

축사에서 딥러닝을 이용한 질병개체 파악방안

이용섭 · 김성환 · 류종열 · 반태원*

Fast Detection of Disease in Livestock based on Deep Learning

Woongsup Lee · Seong Hwan Kim · Jongyeol Ryu · Tae-Won Ban*

Department of Information and Communication Engineering, Gyeongsang National University, Tongyeong
53064, Korea

요 약

최근 사물 인터넷 기술의 활용을 통해 가축 및 축사 관련 빅데이터 축적이 가능해 졌다. 이러한 빅 데이터를 기반으로 다양한 기계학습방안들이 가축관리에 적용되어 축산농가의 생산성을 크게 향상시키고 있다. 본 연구에서는 현재 가장 주목받고 있는 기계학습 기술인 딥러닝을 적용한 질병개체 파악방안을 제안한다. 제안한 방안에서는 정상상태와 질병상태의 가축들이 섞여있는 환경에서 상태에 따라 다른 생체데이터 특성을 지닐 때 심층신경망을 이용하여 가축의 상태를 분류한다. 제안 방안은 가축 생체데이터의 통계적 특성을 모르는 상황에서도 학습을 통해서 가축의 상태를 정확하게 분류할 수 있다. 질병개체의 정확한 파악은 구제역과 같은 전염성 질병을 예방하는데 큰 도움이 될 수 있다.

ABSTRACT

Recently, the wide spread of IoT (Internet of Things) based technology enables the accumulation of big biometric data on livestock. The availability of big data allows the application of diverse machine learning based algorithm in the field of agriculture, which significantly enhances the productivity of farms. In this paper, we propose an abnormal livestock detection algorithm based on deep learning, which is the one of the most prominent machine learning algorithm. In our proposed scheme, the livestock are divided into two clusters which are normal and abnormal (disease) whose biometric data has different characteristics. Then a deep neural network is used to classify these two clusters based on the biometric data. By using our proposed scheme, the normal and abnormal livestock can be identified based on big biometric data, even though the detailed stochastic characteristics of biometric data are unknown, which is beneficial to prevent epidemic such as mouth-and-foot disease.

키워드 : 딥러닝, 이상개체파악, 축사, 생체정보

Key word : Deep Learning, Anomaly detection, Livestock, Biometric data

Received 02 February 2017, Revised 06 February 2017, Accepted 27 February 2017

* Corresponding Author Tae-Won Ban (E-mail: twban35@gnu.ac.kr, Tel:+82-55-772-9177)

Department of Information and Communication Engineering, Gyeongsang National University, Tongyeong 53064, Korea

Open Access <https://doi.org/10.6109/jkiice.2017.21.5.1009>

print ISSN: 2234-4772 online ISSN: 2288-4165

©This is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License(<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.
Copyright © The Korea Institute of Information and Communication Engineering.

I. 서 론

최근 사물인터넷기술(IoT, Internet of Thing)을 기반으로 한 센서 네트워크가 축산업 분야에 활발하게 적용되고 있다. 예를 들어, 양돈의 경우 많은 축산농가에서 그림 1에서 볼 수 있는 자동 사료급이기를 도입하여 각 개체의 급이량을 조절하고 사료섭취량의 변화를 통해서 문제가 발생한 개체를 파악하고 있다. 이러한 사물인터넷 기반 센서기술의 축산농가적용이 확대되면서 실시간 축사환경 및 가축생체 데이터의 대규모 수집이 가능해졌고 축사관련 빅데이터구축이 가능해졌다. 이렇게 구축된 빅데이터에 다양한 기계학습 분석기법들을 적용한 연구들이 진행되고 있다.



Fig. 1 Automatic feeder for pig farm.

현재 가축의 생산성과 축사의 환경요소간의 관계를 분석하는 연구에 기계학습방안이 많이 사용되고 있다. 특히 이전의 연구에서는 사물인터넷 센서기반 스마트 돈사에서 수집된 돼지의 생체 데이터와 축사의 환경데이터를 기반으로 기계학습의 의사결정트리기법을 적용하여 돈사환경데이터와 일당증체간의 연관성 모델을 개발하였다[1]. 또한 양돈관리 프로그램인 Pigplan에 수집된 데이터를 기반으로 모돈의 생산성을 예측하는 연구도 진행되었다[2]. 더불어 미국 위스콘신 대학 연구팀은 젖소의 생체데이터와 농장의 환경데이터를 기반으로 다양한 기계학습기법(Decision Tree, Random Forest, Naive Bayes Classification)을 적용하여 젖소의 생식능력에 영향을 미치는 환경요인들을 분석하였다[3,4]

최근 구제역 및 조류독감과 같은 전염성 질병이 축산농가 및 사회에 큰 피해를 미치면서 질병개체를 조기에

파악하는 연구도 관심을 받고 있다. 2010년 구제역으로 인한 피해는 3조원이 넘었고, 2016년 발생한 조류독감으로 인한 피해액도 1조원이 넘었으며 더 증가할 전망이다. 특히 이러한 전염성 질병은 축산농가에 경제적 손해를 가져올 뿐만 아니라 가축의 살처분을 통한 환경오염 및 동물복지에도 악영향을 미친다. 또한 가축의 질병상태를 조기에 파악하는 것은 유럽의 동물복지규정도 정의되어 있다. 따라서 기계학습을 이용하여 이러한 질병개체를 정확하게 파악하기 위한 연구들이 일부 진행되고 있다.

우선 조류의 움직임 데이터를 수집하고 베이지안(Bayesian) 및 회귀(Regression) 방안을 통해서 질병에 걸린 조류를 파악하는 연구가 진행되었다[5]. 또한 기존의 연구에서 기계학습의 Expectation Maximization(EM) 알고리즘을 이용하여 생체데이터 클러스터링을 통해 질병개체와 건강한 개체를 구분하는 방안도 제안되었다[6]. 돈방에 설치한 카메라를 통해 개체의 움직임을 모니터링 하여 개체의 건강을 파악하는 연구가 또한 진행되었다[7, 8].

최근 기계학습 분야에서 심층 신경망(Deep Neural Network)에 기반을 둔 딥러닝(Deep Learning) 연구가 큰 주목을 받고 있고[9], 가축생체데이터에 딥러닝을 적용한 연구가 일부 진행되고 있다. [10]의 연구에서는 CNN(Convolutional Neural Network)를 이용하여 소의 품종을 구분하는 연구를 진행하였다. 특히 소의 체온을 감지하기 위해서 CNN을 적용한 연구가 진행되었다[11].

현재 가축분야에서의 딥러닝 연구는 주로 영상처리 기술과 관련하여 진행되고 있고 이상개체파악과 관련한 연구는 많이 진행되지 않았다. 하지만 딥러닝을 적용한 방안의 경우 데이터에 대한 사전지식 없이 학습을 통해서 적응적으로 최적의 결과를 도출할 수 있다. 따라서 수집되는 가축의 생체데이터 특성을 알지 못해도 학습을 통해서 최적의 질병개체파악방안을 도출할 수 있다. 따라서 본 연구에서는 가축의 생체데이터를 딥러닝을 이용하여 학습하여 이상이 발생한 개체를 파악하는 방안을 제안한다.

본 논문의 2장은 연구에서 고려한 시스템 환경에 대해서 설명하고 3장에서는 딥러닝 기반 질병개체파악 방안에 대해서 설명한다. 이후 4장에서는 다양한 환경에서 제안된 질병개체파악 방안의 성능분석결과를 알아

본다. 마지막으로 5장에서는 논문을 마무리 한다.

II. 시스템 환경

스마트 측사에서는 사물인터넷 기반 센서 네트워크를 이용하여 많은 양의 생체데이터(심부채온, 운동량, 급이량등)가 수집된다[1]. 본 연구에서는 이러한 스마트 측사를 이용하여 가축의 실시간 생체 데이터가 수집되는 환경을 고려하였다. 또한 다양한 생체 데이터(심부채온, 운동량, 체중)가 수집될 수 있고 생체 데이터 간 연관성 (Correlation) 이 존재할 수 있다고 가정하였다 [6].

센서 네트워크를 통해서 수집되는 다양한 생체 데이터는 각기 다른 통계적 특성을 가질 수 있다. 본 연구에서는 정상개체와 질병개체의 생체 데이터가 각기 다른 통계적 특성을 지닌다고 가정하였다. 예를 들어서 개체의 움직임 데이터를 사용한다고 할 때 구제역에 걸린 개체는 정상개체에 비해서 적은 움직임을 보일 것이다. 또한 조류독감에 걸린 개체는 사료섭취량이 적고 체온이 정상개체에 비해서 높을 것이다.

생체 데이터가 가우시안 분포를 지닌다고 가정한 [6]의 연구와 달리 본 연구에서는 생체데이터가 임의의 통계적 특성을 지닌다고 가정하였다. 다만 데이터를 통해서 각 생체데이터의 평균값과 분산값을 추정할 수 있다고 가정하였다. 따라서 [6]의 제안방안과 달리 본 연구에서 제안한 방안은 생체데이터가 어떠한 확률분포를 따른다고 하더라도 잘 동작한다.

마지막으로 수집된 데이터는 이 데이터가 정상개체에서 수집되었는지 질병개체에서 수집되었는지 나타내는 라벨을 가지고 있다고 가정하였다. 본 연구에서는 라벨이 붙여진 데이터를 이용하여 딥러닝 구조를 학습시켰다. 즉 지도학습방식(supervised learning)을 이용한 분류문제(classification)를 고려하였다.

III. 제안방안

본 연구에서는 심층신경망에 기반을 둔 딥러닝을 이용하여 정상개체와 질병개체를 분류하였다. 딥러닝은 인공신경망 모델로 기존의 ANN (Artificial Neural

Network)이 발전된 형태이다. 딥러닝은 기존 기계학습의 SVM(support vector machine), decision tree와 같이 수학을 기반으로 구체적인 학습 모델을 만든 것이 아니라 인간의 신경망을 모사한 심층신경망구조를 구현하고 많은 양의 데이터를 입력하면서 back propagation을 통해서 심층신경망의 가중치(weight)를 조절한다. 딥러닝의 경우 기존의 다른 기계학습과 달리 수학적 분석이 매우 어렵지만 손쉽게 고성능을 보이는 알고리즘을 개발할 수 있다. 특히 각 환경에 대해서 사전지식이 없이 심층신경망구조가 알아서 데이터의 최적 특징(feature)를 검출할 수 있으므로 비슷한 구조를 다양한 다른 작업에 활용할 수 있다. 딥러닝의 사용을 통해서 기존의 패턴인식 및 컴퓨터 비전 관련 기술의 성능을 비약적으로 향상시킬 수 있었고 현재 거의 많은 수의 연구에서 딥러닝이 활용되고 있다.

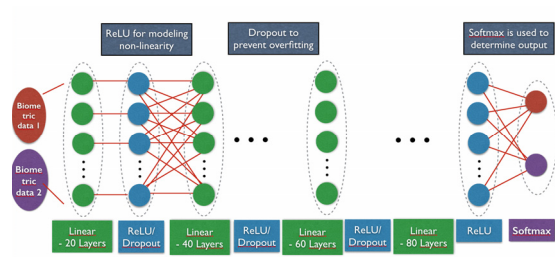


Fig. 2 Deep learning model.

본 연구에서 고려한 딥러닝 구조는 그림 2에 나와 있다. 본 연구에서 고려한 방안에서는 정상개체와 질병개체의 생체데이터를 구분하는 기준을 스스로 학습하게 된다. 우선 스마트 측사에서 수집된 데이터는 아래의 수식을 이용하여 평균이 0이고 표준편차가 1인 랜덤변수로 정규화(normalize) 시킨다.

$$X_N = \frac{X_{NN} - \mu_{NN}}{\sigma_{NN}} \quad (1)$$

정규화된 생체데이터는 딥러닝구조에 입력된다. 딥러닝 구조는 그림 2에서 볼 수 있듯이 Linear - ReLU - Drop out으로 구성되어 있는 4층의 유닛을 통과하고 마지막으로 Softmax operation을 통해서 최종 결과를 도출한다. 층이 높아질수록 레이어수를 20개씩 증가시켰고 최종적으로 2개의 레이어로 수렴하게 구현하였다.

우선 Linear 유닛에서는 아래의 수식을 이용하여 출력을 계산한다. 여기서 W_L, B_L 은 각각 유닛의 가중치와 바이어스를 의미하고 X_L, Y_L 은 각각 입력과 출력 값을 의미한다.

$$Y_L = W_L X_L + B_L \quad (2)$$

다음으로 ReLU는 아래의 수식을 이용하여 출력을 계산한다. X_R, Y_R 은 각각 입력과 출력 값을 의미한다. 즉 ReLU는 양수인 값을 그대로 출력하고 음수인 값은 0으로 출력한다. 이를 통해서 딥러닝 구조에 비선형적 특성을 줄 수 있다.

$$Y_R = [X_R]^+ \quad (2)$$

Drop out은 딥러닝에서의 과적합(overfitting)을 줄여 주는 역할을 한다. 학습 중에 임의로 가중치 연결을 제거하여 특정 특징에 과적합이 되는 것을 막는다.

마지막으로 Softmax 계층을 이용하여 최종 값을 도출하였다. Softmax에서는 다음과 같은 수식을 이용한다. 여기서 W_i 는 가중치를 의미하고 X_s, Y_s 은 각각 입력과 출력 값을 의미한다. 본 구조에서는 개체가 정상인지 정상이 아닌지만 판단을 하므로 2가지 경우만 고려한다. 즉 아래의 수식에 대해서 정상인 경우 ($i=1$)와 질병개체인 경우 ($i=2$)인 경우에 값을 구하고 더 큰 값으로 결론을 내린다.

$$Y_s = \frac{e^{W_i X_s}}{\sum_{i=1}^2 e^{W_i X_s}} \quad (3)$$

IV. 결과분석

본 장에서는 제안한 질병개체 파악방안의 성능을 분석하였다. 딥러닝 구조는 구글에서 개발한 Tensorflow를 이용하여 구현하였고¹⁾ 0.00001의 learning rate를 사용하였다. 또한 Adam optimizer를 이용하여 빠르게 수렴될 수 있게 하였고 10000번 트레이닝을 시키고 결과를 도출하였다. 빠른 학습을 위해서 CUDA를 이용하여

병렬분산으로 학습을 진행하였다. 생체데이터는 파이썬의 numpy를 이용하여 랜덤하게 생성하였다. 본 결과 분석에서는 2개의 생체데이터를 사용한다고 가정하였다. 또한 생성된 생체데이터 중 90%는 학습에 사용되고 나머지 10%만 테스트에 사용하였다. 또한 dropout의 경우 학습 시에는 30%의 가중치를 제거하였다.

우선 각 생체데이터가 가우시안 분포를 따를 경우 [12]의 성능분석을 진행하였다. (μ_{n1}, μ_{n2}), (μ_{d1}, μ_{d2})를 각각 정상상태와 질병상태의 생체정보 평균값이라고 하였고 (σ_{n1}, σ_{n2}), (σ_{d1}, σ_{d2})를 각각 정상상태와 질병상태의 생체정보 분산 값이라고 하였다.

그림 3에서는 ($\mu_{n1}=1, \mu_{n2}=1$), ($\mu_{d1}=-1, \mu_{d2}=-2$), ($\sigma_{n1}=1, \sigma_{n2}=1$), ($\sigma_{d1}=2, \sigma_{d2}=2$)인 환경에서의 분류결과를 보여준다. 여기서 정상개체와 질병개체의 수가 각각 100이라 가정하였다. 학습 데이터셋에 대한 정확도는 97%가 측정되었고 테스트 데이터셋에 대한 정확도는 90%로 측정되었다. 학습데이터의 정확도가 더 높게 나온 것은 일부 과적합이 발생하였기 때문이다. 아래 결과에서 확인할 수 있듯이 정상개체와 질병개체의 생체데이터가 비슷하게 섞여있는 경우에도 90%이상의 높은 정확도로 정상개체와 질병개체를 분류할 수 있음을 확인할 수 있다.

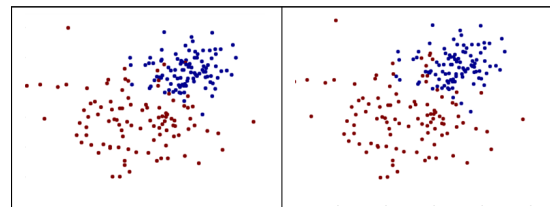


Fig. 3 Visualization of actual and predicted results when ($\mu_{n1}=1, \mu_{n2}=1$), ($\mu_{d1}=-1, \mu_{d2}=-2$) and ($\sigma_{n1}=1, \sigma_{n2}=1$), ($\sigma_{d1}=2, \sigma_{d2}=2$)(left: actual, right: prediction, red: disease, blue: normal).

그림 4에서는 ($\mu_{n1}=4, \mu_{n2}=5$), ($\mu_{d1}=-4, \mu_{d2}=-5$), ($\sigma_{n1}=1, \sigma_{n2}=1$), ($\sigma_{d1}=2, \sigma_{d2}=2$)인 환경에서의 분류결과를 보여준다. 학습 데이터셋과 테스트 데이터셋에 대한 정확도는 모두 100%로 측정되었다. 아래와 같이 질병개체와 정상개체의 생체데이터가 명확하게 다를 경우에는 100%의 확률로 구분하는 것을 확인할 수 있다.

1) Tensorflow가 아닌 딥러닝을 위한 다른 툴 (Caffe, PyTorch)을 활용하여도 무방하다.

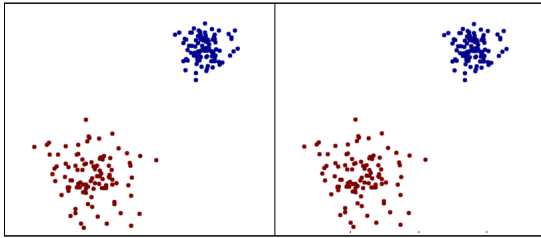


Fig. 4 Visualization of actual and predicted results when $(\mu_{n1}=4, \mu_{n2}=5), (\mu_{d1}=-4, \mu_{d2}=-5)$ and $(\sigma_{n1}=1, \sigma_{n2}=1), (\sigma_{d1}=2, \sigma_{d2}=2)$ (left: actual, right: prediction, red: disease, blue: normal).

그림 5에서는 $(\mu_{n1}=1, \mu_{n2}=-2), (\mu_{d1}=-1, \mu_{d2}=1), (\sigma_{n1}=2, \sigma_{n2}=2), (\sigma_{d1}=2, \sigma_{d2}=2)$ 인 환경에서의 분류결과를 보여준다. 여기서는 정상개체의 수를 100으로 놓고 비정상개체의 수를 20으로 놓았다. 학습 데이터셋의 정확도는 93%이고 테스트 데이터셋에 대한 정확도는 83%로 측정되었다. 이를 통해서 정상개체와 비정상개체의 수가 다를 경우에도 80% 이상의 높은 정확도로 정상개체와 질병개체를 분류할 수 있음을 확인할 수 있다.

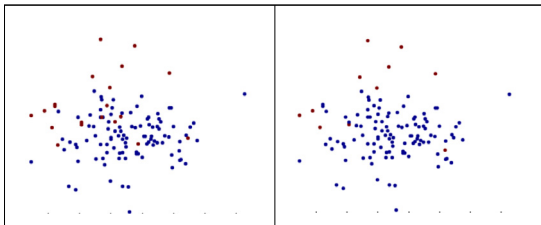


Fig. 5 Visualization of actual and predicted results when $(\mu_{n1}=1, \mu_{n2}=-2), (\mu_{d1}=-1, \mu_{d2}=1)$ and $(\sigma_{n1}=2, \sigma_{n2}=2), (\sigma_{d1}=2, \sigma_{d2}=2)$ (left: actual, right: prediction, red: disease, blue: normal).

다음으로 생체데이터가 가우시안 분포를 따르지 않을 경우의 성능분석을 진행하였다. 그림 6에서는 정상개체의 각 생체데이터가 rayleigh (평균: 1), 가우시안 (평균:3, 분산: 2)을 따르고 질병개체의 생체데이터가 lognormal (평균: 3, 분산: 4)와 lognormal (평균:1, 분산: 2)을 따를 경우의 분류결과를 보여준다. 학습 데이터셋의 정확도는 78%이고 테스트 데이터셋에 대한 정확도는 75%로 측정되었다. 생체 데이터가 비슷한 위치에 분포하여있기 때문에 분류의 정확도가 낮지만 그래도 높

은 정확도로 정상개체와 질병개체를 분류하는 것을 확인할 수 있다. 특히 본 성능분석에서는 2개의 생체데이터만을 사용하였지만 더 많은 생체데이터를 사용할수록 분류의 정확도를 높일 수 있을 것이다.

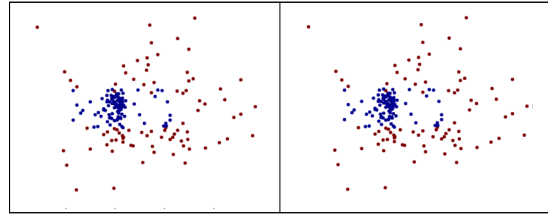


Fig. 6 Visualization of actual and predicted results when biometric data follows rayleigh, Gaussian, lognormal distribution (left: actual, right: prediction, red: disease, blue: normal).

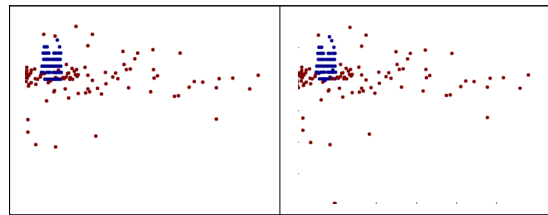


Fig. 7 Visualization of actual and predicted results when biometric data follows uniform, poisson, exponential and standard cauchy distribution (left: actual, right: prediction, red: disease, blue: normal).

마지막으로 그림 7에서는 정상개체의 각 생체데이터가 uniform (평균: 1, 분산: 2), poisson (평균: 2)을 따르고 질병개체의 생체데이터가 exponential (평균: 4)와 standard cauchy를 따를 경우의 분류결과를 보여준다. 학습 데이터셋과 테스트 데이터셋에 대한 정확도는 각각 95%로 측정되었다. 성능 분석에서 확인할 수 있듯이 생체데이터가 명확하게 다른 특성을 지닐 경우에는 매우 높은 확률로 정상개체와 질병개체를 분류할 수 있는 것을 확인할 수 있다. 생체데이터가 가우시안 분포를 따른다고 가정하는 환경 (EM 알고리즘 [6])에서는 이렇게 높은 정확도로 분류가 불가능하다. 제안방안은 딥러닝을 기반으로 비선형적인 생체데이터 패턴을 스스로 학습하기 때문에 어떠한 생체정보환경에서도 정확하게 개체들을 구분할 수 있다. 또한 학습 데이터셋이 비교적 적은 환경에서도 정확하게 분류가 가능하므로

실제 축사환경에서 유용하게 활용될 수 있을 것이다.

V. 결 론

본 연구에서는 스마트축사에서 수집되는 다양한 동물의 생체데이터를 기반으로 딥러닝을 이용하여 정상 개체와 질병개체를 분류하는 방안을 제안하였다. 제안 방안은 기존의 방안과 달리 생체데이터가 임의의 확률 분포를 가지고 있을 경우에도 잘 동작한다. 제안 방안의 사용을 통해서 사회에 큰 영향을 미치는 구제역등의 전염성 질병을 조기에 파악가능하고 동물복지의 질을 향상시킬 수 있다. 현재 본 연구에서는 인공적으로 생성한 데이터를 활용하여 성능분석을 진행하였지만 추후 실험을 통해 실제 환경에서 제안방안의 성능을 검증할 계획이다.

ACKNOWLEDGMENTS

This work was carried out with the support of “Cooperative Research Program for Agriculture Science & Technology Development (Project title: The Study of ICT Standard Setup and Big-data Utilization in Livestock Field, and Realtime Cow Health Monitoring Module, Project No. PJ012299)” Rural Development Administration, Republic of Korea.

REFERENCES

- [1] K. Han, W. Lee, and K. Sung, “Development of a model to analyze the relationship between smart pig-farm environmental data and daily weight increase based on decision tree,” *Journal of Korea Institute of information and communication engineering*, vol. 20, no. 12, pp.2348-2354, Dec. 2016.
- [2] M.S. Lee and Y.C. Choe, “Forecasting Sow’s Productivity using the Machine Learning Models,” *Journal of Agricultural Extension & Community Development*, vol. 16, no. 4, pp. 939-965, Dec. 2009.
- [3] D. Z. Caraviello, K. A. Weigel, M. Craven, D. Gianola, N. B. Cook, K. V. Nordlund and M. C. Wiltbank, “Analysis of reproductive performance of lactating cows on large dairy farms using machine learning algorithms,” *Journal of dairy science*, vol. 89, no. 12, pp.4703-4722, Dec. 2006.
- [4] S. Shahinfar, D. Page, J. Guenther, V. Cabrera, P. Fricke and K. Weigel, “Prediction of insemination outcomes in Holstein dairy cattle using alternative machine learning algorithms,” *Journal of dairy science*, vol. 97, no. 2, pp.731-742, Feb. 2014.
- [5] S. J. Roberts, R. Cain and M. S. Dawkins, “Prediction of welfare outcomes for broiler chickens using Bayesian regression on continuous optical flow data,” *Journal of the Royal Society interface*, pp.3436-3443, Sep. 2012.
- [6] W. Lee, S. Hwang and J. Kim, “Fast Detection of Disease in Livestock based on Machine Learning,” *The 37th conference of Korea Institute of information and communication engineering*, vol. 19, no. 1, pp.294-297, May 2015.
- [7] M. A. Kashiha, C. Bahr, S. Ott, C. P. Moons, T. A. Niewold, F. Tuytens and D. Berckmans, “Automatic monitoring of pig locomotion using image analysis,” *Livestock Science*, vol. 159, pp.141-148, Jan. 2014.
- [8] E. Khoramshahi, J. Hietaoja, A. Valros, J. Yun and M. Pastell, “Real-time recognition of sows in video: A supervised approach,” *Information Processing in Agriculture*, vol. 1, no. 1, pp. 73-81, Aug. 2014.
- [9] Y. LeCun, Y. Bengio and G. Hinton, “Deep learning,” *Nature*, vol. 521, no. 7553, pp.436-444, May 2015.
- [10] M. M. Santoni, D. I. Sensuse, A. M. Arymurthy and M. I. Fanany, Bhargava, G. Sharma, R. Bhargava and M. Mathuria, “Cattle Race Classification Using Gray Level Co-occurrence Matrix Convolutional Neural Networks,” *Procedia Computer Science*, vol. 59, pp.493-502, Aug. 2015.
- [11] S. Chowdhury, B. Verma, J. Roberts, N. Corbet and D. Swain, “Deep Learning Based Computer Vision Technique for Automatic Heat Detection in Cows” *Development International Conference on Digital Image Computing: Techniques and Applications (DICTA)*, pp. 1-6, Dec. 2016.
- [12] J. Gloster, K. Ebert, S. Gubbins, J. Bashiruddin, D. J. Paton, “Normal variation in thermal radiated temperature in cattle: implications for foot-and-mouth disease detection” *BMC Veterinary Research*, vol. 7, no. 73, pp. 1-10, Nov. 2011.



이웅섭(Woongsup Lee)

2006년 한국과학기술원 전기및전자공학과 학사
2011년 한국과학기술원 전기및전자공학과 박사
2012년 2월~2013년 2월 한국과학기술원 박사후 연구원
2013년 2월~2014년 2월 독일 FAU 박사후 연구원
2014년 3월~ 현재 경상대학교 정보통신공학과 조교수
※관심분야 : 차세대 이동통신 시스템, 인지 라디오 시스템, 스마트 그리드, 빅 데이터 분석, 딥러닝



김성환(Seong Hwan Kim)

2006년 8월 고려대학교 전기전자전파공학부 학사
2008년 8월 KAIST 전자전산학과 석사
2013년 2월 KAIST 전기전자공학과 박사
2013년 8월~2016년 2월 맥길대학교 박사후 연구원
2016년 3월~ 국립경상대학교 정보통신공학과 조교수
※관심분야 : 차세대 이동통신 시스템, 사물인터넷



류종열(Jong Yeol Ryu)

2008년 2월 충남대학교 전기정보통신공학부 학사
2010년 2월 KAIST 전기및전자공학과 석사
2014년 2월 KAIST 전기및전자공학과 박사
2014년 4월~2016년 8월 싱가포르기술디자인대학교 박사후 연구원
2016년 9월~ 국립경상대학교 정보통신공학과 조교수
※관심분야 : 보안 통신 시스템, 차세대 이동통신 시스템, 사용자 릴레이 통신 등



반태원(Tae-Won Ban)

1998년 2월 경북대학교 전자공학과 학사
2000년 2월 경북대학교 전자공학과 석사
2010년 2월 KAIST 전기및전자공학 박사
2009년 6월~2010년 10월 KT 연구 엔지니어
2011년 2월~2012년 8월 KT Project Manager
2012년 9월~2016년 8월 경상대학교 정보통신공학과 조교수
2016년 9월~현재 경상대학교 정보통신공학과 부교수
※관심분야 : 차세대 이동통신, 무선 자원 관리, Cognitive Radios, Relay Systems, OFDM/MIMO