응용에 적용된다는 것이다. 또한 신경망과 잘 통합될 수있다. 단점으로는 많은 문제들을 일정한 길이의 유전자로 인코딩하기가 어렵다는 점과 최적화에 대한 보장을 할수 없고, 계산비용이 높으며 현재까지 적은 수의 부분에서 유용된다는 것이다. 몇가지 문제점만 해결되면 앞으로 LONGEPRO 알고리즘을 향후 데이터마이닝 분야에서 폭 넓게 응용될 수 있을 것으로 예상된다.

5. 결론

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 자동으로 군집의 개수를 결정하는 군집화 알고리즘을 제안하는 LONGEPRO 알고리즘은 보다 양질의 군집을 찾아내는 것으로 평가 되었다. 또한 유전자 알고리즘중 8가지를 세부 분석하여 평가하였다. 각 알고리즘의 실험 환경과 데이터 마이닝 목적이 상이한 관계로 알고리즘들이 서로 똑같은 기준과 환경에서 평가 한다는 것은 불가능한 것이다. 다만 앞으로 구축하게 될 시스템내의 최적화 알고리즘을 찾아내어 이것을 구현하는 것이 목적이므로 본 연구결과는 데이터 마이닝에서 유전자 알고리즘을 도구로 효과적으로 개발할 수 있는 기반을 제공하고 데이터 마이닝에 맞는 적절한 알고리즘을 선택 할 수 있는 지표를 잡는 것에 목적이 있다.

향후 연구 계획은 학생 진로 시스템에서 알고리즘을 좀더 최적화하여 데이터 처리에 효과적인 시스템 구현을 이루도록 최적의 계산 속도 향상을 위해 연구 노력하는 것이다.

[참고문헌]

[1] Michael J. A Berry, and Gorden Linoff, Data Mining Techniques : For Marketing, Sales, and Customer Support, John Wiley & Sons, Inc., 1997

[2] Rakesh Agrawal and John C. Shafer, "Parallel Mining of Association Pules," IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering, Vol. 8, No. 6, pp. 962-969, December

[3] Anders L. Madsen, and Finn V. Jensen, Parallelization of Inference in Boyesian Networks, 1999.

[4] Specht, D. F., Probabilistic neural networks, Neural Networks, 1990.

[5] Mark J. L. Orr, Introduction to Radial Basis Function Networks, Edinburgh University, 1996.

[6] Kohenen, T, Learning Vector Quantization, Neural Networks, 1988.

[7] J. p. Bigus, Data Mining with Neural Networks, McGraw-Hill, 1991.

[8] Kohonen, T., Self-Organizing Maps, 2nd Ed., Berlin : Springer- Verlag., 1997.

[9] Goldberg David.E, korb Bradley, and Deb K. "Messy Genetic Algorithms : Motivation, Analysis and Results," TCGA Report 90005, May 1995. http://cs.felk.cvut.cz/~xobitko.ga