

평균회귀 심박변이도의 K-평균 군집화 학습을 통한 심실조기수축 부정맥 신호의 특성분석

Characterization of Premature Ventricular Contraction by K-Means Clustering Learning Algorithm with Mean-Reverting Heart Rate Variability Analysis

김정환* · 김동준** · 이정환* · 김경섭†

(Jeong-Hwan Kim · Dong-Jun Kim · Jeong-Whan Lee · Kyeong-Seop Kim)

Abstract - Mean-reverting analysis refers to a way of estimating the underlining tendency after new data has evoked the variation in the equilibrium state. In this paper, we propose a new method to interpret the specular portraits of Premature Ventricular Contraction(PVC) arrhythmia by applying K-means unsupervised learning algorithm on electrocardiogram(ECG) data. Aiming at this purpose, we applied a mean-reverting model to analyse Heart Rate Variability(HRV) in terms of the modified poincare plot by considering PVC rhythm as the component of disrupting the homeostasis state. Based on our experimental tests on MIT-BIH ECG database, we can find the fact that the specular patterns portrayed by K-means clustering on mean-reverting HRV data can be more clearly visible and the Euclidean metric can be used to identify the discrepancy between the normal sinus rhythm and PVC beats by the relative distance among cluster-centroids.

Key Words : K-means, Mean-Reverting, Premature Ventricular Contraction(PVC), Electrocardiogram(ECG), Heart Rate Variability(HRV), Euclidean distance, Poincare plot, Normal Sinus Rhythm(NSR)

1. 서 론

평균회귀(Mean-Reverting) 모델은 시장경제 분야에서 주로 투자자들의 단기 수익 창출 및 하락 위험성을 예측하기 위해서 널리 활용되고 있는 경제지표 분석법 중의 하나이다[1-2]. 즉 평균회귀 지표는 단기간을 중심으로 안정적인 상태를 유지하는 특정 경제지표(예를 들면 주식시세)가 갑작스러운 수요 또는 공급 발생으로 인하여 일시적으로 지표의 변동 범위가 상승하여도 궁극적으로는 시간이 경과하면서 원래의 안정 상태로 복귀한다는 사실을 의미한다.

이와 유사하게, 인간의 자율신경계 시스템은 환경변화나 스트레스 같은 외부 자극에 의하여 일시적으로 신체반응의 변동범위가 증가하지만, 결국 신체 내부 상태를 이전 평형상태로 유지하는 소위 '항상성(Homeostasis)' 조절작용의 영향을 받는다고 해석될 수 있다[3]. 특히 자율신경계 시스템은 교감 및 부교감 신경계의 자연적인 길항작용을 통하여 장기의 기능을 조절한다. 즉, 심장의 경우 자율신경계의 작용으로 인하여, 심장 근육의 수축 및

이완작용이 발생하고 이로 인하여 자율신경계의 활성 상태를 간접적으로 평가하는데 중요한 심박변이도(HRV: Heart Rate Variability) 지표를 제공한다[4].

일반적으로 인체의 자율신경계의 교감 신경이 활성화되면 심장 박동수가 증가되고 이와는 대조적으로 부교감 신경의 활동이 증가하면 심장 박동이 느리게 변하는 길항작용을 통하여 심장박동의 리듬이 일정하게 유지된다. 그러나 경우에 따라서 심장의 박동이 불규칙한 부정맥 리듬이 발생할 수 있는데, 건강한 사람의 경우 일시적으로 조기수축 부정맥(PVC: Premature Ventricular Contraction Arrhythmia) 리듬이 발생하더라도, 심박변이도의 평형상태가 일시적으로 흐트러져 심장 리듬 변화량이 상승하지만 시간이 경과하면서 정상적인 심장 리듬으로 복귀되는 특성을 갖는다고 해석되고 있다[5-6].

이에 따라서, 본 논문에서는 평균회귀 경제지표 분석법을 사용하여 심박변이도를 새롭게 해석하는 방법을 제시하고자 하였다. 특히 본 연구에서는, 심실조기수축 부정맥 리듬의 패턴을 분석하기 위해서 심전도 신호의 R-R 간격을 평균회귀 모델로 해석하고 이를 푸앵카레 산포도(Poincare plot)로 변환한 다음에, K-평균 군집화(K-Mean Clustering) 학습을 통하여 심실조기수축 부정맥 리듬의 특성을 도출하고, 또한 군집들의 중심점 사이의 유클리드 거리(Euclidean Distance) 연산을 통하여 심실조기수축 부정맥 신호의 패턴 특성을 정량화하는 방법을 새롭게 제시하고자 하였다.

† Corresponding Author : Department of Biomedical Eng., Research Institute of Biomedical Eng., Konkuk University, Chungju, Korea

E-mail: Kyeong@kku.ac.kr

* Dept. of Biomedical Eng., Konkuk University, Korea

** Dept. of Electronic Eng., Cheongju University, Korea

Received : June 8, 2017; Accepted : June 25, 2017

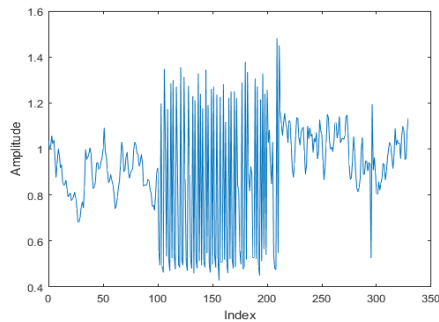
2. 본 론

2.1 평균회귀 모델을 적용한 심박변이도 해석

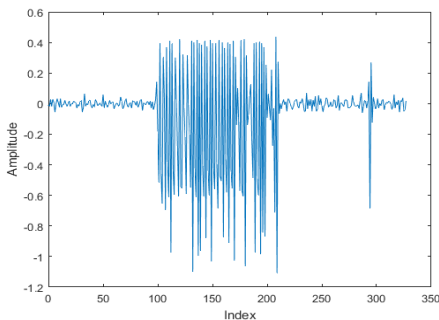
자율신경계 길항작용의 직접적인 영향을 받는 심장은 정상적인 심장 리듬으로 표현되는 평형상태를 유지하지만 비정상적인 리듬이 발생하는 경우, 이로 인하여 평형이 흐트러지게 된다. 이러한 현상을 주식 또는 시세의 상태와 유사하게 해석되기 때문에 평균회귀 모델을 적용하여 심장리듬의 평형상태 유무를 확인할 수 있다. 평균회귀 모델은 과거의 한 시점의 값과 일정 기간의 평균의 차이를 통하여 현재의 값을 비교하는 방법으로 식 (1)과 같이 표현된다.

$$\hat{x}_t = \frac{x_{t-n} - \frac{1}{2n+1} \sum_{\tau}^{2n} x_{t-\tau}}{x_{t-n}} \quad (1)$$

여기서 n 은 일정 시간 간격을 설정하는 파라미터이고 심박변이도 해석에 평균회귀 모델을 적용하기 위해서 심전도 신호의 R-R 간격을 x_t 로 해석한다. 그림 1은 심실조기수축 부정맥 리듬이 포함된 MIT-BIH: 119 데이터[7]의 5분 구간을 해석한 심박변이도와 평균회귀 모델이 적용된 심박변이도($n=1$)를 보여주고 있으며, 표 1은 각각의 심박변이도 해석결과에 대한 평균과 표준편차의 차이를 나타내고 있다.



(a) R-R 간격의 변화도로 해석한 심박변이도



(b) R-R 간격의 변화를 평균회귀로 해석한 심박변이도, ($n=1$)

그림 1 (a) R-R 간격의 변화와 (b) 평균회귀 모델이 적용된 심박변이도

Fig. 1 (a) HRV analysis (b) Mean-Reverting HRV analysis

표 1 R-R 간격 심박변이도 및 평균회귀 심박변이도의 평균 및 표준편차

Table 1 Mean and standard deviation of HRV and Mean-reverting HRV, respectively

	mean	standard deviation
HRV	0.9042	0.2341
mean-reverting HRV ($n=1$)	-0.0673	0.3028

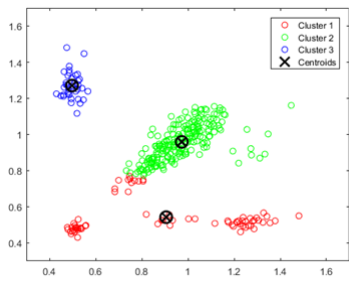
2.2 K-평균 군집화

K-평균 군집화 알고리즘은 주로 2차원 영상 분할 목적으로 활용되며[8-10], 주어진 데이터를 K개의 군집으로 분할하는 자율학습 머신러닝 기법이다. K-평균 군집화 알고리즘은 사전에 군집의 개수 K를 선택한 다음에, 각각 군집의 중심점을 임의로 설정한 후 중심점 좌표와 데이터 사이의 거리를 계산하여 가장 가까운 거리로 도출하는 군집으로 데이터를 1차적으로 분할하고, 각각의 군집 중심점의 좌표를 재설정된 다음에 유클리드 거리를 다시 계산하여 각각의 데이터를 새로운 군집으로 분류하는 연산이 반복적으로 수행되는 과정을 포함한다. 즉, 모든 군집들의 중심점과 분할 대상이 되는 데이터 사이의 변위차이를 유클리드 거리로 계산하여 이 거리가 가장 가까운 중심점에 속한 데이터 군집으로 분류한다. 이와같은 군집화 연산과정은, 각 군집의 중심좌표가 사전에 규정된 오차 범위 내에 수렴하거나 또는 미리 정해진 연산횟수를 만족하면 종료된다.

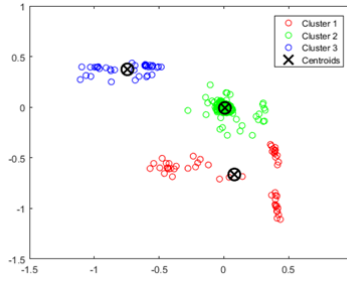
2.3 심박변이도의 평균회귀 분석 및 K-평균 군집화

본 연구에서 제안된 평균회귀 모델이 적용된 심박변이도 해석을 통해 심실조기수축 부정맥 리듬의 군집 특성을 분석하기 위해서 심실조기수축 부정맥 리듬이 포함된 MIT-BIH 데이터와 정상 리듬만이 포함된 MIT-BIH 데이터들이 고려되었다. 이 데이터들은 각각 360 Hz 샘플링 주파수로 디지털 신호로 변환되었으며 본 연구의 실험을 위해서 각각 5분 동안의 데이터 구간이 활용되었다. 그리고 본 연구에서 제시한 알고리즘의 정확한 성능 평가를 위해서 심장 전문가가 R 파의 위치로 명시된 주석정보를 활용하여 R-R 간격을 도출하였다.

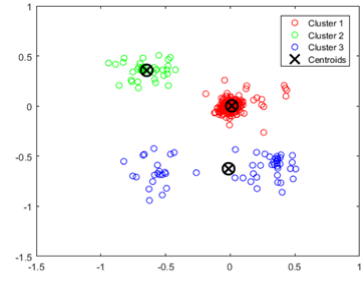
평균회귀 모델로 계산된 심장 박동리듬의 변이는 푸앙카레 산포도로 표현되며, 기존의 발표된 연구결과에[11] 포함된 K=3을 선택하면 심실조기수축 부정맥 리듬이 포함된 심전도 신호와 정상 리듬이 포함된 신호의 군집성 차이를 구분할 수 있다는 사실이 제시되었다. 따라서 본 연구에서도 3개의 군집 중심점들을 무작위로 선정한 후, 기본적으로 모든 중심 좌표들의 위치가 변동하지 않을 때까지 군집학습과정이 반복되었다. 그림 2는 심실조기수축 부정맥 리듬이 포함된 MIT-BIH: 106 데이터와 정상적인 심장리듬(NSR: Normal Sinus Rhythm)만이 포함된 MIT-BIH: 103 데이터를 각각 5분의 구간을 기준으로 하여서, 기존의 방법으로 해석한 심박변이도와 평균회귀 모델을 적용한 심박변이도



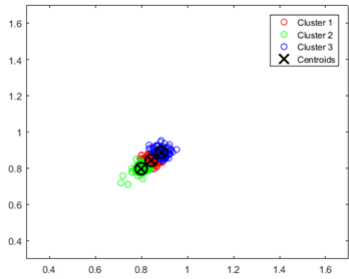
(a) MIT-BIH: 106 데이터에 대한 심박변이도



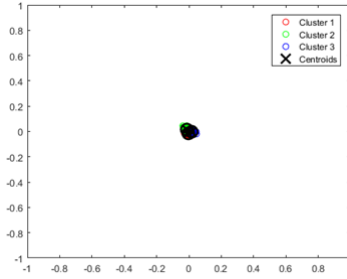
(b) MIT-BIH: 106 데이터에 대한 평균회귀 심박변이도($n=1$)



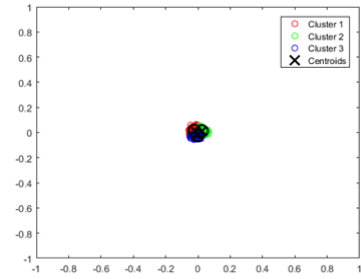
(c) MIT-BIH: 106 데이터에 대한 평균회귀 심박변이도($n=2$)



(d) MIT-BIH: 103 데이터에 대한 심박변이도



(e) MIT-BIH: 103 데이터에 대한 평균회귀 심박변이도($n=1$)



(f) MIT-BIH: 103 데이터에 대한 평균회귀 심박변이도($n=2$)

그림 2 MIT-BIH: 103, 106 데이터의 평균회귀 심박변이도 해석을 통한 K-평균 군집화 결과: (a)~(c) MIT-BIH: 106, (d)~(f) MIT-BIH: 103

Fig. 2 Results of K-means clustering on mean-reverting HRV analysis: (a)~(c) MIT-BIH: 106, (d)~(f) MIT-BIH: 103

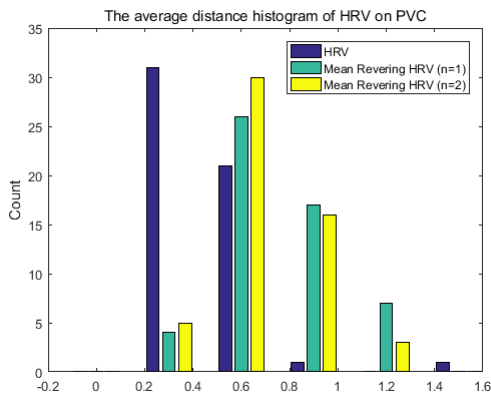


그림 3 심실조기수축 부정맥 리듬이 포함된 MIT-BIH: 106, 119, 200, 203, 208, 214, 221, 228, 233 데이터의 심박변이도에 대한 K-평균 군집화 중심점들의 평균 거리

Fig. 3 The relative distance between K-mean centroid ($K=3$) (MIT-BIH: 106, 119, 200, 203, 208, 214, 221, 228, 233)

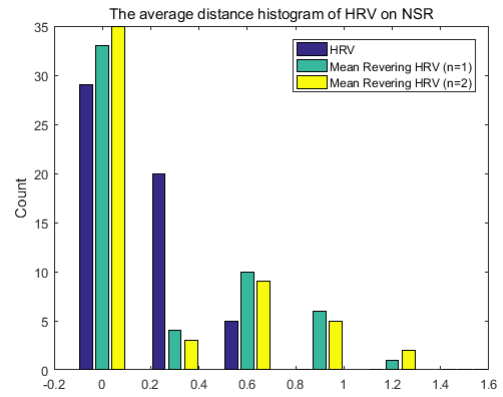


그림 4 정상적인 심장 리듬이 포함된 MIT-BIH: 100, 101, 103, 105, 112, 113, 115, 117, 121 데이터의 심박변이도에 대한 K-평균 군집화 중심점들의 평균 거리

Fig. 4 The relative distance between K-mean centroid ($K=3$) (MIT-BIH: 100, 101, 103, 105, 112, 113, 115, 117, 121)

($n=1, 2$)를 각각 푸양카레 산포도로 가시화하고 이를 유클리드 K-평균 군집화를 적용한 실험 결과의 일부를 보여주고 있다. 그림 2에서 각각의 군집의 중심은 'X' 기호로 표기하였다. 그림 3

은 심실조기수축 부정맥 리듬들이 포함된 MIT-BIH: 106, 119, 200, 203, 208, 214, 221, 228, 233 심전도 데이터로부터 도출된 각각의 군집에서 다른 군집들과의 상대적인 총 평균 거리의 평균

거리에 대한 히스토그램 분포를 보여준다. 또한 그림 4는 정상적인 심장 리듬만이 포함된 MIT-BIH: 100, 101, 103, 105, 112, 113, 115, 117, 121 데이터 세트로부터 도출된 군집사이의 총 평균 거리에 대한 히스토그램 분포를 보여주고 있다.

심실조기 수축 파형과 정상리듬의 파형의 군집의 평균 값에서 평균회귀를 사용하지 않을 경우 평균값 0.3 근처에서 중복되는 현상이 발생하며 평균회귀 결과를 적용한 결과 심실조기수축 파형 군집의 평균거리가 증가됨을 알 수 있다.

2.4 평균회귀 심박변이도의 군집성 평가

심실조기수축 부정맥 리듬이 다수 포함된 심전도 신호와 정상적인 리듬만이 포함된 심전도 신호의 평균회귀 심박변이도 군집화 특성차이가 존재한다는 유의성을 입증하기 위해서 우선적으로 군집들 사이의 총 평균거리 데이터가 정규분포(Normal distribution) 조건을 만족하는지 여부를 결정하고자 SPSS 통계분석 프로그램을 [12] 활용하여 정규성 검정 분석을 실시하였다. 표 2에서 그룹 1~3은 심실조기수축 리듬이 포함된 데이터로 일반 심박변이도(즉, $n=0$), 평균회귀 차수 $n=1, 2$ 를 적용한 심박변이도 해석을 의미하고, 마찬가지로 그룹 4~6은 정상 리듬이 포함된 MIT-BIH 심전도 데이터에 대한 심박변이도 해석을 의미한다.

표 2에서 두 방법을 동시에 만족하는 유의수준, $p > 0.05$ 값이 존재하지 않기 때문에 심실조기수축 리듬이 포함된 심박변이도와 정상 리듬이 포함된 심박변이도 사이의 총 평균 거리 차이 유의성을 t-통계 분석으로 검증할 수 없으며 결과적으로 비모수 Mann-Whitney 검정 통계 분석법으로 가설검정 평가를 실시하

표 2 심박변이도 군집화 차이를 검증하기 위한 정규분포 검증 결과

Table 2 Validation from testing normal distribution for analyzing the relative difference in K-means clusters

group**	Kolmogorov-Smirnov test			Shapiro-Wilk test		
	value	df*	p	value	df*	p
1	0.254	54	2×10^{-9}	0.448	54	6×10^{-13}
2	0.130	54	0.024	0.961	54	0.073
3	0.140	54	0.1	0.951	54	0.027
4	0.194	54	3×10^{-5}	0.822	54	1×10^{-6}
5	0.316	54	7×10^{-15}	0.759	54	5×10^{-8}
6	0.131	54	1×10^{-14}	0.755	54	4×10^{-8}

*: degree of freedom

**: group 1 - HRV on MIT/BIH PVC dataset

group 2 - mean-reverting HRV($n=1$) on MIT/BIH PVC dataset

group 3 - mean-reverting HRV($n=2$) on MIT/BIH PVC dataset

group 4 - HRV on MIT/BIH NSR dataset

group 5 - mean-reverting HRV($n=1$) on MIT/BIH NSR dataset

group 6 - mean-reverting HRV($n=2$) on MIT/BIH NSR dataset

였다[13]. 가설검정을 입증하기 위한 절차로서 먼저 모집단에 대한 정보를 귀무가설로 설정하고 이 가설이 옳다는 전제하에, 그 여집합을 연구가설로 설정하고 최종적으로 유의수준 α 를 추정하였다. 여기서 유의수준 α 는 표본으로부터 구한 통계량 값이 귀무가설이 옳다는 전제하에서 귀무가설을 기각하고 연구가설을 채택할 수 있다는 확률을 의미한다. 즉 다음과 같이 심실조기수축 리듬이 포함된 심박변이도의 군집들 사이의 총 평균거리와 정상 리듬이 포함된 심박변이도의 군집들 사이의 총 평균 거리의 차이가 없다는 가설을 설정하였다. 즉,

H_0 : 심실조기수축 리듬과 정상 리듬의 심박변이도 군집의 총 평균 거리는 동일하다.

H_1 : 심실조기수축 리듬과 정상 리듬의 심박변이도 군집의 총 평균 거리는 같지 않다.

라고 가설을 설정하였다. 표 3은 Mann-Whitney 비모수 검증 방법을 적용한 결과를 보여준다.

표 3 일반 심박변이도와 평균회귀 심박변이도 해석 차이의 검증을 위한 비모수 검증 결과

Table 3 Validation from Mann-Whitney test for analyzing the statistical difference between HRV and mean-reverting HRV analysis

group vs group	p-value
group 1 vs 4	1.1242×10^{-11}
group 2 vs 5	3.8×10^{-11}
group 3 vs 6	9.5142×10^{-9}

여기서 전체 비교 그룹의 양측 검정 유의수준, $p < 0.05$ 이므로 귀무가설이 기각되어서 정상 리듬과 심실조기수축 리듬의 심박변이도 군집들 사이의 거리는 서로 다르다고 결론을 내릴 수 있다. 즉, 심실조기수축 부정맥 리듬이 다수 포함된 심전도 신호는 정상적인 리듬이 다수 포함된 심전도에 비교하여 푸앙카레 산포도로 표현한 심박변이도에 K-평균 군집화 알고리즘을 적용하였을 때 각각 군집사이의 거리가 정상적인 리듬과는 상이한 패턴을 보인다는 결론을 추론할 수 있다.

2.5 심박변이도와 평균회귀 심박변이도의 비교

기준에 제시된 논문[11]에서 심박변이도와 평균회귀 심박변이도의 K-평균 군집성의 평균 거리 차이를 비교 검증하기 위해서 평균 거리와 표준편차를 표 4와 같이 구하였다. 각각 군집별 심실조기수축 리듬과 정상 리듬의 평균거리 차이는 그룹 1과 4는 0.296, 그룹 2와 5는 0.502, 그룹 3과 6은 0.411로 나타나며 평균회귀 심박변이도 $n=1$ 일 때 가장 큰 차이를 보인다.

심박변이도와 평균회귀 심박변이도의 심실조기수축 리듬과 정상 리듬의 두 집단을 모수 Mann-Whitney 검정 통계 분석법으로

로 가설검정 평가하기 위해서 귀무가설을 다음과 같이 설정하고 결과를 표 5와 같이 구하였다.

- H_0 : 심박변이도와 평균회귀 심박변이도의 군집들 사이의 총 평균 거리는 동일하다.
- H_1 : 심박변이도와 평균회귀 심박변이도의 군집들 사이의 총 평균 거리는 같지 않다.

표 4 평균회귀 심박변이도의 군집성의 차이 비교

Table 4 Clusters-distance difference between HRV and mean-reverting HRV

clusters-distance difference		mean	standard deviation
HRV	PVC dataset	0.49	0.365
	NSR dataset	0.194	0.168
mean-reverting HRV (n=1)	PVC dataset	0.779	0.231
	NSR dataset	0.277	0.327
mean-reverting HRV (n=2)	PVC dataset	0.695	0.196
	NSR dataset	0.284	0.339

표 5 심박변이도와 평균회귀 심박변이도 차이 검증

Table 5 Validation from testing the statistical difference between HRV and mean-reverting HRV measure

group vs group	p-value
group 1 vs 2	3.502×10^{-11}
group 1 vs 3	5.506×10^{-9}
group 4 vs 5	0.261
group 4 vs 6	0.383

심박변이도와 평균회귀 심박변이도에서 심실조기수축 리듬이 있는 경우 유의수준 $p < 0.05$ 이므로 평균회귀 모델을 적용했을 때 신호가 차이가 있음을 확인 할 수 있고 정상 리듬의 경우에는 유의수준 $p > 0.05$ 이므로 평균회귀 모델을 적용했을 때 신호가 차이가 있다고 할 수 없다는 결과를 유추할 수 있다.

3. 결 론

본 연구에서는 심실조기수축 부정맥 리듬의 패턴 특성을 분석하기 위해서 자율학습 머신러닝 학습 중의 하나인 K-평균 군집 알고리즘을 푸앙카레 산포도로 가시화한 평균회귀 심박변이도에 적용하는 방법을 제시하고자 하였다. 제안된 알고리즘의 성능을 평가하기 위해서 MIT-BIH 표준 부정맥 데이터베이스를 활용하여 K-평균 군집들 사이의 총 평균거리를 구하고, 정상적 심전도 리듬과 심실조기수축 부정맥 리듬이 포함된 군집들의 거리 차이

의 유의성을 통계학적 검증 방법으로 입증하는 방법을 새롭게 제시하였다.

또한, 기존에 발표한 논문과 평균회귀 모델이 적용된 심박변이도를 비교해 본 결과 평균회귀 심박변이도의 정상 리듬보다 심실조기수축 부정맥 리듬이 평균 군집의 차이가 더 크게 나타남을 확인하였다. 결과적으로 평균회귀 모델은 심박변이도에서 나타나는 심실조기수축의 군집 패턴 특징을 보다 더 뚜렷하게 보여줄 뿐만 아니라 자율신경계의 작용으로 인하여 변화하는 정상적인 심박의 간격도 일정하게 정규화시킬 수 있다는 결론을 얻게 되었다. 이에 따라서 심전도 신호를 평균회귀 심박변이도로 해석하고 이를 K-평균 군집화 패턴 분석을 통하여 심실조기수축 패턴의 특성을 군집의 형태로 도출할 수 있기 때문에 특히 장시간에 걸쳐서 수집되는 심전도 신호의 부정맥 분석에 유용하게 사용될 수 있을 것으로 기대된다. 그러나 K-평균 군집화 머신러닝 학습 알고리즘을 하는 과정에서 이상치 데이터(outlier)가 학습되는 경우 K-평균 중심값의 이동에 영향을 주기 때문에 이상치를 효과적으로 제거하고 또한 심박변이도에 관한 K-평균 군집화 학습과정에 사용되는 거리 척도를 새롭게 정의하는 후속연구가 필요하다고 사료된다.

감사의 글

이 논문은 2016년도 정부(미래창조과학부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구임(No. 2016R1A2B4016231).

References

- [1] T. S. Beder, C. M. Marshall, Financial Engineering: the Evolution of a Profession, John Wiley & Sons, 2011.
- [2] G. Montaveon, G. B. Orr, K. R. Muller, Neural Networks: Tricks of the Trade, 2nd edition, Lecture Notes in Computer Science, 2012.
- [3] U. R. Acharya, J. S. Suri, J. A. E. Spaan, S. M. Krishnan, Advances in Cardiac Signal Processing, Springer, 2007.
- [4] R. Shouldice, C. Heneghan, P. Nolan, P. G. Nolan, "PR and PP ECG Intervals as Indicators of Autonomic Nervous Innervation of the Cardiac Sinoatrial and Atrioventricular Nodes," Proceedings of the 1st International IEEE EMBS, pp. 20-22, 2003.
- [5] Jane Huff, ECG workout: Exercise in Arrhythmia Interpretation, 6th edition, Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins, 2012.
- [6] Gail Walraven, Basic Arrhythmia with 12-Lead EKGs, Upper Saddle River, NJ: Pearson Education, 2006.
- [7] G. B. Moody, R. G. Mark, "The Impact of the MIT-BIH

Arrhythmia Database,” IEEE Eng. in Med. and Biol., Vol. 20, No. 3, pp. 45-50, 2001.

- [8] F. F. Abushmmala, “Processing Overlapped Cells Using K-Means and Watershed,” International Journal of Intelligent Information Systems, Vol. 3, No. 1, pp. 8-12, 2014.
- [9] N. Dhanachandra, K. Manglem, Y. J. Chanu, “Image Segmentation Using K-Means Clustering Algorithm and Subtractive Clustering Algorithm,” Procedia Computer Science, Vol. 54, pp. 764-771, 2015.
- [10] F. A. Shmmala, W. Ashour, “Color Based Image Segmentation Using Different Versions of K-Means in Two Spaces,” Global Advanced Research Journal of Engineering, Technology and Innovation, Vol. 1, No. 9, pp. 30-41, January 2013.
- [11] K. S. Kim, “Assessment of Premature Ventricular Contraction Arrhythmia by K-means Clustering Algorithm,” Journal of the Korea Society of Computer and Information, Vol. 20, No. 5, pp. 65-72, 2017.
- [12] J. M. Bae, An Illustrated Guide to Medical Statistics Using SPSS, Hannarae Publishing Co., 2012.
- [13] G. Keller, Statistics for Management and Economics, 7th International Edition, International Thomson, 2005.



이 정 환 (Jeong Whan Lee)

1992년 연세대학교 전기공학과 졸업. 동대학원 석사(1994). 동대학원 박사(2000). 2004년~현재 건국대학교 의학공학부 교수.



김 경 섭 (Kyeong Seop Kim)

1979년 연세대학교 전기공학과 졸업. 동대학원 석사(1981). The University of Alabama in Huntsville, Ph.D.(1994). 2001년~현재 건국대학교 의학공학부 교수.

저 자 소 개



김 정 환 (Jeong Hwan Kim)

2011건국대학교 의학공학부 졸업. 2013년 동대학원 석사. 2013년~현재 동대학원 박사과정 재학 중.



김 동 준 (Dong Jun Kim)

1988년 연세대학교 전기공학과 졸업. 동대학원 석사(1990). 동대학원 박사(1994). 현재 청주대학교 이공대학 전자공학과 교수.