

유전자 알고리즘과 신경회로망의 결합에 관한 연구 조사 (A Survey on Combination of Genetic Algorithms and Neural Networks)

송윤선* 김명원** 김종문*
(Y.- S. Song, M. W. Kim, J. M. Kim)

최근 생물학에 기반을 두고 최적화 문제와 학습 문제에 많이 사용되고 있는 유전자 알고리즘과 신경회로망 기술을 결합하는 연구가 활발해지고 있다. 신경회로망 연구에 비해 조금 늦게 시작된 유전자 알고리즘에 대한 연구는 유전자가 복제, 교차, 돌연변이 등의 현상을 거쳐서 새로운 개체를 발생시켜 나가는 진화의 과정에서 착안하여 해결하고자 하는 문제의 해답을 유전자 탐색의 과정을 통하여 찾아내는 것이다. 이 글에서는 유전자 알고리즘과 신경회로망을 혹은 서로 보조적인 입장에서 혹은 동등한 입장에서 결합하는 연구에 대한 조사를 소개함으로써 보다 복잡한 최적화 문제나 자동 프로그래밍, 기계학습, 복잡한 자료 분석, 시계열 예측 등의 분야에 응용하는 데 도움을 주고자 한다.

I. 서 론

신경회로망과 유전자 알고리즘은 모두 생물학에 기반을 두고 있으며, 최적화(optimization) 문제와 학습(learning) 문제를 해결하기 위한 연구 분야이다.

신경회로망에 대한 연구는 1940년대부터 시작되어 인간 뇌의 기본단위인 신경세포에서 일어나는

여러가지 현상을 관찰하고 이를 실제의 문제에 적용해서 해결하고자 하였다. 그런데, 1962년에 제안된 Perceptron이 계산 기능상에 한계가 있음이 지적되어 잠시 이에 대한 연구가 침체되었다가 1982년에 J. Hopfield가 연상기억 모델(associative memory model)을 제안하고, 1986년에 D. Rumelhart 등이 오류 역전파 학습방법(error back propagation learning)을 내놓으면서 다시 관심을 끌게 되었다.

유전자 알고리즘에 대한 연구는 1960년대 중반에 J. Holland에 의해 처음 시작되었는데, 대부분의 유기체가 진화(evolution)와 자연선택(natural

* 기초기술연구부 연구원

** 숭실대학교 교수

selection)에 의하여 종을 번식하고, 새로운 환경에 적합한 형태로 살아남아가는 것에 착안하여 이를 계산화함으로써 실제의 문제에 적용하고자 연구가 계속되었다[1].

두 분야에 대한 연구는 별개로 진행되어 오다가 1988년 L. Davis가 임의의 신경회로망이 분류 시스템으로 간주될 수 있는 유전자 알고리즘의 형태로 재구성될 수 있음을 보이고, 비록 실패하였지만 D. Whitley가 전방향 신경회로망을 유전자 알고리즘을 이용해서 학습시키려 함으로써 두 분야에 대한 결합 연구가 시작되었다[2].

이 글에서는 신경회로망에 대한 연구는 그동안 많이 소개되었으므로 유전자 알고리즘을 간단히 소개하면서, 두 분야가 결합된 연구의 방향과 그 사례들을 살펴봄으로써 돌파구를 필요로 하는 많은 실제의 문제들에 하나의 동기를 제공하고자 한다. 이를 위해서 본론에서는 유전자 알고리즘의 개요를 먼저 소개하고, 유전자 알고리즘과 신경회로망이 서로 결합되어 연구되는 방향을 설명한 후, 각각의 경우에 대표될 수 있을 만한 연구의 사례를 설명한다. 그리고, 유전자 알고리즘의 한 연구분야인 유전자 프로그래밍(genetic programming)에 대해서 간단히 설명하고, 결론을 맺기로 하겠다.

II. 본 론

유전자 알고리즘과 신경회로망은 최근 그 관심이 고조되고 있는 대표적인 두 연구분야이다. 두 분야의 연구는 모두 생물학에 그 기반을 두고 유기체에서는 자연스럽게 일어나는 최적화와 학습 등의 기법(mechanism)을 인간이 어떻게 컴퓨터로 모델화

할 수 있는가에 대해 나름대로 연구하는 것이다. 모두 자연계에서 일어나는 정보처리의 체계에 기반을 두었지만, 각각에 관련된 시간의 개념은 매우 다르다. 즉, 신경회로망의 모델이 되는 신경계는 보통 매우 짧은 순간에 적응하지만, 유전자 알고리즘의 모델이 되는 진화는 수 세대에 달하는 오랜 시간에 걸쳐서 일어난다. 최근 이 두 분야를 서로 결합함으로써 지금까지 해결하지 못한 문제들을 좀 더 잘 풀 수 있지 않을까 하여 많은 학자들에 의해 연구가 활발히 진행되고 있다.

신경회로망에 대해서는 이미 국내에도 많이 소개된 바 있으므로 본론에서는 유전자 알고리즘에 대해 간단히 소개하고, 두 분야가 결합되어 진행되고 있는 연구의 방향과 그 주요 연구 사례를 살펴보고, 마지막으로 유전자 알고리즘 중의 한 분야인 유전자 프로그래밍에 대해서 알아보겠다.

1. 유전자 알고리즘

대부분의 유기체는 자연선택과 종의 번식에 의해 진화한다. 번식이란 개체의 교배(mating)와 돌연변이(mutation)에 의해 후손의 유전자를 만들어내는 것을 말하고, 자연선택이란 번식을 위해 살아남을 개체를 결정하는 것이다. 이러한 일련의 사건들이 수없이 오랜 세월 동안 계속되면서 생물체는 진화하는데, 자연계에서는 생명체가 천적을 만났을 때, 도망갈 수 있는 개체만이 멸종되지 않고 살아남는 다라는 간단한 현상이지만, 이것을 사람이 컴퓨터의 프로그램으로 계산화하는 것은 쉬운 일이 아니다. 기본적으로 가장 어려운 문제는 DNA가 사람이나 동물의 구조를 표현하는 것처럼 서로 다른 프

로그를 표현하는 생물체의 DNA에 해당하는 유전자 부호(genetic code)를 만들어 내는 것이다. 1950년대 말부터 이런 시도가 시작되다가, 1960년대 중반에 J. Holland는 종의 교배와 돌연변이를 이용한 진화를 잘 모델링하는 프로그래밍 기술로서 유전자 알고리즘을 제안하였다[1]. 그 후로 어떠한 구조의 컴퓨터 프로그램도 잘 표현할 수 있는 유전자부호를 만들어내는 유전자 알고리즘의 영역까지 연구가 확대되었다. 그 결과가 몇가지 정보를 가지고, 조건(condition)이 만족될 때마다 특정한 행동(action)을 하도록 하는 일련의 규칙(rule)들로 구성된 분류 시스템(classifier system)이다. 여기서 조건과 행동은 각각 규칙의 입력과 출력에 대응하며, 어떤 특징(characteristics)들이 있고 없음을 해당하는 비트의 열(bit string)에 의해 표현된다(이 비트의 열은 생명체에 있어서 유전자 조합 즉, 염색체(chromosome)에 해당한다). 즉, 어떤 특징이 있으면, 비트의 열에서 해당 위치에 '1'의 값을 갖고, 없으면 '0'의 값을 갖는다. 이와 같이 특징들을 비트의 열로 표현함으로써 여러 종의 개체와 환경들을 분류해내는 것이다.

염색체의 집합에는 해결하고자 하는 문제에 따라 그에 관련된 적합성(fitness) 시험이 있다. 예를 들어서 Traveling Salesman Problem에서는 최소화하고자 하는 여행 경비와 같은 것이 적합성에 해당한다. 특정한 한 문제를 해결하는 분류 규칙들을 진화(발전)시키기 위해서는 먼저 임의로(random) 정해진 1과 0의 염색체 집합인 초기의 모집단(population)에서 출발하여 각 염색체에 대해 문제에 따라 정해지는 적합도를 계산한다. 그 결과 높은 적합도를 갖는 염색체는 번식에 참여하고, 낮은 적합도를 갖는 염

색체는 멸종된다. 세대가 계속됨에 따라 더 나은 해당(적합성)을 유도하는 염색체들만이 남게 되어 문제를 해결하게 되는 것이다.

번식에 참여한 염색체는 복제와 교차, 돌연변이 등의 조작에 의해 새로운 염색체를 만들어내는데, 이러한 조작을 유전자 연산자(genetic operator)라 부른다.

- 복제(reproduction) : 염색체의 단순 복사

10000100 → 10000100
10000100

- 교차(crossover) : 두 염색체의 일부분이 서로 교차되는 것

100100100 → 10011111
11111111 → 11100100

- 돌연변이(mutation) : 임의로 염색체의 일부분의 값을 변화시키는 것

00000100 → 00000000

앞에서 설명한 J. Holland의 분류 시스템이 간단한 유전자 알고리즘인데, 이를 정형화해서 설명하면 다음과 같다[3]:

〈간단한 유전자 알고리즘〉

- 단계 1 임의로 생성한 염색체의 집합에서 시작한다.
- 단계 2 집합내의 각 염색체에 대해 적합도를 모두 계산한다.
- 단계 3 집합내의 각 염색체에 대해 유전자 연산자(복제, 교차, 돌연변이)를 적용시켜 새로운 염색체를 발생시킨다.
- 단계 4 2단계부터 다시 반복한다.
- 결과 2-4단계를 하나의 "세대(generation)"라 부르며, 여러 세대가 지난 후에는 문제의 해답에 좀더

유전자 알고리즘은 다음과 같은 분야에 응용할 수 있다.

- 최적화 문제 : 수치 최적화나 회로 설계, 비행기 설계, 공장 스케줄링 등
- 자동 프로그래밍 : LISP 프로그램이나 정렬 (sorting) 프로그램의 자동 개발 등
- 기계학습 혹은 로봇학습 : 로봇 제어나 전문가 시스템의 규칙 진화, 신경회로망의 진화 등
- 복잡한 자료 분석과 시계열 예측 : 혼돈 시스템 (chaotic system)의 예측, 금융시장 예측, 단백질 구조 예측 등
- 복잡한 시스템의 과학적 모델 : 경제, 면역학, 생태학, 유전학, 진화

2. 유전자 알고리즘과 신경회로망의 결합에 관한 연구의 방향

과거에는 각기 발전하던 많은 연구들이 세월이 흘러 연구가 벽에 부딪히거나 혹은 더 나은 방향으로의 돌파구를 찾기 위해 서로 결합하는 방향으로 연구되고 있다. 그 중에서도 1988년 L. Davis에 의해 처음 시도된 이후로 유전자 알고리즘과 신경회로망의 결합에 대한 연구는 많은 발전이 있어 왔다. 이 절에서는 두 방법이 순차적으로 사용된 보조적인 결합(supportive combination)의 경우와 동시에 사용되어 서로 협조적인 경우(collaborative combination)로 나누어 연구방향을 살펴 보겠다[4].

가. 보조적인 결합

유전자 알고리즘과 신경회로망 중 한가지 방법은 주요한 문제 해결방법으로 사용하는 반면, 다른

한가지 방법은 보조적인 역할을 하는 결합 방법이다. 여기에는 유전자 알고리즘을 보조하기 위해서 신경회로망을 사용하는 방법과 신경회로망을 보조하는 입장에서 유전자 알고리즘을 사용하는 방법이 있다.

- 유전자 알고리즘을 보조하기 위해 신경회로망을 사용하는 방법

유전자 알고리즘을 적용하기 위한 초기의 모집단을 생성하기 위해 신경회로망을 사용하였다. 실제의 여러 문제 중에는 자연스럽게 그룹을 지을 수 있는 문제가 있을 것이고, 어떤 그룹의 문제에 대해서는 더 잘 적용될 수 있는 발견적인 방법(heuristics)이 있을 것이라는 개념에서 출발하여, 신경회로망을 사용해서 문제를 분류해서 그룹을 만드는 방법을 학습하게 하고, 유전자 알고리즘을 위한 초기 환경을 제안하게 하는 방법이다. 이때 모집단의 반수 정도는 임의의 값으로 초기화되고, 반수는 신경회로망에 의해 결정된 매개변수에 의해서 정해진다. 이때 신경회로망은 입력이 되는 문제를 설명하는 인자들(descriptors)과 좋은 매개변수를 연결짓는 패턴 연상자(pattern associator)의 역할을 한다.

- 신경회로망을 보조하기 위해 유전자 알고리즘을 사용하는 방법

앞의 방법보다는 더 자연현상에 가까운 방법이라고 여겨지는 방법이다. 유전자 알고리즘이 어느 단계에서 사용되느냐에 따라 다음 세가지로 다시 구별될 수 있다.

- i) 특징을 추출하거나 신경회로망 분류기가 사용하는 특징공간(feature space)을 변환(transform)하는

데 사용: 특징공간을 변환하는 방법은 주로 근접 이웃(nearest-neighbor) 형태의 신경회로망에 적용되는데, 클래스 내의 차이는 감소시키고, 클래스간의 차이는 확대시키는 방향으로 데이터를 변환시킨다. 특징을 추출하는 방법은 특징집합을 제한할 때 사용된다. 제한된 특징집합은 신경회로망 분류기의 성능을 향상시킬 수 있을 뿐만 아니라 계산량도 줄일 수 있기 때문이다.

ii) 신경회로망의 학습을 제어하는 학습규칙이나 매개변수를 선정하는 데 사용: 학습률(learning rate)이나 모멘텀(momentum) 등과 같은 매개변수의 최적치를 정하거나, 학습 알고리즘을 찾아내는 데 사용한다.

iii) 신경회로망을 설명하고 분석하는 데 사용

나. 협조적인 결합

유전자 알고리즘과 신경회로망이 문제를 해결하기 위하여 공동으로 사용되는데 크게 두가지 갈래가 있을 수 있다. 신경회로망의 학습 방법으로서 유전자 알고리즘을 사용하는 것과 신경회로망의 위상(topology)을 정의하기 위해 유전자 알고리즘을 사용하는 것으로 구별할 수 있다.

□ 신경회로망을 학습시키기 위해 유전자 알고리즘을 사용하는 방법

미리 정의된 구조의 신경회로망의 연결선의 가중치(weight)를 최적화하는 방법이다. 신경회로망의 연결선에 할당되어 있는 각각의 가중치를 이진 숫자열로 암호화하고, 유전학적인 모집단의 각 개체는 신경회로망에 대한 가중치의 집합에 해당된다. 적합도는 학습 데이터의 집합에 대해 오차의 제

곱값을 모두 더하여 계산한다.

유전자 알고리즘을 신경회로망의 가중치 최적화 문제에 적용하는 데 따른 장단점이 있다. 그 장점점은 유전자 알고리즘이 가중치 공간에서 전지역 탐색(global search)을 하는 알고리즘이므로 국부적인 최소값(local minima)에 빠져서 올바른 해답을 찾지 못하는 경우를 피할 수 있다는 것과, 변화정보(gradient information)를 얻기 어렵거나 정보를 얻는데 비용이 많이 드는 문제에 적용하기 적합하다는 것이다. 반면에 단점은 자연적인 진화는 속도가 느리기 때문에 진화를 이용한 학습도 속도가 느리지 않을까 하는 우려이다. 또, 작은 크기의 문제에서 얻어진 결론이 규모가 더 큰 문제로도 확장될 수 있는가 하는 크기문제(scaling problem)도 단점으로 작용할 수 있다.

□ 신경회로망의 위상을 정하기 위해 유전자 알고리즘을 사용하는 방법

유전자 알고리즘을 신경회로망과 결합하는 가장 직관적인 방법으로서 유전자형 부호(genotype code)로 신경회로망의 구조나 위상을 모방하고, 가중치를 조정하기 위해서는 다른 학습방법을 사용하는 것이다. 이러한 접근 방법을 시도하기 위해서는 다음과 같은 문제들을 해결해야 한다.

i) 유전자형(genotype) 표현이 고안되거나, 유전자형으로부터 표현형(phenotype)으로의 사상(mapping)이 제공되어야 한다.

ii) 표현형을 문제의 환경에 노출시키기 위한 통신규칙(protocol)이 있어야 한다.

iii) 신경회로망의 함수를 미세조정하기 위한 학습방법이 있어야 한다.

iv) 적합도를 측정하는 수단이 있어야 한다.

v) 유전자형으로부터 다음 세대의 새로운 유전자형을 만들어내는 방법이 있어야 한다.

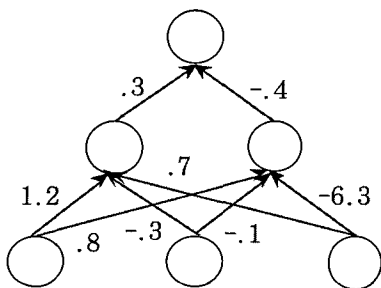
그 외에 유전자 알고리즘과 신경회로망의 적응체계(adaptive strategy)를 하나의 적응 시스템에 결합시키는 방법도 있다.

3. 주요 연구 사례

여러 학자들에 의해 유전자 알고리즘과 신경회로망의 방법을 결합해서 사용하여 문제를 해결하는 연구가 최근 몇년 동안 많이 있어 왔는데 이 글에서는 그 중에서 Montana와 Davis의 연구, Miller와 Todd, Hegde의 연구, Kitano의 연구, Chalmers의 연구, 박래정과 박철훈의 연구에 대해 간단히 소개하기로 하겠다.

가. Montana와 Davis의 연구

1989년에 D. J. Montana와 L. Davis는 수중 음파 스펙트럼 사진(underwater sonic spectrogram)을 의미가 있는 것과 의미없는 것으로 분류해내는 문제에 신



(.3 -.4 1.2 .8 -.3 -.1 .7 -6.3)

(그림 1) 신경회로망의 염색체 표현법

경회로망을 사용하고, 그 망의 가중치를 변화시키는 방법으로서 유전자 알고리즘을 사용하였다[2]. 모집단을 구성하는 각각의 염색체는 126개의 가중치들의 리스트로 구성되는데 그 간단한 예를 보이면 다음과 같다. (그림 1)과 같은 가중치를 갖는 신경회로망이 있다고 가정할 때, 모집단의 한 염색체는 (.3 -.4 1.2 .8 -.3 -.1 .7 -6.3)으로 표현된다. 이때 적합성은 연결선에 가중치를 할당하고 학습패턴들의 집합에 대해 신경회로망의 전방향 계산을 수행한 다음, 결과와 바라는 출력값의 오차의 제곱의 합으로 판정한다. 초기의 모집단은 문제에서 주어진 확률분포를 갖는 값으로 임의로 정한다.

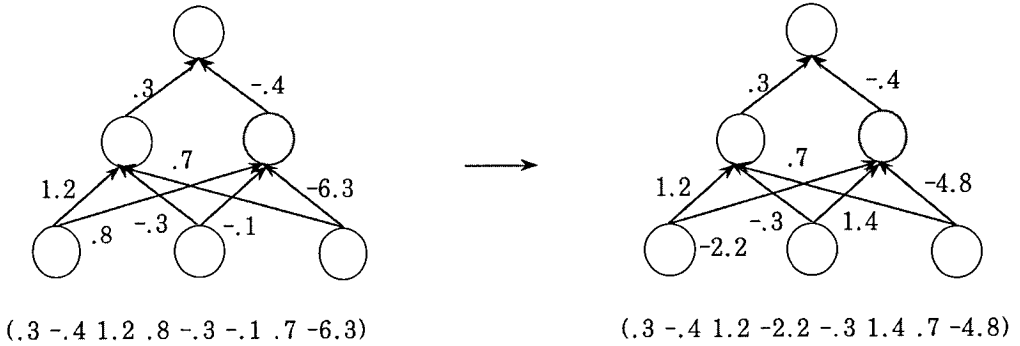
이 연구에서 사용한 유전자 연산자의 연산작용은 다음과 같이 일어난다.

- 돌연변이 : 입력노드가 아닌 노드 n개를 골라 입력 연결선의 가중치에 임의의 값(주어진 확률분포를 따르는)을 더한다(그림 2 참조).
- 교차 : 각각의 노드에 대해, 부모가 되는 염색체의 노드를 하나 선택하고 그 노드의 입력 연결선의 가중치를 복제한다(그림 3 참조).

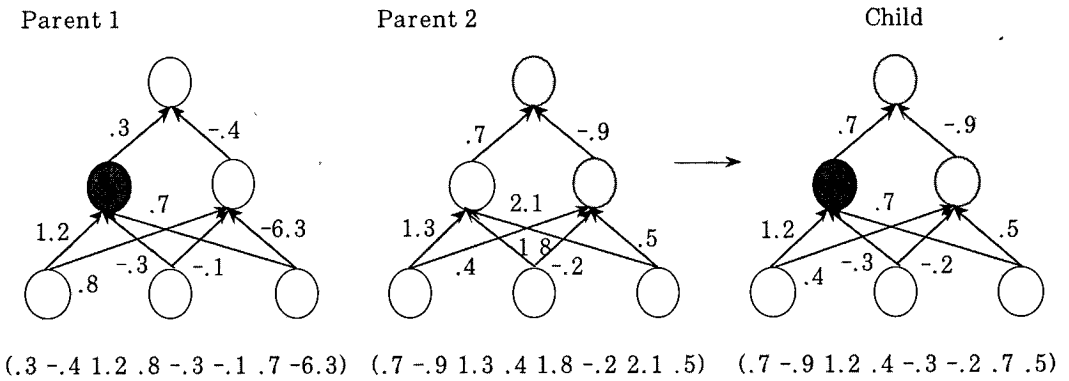
D. J. Montana와 L. Davis는 실험결과 오류역전과 학습 알고리즘을 사용해서 실험했을 때와 비교해서 좋은 성능을 보였다고 보고하고 있다[2, 3].

나. Miller와 Todd, Hegde의 연구

G. F. Miller와 P. M. Todd, S. U. Hegde는 협조적인 결합 방법의 하나인 신경회로망 구조의 해부학적 성질을 이진 숫자열로 표현하는 방법을 연구하였다[3]. 신경회로망의 각 노드에 번호를 부여하고, 첫번째 노드부터 시작하여 나머지 모든 노드로부터의 입력 연결선이 있으면 '1'을, 없으면 '0'을 주고,



(그림 2) 돌연변이 연산자의 적용



(그림 3) 교차 연산자의 적용

입력노드가 아닌 노드에는 추가로 바이어스(bias) 값을 주어서 이진 숫자열로 표현하였다(그림 4 참조). 이러한 신경회로망 표현 방법은 전방향 신경회로망에만 적용하고, 학습하게 될 연결선 가중치는 작은 임의의 값으로 초기화된다. 이 신경회로망은 오류 역전파 학습 방법으로 학습되고, 마지막 학습 시에 오차의 제곱의 합으로 적합성을 계산한다. 이때 낮은 오차가 높은 적합도에 해당한다.

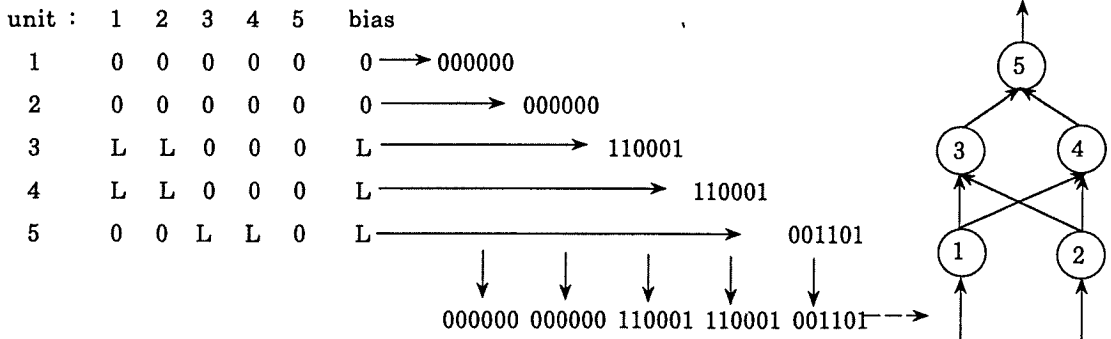
이 연구에서 사용한 교차 연산자는 임의의 열을 선정하여 부모노드를 바꾸는 방법으로 연산을 하

였고, 돌연변이 연산자는 낮은 확률로서 임의의 이진숫자를 변화시켰다.

이 연구는 XOR 문제나 간단한 패턴 복사와 같은 문제에서는 좋은 성능을 나타냄을 보였으나 좀더 어려운 문제로 확장되었을 때에는 그 성능을 짐작할 수가 없었다.

다 기타 연구 사례

유전자 알고리즘에 의해 그래프 생성 문법(graph generation grammar)을 진화시키고, 이 문법을 이용



(그림 4) 이진 숫자열 검색체의 신경회로망 표현 방법

해서 신경회로망의 위상 구조를 간접적으로 지정되는 암호화 방법에 대한 연구(Kitano의 연구)도 있었고[3, 5], 2층의 완전 연결된 전방향 신경회로망의 학습 규칙을 진화시키는 연구(Chalmers의 연구)도 있었다[3].

그 외에 박래정과 박철훈은 패턴인식을 위해서 전방향 신경회로망을 층별로 유전자 알고리즘을 이용해서 학습시키고, 필요할 때마다 은닉층(hidden layer)을 한 층씩 추가함으로써 연결선의 가중치를 최적화시키는 연구를 보고한 바 있다[6].

4. 유전자 프로그래밍

유전자 프로그래밍은 1990년 J. R. Koza에 의해서 제안된 개념으로서 기저에 깔린 정규성(regularity)이나 구조를 밝혀내고자 하는 문제에 특히 적합한 귀납적인(inductive) 학습 방법의 하나이다[7]. 그래서 어떤 문제에 가장 적합한 신경회로망의 구조와 가중치를 찾는 데 사용된다. 초기에 J. R. Koza는 신경회로망의 가중치와 구조에 수정을 가하는 방법

을 연구하였으나, 1993년에 B. T. Zhang 등은 최소의 복잡도를 갖는 신경회로망의 구조를 찾아내는 방법을 제안하였다[5].

이 유전자 프로그래밍의 개념에 기반하여 WSI (wafer scale integration) 기술과 nanotechnology 기술이 발전되면 유전자 프로그래밍에 의한 신경회로망의 진화를 직접 하드웨어로 구현할 수 있는 Darwin Machine이라는 기계가 만들어질 수 있을 것이라는 생각이 H. de Garis에 의해 제안된 바 있다[8].

III. 결 론

유전자 알고리즘과 신경회로망의 결합에 대한 연구는 1980년대 중반부터 시작되었다. 그리하여 현재는 약 250편의 참고문헌이 출간되었고, 2개의 미국 특허도 나온 상태이다[3]. 이 글에서는 유전자 알고리즘에 대해서 간단히 설명하고, 유전자 알고리즘과 신경회로망의 결합 연구 방향을 서로 보조적인 입장에서의 결합과 동등한 위치에서 협조적으로 결합하는 연구의 형태로 나누어 각각에 대한

방법과 주요 연구 사례 등을 소개하였다.

유전자 알고리즘을 주제로 다루는 저널에는 Evolutionary Computation과 Biological Cybernetics, IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, Machine Learning, Artificial Intelligence, Complex Systems, Annals of Mathematics and AI, Adaptive Behavior 등이 있고, 유전자 알고리즘의 연구결과가 발표되는 주요 학회에는 2년마다 한번씩 열리는 International Conference on Genetic Algorithms과 Parallel Problem Solving from Nature, Foundations of Genetic Algorithms, Artificial Life, European Conference on Artificial Life, Simulation of Adaptive Behavior, Machine Learning, Neural Information Processing Systems, International Joint Conference on Artificial Intelligence, American Association of Artificial Intelligence, Cognitive Science Society, Conference on Evolutionary Programming, IEEE Conference on Evolutionary Computation 등이 있다[3].

인간을 모방하여 인간처럼 사고하고, 지각하고, 행동하는 기계를 만들고자 하는 인간의 욕구는 나날이 높아져서 계속 새로운 개념과 방법을 고안해 내고, 그 각각으로는 큰 힘을 발휘할 수 없으므로 인해 연구 결과들을 서로 교환하고 결합함으로써 더 나은 결과를 추구하고자 한다. 이러한 관점에서 볼 때 유전자 알고리즘과 신경회로망의 결합에 대한 연구도 계속될 것이다.

참 고 문 헌

- [1] J. H. Holland, "Genetic Algorithm," *Scientific American*, pp.44-50, 1992.
- [2] D. J. Montana and L. Davis, "Training Feedforward Neural Networks Using Genetic Algorithms," *Int J. Conf. on Artificial Intelligence*, vol. I, pp.762-767, 1989.
- [3] M. Mitchell, *Genetic Algorithms: Theory and Applications*, Santa Fe, NM: Santa Fe Institute, Short Course of WCNN, 1994
- [4] J. D. Schaffer, D. Whitley, and L. J. Eshelman, "Combinations of Genetic Algorithms and Neural Networks: A Survey of the State of the Art," *Int Workshop on Combinations of Genetic Algorithms and Neural Networks*, Baltimore, pp.1-37, 1992
- [5] B. T. Zhang and H. Muhlenbein, "Genetic Programming of Minimal Neural Nets Using Occam's Razor," *Proc. of the Fifth Int. Conf. on Genetic Algorithms*, Univ. of Illinois at Urbana-Champaign, pp 342-349, 1993.
- [6] L. J. Park and C. H. Park, "Fast Layer-by-Layer Training of the Feedforward Neural Network Classifier with Genetic Algorithm," *Int. J. Conf. on Neural Networks*, Nagoya, vol. 3, pp 2595-2598, 1993.
- [7] S. Handley, "Automated Learning of a Detector for a-Helices in Protein Sequences Via Genetic Programming," *Proc. of the Fifth Int. Conf on Genetic Algorithms*, Univ. of Illinois at Urbana-Champaign, pp.271-278, 1993.
- [8] H de Garis, "Genetic Programming. Modular Neural Evolution for Darwin Machines," *Int. J. Conf on Neural Networks*, Washington, D.C., vol I, pp.194-197, 1990
- [9] *Proc. of the Fifth Int. Conf. on Genetic Algorithms*, Univ. of Illinois at Urbana-Champaign, 1993
- [10] *International Workshop on Combinations of Genetic Algorithms and Neural Networks*, edited by L. D. Whitley and J. D. Schaffer, Los Alamitos, CA: IEEE Computer Society Press, 1992.