



저작자표시-비영리-변경금지 2.0 대한민국

이용자는 아래의 조건을 따르는 경우에 한하여 자유롭게

- 이 저작물을 복제, 배포, 전송, 전시, 공연 및 방송할 수 있습니다.

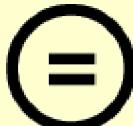
다음과 같은 조건을 따라야 합니다:



저작자표시. 귀하는 원 저작자를 표시하여야 합니다.



비영리. 귀하는 이 저작물을 영리 목적으로 이용할 수 없습니다.



변경금지. 귀하는 이 저작물을 개작, 변형 또는 가공할 수 없습니다.

- 귀하는, 이 저작물의 재이용이나 배포의 경우, 이 저작물에 적용된 이용허락조건을 명확하게 나타내어야 합니다.
- 저작권자로부터 별도의 허가를 받으면 이러한 조건들은 적용되지 않습니다.

저작권법에 따른 이용자의 권리와 책임은 위의 내용에 의하여 영향을 받지 않습니다.

이것은 [이용허락규약\(Legal Code\)](#)을 이해하기 쉽게 요약한 것입니다.

[Disclaimer](#)



MRI를 이용한 치매 진단을 위한 패턴인식 기법의 비교평가에 대한 연구

Comparative Study on Pattern Recognition Techniques
for Diagnosis of Alzheimer's Disease using MRI data

2015년 2월 25일

조선대학교 산업기술융합대학원

소프트웨어융합공학과

고 종 민

MRI를 이용한 치매 진단을 위한 패턴인식 기법의 비교평가에 대한 연구

지도교수 이 상 웅

이 논문을 공학석사학위신청 논문으로 제출함.

2015년 10월

조선대학교 산업기술융합대학원

소프트웨어융합공학과

고 종 민

고종민의 석사학위논문을 인준함

위원장 조선대학교 교수 강문수 (인)

위원 조선대학교 교수 양희덕 (인)

위원 조선대학교 교수 이상웅 (인)

2015년 11월

조선대학교 산업기술융합대학원

목 차

ABSTRACT

I. 서론	1
1. 치매의 개념	1
2. 치매연구 배경 및 목적	2
3. 치매연구 내용 및 방법	4
II. 관련 연구	5
1. PCA	5
2. LDA	8
3. SVM	10
3.1 선형 SVM	10
3.2 비선형 SVM	11
4. Deep Learning	12
4.1 ANN	12
4.2 CNN	14
III. 연구방법	18
1. 비교평가단계 구성	17
2. MRI 전처리 과정	18
IV. 실험 및 결과	21
1. 데이터셋	21
2. 실험 결과 분석	24
V. 결론	33
참고문헌	34

그 림 목 차

[그림 1-1] 치매노인의 증가 추이 및 전망	2
[그림 2-1] 주성분분석 변환	6
[그림 2-2] 선형판별분석 변환	8
[그림 2-3] 서포트 벡터 머신 기본 원리	10
[그림 2-4] 슬랙변수를 이용한 소프트 마진	11
[그림 2-5] 활성화 함수 종류	13
[그림 2-6] 뉴런 구조와 인공신경망의 구조	14
[그림 2-7] 컨볼루션 신경망 구조	15
[그림 2-8] 컨볼루션 계산 과정	15
[그림 2-9] 최대값 풀링(Max Pooling)	16
[그림 3-1] 비교평가 단계 구성	17
[그림 3-2] 뇌의 두께 색상정보	18
[그림 3-3] 뇌분할 영역1	19
[그림 3-4] 뇌분할 영역2	19
[그림 4-1] 베이스라인 데이터에 대한 주성분분석 결과	23
[그림 4-2] 베이스라인 데이터에 대한 선형판별분석 결과	24
[그림 4-3] 1차 다항식 커널 실험결과	25
[그림 4-4] 2차 다항식 커널 실험결과	25
[그림 4-5] 3차 다항식 커널 실험결과	26
[그림 4-6] 다항식 차수에 따른 정확도	26
[그림 4-7] RBF 커널에 해당하는 정확도	27
[그림 4-8] 각 커널에 해당하는 정확도	28
[그림 4-9] 기본 신경망 구조	29
[그림 4-10] 입력층과 출력층만 있는 신경망 결과	29
[그림 4-11] 히든층 1개로 구성된 신경망 결과	30
[그림 4-12] 히든층 2개로 구성된 신경망 결과	30
[그림 4-13] 히든층 3개로 구성된 신경망 결과	31
[그림 4-14] 히든개수에 따른 정확도	32

표 목 차

[표 4-1] 베이스라인 특징	20
[표 4-2] FreeSurfer 결과에 해당하는 영역	21
[표 4-3] 뇌의 영역에 해당하는 명칭	22

ABSTRACT

Comparative Study on Pattern Recognition Techniques for Diagnosis Alzheimer's Disease using MRI data

Jongmin Ko

Advisor : Prof. Sang-Woong Lee, Ph.D

Department of Software Convergence
Engineering

Graduate School of Chosun University

As the trend of aging in Korea grows rapidly, age-related diseases are also becoming more serious. There is a type of dementia, Alzheimer's disease, Frontotemporal Dementia, Parkinson's Dementia, Lewy Body Dementia, Vascular Dementia, Chronic Tranumatic Encephalopathy. In particular, dementia, especially, Alzheimer's disease (AD), is one of the increasing concerns because the incidence rate is increasing with age. Depending on the recent researches that AD can be cured if it can be early diagnosed, the importance of early diagnosis of AD are getting more attention. There are several neuroimaging methods such as Positron Emission Tomography(PET) and Magnetic Resonance Imaging(MRI) for diagnosis of AD.

The main aim of this research is to distinguish patients using MRI data which are easily affordable to us these days. For this purpose, we compared several classification algorithms in the field of pattern recognition using MRI-specific information. More specifically, for the classification of cognitively normal (CN), mild cognitive impairment (MCI), and AD subjects, we used

Principal Component Analysis(PCA), Linear Discriminant Analysis(LDA), Support Vector Machine(SVM), Neural Networks (NNs), and Deep Learning.

We briefly analyzed the characteristics of each algorithm, and compared them in the classification problemto find the suitable algorithm for assisting the diagnosis of AD progression. A result indicates the degree to distinguish the cognitively normal(CN), mild cognitive impairment(MCI), and Alzheimer's disease(AD). The results of the principal component analysis and linear discriminant showed the picture, The result of support vector machine is about 63%, Neural Networks is about 39%, Convolution Neural Networks is about 33%. We still use support vector machine algorithms. But more than 150 features, more than 1000 data is expected that, if I get a good result in Deep Learning.

I . 서론

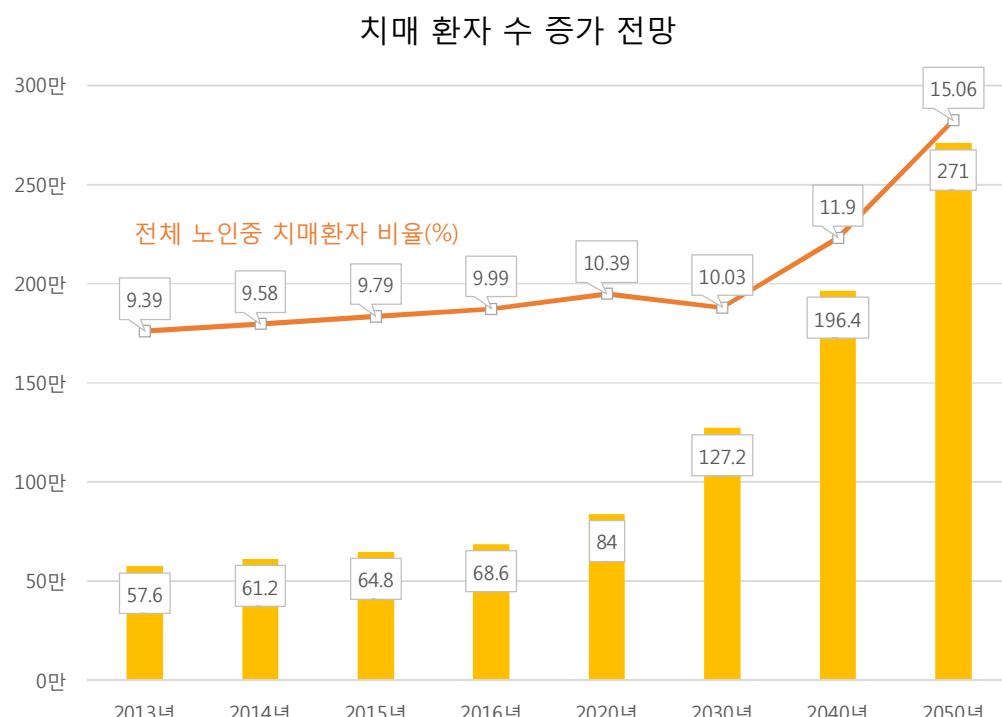
1. 치매의 개념

치매는 정신이 제거된 질병이라는 의미를 가지고 있다. 오래전 우리 선조들은 치매를 노망이라고 하여 노인이 되어서 모두 겪게 되는 과정으로 생각해 왔다. 하지만 지금은 치매가 치료에 의해 호전될 수 있다는 연구가 진행됨에 따라 많은 관심이 기울여지고 있다. 치매의 유형으로는 알츠하이머병(Alzheimer's Disease), 전두 측두엽 치매(Frontotemporal Dementia), 파킨스병(Parkinson's Dementia), 루이체 치매(Lewy Body Dementia), 혈관성 치매(Vascular Dementia), 만성 외상성 뇌병증(Chronic Traumatic Encephalopathy) 등이 있다. 이중에서 가장 흔한 병은 알츠하이머병으로 전체 치매 중 60~70%를 차지한다. 알츠하이머는 뇌세포 감소에 의해 진행이 되며 기억, 판단, 시공간 능력이 손상되면서 발생이 된다. 알츠하이머는 가족력, 유전자 유형, 성별에 의해서도 발생이 된다. 특히 알츠하이머병은 연령이 증가함에 따라서 5년마다 유병률이 거의 2배씩 증가하여 60대 후반은 2%, 70대 초반은 3%, 70대 후반은 7%, 80대 초반은 13%, 85세 이상은 27%의 유병률을 보이며 알츠하이머병에 대한 사망률도 점점 높아지고 있다[1][2].

1999년 미국 Mayo Clinic의 Petersen 등이 경도인지장애(Mild Cognitive Impairment, MCI)를 정의하였는데 경도인지장애는 인지기능의 상태가 정상과 치매의 중간단계에 있음을 나타낸다. 매년 10~15% 정도 경도인지장애군에서 치매로 진행된다. 경도인지장애군에도 2가지로 다시 나눌 수 있는데 안정적인 경도인지장애(stable MCI)와 진보적인 경도인지장애(progressive MCI)로 나눌 수 있다. 안정적인 경도인지장애군은 더 이상 치매로 진행되지 않고 일상생활에 크게 영향을 주지 않으며 기억 손상이 된 환자군이고, 진보적인 경도인지장애군은 정상군에서 기억 손상이 진행된 상태에서 치매로 가는 경우를 말한다[3].

2. 치매연구 배경 및 목적

현재 의학과 과학이 발전됨에 따라 인간의 삶의 질이 향상되면서 수명도 연장되고 있다. 21세기 현재 우리나라는 다른 선진국에 비해 고령화 현상이 매우 빠르게 진행되고 있으며 고령인구가 매년 증가하는 추세이다. 따라서 고령화 사회를 준비할 시점에 이르고 있다. 급속한 고령화로 인한 노인성 질환도 급증하고 있는 현황이다. 노인성 질환인 치매는 65세 이상 노인에서 발병률이 크게 증가하는데 그 수는 5년마다 두 배씩 증가한다. 우리나라에서도 고령화 사회에 따른 치매 환자가 증가하고 있는데 2030년에는 100만 명, 2050년에는 200만 명에 이를 것으로 예측된다.



[그림 1-1] 치매노인의 증가 추이 및 전망

출처 : <http://www.eknews.net/xe/416128>

우리나라 알츠하이머병의 진행성에 따른 장기적 치료로 인해 가족의 고통이 사

회적, 경제적 부담으로 가중되어 나타나며 치매로 인한 진료비가 노인성 질환에 대한 진료비의 약 30%를 차지하는 수준이다. 우리나라뿐만 아니라 전 세계적으로 치매에 해당하는 진료비가 2010년에 670조 원에 도달하였으며 국내 총 비용도 2010년에 8조 7천억 원으로 사회·경제적으로 부담을 주고 있는 실정이다.

현재 치매에 처방되는 약은 치료제가 아니라 치매 증상을 경감시키면서 진행을 억제하는 효과를 가지는 약물일 뿐 치매를 완치하는 치료제는 개발되어 있지 않다. 치매를 억제하는 인지 재활 훈련도 있지만 이는 초기에 진단이 이루어지지 않는다면 이와 같은 치료법은 효과가 반감되므로, 치매 초기 예측과 진단이 현재 할 수 있는 최선책이라고 할 수 있다. 치매는 발병 이전 단계에서 초기 발견 시 치매의 발병이나 진행을 근본적으로 차단할 수 있는 치료방법 개발의 가능성이 높아짐에 따라 미리 예측할 수 있는 기술의 필요성이 높아지고 있다[4][5][6].

3. 연구 내용 및 방법

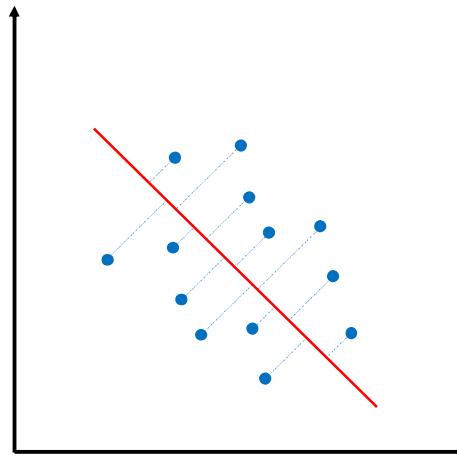
치매 조기 진단이 가능한 경우, 약물이나 인지 재활 훈련을 통해 환자의 치매 진행을 더디게 할 수 있으므로 양전자단층촬영(PET : Positron Emission Tomography)에 비해 촬영시간이 짧고 비용이 저렴한 자기공명영상(MRI : Magnetic Resonance Imaging) 데이터를 활용하여 정상, 경도인지장애군, 치매환자를 구분하기 위해 이미 알려진 알고리즘인 주성분분석(PCA : Principal Component Analysis), 선형판별분석(LDA : Linear Discriminant Analysis), 서포트 벡터 머신(SVM : Support Vector Machine), 딥 러닝 알고리즘을 활용하여 분석하고 정리하는 기술적 접근을 주로 사용하고자 한다.

본 논문에서는 패턴인식에 대표적인 알고리즘을 기반으로 학습 모델을 사용하여, 치매 조기 예측이 가능하도록 각 알고리즘을 비교 분석한다. 선행연구에서 실시한 알고리즘에 대하여 각 특징에 대해 설명하고, 선형분류에 해당하는 주성분분석, 선형판별분석에 대해 1차적으로 비교 평가한다. 선형분류에 속하면서 비선형분류에도 사용되는 서포트 벡터 머신을 앞에서 분석한 주성분분석, 선형판별분석과 다시 비교 평가 하고, 선형분류와 비선형분류의 조합을 통한 딥 러닝을 활용해 전체 알고리즘과 비교 평가한다.

II. 관련 연구

1. PCA(Principal Component Analysis)

주성분분석(PCA : Principal Component Analysis)은 고차원의 데이터를 낮은 차원의 형태로 표현하고 우리가 눈에 보이기 쉽게 만들거나 데이터를 다루기 쉽게 해주는 통계적인 다변량 데이터 처리 방법이다. 주성분분석은 주요성분을 찾는데 큰 의의를 두고 있다. 주성분분석은 전체 데이터들의 정보를 가지고 데이터들의 분산이 큰 몇 개의 주요성분을 축으로 선형 투영시켜서 차원을 줄이는 방법으로 데이터 안에서의 패턴을 인식하여 그 자료의 특징을 나타낸다. 주요성분이라는 것은 데이터의 특징을 나타내는 여러 변수들 중에 그 데이터를 잘 나타낼 수 있는 변수 조합의 성분이다. 이렇게 여러 변수들을 잘 나타낼 수 있는 변수는 다시 그 데이터의 하나의 특징이 될 수 있다[7][8][9][10][11]. [그림 2-1]은 2차원 데이터를 주성분분석 변환을 통해 1차원으로 차원을 감소시킨 후 투영되는 것을 보여준다. 파란색으로 색칠 된 데이터들이 2차원 상에서 보이는 데이터이며, 파란색 테두리를 가지고 있는 데이터는 2차원에서 1차원으로 축소되었을 때, 첫 번째 주성분 축을 가지고 데이터를 투영한 모습을 보여준다. 첫 번째 주성분 축을 나타낼 때 데이터들의 분산이 가장 큰 방향으로 축을 그릴 수 있다. 3차원의 데이터를 나타내게 된다면, 3개의 축을 2개의 축으로 줄일 수 있으며, x축에 해당하는 축은 전체 데이터에서 분산이 가장 큰 축이다. y축에 해당하는 축은 분산이 가장 큰 축에 직교하는 성분으로 이루어진 축이다. 2차원 데이터를 [그림 2-1]과 같이 표현하게 되면 데이터가 어느 방향으로 분포 되어 있는지 눈으로 쉽게 구별할 수 있다.



[그림 2-1] 주성분분석 변환

출처 : <http://deepcumen.com>

다음은 주성분분석 계산하는 방법을 소개한다. 다음 식 (1)과 같은 n차원의 데이터 x 가 존재 할 때,

$$D = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}, x_i \in R^d \quad (1)$$

데이터들의 평균을 구하는 방법은 식 (2)와 같다. 데이터들의 합을 전체 데이터의 수로 나눈다. 데이터의 각 차원에 대한 평균을 추출한다.

$$\hat{\mu} = \frac{1}{n} \sum_i (x_i) \quad (2)$$

추출된 평균을 가지고 제로 평균을 구한다. 제로 평균이란 원 데이터에서 평균을 뺀 값인데, 즉 원점을 데이터들의 중심으로 옮긴다. 제로 평균을 가지고 공분산 행렬(Covariance Matrix)을 구하는데, 공분산 행렬을 구하는 방법은 식 (3)과 같다. 공분산은 데이터간의 관계를 나타내는 지표이다.

$$\widehat{\Sigma} = \frac{1}{n} \sum_i (x_i - \hat{\mu})(x_i - \hat{\mu})^T \quad (3)$$

고유 값과 고유 벡터를 구하는 방법은 식 (4)와 같다.

$$\widehat{\Sigma} = \Phi \Lambda \Phi^T, \quad \Lambda = \text{diag}(\sigma_1^2, \dots, \sigma_n^2) \Phi^T \Phi = I \quad (4)$$

고유 값을 정렬하게 되면 식 (5)와 같다.

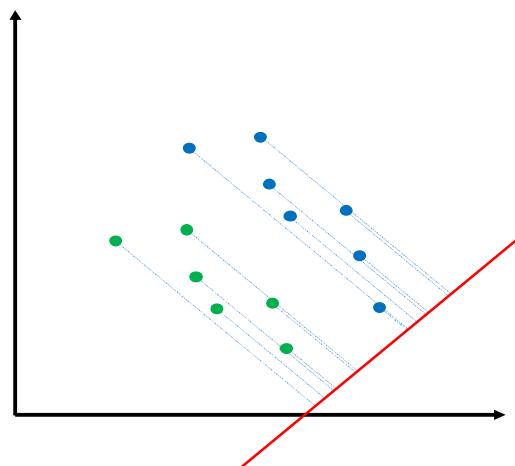
$$\sigma_1^2 > \dots > \sigma_n^2 \quad (5)$$

고유 값의 크기순으로 배열 했을 때 k 개의 고유벡터는 식 (6)과 같다.

$$\Phi_{PCA} = [\phi_1, \phi_2, \dots, \phi_k] \quad (6)$$

2. LDA(Linear Discriminant Analysis)

선형판별분석(LDA : Linear Discriminant Analysis)은 주성분분석과 같이 고차원의 데이터를 낮은 차원으로 표현하는데 Fisher 선형 판별(FLD : Fisher's Linear Discriminant) 개념을 도입하였다. 학습된 2개 이상의 클래스를 판별하는 변수 조합을 찾는 알고리즘이다. 같은 클래스에 속한 데이터들의 분산(Within-class Scatter)은 최소로 하고 각각 클래스간의 분산(Between-class Scatter)은 최대로 하여 주성분분석에서 가장 큰 문제점인 클래스간의 중첩문제가 발생할 경우 분류하기 힘든 문제를 해결하는데 효과적인 알고리즘이다[11][12]. [그림 2-2]는 2차원의 클래스 정보가 있는 데이터를 1차원으로 투영되는 것을 보여준다. 주성분분석에서의 데이터와 같은 데이터인데, 주성분분석에서는 모두 파란색 데이터였는데 이를 파란색과 초록색으로 나누어서 각 클래스를 나타내었다. 각 데이터들을 빨간색 선을 축으로 투영된다. 이때, 빨간색 선은 주성분분석과 비슷하게 축이 만들어지는데 이 축은 각 클래스 정보를 가지면서, 클래스 내의 데이터들의 분산은 작게 만들면서, 클래스 간의 데이터들의 분산은 크게 만드는 축이 생성된다.



[그림 2-2] 선형판별분석 변환

출처 : <http://deepcumen.com>

Fisher의 선형판별식은 클래스는 클래스 내 분산으로 평균 간의 차이를 정규화하

여 목적 함수로 표현하고 이를 최대화 시키는 방법이다. 먼저 사영 표본의 각 클래스에 대한 분산은 식 (7)과 같다.

$$\tilde{s}_i = \sum_{y \in \omega_i} (y - \tilde{\mu}_i)^2 \quad (7)$$

사영 표본에 대한 클래스내의 분산은 식 (8)과 같다.

$$\tilde{s}_1^2 + \tilde{s}_2^2 \quad (8)$$

이에 해당하는 목적함수는 식 (9)와 같다.

$$J(W) = \frac{|\tilde{\mu}_1 - \tilde{\mu}_2|^2}{(\tilde{s}_1^2 + \tilde{s}_2^2)} \quad (9)$$

위의 목적함수를 최대화하는 선형 변환행렬 W 를 찾아낸다. 사영 분산과 사영된 데이터들의 평균간 거리를 이용하여 Fisher의 목적함수를 정리하면 식 (10)과 같다.

$$J(W) = \frac{W^T S_B W}{W^T S_W W} \quad (10)$$

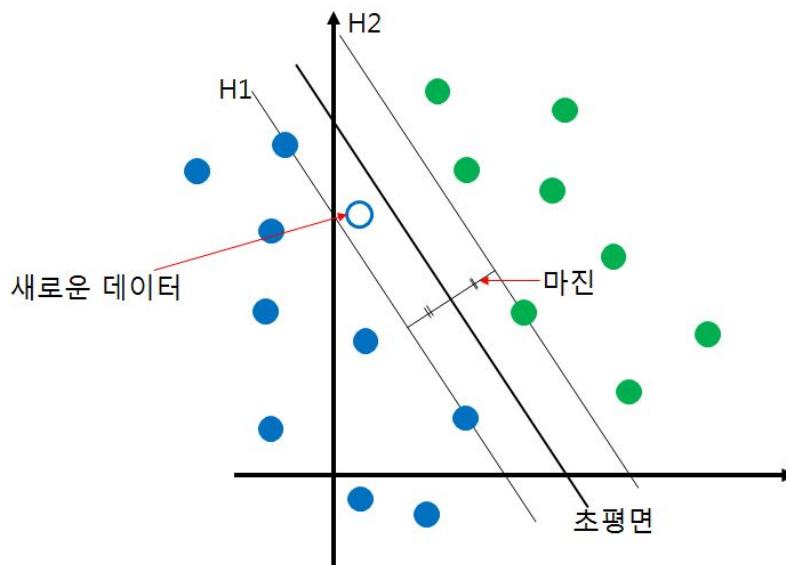
S_B 는 각 클래스간의 분산을 의미하고, S_W 는 클래스내의 분산을 의미한다. 위의 조건을 만족시키는 W 는 $S_W^{-1}S_B$ 의 고유벡터가 되며, 목적 값은 W 의 고유 값이 된다.

3. SVM(Support Vector Machine)

서포트 벡터 머신(SVM : Support Vector Machine)은 Vapnik에 의해 제안되었고, 패턴인식 분야의 기계학습 분야로 자료 분석을 위한 지도 학습 모델이다. 서포트 벡터 머신은 분류문제를 풀기 위해 개발 되었으나 회귀분석에도 적용되어 다양한 분야로 응용에서 좋은 성능을 보여주는 알고리즘이다[13].

3.1 선형 SVM

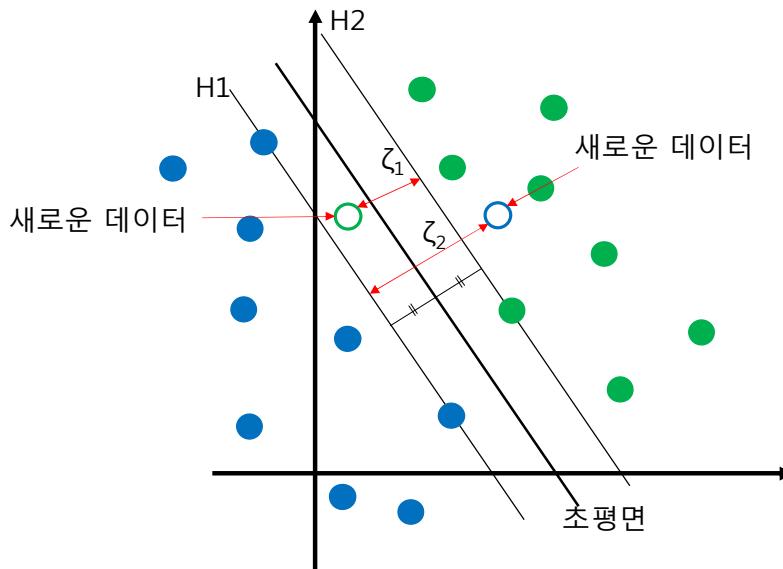
최대 마진을 이용한 분류 방법으로, 아래 [그림 3-1]과 같이 파란색 데이터와 초록색 데이터가 학습 데이터로 주어졌을 경우, 각 데이터 간의 경계에 있는 데이터에 H1, H2선을 그는다. H1, H2에 해당하는 선은 무수히 존재할 수 있지만 두 선분 사이에 데이터가 존재하지 않는다는 점과 두 선분 사이의 거리 마진이 최대가 된다는 조건을 가지고 서포트 벡터 머신의 초평면이 하나로 정해지도록 한다. 파란색 테두리를 갖게 되는 새로운 데이터가 들어오게 되는 경우 마진으로 인해 올바르게 예측된다는 것을 알 수 있다.



[그림 2-3] 서포트 벡터 머신 기본 원리

출처 : <http://iiai.blog.me/98066736>

하지만 초평면을 구하게 될 때 [그림 2-4]와 같이 H1과 H2 사이에 다른 클래스의 데이터가 존재하는 경우가 대부분이므로, 슬랙변수(ζ)를 가지는 소프트 마진 기법을 이용하여 초평면을 구한다.



[그림 2-4] 슬랙변수를 이용한 소프트 마진

출처 : <http://iiai.blog.me/98066736>

3.2 비선형 SVM

서포트 벡터 머신은 슬랙변수를 이용한 소프트 마진을 적용하더라도 비선형분류에서는 효과적인 성능을 낼 수 없다는 한계가 존재하였지만, 커널(kernel) 함수를 이용한 맵핑 방식을 적용하면서 비선형 문제를 해결한다. 선형 분석으로 불가능한 데이터들을 비선형 공간으로 옮겨주는 사상함수 $\Phi(x)$ 의 내적으로 정의 된다. 커널 함 수 $K(x,y)$ 는 식 11과 같다.

$$K(x,y) = \langle \Phi(x), \Phi(y) \rangle \quad (11)$$

주로 사용 되는 커널은 polynomial, Radial, Gaussian 커널 등이 있다.

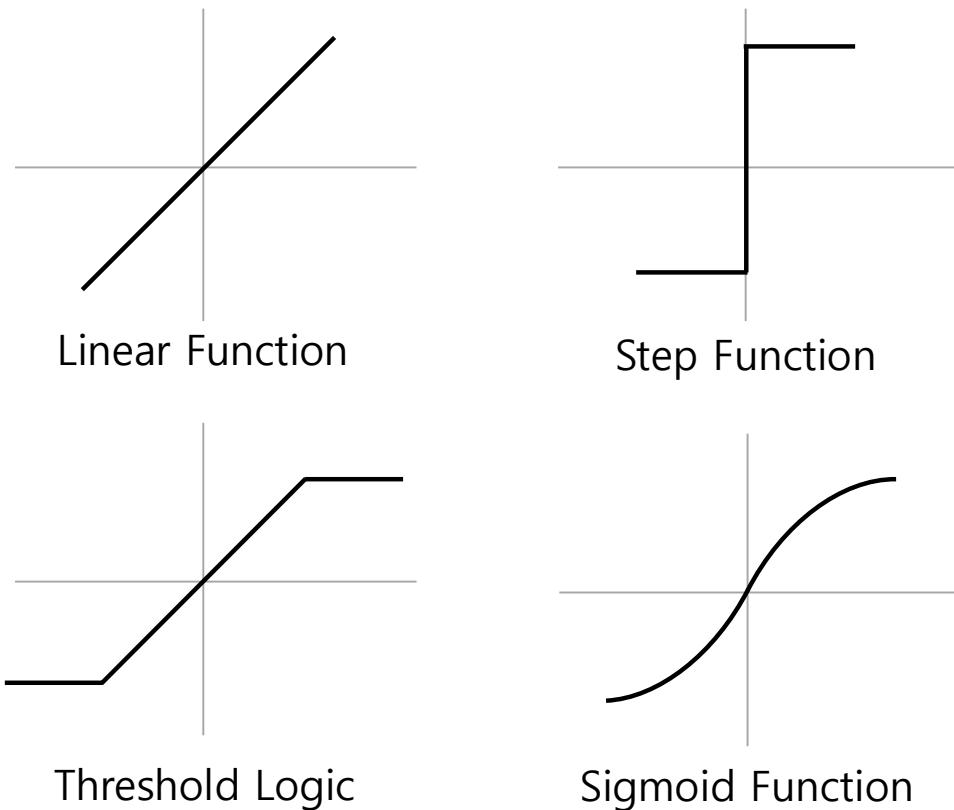
4. Deep Learning

딥러닝은 여러 선형, 비선형 변환기법의 조합을 통해 높은 수준의 추상화를 시도하는 기계학습 알고리즘이다. 기계학습은 1990년대에 베이지안 네트워크(Bayesian Networks), 서포트 벡터 머신(Support Vector Machine) 등이 데이터마이닝, 정보 검색 등에 활용되기 시작하였고, 2000년대 후반의 기계학습은 애플의 시리(Apple Siri), IBM Watson, 구글 무인자동차 등에 활용되었다. 최근에 딥러닝은 음성인식, 물체인식 등에 활용되고 있다. 각종 인공신경망 구조는 1980년 Kunihiko Fukushima에 의해 알려졌고, 1989년 Yann Lecun의 알고리즘에 기반하여 깊은 신경망(Deep Neural Networks)이 알려지게 되었다. Deep이라는 것은 많은 은닉층과 뉴런을 가지고 있는 것이 특징이다. 그러나 딥러닝은 학습이 느리고, 과다학습 문제로 인해 가치를 잃다가 학습 알고리즘의 진화와 하드웨어 성능 향상, 빅데이터 시대가 열림에 따라 최근에 다시 딥러닝이 부활하게 되었다. 딥러닝에서 가장 기본적인 알고리즘은 인공신경망이다[17][18][21].

4.1 ANN(Artificial Neural Networks)

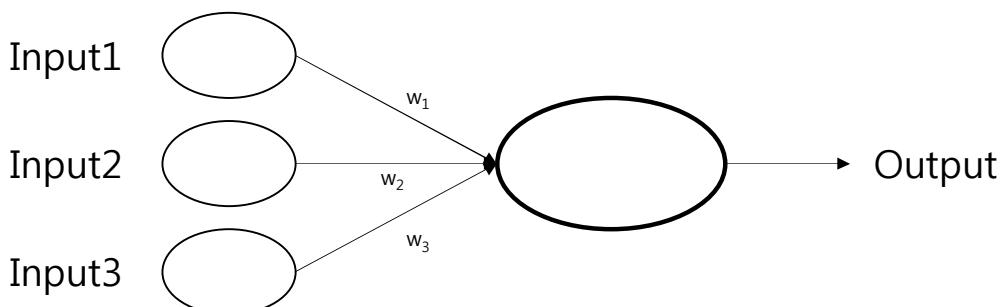
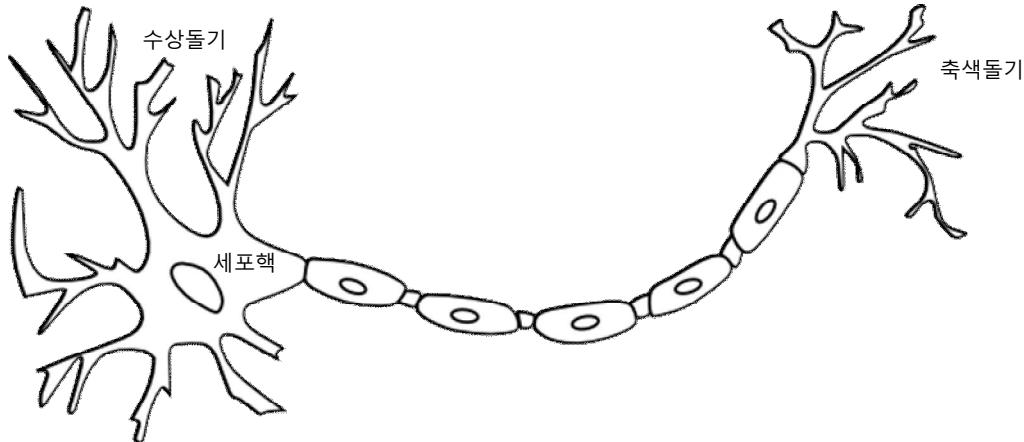
인공신경망은 인간의 신경망의 구조를 모방한 알고리즘이다. 뉴런의 수상돌기는 인공신경망에서 입력신호이고, 뉴런의 세포체는 인공신경망에서 입력신호와 각 입력신호의 연결강도를 계산한 영역이며, 뉴런의 축색돌기는 인공신경망에서 입력신호와 연결강도를 계산한 결과 값이라고 볼 수 있다. 인공신경망 구조에는 피드포워드 신경망(Feed Forward Neural Network) 구조가 있고, 백프로파게이션 신경망(Back Propagation Neural Network)구조로 이루어져 있다. 각 신경망에는 출력을 결정하기 위해 입력 신호와 연결 강도를 곱하고 나서 모두 합한 값에 대해 활성화 함수(activation function)을 적용한다[14][15][16][17][19]. [그림 2-5]와 같이 활성화 함수로는 계단함수(Step Function), 선형함수(Linear Function), 문턱 논리(Threshold Logic), 시그모이드 함수(Sigmoid Function)로 이루어져 있다. 출력 단에는 비선형 활성함수가 많이 쓰이는데, 예전에는 계단 함수(Step Function)을 많이 사용하였다. 하지만 시그모이드 함수(Sigmoid Function)를 사용할 경우 결정되는 영역이 직선이 아닌 곡선으로 이루어져 있으므로 미분이 가능하여 은닉층을 학

습할 수 있는 백프로퍼게이션 신경망 알고리즘을 적용할 수 있다.



[그림 2-5] 활성화 함수 종류

[그림 2-6]은 뉴런의 구조와 인경신경망의 구조에 대하여 비교하는 그림이다. 뉴런의 구조를 보면 수상돌기와 세포핵 축색돌기로 이루어져있다. 수상돌기에서 들어오는 입력 값이 세포핵에 의해 연산을 하게 되어 축색돌기로 출력이 되는데 이것은 0(off)과 1(on)로만 표현이 가능하다. 연산된 값이 어느 수치 이상이면 출력이 되고 그 이하가 되면 출력이 되지 않는다. 이것을 쓰레쉬홀드 값이라고 하는데 역치 값이라고도 한다. 이러한 뉴런의 구조를 아래 그림처럼 모형화를 시킬 수가 있다. 수상돌기에 해당하는 부분을 입력 값으로 두고 각각의 가중치를 둔다. 이 가중치와 입력 값을 연산하는 부분이 세포핵에서 이루어지는데 이 세포핵의 역할을 하는 곳이 중간부분이다. 중간부분에서 활성화 함수를 쓰게 되며 활성화 함수에 의해 어떠한 수치가 넘게 되면 출력 단에 출력 값을 나타낸다.

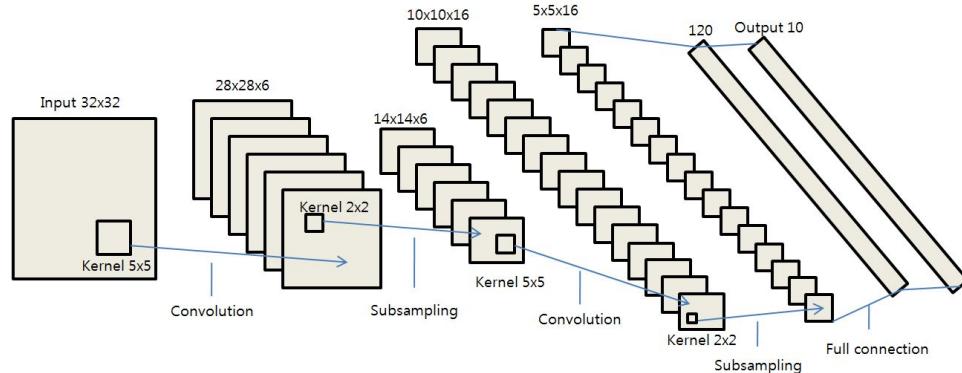


[그림 2-6] 뉴런 구조와 인공신경망의 구조

<https://en.wikipedia.org/wiki/Neuron>

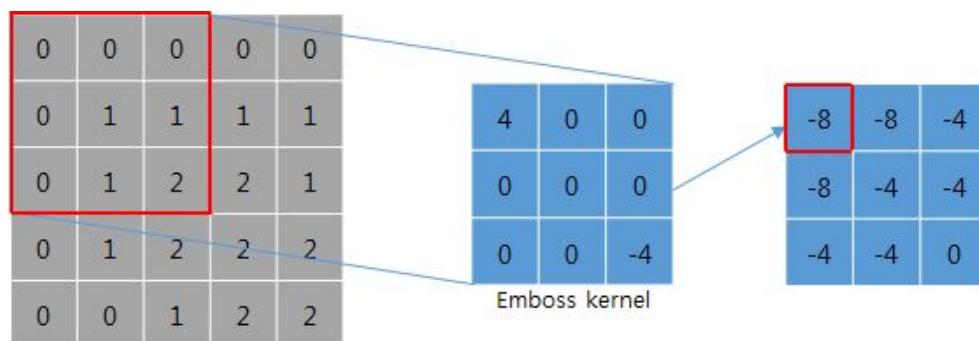
4.2 CNN(Convolutional Neural Networks)

컨볼루션 신경망(CNN)은 1998년 필기체 인식을 위해 처음 제안되었다. CNN은 인간의 시각을 모방해서 만들어진 알고리즘이다. 물체 인식분야에서 뛰어난 성능이 검증되면서 다양한 분야에 쓰이고 있다. 컨볼루션(Convolution)층은 데이터를 단순하게 처리하여 여러 층으로 구분한다. 이 여러 층이 다시 평균값 또는 최대값을 이용하여 합쳐지는 과정을 표본추출(subsampling)이라고 한다. 보통 평균값 보다 최대값을 이용할 때 좀 더 좋은 성능을 가질 수 있다. 컨볼루션 신경망은 컨볼루션층과 표본추출 층을 번갈아 가면서 여러 개의 특징 맵을 사용하여 특징 맵의 크기를 줄여나가며 마지막 층은 완전 접속(fully connected)층이라고 한다[18][21].



[그림 2-7] 컨볼루션 신경망 구조

[그림 2-7]은 기본적인 컨볼루션 신경망을 나타내는 구조이다. 기본적으로 이미지의 크기를 32×32 로 구성되어 있고 첫 번째 컨볼루션을 할 때 5×5 의 커널을 사용하게 된다. 32×32 크기에서 5×5 의 커널을 사용하게 된다면 이미지의 크기가 28×28 로 축약되고 이때, 출력 맵의 개수를 정하게 된다. 여기서는 출력 맵의 개수를 6개로 설정한 모습이다. 다음 컨볼루션 된 이미지를 표본추출을 하게 되는데 표본 추출에 쓰이는 커널의 크기는 2×2 가 된다. 표본추출에 쓰이는 커널의 크기를 2×2 를 사용하게 되면 이미지의 크기가 절반으로 줄어든다. 컨볼루션층과 표본추출 층을 번갈아 가면서 사용하여 여러 개의 특징 맵을 구성한 후에 특징 맵의 크기를 줄여서 마지막 층의 완전접속층을 만들게 된다.

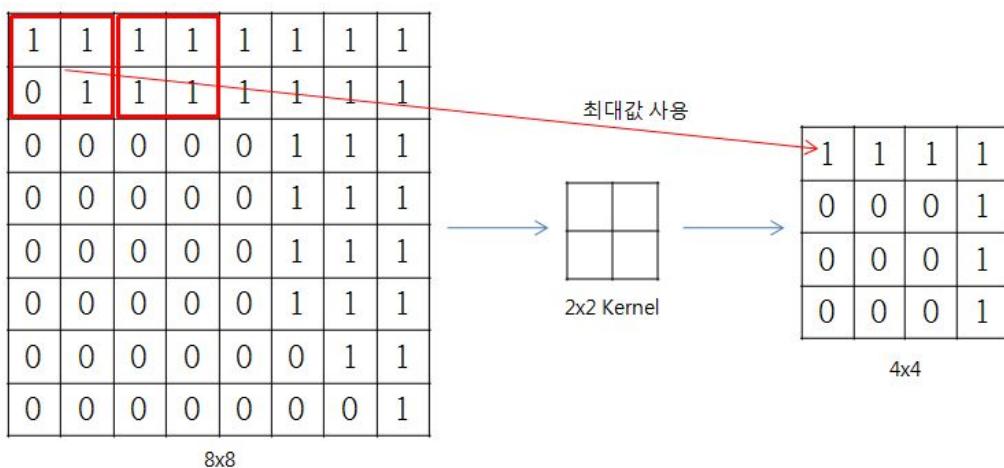


[그림 2-8] 컨볼루션 계산 과정

출처 :

<https://developer.apple.com/library/ios/documentation/Performance/Conceptual/vImage/ConvolutionOperations/ConvolutionOperations.html>

[그림 2-8]과 같이 컨볼루션을 계산하는 과정은 5×5 이라는 데이터 사이즈를 갖고 있을 때 컨볼루션 커널(Convolution Kernel)을 이용하여 새로운 픽셀 값을 만든다. 5×5 사이즈에 3×3 사이즈의 커널(Kernel)을 적용하게 되면 원래 데이터 값의 위, 아래, 왼쪽, 오른쪽 픽셀은 사용되지 않기 때문에 3×3 의 새로운 데이터 사이즈를 갖게 된다. 계산 과정은 컨볼루션 할 커널의 데이터의 각각의 값을 원래 데이터의 값에 각각 곱하여 더한 값을 컨볼루션 출력 층에 입력한다.



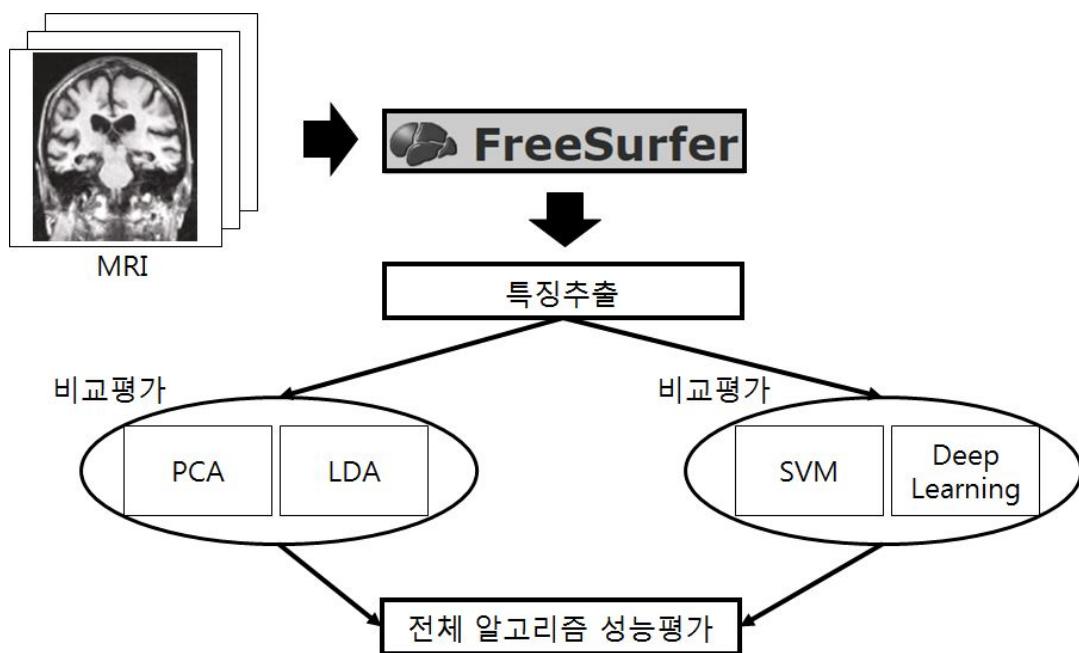
[그림 2-9] 최대값 풀링(Max Pooling)

[그림 2-9]과 같이 최대값 풀링(Max Pooling)을 계산하는 과정은 8×8 의 데이터가 ‘ㄱ’자 형태를 띠고 있다고 가정하면, 2×2 의 Kernel을 가지고 최대값을 이용하여 표본추출을 하였을 경우 원래 데이터의 값에 크게 벗어나지 않게 표본추출된 것으로 볼 수 있다.

III. 연구 방법

1. 비교평가단계 구성

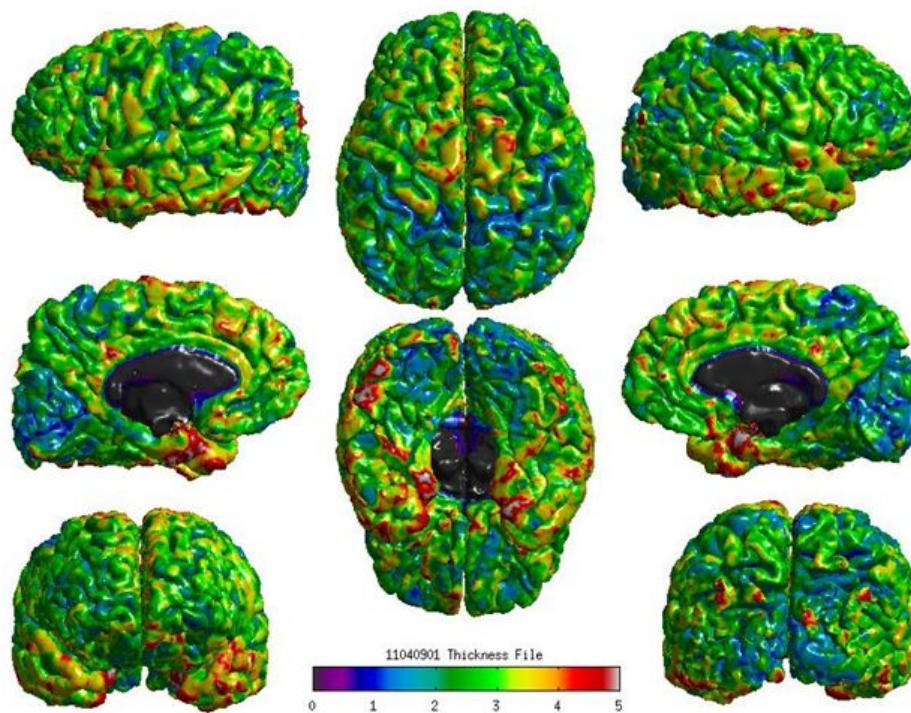
본 논문은 조기 치매 진단을 위한 정상, 경도인지장애, 치매환자를 구분하기 위해 알맞은 알고리즘을 제시한다. 먼저 치매 진단을 위해 데이터를 선별해야 한다. 알츠하이머병은 후천적으로 인지기능의 손상 및 인격의 변화에 따라 발생하는 질환 중에 하나로 연령층을 70~80세 사이에 있는 고령환자를 대상으로 자기공명영상(MRI)로 부터 FreeSurfer 툴을 가지고 특징을 추출하는데 피질의 두께를 가지고 특징을 추출한다. 이 추출된 데이터는 각 알고리즘의 입력 값이 된다. 입력 값에 대해 주성분분석과 선형판별분석은 그림으로 도시하였고, 서포트 벡터 머신과 딥러닝은 정상, 경도인지장애, 치매환자를 어느 정도 구분하였는지 표로 도시하였다. 입력 값에 대하여 각 알고리즘이 얼마나 잘 표현하였는지 나타내었고, 알고리즘 사이 결과물을 각각 비교해 보았다.



[그림 3-1] 비교평가 단계 구성

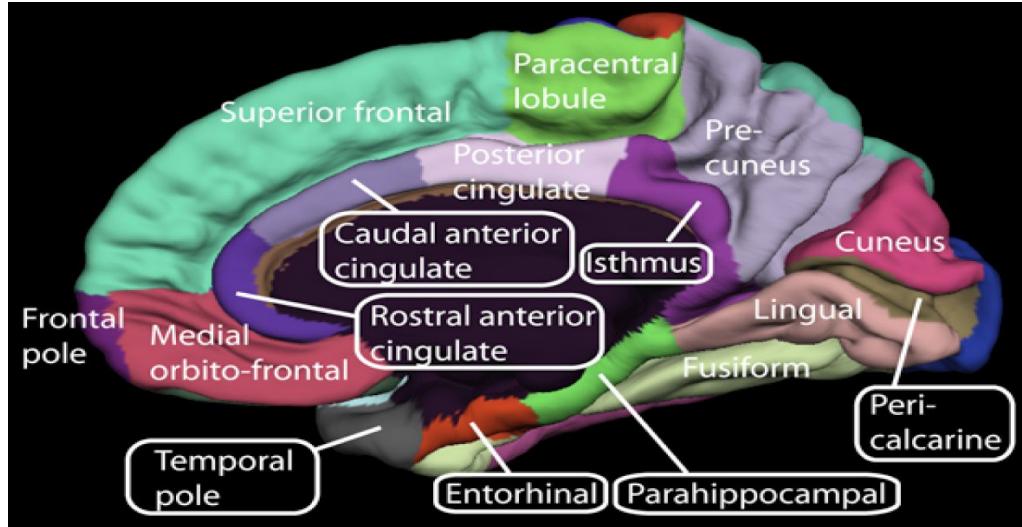
2. MRI 전처리 과정

대뇌 피질의 두께는 치매환자를 구분할 수 있는 좋은 척도이다. 자기공명영상은 하버드 대학의 고기능 영상 분석 도구인 FreeSurfer(<http://surfer.nmr.mgh.harvard.edu>)를 사용하여, 자기공명영상 데이터로부터 대뇌 피질 두께 차이를 비교하는데 유용하다. FreeSurfer를 사용하여 정규화 과정을 거치면서 각 특정 부분을 분할하고 그에 해당하는 두께를 나타낸다.



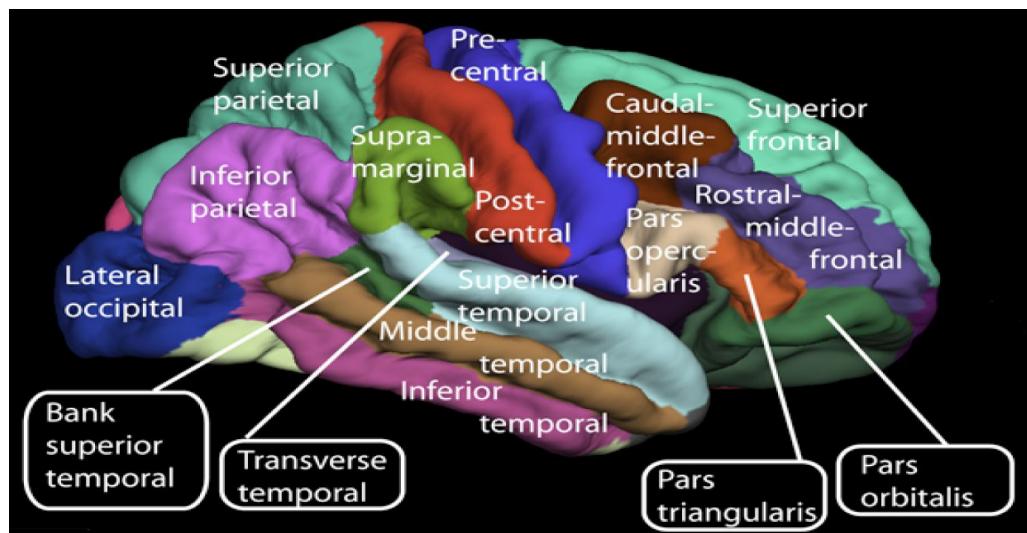
[그림 3-2] 뇌의 두께 색상정보

대뇌 피질두께 정보를 직접적으로 추출하지 못하기 때문에 [그림3-2]와 같이 색상정보로 두께 값을 얻어낸다. FreeSurfer에서는 자기공명영상의 2D영상을 복셀(voxel) 단위로 변환하여 3D영상으로 나타낸다.



[그림 3-3] 뇌분할 영역1

출처 : https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Medial_surface_of_cerebral_cortex_-_gyri.png



[그림 3-4] 뇌분할 영역2

출처 : https://en.wikipedia.org/wiki/Cerebral_cortex#Areas

[그림 3-3]과 [그림 3-4]는 분할한 영역을 다른 색상으로 나타내고 각 해당부위의 명칭을 도시한다.

IV. 실험 및 결과

1. 데이터셋

본 논문에서 사용하게 될 데이터는 치매 환자들에 대한 기본 정보를 담고 있는 기본 데이터이다. 베이스라인 데이터가 있는데 다음 [표 4-1]은 베이스라인을 구성하는 특징들을 나타낸다.

[표 4-1] 베이스라인 특징

area	geodesic.depth..skew
mean.curvature..median	geodesic.depth..kurtosis
mean.curvature..MAD	geodesic.depth..25
mean.curvature..mean	geodesic.depth..75
mean.curvature..SD	FreeSurfer.convexity..median
mean.curvature..skew	FreeSurfer.convexity..SD
mean.curvature..kurtosis	FreeSurfer.convexity..skew
mean.curvature..25	FreeSurfer.convexity..kurtosis
mean.curvature..75	FreeSurfer.convexity..25
travle.depth..median	FreeSurfer.convexity..75
travle.depth..MAD	FreeSurfer.thickness..median
travle.depth..mean	FreeSurfer.thickness..MAD
travle.depth..SD	FreeSurfer.thickness..mean
travle.depth..skew	FreeSurfer.thickness..SD
travle.depth..kurtosis	FreeSurfer.thickness..skew
travle.depth..25	FreeSurfer.thickness..kurtosis
travle.depth..75	FreeSurfer.thickness..25
geodesic.depth..median	FreeSurfer.thickness..75
geodesic.depth..MAD	Volume
geodesic.depth..mean	Thickness..thickinthehead
geodesic.depth..SD	

[표 4-2] FreeSurfer 값에 해당하는 영역

FreeSurfer.convexity..median..1002~1035
FreeSurfer.convexity..MAD..1002~1035
FreeSurfer.convexity..mean..1002~1035
FreeSurfer.convexity..SD..1002~1035
FreeSurfer.convexity..skew..1002~1035
FreeSurfer.convexity..kurtosis..1002~1035
FreeSurfer.convexity..25..1002~1035
FreeSurfer.convexity..75..1002~1035
FreeSurfer.thickness..median..1002~1035
FreeSurfer.thickness..MAD..1002~1035
FreeSurfer.thickness..mean..1002~1035
FreeSurfer.thickness..SD..1002~1035
FreeSurfer.thickness..skew..1002~1035
FreeSurfer.thickness..kurtosis..1002~1035
FreeSurfer.thickness..25..1002~1035
FreeSurfer.thickness..75..1002~1035
FreeSurfer.convexity..median..2002~2035
FreeSurfer.convexity..MAD..2002~2035
FreeSurfer.convexity..mean..2002~2035
FreeSurfer.convexity..SD..2002~2035
FreeSurfer.convexity ..skew..1002~2035
FreeSurfer.convexity..kurtosis..2002~2035
FreeSurfer.convexity ..25..2002~2035
FreeSurfer.convexity..75..2002~2035
FreeSurfer.thickness..median..2002~2035
FreeSurfer.thickness..MAD..2002~2035
FreeSurfer.thickness..mean..2002~2035
FreeSurfer.thickness..SD..2002~2035
FreeSurfer.thickness..skew..1002~2035
FreeSurfer.thickness..kurtosis..2002~2035
FreeSurfer.thickness..25..2002~2035
FreeSurfer.thickness..75..2002~2035

[표 4-2]는 베이스라인 데이터에 해당하는 FreeSurfer 값을 나타내었다. 베이스라

인 데이터에는 기본적으로 불록성과 두께로 뇌의 영역을 데이터화 시켰다.

본 논문에서는 베이스라인 데이터에서 FreeSurfer에 해당하는 두께의 평균에 대한 정보로 실험하였다.

[표 4-3] 뇌의 영역에 해당하는 명칭

SegId	StructName	SegId	StructName
1002	caudalanteriorcingulate	2002	caudalanteriorcingulate
1003	caudalmiddlefrontal	2003	caudalmiddlefrontal
1005	cuneus	2005	cuneus
1006	entorhinal	2006	entorhinal
1007	fusiform	2007	fusiform
1008	inferiorparietal	2008	inferiorparietal
1009	inferiortemporal	2009	inferiortemporal
1011	lateraloccipital	2011	lateraloccipital
1012	lateralorbitofrontal	2012	lateralorbitofrontal
1013	lingual	2013	lingual
1014	medialorbitofrontal	2014	medialorbitofrontal
1015	middletemporal	2015	middletemporal
1016	parahippocampal	2016	parahippocampal
1017	paracentral	2017	paracentral
1018	parsopercularis	2018	parsopercularis
1021	pericalcarine	2021	pericalcarine
1022	postcentral	2022	postcentral
1024	precentral	2024	precentral
1025	precuneus	2025	precuneus
1028	superiorfrontal	2028	superiorfrontal
1029	superiorparietal	2029	superiorparietal
1030	superiortemporal	2030	superiortemporal
1031	supramarginal	2031	supramarginal
1034	transversetemporal	2034	transversetemporal
1035	insula	2035	insula

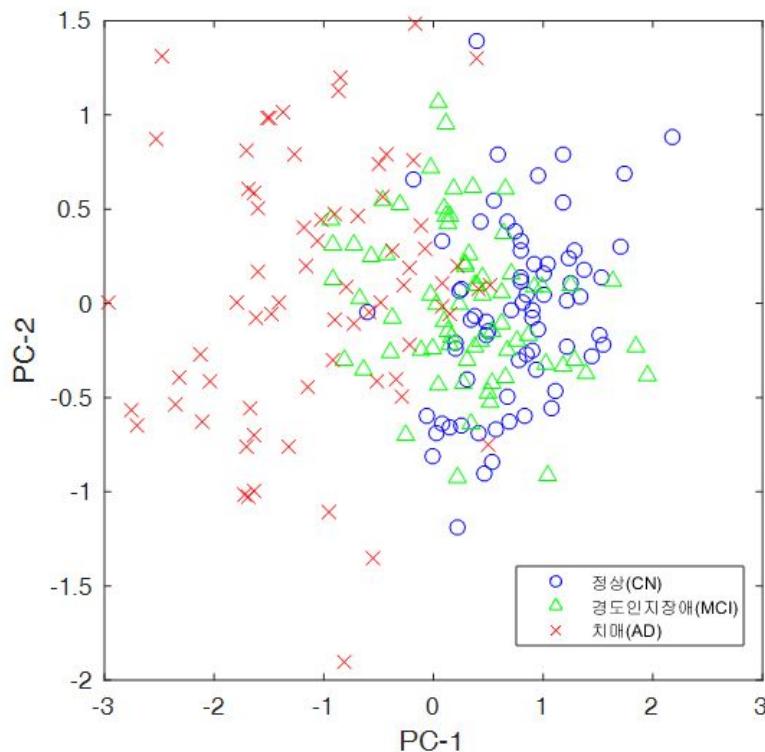
환자들의 기본 정보를 담고 있는 데이터에는 [표 4-3]과 같은 영역이 있는데, 뇌의 구조 영역 중 25개 영역에 해당하는 명칭을 나타낸다.

본 논문에서는 총 49개의 특징을 갖는 남자 119명, 여자 91명으로 총 210명을 대상으로 하였다.

2. 실험 결과 분석

본 논문은 매트랩(matlab)프로그램을 이용하여 패턴인식 기법 알고리즘인 주성분분석(PCA), 선형판별분석(LDA), 서포트 벡터 머신(SVM), 딥 러닝(Deep Learning)을 실험 해 보았다. 주성분분석과 선형판별분석은 그림으로 도시하였고, 서포트 벡터 머신과 딥 러닝은 학습에 따른 테스트 결과 값으로 나타내었다.

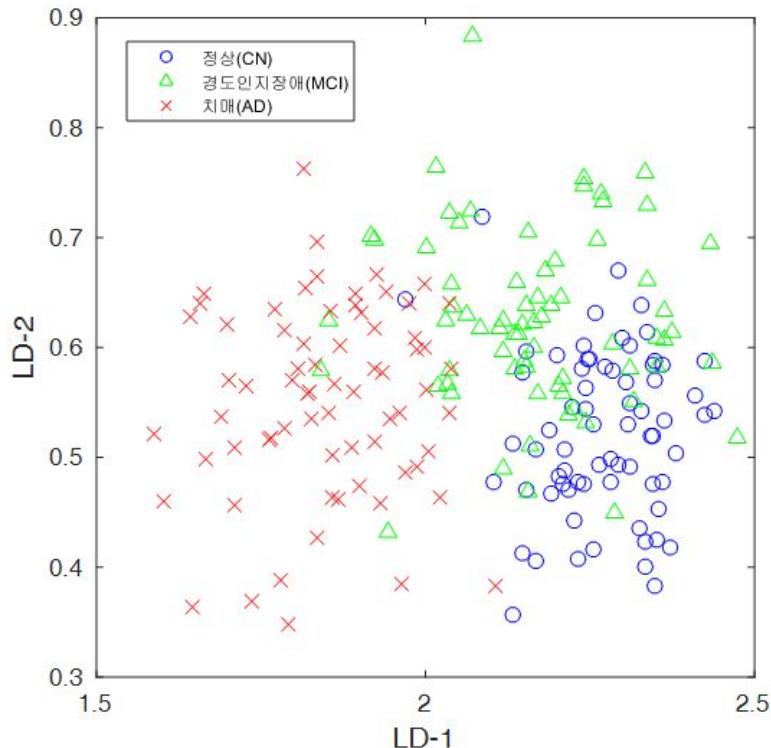
주성분분석에 해당하는 결과는 [그림 4-1]과 같다.



[그림 4-1] 베이스라인 데이터에 대한 주성분분석 결과

[그림 4-1]에서 파란색 동그라미는 인지정상인군, 녹색 삼각형은 경도인지장애군, 빨간색 엑스는 치매환자군을 나타낸다. 주성분분석은 데이터를 분류하는 기준이 데이터의 퍼져있는 정도 즉, 분산이 큰 방향으로 고유벡터를 설정해서 데이터를 투영시키기 때문에 전체 데이터의 패턴을 볼 수 있다. 하지만 각 클래스 간 분류가 어

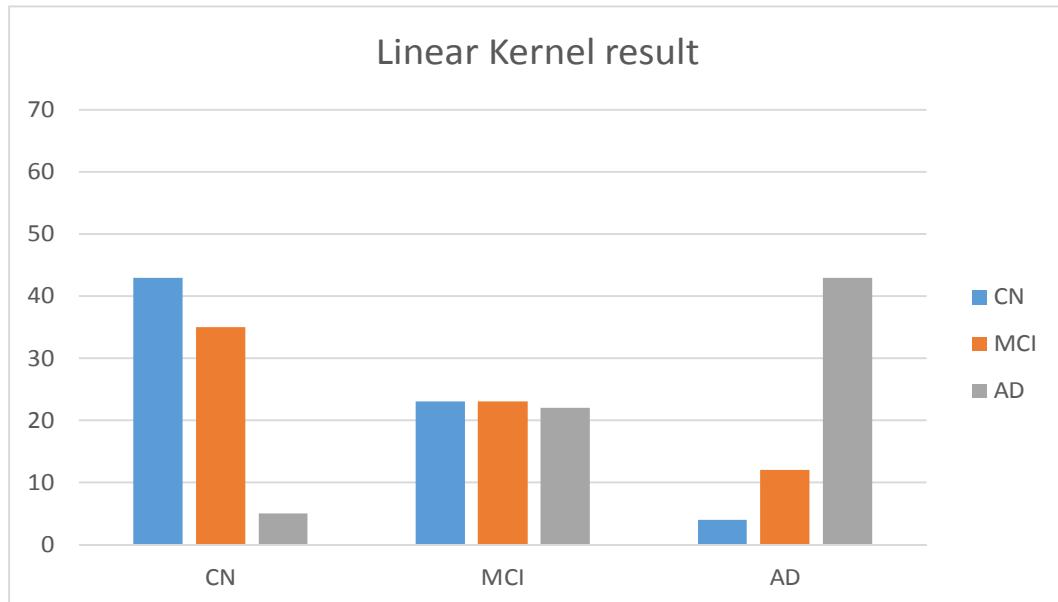
렵다고 볼 수 있다. 다음은 선형판별분석에 해당하는 결과는 [그림 4-2]와 같다.



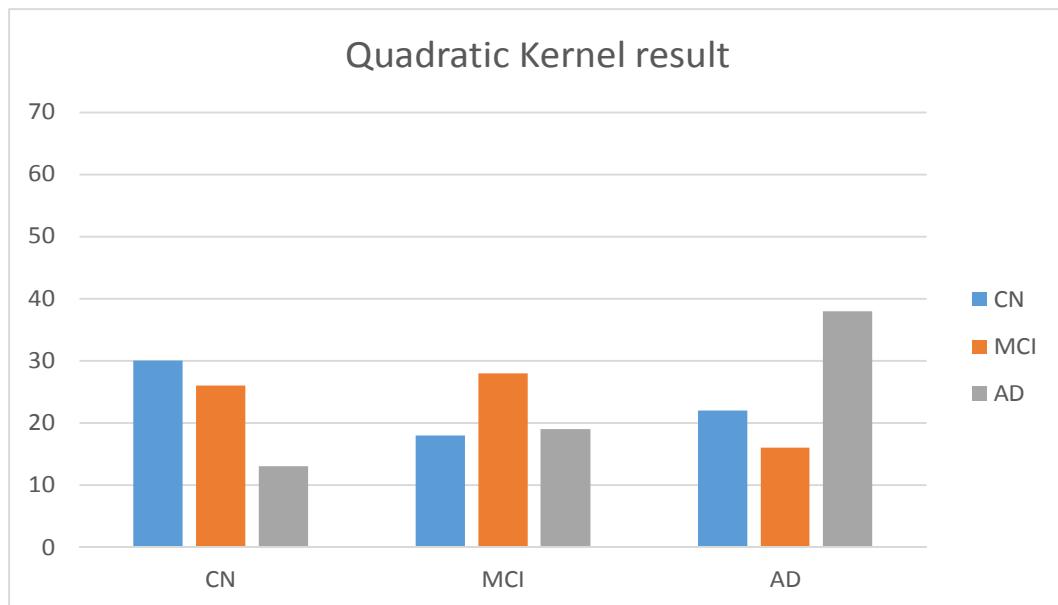
[그림 4-2] 베이스라인 데이터에 대한 선형판별분석 결과

선형판별분석은 주성분분석에 비해 카테고리를 이용하여 분류하기 때문에 주성분분석보다 좀 더 정확성을 나타내고 있다. 주성분분석에서는 인지정상인군과 치매환자군도 잘 구분하지 못하였지만 선형판별분석에서는 인지정상인군과 치매환자는 확연히 구분한다. 그리고 경도인지장애군은 인지정상인군에 많이 가깝다고도 볼 수 있다.

다음은 각 커널(Kernel)에 해당하는 서포트 벡터 머신 결과이다. 각 커널마다 3개 부분으로 타탕성 검증(3-fold validation)을 적용하여 3번의 실험을 하게 되었다. 아래 그림은 각 군에 대해 얼마나 잘 구분하였는지 나타내는 그래프이다.

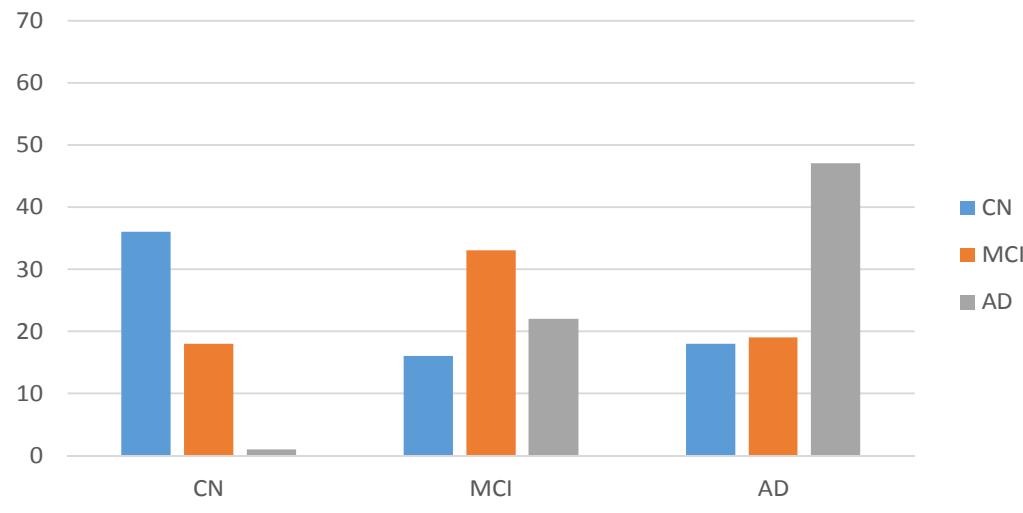


[그림 4-3] 1차 다항식 커널 실험결과



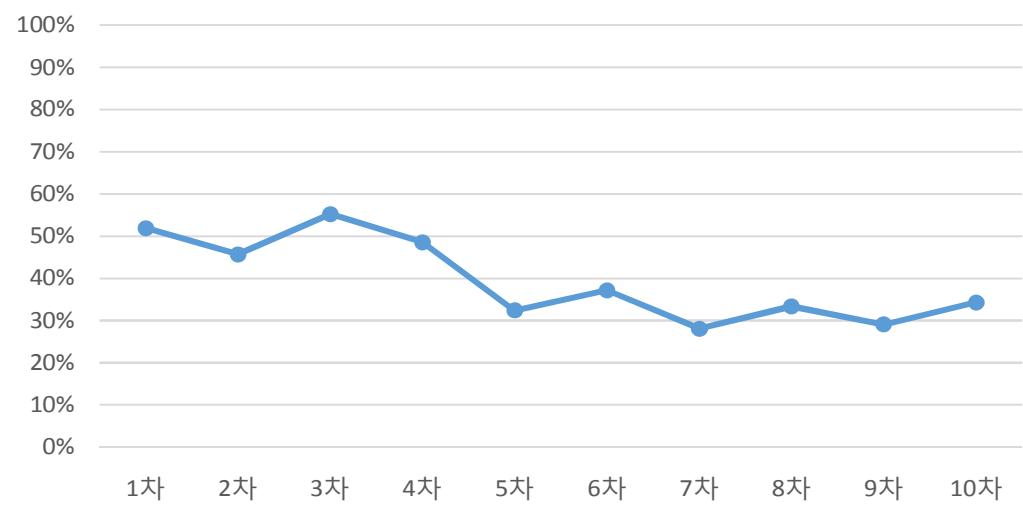
[그림 4-4] 2차 다항식 커널 실험결과

Third-order Polynomial Kernel result

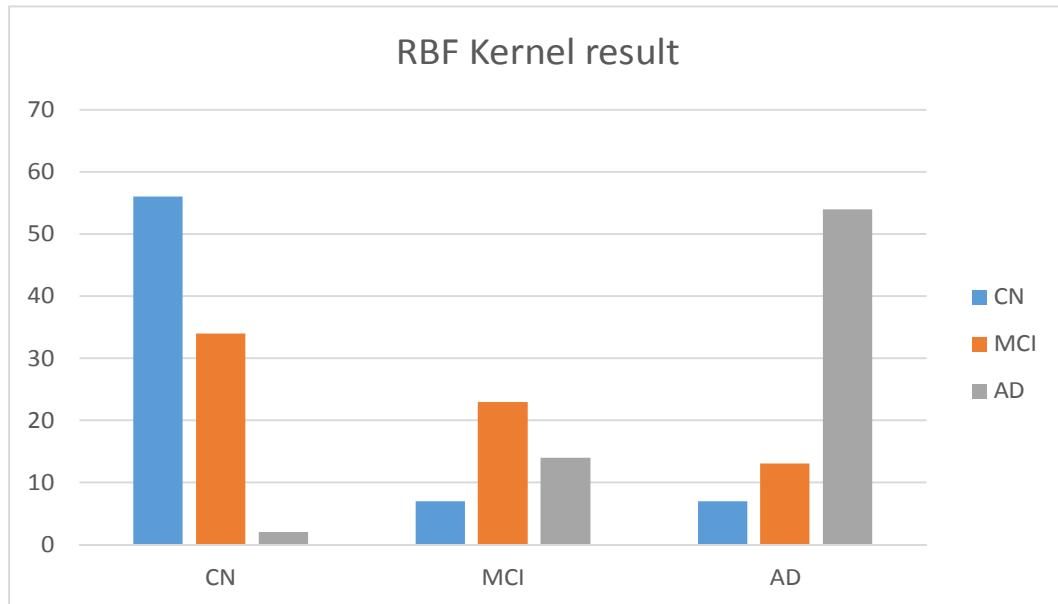


[그림 4-5] 3차 다항식 커널 실험 결과

Total polynomial Kernel result



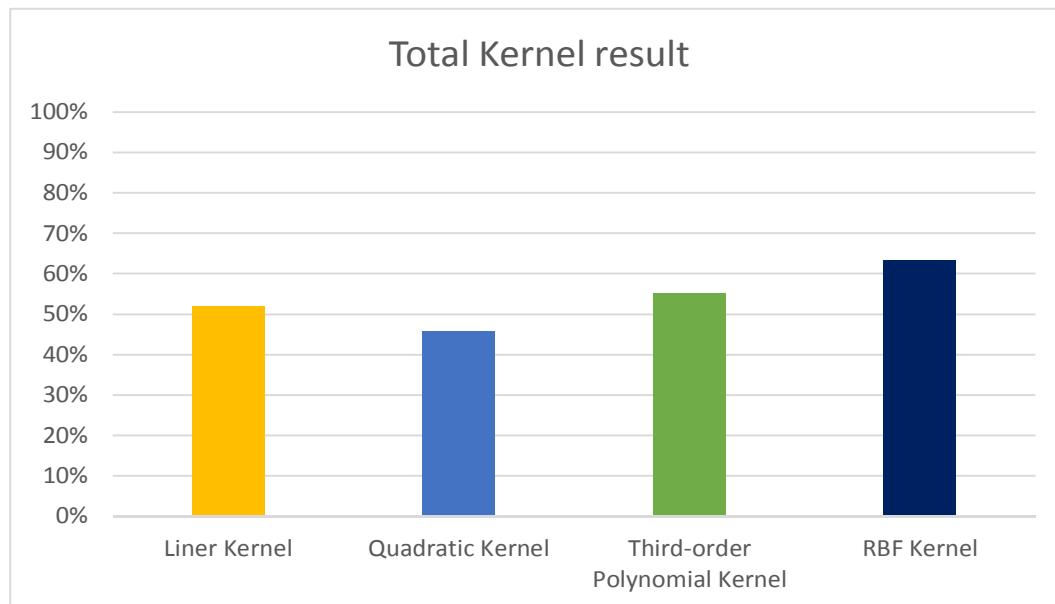
[그림 4-6] 다항식 차수에 따른 정확도



[그림 4-7] RBF 커널 실험 결과

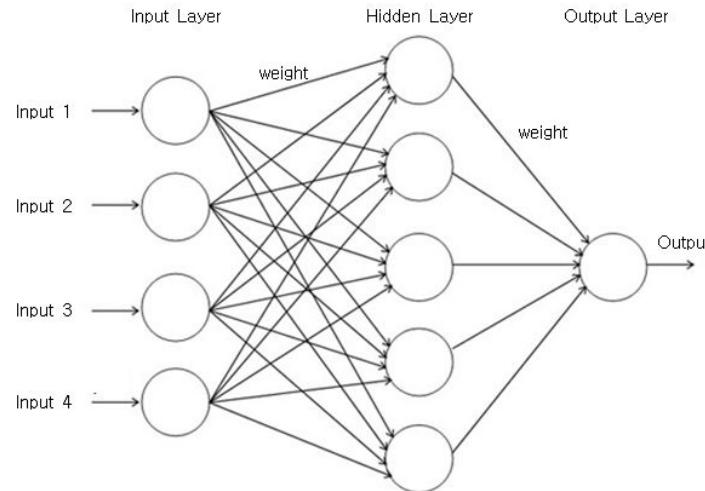
서포트 벡터 머신에서 4가지의 커널을 가지고 실험해 보았다. 첫 번째 1차 다항식 커널(Linear kernel)을 사용하였고, 두 번째 2차 다항식 커널(Quadratic kernel)을 사용하였고, 세 번째 3차 다항식 커널(Polynomial kernel)을 사용하였고, 마지막으로는 RBF커널(Gaussian Radial Basis Function kernel)을 사용하였다. 서포트 벡터 머신에서 커널을 적용하는 방법은 직접 대조해보면서 테스트 결과로 평가해야 한다. 데이터의 분포 별 커널의 사용이 다르기 때문이다. [그림 4-3]과 같이 1차 다항식 커널을 사용하였을 경우 인지정상을 인지정상으로 인식한 결과가 가장 높았고, 그다음은 치매환자를 치매환자로 잘 구분하였다. 경도인지장애군은 인지정상으로도 구분하고, 치매환자로도 구분하는 결과를 볼 수 있다. 1차 다항식 커널의 정확도는 [그림 4-8]에서와 같이 약 52%이다. [그림 4-4]와 같이 2차 다항식 커널을 사용하였을 경우 1차 다항식 커널을 사용했을 경우 보다 인지정상과 치매 구분을 못하였지만, 경도인지장애군을 많이 구분하였으나 인지정상을 치매로도 많이 구분하고, 치매환자도 인지정상으로 많이 구분하였다. 2차 다항식 커널의 정확도는 약 46%이다. [그림 4-5]와 같이 3차 다항식 커널을 사용하였을 경우 치매환자를 치매환자로 잘 구분하였고, 인지정상인도 인지정상으로 잘 구분하였다. 하지만 3차 다항식 커널에서도 정상인 환자를 치매환자로 많이 인식하였다. 이전 커널보다 경도

인지장애군을 많이 구분하였다는 것을 알 수 있다. 정확도는 약 55%이다. [그림 4-6]은 다항식 차수에 따른 결과 값을 나타낸 그래프이다. 차수가 1차일 때와 3차일 때를 제외하고는 모두 홀수의 차수를 가질 때 보다 짝수의 차수를 가질 때 더 좋은 결과를 얻을 수 있었다. 결과로는 3차 다항식 커널을 사용하였을 때 가장 좋은 결과를 가져왔다. [그림 4-7]과 같이 RBF 커널을 사용하였을 경우 매우 좋은 결과를 가져왔다. 인지정상인 환자군도 잘 나누었고, 치매환자도 잘 나누었다. 인지정상인을 치매환자라고 구분하는 횟수가 많이 줄어들었고, 치매도 마찬가지로 치매환자를 인지정상인으로 구분하는 횟수가 많이 줄었다. 하지만 경도인지장애군을 구분하는데 많은 어려움으로 보인다. 정확도는 약 63%의 결과를 가져왔다. 현재 실험데이터에 적합한 커널은 RBF 커널이라고 할 수 있다. [그림 4-8]은 전체 커널의 성능을 비교한 결과이다.



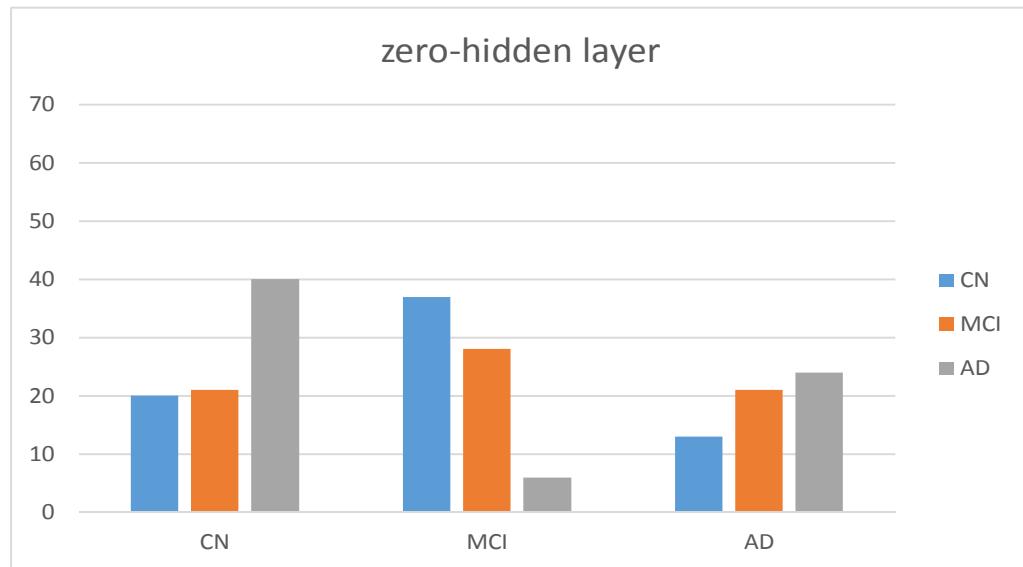
[그림 4-8] 각 커널에 해당하는 정확도

다음 [그림 4-9]은 기본 신경망 구조를 나타낸다. 다음 실험은 이 기본 신경망 구조를 가지고 히든 층의 개수를 점차 늘려가면서 실험해 보았다.

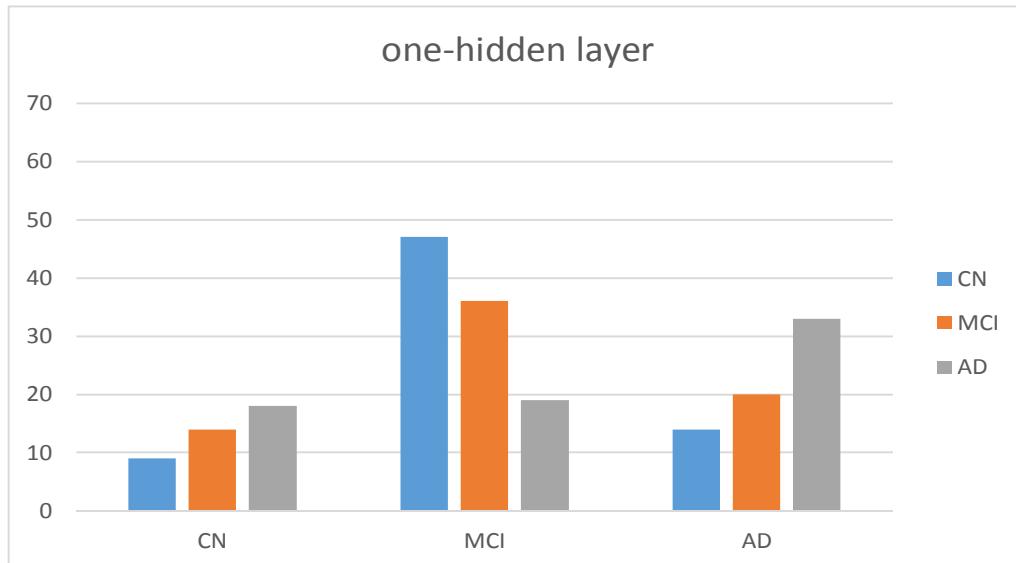


[그림 4-9] 기본 신경망 구조

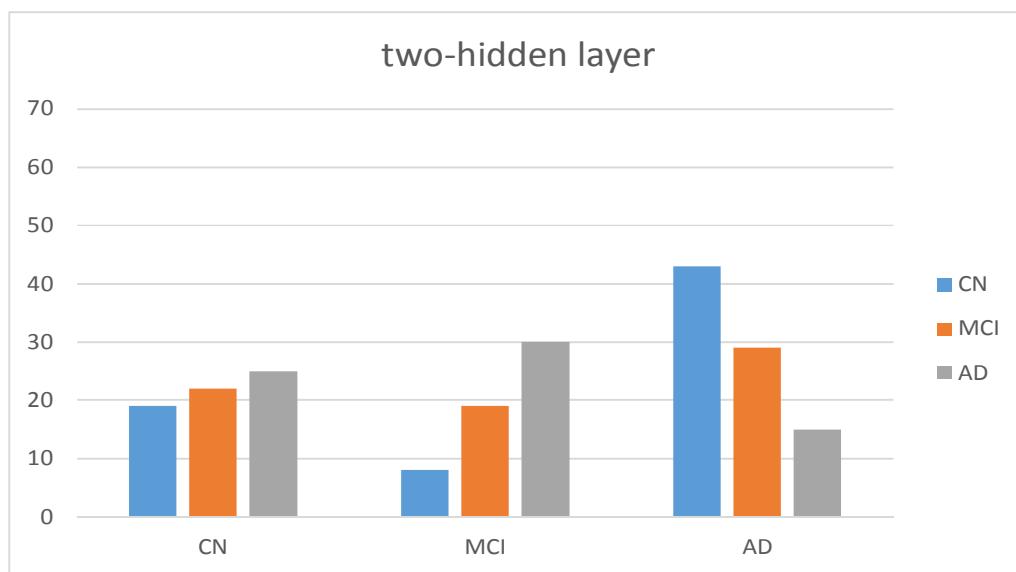
신경망(NN)의 입력 층은 기본적으로 특징의 개수만큼 나타낸다. 그리고 히든 층의 개수와 유닛 수는 적절하게 찾고, 마지막으로 출력 층은 결과 값으로 갖게 될 수만큼 정한다.



[그림 4-10] 입력 층과 출력층만 있는 신경망 결과

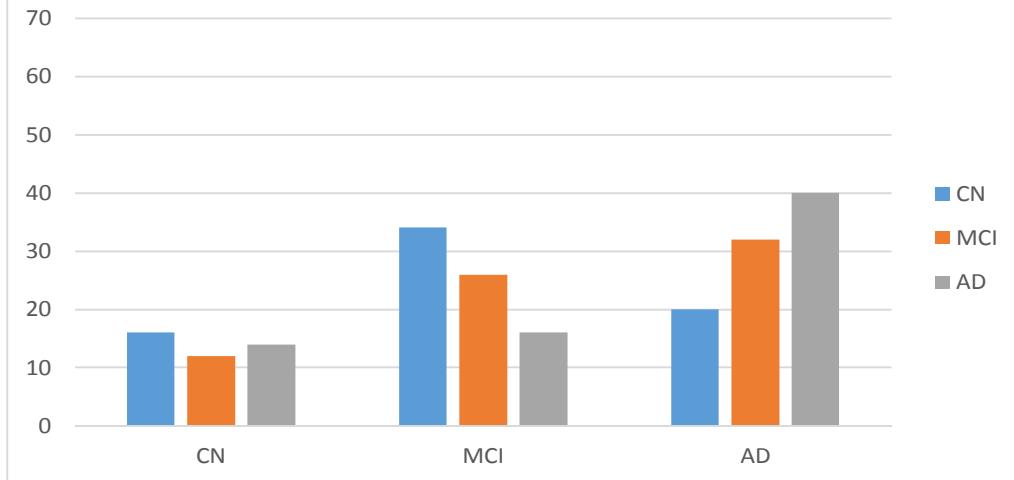


[그림 4-11] 히든층 1개로 구성된 신경망 결과



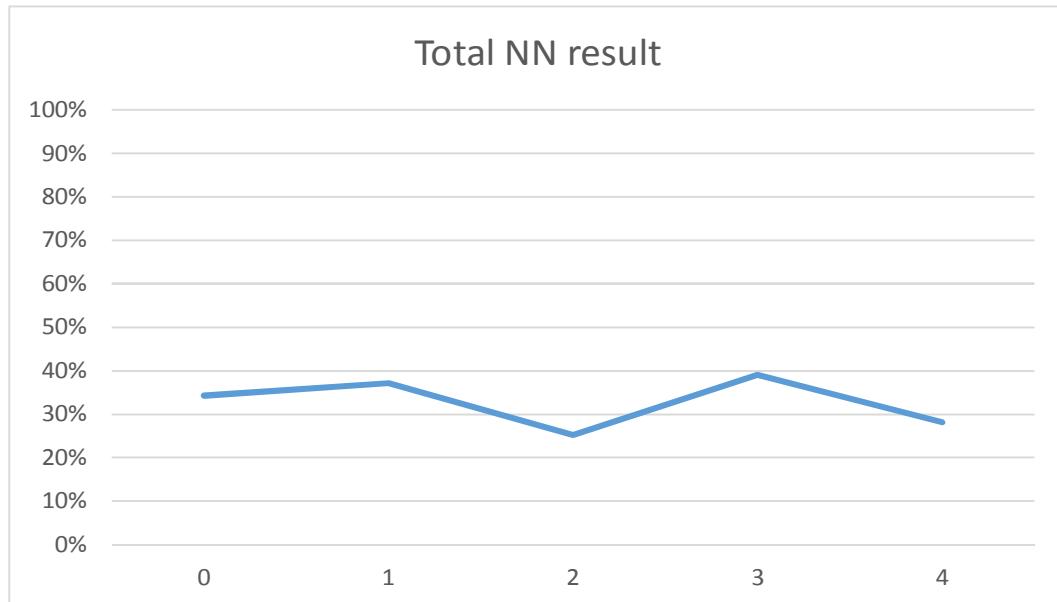
[그림 4-12] 히든층 2개로 구성된 신경망 결과

three-hidden layer



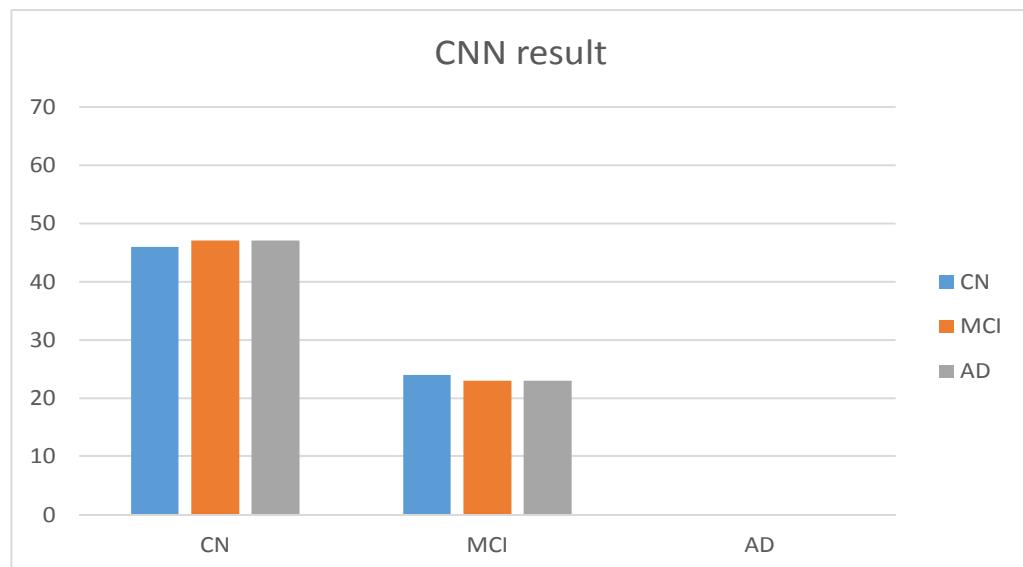
[그림 4-13] 히든층 3개로 구성된 신경망 결과

신경망구조에서 히든 층을 늘려가면서 실험한 결과, 입력 층과 출력 층으로 이루어진 신경망구조에서는 인지정상인 환자를 경도인지장애군으로 많이 분류하였고, 치매인 환자를 인지정상으로 분류하였다. 정확도는 약 34%를 보여주었다. 히든 층을 1개를 구성하고 있는 신경망구조에서는 히든 층이 없었던 구조와 비슷하게 인지정상인을 경도인지장애군으로 많이 인식하였다. 하지만 치매환자는 치매환자로 많이 분류하였다. 정확도는 약 37%이다. 히든 층을 2개 구성하고 있는 신경망구조에서는 인지정상을 치매환자로 오인식을 많이 하였고 경도인지 장애군, 치매환자 역시 잘 구분하지 못하였다. 정확도는 약 25%를 보여주었다. 히든층 3개를 구성하고 있는 신경망구조에서는 치매환자를 잘 구분하였으나 인지정상을 경도인지장애로 많이 분류하였다. 정확도는 약 39%의 결과를 얻게 되었다. 정확도가 조금 높아지기는 했으나 치매환자만 분류하였지 나머지 군에 대해서는 좋지 못한 결과를 가져왔다. [그림 4-14]와 같이 히든개수가 3개일 때 가장 좋은 결과를 가져왔고 히든층을 늘려갈수록 좋지 못한 결과를 가져왔다.



[그림 4-14] 히든개수에 따른 정확도

다음은 컨볼루션 신경망에 해당하는 결과이다. 컨볼루션 신경망에서는 치매환자를 전혀 찾지 못한 결과를 가져오게 되었다. 정확도는 약 33%의 결과를 가져왔다.



[그림 4-15] 컨볼루션 신경망 결과

V. 결론

본 논문에서는 치매 진단을 위해 패턴인식을 통한 자기공명영상 데이터를 가지고 환자군들을 분류하여, 각 패턴인식 알고리즘에 대해 비교 평가해 보았다. 자기공명영상 데이터를 기반으로 주성분분석과 선형판별분석을 비교해 보았는데 주성분분석의 단점을 보완하고 있는 선형판별분석 알고리즘에서 인지정상군과 치매환자는 어느 정도 구분 할 수 있었다. 서포트 벡터 머신에서는 선형적인 커널을 이용하는 것보다 비선형적인 RBF 커널을 가지고 실험 하였을 때 다른 커널은 사용하는 것보다 좋은 성능을 보였다. 딥 러닝에서는 신경망알고리즘에 대해서 히든 층을 늘려가면서 실험을 하였는데 적당한 히든 층과 유닛수를 결정하는데 어려움이 있었다. 그리고 가장 기본적인 신경망알고리즘을 사용하고 피드포워드 신경망 알고리즘을 사용하였기 때문에 가중치를 정하는데 많은 어려움이 있었다. 컨볼루션 신경망 알고리즘에서도 좋은 결과를 가져오지 못하였는데, 우선 특징의 수가 많지 않아서 알고리즘의 층을 많이 늘리지 못했던 점과 데이터의 수도 많지 않았던 점이 안 좋은 결과를 가져오게 되었다. 현재 자기공명영상 데이터를 가지고 치매 진단을 위해 인지정상군과 경도인지장애군, 치매환자를 구분하는데 있어 서포트 벡터 머신이 많이 활용되고 있다. 현재 데이터의 특징수와 환자군의 수는 딥 러닝을 하기에 너무 적은 수라고 생각한다. 그래서 특징수와 환자군의 수를 많이 늘리게 된다면 서포트 벡터 머신 보다 더 좋은 결과를 가져올 것으로 기대 된다. 자기공명영상 데이터를 가지고 치매 진단을 할 수 있다는 것은 고령화 사회로 접어든 시대에 좋은 시점이 되기에 많은 연구가 필요하다고 생각한다.

본 논문에서 비교 평가하는 알고리즘들의 성능을 좀 더 높이기 위해서 데이터의 전처리 과정을 더 명확하게 정의하고, 서포트 벡터 머신에서는 적절한 커널합수를 찾고, 딥 러닝에서는 히든 층과 유닛수를 연구한다면 좋은 결과가 나올 것으로 예상된다.

참고문헌

- [1] 홍정민, "치매와 경도인지장애에 대한 고찰," 한국콘텐츠학회지 제10권 제2호, 2012.6, 25-30
- [2] Allan Levey, "Alzheimer's Disease:Overview and Current Research," Director of Emory's Alzheimer's Disease Research Center, 2013.
- [3] Ronald C. Petersen, Glenn E. Smith, Stephen C. Waring, et al. "Mild cognitive impairment: clinical characterization and outcome," Arch Neurol. 1999;56(3):303-8
- [4] 2013년 사망원인통계. <http://www.kostat.go.kr>
- [5] 2014 고령자 통계. <http://www.kostat.go.kr>
- [6] 추일한, 이건호, "치매 예측 및 조기진단 기술," BioIn, 2014년 전문가 리포트 6 호.
- [7] 원태연, "영상강의 - Principal Component Analysis," <http://www.yonisi.com/1284>
- [8] Andrew Ng, "Principal Component Analysis algorithm,"
<https://www.youtube.com/watch?v=N5ynBdHqnGU>
- [9] L. I. Smith, "A tutorial on Principal Components Analysis,"http://www.cs.otago.ac.nz/cosc453/student_tutorials/principal_components.pdf, 2002
- [10] E. KREYSZIG, ADVANCED ENGINEERING MATHEMATICS 9th edition, Wiley, 2006
- [11] 한학용. 패턴인식 개론. 한빛아카데미, 2014
- [12] Nuno Vasconcelos, "ECE271B : Statistical Learning II,"
<http://www.svcl.ucsd.edu/~nuno/>
- [13] Nuno Vasconcelos, "ECE 175: Elements of Machine Intelligence"
<http://www.svcl.ucsd.edu/~nuno/>
- [14] SC Wang, "Artificial neural network," Interdisciplinary Computing in Java Programming, 2003
- [15] 권성준, 송하원, 변근주, "Concrete Carbonation Analysis using Neural Network Algorithm and Change in Pore Structure," 대한토목학회논문집 제27권 제1 A호, 2007.1, 107-116

- [16] Vivien Rossi and Jean-Pierre Vila, "Bayesian Multioutput Feedforward Neural Networks Comparison: A Conjugate Prior Approach," IEEE TRANSACTIONS ON NEURAL NETWORKS, VOL. 17, NO. 1, JANUARY 2006
- [17] Jouko Lampinen,Aki Vehtari, "Bayesian approach for neural Networks - review and case studies," Neural Networks 14 (2001) 257-274
- [18] Karen Simonyan, Andrew Zisserman, "Very Deep ConvNets for Large-Scale Image Recognition," Google DeepMind
- [19] K Fukushima,"Neocognitron: A self-organizing neural network model for a mechanism of pattern recognition unaffected by shift in position,"Biol. Cybernetics 36, 193 202 (1980)
- [20] LeCun et al., "Backpropagation Applied to Handwritten Zip Code Recognition," Neural Computation, 1, pp. 541-551, 1989.
- [21] LeCun, Y., Bottou, L., Bengio, Y., & Haffner, P. (1998). "Gradient-based learning applied to document recognition," Proceedings of the IEEE, 86(11), 2278-2324.