

# 이산 월시 변환이 메타모델을 사용한 유전 알고리즘에 미치는 영향

유동필<sup>1</sup>, 김용혁<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>광운대학교 컴퓨터과학과 석사과정, <sup>2</sup>광운대학교 소프트웨어학부 교수

## Effect of Discrete Walsh Transform in Metamodel-assisted Genetic Algorithms

Dong-Pil Yu<sup>1</sup>, Yong-Hyuk Kim<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Master Course, Dept. Computer Science, Kwangwoon University

<sup>2</sup>Professor, Dept. Computer Science, Kwangwoon University

**요약** 유전 알고리즘에서 해의 적합도를 계산하는 시간이 오래 걸린다면 메타모델을 만드는 것은 필수적이다. 이에 메타모델의 성능을 높여 유전 알고리즘이 더 좋은 해를 찾게 하기 위한 연구가 진행되어 왔다. 본 연구에서 우리는 이산적인 도메인에서 이산 월시 변환을 사용해 메타모델의 성능을 높이하고자 하였다. 이산 월시 변환을 통해 해의 기저를 변환했고 변환된 해를 사용해 메타모델을 만들었다. 의사-불리언 함수의 대표적인 함수인 NK 모형을 대상으로 실험했고 제안된 모델의 성능에 대한 실증적인 증거를 제공했다. 제안된 모델을 사용해 유전 알고리즘을 수행했을 때, 유전 알고리즘이 더 좋은 해를 찾음을 확인했다. 특히, 선행 연구인 유사도 함수를 이산적인 도메인에 적합하게 수정한 방식기저 함수 네트워크보다 좋은 성능을 보였다.

**주제어** : 이산 월시 변환, 메타모델, 유전 알고리즘, 기계 학습, 서포트 벡터 머신

**Abstract** If it takes much time to calculate the fitness of the solution in genetic algorithms, it is essential to create a metamodel. Much research has been completed to improve the performance of metamodels. In this study, we tried to get a better performance of metamodel using discrete Walsh transform in discrete domain. We transform the basis of the solution and create a metamodel using the transformed solution. We experimented with NK-landscape, a representative function of the pseudo-boolean function, and provided empirical evidence on the performance of the proposed model. When we performed the genetic algorithm using the proposed model, we confirmed that the genetic algorithm found a better solution. In particular, our metamodel showed better performance than that using the radial basis function network that modified the similarity function for the discrete domain.

**Key Words** : Discrete Walsh Transform, Metamodel, Genetic Algorithms, Machine Learning, Support Vector Machine

\*This research was a part of the project titled 'Marine Oil Spill Risk Assessment and Development of Response Support System through Big Data Analysis', funded by the Korea Coast Guard.

\*Corresponding Author : Yong-Hyuk Kim(yhdfly@kw.ac.kr)

Received November 15, 2019

Accepted December 20, 2019

Revised December 3, 2019

Published December 28, 2019

## 1. 서론

블랙 박스 최적화 문제는 목적 함수에 대한 사전 정보 없이 최적 해를 찾는 문제를 의미한다. 이 문제는 최적화하는 과정에서 오로지 해와 적합도만이 사용 가능하며 실 세계의 많은 문제가 이에 해당한다[1-7]. 만약 이러한 문제를 풀 때 적합도의 계산 시간이 많이 소요된다면 전통적인 블랙 박스 최적화 알고리즘을 사용하기 어렵다. 이러한 맥락에서, 서포트 벡터 머신, 방사 기저함수 네트워크, 가우시안 프로세스와 같은 기계 학습 알고리즘으로 메타모델을 만들어 해의 품질을 예측해 사용한다.

본 연구를 진행하게 된 동기는 크게 두 가지이다. 첫째로, 메타모델의 전역적인 근사 성능을 높이기 위해서이다. 메타모델을 만드는 과정에서 데이터의 부족과 차원의 저주로 인해 전역적인 근사 성능을 높이는 것은 쉽지 않다. 이에 메타모델과 적합도 함수를 해의 진화 과정에서 함께 사용하는 연구가 많이 진행되었다. 하지만, 이 역시 메타모델의 근사 성능이 높지 않다면 유전 알고리즘이 최적 해를 찾는 것은 어렵다. 이에 본 연구는 기저 변환을 통해 메타모델의 전역적인 성능을 높이고자 하였다. 둘째, 이산적인 도메인에서 블랙 박스 최적화 문제를 해결해야 하는 상황이 많은데 비해 연구가 많이 진행되지 않았다. 연속적인 도메인에 비해 현저히 적으며, 연속적인 도메인에서 사용한 기법을 이산적 도메인에 성공적으로 적용한 사례는 드물다. 이에 우리는 이산적 도메인에서 이산 월시 변환을 통해 메타모델의 근사 성능을 높이고 궁극적으로 유전 알고리즘이 더 좋은 해를 찾기 위한 연구를 진행했다.

본 논문은 메타모델의 근사 성능을 높여 궁극적으로 유전 알고리즘이 더 좋은 해를 찾게 하는 것에 관심이 있다. 이에 이산적 도메인에서 사용되는 벤치마크 함수인  $NK$  모형을 제한된 수의 해 집합을 통해 근사했다. 그 결과, 월시 기저 기반의 메타모델이 표준 기저 기반의 메타모델보다 근사 성능이 높았고, 유전 알고리즘의 성능 또한 높았다. 또, 유전 알고리즘의 성능을 선행 연구와 비교했다. 선행 연구는 이산적인 도메인에 적합하게 유사도 함수를 수정한 방사 기저함수 네트워크였다. 비교 결과 이산 월시 변환 기반의 메타모델을 사용한 유전 알고리즘이 선행 연구의 모델을 사용한 유전 알고리즘보다 좋은 해를 찾았다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 메타모델과 기저 변환에 관한 이론적 배경을 설명한다. 3장에서는 실험에 대해 설명한 후 결과를 분석한다. 결과 차이는 표와

그래프를 사용해 보였다. 4장에서는 결론을 내린다.

## 2. 이론적 배경

### 2.1 메타모델

유전 알고리즘이 최적 해에 가까운 해를 찾기 위해선 많은 수의 적합도 계산이 필요하다. 실 세계 문제를 대상으로 유전 알고리즘을 사용할 경우 적합도 계산이 어렵고 많은 시간이 소요된다. 이러한 경우 적합도 함수를 근사한 메타모델을 만드는 것은 필수적이다. Fig. 1 은 메타모델을 사용한 유전 알고리즘의 순서도이다.

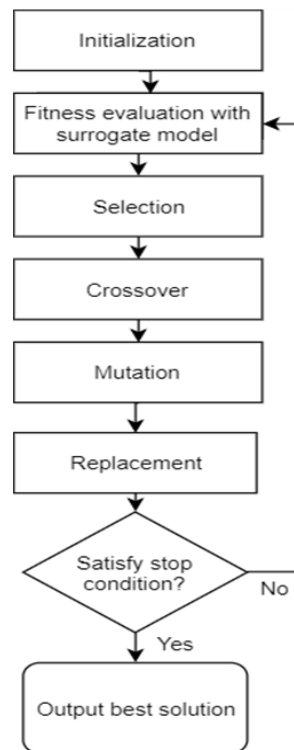


Fig. 1. Flowchart of genetic algorithms with metamodel

이산적인 도메인에서 메타모델을 만들기 위한 방식은 단순히 연속적인 도메인에서 사용하는 알고리즘을 사용하는 것부터 알고리즘을 조합최적화 문제에 맞게 수정하는 등 다양하다[8]. 연구는 이산적인 도메인에서 사용하는 메타모델링 방식을 6가지로 구분하였다. 첫 번째는 이산적인 구조를 무시하고 연속적인 도메인에서 사용하는 알고리즘을 그대로 적용한 방식이다. 두 번째는 특정 어

플리케이션에만 적용 가능한 방식이다. 세 번째는 의사 결정 트리와 같이 본질적으로 이산적인 모델을 사용하는 방식이다. 네 번째는 이산적인 공간을 다루기 쉬운 공간으로 매핑하는 방식이다. 다섯 번째는 최적화된 객체에서 숫자적 특징을 추출하는 방식이다. 예를 들어, 트리나 그래프의 경우 경로의 길이, 트리의 깊이, 노드의 개수 등이 될 수 있다. 여섯 번째는 커널에 기반한 방식이다. 이 방식은 커널에서 사용하는 유사도 함수를 수정해 사용한다. 우리가 사용한 이산 월시 변환[9]의 경우, 목적함수가 의사-불리언 함수일 때만 적용 가능하기 때문에 두 번째 방식에 해당되고, 성능 비교를 위해 사용한 방사 기저함수 네트워크[10]는 여섯 번째 방식에 해당된다.

## 2.2 이산 월시 변환

월시 함수는 힐베르트 공간  $L^2([0, 1])$ 의 완비정규 직교집합을 이루는 함수이다[11,12]. 푸리에 분석에서 임의의 연속적인 함수를 삼각함수의 가중 합으로 표현하는 것처럼 힐베르트 공간의 임의의 함수를 월시 함수의 가중 합으로 표현할 수 있다. 좀 더 수식적으로 나타내면 바이너리 스트링으로 나타냈을 때 수식 1로 표현되는 임의의 정수  $k \in [0, 2^n - 1]$ 와 바이너리 스트링으로 나타냈을 때 수식 2로 표현되는 실수  $x \in [0, 1]$ 에 대해 월시 함수는  $\phi_k(x)$ 는 수식 3으로 정의된다.

$$k = \sum_{j=0}^{\infty} k_j 2^j, k_j \in \{0, 1\} \quad (1)$$

$$x = \sum_{j=1}^{\infty} x_j 2^{-j}, x_j \in \{0, 1\} \quad (2)$$

$$\phi_k(x) = (-1)^{\sum_{j=0}^{\infty} k_j x_{j+1}} \quad (3)$$

월시 함수의 직교성은 임의의 양의 정수  $j, k$ 에 대해  $\int_0^1 \phi_j(x)\phi_k(x)dx = \delta_{jk}$ 로 확인할 수 있다.  $\delta_{jk}$ 는 크로네커 델타로  $j$ 와  $k$ 의 값이 같으면 1, 다르면 0의 값을 가진다. 따라서, 힐베르트 공간의 임의의 함수  $f$ 와 임의의  $x \in [0, 1]$ 에 대해 수식 4임을 알 수 있다.

$$f(x) = \sum_{k=0}^{\infty} w_k \phi_k(x) \quad (4)$$

$w_k \in R$ 는 함수  $f$ 를 월시 함수에 수직으로 투영했을 때 상관계수이다. 월시 함수의 차수는  $o(\phi_k(x))$ 로 나타내는데,  $k$ 는 바이너리 스트링으로 표현했을 때 1의

개수를 의미한다.

지금까지의 언급은 연속적인 함수의 관점에서 논의한 것이다. 이후 이 논의는 Goldberg 등에 의해 의사-불리언 함수의 관점에서 사용될 수 있도록 확장되었다[14,15]. 이러한 맥락에서 월시 함수는 임의의 의사-불리언 함수에 대해 다음과 같이 정의된다. 바이너리 스트링으로 표현했을 때 수식 5로 표현되는 임의의 정수  $k \in [0, 2^n - 1]$ 와 바이너리 스트링으로 표현했을 때 수식 6으로 표현되는  $x$ 에 대해 월시 함수  $\phi_k$ 는 수식 7을 만족한다.

$$k = \sum_{j=0}^{\infty} k_j 2^j, k_j \in \{0, 1\} \quad (5)$$

$$x = (x_1, x_2, \dots, x_j, \dots, x_n), x \in \{0, 1\}^n \quad (6)$$

$$\phi_k(x) = (-1)^{\sum_{j=0}^{n-1} k_j x_j} \quad (7)$$

월시 함수는 의사-불리언 함수가 정의된 공간의 정규 직교 기저를 구성한다. 임의의  $j, k \in [0, 2^n - 1]$ 에 대해 수식 8을 만족한다.

$$\frac{1}{2^n} \sum_{x \in \{0, 1\}^n} \phi_j(x)\phi_k(x) = \delta_{jk} \quad (8)$$

따라서, 임의의 의사-불리언 함수  $f: \{0, 1\}^n \rightarrow R$ 는 수식 9와 같이 월시 함수의 유일한 가중 합으로 표현 가능하다.

$$\forall x \in \{0, 1\}^n, f(x) = \sum_{k=0}^{2^n-1} w^k \phi_k(x) \quad (9)$$

s.t.  $w_k = \frac{1}{2^n} \sum_{x \in \{0, 1\}^n} f(x)\phi_k(x)$

## 3. 실험 분석 및 결과

### 3.1 실험 설정 및 방법론

임의의 의사-불리언 함수  $f: \{0, 1\}^n \rightarrow R$ 이 주어졌다고 가정할 때 수식 10과 같이 함수  $f$ 를 월시 함수의 가중 합으로 표현할 수 있다.

$$f(x) = \sum_{k=0}^{2^n-1} w^k \phi_k(x) \quad (10)$$

수식 10에 따르면,  $2^n$ 개의 모든 해를 가지고 있어야 하므로, 블랙 박스 최적화 문제를 해결하기엔 적합하지 않다. 따라서, 최대 데이터 수를 설정하고, 해당 데이터

집합  $S = (x, f(x))$ 만을 사용해 상관계수  $w_k$ 를 근사했다. 또, 상관계수의 수는 입력이 증가함에 따라 기하급수적으로 증가한다. 따라서, 차수를 상수 값  $d$ 로 설정하고, 차수가  $d$ 보다 작은 월시 함수만을 사용해 의사-볼리언 함수를 근사하였다. 좀 더 수식적으로 나타내면 수식 11과 같다.

$$\forall x \in \{0,1\}^n, f(x) = \sum_{k: o(\phi_k) \leq d} \widehat{w}_k \phi_k(x) \quad (11)$$

차수  $d$  값이 클수록 정확하게 확장하고 상관계수의 근사 성능도 높아지지만, 본 연구에서 사용한  $NK$  모형의 경우 차수의 값을  $k+1$  값으로 하여도 충분히 잘 근사한다는 연구[9]가 있어 차수의 값을  $k+1$ 로 하였다.

### 3.2 근사 오차 비교

본 연구에서는 메타모형을 만들기 위해 서포트 벡터 머신을 사용하였고 커널은 다항식 커널을 사용했다. 서포트 벡터 머신은 심층신경망과 더불어 다양한 분야에서 타 기계 학습 알고리즘보다 좋은 성능을 보여 왔다. 메타모형을 만들기 위해서도 많이 사용되고 있기에 기저 변환 전후의 성능 비교를 위해 서포트 벡터 머신으로 메타모형을 만들었다.

$NK$  모형[13]은 Kaffuman이 제안한 모형으로  $n, k$  두 개의 파라미터에 의해 지형의 크기와 울퉁불퉁한 정도(ruggedness)가 결정된다. 해당 문제에 대해 두 파라미터의 값을 조합하여 ( $n \in 10, 15, 20, k \in 0, 1, 2$ ) 총 9가지 문제를 실험했다. 근사 오차를 구하는 의사코드는 Fig. 2와 같다. 우선 테스트를 위해 1,000개의 해를 랜덤하게 수집한다. 이후 최대로 실제 적합도를 계산하는 횟수를 설정한 후 매 반복마다 랜덤하게 해를 생성하고 적합도를 계산한다. 생성된 해와 적합도는 메타모형을 만들기 위한 학습 데이터 집합에 추가된다. 학습 데이터 집합으로 메타모형을 만들고, 테스트 데이터 집합으로 근사 오차를 계산한다. 근사 오차는 평균 절대값 오차(Mean absolute error)를 지표로 하였다.

Fig. 3은 월시 기저를 사용한 메타모델과 표준 기저를 사용한 메타모델의 근사오차 변화를 비교한 것이다.  $k$ 의 값이 0인  $NK$  모형을 제외하면, 모든 문제에서 월시 기저를 사용한 메타모델의 근사오차가 더 낮았다.  $NK$  모형은  $k$ 의 값이 0일 때, 유전자끼리의 영향을 받지 않아 가장 최적화하기 쉽다. 문제 자체가 매우 쉽기 때문에 기저 변환으로 인한 성능 차이가 두드러지지 않은 것으로 보인다.

Algorithm 1 Experimental procedure

Input: A test set  $Q_{normal}, Q_{transformed}$

```

1:  $S_0 \leftarrow \emptyset$ 
2:  $T_0 \leftarrow \emptyset$ 
3: for  $i \leftarrow 1$  to  $Max$  do
4:  $x_i \leftarrow$  a solution generated uniformly at random
5:  $y_i \leftarrow$  basisChange( $x_i$ )
6:  $S_i \leftarrow S_{i-1} \cup (x_i, f(x_i))$ 
7:  $T_i \leftarrow T_{i-1} \cup (y_i, f(x_i))$ 
8:  $\hat{f}_i \leftarrow$  build a surrogate model for  $f$  by  $S_i$ 
9:  $\hat{g}_i \leftarrow$  build a surrogate model for  $g$  by  $T_i$ 
10:  $\epsilon_i \leftarrow$  approximation error of  $\hat{f}_i$  using the test set  $Q_{normal}$ 
11:  $\delta_i \leftarrow$  approximation error of  $\hat{g}_i$  using the test set  $Q_{transformed}$ 
12: end for
    
```

Fig. 2. Pseudo-code of approximate performance comparison experiment

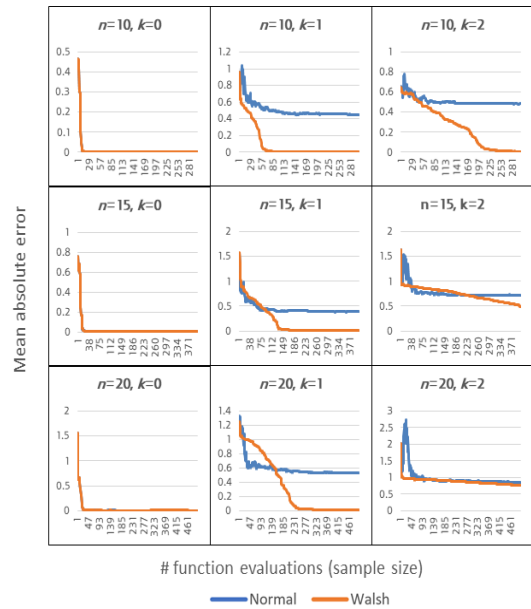


Fig. 3. Mean absolute error of fitness on test dataset depending on the training dataset

### 3.3 GA 성능 비교

근사 성능을 비교한 결과, 실험한 대부분의 문제에서 이산 월시 변환을 한 메타모델이 그렇지 않은 모델보다 성능이 좋았다. 우리의 궁극적인 목표는 생성된 메타모델을 사용해 유전 알고리즘의 성능이 좋아지는 것을 확인하는 것이다. 따라서, 생성된 메타모델로 적합도 함수를 대신해 유전 알고리즘을 50번 수행했고, 유전 알고리즘이 찾은 최적 해 평균 적합도를 계산하였다. 이후 방사 기저함수 네트워크를 사용한 메타모델과도 유전 알고리즘 성능을 비교했다. Table 1은 표준 기저 기반의 메타모델, 월시 기저 기반의 메타모델, 방사 기저함수 네트워크 기반의 메타모델의 유전 알고리즘 성능을 비교한 것

이다. 유전 알고리즘 성능은 월시 기저 기반의 메타모형이 가장 높았고, 방사 기저함수 네트워크를 사용한 메타모형, 기저를 변환하지 않은 메타모형이 뒤따랐다. 이는 이산 월시 변환이 메타모형의 근사 성능을 높일 수 있으며, 유전 알고리즘이 더 좋은 해를 찾도록 함을 의미한다.

**Table 1. Comparison of GA performance**

| Best fitness of GA |                  |                |             |                 |
|--------------------|------------------|----------------|-------------|-----------------|
| $NK$ (n, k)        | Fitness function | Standard basis | Walsh basis | RBFN (discrete) |
| (10, 0)            | 6.878            | 5.823          | 6.173       | 5.998           |
| (15, 0)            | 10.079           | 8.756          | 8.950       | 8.718           |
| (20, 0)            | 13.145           | 11.415         | 11.707      | 11.507          |
| (10, 1)            | 7.215            | 6.280          | 6.820       | 6.310           |
| (15, 1)            | 10.672           | 9.348          | 9.739       | 9.226           |
| (20, 1)            | 14.344           | 11.955         | 12.547      | 12.481          |
| (10, 2)            | 7.490            | 6.457          | 6.825       | 6.494           |
| (15, 2)            | 11.245           | 9.403          | 9.762       | 9.500           |
| (20, 2)            | 15.094           | 12.400         | 12.816      | 12.480          |

#### 4. 결론 및 향후 연구

본 연구는 이산 월시 변환을 통해 문제공간의 기저를 변환해 메타모형의 근사 성능을 높이고 해당 메타모형을 사용한 유전 알고리즘이 더 나은 성능을 낸다는 것을 확인하였다. 이산적인 도메인에서 대표적인 의사-불리언 함수인  $NK$  모형에 대해 파라미터의 값을 조합하여 ( $n \in 10, 15, 20, k \in 0, 1, 2$ ) 총 9가지 문제를 실험하였다. 이산 월시 변환 기반의 메타모형은 기저를 변환하지 않은 메타모형보다 높은 근사 성능을 보였다. 이후 유전 알고리즘의 적합도 함수를 생성된 메타모형로 대체했을 때 도 기저를 변환한 것이 더 좋은 해를 찾았다. 또한, 이산적인 도메인에 적합하게끔 유사도 함수를 수정한 방사 기저함수 네트워크보다도 더 좋은 해를 찾았다. 이 연구는 의사-불리언 형태의 목적함수를 가지는 모든 실제계 문제에 적용될 수 있다. 우리는 이산적인 도메인에서 기저 변환이 메타모형 성능을 높이는데 영향을 끼친다는 것을 확인했지만,  $K$ -진수 인코딩 문제나 순열 인코딩 문제를 대상으로 실험해 볼 필요가 있다. 또한, 본 연구에서 실험한 벤치마크 문제 외에도 실제계 문제를 대상으로 실험해 볼 필요가 있다.

#### REFERENCES

- [1] Y. Jin, M. Olhofer & B. Sendhoff. (2002). A framework for evolutionary optimization with approximate fitness functions. *IEEE Transactions on Evolutionary Computation*, 6(5), 481-494.
- [2] Y. Jin. (2011). Surrogate-assisted evolutionary computation: recent advances and future challenges. *Swarm and Evolutionary Computation*, 1(2), 61-70.
- [3] D. Lim, Y. Jin, Y. S. Ong & B. Sendhoff. (2009). Generalizing surrogate-assisted evolutionary computation. *IEEE transactions on evolutionary computation*, 14(3), 329-355.
- [4] Z. Zhou, Y. S. Ong, P. B. Nair, A. J. Keane & K. Y. Lum. (2006). Combining global and local surrogate models to accelerate evolutionary optimization. *IEEE transactions on systems, man, and cybernetics*, 37(1), 66-76.
- [5] D. Lim, Y. S. Ong, Y. Jin & B. Sendhoff. (2007). A study on metamodeling techniques, ensemble, and multi-surrogates in evolutionary computation. *Proceedings of 9th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature*. (pp. 1288-1295). London : Springer.
- [6] M. N. Le, Y. S. Ong, S. Menzel, Y. Jin & B. Sendhoff. (2013). Evolution by adapting surrogates. *Evolutionary computation*, 21(2), 313-340.
- [7] Z. Zhou, Y. S. Ong, M. H. Nguyen & D. Lim. (2005). A study on polynomial regression and gaussian process global surrogate model in hierarchical surrogate-assisted evolutionary algorithm. *IEEE congress on evolutionary computation 3*, (pp. 2832-2839). Edinburgh : IEEE.
- [8] M. Zaefferer. (2018). *Surrogate model for discrete optimization problems*. Dortmund : Technical University of Dortmund.
- [9] S. Verel, B. Derbel, A. Liefooghe, H. Aguirre & K. Tanaka. (2018). A surrogate model based on Walsh decomposition for pseudo-boolean functions. *Proceedings of 15th International Conference on Parallel Problem Solving from Nature*. (pp. 181-193). Coimbra : Springer.
- [10] Y. H. Kim, A. Moraglio, A. Kattan & Y. Yoon. (2014). Geometric generalization of surrogate model-based optimization to combinatorial and program spaces. *Mathematical Problems in Engineering*, Vol. 2014, Article ID 184540, 10 pages.
- [11] M. D. Vose & A. H. Wright. (1998). The simple genetic algorithm and the Walsh transform: part 1, theory. *Evolutionary Computation*, 6(2), 253-273.
- [12] K. Swingler. (2019). Learning and searching pseudo-Boolean surrogate functions from small samples. *Evolutionary Computation*, 1-23.
- [13] A. Kaffuman & E. D. Weinberger. (1989). The NK model of rugged fitness landscapes and its application to maturation of the immune response. *Journal of*

*Theoretical Biology*, 141(2), 211-245.

- [14] J. Lee & Y. H. Kim. (2019). Epistasis-based basis estimation method for simplifying the problem space of an evolutionary search in binary representation. *Complexity*, 2019, 13.
- [15] Y. S. Ong, P. B. Nair & K. Y. Lum. (2006). Max-min surrogate-assisted evolutionary algorithm for robust design. *IEEE transactions on evolutionary computation*, 10(4), 392-404.

유 동 필(Dong-Pil Yu)

[학생회원]



- 2018년 8월 : 광운대학교 컴퓨터소프트웨어학과(공학사)
- 2018년 9월 ~ 현재 : 광운대학교 컴퓨터과학과 석사과정
- 관심분야 : 유전 알고리즘, 최적화 알고리즘
- E-Mail : yoodongphil@naver.com

김 용 혁(Yong-Hyuk Kim)

[정회원]



- 1999년 2월 : 서울대학교 전산과학(이학사)
- 2001년 2월 : 서울대학교 전기컴퓨터공학부(공학석사)
- 2005년 2월 : 서울대학교 전기컴퓨터공학부(공학박사)
- 2005년 3월 ~ 2007년 2월 : 서울대학교 반도체공동연구소 연구원
- 2007년 3월 ~ 2017년 2월 : 광운대학교 컴퓨터소프트웨어학과 조교수/부교수)
- 2017년 3월 ~ 현재 : 광운대학교 소프트웨어학부 교수
- 관심분야 : 최적화, 진화연산, 지식공학
- E-Mail : yhdffy@kw.ac.kr