

DNA Inspired CVD Diagnostic Hardware Architecture

權 五 奕* · 金 主 經** · 河 丁 友*** · 朴 宰 賢§ · 鄭 德 鎮§ · 李 鍾 浩†

(Oh-Hyuk Kwon · Joo-Kyung Kim · Jung-Woo Ha · Jaehyun Park · Duck-Jin Chung · Chong-Ho Lee)

Abstract - In this paper, we propose a new algorithm emulating the DNA characteristics for noise-tolerant pattern matching problem on digital system. The digital pattern matching becomes core technology in various fields, such as, robot vision, remote sensing, character recognition, and medical diagnosis in particular. As the properties of natural DNA strands allow hybridization with a certain portion of incompatible base pairs, DNA-inspired data structure and computation technique can be adopted to bio-signal pattern classification problems which often contain imprecise data patterns. The key feature of noise-tolerance of DNA computing comes from control of reaction temperature. Our hardware system mimics such property to diagnose cardiovascular disease and results superior classification performance over existing supervised learning pattern matching algorithms. The hardware design employing parallel architecture is also very efficient in time and area.

Key Words : CVD diagnosis, Pattern matching, Noise tolerance, DNA computing

1. 서 론

디지털 패턴 매칭은 로봇 비전, 원격 탐사, 필기체 인식 그리고 x-ray분석 등 넓은 분야에서 사용되고 있다. 최근에는 DNA나 RNA를 이용한 질병 진단의 연구가 활발히 진행 중에 있으며, DNA 칩을 이용한 질병진단에도 디지털 패턴 매칭이 활용되고 있다[1]. 그러나 디지털 패턴은 데이터 획득 당시 센서의 문제, 데이터 전송 당시 채널의 문제 등으로 인하여 노이즈가 포함되거나 데이터가 훼손 되므로, 훼손된 패턴의 매칭과 인식과정은 매우 높은 복잡도를 요구하게 된다.

Adleman은 Hamiltonian Path Problem (HPP)과 같이 복잡도 높은 NP-complete 문제를 해결하는데 DNA를 이용하는 DNA 컴퓨팅을 제안 하였다[2][3]. DNA 컴퓨팅은 DNA의 고유 특성인 자기 복제 및 상보 결합을 이용하는데 DNA는 자기 복제 및 상보 결합의 처리과정을 초 병렬로 진행 하여 짧은 시간에 매우 큰 해집합을 갖는 문제를 효과적으로 처리한다. Watada J. 등은 DNA 컴퓨팅을 복잡도가 높은 group decision problem에 적용하였고[4], S. A. Tsaftaris 등은 DNA 컴퓨팅과 디지털 신호 처리와의 관계

에 대하여 연구하여 DNA의 특성 중 상보 결합 특성을 이용한 노이즈에 강건한 디지털 패턴 매칭을 소개하였다[5].

그러나 생화학적 DNA 컴퓨팅 기술은 많은 장점에도 불구하고 실제 DNA와 효소를 사용하는 화학실험 절차를 수반하기 때문에 사용상의 한계를 가지고 있다[5]. 또한, DNA 컴퓨팅을 위해서는 디지털 시스템에서의 문제를 DNA strand로 바꾸어 주는 과정이 선행되어야만 하는데, DNA strand를 만들었을 때 하나의 패턴 내에서는 상보 결합이 발생하는 경우를 막아야 할뿐만 아니라 원하는 DNA 사이의 결합은 유도할 수 있도록 생성해야하는 문제를 해결해야만 한다. 디지털 신호로 변환한 심혈관 질환 진단을 위한 패턴 인식 같은 복잡도 높은 문제를 해결하기 위하여 DNA의 특성을 모방하고 생화학적 DNA를 이용할 경우 수반되는 문제점은 해결한 디지털 하드웨어용 알고리즘을 제안한다.

2. DNA를 이용한 패턴 매칭

2.1 DNA 상보결합 특성

DNA는 아데닌(A), 티민(T), 구아닌(G), 시토신(C)의 4가지 염기(base)의 연속된 나열로 이루어진다. 이 연속된 염기 나열들은 상보 염기들과 짝을 이루어 결합하게 되는데, A는 T와 G는 C로만 결합이 이루어진다. 이렇게 DNA가 결합하는 것을 DNA-DNA 상보결합 이라 하며 이들의 결합 능력은 온도에 따라 결정된다.

$$T_h = T_{melt} - (20^{\circ}\text{C} \sim 25^{\circ}\text{C}) \quad (1)$$

* 學生會員 : 仁荷大 工大 情報通信工學科 碩士課程
 ** 學生會員 : 서울대 工大 컴퓨터工學部 碩士課程
 *** 正 會 員 : 서울대 工大 컴퓨터工學部 統合課程
 § 終身會員 : 仁荷大 工大 情報通信工學科 教授 · 工博
 † 교신저자, 選任會員 : 仁荷大 工大 情報通信工學科 教授 · 工博

E-mail : chlee@inha.ac.kr

接受日字 : 2007年 12月 3日

最終完了 : 2008年 1月 9日

식(1)에서 T_h 는 DNA-DNA 상보결합이 가장 빠르고 정확하게 이루어지는 온도를 나타낸다[6]. 온도 T_h 는 T_{melt} 에 의해 결정되는데 T_{melt} 는 결합되어있는 DNA가 두 개의 단일 가닥으로 분리 되는 온도로서 상보결합은 T_{melt} 보다 온도가 낮을 때만 발생하게 된다. DNA-DNA 상보결합의 실행 온도가 T_h 에서 멀어질수록 상보결합 진행 속도는 느려지고 정확도는 떨어지는데, DNA 상보결합의 진행속도와 정확도는 온도가 T_h 일 때를 꼭짓점으로 하는 볼록한 포물선모양을 그리게 된다. 즉, 상보결합 실행시의 온도가 T_h 와 멀어질수록 정확한 상보염기가 아닌 임의의 염기로 구성된 DNA와 결합할 가능성이 커짐을 의미한다. 이와 같이 온도에 따른 자유도원리를 활용하면 디지털 신호의 매칭에 있어서는 노이즈가 삽입되었거나 훼손된 패턴의 경우 비교하려는 패턴과 정확하게 일치 않는 패턴과의 비교가 가능하다.

2.2 DNA 특성을 모방한 패턴 비교 알고리즘

패턴 매칭을 위한 레퍼런스 패턴 집합 S 의 i 번째 패턴 S_i 와 테스트 데이터 T 는 식(2)와 같이 정의된다.

$$\begin{aligned} S_i &= \{s_{i1}, s_{i2}, s_{i3}, \dots, s_{il}, o_i\} \\ T &= \{t_1, t_2, t_3, \dots, t_l\} \end{aligned} \quad (2)$$

여기에서 o_i 는 레퍼런스 패턴 S_i 가 소속된 클래스를, 아래첨자 l 은 패턴을 구성하는 데이터의 개수를 의미한다. 실행온도에 따른 DNA의 상보결합 특성을 디지털 시스템에서 모방하기 위하여 레퍼런스 패턴과 테스트 패턴을 각각의 상보 DNA가닥으로 가정한다. 그리고 모든 데이터가 정확히 일치하는 경우에는 정확한 결과를 도출함은 물론 레퍼런스 패턴과 테스트 패턴의 일부분이 일치하지 않더라도 온도가 T_h 가 아닐 때 발생하는 DNA의 상보결합과 같이 두 패턴을 매칭 패턴으로 인식하는 확률을 허용 한다. 상보결합은 DNA 염기서열에 속한 각 염기마다 발생 할 수 있으므로 제안하는 알고리즘에서도 패턴 S_i 와 T 의 각 대응 위치마다 데이터의 일치 여부를 판단한다. DNA의 온도에 따라 결합의 허용 정확도가 변하게 되는 특성을 디지털 시스템에서는 매칭 파라미터 P_h 와 난수 r 을 이용하여 구현하였다. 패턴의 각 위치마다 0과 1사이에서 균등 분포하는 임의의 숫자 r 을 생성하여 제시된 P_h 와 비교하고 r 이 P_h 보다 작다면 패턴 S_i 와 T 의 해당 위치의 데이터를 비교하지 않고 일치하는 것으로 처리한다. 즉,

$$S_i \text{ is matching with } T \text{ when } \forall i, \text{ unless } \exists j, \text{ such that } \{r_{ij} > P_h\} \text{ and } \{s_{ij} \neq t_j\} \quad (3)$$

여기에서 r_{ij} 은 i 번째 레퍼런스 패턴의 j 번째 위치에서 생성한 난수이며 j 는 l 보다 작거나 같다. 식 (3)은 레퍼런스

패턴과 테스트 패턴이 서로 정확히 일치 하지 않더라도 r_{ij} 가 P_h 보다 작은 j 번째 위치의 데이터들만 일치한다면 레퍼런스 패턴과 테스트 패턴이 일치하는 것으로 처리되는 것을 의미한다. 그림 1은 패턴 S_i 와 T 를 비교하는 과정에서 r_{ij} 와 P_h 에 따라 두 패턴이 다르게 처리되거나(a), 두 패턴이 서로 같은 패턴으로 인식되는 것(b)을 보여준다. 상보결합 방법을 모방한 패턴 비교과정은 패턴이 가지고 있는 전체의 데이터가 아닌 확률적 모델을 바탕으로 선택된 몇 개의 데이터만을 비교하므로 한 번의 비교로는 신뢰성 있는 결과를 얻을 수 없다. 따라서 동일한 레퍼런스 패턴을 테스트 패턴에 대하여 r_{ij} 을 변경하며 m 번 반복하여 비교하며 그 누적 결과로부터 클래스를 분류하는데, 이는 생화학적 DNA 컴퓨팅에서 동일한 수많은 DNA strand를 동시에 반응시켜 결과의 신뢰도를 높이는 것을 모사한다.

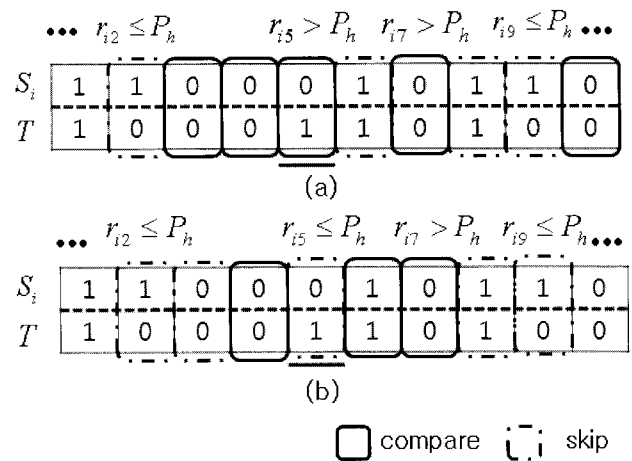


그림 1 동일한 패턴에서 r_{ij} 에 따른 매칭 여부 판단 결과 : (a) $S_i \neq T$, (b) $S_i = T$

Fig. 1 With different set of r_{ij} , the test pattern (T) is considered non-matching (a) or matching (b) with reference pattern S_i .

제안하는 알고리즘의 처리 과정은 다음과 같다.

1. 클래스 정보를 포함하고 있는 레퍼런스 패턴 집합 S 와 클래스 확인을 위한 입력 테스트 패턴 T 가 있을 때,
2. 난수 r_{ij} 을 생성하여 S_i 와 T 의 모든 상응하는 자리에 대하여 r_{ij} 과 P_h 을 바탕으로 식(3)을 적용하여 일치 여부를 검사한다.
3. 비교된 모든 데이터가 일치할 경우 S_i 의 클래스에 해당하는 계수기를 하나 증가 시킨다.
4. 2 ~ 3번의 과정을 모든 레퍼런스 패턴 집합 S 에 대하여 시행한다.
5. 2 ~ 4번의 과정을 m 번 반복하여 수행한다.

6. 가장 높은 값을 갖는 계수기 값을 가지는 클래스를 패턴 T 가 속하는 클래스로 출력한다.

단, 매칭 파라미터 P_h 를 결정하기 위해, 레퍼런스 패턴 집합을 레퍼런스 패턴과 테스트 패턴으로 나누어 P_h 를 0에서1사이로 변경해가며 비교실험을 한 후 가장 좋은 결과를 나타내는 값을 P_h 로 선택한다.

3. 심혈관 질환 데이터 집합

제한한 알고리즘의 성능을 측정하기 위하여 aptamer 칩 기반의 심혈관 질환(CardioVascular Disease, CVD)진단 패턴을 사용하였다. aptamer란 매우 정교한 상태의 3차 구조를 유지하고, 표적물질에 높은 친화력을 가지는 인공 합성 올리고뉴클레오타이드(oligonucleotides)이다. 이러한 aptamer는 질병의 치료나 진단에 응용될 수 있는 항체와 같은 분자들의 집합으로 표현된다[7]. aptamer를 이용하여 (쥐)제노프라라는 혈청 중 특정 단백질 양의 변화를 병렬적으로 분석할 수 있는 aptamer 칩 (aptamers based biochip, ABB)을 개발하였다[8].

심혈관 질환은 순기능의 혈액 유동이 시간이 경과함에 따라 혈관에 상처가 생기게 함으로서 유발되며[9], 근래의 인류 사망원인의 첫 번째 요인으로 대두되고 있다[10]. 심장조직에서 산소의 부족에 의해 발생하는 관상동맥 질환, 뇌로 통하는 혈관에 이상이 발생하는 뇌 혈관 질환, 팔 또는 다리로 통하는 혈관에 이상이 발생하는 말초혈관 질환 그리고 심장 류머티즘, 선천성 심장병, 심 정맥 혈전증, 폐색전 등의 질병이 심혈관 질환에 포함된다. 이러한 심혈관 질환의 경우 혈관에 이상이 생겼을 지라도 그 징후가 없기 때문에 심장 발작 또는 마비가 나타날 때 비로소 심혈관 질환의 징후를 알게 되므로[11] 사전 진단이 요구 되는 질환이다. 심혈관 질환은 정상인 상태를 포함하여 안정형 협심증(stable angina, SA), 불안정형 협심증(unstable angina, UA), 심근경색(myocardial infarction, MI)등의 4가지의 단계로 구분할 수 있다.

본 논문에서는 (쥐)제노프라의 3K aptamer 칩에 정상인 사람을 포함하여 135명의 혈액을 반응 시켜 실험하였고, 여기에 사용된 각 진행 단계별 패턴의 수는 표 1과 같이 구성되어 있다. 또한 성능 검증을 위하여 진행 단계별 패턴을 80%의 레퍼런스 패턴과 20%의 테스트 패턴으로 분류하였다. 사용된 데이터는 서울대에서 전처리 작업을 거친 데이터이다[12].

표 1 심혈관 질환 데이터의 단계별 패턴 수

Table 1 The CVD disease sample data set

	Normal	SA	UA	MI	Total
Reference	32	30	23	22	107
Test	8	8	6	6	28
Total	40	38	29	28	135

aptamer 칩으로부터 얻은 하나의 패턴은 0~1사이의 값을 갖는 3000개의 데이터로 구성이 되어있다. 데이터를 사용하기 위한 전처리 작업으로 계산 량을 줄이기 위하여 gain-ratio 방법을 이용하여 가장 유의성 있는 128개의 데이터를 선택한다. 그런데, 여기에서 얻어진 데이터는 3000개에서 128개로 줄었지만 0~1사이의 유리수 이므로, 디지털 시스템에서 처리가 용이하도록 Weka 툴의[13] binary discretization 알고리즘을 이용하여 2진화 시키는 작업을 수행하였다.

4. 매칭 파라미터 선택

제한하는 알고리즘으로 패턴 비교를 하기 전 하나의 패턴 안에서 비교되는 데이터의 bit 수를 결정하는 매칭 파라미터 P_h 를 결정해 주어야 한다. 이것은 기계학습 중 교사학습에서 필요로 하는 작업으로 다층 신경 회로망 (multi-layer perceptron, MLP)에서 학습률을 결정하는 것과 유사한 과정이라 할 수 있다. 그림 2는 매칭 파라미터의 변화에 따른 패턴 분석의 정확도를 보여준다.

그림 2에서 세로축은 심혈관 질환 진단의 정확도를 나타낸다. P_h 가 0.75보다 작은 경우에는 128개의 데이터 중 약 32개 이상이 비교 된다. 이때는 그림에서 보는 바와 같이 m 에 상관없이 신뢰도가 낮은 결과를 보여주는데, 이것은 심혈관 질환 패턴에 노이즈가 포함되어있거나 비교대상 자릿수가 많아짐에 따른 허용 자유도 축소 현상의 결과로 보인다. 또한 P_h 가 0.96이상으로 높아지면 비교되는 데이터의 수가 너무 적어지게 되므로 패턴비교의 신뢰성이 떨어지게 된다. 그림 2로부터 P_h 는 0.9, m 은 100일 때 처리량은 적고 가장 안정적인 결과를 보이는 것을 확인할 수 있다.

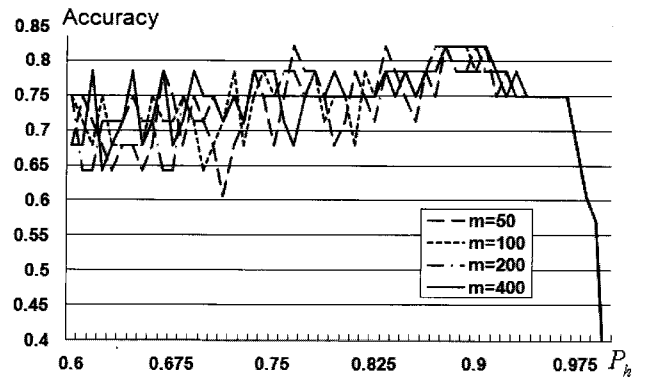


그림 2 제안하는 알고리즘의 매칭 파라미터와 반복횟수 변경에 따른 심혈관 질환 진단 정확도

Fig. 2 The CVD diagnosis accuracy of the proposed algorithm with respect to the number of comparing features and number of repetitions

5. DNA 특성을 모방한 패턴 매칭 하드웨어 구현

제한하는 알고리즘을 FPGA 상에 병렬로 설계함으로써 짧은 시간 내에 질병 진단이 가능하도록 하였다. 제안하는 하

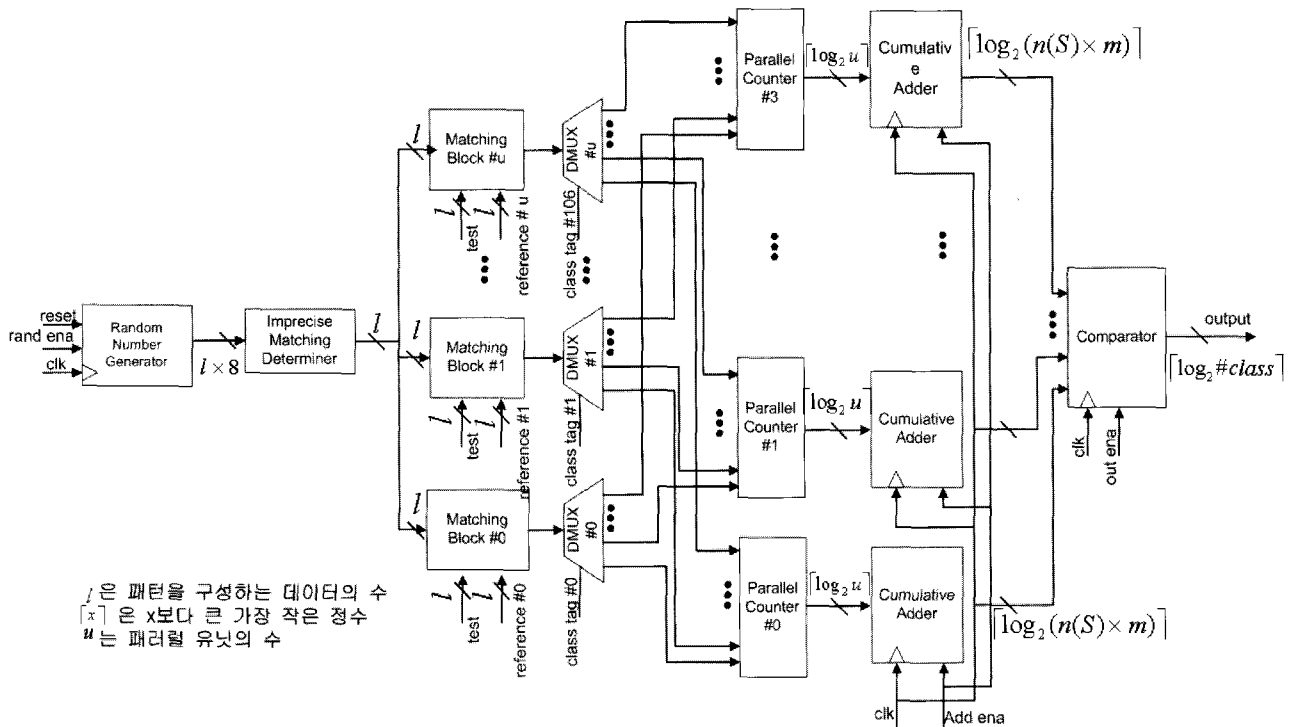


그림 3 DNA 특성을 이용한 CVD 진단용 하드웨어 블록 다이어그램
 Fig. 3 DNA inspired CVD diagnostic hardware block diagram

드웨어의 블록 다이어그램은 그림 3과 같다. 제안하는 하드웨어는 u 개의 레퍼런스 패턴을 동시에 처리할 수 있도록 설계하였으며 패턴에 포함되어있는 데이터의 비교여부를 판단하는 r_{ij} 은 피보나치 슈도 난수 발생기[14]로부터 값을 생성하였다. u 개의 레퍼런스와 테스트 패턴의 비교가 동시에 이루어지므로 패턴 매칭 후 각 클래스 별로 정확히 매칭된 수를 카운트 하기 위해 u 개의 입력을 동시에 셀 수 있는 전가산기를 이용한 병렬 카운터를 구현하였다. 패턴 매칭과 카운트는 각 레퍼런스 패턴 당 m 번 반복되어 실행되므로,

병렬 카운트된 값을 누적하여 증가시킬 수 있는 덧셈기와 최종 결과를 비교하여 출력할 비교기를 포함하여 하드웨어는 구성되어 있다.

난수 발생기는 각 패턴의 데이터 크기만큼 비교하기 위한 난수를 생성 한다. P_h 와 r_{ij} 를 8bit 2진수로 정의하였고 실험에 사용한 심혈관 질환 패턴의 크기가 128개 이므로 난수 발생기의 결과는 128×8 bit 가 된다. Imprecise Matching Determiner (IMD) 블록은 생성된 난수와 P_h 값을 비교하여 테스트 패턴과 레퍼런스 패턴의 특정 위치에서의 데이터의 비교여부를 결정하는 128bit를 생성한다. 매칭 블록에서는 해당 위치의 결과가 '1'이라면 데이터를 비교하지 않고 두 데이터가 일치한다고 판단하며, '0'이라면 해당위치의 결과를 비교하여 판단하게 된다. 하드웨어의 병렬처리 수는 레퍼런스 패턴의 수와 같은 107개로 설계 하였으며, 매칭 블록 이후의 결과는 107bit로 구성 된다. 이 107bit의 결과는 각 레퍼런스 패턴의 클래스에 해당하는 카운터를 증가 시키게 된다. 따라서 각 클래스마다 107bit의 입력을 받는 병렬 카운터를 가지고 있으며, 입력이 107bit이므로 병렬 카운터를 지난 결과는 7bit가 된다. 본 시스템에서는 동일한 레퍼런스 패턴 당 비교 반복수를 100으로 결정하였으므로 누적 가산기는 100번 반복하여 값을 더하게 된다. 따라서 $\lceil \log_2(n(s) \times m) \rceil$ 크기만큼 계수가 가능한 누적 가산기의 출력은 14bit가 되며 누적 가산기로의 입력은 7bit가 된다.

표 2 다양한 기계학습에 의한 심혈관질환 진단 정확도
 Table 2 Classification results of various algorithms for CVD data set

Classification accuracies	
Classifier	Accuracy
MLP	75.00 %
Bayes Net	75.00 %
Random forests	71.43 %
RBF Network	75.00 %
SVM (SMO)	85.71 %
Proposed algorithm	82.14 %

6. 실험결과

DNA 특성을 이용한 패턴 매칭 하드웨어의 성능을 검증하기 위하여 소프트웨어 시뮬레이션과 하드웨어 시뮬레이션을 각각 수행 하였다. 제안하는 알고리즘의 성능을 평가하기 위하여 기존의 다양한 기계학습 알고리즘과 심혈관 질환 진단 결과를 비교하였다. 성능평가에 사용한 기계학습으로는 multilayer perceptron (MLP), Bayes net, random forests, radius basis function (RBF) network이 사용되었으며, 사용된 모든 기계학습 알고리즘은 Weka tool에 의해 구현되었다. 심혈관 질환의 진단에 대한 다양한 종류의 기계학습에 대한 성능평가 결과를 표 2에 나타내었다.

실험결과 제안하는 알고리즘은 SVM을 제외한 다른 기계학습보다 심혈관 질환 진단에 좋은 결과를 나타내는 것을 알 수 있다. 그러나 제안하는 알고리즘은 매우 간단한 구조와 처리질차를 갖기 때문에 하드웨어로 설계가 효율적이다. 본 논문에서 사용한 하드웨어 디바이스는 Xilinx FPGA Vertex4 xc4vix200이고 하드웨어 시뮬레이션을 위하여 Modelsim SE 6.3c를 사용하였다. 그림 4는 P_h 는 0.9, m 은 100, u 는 107 일 때, 테스트 패턴의 최종 매칭 결과로 분류된 클래스와 각 클래스의 누적 매칭 개수를 보여준다. 입력된 테스트 패턴에 대하여 세 번째 클래스의 카운터에 누적된 수가 가장 많으므로 분류된 클래스의 결과로 '10'을 출력하는 것을 보여준다.

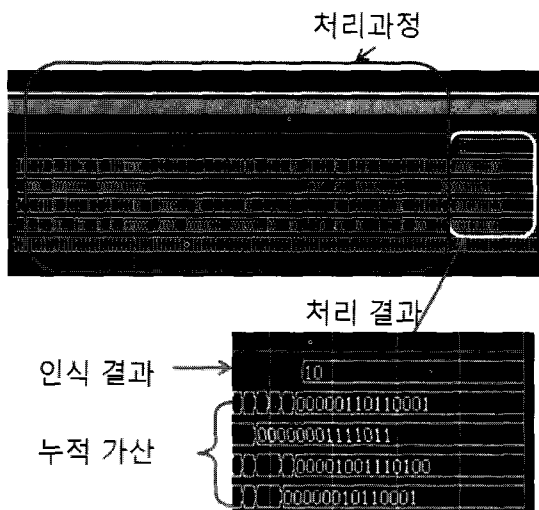


그림 4 하드웨어에 의한 패턴분류 시뮬레이션 결과
Fig. 4 Simulation result of CVD diagnosis using proposed hardware

하나의 패턴을 비교하기 위하여 100번의 난수 set을 발생시키며 반복적으로 비교하여 결과를 얻는데 까지 100MHz로 동작 시 $5.0\mu s$ 가 소요된다. 모든 테스트 패턴을 이용하여 그림 3의 하드웨어로 측정된 결과는 그림 5에 나타내었다.

그림 4로부터 하드웨어 진단 결과가 컴퓨터 시뮬레이션 결과와 근접한 결과가 나오는 것을 확인하였으며, 심근경색(MI)단계를 제외한 진행단계의 진단 정확도는 모두 87%이상으로 좋은 결과를 보인다. 심근경색 패턴은 다른 진행단

계의 패턴과 유사하여 진단 결과가 떨어지는데, 이는 패턴 분석 이전의 패턴의 획득 또는 전처리 과정에서 발생한 원인으로 부터 나타난 결과로 추정된다.

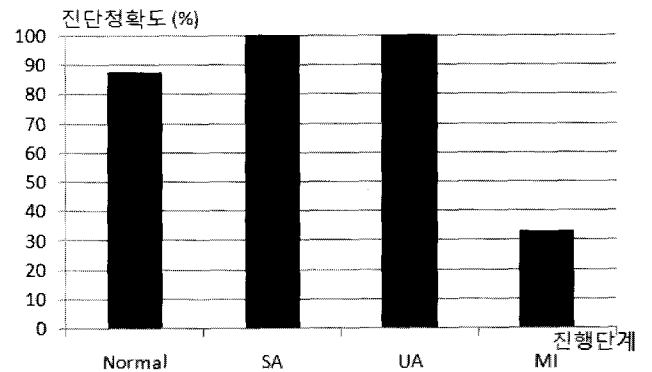


그림 5 하드웨어 상에서의 심혈관 질환 진단 결과 정확도
Fig. 5 Classification accuracy for CVD using proposed hardware

7. 결론

테스트 패턴을 레퍼런스 패턴과 비교하여 가장 근접한 클래스로 분류하기 위하여, 본 논문에서는 온도 변화에 따라 결합의 허용자유도가 달라지는 DNA의 상보결합 특성을 모방하여 주어진 심혈관 질환 패턴의 데이터 중 10%만을 임의로 선택하여 패턴을 분류하더라도 반복비교 함으로써 신뢰성 높은 진단 결과를 나타내는 것을 보여준다. 제안하는 하드웨어는 비교하는 모듈을 병렬로 구현하여 동시에 모든 레퍼런스 패턴의 비교가 이루어질 수 있도록 설계하여 $5.0\mu s$ 에 결과를 산출한다. 패턴에 포함되어있는 모든 데이터를 비교하는 것이 아닌 레퍼런스 패턴과 테스트 패턴 중 r_{ij} 과 P_h 의해 임의로 선택된 데이터만을 비교하므로 데이터의 유사도가 증가 또는 감소함에 따라, 또는 데이터가 노이즈에 의해 훼손된 정도에 따라 P_h 값을 조절하여 패턴분류의 정확도를 높일 수 있다. 따라서 데이터의 유의성과 입력되는 새로운 패턴의 경향에 의해 제안하는 하드웨어가 상황에 맞게 적용할 수 있는 노이즈에 강건한 적응형 시스템으로 발전될 수 있을 것으로 기대된다.

감사의 글

본 연구는 인하대학교의 연구 지원에 의하여 이루어진 연구임.

참고 문헌

[1] Tsaftaris S. A., Katsaggelos A. K., Pappas T. N., Papoutsakis E. T., "DNA-Based Matching of Digital Signals", *Acoustics, Speech, and Signal Processing*, vol. 5, pp. V-581-584, 2004.

- [2] L. Adleman, "Molecular computation of solutions to combinatorial problems", *Science*, vol. 266, no. 5187, pp. 1021-1024, 1994.
- [3] L. Adleman, "Computing with DNA", *Sci. Amer.*, vol. 279, no. 2, pp. 54-62, 1998.
- [4] Watada J., Kojima S., Ueda S., Ono O., "DNA Computing Approach to Optimal Decision Problems", *International Journal of Innovative Computing Information and Control*, vol. 2, no. 1, pp. 273-282, 2006.
- [5] Liwen. D. I., "DNA computing", *Computing in Science & Engineering*, vol. 4, no. 3, pp. 5-8, 2002.
- [6] S. Surzycki., *Basic Techniques in Molecular Biology*, Springer Lab Manual, Germany, 2000.
- [7] Jayasena, S.D., "Aptamers: an emerging class of molecules that rival antibodies in diagnostics", *Clinical Chemistry*, 45(9), pp. 1628-1650, 1999.
- [8] 엄재홍, 김병희, 이재근, 허민오, 박영진, 김민혁, 김성천, 장병탁, "AptaCDSS - aptamer칩을 이용한 심혈관 질환 질환단계 예측 및 진단의사결정지원 시스템", *한국정보과학회 가을 학술발표논문집*, vol. 33, no. 2, pp. 28-32, 2006.
- [9] 신세현, "심혈관 질환 조기진단을 위한 미세유체역학 광학기술의 융합", *Optical Society of Korea Annual Meeting 2005*, pp. 24-25, 2005.
- [10] WHO Programmer and projects, "Cardiovascular diseases", <http://www.who.int/cardiovascular-diseases/en/?s=0009>
- [11] WHO Fact sheet N.317, <http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs317/en/index.html>
- [12] University of Waikato New Zealand, "Waikato Environment for Knowledge Analysis (Weka)", <http://www.cs.waikato.ac.nz/ml/weka/index.html>
- [13] J. - W. Ha, J. - H. Eom, S. - C. Kim, and B. - T. Zhang, "Evolutionary hypernetwork models for aptamer-based cardiovascular disease diagnosis", *The Genetic and Evolutionary Computation Conference*, Vol. 4, 2007.
- [14] D. E. Knuth, *The Art of Computer Programming*, Addison-Wesley Publishing Company, 1982, vol. 2.

저 자 소 개



권오혁 (權五奭)

1980년 12월 8일생. 2006년 인하대 전자공학과 졸업. 2006년~현재 동 대학원 정보통신공학과 석사과정

Tel : 032-860-7396

E-mail : iips_agent@inhaian.net



김주경 (金主經)

1980년 1월 6일생. 2005년 서강대 컴퓨터학과 졸업. 2006년~현재 서울대 대학원 컴퓨터공학부 석사과정

Tel : 02-880-1835

E-mail : jkkim@bi.snu.ac.kr



하정우 (河丁友)

1977년 10월 19일생. 2004년 서울대 컴퓨터공학부 졸업. 2006년~현재 서울대 대학원 컴퓨터공학부 통합과정

Tel : 02-880-1847

E-mail : jwha@bi.snu.ac.kr



박재현 (朴宰賢)

1963년 10월 8일생. 1982년 서울대학교 제어계측과 졸업. 1994년 동 대학원 제어계측공학과 졸업(공학). 1995년 - 현재 인하대학교 정보통신공학과 교수. 연구분야: 임베디드 시스템, 실시간시스템, 컴퓨터네트워크

Tel : 032-860-7719

E-mail : jhyun@inha.ac.kr



정 덕 진 (鄭 德 鎭)

1948년 2월 8일생. 1970년 서울대 전자공학과 졸업. 1984년 미국 Utah State Univ. 졸업(공학). 1988년 미국 동대학원 졸업(공학박).

◆ 경력

- 1978년 - 1980년
오토론(주) 과장
- 1980년 - 1989년
한국 전자통신연구원 책임연구원
- 1994년 - 1995년
Texas A&M University 연구교환교수
- 1989년 - 현재
인하대 정보통신공학과 교수

Tel : 032-874-1663

E-mail : djchung@inha.ac.kr



이 종 호 (李 鍾 浩)

1953년 4월 14일생. 1976년 서울대 전기공학과 졸업. 1978년 동 대학원 전기공학과 졸업(공학석). 1986년 미국 아이오와 주립대 전기 및 컴퓨터 공학과 졸업(공학박).

◆ 경력

- 1979년 - 1982년
해군사관학교 전임강사
- 1980년 - 1982년
국방과학연구소 위촉연구원
- 1986년 - 1989년
미국 노틀담대학교 조교수
- 1997년 - 1998년
인하대 집적회로설계센터소장
- 2004년 - 2005년
브라운 대학교 두뇌 및 신경망 연구소 방문교수
- 1989년 - 현재
인하대 정보통신공학부 교수
- 2000년 - 현재
수퍼지능기술연구소 소장

Tel : 032-860-7396

E-mail : chlee@inha.ac.kr