

논문 2005-42CI-5-7

# 공생 진화를 이용한 Immunotronic 접근 방식의 하드웨어 오류 검출

(A New Immunotronic Approach to Hardware Fault Detection Using Symbiotic Evolution)

이 상 형\*, 김 은 태\*\*, 이 희 진\*\*\*, 박 민 용\*\*

(Sanghyung Lee, Euntai Kim, Heejin Lee, and Mignon Park)

## 요 약

본 논문에서는 하드웨어 오류 검출을 위하여 공생 진화(symbiotic evolution)에 기반을 둔 새로운 immunotronic 알고리즘을 제안한다. 면역학(immunology)과 전자공학(Electronics)을 결합한 immunotronic 시스템에서 가장 중요한 점은 포용 조건(tolerance condition)을 생성하는 방식이다. 여기서 포용 조건 생성은 생체 면역 시스템에서의 항체 생성을 의미한다. 본 논문에서는 생체 면역 시스템에서 매우 중요한 개념인 항체의 다양성 원리(principle of antibody diversity)를 포용 조건 생성에 적용한 후 공생 진화를 통하여 이를 구현한다. 공생 진화는 기존의 유전자 알고리즘(standard genetic algorithm, SGA)에 비해서 더욱 더 생체 면역 시스템이 항체를 생성하는 방식과 유사하며 이러한 방식은 이전의 immunotronic 방식에 비해서 더 향상된 비자기 검출율을 보여 준다. 이렇게 제안된 알고리즘을 FSM(Finite State Machine)의 가장 전형적인 예인 십진 카운터와 MCNC benchmark FSM에 적용한 후 컴퓨터 모의 실험을 통해 그 성능을 확인한다.

## Abstract

A novel immunotronic approach to fault detection in hardware based on symbiotic evolution is proposed in this paper. In the immunotronic system, the generation of tolerance conditions corresponds to the generation of antibodies in the biological immune system. In this paper, the principle of antibody diversity, one of the most important concepts in the biological immune system, is employed and it is realized through symbiotic evolution. Symbiotic evolution imitates the generation of antibodies in the biological immune system more than the traditional GA does. It is demonstrated that the suggested method outperforms the previous immunotronic methods with less running time. The suggested method is applied to fault detection in a decade counter (typical example of finite state machines) and MCNC finite state machines and its effectiveness is demonstrated by the computer simulation.

**Keywords:** immunotronic system, hardware fault detection, tolerance conditions, symbiotic evolution, antibody diversity

## I. 서 론

20세기에 들어서면서 면역학(immunology)의 여러 문

제들이 이론적으로 해결되었으며 면역 현상에 대해서 다양한 수학적 모델과 해석 방법이 제안되었다. 면역학에 대한 다양한 이론적 업적들로 인해 면역학은 패턴 인식<sup>[1]</sup>, 오류 검출<sup>[2]</sup>, 자료 해석<sup>[3]</sup>, 전문가 시스템<sup>[4]</sup>, 스케줄링<sup>[5,6]</sup>, 기계 학습<sup>[7]</sup>, 로봇 제어<sup>[8]</sup>, 탐색 및 최적화<sup>[9]</sup>, 정보 보안 시스템<sup>[10,11]</sup> 등 다양한 분야에 적용되었다.

이러한 다양한 연구 중에 특히 하드웨어 오류 검출 시스템에 면역학을 적용한 연구가 활발하게 진행되고 있으며 특히 Bradley에 의해 면역학과 전자공학

\* 학생회원, \*\* 정회원, 연세대학교 전기전자공학과 (Yonsei University)

\*\*\* 정회원, 국립 한양대학교 정보제어공학과 (Hankyong National University)

※ 본 논문은 산업자원부 차세대사업 (네트워크기반 적응생존형 바이오프로세서)에 의해 지원되었습니다  
접수일자: 2004년12월9일, 수정완료일: 2005년8월6일

(electronics)이 결합된 immunotronics가 제안되었다<sup>[12]</sup>. 오류 검출은 고장 포용 하드웨어 (fault-tolerant hardware)의 가장 핵심적인 문제이며 이를 위하여 여러 가지 연구들 즉 n-modular redundancy (NMR)<sup>[13]</sup>, 오류 검출 및 수정 코드<sup>[14]</sup>, 자기 검사 논리 회로<sup>[15]</sup> 등이 제안되었다. 하지만 이러한 방법들은 immunotronic 방법에 비해 몇 가지 단점들을 가지고 있다. 즉 기존의 방법들은 기존의 정보들에 대한 불완전 정합(imperfect matching)을 적용하지 않았다. 불완전 정합은 오류 정보가 시스템에 완전히 알려져 있지 않은 경우에도 시스템의 오류 검출을 가능하게 한다. 그리고 오류는 네거티브 선택(negative selection)에 의해 올바른 상태(자기)의 정보로부터 생성되는 포용 조건들에 의해 검출된다<sup>[16]</sup>. Immunotronic 시스템에서의 포용 조건은 생체 면역 시스템에서의 항체를 의미하며, immunotronic 시스템을 설계하는데 있어 가장 중요한 문제는 포용 조건을 생성하는 방법과 자기와 비자기를 효과적으로 구분하는 방법이다. Bradley 등은 네거티브 선택 알고리즘으로 무작위로 생성된 포용 조건으로부터 원하는 포용 조건을 선택하였다<sup>[12]</sup>. 특히 D'haeseleer는 greedy 탐색 알고리즘을 이용하여 검색 영역을 확장함으로써 검출율을 향상시켰다<sup>[17]</sup>. 최근에 유전자 알고리즘에 기반을 둔 immunotronic 시스템으로 오류 검출율을 향상시킨 연구가 존재하였다<sup>[18]</sup>. 그러나 기존의 immunotronic 시스템은 면역 시스템을 단지 피상적으로 모방하였을 뿐 면역 시스템에서 중요한 개념인 항체의 다양성 원리를 고려하지 않았다. 이 원리로 인해 B 세포는 제한된 DNA 수만으로 항체를 생성할 수 있으며, 적은 수의 항체만으로 더 많은 비자기 검출이 가능하다<sup>[19]</sup>. 본 논문에서는 포용 조건을 항체의 다양성 원리를 적용하여 생성한다. 그리고 포용 조건은 공생 진화 알고리즘을 통해서 선택된다. 본 논문에서 사용하는 공생 진화는 새로운 개념이긴 하지만 이전 몇몇 논문들에서 제안되었다<sup>[20,21]</sup>. Moriarty는 신경 망 설계를 위해서 SANE (sybiotic, adaptive neuro-evolution) 방식을 제안하였으며<sup>[21]</sup> Lin 등은 퍼지 제어를 설계하기 위해 공생 진화 알고리즘을 적용하고 이를 통하여 퍼지 규칙을 생성하였으며 이 방식이 기존의 SGA에 비해 성능이 우수하다는 것을 보여 주었다<sup>[20]</sup>. 실제로 본 논문에서는 공생 진화 알고리즘을 적용하여 포용 조건을 생성하게 되는데 최초의 공생 진화 개념은 면역 모델 개념에서부터

생겨 난 것이다<sup>[22]</sup>. 따라서 공생 진화 알고리즘을 immunotronic 문제에 적용하는 것은 아주 타당한 연구가 된다.

본 논문은 다음과 같이 구성된다. II장에서 생체 면역 시스템의 개요와 생체 면역 시스템과 하드웨어 오류 검출을 위한 immunotronic 시스템의 연관성에 관해서 설명한다. 그리고 III장에서는 공생 진화를 이용하여 실제로 포용 조건을 생성하는 알고리즘을 제안한 후 IV장에서 컴퓨터 시뮬레이션을 통해 FSM의 가장 간단한 예인 십진 카운터와 MCNC benchmark FSM에 적용하여 성능을 확인하고 결과를 분석한 후 V장에서 결론을 짓는다.

## II. 생체 면역 시스템과 immunotronic 시스템

### 1. 생체 면역 시스템

생체 면역 시스템은 바이러스나 박테리아 혹은 기생충 같은 외부 물질들의 침입에 대하여 생체를 보호하는 시스템이며, 이러한 외부 물질들을 항원 (antigen)이라고 부른다. 실제 생체 면역 시스템은 두 가지 형태의 입자로 구성되어 있다. 즉 B 세포와 T 세포의 두 세포로 구분되는데 B 세포는 항체를 생성함으로써 이 항체가 항원을 파괴하는 역할을 하며, T 세포는 B 세포의 항체 생성을 돕는 t-helper 세포와 직접 항원을 파괴하는 t-cytotoxic 세포로 나누어진다. 일반적으로 B 세포의 면역 작용을 체액 면역(humoral immunity)이라고 하고 T 세포의 면역작용을 세포성 면역(cell mediated immunity)이라고 한다. 한편 면역계에서 중요한 역할을 하는 또 다른 세포가 APC(antigen presenting cell) 인

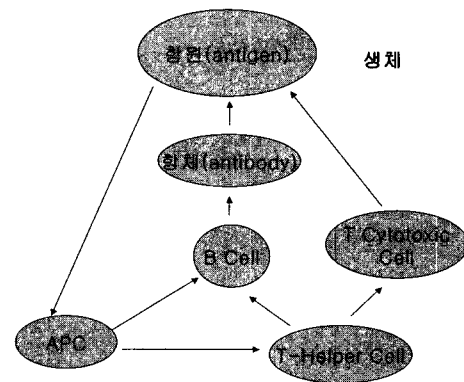


그림 1. 생체 면역계의 상호작용  
Fig. 1. Interaction of Biological Immune System.

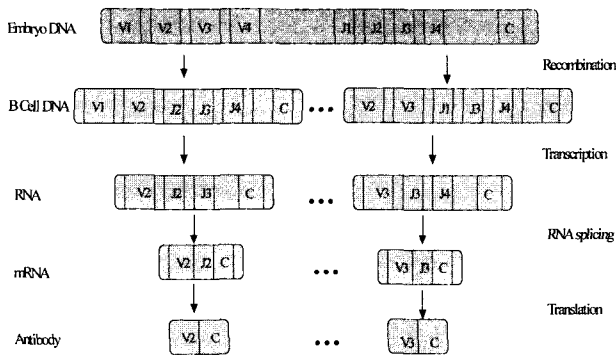


그림 2. 생체 면역 시스템에서의 항체 생성 과정  
Fig. 2. The process of generating antibodies in the biological immune system.

이 세포는 항원을 분해한 후 MHC를 연결하여 사전에 B세포로 하여금 항원(비자기)과 자기를 구분할 수 있도록 해주는 역할을 하는 세포이다<sup>[23]</sup>. 생체 면역 시스템의 상호작용은 그림 1과 같다.

생체 면역 시스템에서는 다음과 같은 과정으로 항체가 생성된다. 그림 2에서 보여지듯 항체는 미성숙 DNA(Embryo DNA)로부터 재결합(recombination), 전사(transcription), 접착(splicing), 해석(translation)의 과정을 거쳐 생성된다. 본 논문에서는 전술한 바와 같이 생체면역 시스템에서의 항체 생성 과정과 유사하게 포용 조건을 생성하게 된다.

2. 하드웨어 오류 검출을 위한 immunotronic 시스템

본 논문에서는 새로운 방식의 immunotronic 시스템을 제안하여 FSM의 오류 검출에 이를 적용한다. 일반적으로 하드웨어는 FSM의 집합으로 표현될 수 있으며 FSM은 상태와 상태사이의 상태변이를 가진다. 생체 면역 시스템과 하드웨어 오류 검출 시스템은 표 1과 같은 연관관계를 가진다.

하드웨어 오류 검출을 위한 immunotronic 시스템에서는 알려진 자기에 대해서 네거티브 선택을 통해 포용 조건을 생성한 후 에러 상태 (비자기) 발생시 에러를 검출 해낸다. 포용 조건은 생체 면역 시스템에서의 항체에 해당하며 포용 조건 집합을 생성하는 알고리즘이 하드웨어 오류 검출 시스템에서 가장 핵심적인 부분이 된다.

본 논문에서는 공생 진화를 이용한 포용 조건을 생성하는 새로운 방식을 제안한다. 제안된 알고리즘은 항체의 다양성 원리를 고려한 알고리즘이며 이전의 immunotronic 시스템보다 생체 면역 시스템과 더 유사

표 1. 면역 시스템과 오류 검출 시스템  
Table 1. Immune System and Hardware Fault Detection System.

면역시스템	하드웨어 오류 검출 시스템
자기(Self)	유효한 상태
비자기(Nonself)	유효하지 않은 상태
항체 생성	포용 조건 생성
항체	포용 조건의 집합 (검출기)
항원/항체 속박	패턴 매칭

한 방식이 된다.

III. 공생진화를 이용한 포용 조건 생성 알고리즘

1. 항체의 다양성 원리

과학자들은 제한된 유전자의 수로써 어떻게 수많은 항원들에 대한 다양한 항체들을 생성해낼 수 있는지에 대해서 지속적으로 연구해왔다. 이는 항체 생성시 DNA가 가능한 다양하게 형성되어, 다양한 항체들을 생성하게 되는 것이고 이러한 다양한 항체가 다양한 항원을 파괴할 수 있게 하는 것이다. 이러한 원리를 항체의 다양성 원리라고 부른다. 생체 면역 시스템과 마찬가지로 immunotronic 시스템에서도 항체의 다양성 원리는 매우 중요한 역할을 한다. 항체의 다양성 원리를 포함한 항체 생성 원리는 그림 3과 같다.

더 많은 비자기를 탐지하기 위해서는 더 많은 포용 조건들이 필요하다. 만약 비자기와 같은 수의 포용 조건이 존재한다면 모든 비자기들을 탐지할 수 있을 것이다. 그러나 시스템의 기억공간은 한계가 있고 따라서 포용 조건의 수를 줄일수록 더 효율적인 하드웨어 시스템을 구현할 수 있게 된다. 이 때문에 항체의 다양성 원리를 구현하는 것은 중요하다. 즉 포용 조건 생성시 포

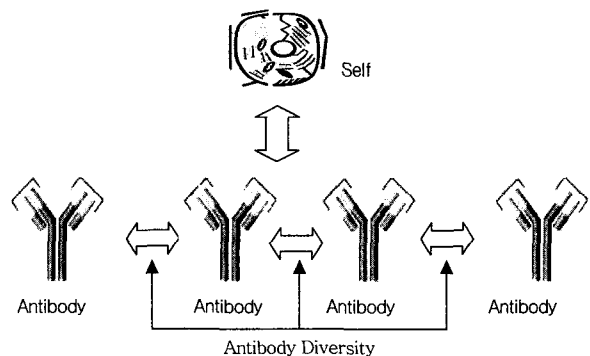


그림 3. 항체 생성의 원리  
Fig. 3. The principle of antibody generation.

용 조건을 가능하면 다양하게 생성함으로써 항체의 다양성 원리가 구현 가능하며 이를 통하여 한정된 수의 포용 조건만으로 최대한 비자기를 탐색할 수 있는 공간을 넓힐 수 있으며 비자기 탐색 속도 높일 수가 있다.

## 2. 공생 진화

SGA에서는 하나의 개체가 일련의 알려지지 않은 파라미터로 구성되어 있고 전체 해를 의미한다. 적합도 값은 각 파라미터의 성능에 따라서 각각의 개체에 할당된다. 반면에 공생 진화에서는 각각의 개체가 전체 해를 의미하지 않으며 단지 전체 해의 일부분을 표시할 뿐이다. 이러한 미지의 파라미터(개체들)가 모여서 전체 해를 이루게 된다. 일반적으로 이러한 개체들의 집합이 보여주는 성능은 각 개체의 성능의 합보다 더 뛰어나기 마련이고 따라서 이러한 방식을 공생 진화라고 부르게 되는 것이다. 면역 시스템의 모델로부터 파생된 공생 진화의 개념은 실제 생체 면역 시스템에서의 항체 생성 과정과 거의 유사하다. 따라서 immunotronic 시스템에서 포용 조건 생성에 공생 진화 알고리즘을 적용하는 것은 아주 타당한 방식이 된다. 생체 면역 시스템에서 한가지 더 고려해야 될 점은 각각의 항체들은 항원을 검출하기 위해서 협력을 할뿐만 아니라 생존을 위해서 서로 경쟁한다는 점이다. 즉 항체들은 협력과 동시에 경쟁을 하게 되는 것이다.

본 논문에서는 공생 진화를 포용 조건 생성 알고리즘에 적용한다. 포용 조건은 네거티브 선택과 항체의 다양성 원리에 의해서 생성된다. 즉 포용 조건은 해밍 거리 (Hamming distance) 관점에서 자기들과 가능한 멀리 떨어져 있도록 생성이 되며 (네거티브 선택을 의미), 포용 조건끼리도 가능한 서로 멀리 떨어지도록 생성이 되는데 이는 항체의 다양성 원리를 의미한다. 생체 면역 시스템에서는 포용 조건이 서로 협력함과 동시에 서로 경쟁함으로써 더 나은 항원 검출 성능을 보여주게 된다.

SGA에서는 하나의 개체가 완전한 해를 의미하기 때문에 적합도 값을 각각의 개체에 할당하면 된다. 그러나 공생 진화는 각 개체들의 집합이 전체 해를 의미하기 때문에 적합도 값을 각각의 개체에 적절하게 할당하는 방법이 매우 중요하다.

따라서 본 알고리즘에서는 적합도 값을 구성하여 각각의 개체에 적절하게 나누어 할당하여야 한다. 본 논

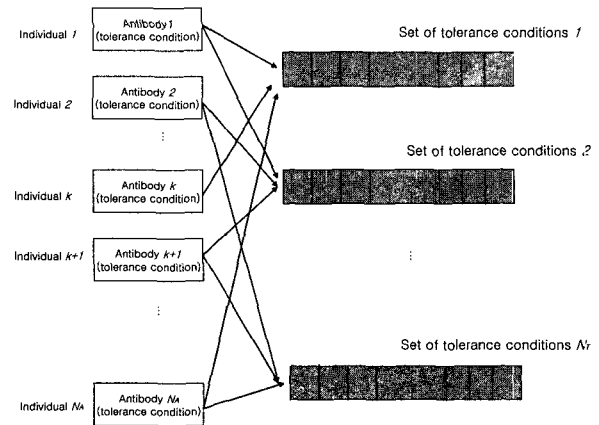


그림 4. 공생 진화의 기본 구조

Fig. 4. The basic scheme of symbiotic evolution.

문에서는 다음과 같은 적합도 값 할당 전략을 사용한다. 이러한 알고리즘은 Lin의 논문<sup>[20]</sup>에서 기본 아이디어를 빌려왔으나 이 문제에 맞게 새롭게 변형되었다. 기존의 Lin의 연구는 퍼지 시스템의 적합도 값을 그 퍼지 시스템을 구성하는 퍼지 규칙에 균등하게 나누는 방식을 사용하였다. 이와 달리 본 논문에서는 생체 면역 시스템과 좀 더 유사하게 두 부분으로 나누어 적합도 값을 할당한다. 즉 자기와 포용 조건 사이의 해밍 거리는 그대로 각각의 포용 조건에 바로 할당하여 공생 진화의 개념을 포함하지 않고, 항체의 다양성 원리를 의미하는 포용 조건들 사이의 해밍 거리 부분만을 각각의 포용 조건들에 균등하게 나누는 방식을 사용하여 공생 진화의 개념을 포함하였다. 결국 공생 진화라는 것은 포용 조건 (항체)들끼리 서로 도움을 주면서 비자기(항원)를 찾아낸다는 의미인데 자기와 포용 조건(항체) 사이의 적합도 값은 자기와 항체사이의 관계를 의미하므로 공생 진화의 의미를 적용하는 것은 적절하지 않고, 포용 조건 사이의 거리를 의미하는 적합도 값에만 공생 진화의 개념을 적용하는 것이 타당할 것이고 실제로 이런 식의 알고리즘 구성이 더 나은 결과를 보여 주게 된다. 본 알고리즘의 주된 구조는 그림 4와 같고 아래와 같은 과정으로 진행된다.

$N_A$  개의 개체로 이루어진 집단(population)을 가정한다.

과정 1)  $N_A$  개의 개체로 이루어진 집단으로부터  $N_T$  개의 포용 조건을 무작위로 선택한다. 여기서  $N_T$ 는 포용 조건의 개수이며  $N_T \ll N_A$  조건을 만족한다.

과정 2) 선택된 포용 조건의 집합에 대해서 적합도

값을 계산한다. 선택된  $N_T$  포용 조건 집합의 적합도 값은 다음과 같이 정의된다.

$$F = \sum_{k=1}^{N_T} \{ \min_{j=1}^{|\mathcal{S}|} (H(\sigma_j, \tau_k)) \} + \sum_{i=1}^{N_T} \sum_{j=1}^{N_T} H(\tau_i, \tau_j) \quad (1)$$

그리고 각각의 포용 조건에 해당되는 적합도 값은 다음과 같이 계산된다.

$$f_k = \min_{j=1}^{|\mathcal{S}|} (H(\sigma_j, \tau_k)) + \frac{1}{N_T} \sum_{i=1}^{N_T} \sum_{j=1}^{N_T} H(\tau_i, \tau_j) \quad (2)$$

$N_T$  : 포용 조건 집합의 크기

$\sigma_j$  :  $j$  번째 자기

$\tau_i$  :  $i$  번째 포용 조건

$|\mathcal{S}|$  : 자기 집합

여기서,

$$H(X, Y) = \sum_{i=1}^N (x_i \oplus y_i), X, Y \in \{0, 1\} : \text{해밍거리}$$

만약 전체 포용 조건에 대해서 적합도  $f_k$ 을 더한다면 다음과 같은 식을 얻게 된다.

$$\begin{aligned} \sum_{k=1}^{N_T} f_k &= \sum_{k=1}^{N_T} \{ \min_{j=1}^{|\mathcal{S}|} (H(\sigma_j, \tau_k)) \\ &+ \sum_{i=1}^{N_T} \sum_{j=1}^{N_T} H(\tau_i, \tau_j) / N_T \} \\ &= \sum_{k=1}^{N_T} \{ \min_{j=1}^{|\mathcal{S}|} (H(\sigma_j, \tau_k)) \} \\ &+ \sum_{i=1}^{N_T} \sum_{j=1}^{N_T} H(\tau_i, \tau_j) \\ &= F \end{aligned} \quad (3)$$

과정 3) 각 포용 조건들이 충분한 회수로 선택이 될 때까지 1,2번 과정을  $N_R$ 번 반복한다. 각 시도마다 적합도 값  $f_k$ 을 더해 나간 후 선택된 회수를 기록한다.

과정 4) 누적된 적합도 값을 선택된 회수로 나누어 해당되는 개체에 할당한다.

표 2. standard GA의 파라미터

Table 2. The parameters of the standard GA.

파라미터	값
개체 수	1000
세대 수	1000
염색체 크기	$p \times N_T$
돌연변이 확률	0.7/개체의 길이
교차확률	0.7

표 3. 공생 진화의 파라미터

Table 3. The parameters of symbiotic evolution.

파라미터	값
개체 수	$N_A$
세대 수	1000
염색체 크기	$p$
돌연변이 확률	0.7/개체의 길이
교차확률	0.7

이러한 방식으로 포용 조건의 집합에 할당되는 적합도 값을 나누어서, 구성되는 포용 조건에 배분한다. 공생 진화는 SGA와 유사하게 두 가지 기본 유전자 연산자(교차와 돌연변이)를 사용한다. 교차는 염색체의 일부를 서로 바꿈으로써 탐색영역을 확장하며 유전자 연산자는 집단의 다양성을 증가시켜서 국소 최소화(local minima)에 빠지는 것을 방지한다. 공정한 비교를 위해 본 논문에서는 같은 설계 파라미터를 이용하여 SGA와 제안된 알고리즘을 비교한다. 사용되는 설계 파라미터는 표2와 3과 같다.

#### IV. 모의 실험 및 결과

본 절에서는 제안된 알고리즘을 10진 카운터<sup>[12]</sup> 와 MCNC benchmark FSMs에 적용한다. 자기 문자열은 그림 5와 같이 입력, 이전 상태, 다음 상태의 세 부분으로 구성된다.

##### Input/ Current State/Next State

```

10/0000/0001
10/0001/0010
...
00/0001/0001
...
11/0001/0000
    
```

그림 5. 자기 문자열의 구조

Fig. 5. The structure of self strings. (eg. decade counter)

##### 1. 십진 카운터에 적용

전형적인 FSM 예인 십진카운터를 고려한다. 이 FSM은 40개의 가능한 상태가 있고 따라서 자기의 개수도 40이 된다. 비교를 위해 본 실험에서는 SGA 기반 방법<sup>[18]</sup>과 제안된 방법 두 가지를 적용해서 실험하였다. 실험은 50회 반복하였고 한번의 시도마다 1000 세대에

표 4. SGA 기반 immunotronic 방식과 제안된 방식 비교 (CPU 시간)

Table 4. Comparison of the SGA-based immunotronic method and the suggested method(CPU times).

파라미터	SGA 기반 방식 (초)			제안된 방식 (초)		
	평균	최고	최악	평균	최고	최악
$N_T = 25$ $N_A = 250$ $N_R = 1000$	212,666	193,311	220,890	102,865	100,876	112,218
$N_T = 50$ $N_A = 500$ $N_R = 1000$	547,900	521,834	560,329	280,181	72,988	291,987
$N_T = 75$ $N_A = 750$ $N_R = 1000$	680,138	660,964	701,021	340,430	333,999	349,810
$N_T = 100$ $N_A = 1000$ $N_R = 1000$	1,013,604	1,000,301	1,103,413	457,430	455,568	460,911

결처 생성되었다. 다양한 설계 파라미터에 따라서 CPU 시간과 비자기 검출 율을 측정하였으며 그 결과는 표 4,5 와 그림 6에서 보여진다. 여러 가지 설계 파라미터에 따라서 CPU 시간과 비자기 검출 율이 달라지지만 여기서는 기존의 방법과의 비교를 위해 가장 최적의 성능을 보여주는 파라미터를 선택하여 표 4, 5에 표시하였다. 표에서부터 알 수 있듯이 제안된 방법은 이전의 방법에 비해서 거의 비슷하거나 미세하게 더 나은 비자기 검출 율을 보여주고 있다. 하지만 포용 조건 생성시간은 이전의 방법보다 훨씬 더 감소됨을 확인할 수 있다. 특히 포용 조건의 개수가 증가할수록 생성시간이 더 많이 감소됨을 확인할 수가 있는데 이러한 결과의 이유는 아마도 SGA 방법에서는 하나의 개체가 포용 조건의 집합이 되고 그 집합에 대해서 평가가 이루어지는데 비해서, 제안된 방식은 각 개체가 하나의 포용 조건이 되고 그 하나에 대해서 가치가 직접적으로 평가가 되기 때문에 분석된다. 따라서 SGA 방식에서는 최적의 포용 조건들의 모든 집합을 검색해야 되는 반면에, 공생 진화 방식에서는 하나의 포용 조건에 대해서만 즉각적으로 평가되고 따라서 만약 적절한  $N_T$ 개의 바람직한 포용 조건을 찾아냈다면 검색을 중지하게 된다. 이러한 이유로 제안된 방식이 이전 SGA 방식에 비해서 생성시간을 단축시킬 수가 있게 되는 것이다. 여기서  $N_A$  또는  $N_R$  값을 증가시키면 따라 비자기 검출 율

표 5. SGA기반 immunotronic 방식과 제안된 방식 비교 (비자기 검출 율)

Table 5. Comparison of the SGA-based immunotronic method and the suggested method (Nonself detection rates).

파라미터	SGA 기반 방식 (%)			제안된 방식 (%)		
	평균	최고	최악	평균	최고	최악
$N_T = 25$ $N_A = 250$ $N_R = 1000$	77.74	78.12	75.32	77.91	77.85	75.23
$N_T = 50$ $N_A = 500$ $N_R = 1000$	92.37	93.12	90.31	92.12	93.11	90.35
$N_T = 75$ $N_A = 750$ $N_R = 1000$	96.13	96.50	95.22	96.15	97.00	95.01
$N_T = 100$ , $N_A = 1000$ $N_R = 1000$	98.01	98.08	97.98	99.12	98.97	99.12

도 증가하지만 CPU 시간도 역시 증가하기 마련이다. 따라서 적절한  $N_A$ 와  $N_R$  값을 결정하는 것이 중요하다.

다음은 제안된 알고리즘을 기존의 greedy 탐색 기반의 immunotronic 방식과 비교해보았다. 두 방식의 성능 비교는 표 6과 그림 7에서 보여진다. 비자기 검출 율은 이전의 greedy 기반 방식보다 월등하게 향상됨을 알 수가 있다. 이러한 결과는 제안된 방식이 항체의 다양성 원리를 적용하여 포용 조건을 생성함으로써 생성된 포용 조건이 더 넓은 탐색영역을 가지게 되기 때문이다. 물론 포용 조건의 개수가 늘어날수록 greedy 기반의 방식으로 생성된 포용 조건이나 제안된 방식으로 생성된 포용 조건이 거의 유사하게 되어 성능도 거의 유사해졌지만 가능한 최소의 포용 조건으로 최대의 오류 검출 율을 얻어내는 것이 가장 중요한 점이기 때문에 더더욱 제안된 방식의 우수성을 확인할 수가 있다. 다만 greedy 기반 알고리즘은 GA기반의 생성 알고리즘이 아니므로 제안된 알고리즘 사이의 포용 조건의 생성 시간 비교는 불가능하기 때문에 이에 대해서는 비교하지 않았다. 결과적으로 제안된 방식은 SGA 방식에 비해서 비자기 검출 율은 거의 유사하거나 미세하게 향상시키면서도 생성 시간을 평균 50% 정도 감소시킬 수가 있고 이전의 greedy 기반의 알고리즘에 비해서는 생성시간은 GA의 특성상 더 길어지나 반면에 비자기 검출 율은 최소 9%에서 최대 68%까지 향상시킬 수가 있다.

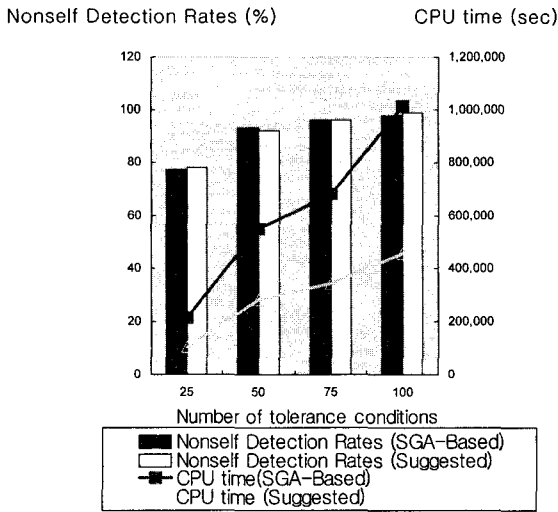


그림 6. SGA 방식과 제안된 방식과의 비교 (CPU 시간과 비자기 검출율)

Fig. 6. Comparison of the SGA-based immunotronic method and the suggested method (CPU times and Nonsself detection rates)

표 6. Greedy 기반의 immunotronic 방식과 제안된 방식의 비교( 비자기 검출 율)

Table 6. Comparison of the Greedy-based immunotronic method and the suggested method (Nonsself detection rates).

	제안된 방법 (Symbiotic) (%)	Greedy detector 기반 방식 (%)
$N_T = 25$	77.91	46.25
$N_T = 50$	92.12	70.01
$N_T = 75$	96.15	81
$N_T = 100$	99.10	88
$N_T = 125$	99.25	91

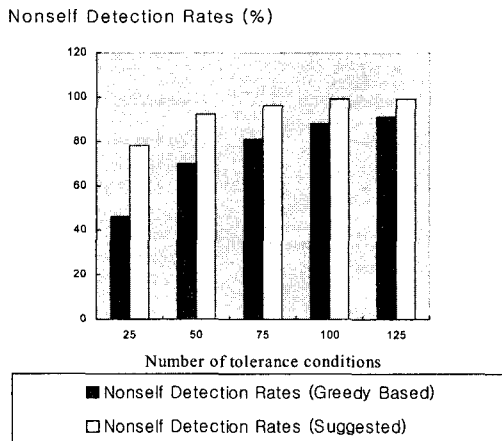


그림 7. greedy 기반방식과 제안된 방식의 비교 (비자기 검출 율)

Fig. 7. Comparison of the Greedy-based immunotronic method and the suggested method (Nonsself detection rates).

표 7. SGA기반 방식과 제안된 방식의 비교 (CPU시간과 비자기 검출 율)

Table 7. Comparison of the SGA-based immunotronic method andthe suggested method (CPU times and Nonsself detection rates) (Various MCNC FSMs).

	평균CPU Seconds(sec)		평균비자기검출율 (%)	
	SGA 기반	제안된 방식	SGA 기반	제안된 방식
Bbara $N_T = 80, N_A = 800$ $N_R = 1000$	1,113,104	413,411	91.08	92.23
dk16 $N_T = 54, N_A = 540$ $N_R = 1000$	542,900	240,313	81.24	82.62
ex6 $N_T = 124, N_A = 1240$ $N_R = 1000$	1,304,111	450,121	73.20	77.3
lion9 $N_T = 14, N_A = 140$ $N_R = 1000$	100,134	50,314	85.10	84.8
s8 $N_T = 10, N_A = 100$ $N_R = 1000$	120,134	60,713	86.75	88.12
train11 $N_T = 12, N_A = 120$ $N_R = 1000$	110,329	40,131	76.12	80.11

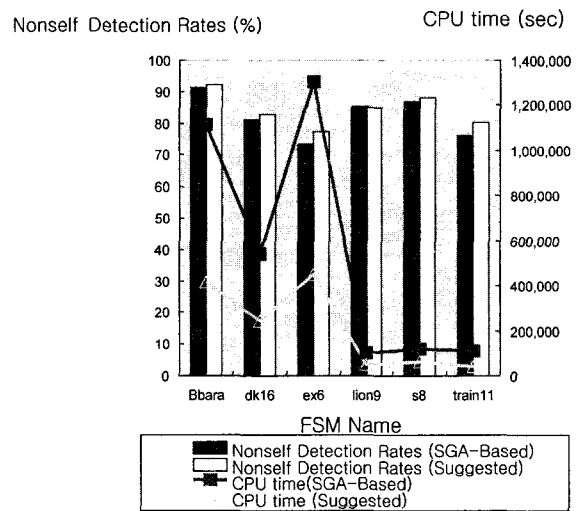


그림 8. SGA기반 방식과 제안된 방식과의 비교 (CPU 시간과 비자기 검출 율)

Fig. 8. Comparison of the SGA-based immunotronic method and the suggested method (CPU times and Nonsself detection rates) (Various MCNC FSMs).

## 2. MSNC Benchmark FSMs

제안된 방식을 MCNC benchmark FSMs에 적용한다. MCNC FSMs 은 전형적인 표준 척도 회로이며 오류검출 알고리즘에 대해서 다양한 연구가 되는 회로이다<sup>[24]</sup>. 본 예제에서는 포용 조건의 개수를 자기 개수의 반으로 정하고 50번의 모의 실험을 통해 결과를 확인해 보았다. 평균 생성 시간과 평균 비자기 검출 율은 표 7 과 그림 8에 보여진다. 이전 십진카운터의 예처럼 제안된 방식은 SGA방식에 비해서 비자기 검출 율은 비슷하거나 미세한 향상을 보여주고 그에 비해 생성 시간은 평균 50% 정도 감소가 된다. 십진 카운터와 마찬가지로  $N_A$  또는  $N_R$  값을 증가시키기에 따라 비자기 검출 율도 증가하지만 CPU 시간도 역시 증가한다. 따라서 적절한  $N_A$  와  $N_R$ 을 결정하여 최적의 검출 율과 생성시간을 결정하는 것이 중요해진다.

## V. 결 론

본 논문에서는 하드웨어 오류검출을 위한 새로운 immunotronic 알고리즘을 제안하였다. 제안된 immunotronic 알고리즘에서는 항체는 생체 면역 시스템의 중요한 개념들인 네거티브 선택과 항체의 다양성 원리에 의해서 생성되었다. 포용 조건 생성을 구현하기 위해서 공생 진화 알고리즘을 채택하였으며 실제로 공생 진화는 면역 시스템이 항체를 생성하는 방식과 거의 유사한 방식이다. 이렇게 제안된 방식을 두 가지 회로 검증 문제에 적용하여 결과를 확인하였다. 여러 번의 모의 실험결과를 통해서 이전의 greedy 기반 알고리즘에 비해서 최대 68% 이상 향상된 비자기 검출 율을 보여주었으며 SGA방식에 비해서는 최대 63% 이상의 생성시간 감소를 확인할 수가 있었다.

## 참 고 문 헌

- [1] S. Forrest, B. Javornik, R.E. Smith & A.S. Perelson, "Using Genetic Algorithms to Explore Pattern Recognition in the Immune System," *Evolutionary Computation*, Vol.1 no.3, pp. 191-211, 1993.
- [2] D. Dasgupta and S. Forrest, "An anomaly detection algorithm inspired by the immune system," *Artificial Immune System and Their Applications*, D. Dasgupta, Ed. Berlin Germany : Springer-Verlag, pp. 262-277, 1998.
- [3] J. Timmis, M. Neal, J. Hunt, "Data analysis using artificial immune systems, cluster analysis and Kohonen networks: some comparisons," *Proc. of IEEE SMC '99 Conference*, Vol. 3 ,pp. 922- 927, 1999.
- [4] D. Dasgupta, "An artificial immune system as a multi-agent decision support system," *Proc. of IEEE Int. Conf. Systems, Man and Cybernetics*, pp. 3816-3820, Oct. 1998.
- [5] K. Mori, M. Tsukiyama, T. Fukuda, "Adaptive scheduling system inspired by immune system," *Proc. of IEEE International Conference on Systems, Man, and Cybernetics*, Vol. 4 , pp. 3833 - 3837, Oct. 1998.
- [6] E. Hart, P. Ross, J. Nelson, "Producing robust schedules via an artificial immune system," *Proc. of IEEE World Congress on Computational Intelligence*, pp. 464-469, May 1998.
- [7] R. Xiao, L. Wang, Y. Liu "A framework of AIS based pattern classification and matching for engineering creative design," *Proc. of International Conference on Machine Learning and Cybernetics*, Vol. 3. pp. 1554-1558, Nov. 2002.
- [8] A. Ishiguro, R. Watanabe, Y. Uchikawa, "An immunological approach to dynamic behavior control for autonomous mobile robots," *Proc. of 1995 IEEE/RSJ International Conference on Human Robot Interaction and Cooperative Robots*, pp. 495-500, Aug. 1995.
- [9] G. Luh and C. Chueh, "Multi-modal topological optimization of structure using immune algorithm," *Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering* Vol. 193, no.36-38, pp. 4035-4055, Sep. 2004
- [10] P. K. Harmer, P. D. Williams, G. H. Grunsch, and G. B. Lamont, "An Artificial Immune System Architecture For Computer Security Applications," *IEEE Trans. on Evolutionary Computation*, Vol.6, no.3, pp. 252-280, Jun. 2002.
- [11] S. Forrest, S.A. Hofmeyr, A. Somayaji, and T.A. Longstaff, "A Sense of Self for Unix Processing," *Proc. of IEEE Symp. Computer Security and Privacy*, pp.120-128, May 1996.
- [12] D. W. Bradley and A.M. Tyrrell, "Immunotronics- Novel Finite-State-Machine Architectures With Built-In Self-Test Using Self-Nonself Differentiation," *IEEE Trans. on Evolutionary*



- Computation*, Vol.6, no. 3, pp. 227-238, Jun. 2002.
- [13] Y. Chen and T. Chen, "Implementing fault-tolerance via modular redundancy with comparison," *IEEE Trans. on Reliability*, Vol. 39 no. 2, pp. 217-225, Jun 1990.
- [14] S. Dutt and N.R Mahapatra, "Node-covering, error-correcting codes and multiprocessors with very high average fault tolerance," *IEEE Trans. Comput.*, Vol. 46, pp.997-1914, Sep.1997.
- [15] P. K. Lala, *Digital Circuit Testing and Testability*, New York: Academic, 1997.
- [16] S. Forrest, L. Allen, A.S. Perelson, and R. Cherukuri, "Self-Nonself Discrimination In A Computer," Proc. of IEEE Symposium on Research in Security and Privacy, pp. 202-212, 1994.
- [17] P. D'haeseller, S. Forrest, P. Helman, "An Immunological Approach to Change Detection : Algorithms, Analysis and Implications," Proc. of IEEE Symp. on Security and Privacy, 1996.
- [18] S. Lee, E. Kim, M. Park, "A Biologically Inspired New Hardware Fault Detection : immunotronic and Genetic Algorithm-Based Approach," *International Journal of Fuzzy Logic and Intelligent Systems*, Vol. 4 , no. 1, pp7-11, June, 2004.
- [19] R.A. Goldsby, T.J. Kindt, and B.A Osborne, *Kuby Immunology*, 4th ed. W.H Freeman and Company: New York, 2000.
- [20] C. Juang, J. Lin, and C. Lin, "Genetic Reinforcement Learning through Symbiotic Evolution for Fuzzy Controller Design," *IEEE Trans. on Systems, Man And Cybernetics-Part B Cybernetics*, Vol.30, no. 2 April 2000.
- [21] D. E. Moriarty and R. Miikkulanien, "Efficient reinforcement learning through symbiotic evolution," *Mach. Learn.*, Vol.22, pp.11-32, 1996.
- [22] R. E. Smith, S. Forrest and A.S. Perelson, "Searching for diverse, cooperative populations with genetic algorithms," *Evol. Comput.*, Vol.1, no.2 pp 127-149 1993.
- [23] I. Roitt, J. Brostoff, and D. Male, *Immunology*, 5th ed. St Louis, MOL Mosby International Limited, 1998.
- [24] S. Yang "Logic Synthesis and Optimization Benchmarks User Guide Version 3.0," Technical Report, Microelectronics Center of North Carolina, 1991.

## 저 자 소 개



이 상 형(학생회원)  
1996년 2월 연세대학교  
전자공학과 (공학사).  
1999년 2월 연세대학교  
전자공학과 (공학석사).  
2005년 현재 연세대학교 전기전자  
공학과 박사 과정.

<주관심분야: Computation intelligence, artificial  
immune system, and fuzzy control.>



이 희 진(정회원)  
1987년 연세대학교  
전자공학과 학사 졸업.  
1989년 연세대학교  
전자공학과 석사 졸업.  
1989년~1993년 (주)대우통신  
종합연구소 연구원.

1993년~1995년 (주) 에스원 종합연구소 연구원  
1998년 연세대학교 전자공학과 박사 졸업.  
1998년~현재 국립 한경대학교 정보 제어공학과  
부교수.

<주관심분야: 로보틱스, 강인제어, 지능제어 >

김 은 태(정회원)

전자공학회 논문지 제 41권 CI편 제 4호 참조  
현재 연세대학교 전기전자공학부 부교수.

박 민 용(정회원)

전자공학회 논문지 제 32권 B편 2호 참조  
현재 연세대학교 전기전자공학과 교수