

논문 2012-49CI-1-3

혈소판 라만 스펙트럼의 효율적인 분석을 위한 기준선 보정 방법

(A Baseline Correction for Effective Analysis of Alzheimer's Disease
based on Raman Spectra from Platelet)

박 아 론*, 백 성 준**

(Aaron Park and Sung-June Baek)

요 약

본 논문에서는 알츠하이머병이 유도된 형질전환 마우스로부터 획득한 혈소판 라만 스펙트럼의 분석을 위해 가우시안 모델을 이용한 커브 피팅으로 기준선을 추정하고 보정하는 방법을 제안하였다. 측정된 라만 스펙트럼은 의미 있는 정보와 불필요한 노이즈 성분인 기준선과 가산 노이즈를 포함하고 있다. 스펙트럼의 효율적인 분석을 위해 노이즈를 포함하고 있는 스펙트럼을 몇 개의 피크를 포함하는 영역으로 분할하고 각 로컬 영역의 스펙트럼을 가우시안 모델을 이용한 커브 피팅으로 모델링한다. 가산 노이즈는 원 스펙트럼을 이 모델로 대체하는 과정에서 명백하게 제거된다. 피팅된 모델의 로컬 최저점을 linear, piecewise cubic Hermite, cubic spline 알고리즘으로 보간하고 기준선을 보정한다. 기준선을 보정한 피팅 모델은 PCA(principal component analysis) 방법을 이용하여 특징을 추출하고 SVM(support vector machine)과 MAP(maximum *a posteriori* probability) 분류 방법으로 성능 비교 실험을 하였다. 실험 결과에 따르면 linear 보간법이 모든 주성분 수에 대한 분류율의 평균에서 우세하였고 특히 piecewise cubic Hermite 보간법은 주성분의 수가 5개인 경우에서 SVM 분류율이 약 97.3%로 가장 좋은 성능을 보였다. 또한 이전의 연구 결과와 비교를 통해 제안한 기준선 보정 방법이 혈소판 라만 스펙트럼의 분석에 효과적으로 적용될 수 있음을 확인하였다.

Abstract

In this paper, we proposed a method of baseline correction for analysis of Raman spectra of platelets from Alzheimer's disease (AD) transgenic mice. Measured Raman spectra include the meaningful information and unnecessary noise which is composed of baseline and additive noise. The Raman spectrum is divided into the local region including several peaks and the spectrum of the region is modeled by curve fitting using Gaussian model. The additive noise is clearly removed from the process of replacing the original spectrum with the fitted model. The baseline correction after interpolating the local minima of the fitted model with linear, piecewise cubic Hermite and cubic spline algorithm. The baseline corrected models extract the feature with principal component analysis (PCA). The classification result of support vector machine (SVM) and maximum *a posteriori* probability (MAP) using linear interpolation method showed the good performance about overall number of principal components, especially SVM gave the best performance which is about 97.3% true classification average rate in case of piecewise cubic Hermite algorithm and 5 principal components. In addition, it confirmed that the proposed baseline correction method compared with the previous research result could be effectively applied in the analysis of the Raman spectra of platelet.

Keywords: baseline correction, denoising, smoothing, curve fitting, Raman spectroscopy

* 학생회원, ** 평생회원-교신저자, 전남대학교 전자컴퓨터공학부

(The School of Electronic and Computer Engineering, Chonnam National University)

※ 본 연구는 2011년도 정부(교육과학기술부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 기초연구사업임.
(No. 2011-0009213)

접수일자: 2011년8월31일, 수정완료일: 2012년1월2일

I. 서 론

물질의 속성에 대한 물리와 화학적 분석에 FTIR (Fourier transform infrared), 라만(Raman), 질량 분광 분석(mass spectrometry analysis), 핵자기공명(nuclear magnetic resonance)과 같은 분광 기술을 이용한 시도가 증가하는 추세이다. 분광법에서 다양한 원인에 의한 노이즈를 포함하고 있는 스펙트럼은 관심 있는 피크 위치에 화학 분석을 어렵게 하는 문제가 발생한다. 일반적으로 노이즈는 스펙트럼의 주요 부분을 왜곡시키고 심지어 상대적으로 약한 부분은 완전히 장악하는 경우도 있다. 스펙트럼에서 노이즈의 제거는 곧 신뢰성이 있는 특징 추출과 판별 시스템의 성능을 좌우하므로 매우 신중하고 중요하게 다루어져야 한다.

분광기로부터 획득한 라만 스펙트럼은 의미 있는 정보와 불필요한 노이즈 성분인 기준선(baseline) 또는 배경(background)과 가산 노이즈(additive noise)를 포함하고 있다. 따라서 라만 스펙트럼에서 노이즈를 제거하기 위해서는 두 단계의 전략이 필요하다. 라만 스펙트럼의 기준선과 노이즈 제거에 wavelet transform(WT)을 이용한 연구 결과가 있다. 이 연구는 wavelet 계수에 1차원 분산 적응과 블록 thresholding 방법을 이용하여 기준선과 노이즈를 제거하였다^[1]. 또한 WT의 필터링 용량에 의존하여 기준선을 보정한 방법이 발표되었다^[2]. 그러나 이 방법은 피크 보정 단계에서 인위적인 개입이 필요하며 구현하기 복잡한 단점이 있다. 2차 도함수의 로컬 크기를 이용하여 피크와 기준선을 구분하는 연구가 최근 발표되었다^[3]. 이 방법은 라만 스펙트럼보다 FTIR과 핵자기공명의 스펙트럼에서 더 효과적인 것으로 알려졌다.

실험에 사용한 혈소판 라만 스펙트럼의 기준선은 복잡하고 급격한 형태를 가지고 있다. 기준선 보정과 노이즈의 제거 방법에 따른 분류 시스템의 민감도를 고려하면 linear programming 방법을 이용한 이전의 연구^[4]와 다른 새로운 방법이 필요하다. 본 연구에서는 가우시안 모델(Gaussian model)을 이용한 커브 피팅(curve fitting)으로 마이크로 라만 스펙트럼에서 노이즈를 제거하고 기준선을 보정하는 방법을 제안하였다. 가우시안 커브 피팅으로 모델링하여 원 스펙트럼(original spectrum)을 대체할 수 있다면 노이즈를 제거하는 효과와 동시에 기준선을 보정할 수 있는 로컬 최저점(local minima)을 얻을 수 있게 된다. 이 최저점을 보간

(interpolation)하면 기준선을 추정하고 보정할 수 있다. 제안한 방법의 효율성을 입증하기 위해 기준선을 보정한 피팅 모델에서 PCA(principal component analysis)를 이용하여 특징을 추출하고 SVM(support vector machine)과 MAP(maximum *a posteriori* probability) 분류 방법으로 linear programming 방법을 이용하여 기준선을 보정한 경우와 성능을 비교하고 분석하였다. 또한 보간법 알고리즘에 따른 다양한 주성분 수에 대한 성능도 평가하였다.

II. 실험 샘플과 전처리

1. 혈소판 라만 스펙트럼

알츠하이머병(Alzheimer's disease: AD) 모델은 인간의 아밀로이드 전구 단백질 695(HuApp695; K670N/M671L)의 Swedish 돌연변이를 이식하여 증상을 발현한 tg2576 형질전환 마우스이다^[5]. NOR(normal) 모델은 AD가 유도된 마우스와 같은 어미에서 태어난 transgene-negative인 마우스이다. 두 그룹에서 채취한 혈액 샘플은 15분 동안 원심 분리하여 혈소판 농축 혈장(platelet-rich plasma)을 얻어 라만 측정을 하였다. 라만 스펙트럼 측정에는 Horiba Jobin Yvon Raman microspectrometer (system HR800, Horiba Jobin Yvon, Villeneuve d'Ascq, France)를 사용하였다. AD와 NOR 모델 그룹은 각 열 마리와 여덟 마리고 모두 열여덟 마리의 마우스에서 얻은 혈소판으로부터 측정된 스펙트럼은 각각 143, 135개로 모두 278개이고 스펙트럼의 범위는 600-1700 cm^{-1} 이다.

2. 가우시안 커브 피팅

혈소판에서 측정된 라만 스펙트럼은 분석에 의미 있는 정보를 가지고 있는 스펙트럼에 비해 저주파 성분인 기준선과 고주파 성분인 가산 노이즈를 포함하고 있다. 그림 1에 기준선과 노이즈를 포함한 혈소판 라만 스펙트럼의 한 예를 나타내었다.

대부분의 경우에 선 모양 기반의 스펙트럼은 가우시안 함수를 이용하여 모델링할 수 있다^[6]. x 가 스펙트럼이고, 크기를 a , 위치를 b , 폭을 c 라고 하면 커브 피팅에 사용할 가우시안 모델은 다음과 같다.

$$y = \sum_{i=1}^n a_i \exp \left[- \left(\frac{x - b_i}{c_i} \right)^2 \right] \quad (1)$$

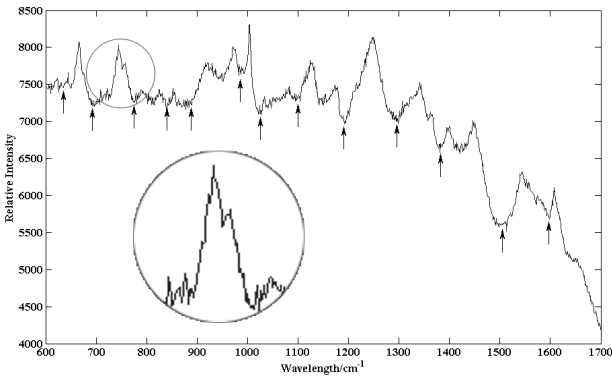


그림 1. 혈소판 라만 스펙트럼의 한 예

Fig. 1. Example of original Raman spectrum of platelet.

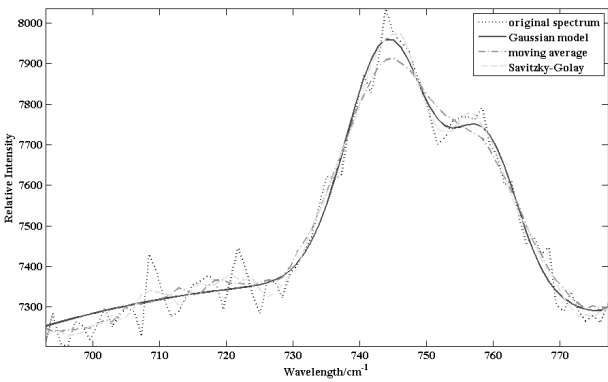


그림 2. 로컬 영역에서 가우시안 커브 피팅과 다른 smoothing 방법의 결과 비교

Fig. 2. Comparison of Gaussian curve fitting and other smoothing methods in the local region.

이 때 n 은 가우시안 모델의 개수이다. 원 스펙트럼에 가우시안 모델이 최대 근사하도록 스펙트럼의 전체 영역을 나누어 로컬 영역에 가우시안 모델을 적용하였다. 그림 1에서 화살표로 표시된 구간은 몇 개의 피크를 포함하고 있으며 각 로컬 영역은 필요한 가우시안 모델이 최소 1개에서 3개가 되는 기준으로 나누었다. 이 로컬 영역의 스펙트럼을 가우시안 모델을 이용한 커브 피팅으로 모델링한다.

피팅 모델이 원 스펙트럼에 수렴하도록 root mean square error를 이용한 판정 기준(criterion)의 조건에 만족할 때까지 반복 수행하며 모델의 개수를 증가시킨다. 가우시안 모델의 개수를 결정하는 판정 기준 θ 은 다음과 같다.

$$\theta = \frac{1}{m} \sqrt{\frac{1}{m-1} \sum_{i=1}^m (x'_i - x_i)^2} \quad (2)$$

이 때 m 은 로컬 영역의 길이, x'_i 은 가우시안 모델이

고 x_i 는 원 스펙트럼이다. 본 실험에서 사용한 판정 기준 θ 은 0.75이고 각 로컬 영역에서 사용한 가우시안 모델의 개수는 $1 \leq n \leq 8$ 이다. 그림 2에 혈소판 라만 스펙트럼의 로컬 영역에 가우시안 모델을 이용한 커브 피팅으로 모델링한 경우와 일반적으로 노이즈 제거에 사용하는 Savitzky-Golay와 이동 평균(moving average) 필터를 사용한 경우를 나타내었다. 이 경우 결정된 가우시안 모델의 개수는 6이며 Savitzky-Golay와 이동 평균 필터의 계수는 9이다. 그림에서 가우시안 모델은 미세한 변동에 완만하게 피팅되면서 피크에 적절하게 모델링되었다. 가산 노이즈는 원 스펙트럼을 이 모델로 대체하는 과정에서 명백하게 제거된다.

3. 기준선 보정

피팅된 모델에서 로컬 영역의 최저점은 부근의 불필요한 최저점들이 무시되도록 최소 거리를 설정하여 간단하게 선택할 수 있다. 선택된 최저점은 linear, piecewise cubic Hermite, cubic spline 알고리즘^[7]으로 보간하여 기준선을 추정하고 보정하는 데 이용된다. Linear 알고리즘은 알려진 두 개의 지점을 직선으로 연결하는 방법이다. k 번째 보간 구간 $x_k \leq x \leq x_{k+1}$ 에서 기울기는 $\delta_k = (y_{k+1} - y_k)/(x_{k+1} - x_k)$ 이고 y_k 를 피팅 모델의 relative intensity라고 하면 두 점을 연결하는 직선은 다음과 같다.

$$L(x) = y_k + (x - x_k)\delta_k \quad (3)$$

piecewise cubic Hermite 알고리즘은 주어진 두 점의 일차 미분이 포함된 다항식을 이용하는 방법이다. h_k 를 k 번째 보간 구간의 길이, $h_k = x_{k+1} - x_k$, $s = x - x_k$ 이고 다항식 $P(x_k)$ 의 일차 미분을 d_k 라고 하면 제약 조건을 만족할 때 두 점을 연결하는 다항식은 다음과 같다.

$$P(x) = \frac{3h_k s^2}{h_k^3} y_{k+1} + \frac{h_k^3 - 3h_k s^2 + 2s^3}{h_k^3} y_k + \frac{s^2(s-h_k)}{h_k^2} d_{k+1} + \frac{s(s-h_k)^2}{h_k^2} d_k \quad (4)$$

cubic spline 알고리즘은 주어진 점의 이차 미분이 연속이고 제약조건을 만족할 때 다항식을 이용하여 주어진 점을 매끄럽게 연결하는 방법이다. k 번째 보간 구간

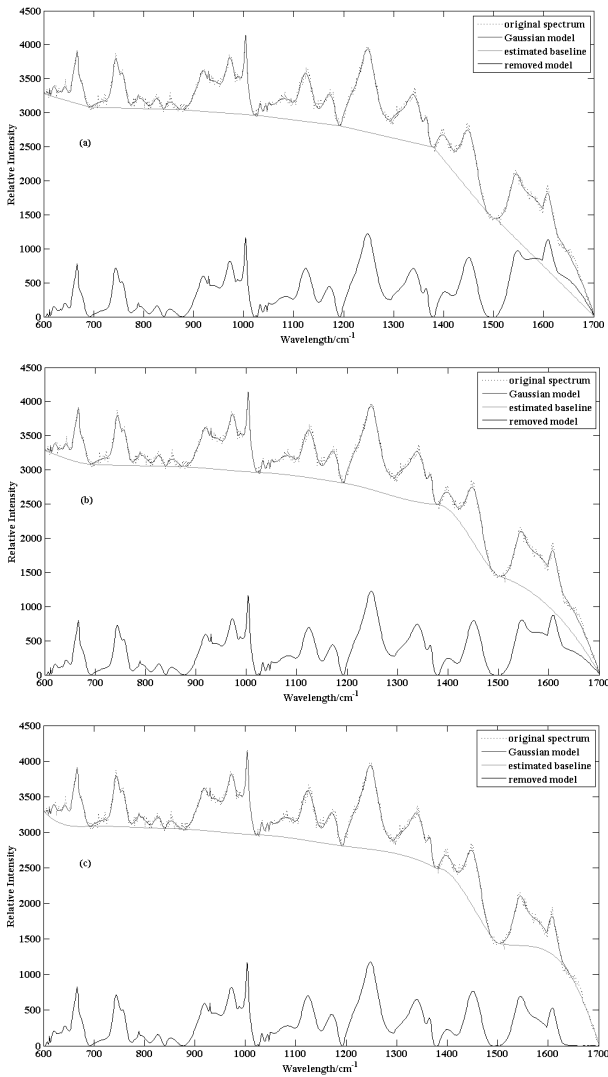


그림 3. (a) linear, (b) piecewise cubic Hermite, (c) cubic spline 보간법을 이용한 기준선 보정
 Fig. 3. The baseline correction using (a) linear, (b) piecewise cubic Hermite and (c) cubic spline interpolation.

에서 두 점을 연결하는 다항식은 다음과 같은 이차 미분에서 유도할 수 있다.

$$P'(x) = \frac{6h_k - 12s}{h_k^2} \delta_k + \frac{6s - 2h_k}{h_k^2} d_{k+1} + \frac{6s - 4h_k}{h_k^2} d_k \tag{5}$$

그림 3에 보간법 알고리즘에 따른 기준선 보정 과정을 나타내었다. 그림에서 모든 알고리즘은 의미 있는 피크들을 보존하면서 기준선을 추정하였다. 기준선의 경사가 완만한 영역에서는 알고리즘에 따른 차이를 보

이지 않지만 경사가 급격한 영역에서 뚜렷한 차이를 보이고 있으며 이 부분이 특징 추출에 영향을 주고 이로 인해 보간법 알고리즘에 따른 분류 성능의 차이를 나타낼 것으로 보인다.

기준선을 보정한 모델은 relative intensity의 범위를 [0 1]로 하는 *minmax* 방법을 이용하여 정규화한다. 모델의 relative intensity를 \mathbf{p} 라고 하면 *minmax* 정규화 방법은 다음과 같다.

$$\mathbf{g} = \frac{2(\mathbf{p} - \mathbf{p}_{\min})}{(\mathbf{p}_{\max} - \mathbf{p}_{\min})} - 1. \tag{6}$$

이 때 \mathbf{p}_{\max} 와 \mathbf{p}_{\min} 은 각각 기준선이 보정된 모델의 relative intensity의 최대와 최소이다.

III. 실험

1. 특징 추출

특징 추출은 입력 패턴으로부터 대상을 표현하는 공통적인 특징으로 변환하는 방법이다. PCA는 패턴 인식에서 유용한 통계적인 기법이고 고차원의 데이터에서 특징을 추출하는데 가장 많이 사용된다. 데이터에서 패턴을 식별하고 유사점과 차이점을 강조하는 방식으로 데이터를 표현하고 사영(projection)들이 서로 상관관계가 없다는 사실을 근거하여 그 직교성을 식별한다. 주 성분은 다음의 분산 행렬 \mathbf{S} 의 고유값(eigenvalue) 분해에 의해 얻는다^[8].

$$\mathbf{S} = \sum_k (\mathbf{g}_k - \boldsymbol{\mu})(\mathbf{g}_k - \boldsymbol{\mu})^T. \tag{7}$$

이 때 \mathbf{g}_k 는 입력 패턴이고 $\boldsymbol{\mu}$ 는 \mathbf{g}_k 의 평균이다. 고유값의 내림차순 대각행렬을 \mathbf{D} 라 하고 고유값에 대응하는 고유벡터를 행이 구성된 직교행렬을 \mathbf{E} 라고하면 주요 성분 \mathbf{z}_k 는 다음과 같다.

$$\mathbf{S} = \mathbf{E} \mathbf{D} \mathbf{E}^T, \tag{8}$$

$$\mathbf{z}_k = \mathbf{E}^T \mathbf{g}_k. \tag{9}$$

\mathbf{z}_k 의 첫 번째 좌표축부터 가장 중요한 성분이 위치하므로 필요한 만큼의 주성분을 순서대로 선택하는 것으로 특징 추출이 완료된다.

2. 분류 방법

SVM 방법은 비선형 분류 문제를 해결하는 강력한 방법이다. 주어진 클래스가 원래 입력 평면에서 선형으로 구분되지 않을 경우 SVM은 주어진 특징을 높은 차원 특징 평면으로 비선형 변환한다. 이 변환은 polynomial, sigmoid와 radial basis function (RBF)와 같은 비선형 사상으로 얻을 수 있다. 비선형 변환 후 최적적으로 구분되는 선형 초평면을 쉽게 찾을 수 있다. 결과적으로 초평면은 데이터에 대하여 가장 효과적인 마진을 가진 분류기가 될 수 있다^[9]. 본 실험에서는 다음과 같은 가우시안 RBF 커널을 사용하였다.

$$K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \exp\left(-\frac{\|\mathbf{x}_i - \mathbf{x}_j\|^2}{\sigma^2}\right). \quad (10)$$

여기에서 사용된 파라미터 σ^2 는 예비 실험의 결과에 의해 1로 설정하였다.

MAP 방법은 패턴의 사후확률 $P(\omega_i|\mathbf{x})$ 을 최대로 하는 클래스 ω_i 로 패턴을 분류한다. 사전확률을 같다고 가정하면 클래스 조건부 확률 밀도를 최대로 하는 클래스를 선택하는 것과 같다. 본 실험에서는 클래스의 조건부 확률을 다변수 가우시안 확률밀도함수 (multivariate Gaussian probability function)로 모델링을 하고 평균벡터 $\boldsymbol{\mu}$ 와 공분산 행렬 $\boldsymbol{\Sigma}$ 을 maximum likelihood 방법으로 추정하였다. n_i 를 클래스 ω_i 의 데이터 개수라고 하면 이 때 결정규칙은 다음과 같이 판별함수 $g_i(\mathbf{x})$ 로 표현된다^[10].

Decide ω_1 if $g_1(x) \geq g_2(x)$, where

$$g_i(\mathbf{x}) = -\frac{1}{2} \mathbf{x}^T \boldsymbol{\Sigma}_i^{-1} \mathbf{x} + \boldsymbol{\Sigma}_i^{-1} \boldsymbol{\mu}_i \mathbf{x} + r_i, \quad (11)$$

$$r_i = -\frac{1}{2} \boldsymbol{\mu}_i^T \boldsymbol{\Sigma}_i^{-1} \boldsymbol{\mu}_i - \frac{1}{2} \ln |\boldsymbol{\Sigma}_i^{-1}|, \quad (12)$$

3. 실험 결과

실험에서는 먼저 총 278개의 데이터를 훈련 그룹과 테스트 그룹으로 나누었다. 마우스 한 마리 분량의 데이터는 테스트 그룹으로 나머지 데이터는 훈련 그룹으로 나누었다. 분류가 끝나면 한 마리 분량의 데이터를 훈련 그룹에서 테스트 그룹으로 이동하고 다시 훈련 그룹과 테스트 그룹으로 나눈다. 이와 같은 방법으로 모든 데이터는 테스트 그룹으로 한 번 씩 사용될 수 있다

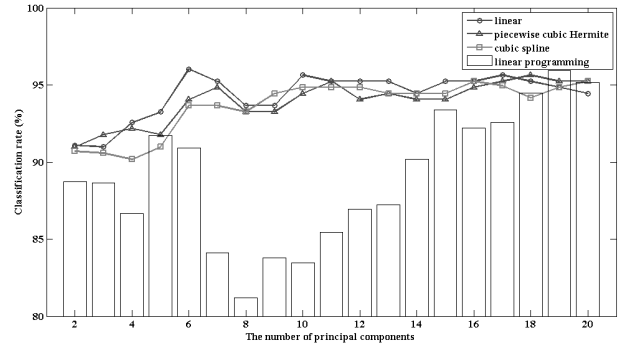


그림 4. 기준선 보정을 위한 보간법 알고리즘에 따른 주성분 수에 대한 MAP 분류 결과

Fig. 4. MAP classification results of the number of principal components and interpolation algorithm for baseline correction.

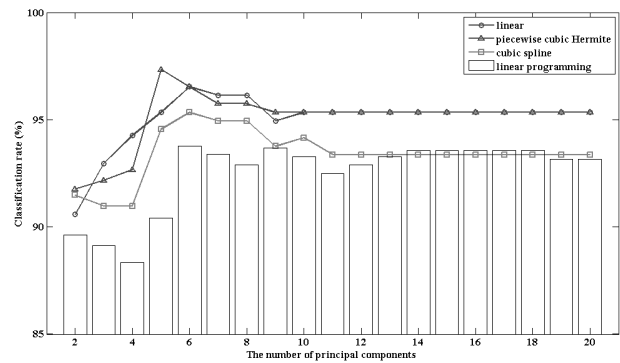


그림 5. 기준선 보정을 위한 보간법 알고리즘에 따른 주성분 수에 대한 SVM 분류 결과

Fig. 5. SVM classification results of the number of principal components and interpolation algorithm for baseline correction.

록 leave-one-out 방법으로 실험하였다. 실험에서 사용된 훈련 그룹과 테스트 그룹의 평균 개수는 각각 263개와 15개이다.

그림 4와 그림 5에 기준선 보정을 위한 보간법 알고리즘에 따른 주성분 수에 대한 MAP과 SVM 분류 결과를 나타내었다. 또한 제안한 방법의 효율성을 확인하기 위해 이전의 연구^[4]에서 기준선을 보정하기 위해 적용한 linear programming 방법의 분류 결과를 나타내었다. MAP과 SVM 분류에서 거의 대부분의 경우 제안한 방법이 보간법 알고리즘의 구분 없이 linear programming 방법을 기준선 제거에 적용한 경우보다 분류 성능이 우수한 것을 확인할 수 있다. 실험 결과에 따르면 linear 보간법이 모든 주성분 수에 대한 MAP과 SVM 분류율의 평균이 약 93.0%와 93.8%로 다른 알고리즘보다 성능이 우수하였고 특히 piecewise cubic Hermite 보간법은 주성분의 수가 5개인 경우에서 SVM

분류율이 약 97.3%로 가장 좋은 성능을 보였다. 이 결과로부터 제안한 방법이 의미 있는 피크를 보존하면서 효율적으로 가산 노이즈를 제거하고 기준선을 보정하여 혈소판 라만 스펙트럼에 효과적으로 사용될 수 있음을 확인하였다.

IV. 결 론

본 논문에서는 알츠하이머병이 유도된 형질전환 마우스로부터 추출한 혈소판 라만 스펙트럼의 분석을 위해 가우시안 모델을 이용한 커브 피팅으로 기준선을 추정하고 보정하는 방법을 제안하였다. 효율적인 스펙트럼 분석을 위해 노이즈를 포함하고 있는 스펙트럼을 몇 개의 피크를 포함하는 영역으로 분할하고 각 로컬 영역의 스펙트럼을 가우시안 모델을 이용한 커브 피팅으로 모델링한다. 가산 노이즈는 원 스펙트럼을 이 모델로 대체하는 과정에서 명백하게 제거된다. 피팅된 모델의 로컬 최저점을 linear, piecewise cubic Hermite, cubic spline 알고리즘으로 보간하고 기준선을 보정한다. 기준선을 보정한 피팅 모델은 PCA 방법을 이용하여 특징을 추출하고 SVM과 MAP 분류 방법으로 성능 비교 실험을 하였다. 실험 결과에 따르면 linear 보간법이 모든 주성분 수에 대한 MAP과 SVM 분류율의 평균이 약 93.0%와 93.8%로 다른 알고리즘보다 성능이 우수하였고 특히 piecewise cubic Hermite 보간법은 주성분의 수가 5개인 경우에서 SVM 분류율이 약 97.3%로 가장 좋은 성능을 보였다. 또한 이전의 연구 결과와 비교를 통해 제안한 기준선 보정 방법이 혈소판 라만 스펙트럼의 분석에 효과적으로 적용될 수 있음을 확인하였다.

참 고 문 헌

- [1] P. M. Ramos and I. Ruisánchez, "Noise and background removal in Raman spectra of ancient pigments using wavelet transform," *Journal of Raman Spectroscopy*, Vol. 36, Issue 9, pp. 848-856, Sep. 2005.
- [2] Y. Hu, T. Jiang, A. Shen, W. Li, X. Wang and J. Hu, "A background elimination method based on wavelet transform for Raman spectra," *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, Vol. 85, Issue 1, pp. 94-101, Jan. 2007.
- [3] C. Rowlands and S. Elliott, "Automated algorithm for baseline subtraction in spectra,"

Journal of Raman Spectroscopy, Vol. 42, Issue 3, pp. 363-369, March 2011.

- [4] S.-J. Baek, A. Park, A. Shen and J. Hu, "A background elimination method based on linear programming for Raman spectra," *Journal of Raman Spectroscopy*, DOI 10.1002/jrs.2957, May 2011.
- [5] P. Chen, Q. Tian, S.-J. Baek, X. Shang, A. Park, Z. Liu, X. Yao, J. Wang, X. Wang, Y. Cheng, J. Peng, A. Shen and J. Hu, "Laser Raman detection of platelet as a non-invasive approach for early and differential diagnosis of Alzheimer's disease," *Laser Physics Letters*, Vol. 8, No. 7, pp. 547-552, July 2011.
- [6] G. Casella and R. L. Berger, "Statistical Inference 2nd Edition," Duxbury Press, June 2001.
- [7] C. Moler, "Numerical Computing with MATLAB," Society for Industrial and Applied Mathematics, June 2004.
- [8] I. T. Joloffe, "Principal Component Analysis 2nd Edition," Springer, 2002.
- [9] V. Kecman, *Learning and Soft Computing*, The MIT Press, 2001.
- [10] R. O. Duda, P. E. Hart, and D. G. Stork, "Pattern Classification Second Edition," Jone Wiley & Son Inc., 2001.

— 저 자 소 개 —



박 아 론(학생회원)
 2006년 전남대학교 전자컴퓨터정
 보통신공학부 학사 졸업.
 2008년 전남대학교 전자공학과
 석사 졸업.
 2012년 전남대학교 전자컴퓨터
 공학과 박사 졸업.

<주관심분야 : 디지털 신호처리, 의료 통신 음성
 관련 신호처리, 패턴인식>



백 성 준(평생회원)-교신저자
 1989년 서울대학교 전자공학과
 학사 졸업.
 1992년 서울대학교 전자공학과
 석사 졸업.
 1999년 서울대학교 전자공학과
 박사 졸업.

<주관심분야 : 디지털 신호처리, 의료 통신 음성
 관련 신호처리>