

계층형 신경회로망을 이용한 염색체 영상의 핵형 분류 (Karyotype Classification of The Chromosome Image using Hierarchical Neural Network)

장 용 훈*

(Yong-Hoon Chang)

요 약

본 논문에서는 염색체의 핵형을 자동으로 분류하는 연구방법을 개선하기 위하여 염색체의 영상을 재구성하는 방법과 패턴의 인식을 위해 계층형 신경회로망의 구현에 관한 두 가지의 알고리즘을 제안한다. 먼저 영상 재구성방법을 사용하여 임상적으로 정상인으로 판명된 20명의 염색체 영상에서 형태 구조학적인 특징정보와 농도정보를 추출하였다. 10명에 대하여 추출한 정보를 다섯 가지로 조합하여 계층형 신경회로망(Hierarchical Multilayer Neural Network : HMNN)의 학습입력으로 사용하여 핵형을 분류할 수 있는 패턴인식기를 구현하였다. 그리고 나머지 10명에 대한 다섯 가지의 조합된 정보를 HMNN의 분류입력으로 사용하여 실험한 결과 약 98.26%의 우수한 인식률을 나타내는 최적화된 계층적 인공신경회로망을 구현할 수 있었다.

ABSTRACT

To improve classification accuracy in this paper, we proposed an algorithm for the chromosome image reconstruction in the image preprocessing part and also proposed the pattern classification method using the hierarchical multilayer neural network(HMNN) to classify the chromosome karyotype.

It reconstructed chromosome images for twenty normal human chromosome by the image reconstruction algorithm. The four morphological and ten density feature parameters were extracted from the 920 reconstructed chromosome images. The each combined feature parameters of ten human chromosome images were used to learn HMNN and the rest of them were used to classify the chromosome images.

The experimental results in this paper were composed to optimized HMNN and also obtained about 98.26% to recognition ratio.

1. 서론

사람의 염색체 분석은 임상의학에서 여러 가지 선천성 질환뿐만 아니라 백혈병, 악성 종양, 방사선 장애, 그리고 생물학적 연구 등을 위해 중요하고 필요한 연구이다.^[1,2]

1956년 Tjio와 Levan에 의해 사람의 염색체 수가 46개로 밝혀진 이후 1960년 국제 염색체 회의에서 인간의 염색체의 명명법과 분류법에 관하여 ISCN(International system for human cytogenetic nomenclature)이라는 규약이 설정되었다.^[3,4]

* 정희원 : 동주대학 컴퓨터정보통신계열 조교수

논문접수 : 2001. 7. 31.

심사완료 : 2001. 8. 16.

※ 이 논문은 1998년 동주대학 교내연구비 지원에 의하여 연구되었음.

컴퓨터를 이용한 최초의 연구는 1964년 Ledly에 의해 수행되었으며, 그 결과 컴퓨터에 의한 시스템이 세포유전학 연구실 등에 사용할 수 있다고 보고하였다.^[5]

염색체의 핵형을 자동으로 분류하는 과정은 영상 전처리 과정과 패턴인식을 수행하는 두 단계의 과정으로 나누어 수행된다. 첫 번째는 염색체의 특징정보를 추출하는 과정으로 염색체의 윤곽선을 이용하는 방법, MAT를 이용하는 방법 그리고 염색체마디의 패턴 정보를 사용하는 방법이 있다.^[6-9] 두 번째는 염색체를 인식하기 위하여 패턴인식기를 구현하는 과정으로 Maximum likelihood를 사용하는 방법, Nonparametric bayes' rule을 사용하는 방법 그리고 최근에는 신경회로망을 이용하여 염색체를 분류하는 연구 방법들이 제안되었다.^{[6-7][10]}

본 논문에서는 이러한 두 단계과정에 대하여 새로운 알고리즘을 제안하였다. 첫 째, 염색체 영상에서 특징정보를 추출하기 위하여 영상을 재구성하는 방법을 제안하였다. 이 방법은 염색체 중앙축의 각 화소에 등 각도로 32방향으로 방사한 선분을 구하고, 이들 중 가장 짧은 선분을 염색체의 폭으로 설정하여 재구성하는 방법이다. 둘째, 패턴인식기를 구현하기 위하여 HMNN을 제안하였다. 이 방법은 계층적인 구조를 갖는 두 단계의 신경회로망으로 구성하였다. 처음 단계의 신경회로망(HMNN1)은 염색체의 7개군(A군~ G군)을 분류하기 위해 구성하였으며, 다음 단계의 신경회로망(HMNN2)은 각 군내에 속하는 개개의 염색체(No. 1~No. 22, X, Y)를 분류하기 위하여 7개의 모듈화된 신경회로망으로 구성하였다. 이와 같은 방법을 사용하여 구현한 HMNN의 타당성 검증을 위하여 영상재구성 방법에 의해 추출된 20명분의 조합패턴 중 10명분은 HMNN의 학습 입력패턴으로 사용하였으며, 나머지 10명분은 분류를 위한 입력패턴으로 사용하여 염색체를 분류하는 실험을 수행하여 패턴인식기의 성능을 평가하였다.

2. 영상 특징정보 및 추출

2.1 염색체 번호와 형태

사람 염색체에 대한 명명은 1960년 Denver, 1963년 London, 1966년 Chicago, 1971년 Paris, 1975년 Paris Supplement, 1977년 Stockholm, 그리고 1980년 Paris 국제회의를 거쳐 <표 1>과 같이 7개의 군으로 구분된다.^[1-4]

<표 1> 염색체의 특징과 번호

<Table 1> The numbers and characters of chromosome

Group	Numbers	Characters
A	1~3	Large metacentric chromosome
B	4~5	Large submetacentric chromosome
C	6~12, X	Medium-size metacentric chromosome
D	13~15	Medium-size acrocentric chromosome with satellite
E	16	Relatively short metacentric chromosome
	17, 18	Submetacentric chromosome
F	19, 20	Short metacentric chromosome
G	21, 22	Acrocentric chromosome with satellite
	Y	Acrocentric chromosome

2.2 염색체의 형태구조학적인 특징

2.2.1 동원체 지수

동원체를 중심으로 염색체 단완의 길이와 염색체의 길이(chromosome length : C.L.)를 유클리드거리(euclidean distance)를 이용하여 식 (1)과 같이 계산하면 동원체 지수(centromeric index : C.I.)를 구할 수 있다.^[4]

$$C.I. = \frac{\text{염색체 단완의 길이}}{\text{염색체의 길이}} = \frac{\ell_s}{\ell_c} \leq 0.5 \quad (1)$$

여기서, ℓ_s 는 염색체 단완의 길이, ℓ_c 는 염색체의 길이를 의미한다.

2.2.2 상대적 길이비

염색체의 상대적인 길이 비는 식 (2)와 같이 하나의 세포에서 추출된 46 개의 염색체 중 Y염색체를 제외한 모든 길이를 구한 후, 이들을 합한 총 길이를 분모로 두고 각 염색체의 길이를 분자로 두어 나누면 상대적인 길이의 비(relative length : R.L.)를 구할 수 있다.^[4]

$$\begin{aligned} \ell_t &= \sum_{c=0}^{44} \ell_c \\ R.L. &= \frac{\ell_c}{\ell_t} \end{aligned} \quad (2)$$

여기서, ℓ_t 는 45개 염색체의 총 길이, ℓ_c 는 각 염색체의 길이, 그리고 R.L.은 각 염색체의 상대적인 길이 비를 나타낸다.

2.2.3 농도정보

형광 물질로 염색된 염색체에는 각 염색체별로 독특한 농도치를 갖는 염색마디가 존재한다. 이러한 염색마디는 각각 다른 분포 특성을 지니며 염색마디의 수도 다르게 구성되어 있다. 이러한 염색마디는 각 염색체의 중앙축에 직각 방향으로 형성되어 있어서 중앙축을 기준으로 등간격으로 구분하고, 각 염색마디의 평균 농도정보(mean density : M.D.)와 평

균 농도지수(mean density centromeric index : M.C.I.)를 추출하여 염색체를 분류하는 특징정보로 사용한다.^[8]

2.2.4 상대적 면적비

염색체의 면적 계산은 원 영상에서 각 염색체를 구성하는 화소(pixel)의 수를 계수하면 가능하다. 즉, 식 (3)과 같이 하나의 세포에서 추출된 46 개의 염색체 중 Y염색체를 제외한 모든 염색체의 면적을 구한 후 이들을 합한 총 면적을 분모로 두고 각 염색체의 면적을 분자로 두어 나누면 상대적인 면적의 비(relative area : R.A.)를 구할 수 있다.^[4]

$$\begin{aligned} S_t &= \sum_{c=0}^{44} S_c \\ R.A. &= \frac{\text{각 염색체의 면적}}{\text{염색체 전체 면적의 합}} = \frac{S_c}{S_t} \end{aligned} \quad (3)$$

여기서, S_c 는 각 염색체의 면적이며, S_t 는 45개 염색체 면적의 합을 의미한다.

3. 염색체 영상의 재구성 방법

재구성되는 염색체의 선분을 결정하기 위하여 선화 알고리즘과 윤곽선 자동검출 알고리즘을 사용하여 염색체의 중앙축을 추출한다.^[11-12] 추출한 중앙축의 각 화소에 32방향으로 선을 연장하여 염색체 영역의 가장자리까지 32방향의 누적된 길이를 구한다. 그리고 32개의 길이를 정렬하여 가장 짧은 선분의 끝 좌표와 중앙축의 원점과의 유클리드 거리를 계산하고, 계산치와 π 라디안만큼 떨어진 선분과의 합을 구하여 재구성을 위한 선분으로 결정한다. 또한 이 선분에 있는 각 화소의 농도정보를 합하여 선분에 있는 총 화소의 수로 나누면 평균농도를 구할 수 있다. 그리고 이러한 값들을 이용하면 염색체 영상을 재구성할 수 있다. [그림 1]은 이러한 과정을 순서도로 나타내었으며 알고리즘의 수행 과정은 다음과 같다.

- (a) 세션화 알고리즘을 수행하여 검색체의 중앙축을 구한다. 이때 검색체 양끝에서 잘린 부분(양끝의 약 10%)은 맨 끝점의 좌표와 다음 점의 좌표와의 각도를 이용하여 연장한다.
- (b) 설정된 검색체 중앙 축의 화소(x_c^k, y_c^k)를 원점으로 선택한다.
- (c) 원점을(x_c^k, y_c^k)로 하여 $\Delta\theta = 2\pi/M$ 의 등 각도로 M개의 길이를 계산한다. 여기서 k는 중앙 축의 화소에 대한 알고리즘의 반복 수행 횟수이며, M은 32이다.
- (d) 길이 성분 i에 대하여 식 (4)을 사용한 문턱치에지 검출을 수행하여 H_{edg} 값이 문턱치 H_{th} 보다 크면 길이 성분 i에 대한 수행을 종료하고 좌표(x_e^m, y_e^m)을 저장한다.

여기서 r^i 는 길이 성분 i에 대한 방사 방향의 증분을 의미하며, $g(r)$ 는 검색체 각 화소의 농도 정보치를 의미한다.

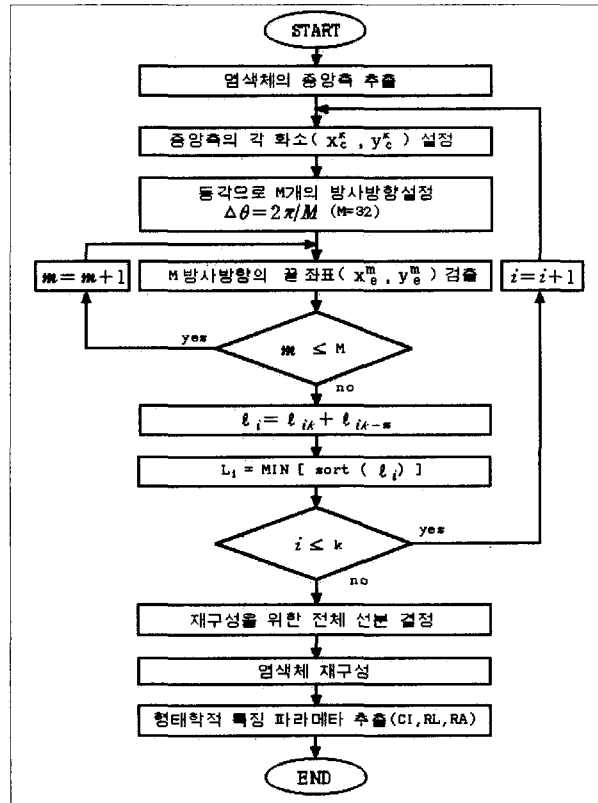
- (e) M개의 방향에 대해 (d)를 반복 수행한다.
- (f) (e)가 종료되면 식 (5)와 같이 원점의 좌표(x_c^k, y_c^k)와 저장된 좌표(x_e^m, y_e^m)의 유클리드거리를 계산한다.

$$l_{i_k} = \sqrt{(x_e^m - x_c^k)^2 + (y_e^m - y_c^k)^2} \quad (5)$$

- (g) (f)의 수행이 완료되면 식(6)과 같이 l_{ik} 와 π 간격만큼 떨어진 $l_{ik-\pi}$ 의 길이를 합하여 재구성에 대한 길이 l_i 를 구한다.

$$l_i = l_{i_k} + l_{i_{k-\pi}} \quad (6)$$

$$H_{edg}(r^i) = \frac{g(r^i+1) + g(r^i) - g(r^i-1) - g(r^i-2)}{2} \quad (4)$$



[그림 1] 영상 재구성을 위한 알고리즘의 흐름도

[Fig. 1] A flowchart for the image reconstruction algorithm

(h) 길이 l_i 중에서 가장 짧은 길이 L_i 를 식 (7)과 같이 구한다.

$$L_i = \text{Min} [\text{Sort} (l_i)] \quad (7)$$

(i) 중앙축의 총화소 수 k 개를 만족할 때까지 (d)에서 (h)까지 반복 수행한다.

이상과 같은 과정을 수행하면 염색체를 재구성하기 위한 전체 선분이 결정된다.

4. 계층형 신경회로망의 구조

본 논문에서는 7개군과 24개의 번호로 분류되는 염색체의 형태학적인 특징정보를 이용하여 HMNN을 구성한 후 이들로부터 각 염색체를 분류할 수 있는 염색체의 패턴인식기를 구현하였다. HMNN1은 염색체를 7개군으로 분류하기 위하여 구성하였고, HMNN2는 각 군내에 속하는 염색체(1-22, X, Y)를 분류하기 위하여 7개의 모듈화된 신경회로망으로 구성하였다. HMNN에 사용되는 7개의 염색체 군과 염색체 각각의 번호는 <표 2>와 같으며, <표 3>은 학습 및 분류입력으로 사용되는 다섯 가지의 조합된 패턴의 특징정보를 나타내었다. 그리고 염색체를 분류하는 HMNN의 구성도는 [그림 2]와 같다.

<표 2> 염색체 군과 번호

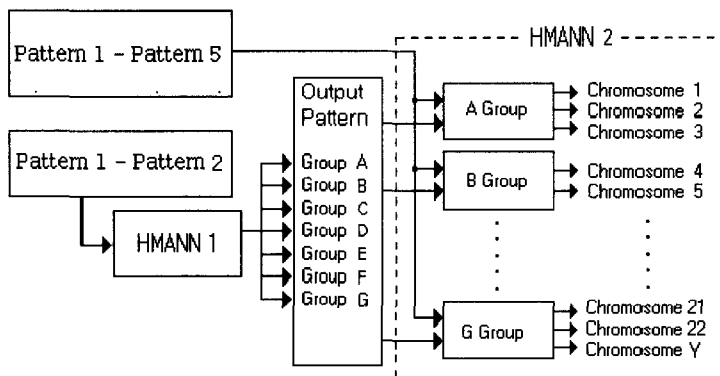
<Table 2> Chromosome groups and numbers

Group	Number	Group	Number
A	1 ~ 3	E	16 ~ 18
B	4 ~ 5	F	19 ~ 20
C	6 ~ 12, X	G	21 ~ 22, Y
D	13 ~ 15		

<표 3> 특징정보의 패턴

<Table 3> Patterns of feature information

Combined patterns	Feature vectors	Numbers of feature vector
Pattern1	C.I.+R.L.+R.A.	3
Pattern2	C.I.+R.L.+R.A.+C.L.	4
Pattern3	C.I.+R.L.+R.A.+C.L.+(D0~D9)	14
Pattern4	C.I.+R.L.+R.A.+C.L.+(C.I./R.L.)+(C.I./R.L.)+(R.L./R.A.)+(R.L./C.I.)+(R.A./R.L.)+(R.A./C.I.)	10
Pattern5	C.I.+R.L.+R.A.+C.L.+M.D.+M.C.I.+(C.I./R.L.)+(C.I./R.L.)+(R.L./R.A.)+(R.L./C.I.)+(R.A./R.L.)+(R.A./C.I.)+(D0~D9)	22



[그림 2] 계층형 신경회로망의 구조

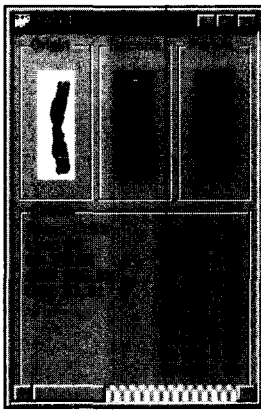
[Fig. 2] The HMNN structure

이러한 HMNN은 일반적으로 구성되는 신경회로망에 비해 학습에 소요되는 시간과 입력패턴의 수를 줄일 수 있다. 또한 염색체를 인식하고 분류하는 신경회로망이 모듈형식으로 구성되어 있어, 패턴 벡터 공간상에 나타나는 입력패턴의 군집도를 조사하여 입력패턴의 수를 조절하면 최적화된 패턴 인식기를 구성할 수 있다.

3. 실험결과

3.1 염색체 영상의 재구성 방법

[그림 3]은 재구성 방법에 의하여 염색체를 재구성한 수행 과정과 특징정보의 추출 결과를 나타내었다.



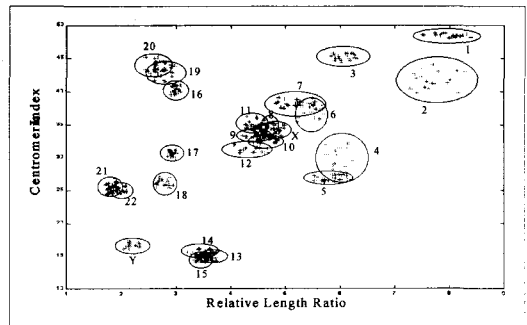
[그림 3] 염색체의 원영상과 재구성 영상
[Fig. 3] The original and reconstructed chromosome image

염색체 영상을 재구성하여 형태학적인 특징정보 C.I., R.L., R.A. 및 C.L.를 추출하였으며, 농도정보는 동원체를 중심으로 상부와 하부를 각각 균등하게 5등분하여 전체 10등분의 평균 농도정보 D0~D9, M.D. 및 M.C.I.를 추출하였다.

3.2 패턴 벡터 공간

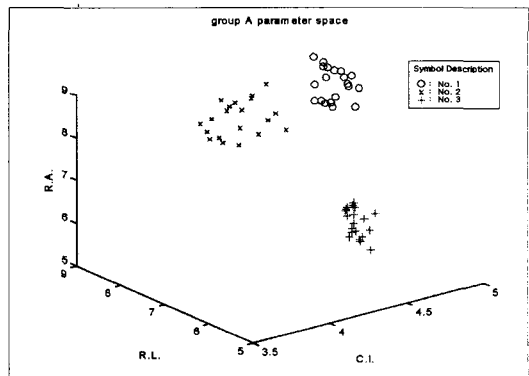
본 논문에서는 460개의 염색체를 사용하여 영상 재구성 방법에 의하여 추출한 특징정보의 군집화의 정도를 살펴보기 위하여 패턴 벡터공간을 구성하였다. [그림 4]는 염색체에서 추출한 특징정보의 2차원 패턴 벡터공간을 나타낸다.

[그림 5]는 형태학적인 특징 정보 C.I., R.L. 그리고 R.A.에 대하여 염색체 A군의 3차원 패턴 벡터공간을 나타내었다.



[그림 4] 2차원 패턴 벡터공간

[Fig. 4] Two dimensional pattern vector spaces



[그림 5] 염색체 A군의 3차원 패턴 벡터공간

[Fig. 5] Three dimensional pattern vector space of Group A

3.3 패턴 인식기 구현

<표 4>와 같은 특징정보들을 계층형 신경회로망의 학습입력으로 사용하여 염색체 패턴 인식기의 구현을 위한 실험을 수행하였다.

Pattern1~Pattern5를 학습 입력패턴으로 사용한 계층형 신경회로망은 오차 역전파 학습 알고리즘을 사용하였으며, 학습을 과정을 수행한 후 각각의 가중치를 저장하였다. 학습이 끝난 HMNN에 임의의 입력패턴이 들어오면 그에 해당하는 염색체를 인식

하고 분류한다. 학습에 사용된 교사신호는 분류와 일치하는 출력층 뉴런의 교사신호는 1.0 이며 나머지는 0.0이다. 또한 학습시간을 단축하고 신경회로망이 국부적인 최소점에 빠지지 않게 하기 위하여 모멘트법을 사용하였다.

<표 5>는 염색체의 패턴 인식기를 구현하기 위하여 사용한 학습요소와 중간층 뉴런의 수를 나타내었다. 염색체의 Pattern1~Pattern5를 학습입력으로 사용하여 학습요소와 중간층 뉴런의 수를 동일하게 학습시켜 패턴 인식기를 구성하였다. 이는 서로의 인

<표 4> 염색체 특징정보의 조합

<Table 4> The combined feature parameters of chromosome

특징정보 추출방법	학습 및 분류 특징 정보		조합패턴
	HMNN 1	HMNN 2	
재구성 방법	Pattern1 Pattern2	C.I., R.L., R.A.	Pattern1
		C.I., R.L., R.A., C.L.	Pattern2
		C.I., R.L., R.A., C.L., D0~D9	Pattern3
		C.I., R.L., R.A., C.L., (C.I./R.L.),(C.I./R.A.),(R.L./C.I.) (R.L./R.A.),(R.A./C.I.),(R.A./R.L.)	Pattern4
		C.I., R.L., R.A., C.L., M.D., M.C.I., (D0~D9), (C.I./R.L.),(C.I./R.A.),(R.L./C.I.) (R.L./R.A.),(R.A./C.I.),(R.A./R.L.)	Pattern5

<표 5> 신경회로망의 파라미터

<Table 5> Parameters of neural network

(P1 : Pattern 1, P2 : Pattern 2, P3 : Pattern 3, P4 : Pattern 4, P5 : Pattern 5)

신경회로망 파라미터	HMNN 1	HMNN 2						
		Group A		Group B		Group C		
		P1~P2	P3~P5	P1~P2	P3~P5	P1~P2	P3~P5	
활성함수의 기울기	1.0	1.2	1.2	1.1	1.1	1.0	1.0	
학습 상수	0.05	0.05	0.05	0.01	0.1	0.05	0.001	
중간층 뉴런의 수	30	10	15	10	30	30	30	
신경회로망 파라미터	HMNN 2							
	Group D		Group E		Group F		Group G	
	P1~P2	P3~P5	P1~P2	P3~P5	P1~P2	P3~P5	P1~P2	P3~P5
활성함수의 기울기	0.9	0.9	0.8	0.8	1.0	1.0	1.0	1.0
학습 상수	0.1	0.001	0.5	0.001	0.05	0.05	0.1	0.01
중간층 뉴런의 수	15	20	15	30	10	30	10	30

식 결과를 비교하여 인식률이 높은 입력정보를 선정하기 위하여 수행하였다.

3.4 인식 결과

염색체의 핵형을 분류하기 위하여 계층형 신경회로망으로 패턴 인식기를 구현하였다. 그리고 분류 오차를 감소시키기 위하여 다섯 가지 종류의 조합패턴을 패턴 인식기의 입력정보로 사용하여 염색체를 분류하는 실험을 수행하였다. 먼저 HMNN1에 의한 군의 인식률은 Pattern1인 경우 97.37%를 인식한 반면, Pattern2는 100% 완전하게 염색체의 군을 인식하였다. 따라서 염색체의 군을 인식하는 입력정보는 Pattern2를 사용하였다. 그리고 HMNN2를 사용한 전체 염색체의 인식결과는 <표 6>과 같다. 인식 결과 A군, B군, E군, F군 및 G군은 완전하게 분류할 수 있었으나, C군과 D군은 상호 밀접하게 분포되어 있어 인식률이 다소 낮게 나타났음을 알 수 있었다.

3.5 패턴 인식기의 조합

본 논문에서는 염색체의 핵형을 분류하기 위하여 계층형 신경회로망을 사용하여 다섯 가지 종류의 조합패턴을 사용하여 염색체를 분류하는 연구를 수행하였다. 수행 결과 염색체를 분류하는 모듈화된 신경회로망의 최적화된 입력패턴의 조합을 <표 7>과 같이 구할 수 있었으며, 입력패턴으로 C군과 D군은 Pattern5를 사용하고 나머지 염색체 군은 Pattern4를 사용하여 최적화된 계층형 신경회로망을 이용한 패턴 인식기를 구성할 수 있었다.

4. 결론

본 논문에서 사용된 특징정보의 추출을 위하여 임상적으로 정상인으로 판명된 20명, 즉 920개의 염색체를 사용하였다. 그리고 인식을 위하여 460개의

<표 6> 염색체의 분류 결과

<Table 6> The classification results of chromosome.

		Group A	Group B	Group C	Group D	Group E	Group F	Group G	Total
P1	오분류 개수	0	0	12	6	0	3	0	21
	분류 오차율(%)	0	0	7.69	10.00	0	7.50	0	4.56
P2	오분류 개수	0	0	9	4	0	2	0	15
	분류 오차율(%)	0	0	5.76	6.66	0	5.00	0	3.26
P3	오분류 개수	0	0	7	3	0	1	0	11
	분류 오차율(%)	0	0	4.48	5.00	0	2.50	0	2.39
P4	오분류 개수	0	0	13	40	0	0	0	53
	분류 오차율(%)	0	0	8.33	66	0	0	0	11.52
P5	오분류 개수	0	0	6	2	0	0	0	8
	분류 오차율(%)	0	0	3.85	3.33	0	0	0	1.74

<표 7> 신경회로망에 대한 조합패턴의 선택

<Table 7> The combined pattern selection for each neural network.

Patterns	Group A	Group B	Group C	Group D	Group E	Group F	Group G
Pattern4	○	○			○	○	○
Pattern5			○	○			

염색체는 계층형 신경회로망의 학습입력으로 사용하여 패턴 인식기를 구현하였으며, 나머지 460개의 염색체를 분류입력으로 사용하였다.

제안한 계층형 신경회로망에 있어서 HMNN1은 염색체의 7개군을 분류하기 위하여 구성하였으며, HMNN2는 HMNN1에서 분류된 염색체 군을 염색체 번호별로 분류하기 위하여 7개의 모듈화 된 신경회로망으로 구성하였다.

제안한 인식방법의 타당성을 검증하기 위하여 20명의 조합패턴 중 10명에 대한 다섯 가지의 조합패턴 즉, Pattern1~Pattern5를 학습입력으로 사용하여 패턴 인식기를 구현하였으며, 나머지 10명에 대해서 다섯 가지의 조합패턴을 패턴 인식기의 분류입력으로 사용하여 염색체를 인식하고 분류하는 실험을 수행하였다.

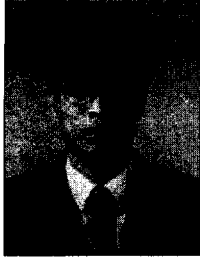
실험결과 HMNN1에 대한 염색체 군의 분류 실험 결과는 Pattern1인 경우 97.37%를 인식한 반면, Pattern2는 100% 완전하게 염색체의 군을 인식하였다. 따라서 염색체의 군을 인식하는 입력정보로는 Pattern2를 사용하였으며, HMNN2를 사용한 전체 염색체의 분류 실험결과는 Pattern4와 Pattern5에서는 A군, B군, E군, F군 및 G군은 완전하게 분류할 수 있었으나, C군과 D군은 상호 밀접하게 분포되어 있어 인식이 다소 낮게 나타났다. 따라서 Pattern4는 A군, B군, E군, F군 및 G군을 분류하기 위한 입력정보로 사용하였으며, C군과 D군을 분류하기 위한 입력정보로는 Pattern5를 사용하여 최적화된 계층형 신경회로망에 의한 패턴 인식기를 구현할 수 있었다.

Pattern4와 Pattern5를 사용한 인식 실험결과 전체 염색체에 대한 오분류는 8개로써 약 1.74%의 오분류율을 나타내었으며, 인식률은 약 98.26%의 우수한 인식결과를 나타내었음을 알 수 있었다. 또한 Pattern4에 사용되는 특징정보의 수는 10개이며, Pattern5에 사용되는 특징정보의 수는 22개이다. 그러므로 모듈화된 신경회로망을 적절하게 조합하면 학습에 사용되는 입력정보의 수를 줄일 수 있으므로 패턴인식의 대상이 변화하여도 유연하게 대처할 수 있는 장점을 가진다.

※ 참고문헌

- [1] D. E. Rooney, B. H. Czepulkowski, Human cytogenetics essential data, John Wiley & Sons, 1994.
- [2] J. H. Tjio and A. Levan, "The chromosome number of man", *Hereditas*, Vol. 42, pp.1-16, (1956).
- [3] John R. Gosden, Chromosome analysis protocols, Humana press, 1994.
- [4] ISCN, An international system for human cytogenetic nomenclature, Karger, 1985.
- [5] Robert S. Ledly, "High-speed automatic analysis of biomedical picture", *Science*, Vol. 146, pp.216-223, (1964).
- [6] Lucas J. van Vliet, Ian T. Young and Brian H. Mayall, "The athens semi-automated karyotyping system", *Cytometry*, Vol. 11, pp.51-58, (1990).
- [7] J. Piper, E. Granum, D. Rutovitz and H. Rutledge, "Automation of chromosome analysis", *Signal Processing*, Vol. 2, pp.203-221, (1980).
- [8] M. G. Thomason and E. Granum, "Dynamic program inference of markov networks from finite sets of sample strings", *IEEE Trans. Pattern Anal.*, Vol. 8, pp.491-501, (1986).
- [9] Lerner B., Levinstein M., Rosenberg B., Guterman H., Dinstein I., and Romem Y., "Feature selection and chromosome classification using a multilayer perceptron neural network", *IEEE International Conference on Neural Networks*, Vol. II, pp.3540-3545, Jun. 28-Jul. 2, (1994).
- [10] E. Granum and M. G. Thomason, "Automatically inferred markov network models for classification of chromosomal band pattern structures", *Cytometry*, Vol. 11, pp.26-39, (1990).
- [11] R. C. Gonzalez and Paul Wintz, *Digital image processing*, Addison- Wesley, 1987.
- [12] 김명남, 조진호, "좌심실에 대한 2D 단축 심초음파도에서 기하학적 모델을 이용한 심내벽 윤곽선의 자동검출", *대한의용생체공학회 논문지*, Vol. 15, No. 4, pp.447-453, (1994).

장 용 훈



1986년 동아대학교 전기공학과
(공학사)
1990년 동아대학교 대학원
(공학석사)
1998년 동아대학교 대학원
(공학박사)
1989년~1994년
동아대학교 병원 전산실
1994년~현재 동주대학
컴퓨터정보통신계열 조교수
관심분야 : 영상처리,
패턴인식, 인공지능,
의공학