

신경망을 이용한 DNA칩 영상 패턴 분류 알고리즘

Pattern Classification Algorithm of DNA Chip Image using ANN

주종태 · 김대욱 · 심귀보

Jong-Tae Joo, Dae-Wook Kim, and Kwee-Bo Sim

중앙대학교 전자전기공학부

요 약

DNA칩 영상의 패턴 분류는 인간의 유전적 질병에 대한 유용한 정보를 획득할 수 있다는 점에서 아주 중요한 것이다. 본 논문에서는 DNA칩 영상의 패턴을 분류하기 위해 신경망의 학습 알고리즘 중 Back-propagation과 Self Organizing Map을 이용하여 패턴을 분류하는 알고리즘을 개발하고 이들의 결과를 비교 분석하였다. 또한 개발한 알고리즘은 PC 환경 및 S3C2440 (ARM920T)을 CPU Core로 사용한 MV2440 보드에서 실험하여 그 결과를 디스플레이 함으로써 사용자가 다양한 환경에서 보다 쉽게 유전자 정보를 얻는데 도움을 줄 수 있도록 하였다.

Abstract

It is very important to classify the DNA Chip image pattern in order to acquire useful information about genetic disease of people. In this paper, we developed the novel pattern classification method of DNA Chip image using MLP based back-propagation and Self organizing Map learning algorithm. And then we compared and analyzed these classified pattern results. Also we carried out experiment in the MV2440 board using CPU Core for S3C2440(ARM 920T) and PC environment, and displayed its results in order to give the genetic information to user more easily in various environment.

Key Words : Neural Network, DNA Chip Image, Digital Image Processing, Pattern Classification

1. 서 론

Human genome project를 포함한 많은 유기체의 genome project가 수행되어 수많은 유전정보가 쏟아져 나오에 따라, 이를 어떻게 해석하고 서로 연관 지을 수 있는가에 대해 많은 관심과 연구가 이루어지고 있다. 즉 현대의 유전학과 분자생물학 분야의 연구방향이 과거의 DNA의 구조적 해석에서 기능적 해석과 유전자들의 상호 연관성을 규명하는 방향으로 연구 방향이 바뀌고 있는 것이다. 최근에 개발된 DNA 칩은 여러 genome project로부터 축적된 방대한 양의 유전 정보를 이용하여 시료를 효율적으로 분석할 수 있는 가장 주목받고 있는 방법이다. 특히 이 기술은 유전자 발현, 돌연변이 등을 단시간에 대량으로 고속처리 및 검색을 함으로써 유전자의 기능을 밝히는 데 매우 유용한 것으로 판명되고 있다. DNA는 A-T, G-C간의 강하고 선택적인 결합으로 인해 이중나선을 이루는 고유한 특징을 가지고 있는데, DNA 칩은 바로 그 상보적인 서열을 인지하고 선택적으로 결합하는 DNA의 성질을 활용한 칩이다. 즉, 칩 위에는 한 가닥의 DNA 분자가 탐침으로 미리 붙어있고, 검색하고자 하는 DNA 시료를 그 칩 위에 뿌려주면, 상보적인 서열을 가진 것들만 탐침 서열에 가서 달라붙게 되는 것이다. DNA 칩 위에는 수천에서 수십만 종류에 달하는 탐침 DNA를 심을 수 있

고, 검색하는 시료에 포함된 DNA 숫자에는 제한이 없으므로, 엄청난 속도의 검색이 가능하다.

첫 DNA 마이크로 어레이 칩(Micro Array Chip)은 1995년 스탠포드대학에서 탄생되었다. 당시 스탠포드대학은 자체 제작한 DNA 칩 어레이를 이용, DNA를 약 1.8cm²의 유리판 위에 고정시킨 다음, 형광물질을 이용해 유전자 발현 정도를 한 번에 측정할 수 있게 만들었다. 곧 이어 Affimetrix도 올리고(oligo) DNA 칩을 개발했다. Affimetrix는 반도체 칩 제작에 사용되는 포토리소그래피 기술을 응용하여 40만개의 올리고염기들을 1.28cm²되는 유리 기판 위에서 직접 합성해 칩을 제작했다. DNA 칩은 격자 모양으로 촘촘한 구멍(spot)이 있는 칩 위에, 여러 종류의 유전자 염기서열을 격자에 하나씩 집어넣은 것으로 여기서 얻은 데이터를 Micro array data라고 하며, DNA 칩 혹은 gene 칩이라고도 한다. 이것은 시료를 DNA 칩 위에 떨어뜨려, 시료 안에 존재하는 유전자들을 분석하거나 발현정도를 측정하는 것을 목적으로 한다.

한편 DNA 칩 영상은 인간의 유전적 정보를 고밀도로 집적 해놓은 DNA 칩을 스캐닝 작업을 통해 영상데이터로 변환시켜 놓은 것이며, 현재 DNA 칩 영상 형태로 나타낼 수 있는 질병은 에이즈, 백혈병, 림프성 질병 및 유전자 돌연변이 등 많은 유전적 질병을 표현할 수 있으며 이런 질병에 대한 DNA 칩 영상 패턴 분류하는 알고리즘은 패턴 인식분야에서 인간의 유전적 질병에 대한 정보를 획득할 수 있다는 점에서 아주 중요한 문제이며 현재 DNA 칩 영상 패턴을 분류하는 연구는 여러 가지 알고리즘으로 연구되어 왔다. Hartuv는 HCS - 그래프 이론과 알고리즘을 바탕으로 하여 DNA 칩 영상 데이터를 분류하는 알고리즘을 제안하였으며[[4], Ben-Dor와 Shamir등도 역시 그래프를 응용하여 CAST라

접수일자 : 2006년 8월 30일

완료일자 : 2006년 9월 30일

감사의 글 : 본 연구는 산업자원부의 뇌신경정보학연구사업의 연구비 지원으로 수행되었습니다. 연구비 지원에 감사드립니다.

는 알고리즘을 제안하고 이를 이용하여 프로그램을 구현하였다[3]. Xing등은 백혈병 환자의 유전자 정보들을 가지고 CLIFF - feature selection 기법과 Normalized Cut기법 가지고 DNA칩 영상 패턴 분류하는 알고리즘을 개발하고 구현하였으며[9], Eisen 등은 유전자를 하나의 클러스터라 생각하고, 이 클러스터들을 유사도를 통해 반복적으로 결합시켜 최종적으로는 모두 병합되어지는 Hierarchical 클러스터링을 통해 DNA Chip Image 패턴 분류 알고리즘을 구현하고 Cluster와 TreeView라는 소프트웨어를 개발하였다[2]. 이외의 다수가 현재 DNA칩 영상 패턴 분류 알고리즘의 개발 또는 평가 논문을 제시하고 있다.

본 논문에서는 DNA칩 영상 패턴 분류를 위해 다음과 같은 알고리즘을 제시한다. 크게 DNA칩 영상 전처리 과정과 신경망 중 MLP 기반 Back-Propagation 과 Self Organizing Map(SOM)으로 패턴을 학습시키는 과정, 패턴 분류과정으로 나누어진다. DNA칩 영상들은 24×24 spot 포인터 구성되어 있으며 여기서 spot 포인터라는 것은 DNA칩 영상에서 하나의 염색체를 나타내며 이 값들을 추출한 영상들을 이진화, 잡음 및 노이즈 제거, Edge Detection, 블록화의 순서대로 전처리 과정을 거친 후 신경망의 입력 값으로 사용하여 학습을 시킴으로써 DNA칩 영상들의 특징적인 유전적 정보를 알 수 있게 된다. 그리고 다른 DNA칩 영상들을 대입시켜서 기존에 학습되어진 DNA칩 영상들과 오차율 범위 내에서 각각 패턴을 분류한다. 본 논문에서는 이렇게 구현된 DNA칩 영상 패턴 분류 알고리즘을 Windows CE. NET 4.2 기반 삼성 S3C2440A(ARM 920T)를 CPU core로 사용한 MV2440A에 시현하였는데 이렇게 함으로써 사람들이 일반적으로 사용하는 Mobile Device인 휴대폰이나 Pocket PC 등에 적용이 가능하여 사용자가 보다 쉽게 유전적 정보를 획득이 가능하다.

2. DNA칩 영상 전처리 과정

주어진 영상을 분석하기 위해서는 DNA칩 영상을 분석하는 과정에서 일반적으로 학습 알고리즘의 입력 패턴으로 사용하는데 유용하도록 4단계의 영상 전처리 과정을 거치게 되는데 그것에 대한 자세한 설명은 2.2절에서 소개하도록 하며 2.1절은 DNA칩 영상의 생성과정에 대해 자세히 소개하도록 하겠다.

2.1 DNA칩 영상

DNA칩의 원리는 DNA 이중 나선이 A-T, G-C와 같이 코드가 특별하게 맞을 경우 달라붙는 성질이다. 예를 들어, DNA칩의 각 격자를 x-y 좌표로 표현할 때, 격자 (1,1) 위치에는 AAACCC, 격자 (1,2) 위치에는 GGGCCC 가닥이 심어져 있다고 하자. 조사하고자 하는 시료가 TTGGG 염기 서열을 갖고 있다고 하자. 이 시료를 적색 형광물질 등으로 염색한 후, DNA칩 위에 투여한다. 그러면, 이 시료의 염기 서열은 (1,1) 격자에는 꼭 달라붙지만, (1,2)에는 붙지 않는다. 다음에 DNA칩을 물로 씻어 내면, (1,1)위치에만 DNA가 달라붙어서, 형광물질의 색깔인 붉은 색을 띠게 된다. 따라서 시료 안에 존재하는 염기 서열과 상보적 결합을 할 수 있는 격자들만 적색을 띠고, 결합이 되지 않는 격자들은 검은색을 띠기 때문에, 시료 안에 존재하는 유전자를 시각적으로 검출할 수 있다. 다음 단계에서는 스캐너로 DNA칩의 영상을 입력받아, 어느 격자가 어느 색깔을 갖는지와 얼마나 색깔이

진한지를 판별하여, Microarray data로 유전자들의 일치 정도와 발현 정도를 수치화할 수 있다.

우리는 이 DNA칩을 분석함으로써 사람의 질병이나 돌연변이 같은 유전정보들을 알아낼 수 있다. DNA 마이크로 어레이의 경우 DNA의 데이터가 표면에 색상 및 색의 강도로 나타나게 되는데 이것을 분석하여 대상물의 유전정보를 알아낼 수 있는 것이다. 먼저 시료의 샘플을 그림 1과 같은 특수 처리된 cDNA(Copy or Complimentary DNA) Micro array 상에 올려놓게 되면 DNA의 상보적 성질로 인하여 특정한 색상이나 색의 강도가 표면에 나타나게 되는데 이것을 CCD 카메라나 Laser Scanner 와 같은 장비를 이용하여 캡처한다. 그리고 이것을 사용자 컴퓨터나 모바일 컴퓨터 등을 이용해서 패턴 분류하여 질병의 유무와 돌연변이 유무 등을 검사할 수 있는 것이다. DNA칩으로 대상 체의 유전정보를 알 수 있는 이유는 각 DNA spot이 DNA 이중나선 가운데 하나에 대한 상보적인 염기서열로 반응하기 때문이다. 먼저, 세포 내에서처럼 해당 염기는 짝을 이루게 된다. 따라서 검사를 하기 전에 시료의 DNA를 형광 물질로 표식한 후 이 DNA 샘플을 칩 위에 흘려보내 이 DNA 샘플에 있는 염기들이 칩 위에 고정된 DNA 조각들에서 상보적인 염기들을 발견하게 되면, 그곳에 바로 흡착되게 되는데. 이 형광 물질로 표식된 유전 질 분자에 레이저 광을 쏘면 이 형광 물질들이 빛을 내게 된다. 그러면 이것의 색상과 강도를 통해 시료의 유전정보를 얻을 수 있다. 칩 위의 DNA 조각들의 염기서열은 이미 알고 있기 때문에 검사 대상의 DNA 염기서열을 추정해 낼 수 있는 것이다.

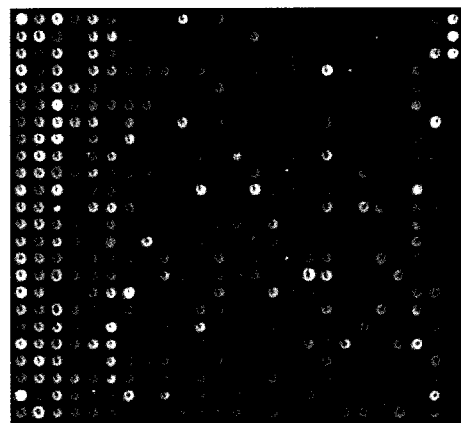


그림 1. DNA칩 영상
Fig. 1. DNA Chip image

2.2 DNA칩 영상 전처리 과정

DNA칩을 분석하는 과정에서 영상의 전처리가 필요하다. DNA칩 영상은 0 ~ 255 값 사이의 8비트 형의 픽셀로 구성되어 있는데 픽셀의 크기나 모양이 일정하다면 많은 영상 전처리 과정을 하지 않더라도 분석이 가능할 것이다. 하지만 대부분의 경우가 DNA칩 영상의 크기나 모양이 일정하지 않으므로 여러 단계의 영상 전처리과정이 필요하게 된다. 본 논문에서 사용한 영상 전처리 과정은 다음과 같다.

첫 번째 과정으로 DNA칩 영상의 픽셀 값들이 임계 값보다 낮은 픽셀들은 검정색(0)으로 임계값과 같거나 높을 경우에는 흰색(1)으로 나타낸다. 이와 같은 이진화 기법을 Thresholding 기법이라고 하며 이 과정을 거침으로써 학습 알고리즘의 입력 패턴으로 적용시키는데 유용하게 되며 이

과정을 걸친 DNA칩 영상은 그림2(a)이다. 두 번째 과정으로 DNA칩 영상에서 미세한 잡음과 형태가 명확하지 않은 부분이 나타날 수 있는데 이와 같은 문제를 해결하기 위해 본 논문에서는 Open-close 연산을 이용함으로써 DNA칩 영상의 윤곽을 부드럽게 만들어 주었다. 세 번째 과정으로 수직과 수평 방향의 에지보다 대각선 방향의 에지에 강한 Sobel 연산자를 이용하여 외곽을 추출함으로써 DNA칩 영상의 형태에 대한 정보를 알 수 있게 되며 이 과정을 걸친 DNA칩 영상은 그림2(b)이다. 네 번째 과정으로 Edge Detection까지 된 DNA칩 영상을 24x24 크기로 분할하여 각각 하나의 spot 포인터에 대한 정보를 획득하여 총 24x24 크기의 spot 포인터에 대한 정보를 획득한다. 이 과정을 걸친 DNA칩 영상은 그림2(c)이다.

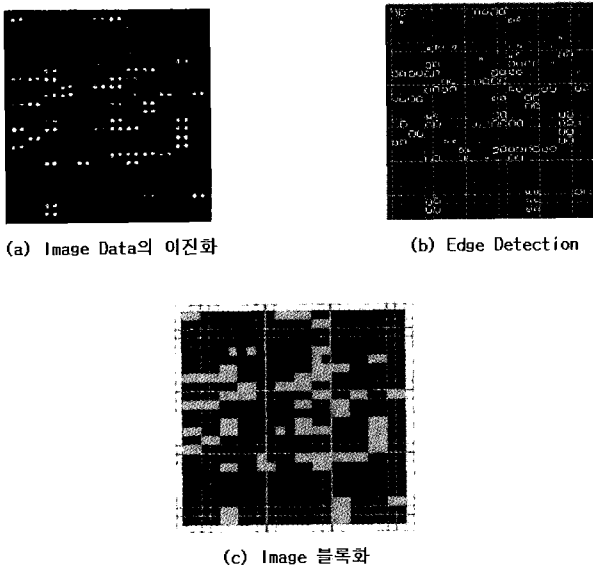


그림 2. DNA칩 영상 전처리 과정
Fig. 2. DNA Chip image Preprocessing

이와 같은 과정을 픽셀의 크기가 각기 다른 Red, Green, Blue, Gray의 색깔별로 나누어 각각 실행하며 이렇게 해서 나온 결과 값을 신경망 학습 알고리즘의 입력 값으로 사용하게 된다.

3. 학습 알고리즘

영상 전처리 과정을 통해 얻어진 24x24 크기의 spot 포인터를 신경망 알고리즘의 입력 값으로 사용하여 DNA칩 영상들을 학습시키는 과정을 거친 후 패턴을 분류하게 된다. 본 논문에서 학습 알고리즘으로 사용한 신경망은 실수, 이산 값이나 벡터를 학습 하는데 매우 일반적이고 실용적인 방법이다.

3.1 Back-Propagation에 의한 패턴 학습

MLP 기반 Back-propagation(BP) 알고리즘을 이용하여 DNA칩 영상을 학습 및 패턴 분류하는 알고리즘에서 초기 설정 값들은 다음 표 1과 같다. Input Units은 DNA칩 영상 전처리 과정을 통해 얻어진 24x24개의 spot 포인터 값을 일

력패턴으로 사용하고 중간에 Hidden Units은 9개로 주어지고 Output Units은 본 논문에서 크게 4개의 DNA칩 영상 형태로 패턴을 분류하므로 2개를 주어져서 4개의 경우 수가 [(0,0) (0,1) (1,0) (1,1)] 나올 수 있게 했다. 그리고 신경망은 활성화 함수를 통해 출력을 내보내는데 본 논문에서는 활성화 함수로 Sigmoid 함수를 사용하였다.

표 1. BP 학습 알고리즘의 파라미터 설정
Table 1. Parameter setting of BP

Parameter	Values
Input Units	24 × 24 (576)
Hidden Units	9
Output Units	2
Learning rate	0.04
Sigmoid Function	1/(1+e ^{-X})
Initialize weights	random

이렇게 초기 값들을 설정한 후 Input Units를 신경망에 입력하여 출력을 구한 후 교사 값과 출력 값의 오차 신호를 이용하여 은닉층과 출력층간의 연결 강도를 변경하고, 또한, 출력층의 오차 신호를 은닉층에 역전파하여 입력층과 은닉층과의 연결 강도를 변경하는 학습 방법이다.

그림 3은 이와 같은 BP 알고리즘의 학습 절차를 나타내는 그림이며 Setp 순서대로 학습이 이루어지며 색깔별로(Red, Green, Blue, Gray) 학습된 후 이것을 통합하여 하나의 DNA칩 영상의 정보를 획득할 수 있게 된다.

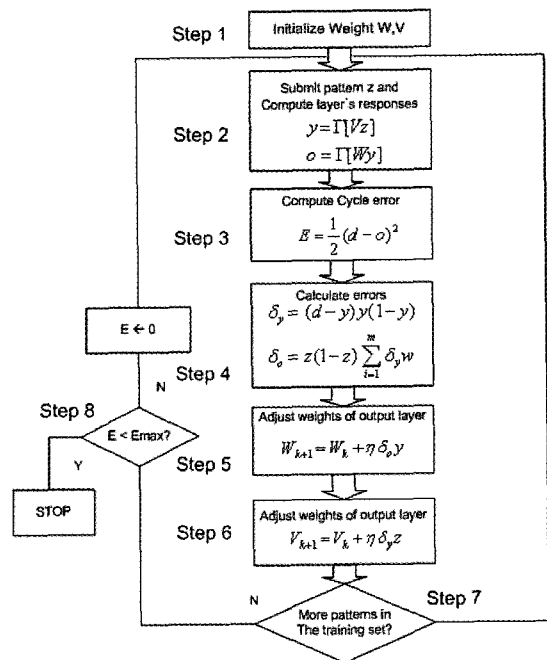


그림 3. BP을 이용한 학습 과정
Fig. 3. Learning process using BP

3.2 Self Organizing Map 사용한 패턴 학습 알고리즘

Self Organizing Map(SOM) 알고리즘을 이용하여 DNA칩 영상을 학습 및 패턴 분류하는 알고리즘에서 초기 설정 값들은 앞서 설명한 BP 학습 알고리즘과 동일한 조건에서 실험이 이루어진다. 하지만 SOM은 BP 알고리즘에 의하여

학습되는 MLP와는 달리 계층적인 구조를 가지고 있지 않으며, 첫 번째 층은 입력층이며 두 번째 층은 경쟁층으로써 모든 연결은 첫 번째 층에서 두 번째 층으로 완전 연결되어 있어서 생기는 구조적인 부분만 차이가 생긴다. 다음 표 2는 SOM의 초기 파라미터 설정 값이다.

표 2. SOM 학습 알고리즘의 파라미터 설정
Table 2. Parameter setting of SOM

Parameter	Values
Input Units	24 × 24 (576)
Output Units	2
Learning Time	1000
Learning rate	0.04
Weight Units	24 × 24 × 2(1152)
Initialize weights	random

SOM 신경망 모델은 앞의 즉 DNA칩 영상의 전처리 과정을 통해 얻어진 입력 패턴들을 그림 4와 같은 학습 과정을 통해 연속적으로 출력을 얻을 수 있다.

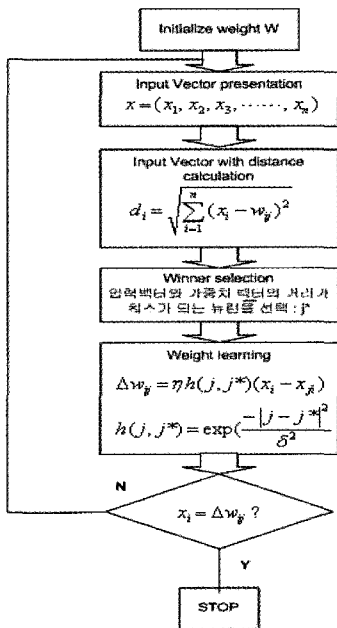


그림 4. SOM을 이용한 학습 과정
Fig. 4. Learning process using SOM

4. Pattern Classification

신경망을 이용하여 학습되어진 DNA칩 영상들을 패턴 분류하기 위한 시뮬레이터를 개발하고 총 12개의 DNA칩 영상들을 대입시켜 유전자 정보가 유사한 것끼리 분류가 되는 알고리즘을 구현하였다. 그리고 MLP를 통해 학습되어진 값들을 패턴 분류한 결과와 SOM 학습 알고리즘을 통해 학습되어진 값들을 패턴 분류한 결과를 나타내고 비교한다.

4.1 Simulator

다음 그림 5는 패턴 분류를 위한 시뮬레이터에 대한 그림이며 DNA칩 영상을 삽입시킨 후 BP 학습 알고리즘의 경우에는 Type A,B,C,D를 통해 교사값을 선택해 주고 SOM의 경우에는 비교사 학습이므로 이 절차가 생략된다. 그리고 cDNA_array라는 버튼을 클릭하면 패턴 분류결과가 화면과 같이 나타나며 색깔별 Error와 출력 값이 보이는 화면과 같이 표시된다.

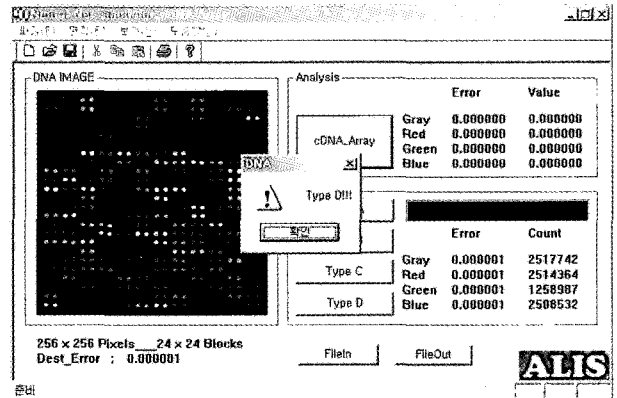


그림 5. 패턴 분류를 위한 시뮬레이터
Fig 5. Simulator for pattern classification

4.2 Multi Layer Perceptron을 이용한 패턴 분류 결과

본 실험에서 사용한 4가지 유형의 DNA칩 영상들이 MLP를 이용하여 패턴 분류를 하였으며 그 결과는 그림 6과 같으며 교사값 Type A와 Type D의 패턴 분류 결과는 90% 이상이며 Type B와 Type C의 패턴 분류 결과는 76~78% 정도였으며 이 두개의 패턴 분류 결과가 다른 것에 비해 떨어지는 이유는 두 개의 학습된 결과 값이 비슷해서이다.

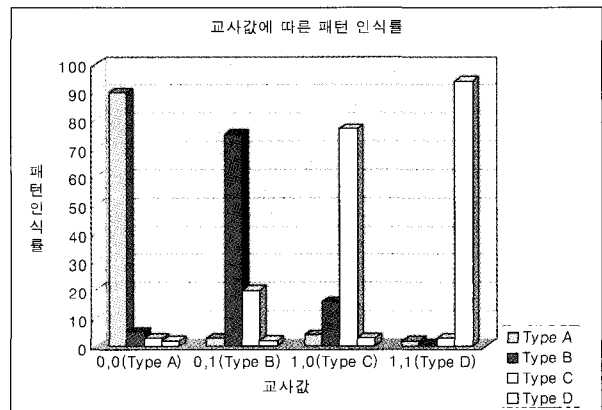


그림 6. 패턴 분류 결과
Fig 6 Pattern classification result

4.3 Self Organizing Map을 이용한 패턴 분류 결과

SOM은 유사한 패턴들끼리 자기 조직화를 이루어 패턴이 분류되므로 그림 7과 같으며 패턴 분류한 결과를 보면 Type A와 Type D, Type C는 정확히 패턴이 분류가 되지만 Type C와 Type B는 패턴 분류 결과가 우수하지 못하다.

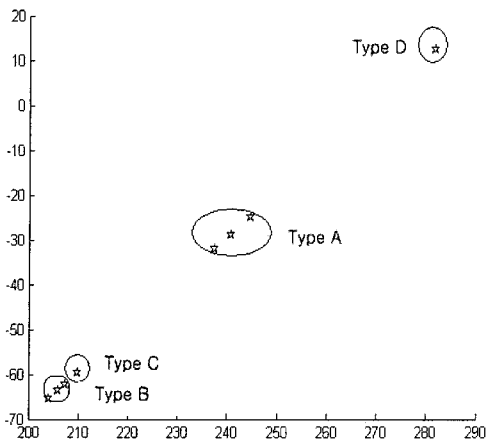


그림 7. 패턴 분류 결과
Fig 7. Pattern classification result

4.4 비교 실험

본 논문에서 사용한 두 가지의 신경망 알고리즘을 동일한 조건과 동일한 학습 횟수에서 에러율의 변화는 그림 8과 같으며 3000번의 학습을 전에는 SOM 학습 알고리즘이 우수하지만 그 이후에는 MLP 기반 BP 학습 알고리즘이 우수함을 알 수 있었다. 이와 같은 결과가 나타난 이유는 SOM 학습 알고리즘은 순방향 단층 교차 신경망이므로 적은 횟수에서 빠르고 정확한 패턴 분류가 결과를 얻을 수 있지만 학습 횟수가 증가함에 따라 순방향 다층 교차 신경망인 MLP 기반 BP 학습 알고리즘이 교차값에 의해 보다 정확한 패턴 분류 결과를 얻을 수 있기 때문이다.

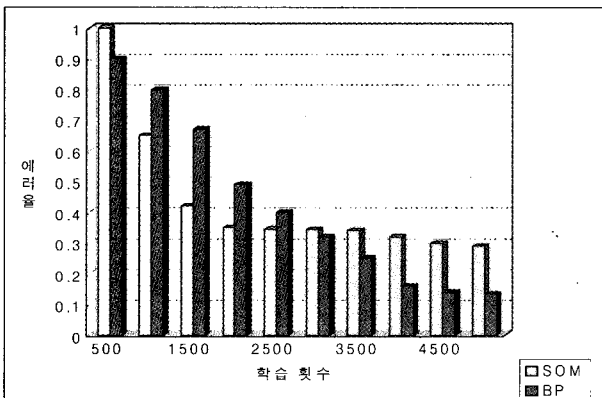


그림 8. 학습 횟수에 따른 오차율의 변화
Fig. 8. Learning rate for Error

5. ARM 보드에 구현

지금까지 DNA칩 영상 패턴 분류하는 알고리즘을 Desktop PC에 구현하였다. 하지만 사용자가 보다 빨리 유전자 정보를 획득하기 위해서는 일반적인 Desktop PC 뿐만 아니라 Mobile Device에도 구현이 필요하다. 그래서 본 논문에서는 Windows CE, NET 4.2 기반 삼성 S3C2440A를 CPU core로 사용한 MV2440A에 구현하였다.

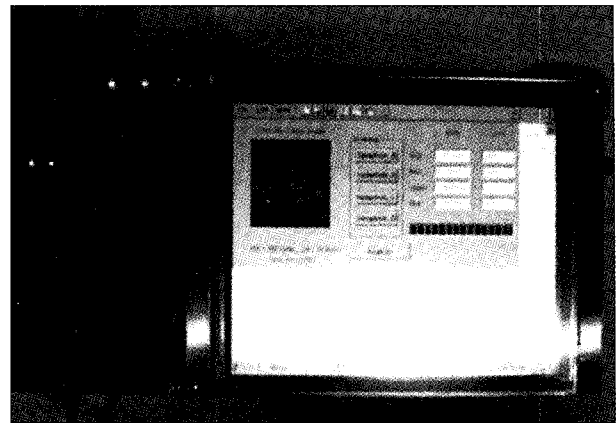


그림 9. MV2440A 보드에 구현한 사진
Fig. 9. Embodied picture in the MV2440A board

6. 결 론

Genome project로부터 가속화되고 있는 생명체들의 유용한 정보를 이용하는 산업분야는 생명체 기원에 대한 정보를 얻게 하고 나아가 인간을 질병으로부터 해방시킬 수 있는 가장 유력한 방법으로 제시되어지고 있다. 이러한 엄청난 과학적/경제적 잠재력을 지닌 유전자산업은 현재 미국 전체의 가장 큰 시장을 형성하고 있는 보건의료산업 뿐만 아니라, 농업, 식품, 환경 및 화학 산업의 분야에서 원천 기술 개발을 할 수 있게 하여 새로운 경제시장을 형성시키고 있다. DNA 칩은 또한 지금까지 알지 못했던 유전자들의 상호 연관성을 규명하는 실험적 수단으로 최근에 개발된 유전정보를 분석할 수 있는 여러 방법 중 가장 주목받고 있는 방법이다.

특히 개인 간, 인종 간, 개체 간, 또는 건강인과 환자 간의 유전자 구조의 차이를 밝힘으로 암이나 유전병을 일으키는 돌연변이를 찾을 수 있고 장기이식 전 조직 적합성 검사, 약제내성연구, 결핵이나 인유두종 바이러스 등의 병원성 미생물 바이러스의 동정, 친자 확인, 유전자 변이 가계도의 작성, 법의학, 고고학 등 광범위한 부분의 발전에 기여할 것이다. 이는 당뇨병, 심혈관 질환, 비만, 골다공증, 암 등의 만성 질환이나 불치병에서 발견되는 돌연변이의 탐색 또는 이들 질병의 소인이 되는 유전자들의 구조의 차이점을 밝힘으로 신약개발과 궁극적으로는 유전자 치료 영역에서 획기적인 발전에 기여하리라 예측되며, 생명과학의 연구뿐만 아니라, 환경보존, 농업, 식품, 법의학 및 군사부분 등에 광범위하게 이용될 것으로 예측되고 있다.

본 논문에서는 특정한 질병 또는 유전적 돌연변이의 발현을 색상 또는 명암의 강도로 표현하는 DNA칩 영상에 대해 패턴 분류할 수 있는 Algorithm을 개발하였으며 ANN를 사용하여 DNA칩 영상 패턴 분류 시뮬레이터를 만들었다. 이것은 네 개의 DNA칩 영상을 분류해 낼 수 있으며 시뮬레이터 내에서 ANN의 weight 값의 update가 가능하며 실험에 사용된 DNA칩 영상는 24x24 크기의 spot 포인터 이다.

만약 시스템이 ANN을 처리할 만큼 충분히 강력하지 못하다면 시스템의 수행능력이 현저히 떨어지게 될 것이다. 본 시스템은 Pentium 급 Desktop Computer 뿐만 아니라 다양한 Mobile Device 또한 목표에 두고 있으므로 보다 빠르고 Simple하게 Algorithm의 수정이 있어야 할 것이며 앞으로 해결되어야 할 과제이다.

참 고 문 헌

[1] D. Fausett, "Strictly Local Backpropagation", *Proc. of IEEE Int. Joint Conf. on Neural Networks*, vol. III, pp. 125 - 130, 1990.

[2] M. B. Eisen, P. T. Spellman, P. O. Brown, and Botstein, "Cluster analysis and display of genome-wide expression patterns", *Proc. of National Academy of Sciences of the USA*, vol. 95, pp. 14863-14868, December 1998.

[3] A. Ben-Dor, "Clustering Gene Expression Patterns", *Journal of Computational Biology*, pp. 281-297, July 1999.

[4] E. Hartuv, "An Algorithm for Clustering cDNAs for Gene Expression Analysis", *RECOMB '99*, pp. 188-197, 1999.

[5] P. Tamayo, "Interpreting patterns of gene expression with self-organizing maps: Methods and application to Hematopoietic differentiation", *Proc. of National Academy of Sciences of the USA*, vol. 96, pp. 2907-2912, March, 1999

[6] Pan-Gyu Kim, "A SOM(Self-Organizing Map) based Clustering Method", *Technical Report of Pusan National University*, 2000.

[7] 이미경 "DNA chip의 이해와 이미지 처리", *Technical Report of Pusan National University*, 2000.

[8] 여상수, "DNA 마이크로어레이 데이터 클러스터링 알고리즘의 연구 동향", *정보통신연구소 논문집*, pp. 19-27, 2001.

[9] E. P. Xing, "Clustering of High dimensional micro array data via iterative feature filtering using normalized cut", *ISMB 2001*, 2001.

[10] 임종윤, "자기조직 신경망을 이용한 기능적 뇌영상 시계열의 군집화", *서울대학교*, 2002

[11] Paolo Arena and Luigi Fortuna, "A CNN Algorithm for Real Time Analysis of DNA Microarrays," *IEEE Transactions on Circuits and Systems*, vol 49, pp. 335-340, March 2002.

[12] 이동훈, 심귀보, "MLP에 기반한 감정인식 모델개발", *한국퍼지 및 지능시스템학회 논문지*, 제16권, 3호, pp. 372-377, 2006.

[13] D. W. Kim and K. B. Sim, "Development of Neural Network Based Pattern Classification System for cDNA Micro Array", *Proc. of the 10th Int. Symp. on Artificial Life and Robotics (AROB 11th '06)*, pp. 560-563, Jan. 23-25, 2006.

[14] 주종태, 김대욱, 심귀보 "Self Organizing Map (SOM)을 이용한 DNA칩 이미지 패턴 분류 알고리즘," *제어자동화시스템 심포지엄(CASS 2006) 논문집*, pp. 174-177, 2006. 6. 1-3.

저 자 소 개



주종태(Jong-Tae Joo)

2006년 : 순천대학교 전기제어공학과
공학사

2006년 현재 : 중앙대학교 전자전기공학부
석사과정

관심분야 : Embedded OS, Robotics, Digital 영상 처리,
Machine Vision.



김대욱(Dae-Wook Kim)

2004년 : 중앙대학교 전자전기공학부
공학사

2006년 8월 : 동대학원 전자전기공학부
공학석사

2006년 9월 ~ 현재 : (주)로보터스 연구원

관심분야 : Embedded OS & System Design, Digital 영상
processing & Machine Vision, Hardware
Application Design



심귀보(Kwee-Bo Sim)

1990년 : The University of Tokyo
전자공학과 공학박사

1991년 ~ 현재 : 중앙대학교
전자전기공학부 교수

[제16권 4호(2006년 8월호) 참조]

2006년 ~ 현재 : 한국퍼지 및 지능시스템학회 회장

E-mail : kbsim@cau.ac.kr

Homepage URL : http://alife.cau.ac.kr

Phone : +82-2-820-5319