

---

# 패턴 인식을 위한 유전 알고리즘의 개관

## Review on Genetic Algorithms for Pattern Recognition

---

오일석  
전북대학교 전자정보공학부

Il-Seok Oh(isoh@chonbuk.ac.kr)

---

### 요약

패턴 인식 분야에는 지수적 탐색 공간을 가진 최적화 문제가 많이 있다. 이를 해결하기 위해 부 최적해를 구하는 순차 탐색 알고리즘이 사용되어 왔고, 이들 알고리즘은 국부 최적점에 빠지는 문제점을 안고 있다. 최근 이를 극복하기 위해 유전 알고리즘을 사용하는 사례가 많아졌다. 이 논문은 특징 선택, 분류기 앙상블 선택, 신경망 가지치기, 군집화 문제의 지수적 탐색 공간 특성을 설명하고 이를 해결하기 위한 유전 알고리즘을 살펴본다. 또한 향후 연구로서 가치가 높은 주제들에 대해 소개한다.

■ **중심어** : | 콘텐츠 가공 | 패턴인식 | 유전 알고리즘 | 특징 선택 | 분류기 앙상블 선택 | 신경망 가지치기 | 군집화 |

### Abstract

In pattern recognition field, there are many optimization problems having exponential search spaces. To solve them, sequential search algorithms seeking sub-optimal solutions have been used. The algorithms have limitations of stopping at local optimums. Recently lots of researches attempt to solve the problems using genetic algorithms. This paper explains the huge search spaces of typical problems such as feature selection, classifier ensemble selection, neural network pruning, and clustering, and it reviews the genetic algorithms for solving them. Additionally we present several subjects worthy of noting as future researches.

■ **keyword** : | Contents Processing | Pattern Recognition | Genetic Algorithm | Feature Selection | Classifier Ensemble Selection | Neural Network Pruning | Clustering |

---

## I. 서론

패턴인식은 콘텐츠의 가공에 매우 중요한 역할을 한다. 몇 가지 예를 들면 아래와 같다.

- 비디오 요약: 대용량의 비디오의 효율적인 검색을 위해, 장면 단위로 분할하고 키 프레임을 추출한다. 키

프레임의 장면을 인식하여 자동으로 주석을 단다.

- 문서 검색: 예전 문서를 디지털화한 후에 검색 기능을 부여한다. 옛날 문서의 낮은 인쇄 품질을 극복할 수 있는 고성능 문자 인식 시스템이 필요하다.

- 영상 검색: 수백만 장의 자연 영상 데이터베이스를 검색하여 질의어에 적합한 영상을 검색한다.

패턴 인식에는 다양한 최적화 문제 (optimization

---

\* 본 연구는 한국과학재단 특정기초연구 (R01-2003-000-10879-0)의 지원으로 수행되었습니다.

접수번호 : #060927-003

접수일자 : 2006년 09월 27일

심사완료일 : 2006년 12월 27일

교신저자 : 오일석, e-mail : isoh@chonbuk.ac.kr

problem)가 있다. 이들 문제는 대부분 지수적 탐색 공간 (exponential search spaces)을 가지므로 최적해 (optimal solution)보다는 부 최적해 (sub-optimal solution)로 만족해야 하는 경우가 많다. 예를 들어 특징 선택 (feature selection)은  $D$ 개의 특징을 갖는 집합으로부터  $d$ 개의 특징을 갖는 부집합을 선택하는 문제이다. 이때 가능한 모든 부집합의 개수는  ${}_D C_d$ 로서  $D$ 가 큰 경우 매우 큰 탐색 공간을 갖는다. 따라서 최적에 가까운 우수한 해를 구하기 위해서는 방대한 탐색 공간을 효율적으로 탐색하는 알고리즘이 필수적이다.

기존의 알고리즘은 초기 해를 생성한 후, 국부 탐색 연산 (local search operation)을 이용하여 순차적으로 개선해 가는 언덕 오르기 (hill climbing) 전략을 이용하고 있다. 국부 탐색 연산은 현재 해 주위를 조사하여 평가 함수를 가장 크게 개선하는 방향으로 해를 이동시키는 역할을 한다. 이 방법은 국부적으로는 최적 방향을 찾지만 광역적으로 보면 국부 최적 (local optimum)에 빠지는 한계를 가지고 있다.

이러한 한계를 극복할 수 있는 탐색 전략으로 유전 알고리즘 (genetic algorithm)이 개발되어 공학과 과학에서 다양한 최적화 문제를 해결하는데 사용되고 있다[1]. 유전 알고리즘은 여러 개의 해를 유지하는 점, 교배와 돌연변이 같은 유전 연산자를 사용하는 점, 적합도 (fitness)에 따라 해를 선택하는 점 등 때문에 기존 국부 탐색 알고리즘과 근본적으로 다르다.

패턴 인식에서 발생하는 최적화 문제도 근본적으로는 과학에서 발생하는 최적화 문제와 다를 바가 없으므로 유전 알고리즘을 도입하여 사용할 수 있다. 이미 특징 선택, 군집화 (clustering), 분류기 앙상블 (classifier ensemble) 선택, 신경망의 가지치기 (pruning), 신경망의 아키텍처 선택 등을 위해 설계된 유전 알고리즘이 발표되어 있으며, 기존 알고리즘에 비해 우수성도 실험적으로 입증되어 있다[11].

이 논문의 2장은 패턴인식에서 발생하는 지수적 탐색 공간을 갖는 최적화 문제들을 살펴본다. 3장은 이들 문제를 유전 알고리즘으로 푼 대표적인 논문들을 소개한다. 4장은 유전 알고리즘에 대한 중요한 주제를 향후 연구로서 제시한다.

## II. 패턴인식에서 최적화 문제들

패턴 인식에서 나타나는 최적화 문제의 해결은 [그림 1]의 과정으로 이루어진다. 보통 해 공간은 매우 큰 탐색 공간을 가진다.

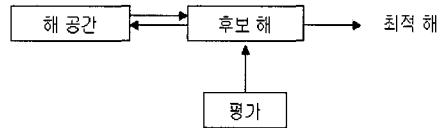


그림 1. 최적화 문제 해결 과정

### (1) 특징 선택 (feature selection)

특징 선택은 주어진 최적 함수 하에서,  $D$ 개의 특징에서  $d$ 개를 선택하는 문제이다. 이때 가능한 모든 부집합의 개수는  ${}_D C_d$ 로서  $D$ 가 큰 경우 매우 큰 탐색 공간을 갖는다. 평가 함수로는 특정 분류기의 정인식률을 사용할 수도 있고 분류기와 무관한 통계적 값을 사용할 수도 있다.

### (2) 인식기 앙상블 선택 (classifier ensemble selection)

이 문제는 특징 선택과 같은 문제로 볼 수 있다. 단지 선택 대상이 특징이 아니라 분류기라는 점과 평가 함수가 결합 알고리즘이라는 점이 다를 뿐이다.

### (3) 신경망 가지치기 (neural network pruning)

신경망에서 모든 노드 쌍에 에지가 있는 경우 완전 연결 상태가 된다. 이중 약한 에지는 제거해도 성능 저하가 없고 어떤 경우는 적절히 제거 (가지치기라 함)하면 성능 향상을 가져오기도 한다. 신경망 가지치기 (network pruning)는 어느 에지를 제거할 지를 결정하는 문제이다. 총  $D$ 개의 에지가 있는 경우  $2^D$ 개의 해가 존재한다. 어떤 해에 대한 평가 함수는 해당하는 신경망을 훈련한 후 테스트 데이터에 대한 정인식률로 할 수 있다.

### (4) 군집화 (clustering)

이 문제는  $N$ 개의 샘플이 주어졌을 때, 이들을  $k$ 개의 군집으로 나누는 것이다.  $k$ 가 주어지지 않는 경우는 보

다 복잡한 문제가 된다. 가능한 모든 해는  $k^N$ 으로 역시 지수적 탐색 공간을 갖는다. 평가 함수는 within-group variance와 between-group variance의 비율을 사용할 수 있다. 실제로 매우 많은 기준 함수가 개발되어 있다.

이들 문제를 해결하는 기존 알고리즘은 순차적 탐색 전략을 사용하고 있다. 여기에서는 특징 선택과 군집화 문제에 대한 몇가지 순차 탐색 알고리즘을 소개한다. 특징 선택의 경우 SFS (Sequential Forward Search) 알고리즘을 들 수 있다. 이 알고리즘은 빈  $X$  집합과  $D$ 개 특징을 모두 가진  $Y$  집합으로 시작한다.  $Y$  집합의 특징 하나를  $X$ 에 시험적으로 추가하고 이  $X$ 를 가지고 성능을 평가한다.  $Y$ 의 모든 특징에 대해 평가하여 가장 성능 향상이 큰 특징을 찾아  $X$ 에 추가한다. 이 과정을  $X$ 가  $d$ 개 특징을 가질 때까지 반복하면 된다. 이 방법은 각 단계에서는 최적 특징을 찾아  $X$ 에 추가하지만 광역적으로는 최적 해를 보장하지 못하고 국부 최적점에 빠질 위험을 안고 있다.

군집화를 위한 대표적인 순차 탐색 알고리즘은  $k$ -means이다. 이 알고리즘도 각 단계에서 국부 최적 연산을 사용하며 따라서 국부 최적점에 빠지는 한계를 안고 있다.

### III. 패턴인식을 위한 유전 알고리즘

안정형 (steady-state) 유전 알고리즘의 처리 과정은 다음과 같다.

```

steady_state_GA()
{
  initialize population P
  repeat {
    select two parents  $p_1$  and  $p_2$  from P
    offspring = crossover( $p_1, p_2$ )
    mutation(offspring)
    replace(P, offspring)
  } until (stopping condition)
}

```

이 유전 알고리즘 설계를 위해서는 다섯 가지 사항, 즉

해 (염색체) 표현, 초기 해 생성, 적합도 계산, 유전 연산자, 매개 변수 설정을 결정하여야 한다. 이 중에서 적합도 계산은 2장에서 개략적으로 설명하였으므로 생략한다. 초기 해는 보통 임의의 수를 만들어 생성하고, 유전 연산자는 가장 보편적인 교배 (crossover)와 돌연변이 (mutation)을 사용하면 되므로 구체적인 설명은 생략한다. 매개 변수 설정은 문제에 따라 다르고 실험적으로 찾아야 하므로 역시 여기서는 생략하겠다. 3.1~3.4 절에서는 각 문제에 대해 해 표현 방식을 간략히 소개하고 대표적인 논문을 소개한다.

#### 1. 특징 선택

하나의 해 (즉 염색체)는  $D$ 개의 비트를 갖는 이진 스트링으로 표현한다. 하나의 비트는 특징 하나를 나타내며, 값 1과 0은 각각 선택된 상태와 선택되지 않은 상태를 의미한다. 예를 들어  $D=8$ 일 때 염색체 00101000은 세 번째와 다섯 번째 특징이 선택되어 있는 해를 나타낸다.

특징 선택에 관한 유전 알고리즘은 다른 문제에 비해 풍부하게 발표되어 있다. 튜토리얼 논문으로는[2], 비교 연구는 논문[3-5] 등을 참조할 수 있다. Siedlecki와 Sklansky의 선구적인 연구에서는 기존의 순차 탐색 알고리즘에 비해 유전 알고리즘이 우수함을 실험으로 보여 주었다[6]. 그 후 특징 선택 문제에서의 유전 알고리즘의 장점을 주장하는 많은 논문들이 발표되었다 [7-10]. 최근 발표된 오일석 논문은 혼합 유전 알고리즘을 개발하였으며 그 우수성을 다양한 실제 데이터에 적용하여 입증하였다[11]. 혼합 유전 알고리즘은 교배와 돌연변이로 얻은 해를 해집단에 넣기 전에 적절한 연산을 사용하여 성능을 개선하는 것이다. 논문[11]에서는 SFS 알고리즘이 사용하는 국부 탐색 연산을 사용하여 해를 개선하였다.

#### 2. 분류기 앙상블 선택

이 문제는 특징 선택과 같은 이진 스트링 표현을 사용하면 된다. 이 문제에 대한 연구는 특징 선택에 비해 훨씬 적게 되어 있다. Ho는 결합 방법을 고정시켜 놓고 분류기 풀로부터 최적의 분류기 앙상블을 선택하는 방식을 coverage 최적화라 하고, 분류기 앙상블을 고정하고 분

류 방법을 최적화하는 decision 최적화 방식과 대별하였다[12]. Zhou는 분류기 풀에 있는 모든 분류기를 사용하는 것보다 크기가 그보다 작은 분류기 앙상블을 선택하는 것이 성능 면에서 우수할 수 있다는 점을 이론적으로 증명하였다. 또한 많은 수의 신경망 분류기를 생성한 후 유전 알고리즘으로 분류기 앙상블을 선택하여 자신의 이론을 실험적으로 입증하였다[13]. Oliveira 등은 유전 알고리즘의 우수한 특징 부집합을 선택하여 다수의 분류기를 만들고 이들로부터 분류기 앙상블을 유전 알고리즘으로 선택하였다[14]. 이들은 앙상블 선택 과정에서 다중 목적 함수를 사용하였다. 김영원은 단순 유전 알고리즘과 혼합형 (hybrid) 유전 알고리즘을 제시하고 혼합형 유전 알고리즘이 탐색 능력에서 뛰어난을 실험적으로 입증하였다[15]. 앙상블 선택은 특징 선택과 처리 과정이 같으므로[11]에서 제안된 연산을 그대로 사용하였다. 혼합형 유전 알고리즘은 특징 선택과 앙상블 선택에 매우 효과적임이 입증된 것이다.

### 3. 신경망 가지치기

신경망에 N개의 에지가 있는 경우 N 비트의 이진 스트링을 사용한다. 1값을 갖는 비트는 해당 에지의 연결이 유지되는 것이고 0인 경우는 에지가 제거되었음을 의미한다.

Reed는 이 문제를 푸는 방법들에 대한 사례 조사 연구를 하였으며 유전 알고리즘도 포함되어 있다[16]. Whitley와 Bogart는 초창기 연구를 시작하였다[17]. 그들은 가지치기가 많이 되어 있는 해에 대해 훈련할 때 보다 많은 세대를 부여하여 작은 네트워크를 선호하도록 하였다. 그 외에 여러 연구들을 참조할 수 있다[18-20].

### 4. 군집화

군집화 문제를 위한 해 표현 방법은 여러 가지가 있다. 초창기 논문들은 미리 군집 개수를 안다는 가정을 하였으며, 해 표현도 이에 따라 설계되었다. Murthy와 Chowdhury는 샘플 개수가 N인 경우 길이가 N인 정수 스트링을 사용하였다[21]. 예를 들어, N=7이고, {x1, x4} {x3, x6} {x2, x5} {x7}의 군집이 있을 때, 염색체는 (1 3 2 1 3 2 4)가 된다. 이 방법은 N이 큰 경우 곤란을 겪게

된다. Franti 등은 군집 중심-기반 방법을 사용하였다 [22]. 군집 중심 하나가 유전자 하나가 되며 이런 유전자 K개가 모여 (군집 개수가 K라 함) 염색체를 구성한다. 이들 논문은 군집의 개수를 미리 지정해야 하는 단점을 안고 있다. 최근 논문들은 군집 개수를 자동으로 찾는 방식을 사용한다. Tseng 등은 군집 개수를 추정하기 위해 최근접 이웃 방법으로 전처리 과정을 거치며 이렇게 찾은 초기 군집이 m개라면 m 비트의 이진 스트링을 사용한다[23]. 어떤 해에 i번째 초기 군집이 있으면 1 그렇지 않으면 0이 된다. Bandyopadhyay와 Maulik는 군집 개수의 범위를 [Kmin, Kmax]로 지정하게 하였다[24]. 염색체는 Kmax개의 유전자로 구성되며, 각 유전자는 해당 군집의 중심점 좌표로 표현된다.

## IV. 토론과 결론

### (1) 성능에 대한 상반된 주장

여기서는 특징 선택 문제에 국한하여 살펴본다. 성능 비교를 한 모든 논문이 순차 탐색 알고리즘들 중에서 SFFS (Sequential Floating Forward Searching) 알고리즘이 최상이라는 데에는 이견이 없다. SFFS 알고리즘은 추가하는 특징과 제거하는 특징의 개수를 가변적으로 하는 변형된 SFS 알고리즘이다[25]. 하지만 유전 알고리즘과 SFFS간의 성능 비교에는 주장이 일치하지 않는다. 초창기 논문에서 유전 알고리즘의 우수성을 보여주는 실험 데이터를 제시하였지만, 비교 연구를 수행한 다른 논문들에서는 다른 주장이 있다. Ferri등의 연구에서는 순차 탐색 알고리즘들 중에서 SFFS가 최상이었고, SFFS와 유전 알고리즘이 비슷하지만 D값이 증가함에 따라 유전 알고리즘이 SFFS에 비해 열등하게 되는 경향을 보였다[3]. Jain과 Zonker는 SFFS가 유전 알고리즘을 포함하여 다른 모든 알고리즘들에 비해 우세하다는 결론을 제시하였다[4]. 이들의 실험에서는 유전 알고리즘은 7~8번째 세대에서 최고 성능에 도달하는 조기 수렴 현상을 보였고, 유전 알고리즘을 구현하는데 있어 매개변수 설정의 어려움을 토로하였다. Kudo와 Sklansky도 최근 연구에서 성능 비교 결과를 제시하였다[5]. 이들은 문제를

크기에 따라 세가지 범주, 즉  $0 < D \leq 19$ 은 작은 문제,  $20 \leq D \leq 49$ 은 중간 문제, 그리고  $50 \leq D$ 은 큰 문제로 나누었다. 이들은 SFFS가 순차 탐색 알고리즘들 중에서 최상이고, SFFS가 작은 크기와 중간 크기의 문제들에 적합한 반면 유전 알고리즘은 큰 문제에 적합하다는 결론을 내렸다. 이들의 주장은[3]에서의 주장과 일치하지 않는다. Kudo와 Sklansky는 이러한 불일치가 유전 알고리즘의 구현 과정에서의 차이에 기인한다고 주장하였다.

### (2) 매개 변수 설정의 중요성

유전 알고리즘은 넓은 공간을 아우르는 exploration 능력과 해 근방을 집중적으로 뒤지는 exploitation 능력 간에 균형을 이루어야만 주어진 시간 안에 우수한 해를 찾을 수 있다[26]. 이 균형은 여러 매개변수를 조화롭게 설정함으로써 가능하다. 따라서 유전 알고리즘을 구현하는데 있어 매개변수 설정에 각별한 주의를 기울여야한다. 또한 실험적으로 우수한 해를 구하여 논문을 쓰는 경우 매개변수 설정에 대한 구체적인 사양을 제시해야만 한다.

### (3) 혼합 유전 알고리즘의 우수성

혼합 유전 알고리즘을 제안한 논문에 따르면[11][15], 혼합 유전 알고리즘이 단순 유전 알고리즘에 비해 특징 선택과 분류기 앙상블 선택 문제에서 뚜렷이 우수함을 실험적으로 입증하였다. 따라서 다른 문제에서도 우수할 것이라는 가정이 가능하다.

### (4) 유전 알고리즘의 시각화

일반적인 문제에 대한 유전 알고리즘의 시각화는 많이 연구되고 있으나[27], 패턴 인식 문제에 대해서는 연구가 거의 되어 있지 않다. 현대 패턴 인식 문제는 특징 공간이 크고, 주어지는 샘플 수가 방대하여 복잡도가 높은 경향을 띠고 있다. 따라서 문제 공간, 해 집단의 품질 변화, 탐색 방향 등을 시각화하여 유전 알고리즘에 대한 이해도를 높이는 것이 중요하다.

지금까지 패턴 인식 문제를 유전 알고리즘으로 푸는 주제를 간략히 살펴보았다. 이 글이 패턴 인식 연구자들이 유전 알고리즘을 이해하는데 도움이 되기를 바라며,

좋은 문제 해결 도구로 활용할 수 있기를 바란다.

## 참고 문헌

- [1] J. Holland, *Adaptation in Nature and Artificial Systems*, MIT Press, 1992.
- [2] J. Kittler, "Feature selection and extraction," in *Handbook of Pattern Recognition and Image Processing*, Academic Press (Edited by T.Y. Young and K.S. Fu), pp.59-83, 1986.
- [3] F. J. Ferri, P. Pudil, M. Hatef, and J. Kittler, "Comparative study of techniques for large-scale feature selection," in *Pattern Recognition in Practice IV* (Ed. E.S. Gelsema and L.N. Kanal), Elsevier Science, pp.403-413, 1994.
- [4] A. Jain and D. Zongker, "Feature selection: evaluation, application, and small sample performance," *IEEE Tr. PAMI*, Vol.19, No.2, pp.153-158, Feb. 1997.
- [5] M. Kudo and J. Sklansky, "Comparison of algorithms that select features for pattern recognition," *Pattern Recognition*, Vol.33, No.1, pp.25-41, 2000.
- [6] W. Siedlecki and J. Sklansky, "A note on genetic algorithms for large-scale feature selection," *Pattern Recognition Letters*, Vol.10, pp.335-347, 1989.
- [7] F. Z. Brill, D. E. Brown, and W. N. Martin, "Fastgenetic selection of features for neural network classifiers," *IEEE Tr. Neural Networks*, Vol.3, No.2, pp.324-328, March 1992.
- [8] J. H. Yang and V. Honavar, "Feature subset selection using a genetic algorithm," *IEEE Intelligent Systems*, Vol.13, No2, pp.44-49, 1998.
- [9] L. I. Kuncheva and L. C. Jain, "Nearest neighbor classifier: simultaneous editing and feature selection," *Pattern Recognition Letters*, Vol.20,

- pp.1149-1156, 1999.
- [10] M. L. Raymer, W. F. Punch, E. D. Goodman, L. A. Kuhn, and A. K. Jain, "Dimensionality reduction using genetic algorithms," *IEEE Tr. Evolutionary Computation*, Vol.4, No.2, pp.164-171, July 2000.
- [11] I. S. Oh, J. S. Lee, and B. R. Moon, "Hybrid genetic algorithms for feature selection," *IEEE Tr. on PAMI*, Vol.26, No.11, pp.1424-1437, Nov. 2004.
- [12] H. Bubke and A. Kandel, *Hybrid Methods in Pattern Recognition*, chapter 7-8, World Scientific, 2002.
- [13] Z. H. Zhou, J. X. Wu, and W. Tang, "Ensembling neural networks: Many could be better than all," *Artificial Intelligence*, Vol.137, pp.239-263, 2002.
- [14] L. S. Oliveira, R. Sabourin, F. Bortolozzi, and C. Y. Suen, "Feature selection for ensembles: a hierarchical multi-objective genetic algorithm approach," *ICDAR 2003*.
- [15] 김영원, 오일석, "유전 알고리즘에 의한 분류기 앙상블 선택", *한국정보과학회 컴퓨터비전 및 패턴인식 연구회 2005 추계 워크숍*, 2005.
- [16] R. Reed, "Pruning algorithms - a survey," *IEEE Tr. on Neural Networks*, Vol.4, No.5, pp.740-747, Sep. 1993.
- [17] D. Whitley and C. Bogart, "The evolution of connectivity: pruning neural networks using genetic algorithms," *International Joint Conf. on Neural Networks*, Vol.I, Washington DC, p.134, 1990.
- [18] N. Dodd, "Optimization of network structure using genetic techniques," *International Joint Conf. on Neural Networks*, Vol.III, Washington DC, pp.965-970, 1990.
- [19] W. Wang, W. Lu, A. Y. T. Leung, S. M. Lo, Z. Xu, and X. Wang, "Optimal feed-forward neural networks based on the combination of constructing and pruning by genetic algorithms," *International Joint Conf. on Neural Networks*, pp.636-641, 2002.
- [20] G. Bebis, M. Georgiopoulos, and T. Kasparis, "Coupling weight elimination and genetic algorithms," *IEEE International Conf. on Neural Networks*, Vol.2, pp.1115-1120, 1996.
- [21] C. A. Murthy and N. Chowdhury, "In search of optimal clusters using genetic algorithms," *Pattern Recognition Letters*, Vol.17, pp.825-832, 1996.
- [22] P. Franti, J. Kivijarvi, T. Kaukoranta, and O. Nevalainen, "Genetic algorithms for large-scale clustering problems," *The Computer Journal*, Vol.40, No.9, pp.547-554, 1997.
- [23] L. Y. Tseng and S. B. Yang, "A genetic approach to the automatic clustering problem," *Pattern Recognition*, Vol.34, pp.415-424, 2001.
- [24] S. Bandyopadhyay and U. Maulik, "Genetic clustering for automatic evolution of clusters and application to image classification," *Pattern Recognition*, Vol.35, pp.1197-1208, 2002.
- [25] P. Pudil, J. Novovicova, and J. Kittler, "Floating search methods in feature selection," *Pattern Recognition Letters*, Vol.15, pp.1119-1125, 1994.
- [26] A. Andre Eiben, R. Hinterding, and Z. Michalewicz, "Parameter control in evolutionary algorithms," *IEEE Tr. on Evolutionary Computation*, Vol.3, No.2, pp.124-141, 1999.
- [27] E. Hart and P. Ross, "GAVEL - a new tool for genetic algorithm visualization," *IEEE Tr. on Evolutionary Computation*, Vol.5, No.4, pp.335-348, 2001.

저 자 소 개

오 일 석(Oh-Seok Oh)

정회원



- 1984년 : 서울대학교 컴퓨터공학과 (공학사)
- 1992년 : KAIST 전산학과 박사
- 1992년 9월 ~ 현재 : 전북대학교 전자정보공학부 교수

<관심분야> : 문서영상처리, 패턴인식, 컴퓨터비전, 유전알고리즘의 패턴인식 응용