

인공 생명과 진화 알고리즘

張炳卓

서울대학교 컴퓨터工學科

I. 서론

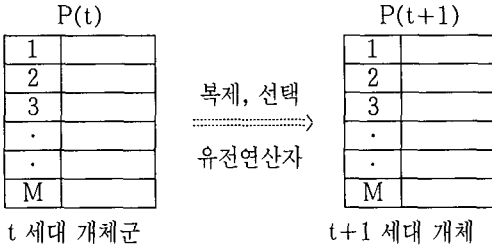
진화 알고리즘은 자연의 진화 현상과 유전학에 기반한 계산 모델로서 현재 인공 생명 연구에 있어서 견인차 역할을 하는 도구 중의 하나이다. 본고에서는 먼저 여러 가지 진화 알고리즘의 종류와 각각의 특징에 대하여 간략히 알아보고, 이들이 생태계, 면역계, 인식계 및 사회계를 모델링하기 위해 인공 생명 시스템의 구축에 응용된 사례를 살펴본다. 또한 진화 알고리즘을 사용하여 인공 신경망을 진화시킴으로써 동물의 지능적인 행동을 시뮬레이션하는 연구에 대하여 고찰한다. 마지막으로 인공 생명과 진화 알고리즘의 상호 관계와 앞으로의 연구 방향에 대하여 토론한다.

II. 진화 알고리즘 개요

컴퓨터가 발명되지 얼마되지 않은 1950년대와 1960년대에 이미 여러 사람들에 의해 컴퓨터에 의한 계산과 진화 현상의 상호 관련성에 대한 논의가 시작되었다. 일부는 생물학적, 심리학적 혹은 계산 이론적인 관심에서 접근하였고, 일부는 공학적인 문제를 해결하기 위한 도구로서 인공적인 진화가 이용될 수 있다는 생각을 가지고 연구하였다. 이들 초기 연구가 1970년대와 1980년대를 통하여 정립된 여러 가지 구체적인 진화 연산 모델 또는 진화 알고리즘에 대한 기반을 제공하였다 「Goldberg, 1989; Fogel, 1995; Srinivas and Patnaik, 1994」.

모든 진화 알고리즘은 공통적으로 다음과 같은 몇 가지 특징을 가지고 있다. 이들은 모두 개체군(population)에 기반한 탐색을 수행하며 개체들의 적합도(fitness)를 측정하고, 최적자를 선택(selection)하기 위한 방법과, 기존의 개체군 $P(t)$ 를 변형하여 새로운 세대(generation) $P(t+1)$ 를 생성하기 위한 유전 연산자들(genetic operators)을 지닌다. 일반적으로 적합도가 높은 개체는 적합

도가 더 낮은 개체보다 다음 세대에 선택되어 살아 남거나 자손을 생산할 확률이 더 높다. 진화 알고리즘은 보통 원하는 수준의 적합도를 가진 개체가 나타날 때까지 세대 교체를 반복하는데 한 번의 세대 교체시 수행되는 연산을 요약하면 (그림 1)과 같다.



(그림 1) 진화 알고리즘의 기본 연산

진화 알고리즘은 주로 개체의 표현 방법과 사용된 유전 연산자의 차이점에 의하여 구별된다. 현재 가장 널리 사용되고 있는 진화 알고리즘은 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm), 진화 전략(Evolution Strategy), 진화 프로그래밍(Evolutionary Programming), 유전자 프로그래밍(Genetic Programming) 등의 네 가지로 나누어 볼 수 있다. 역사적으로, 이들은 서로 독립적으로 발전되어 오다가 1980년대에 와서야 서로간의 관련성에 대한 관심이 높아져 현재는 이 모델들을 모두 포함한 연구 분야를 가리킬 때 “진화 연산(Evolutionary Computation)” 또는 “진화 알고리즘(Evolutionary Algorithms)”이라 한다. 흔히 이 분야를 유전자 알고리즘(genetic algorithms) 또는 GA라고도 하는데 이는 위의 네 가지 모델 중 Genetic Algorithm이 가장 널리 (특히 인공지능 분야에서) 알려졌기 때문이다. 그러나 엄밀히 구별하자면 Genetic Algorithm은 여러 가지 진화 연산 모델 중의 한 가지를 가리키는 용어이다.

유전자 알고리즘은 Holland에 의해서 처음 기술되었는데 1975에 출간된 “Adaptation in Natural and Artificial Systems”에서 이론적인 기초가 제시되었다. 유전자 알고리즘은 선택(selection)과

교차(crossover), 돌연변이(mutation), 반전(inversion) 연산자를 이용하여 문제에 대한 후보해 또는 유기체(organism)를 표현하는 개체군을 새로운 개체군으로 반복적으로 변형한다. 각각의 개체(individual)는 보통 한 개의 염색체(chromosome)로 구성되는데 이는 다시 이진수 값을 취하는 유전자(gene)들의 스트링으로 이루어진다. 개체들은 그 적합도(fitness)에 따라서 선택되어 자식(offspring)을 복제(reproduction)하는데 적합도가 높은 개체가 적합도가 낮은 개체보다 평균적으로 더 많은 자손을 재생산한다. 교차는 임의로 선택된 두 부모 염색체의 스트링의 일부분이 끊어져서 상호 교환됨으로써 정보를 교환하는 연산자이다. 이것은 두 개의 단일 염색체 유기체 사이의 이성간의 재결합을 모사하는 것이다. 돌연변이는 염색체 내의 어떤 유전자의 값을 임의적으로 바꾼다. 반전 연산자는 염색체의 연속된 한 부분의 순서를 거꾸로 함으로써 유전자들을 재정렬한다. 가장 단순한 형태의 유전자 알고리즘은 보통 다음과 같은 단계를 수행한다.

- 1 단계 : 문제에 대한 후보해를 염색체 형태로 표현한다.
- 2 단계 : 무작위로 생성된 염색체들로 개체군을 초기화 한다.
- 3 단계 : 주어진 문제에 대해 각 개체의 적합도를 계산한다.
- 4 단계 : 유전 연산자를 개체군에 적용하여 새로운 개체군을 생성한다.
- 5 단계 : 위의 3 단계로 간다.

위의 3-4단계는 알고리즘의 종료 조건이 만족될 때까지 반복된다. (유전자 알고리즘의 동작 원리와 구현시 고려할 보다 구체적인 결정 사항에 관해서는 전자공학회지 제22권 제11호 「장병탁, 1995」를 참고). 유전자 알고리즘은 보통 각각의 개체가 그 적합도에 비례하여 자손을 재생산하도록 하는 적합도 비례 선택법(proportional selection)을 사용하며 보통 함수의 최적화와 기계 학습 등에 널리 응용되고 있다.

진화 전략은 1960년대 말에 독일의 Rechenberg에 의해 개발되었는데 특징은 실수값의 파라미터

들로 구성된 벡터를 개체의 표현에 사용하는 것이다[Rechenberg, 1973]. 이것은 (좁은 의미의) 유전자 알고리즘이 이진스트링 형태로 부호화된 표현을 사용하는 것과 대조적이다. 진화 전략은 그 후 Schwefel 등에 의해 더욱 발전되었으며 특히 자동차 엔진이나 비행기 날개의 공기역학적 설계 등과 같은 공학적인 최적화 문제에 성공적으로 응용되었다[Schwefel, 1977]. 진화 전략은 절단 선택(truncation selection)기법을 사용하며 ($\mu+\lambda$) 전략, (μ,λ) 전략 등의 여러 가지 독자적인 방법들을 개발하고 이에 관해 이론적으로 연구하였다. 또한 목적 파라미터 뿐만 아니라 돌연 변이율과 같은 알고리즘 파라미터를 진화 도중에 자율적으로 변경하는 자기적응(Self-adaptation) 기법을 처음으로 사용하였다.

진화 프로그래밍은 진화 전략과 비슷한 시기에 Fogel 등에 의해 소개되었다[Fogel et al., 1966]. 진화 프로그래밍에서는 주어진 문제에 대한 후보해들이 보통 유한상태기계(finite-state machines)로 표현되며 주요 연산자로는 선택과 돌연변이를 사용한다. 원래의 진화 프로그래밍은 교차 연산자를 사용하지 않으며 보통 토너먼트에 의해 개체를 선택한다. 토너먼트 선택법(tournament selection)은 개체군에서 k개의 개체를 무작위로 선택한 다음, 그들 중 가장 적합도가 높은 것을 다음 세대로 복제하는 방법이다. 진화 프로그래밍은 하부의 유전자 단계보다는 개체 단계에서의 진화적 모델링에 더 관심을 두며 따라서

교차 보다는 돌연변이 연산자를 주 연산자로 사용하는 점에 있어서 진화 전략과 유사하다. 진화 프로그래밍은 인공 지능과 관련하여 종종 거론되었으며 오목과 비슷한 Tic-Tac-Toe 게임의 문제 해결 등에 사용된 바 있다.

유전자 프로그래밍은 최근 1990대 초에 들어 Koza에 의해 통합적으로 소개된 진화 연산 모델이다[Koza, 1992]. 그 기본 골격은 유전자 알고리즘과 유사하며 근본적인 차이점은 염색체 또는 개체를 표현하는 방법에 있다. 유전자 알고리즘이 고정된 길이의 이진 스트링을 사용하는데 반해서 유전자 프로그래밍은 가변적인 크기를 갖는 트리 모양의 염색체를 사용한다. 트리 구조는 보통 인공지능 프로그래밍 언어인 LISP에서의 S-expression의 파스 트리로 해석할 수 있으며 이론적으로는 LISP 언어가 표현할 수 있는 모든 프로그램을 진화시킬 수도 있기 때문에 기계 학습과 자동 프로그래밍의 기법으로 널리 활용된다. 이러한 풍부하고 융통성 있는 표현력으로 인하여 유전자 프로그래밍은 앞으로 인공 생명 분야에서 특히 각광을 받을 것으로 기대된다.

이것으로 진화 알고리즘에 대한 소개를 마치고, 다음에는 인공 생명 연구와 관련된 진화 알고리즘의 응용에 대하여 알아보려고 한다. <표 1>은 지금까지 진화 알고리즘이 사용된 사례 중 몇 가지를 요약한 것이다. 보다 상세하고 폭 넓은 응용에 대해서는 참고 문헌을 참조하기 바라며 아래에서는 이 중에 생태계, 면역계, 사회계 및 신경계에

<표 1> 인공 생명 연구를 위한 진화 알고리즘의 응용 사례

분 야	구체적 연구 사례	참 고 문 헌
생 태 계	기생 관계, 공생 관계, 자원 이동	「Jones and Forrest, 1993」 「Collins and Jefferson, 1992」
면 역 계	세포의 변이, 다중유전자계의 발견	「Forrest et al., 1993」, 「Hightower et. al., 1993」
경 제 계	혁신 과정, 입찰 전략, 경제 시장 형성	「Arthur, 1993」 「Holland and Miller, 1991」
사 회 계	협조 행동, 의사 소통, 흔적 따라가기	「Axelrod, 1987」, 「Lindgren, 1992」
신 경 계	신경망 기반의 동물 및 로봇 행동 진화	「Brooks, 1992」, 「Werner and Dyer, 1993」

대한 모델을 하나씩 대표적으로 소개하기로 한다.

III. 인공 생태계의 진화

인공 생명의 중요한 연구 분야 중의 하나는 생태계 움직임과 집단들의 진화적 동력학을 모델링하는 것이다. 이러한 모델링을 위한 도구로서 Echo, Bugs 등의 시스템이 있는데 이들은 모두 넓은 범위에 걸쳐 생태학적 상호작용을 모델링할 수 있도록 설계되었다. 여기서는 Echo 시스템에 관하여 살펴보기로 한다.

Echo 「Jones and Forrest, 1993」는 유전자 알고리즘이 집단 유전학을 모델링하는 것과 같은 개념으로 생태학을 모델링한다. 이것은 실제 생태계의 물리적 세부사항을 거의 모두 추상화하고 있으며, 개체와 개체 사이, 개체와 환경 사이의 기본적인 상호작용에 관심을 기울인다. Echo의 목적은 어떻게 개체 사이의 단순한 상호작용이 자원의 흐름, 공동 집단의 형성, 전쟁, 상거래 경쟁 등과 같은 고차원의 현상을 유도하는가를 연구하는 것이다.

Echo는 격자 상에 분포된 개체들의 한 집단으로 이루어져 있다. 많은 개체들이 같은 장소에 공존할 수 있고, 각각의 장소에는 위치값이 할당되어 있다. 또한 다양한 형태의 재활용 가능한 자원들이 격자 위에 분포된다. 각각의 자원들의 형태는 문자에 의해서 "a", "b", "c", "d" 등과 같이 코딩 되어 있다. 서로 다른 형태의 개체들은 서로 다른 형태의 자원을 이용하고, 이 자원을 내부적으로 저장할 수 있다. 개체들은 짝짓기, 상거래, 싸움을 하면서 상호 작용한다. 상거래와 싸움은 개체들 간에 내부적인 자원의 교환을 가져온다. 그리고 짝짓기는 자손을 만들어 내는데 그의 유전자는 부모 유전자들의 조합이다. 개체들은 또한 자기복제를 하지만 짝짓기는 복제와는 다른 과정이다. 각각의 개체는 다른 개체들과의 상호 작용의 방법을 결정하는 규칙들을 가지고 있는데 예를 들면 "어느 자원을 교환할 것인가" 또는 "어떤 조건에서 싸움을 할 것인가" 등이다. 이렇게 함으로써 사회 제도 진화의

가능성과 잠재적으로는 자연적인 생태계 안에서 자주 발견되는 현상인 모방(mimicry)을 시뮬레이션할 수 있다. 상호작용 규칙은 스트링의 매칭을 이용하며 따라서 이를 유전자형으로 쉽게 표현할 수 있다.

개체 각각의 유전자는 규칙의 적용 조건이나 요구하는 자원의 종류 등의 세부사항을 부호화한다. 다른 많은 인공 생명 모델에서와 마찬가지로 Echo는 선택과 재생산을 유도해 주는 명확한 적합 함수를 가지고 있지 않다. 그 대신에 한 개체가 자신의 게놈(유전자들의 총체)를 완전하게 복사할 정도의 충분한 자원을 축적했을 때 재생산을 한다. 가령, 어떤 개체의 게놈이 25개의 a와 13개의 b, 50개의 c로 이루어져 있다면 그것은 스스로 무성생식을 하기 이전에 그의 내부의 저장소에 적어도 25개의 a와 13개의 b, 그리고 50개의 c를 축적해야만 할 것이다. 일반적인 유전자 알고리즘에서와 같이 무성생식은 낮은 확률로 돌연변이를 겪는다. 또한 유전 물질은 짝짓기를 통해서 교환된다.

Echo 시스템은 경쟁하는 두 종족이 점진적으로 더욱 복잡한 공격적이고 방어적인 전투 전략들을 개발하는 것과 같은 아주 복잡한 행동들이나, 다른 종들 간의 생태학적 의존성(예를 들어, "개미-애벌레-파리"의 공생적인 삼각관계) 등을 보여주었다.

IV. 인공 면역계의 진화

면역계는 생물학적인 진화와 비슷한 진화 메커니즘에 의해서 학습이 일어나는 적응 시스템이다. 면역계는 순수 학문적 흥미 뿐만 아니라 적응계산에 대한 응용 가능성 때문에 인공 생명 연구자들에 의해서 연구되고 있다. 면역계는 거의 모든 외부의 세포나 분자들을 인식할 수 있다. 그러기 위해서는 자신의 체내에서 만들어지고 순환하는 세포와 분자들(105개 정도의 서로 다른 단백질로 구성되는 것으로 추정됨)을 외부의 것과 구별해야 한다. 면역계는 1016 정도의 다른 외부의 분자들

을 인식할 수 있다고 추정되는데 이것은 패턴인식의 관점에서 아주 놀라운 숫자이다. 특히, 면역계를 구성하기 위한 프로그램을 암호화하는 인간의 유전자가 약 105개 정도만의 유전자를 포함한다는 것과 면역계가 중앙 제어 기관이 없이 온몸에 걸쳐서 분산되어 있다는 것을 고려할 때 이는 더욱 놀라운 사실이다.

면역계를 모델링하기 위한 기존의 접근 방법들로는 미분방정식에 기반한 모델, 셀오토마타 모델, 분류기시스템 등이 있다. Forrest는 유전자 알고리즘을 사용하여 항원(외부물질)과 항체(인식을 수행하는 세포들)가 유전자열로 표현되는 공간상에서 면역 시스템을 가상적으로 구축하였다[Forrest et al., 1993]. 즉 이진스트링을 사용하여 B세포의 수용기와 T세포, 항원 위의 epitopes들을 표현한다. 실제 생물학적인 면역계에서 항체와 항원을 인식하는 것은 분자 모양과 정전기적 전하량에 의해서 결정되는 분자의 결합에 의해서 수행된다. 항원 인식의 복잡한 화학적 과정은 2진 면역계 내에 매우 단순화되었으며 스트링 매칭으로 모델링되었다. 유전자 알고리즘은 이들 스트링의 집단을 진화시키기 위해서 쓰여졌다. 긴 스트링에 대해서 완전한 매칭은 거의 불가능하다. 그래서 부분적 매칭 규칙이 사용되었는데, 이는 면역계의 인식능력이 자기 몸의 분자들과 외부 분자들의 혼동을 피하기 위해 특성화될 필요가 있다는 사실을 반영한다.

Forrest의 면역계 모델에서는 한 개의 항체 집단과 항원 중의 한 개가 임의로 생성된다. 대부분의 실험에서 항원 집단은 일정하게 유지되었고 항체의 집단은 유전자 알고리즘에 의해 진화하였다. 어떤 실험에서는 항원 집단도 항체들과 함께 진화하도록 허용되었다. 즉, 항원들은 항체들로부터 멀어지는 방향으로 진화해 나가는 반면 항체들은 항원을 향해 진화해 나간다. 자연적인 면역계에서처럼 항원들은 항체집단에 순차적으로 주어지고 유사성이 높은 항체들 즉 많은 비트 위치에서 일치하는 것들은 그들의 적합도가 증가된다.

이진 면역계는 (1) 임의로 주어지는 항원들의 잡음 섞인 환경 안에서 일반적인 패턴을 탐지하는 면역계의 능력, (2) 다양한 항원 집단에의 적용

범위를 발견하고 유지하는 능력, (3) 모든 항체가 명시되지 않고 모든 항원이 주어지지 않은 때에도 효과적으로 학습하는 능력 등 다양한 면들을 연구하는데 사용되었다.

V. 인공 사회계의 진화

사회 시스템의 이해와 모델링은 그것이 곤충 집단이건 혹은 인간 사회건 간에 많은 인공 생명 연구자들의 연구 초점이 되어 왔다. 진화 알고리즘은 이러한 모델을 개발하는데 있어서 중요한 역할을 하였으며 특히 협동의 진화에 대한 모델링을 하는데 기여한 바가 크다. 여기서는 그 일례로서 어떻게 유전자 알고리즘이 죄수의 딜레마(Prisoner's Dilemma) 문제에 적용되는가에 대하여 살펴본다.

죄수의 딜레마 문제는 두 사람이 하는 비교적 단순한 게임이다. 이 게임은 게임이론, 경제학, 정치학 등에서 폭넓게 연구되어 왔다. 왜냐하면 이 문제는 군비확장경쟁과 같은 실세계 현상에 대한 이상화된 모델로 볼 수 있기 때문이다. 각각의 경기자는 매번 자기 차례가 오면 독립적으로 협력할 것인가 배신할 것인가를 결정한다. 이 게임의 내용은 <표 2>에 기술된 보상 행렬로 요약될 수 있다. 만약 A와 B의 두 경기자가 모두 협력을 하면 그들은 각각 3점을 얻는다. 만약 A경기자가 배신하고 B경기자가 협력하면, A경기자는 5점을 B경기자는 0점을 얻는다. 상황이 역이면 보상은 반대이다. 마지막으로 두 경기자 모두 배신을 하게 되면 그들은 각각 1점을 얻는다. 만약 경기를 할 차

<표 2> 죄수의 딜레마 문제에 대한 보상금 행렬. 각각의 칸에 적힌 한 쌍의 숫자는 주어진 상황에서 죄수 A와 B에게 주어지는 대응되는 보상금이다.

		경기자 B	
		협력	배신
경기자 A	협력	3, 3	0, 5
	배신	5, 0	1, 1

레가 한 번만 주어진다면 분명히 가장 좋은 전략은 배신하는 것이다. 배신자에게 있어서의 가장 나쁜 결과는 1점을 얻는 것이고 가장 좋은 것은 5점을 얻는 것이다. 이 점수들은 협력자가 얻을 수 있는 각각의 최저 점수와 최고 점수보다 좋은 것이다. 딜레마는 다음과 같다. 만약 게임이 반복된다면, 즉 두 경기자가 연달아 여러 번의 경기를 한다면 항상 배신하는 전략은, 서로가 협동할 경우에 경기자들이 얻는 보상보다 훨씬 낮은 총 보상을 얻게 된다(Batali and Kitcher, 1994). 어떻게 이 상호적 협력이 유도될 수 있을까에 관한 의문은 협동과 배신이라는 개념이 실 세계에서 의 군비확장 경쟁과 같은 행위에 적용될 때 특히 중요한 의미를 지닌다.

Axelrod는 죄수의 딜레마 문제와 이와 관련된 게임들을 연구하였다(Axelrod, 1987). 초기의 연구 결과 반복적인 죄수의 딜레마 문제에 대한 최적의 전략은 가장 단순한 전략인 TIT FOR TAT이었다. TIT FOR TAT 전략은 처음 경기에서는 협력을 하고 다음 번 경기에서는 상대방 경기자가 지난번에 한 행동을 따라서 하는 것이다. 즉, 협력을 제공하고 다음에 보답을 한다. 그러나 만약 상대방이 배신을 하면 자신도 배신을 함으로써 보복을 한다.

이 경기를 성공적으로 할 수 있는 전략을 유전자 알고리즘이 진화시킬 수 있는지 보기 위해 Axelrod는 일련의 실험을 행하였다. 전략은 테이블 형태로 부호화되었으며 테이블의 각 항목은 앞서 행한 세 번의 연속적인 경기의 출력으로 나온 협동(C) 또는 배신(D) 중의 하나의 행동으로 채워졌다. 처음 실험에서, 진화된 전략은 사람이 설계한 8개의 전략과 경기를 하여 그 각각에 대해서 얻은 점수들의 평균값을 적합도로 하였다. 진화된 대부분의 전략들은 TIT FOR TAT과 유사하였으며 TIT FOR TAT을 성공적으로 만드는 여러 가지 특성을 포함하였다. 놀랍게도, 경우에 따라서는 TIT FOR TAT 보다 높은 점수를 얻는 전략을 발견하기도 하였다.

위의 결과로부터 유전자 알고리즘이 인간이 설계한 전략보다 더 좋은 게임 전략을 진화한다고 단정적으로 결론내리는 것은 잘못이다. 한 전략의

성능은 그것의 환경 즉 다른 전략들에 따라 달라진다. 위의 실험에서 환경은 정적인 것이었고 유전자 알고리즘에 의해 진화된 가장 좋은 전략은 8개의 고정된 전략의 특수한 약점을 가장 잘 이용하는 전략이었다. 이 특수한 전략이 다른 환경에서도 반드시 좋은 점수를 낼 수 있다고 할 수는 없다. TIT FOR TAT은 아주 일반적인 전략인데 반해서 유전자 알고리즘에 의해 얻은 전략은 주어진 환경에 특수한 것이다. 이 실험으로부터 다음과 같은 결론을 내릴 수 있다. 즉 유전자 알고리즘은 환경의 특성에 잘 적용한 개체들은 진화시킬 수 있다.

동적인 환경의 영향을 연구하기 위하여 Axelrod는 또 다른 실험을 행하였다. 이 실험에서는 집단 내에 존재하는 전략들이 서로 다른 전략들(8개의 고정된 전략이 아니라)과 서로 경기를 함으로써 그 적합도가 결정되었다. 이렇게 하면 전략 자체가 진화함으로써 매 세대마다 환경이 변하게 된다. 매 세대마다 각각의 전략은 집단내의 다른 전략들과 반복적 죄수의 딜레마 경기를 하여 모든 경기에 대한 평균 점수로서 적합도를 계산한다. 이 두 번째 실험에서는 다음과 같은 현상이 발견되었다. 유전자 알고리즘이 처음에는 비협력적인 전략을 진화시킨다. 이는 일찍부터 협력하는 경향을 보이는 전략은 다른 동료 전략들로부터 보답을 받지 못하여 소멸하는 경향을 보이기 때문이다. 그러나 10-20 세대가 지난 후에는 이 경향이 역전된다. 즉 유전자 알고리즘은 협력을 보상하고 배신을 벌주는 TIT FOR TAT의 변형과 같은 전략을 발견한다. 이러한 전략들은 서로간에 사이 좋게 지내며 다른 전략들에 의하여 (초기의 협력적인 전략들처럼) 완전히 배신당하는 일은 일어나지 않는다. 보답을 하는 전략들은 평균 이상의 점수를 내고, 집단에 널리 퍼짐으로써 점점 더 협력적이며 높은 적합도를 갖게 된다.

Lindgren은 경기자들이 전략을 수행하는데 있어서 실수를 범할 가능성을 가진 경우에 있어서 위의 Axelrod의 두 번째 실험과 유사한 죄수의 딜레마 문제를 문제를 다루었다. 보다 더 현실적인 사회 정치적인 모델로서 잡음과 불완전한 정보하에서 죄수의 딜레마 문제를 해결하기 위해 인공

진화 기법을 사용하는 연구도 수행된 바 있다.

VI. 인공 신경계의 진화

지금까지 살펴본 인공 생명 시스템에서는 모델링하고자 하는 파라미터들을 유전자들이 직접 코딩하는 방식을 취하였다. 그러나 실제에 있어서 동물들의 감각과 행동은 신경망에 의해서 제어된다. 따라서, 발생학적인 측면에서 더 현실감 있는 인공 생명 시스템은 진화 알고리즘을 사용하여 동물의 지능적인 행동을 유발하도록 하는 인공 신경계를 진화시키는 것이다. 인공 신경계는 감각과 동작의 인공 에이전트를 제어한다. 에이전트는 공간적 구조(보통 2차원)를 지닌 인공 환경 내에서 움직일 수 있다. 인공 신경망의 구조는 직접적, 간접적 혹은 개체 발생학적인 과정 등 여러 가지 방법을 사용하여 계층 형태로 표현된다. 계층들은 진화 알고리즘을 사용하여 여러 세대에 걸쳐서 수정된다. 한 인공 동물의 생애 동안 인공 신경망은 적응학습 알고리즘을 통하여 변경될 수 있다. 공학적인 응용을 위한 신경망의 유전자형 표현 방법 및 인공 신경망의 진화적 설계와 학습에 대해서는 「장병탁, 1995」와 「Zhang et al., 1997」를 참조하기 바란다. 여기서는 생물학적인 또는 동물 행동학적인 관점에서 신경망을 진화시킨 예를 살펴보기로 한다.

Werner와 Dyer는 다양한 형태와 강도를 가진 향기와 소리를 지닌 2차원 환경을 구축하였다 「Werner and Dyer, 1993」. 향기와 소리의 세기는 그 발생지로부터 퍼져 나간다. 다양한 종의 Biot라 불리는 생명체들이 BioLand라는 환경에서 상호 작용한다. 이 환경은 또한 식물, 나무, 굴과 같은 간단한 물리적 대상들을 포함한다. 식물들은 몇몇 Biot 종들의 먹이로 제공되고 나무와 굴들은 위치 표시물 역할을 한다. 또한 안전지대는 보급자리를 위해서 혹은 포식자 Biot들로부터 도망치기 위해서 사용된다. Biot들은 무의식적으로 냄새를 내는데 이것은 그들의 같은 종이나 성(gender)의 구성원임을 가리키기 위해 쓰인다. 또한 이 모의 실험

장치는 나이, 짝짓기의 가능성 등과 같은 다른 육체적 특성을 나타낼 수 있도록 확장될 수 있다. Biot들은 무의식적인 소리를 내는데, 더 빨리 움직일수록 더 커져서 먼거리로 퍼진다. 소리는 또한 자발적으로 만들어질 수도 있는데 이는 Biot의 신경망 모터 제어로 생성된다. 각각의 Biot는 주파수라 불리는 다양한 종류의 서로 구별되는 의지적 소리를 만들어 낼 수 있다. 서로 다른 주파수들은 Biot들이 상호 의사 전달을 하거나, 다른 소리들과 양측의 감각 신경세포를 통해 받아들인 합성된 소리들을 구별할 수 있게 해준다.

Biot들은 부드럽게 방향을 틀고 속도를 바꿀 수 있다. 그들의 신진대사(metabolism)는 활동을 하면 떨어지고 먹이를 먹으면 올라간다. 먹이는 육식 동물에게 있어서는 피식 Biot들이고 초식동물에 있어서는 식물들이다. Biot들은 물체를 쥐고 놓을 수 있으며 짝짓기 운동신경 세포들도 가지고 있다. 짝짓기와 자식 낳기는 충분한 신진대사를 가진 두 마리의 같은 종의 Biot들이 서로 가까이 접근하고 동시에 그들의 짝짓기 운동신경 세포를 발화하면 일어난다. 이 때, 돌연변이와 부모 유전자들의 재조합을 통해서 다양한 자손이 생산된다. Biot의 유전자들은 표준의 축색-수상돌기 연결과 상위 단계의 축색-축색돌기 연결을 코딩한다.

한 실험에서 초식동물 Biot들은 prairie dogs, 그리고 두 개의 다른 포식자 종들은 뱀과 매라고 불린다. Prairie dog biot들은 뱀과 매로부터 달아나도록 진화되었고 포식자들은 이들 피식자들을 추적하도록 진화되었다. 피식자들은 또한 포식자로부터의 방어를 위해서 무리를 형성하도록 진화되었다. Prairie dog들은 또한 그들 사이에 다양한 포식자 경계 신호를 진화시켜 경계 신호의 성격에 따라서 나무나 굴과 같은 적당한 피신처를 찾도록 하는 실험도 수행되었다.

VII. 요약 및 향후과제

위에서 진화 알고리즘이 인공 생명 시스템을 구

축하는데 사용된 몇 가지 예들을 살펴보았다. 이 사례들은 진화 알고리즘이 인공 생명 연구의 여러 모델링 단계 즉 분자, 세포, 유기체 및 개체군 단계에서 공히 사용될 수 있고 또한 실제로 성공적으로 사용되고 있음을 시사해 준다. 그러나 현재 인공 생명과 결합되어 사용되는 진화 알고리즘은 몇몇 예외 시스템을 제외하고는 대부분 단순 유전자 알고리즘이다. 진화 연산 자체의 관점에서 볼 때 인공 생명은 아주 흥미있는 문제들을 제공해주며, 앞으로 특히 다음의 점에 있어서 많은 연구가 있어야 한다고 사료된다.

- (1) 개체 표현 방식의 다양화
- (2) 새로운 유전 연산자의 개발
- (3) 적합도 함수의 변화

주어진 환경이나 문제 영역에 대해서 어떤 측면을 유전자형에 표현할 것인가와 어떻게 그것을 표현할 것인가를 선택하는 것은 성공적인 인공 생명 모델의 구축에 중요한 영향을 미친다. 유전자 알고리즘은 전형적으로 이진수와 같은 낮은 수준의 유전자 형태를 이용한다. 그러나 이진수는 환경의 상태와 제어 인자들을 자연스럽게 표현하지 못할 수 있다. 때문에 표현의 문제는 인공 생명의 합성뿐만 아니라 생명계의 모델링을 위한 진화 알고리즘에 있어 아주 중요하다. 따라서 표현 방식에 있어서 기존의 이진 스트링에서 탈피하여, 진화 전략에서 처럼 실수값의 파라미터를 직접 사용하든지, 또는 유전자 프로그래밍에서와 같이 가변적인 크기의 트리 구조를 활용함으로써 좀 더 다양한 문제 접근 방법을 취할 수 있을 것이다.

실제적인 진화 모델을 구축하려 할 때 또 고려하여야 할 사항은 유전자형과 표현형 사이의 사상 문제이다. 이와 관련하여, 유전자형을 순차적인 여러 단계를 통해서 표현형으로 변환하는 발생(development) 등에 관한 연구가 최근에 발표되었다. 예로서, L-시스템「Lindenmayer, 1968」을 사용하여 유전자형이 문법을 규정하도록 하고 이 문법을 반복 적용함으로써 표현형이 생성되는 방법들이 제안되고 있다. 이러한 방식은 특히 유전자 프로그래밍으로 자연스럽게 구현될 수 있으며 「Jacob, 1996」 아직 초보 단계이긴 하지만 이에

관한 연구는 앞으로 특히 발생학적인 모델링에 있어서 유망한 접근 방법으로 사료된다.

다양한 유전 연산자의 개발은 개체의 표현 방식과 밀접한 관련을 가지고 있다. 이진수가 선형적으로 정렬된 표현이 널리 쓰여진 이유 중의 하나는 표준적인 돌연변이와 교차 연산자가 여러 문제에 범용으로 적용될 수 있기 때문이다. 그러나 현재 유전자 알고리즘에서 사용되는 표준 교차 연산자는 염색체상에서 멀리 떨어져 있는 유전자들은 분리해 놓는 경향을 보인다. 비록 유전자의 표현이 단백질이 합성될 때 그 위치에 의해 간접적으로 제어되기는 하지만, 자연적 유전계에서는 하나의 유전자는 위치가 어디에 있는가에 관계 없이 하나의 단백질을 암호화 한다. 이러 면에서 진화 전략에서 사용하는 균등 교차(uniform crossover) 연산자는 유전자들의 위치 의존성을 줄일 수 있는 방법으로서 전망이 있다. 그 외에도, 지난 수십 년에 걸쳐 분자 생물학은 유전 물질의 재배치를 위한 많은 메커니즘들을 발견해 왔다. 예를 들자면, jumping 유전자, 유전자 삭제와 복제, introns과 exons 등이다. 만약 이들 중 어떤 것이 알고리즘적으로 중요하다면 이를 진화 알고리즘에 도입함으로써 인공 생명의 합성에 유용하게 사용할 수 있을 것이다.

진화 알고리즘이 생물학적으로 볼 때 가장 비현실적인 특성 중의 하나는 적합도 함수를 명시적으로 제시해 주어야 한다는 것이다. 앞에서 살펴본 인공 생명 시스템의 예에서 발견할 수 있는 한 가지 특징은, 외부로부터 주어진 정적인 적합도 측정 방법에서 탈피하여 더욱 공진화적(co-evolutionary)이고 내부로부터 성장하는(endogenous) 적합도 평가 방법으로 이동하고 있다는 것이다. 이러한 환경하에서의 진화 알고리즘의 동력학을 기술하고 분석할 수 있는 이론적인 연구가 요구된다.

진화 알고리즘을 근본적으로 개선하고 확장하기 위한 방법 중의 하나는 진화 자체를 더 연구하는 것이다. 지금까지의 연구가 주로 자연 진화에서의 아이디어를 컴퓨터 기술의 발전에 응용하는 방향으로 진전되어 왔다면, 앞으로는 이 발전된 기술을

이용해서 다시 진화 시스템을 더 잘 이해하기 위한 연구도 필요할 것이며, 인공 생명은 곧 이러한 방향의 연구의 일부로 보여진다. 결국 진화 알고리즘과 인공 생명은 공생 관계에 있으며 함께 진화해 나아가야 할 것이다.

참 고 문 헌

- [1] Arthur, W. B., On designing economic agents that behave like human agents, *Evolutionary Economics*, vol. 3, pp. 1–22, 1993.
- [2] Axelrod, R., The evolution of strategies in the iterated Prisoner's Dilemma, in Davis, L. D. (Ed.), *Genetic Algorithms and Simulated Annealing*, Los Altos, CA : Morgan Kaufmann, 1987.
- [3] Batali, J. and Kitcher, P., Evolutionary dynamics of altruistic behavior in optional and compulsory versions of the iterated prisoner's dilemma, *Artificial Life IV*, Cambridge, MA : MIT Press, pp. 343–348, 1994.
- [4] Brooks, R. Artificial life and real robots, *Proceedings of First European Conference on Artificial Life*, Cambridge, MA : MIT Press, pp. 3–10, 1992.
- [5] Collins, R. J. and Jefferson, D. R., AntFarm : Towards simulated evolution, *Artificial Life II*, Reading, MA : Addison – Wesley, pp. 579–601, 1992.
- [6] Fogel, L. J., Owens, A. J., and Walsh, M. J., *Artificial Intelligence through Simulated Evolution*, New York : John Wiley, 1966.
- [7] Fogel, D. B., *Evolutionary Computation : Toward a New Philosophy of Machine Intelligence*, IEEE Press, 1995.
- [8] Forrest, S., Javornik, B., Smith, R., and Perelson, A., Using genetic algorithms to explore pattern recognition in the immune system, *Evolutionary Computation*, vol. 1, pp. 191–221, 1993.
- [9] Goldberg, D. E., *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*, Addison–Wesley, 1989.
- [10] Hightower, R., Forrest, and S., Perelson, A., The evolution of secondary organization in immune system gene libraries, *Proceedings of Second European Conference on Artificial Life*, Cambridge, MA : MIT Press, 1993.
- [11] Holland, J. H., *Adaptation in Natural and Artificial Systems*, Ann Arbor, MI : University of Michigan Press, 1975, 2nd Ed., 1992.
- [12] Jacob, C., Evolving evolution programs : Genetic programming and L–systems, *Proceedings of First International Conference on Genetic Programming*, Cambridge, MA : MIT Press, 1996.
- [13] Jones, T. and Forrest, S., An introduction to SFI Echo, *Working Paper 93–12–074*, Santa Fe, NM : Santa Fe Institute, 1993.
- [14] Koza. J. R., *Genetic Programming : On the Programming of Computers by Means of Natural Selection*, MIT Press, 1992.
- [15] Langton, C. G., *Artificial Life : An Overview*, (Ed.) Cambridge, MA : MIT Press, 1995.
- [16] Lindenmayer, A., Mathematical models for cellular interaction in development, Parts I and II, *Journal of Theoretical Biology*, vol. 18, pp. 280–315, 1968.
- [17] Lindgren, K., Evolutionary phenomena in simple dynamics, *Artificial Life II*, Reading, MA : Addison–Wesley, pp. 295

- 312, 1992.
- [18] Rechenberg, I., *Evolutionsstrategie : Optimierung Technischer Systeme nach Prinzipien der Biologischen Evolution*, Frommann-Holzberg Verlag, Stuttgart, 1973.
- [19] Sims, K., Evolving 3D morphology and behavior by competition, *Artificial Life IV*, Cambridge, MA : MIT Press, pp. 28-39, 1994.
- [20] Srinivas, M. and Patnaik, L. M., Genetic algorithms : a survey, *IEEE Computer*, June 1994, pp. 17-26.
- [21] Werner, G. M. and Dyer, M. G., BioLand : A massively parallel simulation environment for evolving distributed forms of intelligent behavior, In Kitano, H. (Ed.) *Massively Parallel Artificial Intelligence*, Cambridge, MA : MIT Press, 1993.
- [22] Zhang, B.T., Ohm, P., and Muehlenbein, H., Evolutionary induction of sparse neural programs, to appear in *Evolutionary Computation*, 1997.
- [23] 장병탁, “유전 알고리즘 이론 및 응용”, 전자공학회지, 제22권 제11호, pp. 60-69, 1995년 11월.

저자 소개



張炳卓

1963年 7月 11日生

1986年 2月 서울대학교 컴퓨터공학과 학사

1988年 2月 서울대학교 대학원 컴퓨터공학과 석사

1992年 7月 독일 Bonn대학교 컴퓨터과학과 박사

1988年 10月~1992年 8月 Universitaet Bonn, AI Lab. 연구원

1992年 9月~1995年 8月 독일국립전산학연구소(GMD) 연구원

1995年 9月~1997年 2月 건국대학교 컴퓨터공학과 조교수

1997年 3月~현재 서울대학교 컴퓨터공학과 조교수

주관심 분야 : 진화알고리즘, 신경망 시스템, 기계학습, 인공지능, 인공생명