

퍼지 논리와 유전 알고리즘을 이용한 갑상선 암세포의 인식

나 철 훈

목포대학교 정보공학부

(2001년 3월 15일 접수, 2001년 6월 4일 채택)

Recognition of Thyroid Gland Cancer Cells using Fuzzy Logic and Genetic Algorithms

Cheolhun Na

Dept. of Information Engr., Mokpo National University

(Received March 15, 2001. Accepted June 4, 2001)

요약 : 본 논문에서는 갑상선세포를 대상으로 정상세포와 종양세포(여포성 종양세포와 유두상 종양세포)를 인식하기 위해 퍼지논리를 이용한 새로운 방법을 제안한다. 세포영상에서 취득한 16가지의 특징파라미터를 이용해 유전알고리즘을 적용하여 세포인식에 가장 큰 영향을 미치는 우수특징 파라미터를 결정하여 적용하였다. 제안된 방법을 240개의 갑상선세포(60개의 정상세포, 120개의 여포성 종양세포, 그리고 60개의 유두상 종양세포)에 적용하여 실험한 결과 평균 88.75%의 평균인식률을 얻을 수 있음을 증명하였다.

Abstract : This paper proposes the new method based on fuzzy logic which recognizes between normal, and abnormal(two types of abnormal : follicular neoplastic, and papillary neoplastic) of thyroid gland cells from pre-obtained 16 feature parameters of image data. This paper applies the genetic algorithms to obtain the dominant feature parameters which have a great influence on discrimination between normal and abnormal cells.

This paper shows the effectiveness of proposed method to 240 thyroid gland cells(60 normal cells, 120 follicular neoplastic cells and 60 papillary neoplastic cells) and new dominant feature parameters obtained by genetic algorithms. As a consequence of using the proposed method, average recognition rate of 88.75 % was obtained.

Key words : Fuzzy logic, Recognition, Genetic algorithm

서 론

퍼지논리는 다양한 분야에서 그 적용이 시도되고 좋은 성과를 보이고 있는 것은 강력한 추론 능력과 일반화능력 때문이다[1]. 세포의 현미경 영상을 이용하여 전문가에 의해 판단되는 정상 세포와 종양 세포 사이의 구분은 다분히 주관적이고, 그 판단 근거 또한 모호한 경우가 많다. 현미경 영상으로부터 얻을 수 있는 갑상선 세포의 특징들 또한 불확실한 정보들을 포함하고 있고 특징 변수들이 종양 세포의 인식에 어느 정도의 영향을 주는지 정확히 표현하기 어렵다. Zadeh 교수가 제안한 퍼지 이론은 이와 같은 모호한 정보를 효과적으로 다룰

수 있는 방법을 제시해 주었다[2,3]. 또한, 복잡한 패턴의 영역 분할을 위해 퍼지추론알고리즘, 혹은 신경회로망을 적용해 개선된 결과를 보이고 있는 많은 사례들이 있다.

Choong[4]은 유방암 환자의 전이를 예견하기 위하여 환자의 나이, 세포의 유사 분열 횟수, 세포핵의 크기 등의 자료를 이용하여 퍼지추론을 행하는 Entropy Maximization Network를 제안하였고 Hu[5]는 방광암의 식별을 위해서 특징 변수로 세포핵의 크기, 평균 병암도, 결, Shape Factor, pgDNA를 네트워크의 입력으로 하여 신경 회로망과 퍼지 기반 시스템의 성능, 신경 회로망의 활성화 함수로서 시그모이드 함수, 코사인 함수, 가우시안 함수를 사용했을 경우의 인식률과 학습 횟수를 비교하였으며 Bazon[6]은 자궁경부암의 인식을 위하여 계층적인 신경 회로망을 이용하는 방법을 제안하고, 전체 자료의 집합을 57개의 특징 변수, 5개의 그룹으로 분할하고 정규화된 각 그룹을 분리하였다.

위의 적용 사례들을 살펴보면, 특징 변수 집합의 인식률에

본 연구결과는 라인장학재단의 연구비 지원에 의한 것임.
통신저자 : 나철훈 (534-729) 전남 무안군 청계면 도림리 61
목포대학교 정보공학부
Tel. (061) 450-2743, Fax. (061) 450-2740

대한 기여도(우세 특징 변수 혹은 열등 특징 변수가 될 수 있는 가능성)는 고려치 않고 미리 정의된 특징 변수 집합을 사용하였음을 알 수 있다.

제안한 방법은 각 세포핵에 대해 16개의 특징 변수들을 이용해 중앙 세포 인식을 위한 퍼지 추론 방법과 유전 알고리즘을 적용해 우수 특징 변수를 얻어내는 방법으로 그 동안 특정한 특징 변수를 여러 대상에 일률적으로 적용하여 생겨나는 오인식을 최소화하여 각 클래스별로 인식에 가장 적합한 특징 변수의 조합을 찾아내어 각각을 인식하는 새로운 방법을 제안하였다.

본 논문에서 대상으로 삼은 갑상선세포의 경우는 검사량이 상대적으로 자궁경부세포나 유방세포의 경우보다 많지 않지만 세포의 일반적인 특징을 추출하여 실험을 진행하기에 양호하여 선택하였고 연구를 진행하여 얻어진 자료와 방법 등을 이용하여 대상세포를 변경한다면 세포검사의 객관성 확보에 도움을 주고 검사시간의 단축과 궁극적으로 검사의 자동화에 기여할 수 있으리라고 생각된다.

퍼지논리를 이용한 암세포의 인식

1. 개요

세포를 인식하기 위하여 푸리에급수의 전력밀도 분포함수 등을 사용하는 주파수영역에서의 해석법[7]과는 대조적으로 공간 영역에서는 현미경 영상에서 얻어지는 형태학적 특징을 주로 사용하는데 이런 경우에는 일반적으로 각 세포핵에 대한 16가지 정도의 특징 변수를 추출하여 중앙 세포 식별에 적용하였다[8]. 본 논문에 사용된 특징 변수들은 표 1과 같다. 공간 영역에서 중앙 세포의 구별을 위해 사용되는 효과적인 변수로는 세포핵의 크기(nuclear size), 모양(nuclear shape), 결(nuclear texture)등이다. 일반적으로 사용되는 변수인 AR, SX, SY, PM, SD, AV를 사용하는 대신에 하나의 특징 변수만을 사용했을 경우 가장 높은 인식률을 보이는 MS, RP, VR, DS, ET, IN을 우수 특징 변수라 하고, 이 우수 특징 변수를 사용하여 샘플에 의해 구해진 평균값과의 거리를 구함으로써 정상 세포와 비정상 세포를 구별하였다.[8] 여기에 사용한 우수 특징 변수는 하나의 특징 변수에 대한 우수 가능한 특징 변수일 뿐, 종합적인 추론을 위한 우수 특징 변수는 아니다. 본 논문에서는 16개의 특징 변수 중에서 종합적인 판단 기준을 위한 우수 특징 변수를 유전 알고리즘을 통해 새롭게 구하고 얻어진 우수 특징 변수를 기반으로 퍼지추론과정을 거쳐 정상세포와 비정상세포를 구별하는 방법을 제안하였다.

2. 퍼지 추론 방법

퍼지 추론 알고리즘은 모호한 정보로부터 규칙성을 얻을 수 있는 효과적인 방법을 제공한다. 패턴 인식에 있어 특징 선택(feature selection)은 초기의 많은 갯수의 특징을 포함하고 있는 표본자료의 차수를 감소시키려는 목적으로 사용된다.

Nath[9]는 전문가의 지식으로부터 얻어지는 분류 부분과 표본을 이용하여 분류기를 미세 조정하는 부분으로 구성되는 인

표 1. 특징 변수

Table 1. Feature parameters

No.	Symbol	Feature
1	SX	Nuclear X-Size
2	SY	Nuclear Y-Size
3	MS	Average of SX and SY
4	DS	Denseness
5	PM	Perimeter
6	GM	Gray Level Mean of Nucleus
7	SD	Standard Deviation
8	AR	Nuclear Area
9	VR	Valid Rate
10	AP	Averaged Power of Nucleus
11	AC	Autocorrelation
12	ET	Entropy
13	IN	Inactivity
14	AV	Absolute Value
15	ID	Inverse Difference
16	RP	Ratio of (PM / MS)

어 변수 입력을 갖는 분류 시스템을 위한 설계 방법을 제안하여 의학적인 진단 시스템에 이용하려 하였고 Pal[10]은 패턴 인식 문제에서 특징 인덱스(Index of Feature)를 클래스 사이와 클래스 내부에서의 측정(measure)을 정의하여 서로 다른 클래스를 구별하는 특징의 신뢰도가 증가함에 따라 인덱스 값이 감소하는 방법을 이용하여 인도의 모음과 과일음의 인식을 위해 사용하였다.

Homenda[11,12]는 불확실한 정보를 처리하는 데 정보의 Repititivity와 Negativity를 다루기 위하여, 퍼지집합의 선형 공간에 유사 순서 관계와 순서관계의 개념을 도입했다. 또한 퍼지 멤버십 함수 값을 [0,1]에서 [-1,1]로 확장하여 Negative Information을 다루려 하였다.

본 논문에서는 이미 얻어진 16개의 특징 변수들 중에서 우수한 특징 변수들을 이용하여 퍼지 추론 알고리즘에 의한 중앙 세포를 식별하는 문제를 다룬다. 이에 따라 다음의 퍼지추론 알고리즘을 적용한다.

i번째 세포의 j번째 특징 변수의 k번째 세포핵 형태(k=1,2,3: 정상 세포 핵, 유두상 중앙 세포 핵, 여포성 중앙 세포핵의 순서)에 대한 퍼지화 함수 F_{ijk} 를 다음과 같이 정의한다.

$$F_{ijk} = \begin{cases} \frac{|Param_{ijk} - Cell_{ij}|}{|Param_{i+1jk} - Param_{ijk}|} & \text{for } Param_{ijk} \leq Cell_{ij} \leq Param_{i+1jk} \\ \frac{|Param_{ijk} - Cell_{ij}|}{|Param_{ijk} - Param_{i-1jk}|} & \text{for } Param_{i-1jk} \leq Cell_{ij} \leq Param_{ijk} \\ 0 & , \text{ o/w} \end{cases} \quad (1)$$

$Param_{ijk}$ 는 k번째 세포핵 형태의 j번째 특징 변수의 l (정상 세포핵)에 대한 특성 값을, $Cell_{ij}$ 는 i번째 세포핵의 j 번째 특징 변수를 의미한다.

$$ValueOfFzz_{ijk} = 1 - F_{ijk} \quad (2)$$

$0 \leq F_{ijk} \leq 1$ 이다.

k번째 세포 형태에 대한 i번째 세포핵의 출력 값은

$$Output_{ik} = \sum_{j=1}^{16} ValueOfFzz_{ijk} \quad (3)$$

이다.

식 (1)의 퍼지화 함수중 일부를 그림 1에 보인다. 그림 1의 각 그래프의 횡축은 얻어진 특징변수들의 값을 표시하고 종축은 소속 정도를 나타낸다. 정상세포와 두 가지 종양세포의 특징변수별 구해진 값들이 AP의 경우처럼 각각 차이가 있는 경우에는 그룹별로 인식이 용이하지만 RP처럼 거의 중복되는 경우에는 인식이 용이하지 않았다. 그림 2는 대표적인 특징 변수들의 2차원 분포도이다. 실제 사용한 퍼지화 함수 값은 식(2)이다. 그림 2에서 각 그래프의 종축과 횡축에 특징변수별로 정상세포와 두가지 종양 세포별 분포를 나타내었다. 이렇게 두가지 이상의 특징변수를 동시에 적용하게되면 한가지 특징변수만을 일률적으로 사용하는 경우에 비하여 상대적으로 인식이 훨씬 용이함을 확인할 수 있었다. 이는 퍼지 논리의 퍼지보수와 같음을 알 수 있다[3]. Pal[10]의 방법과 유사하게 특징의 신뢰도가 증가하면 퍼지 출력 값이 감소하는 원리를 이용하였다.

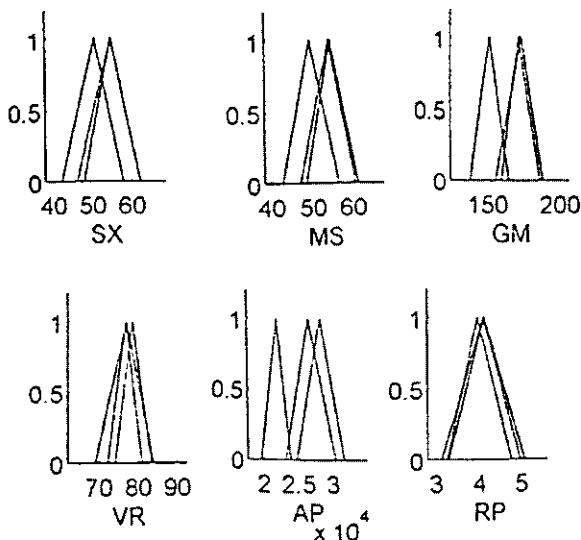


그림 1. 퍼지화 함수
Fig. 1. Fuzzification function

3. 유전 알고리즘에 의한 우수 특징 변수의 획득

유전알고리즘은 자연계의 유전학과 적자생존에 근거한 탐색 알고리즘이다[13-15]. Ishibuchi[16]는 유전 알고리즘에 의한 Rectangular Fuzzy Rule을 갖는 Fuzzy Classification System을 구성하여 분류 문제의 지식획득을 위하여 사용하였다. 그는 수치적인 자료로부터 작은 갯수의 주요한 퍼지 규칙을 갖도록 목적 함수를 정의하고, 각 Individual이 “-1”, “0”, “1”의 값을 가지고 “1”이면 규칙을 포함시키고, “-1”이면 규칙을 제외시키며, “0”를 dummy rule로 하여 최소의 부규칙을 이용하면서 좋은 성능을 얻은 전체 규칙을 얻고자 하였다.

본 논문에서 유전 알고리즘을 적용하는 목적은 우수한 특징 변수를 구하기 위해서다. 따라서, 영상자료로부터 얻어지는 특징변수의 갯수 16을 한 스트링의 길이로 하고 각 비트는 “1” 혹은 “0”의 값을 가진다. 그 의미는 각각 퍼지 추론 과정에 포함되는지 또는 포함되지 않는지의 여부로 한다. 퍼지추론알고리즘을 위해 사용되는 우수 특징 변수의 갯수는 인식률이 감소하지 않는 한 최소가 되도록 하기 위하여 다음 두 가지 목적을 갖는다.

조건 1: 첫번째 목적은 인식률을 최대로 해야 한다.

조건 2: 두번째 목적은 우수 특징 변수의 갯수는 최소가 되어야 한다.

물론 조건 1이 조건 2보다 우선되어야 한다. 조건 1에 의하여 유전 알고리즘의 적합도 함수 $F(S)$ 는

$$F(S_i) = \frac{1}{DisRate(S_i)} \quad (4)$$

$DisRate(S_i)$: i 번째 스트링 S_i 의 인식률이다.

따라서, 유전 알고리즘은 인식률을 최대로 하는 방향으로 진화하게 된다. 알고리즘은 다음과 같다.

단계 1: Initialization

각 세대의 스트링의 각 비트를 0 혹은 1로 임의로 초기화한다.

단계 2: Selection

인식률에 비례하는 선택 확률을 준다. 인식률이 높은 스트링은 인식률이 낮은 스트링에 비해 적자생존의 법칙에 의하여 살아남을 수 있는 많은 기회를 주어야 한다. 이런 점에서 단계 3 또한 적자생존의 법칙인 유전 알고리즘에 충실한 조건이 된다. 식 (4)에서 정의된 적합도 함수를 대신해서 선택 확률 $P(S_i)$ 를 사용하고 적합도 함수를 단계 5의 알고리즘의 종료 조건으로만 사용한다.

선택 확률 $P(S_i)$ 는

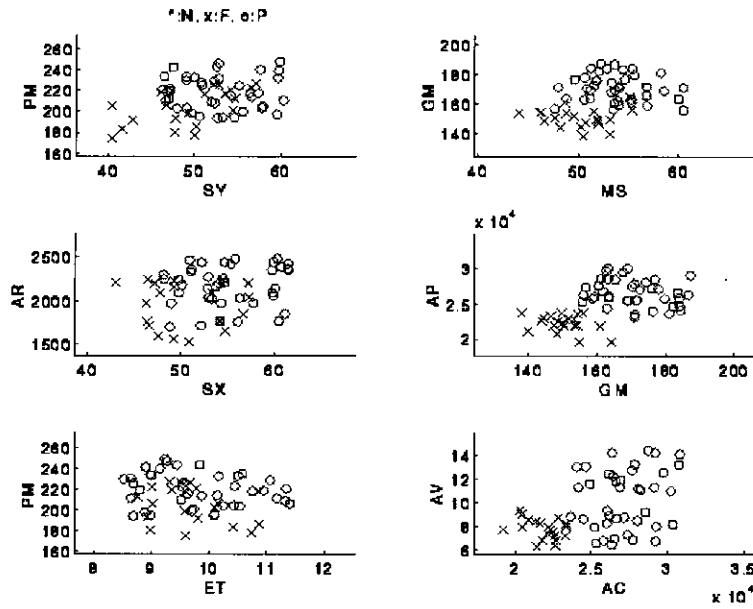


그림 2. 대표적인 두개의 특징 변수에 대한 분포도
Fig. 2. Distribution of two feature parameters

$$P(S_i) = \frac{DisRate(S_i) - DisRate(S_{i_{min}})}{k \sum_j (DisRate(S_j) - DisRate(S_{i_{min}}))} \quad (5)$$

$$k \sum_j (DisRate(S_j) - DisRate(S_{i_{min}})) = 1,$$

k는 상수, $DisRate(S_{i_{min}})$ 는 최소의 인식률이다.

단계 3: Crossover (Elitist Strategy)

우수한 인식률을 보이는 전체 세대 갯수의 10%를 최적 스트링이라하고 최적 스트링과 나머지 스트링들과의 교배 연산을 수행한다. 식 (5)에 의해 선택된 두개의 스트링의 임의로 선택된 bit position 사이의 값을 서로 교환한다.

단계 4: Mutation

교배 연산을 통해 생성된 각 bit에 대해 다음의 돌연변이 연산을 수행한다. 인식률이 감소하지 않는 범위 내에서 우세 특징 변수의 갯수는 최소가 될 필요가 있다. 따라서 다음과 같이 서로 다른 변이 확률을 주어 인식률을 감소시키지 않는 범위 내에서 특징 변수를 제외시킨다.

sr = 1 → sr = 0, 변이 확률 PM = 0.05
sr = 0 → sr = 1, 변이 확률 PM = 0.01

단계 5: Check and Stop

미리 지정된 반복 회수 3000회에 도달하였거나, 모든 문자열에 대한 적합도 함수의 합이 20회 이상 반복되어도 감소하

지 않을 경우 탐색 알고리즘을 종료하고 그렇지 않으면 단계 2로 돌아간다.

시뮬레이션 및 결과

실험에 사용된 16가지의 특징변수를 정상 세포핵과 두 가지 종양세포핵에 대해 각 경우별로 적용하여 얻은 결과를 표 2에 보였다. 표3에는 식(2)에 의해 결정된 특징변수를 사용한 실험 결과를 표시하고 있고 표5에는 각 경우에 사용되었던 우세 특징변수를 나타내었다. 표2에서 확인할 수 있는 것처럼 특정 특징변수가 특정 대상의 인식에는 매우 유용하지만 나머지 대상의 인식에는 문제가 될 수 있음을 잘 보여주고 있다. MS의 경우 여포성 종양의 인식에는 93.3%의 인식률을 갖지만 나머지 두 경우에 대해서는 6.67%의 매우 낮은 변별력을 가지고 있으며 AP의 경우 정상세포는 비교적 높은 인식률을 보이지만 여포성 종양세포나 유두상 종양세포의 인식에는 상대적으로 낮은 식별률을 보이는 등 어느 특정 특징변수를 하나의 척도로 모든 종류에 일률적으로 적용하는대는 무리가 있음을 확인할 수 있다.

20개의 정상 세포 핵, 40개의 유두상 종양 세포 핵, 20개의 여포성 종양 세포핵으로 구성된 3개의 시험 샘플에 대한 실험 결과를 표 3에 보인다. 식(2)에 의해 얻어진 우세 특징 변수인 SX, SY, GM, SD, AP, AC, AV는 종양 세포의 분석에 일반적으로 사용하는 특징 변수와 큰 차이가 없음을 알 수 있다. 그리고 추론 알고리즘에 의해서 얻어진 우세 특징 변수인 MS, DS, SD, AR, AP, AC, IN, AV는 우세 특징 변수와 일반적으로 사용되는 특징 변수에 대부분 포함되고 있음을 알 수 있다.

표 2. 특징변수별 인식률
Table 2. Recognition rate of each parameters

특징변수	class	정상세포		여포성종양		유두상종양	
		인식	%	인식	%	인식	%
		60	100	120	100	60	100
1	SX	26	43.3	113	94.2	43	71.6
2	SY	31	51.6	110	91.6	38	63.3
3	MS	4	6.67	112	93.3	4	6.67
4	DS	32	53.3	101	84.2	49	81.6
5	PM	24	40.0	105	87.5	45	75.0
6	GM	19	31.6	51	42.5	26	43.3
7	SD	32	53.3	105	87.5	47	78.3
8	AR	21	35.0	111	92.5	32	53.3
9	VR	7	11.6	109	90.8	25	41.6
10	AP	37	61.6	27	22.5	26	43.3
11	AC	35	58.3	38	31.6	25	41.6
12	ET	37	61.6	100	83.3	36	60.0
13	IN	35	58.3	87	72.5	44	73.3
14	AV	31	51.6	102	85.0	49	81.6
15	ID	28	46.6	56	46.6	25	41.6
16	RP	32	53.3	105	87.5	44	73.3

표 3. 제안된 방법에 의한 인식결과
Table 3. Recognition results by proposed method

	정 상 세 포	유 두 상 종양세포	여 포 성 종양세포	전 체 인식률
시험샘플1	75.00%	90.90%	95.00%	87.50%
시험샘플2	85.00%	90.00%	90.00%	88.75%
시험샘플3	70.00%	97.50%	95.00%	90.00%
평 균	76.67%	92.50%	93.33%	88.75%

표 4. 세포유형별 우세특징변수
Table 4. Dominant feature parameters for each class.

정 상 세 포	GM,AP,AV	㉠
유두상종양세포	SY,SD,AP	㉡
여포성종양세포	SX,SD,AC,AV	㉢

언어진 세포 유형별 우세특징변수를 각기 다른 세포유형에 적용하여 얻은 인식률을 표5에 제시하였다. 표시된 유형은 표4에 제시되었던 변수를 그대로 적용하여 대상만 바꾸어 적용하였음을 의미한다. 즉 ㉠의 경우에는 제안된 방법에 의해 정상세포의 인식실험에서 결정된 세가지 특징변수 GM, AP, AV를 이용하여 유두상 종양세포와 여포성 종양세포의 인식에 사용하여 얻어진 결과이다. 표5가 보이는 것처럼 각 세포 유형별로 적합한 우세특징변수를 사용하는 경우에는 유두상 종양세포와 여포성 종양세포의 인식에 평균인식률인 92.50%와 93.33%에 훨씬 미치지 못하는 61.08%와 63.81%의 인식률을 얻어 그

표 5. 다른 경우에서 얻은 변수를 이용한 인식률
Table 5. Recognition rates using parameters from other case

case	정상세포	유두상 종양세포	여포성 종양세포
㉠	76.67%	61.08%	63.81%
㉡	69.72%	92.50%	64.63%
㉢	67.42%	82.94%	93.33%

표 6. 방법별로 사용된 특징변수와 인식률
Table 6. Feature parameters and recognition rates for each method

Method	Features	Recognition Rates
M1 Generally Used	AR,SX,SY, PM,SD,AV	74.42%
M2 [8]	MS,RP,VR, DS,ET,IN	79.38%
M3 (proposed)	SX,SY,GM, SD,AP,AC,AV	88.75%

효과가 현저히 감소하는 것을 확인할 수 있었다. 이들 결과로부터 정확한 인식실험을 하기 위하여 해당하는 대상을 식별하는데 가장 적합한 특징변수들이 사용되어야만 그 결과가 뛰어나 수 있을 증명한 것이다.

특징변수 GM과 AP, AC는 표 6의 M1과 M2에는 포함되지 않지만, 제안된 방법에 의하여 우세 특징 변수로 분류되었다. 결과적으로 M1의 경우는 일반적인 형태학적인 특징변수로 자주 사용되어 온 특징변수를 이용한 경우와 M2에 소개된 우세 특징변수를 사용하는 경우에는 GM, AP, 그리고 AC, 3가지 특징변수가 전체적인 인식률에 문제가 있어 사용되지 않았지만 유전 알고리즘과 추론 알고리즘에 의해 특정 그룹의 인식에 효과가 있으면 다른 특징변수와의 조합으로 사용되어 전체적인 인식률의 향상에 도움을 주며 모든 그룹에 공통적으로 사용되는 않더라도 변별력을 지니는 특정그룹의 인식에 사용이 가능함을 보이고 있다. 표 3에 나타난 결과를 보면 표 2에 설명된 각 특징변수별 최대 인식률이 정상세포의 경우 61.6%, 여포성 종양세포의 경우 94.2%, 그리고 유두상 종양세포의 경우 81.6%의 인식률을 지닌다. 본 논문에서 제시한 유전 알고리즘과 추론 알고리즘에 의한 실험 결과 얻어지는 평균 인식률은 정상세포의 경우 76.67%, 여포성 종양세포의 경우 93.33%, 그리고 유두상 종양세포의 경우 92.5%의 인식률을 얻음으로써 일반적으로 사용되는 방법에 비해 우수한 성능을 갖음을 증명하였다.

결 론

불확실한 정보가 포함된 영상자료로부터 얻어진 갑상선의 정상 세포와 유두상 종양 세포, 여포성 종양 세포의 식별을 위하여 우세 특징 변수의 획득을 위한 퍼지 추론 알고리즘과 유전 알고리즘의 적용을 통하여 모호한 정보로부터 규칙성을 얻

어내는 방법을 제안하였다.

시뮬레이션 결과와 표 6에 제시된 것처럼 일반적으로 사용되어온 기존의 두 가지 방법(M1, M2)의 경우에는 각각 6가지의 특징변수가 모든 종류의 세포에 사용되어 사실상 인식률을 저하하는 요인이 되기도 했지만 제안된 방법은 영상자료로부터 최소의 우세한 정보를 추출해냄으로써 빠른 시간에 대량의 식별을 위한 방법으로 사용될 수 있음을 제시하였다. 그 결과 유전 알고리즘과 추론 알고리즘에 의해 결정된 우세특징변수는 정상세포에 3개, 여포성 종양세포에 3개, 그리고 유두상 종양세포에는 4개의 특징변수만이 사용되었다.

제안한 방법을 이용함으로써 기존의 방법에 비하여 세포 유형별로 동일한 특징변수를 사용하여 인식실험을 행하는 경우보다 유형별로 효과적인 우세특징변수들을 선택적으로 사용하여 이용되는 특징변수의 수는 줄이고 인식률은 정상세포의 경우 76.67%, 여포성 종양세포의 경우 93.33%, 그리고 유두상 종양세포의 경우에는 88.75%의 인식률을 얻어 평균 88.75%로 기존에 일반적으로 사용된 방법(M1)에 비하여 14.33%의 개선된 인식률을 얻을 수 있음을 증명하였다.

본 실험에 사용된 경우보다 방대한 량의 실험대상을 확보하여 지속적인 실험이 이어질 경우 세포진단의 자동화와 실험결과와의 객관성, 그리고 정확성이 확보될 수 있을 것으로 기대된다.

참 고 문 헌

1. R. J. Marks II, Fuzzy Logic Technology and Applications, Technical Activities Boards, 1994.
2. J. C. Bezdek and S. K. Pal, Fuzzy Models for Pattern Recognition, IEEE Press, 1992
3. G. J. Klir and T. A. Folger, Fuzzy Sets, Uncertainty, And Information, Prentice-Hall, 1992
4. P. L. Choong and C. J.S deSilva, "Breast Cancer Prognosis using the EMN Architecture", ICNN'94, pp. 3516~3520, 1994
5. Y. Hu and K. Ashenayi, "A Comparison of Neural Networks and Fuzzy c-Means Methods in Bladder Cancer Cell Classification", ICNN'94, pp. 3461~3466, 1994
6. M. Bazoon, D. A. Stacey, C. Cui, "A Hierarchical Artificial Neural Network System for the Classification of Cervical Cells", ICNN'94, pp. 3525~3529, 1994
7. Kriete A, Roman W, Schaffer R et al., "Computer analysis of Arrangement and nuclear texture in follicular thyroid tumours", Histochemistry, Vol. 78., No. 2, pp. 227-230, 1983
8. C. H. Na and H. J. Kim, "Effective Discrimination of Cancer Cells in Medical Images", Proc. of IEEE 1993 NSS and MIC, San Francisco, CA, Nov. 1993
9. A. K. Nath and T. T. Lee, "On the Design of a Classifier with Linguistic Variables as Inputs", Fuzzy Sets Syst., vol. 11, pp. 265~285, 1983
10. S. K. Pal and B. C. Chakraborty, "Fuzzy Sets Theoretic Measure for Automatic Feature Evaluation", IEEE Trans. Syst., Man, Cybern., vol. SMC-16, no. 5, pp. 754~760, Sept./Oct. 1986
11. W. Homenda, "Fuzzy Reasoning with Feature Cumulation as Cluster Analysis", FUZZ-IEEE'94, vol.4, pp. 1922~1926, 1994
12. W. Homenda and W. Pedrycz, "Processing Uncertain Information in the Linear Space of Fuzzy Sets", Fuzzy Sets Syst., vol. 44, pp. 187~198, 1991
13. D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search Optimization and Machine Learning, Addison Wesley, 1989
14. J. J. Grefenstette and J. E. Baker, "How Genetic Algorithms Work: A Critical Look at Implicit Parallelism", Proc. of the Third Int. Conf. on Genetic Algorithms, 1989
15. K. D. Jong, "Learning with Genetic Algorithms: An Overview", Machine Learning 3, pp. 121~138, 1988
16. H. Ishibuchi, K. Nozaki, N. Yamamoto, H. Tanaka, "Acquisition of Fuzzy Classification Knowledge Using Genetic Algorithms", FUZZ-IEEE'94, pp. 1963~1968, 1994