(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2018-0002078
(43) 공개일자 2018년01월05일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
A01K 29/00 (2006.01) *G06F 17/16* (2006.01)
(52) CPC특허분류
A01K 29/005 (2013.01)
G06F 17/16 (2013.01)
(21) 출원번호 10-2017-0176394(분할)
(22) 출원일자 2017년12월20일
심사청구일자 2017년12월20일
(62) 원출원 특허 10-2015-0125358
원출원일자 2015년09월04일
심사청구일자 2015년09월04일

(71) 출원인
경상대학교산학협력단
경상남도 진주시 진주대로 501 (가좌동)
(72) 발명자
이웅섭
대전광역시 서구 도안북로 136 파렌하이트 101동 604호
(74) 대리인
김영재

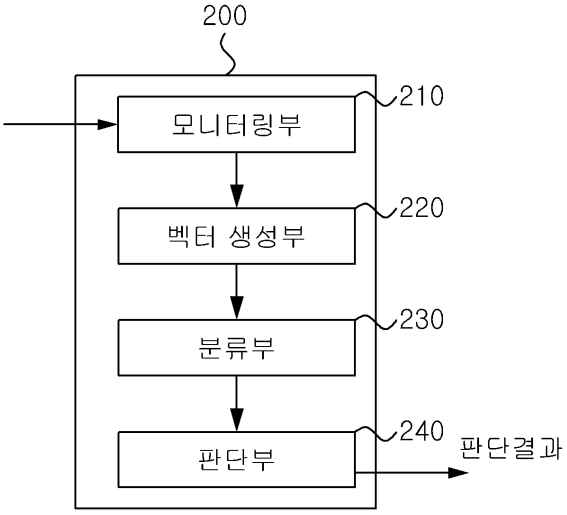
전체 청구항 수 : 총 13 항

(54) 발명의 명칭 **인공지능을 이용하여 이상 상태를 검출하는 장치 및 방법**

(57) 요 약

가축에 질병이 발생하였는지 여부를 판단할 수 있는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치 및 그 방법이 개시된다. 개시된 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 가축들의 체온, 운동량, 발성음 및 급수량 등 생체 정보를 모니터링하고, 모니터링된 생체 정보를 이용하여 가축들을 복수의 그룹으로 분류한다. 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 각 그룹의 크기가 시간에 따라 어떻게 변경되는지 여부에 따라서 가축에 질병이 발생하였는지 여부를 판단한다.

대 표 도 - 도2



이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호	1395040311
부처명	농촌진흥청
연구관리전문기관	농촌진흥청
연구사업명	시설농업ICT융복합산업화모델개발 연구
연구과제명	가축관리 및 돈사환경 관측 빅데이터 활용에 관한 연구
기 여 율	1/1
주관기관	경상대학교
연구기간	2015.01.01 ~ 2015.12.31

명 세 서

청구범위

청구항 1

가축들로부터 생체 정보를 모니터링하는 모니터링부;

상기 모니터링된 생체 정보들을 원소로 포함하고 상기 각 가축들에 대응되는 벡터를 생성하는 벡터 생성부;

상기 벡터를 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류하는 분류부;

상기 그룹들의 크기 변화에 따라서 상기 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단하는 판단부

를 포함하는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치.

청구항 2

제1항에 있어서,

상기 판단부는 상기 각 그룹의 크기 변화가 제1 임계값 이상인 경우에는 상기 가축들에게 전염병이 발생한 것으로 판단하는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치.

청구항 3

제1항에 있어서,

상기 판단부는 상기 각 그룹 중에서, 가장 작은 그룹의 크기가 제2 임계값 이하인 경우에는 상기 가축들 중 적어도 하나의 가축에 질병이 발생한 것으로 판단하는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치.

청구항 4

제1항에 있어서,

상기 분류부는 기댓값 최대화 알고리즘(Expectation Maximization)을 이용하여 상기 벡터를 복수의 그룹으로 분류하는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치.

청구항 5

제1항에 있어서,

상기 분류부는 하기의 E 단계와 M 단계를 번갈아 반복하여 상기 벡터를 복수의 그룹으로 분류하는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치.

[E 단계]

$$T_{j,i}^{(t)} := \mathrm{P}(Z_i = j | X_i = \mathbf{x}_i; \theta^{(t)}) = \frac{\tau_j^{(t)} \; f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_j^{(t)}, \Sigma_j^{(t)})}{\tau_1^{(t)} \; f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_1^{(t)}, \Sigma_1^{(t)}) + \tau_2^{(t)} \; f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_2^{(t)}, \Sigma_2^{(t)})}.$$

여기서, $T_{j,i}^{(t)}$ 는 t번째 계산에서, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수이다. $Z_i = j$은 i번째로 모니터링된 생체 정보가 j번째 그룹에 포함되는지 여부를 나타내는 사건이고, $\theta^{(t)}$는 두 그룹의 평균, 분산, 크기 등 통계적 특성을 나타낸다. $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다.

$f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_j^{(t)}, \Sigma_j^{(t)})$ 는 평균이 $\boldsymbol{\mu}_j^{(t)}$ 이고, 분산이 $\Sigma_j^{(t)}$ 인 가우시안 분포를 나타낸다.

[M 단계]

$$\tau_j^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{j,i}^{(t)}}{\sum_{i=1}^{n} (T_{1,i}^{(t)} + T_{2,i}^{(t)})}$$

여기서, $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다.

$$\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})^\top}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}}$$

$$\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})^\top}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}}$$

여기서, $\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)}$ 는 첫 번째 그룹의 평균값이고, $\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)}$ 는 두 번째 그룹의 평균값이다.

청구항 6

제1항에 있어서,

상기 생체 정보는 상기 각 가축들의 체온, 운동량, 발성음 및 급수량 중에서 적어도 하나를 포함하는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치.

청구항 7

가축들로부터 생체 정보를 모니터링하는 단계;

상기 모니터링된 생체 정보들을 원소로 포함하고 상기 각 가축들에 대응되는 벡터를 생성하는 단계;

상기 벡터를 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류하는 단계;

상기 그룹들의 크기 변화에 따라서 상기 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단하는 단계

를 포함하는 가축의 질병 발생 여부 판단 방법.

청구항 8

제7항에 있어서,

상기 판단하는 단계는 상기 각 그룹의 크기 변화가 제1 임계값 이상인 경우에는 상기 가축들에게 전염병이 발생한 것으로 판단하는 가축의 질병 발생 여부 판단 방법.

청구항 9

제7항에 있어서,

상기 판단하는 단계는 상기 각 그룹 중에서, 가장 작은 그룹의 크기가 제2 임계값 이하인 경우에는 상기 가축들

중 적어도 하나의 가축에 질병이 발생한 것으로 판단하는 가축의 질병 발생 여부 판단 방법.

청구항 10

제7항에 있어서,

상기 분류하는 단계는 기댓값 최대화 알고리즘(Expectation Maximization)을 이용하여 상기 벡터를 복수의 그룹으로 분류하는 가축의 질병 발생 여부 판단 방법.

청구항 11

제7항에 있어서,

상기 분류하는 단계는 하기의 E 단계와 M 단계를 번갈아 반복하여 상기 벡터를 복수의 그룹으로 분류하는 가축의 질병 발생 여부 판단 방법.

[E 단계]

$$T_{j,i}^{(t)} := \mathrm{P}(Z_i = j | X_i = \mathbf{x}_i; \theta^{(t)}) = \frac{\tau_j^{(t)} \ f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_j^{(t)}, \Sigma_j^{(t)})}{\tau_1^{(t)} \ f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_1^{(t)}, \Sigma_1^{(t)}) + \tau_2^{(t)} \ f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_2^{(t)}, \Sigma_2^{(t)})}.$$

여기서, $T_{j,i}^{(t)}$ 는 t번째 계산에서, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수이다. $Z_i = j$은 i번째로 모니터링된 생체 정보가 j번째 그룹에 포함되는지 여부를 나타내는 사건이고, $\theta^{(t)}$는 두 그룹의 평균, 분산, 크기 등 통계적 특성을 나타낸다. $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다. $f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_j^{(t)}, \Sigma_j^{(t)})$ 는 평균이 $\boldsymbol{\mu}_j^{(t)}$ 이고, 분산이 $\Sigma_j^{(t)}$ 인 가우시안 분포를 나타낸다.

[M 단계]

$$\tau_j^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{j,i}^{(t)}}{\sum_{i=1}^{n} (T_{1,i}^{(t)} + T_{2,i}^{(t)})}$$

여기서, $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다.

$$\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})^\top}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}}$$

$$\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})^\top}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}}$$

여기서, $\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)}$ 는 첫 번째 그룹의 평균값이고, $\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)}$ 는 두 번째 그룹의 평균값이다.

청구항 12

제7항에 있어서,

상기 생체 정보는 상기 각 가축들의 체온, 운동량, 발성음 및 급수량 중에서 적어도 하나를 포함하는 가축의 질병 발생 여부 판단 방법.

청구항 13

제7항 내지 제12항 중에서 어느 하나의 항의 방법을 실행시키기 위한 프로그램이 기록된 컴퓨터 판독 가능한 기록 매체.

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] 하기의 실시예들은 인공지능을 이용하여 이상 상태를 검출하는 장치 및 방법에 관한 것으로, 구체적으로는 기댓값 최대화 알고리즘(Expectation Maximization)을 이용하여 센싱된 데이터를 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류하고, 분류된 그룹의 크기 변화에 따라서 이상 상태를 검출하는 장치 및 방법에 관한 것이다.

배 경 기 술

[0002] 생활 수준의 향상 등으로 인하여 육류 및 유제품의 소비가 증가하고 있다. 또한, 농촌의 일손 부족 및 향후 예상되는 인구 감도 등으로 인하여 축산업의 자동화, 무인화가 예상된다.

[0003] 축사 내 이상 개체를 조기에 파악하여 해당 개체를 조치하거나, 해당 개체를 다른 개체와 분리하여 전염병 등의 확산을 방지할 수 있다면 축산업에 투입되는 노동력을 크게 감소시킬 수 있으며, 나아가 축산업의 경쟁력 확보에도 큰 도움이 될 것으로 예상된다.

[0004] 최근 사물 인터넷의 발전을 통해 가축에 센서를 부착하고, 가축의 생체 정보를 모니터링하여 분석하는 스마트 축사 산업이 주목받고 있다. 그러나, 수집된 생체 정보를 어떻게 분석할지에 대한 기술은 크게 연구되지 않은 것으로 조사되고 있다.

발명의 내용

해결하려는 과제

[0005] 하기의 실시예들은 가축의 생체 정보에 기반하여 가축 개체의 질병 발생 여부를 신속하게 판단하는 것을 목적으로 한다.

[0006] 하기의 실시예들은 집단으로 사육되는 가축 개체들에게 전염병이 발생하였는지, 또는 개별 개체에만 질병이 발생하였는지 여부를 판단하는 것을 목적으로 한다.

과제의 해결 수단

[0007] 예시적 실시예에 따르면, 가축들로부터 생체 정보를 모니터링하는 모니터링부, 상기 모니터링된 생체 정보들을 원소로 포함하고 상기 각 가축들에 대응되는 벡터를 생성하는 벡터 생성부, 상기 벡터를 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류하는 분류부 및 상기 그룹들의 크기 변화에 따라서 상기 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단하는 판단부를 포함하는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치가 제공된다.

[0008] 여기서, 상기 판단부는 상기 각 그룹의 크기 변화가 제1 임계값 이상인 경우에는 상기 가축들에게 전염병이 발생한 것으로 판단할 수 있다.

[0009] 그리고, 상기 판단부는 상기 각 그룹 중에서, 가장 작은 그룹의 크기가 제2 임계값 이하인 경우에는 상기 가축들 중 적어도 하나의 가축에 질병이 발생한 것으로 판단할 수 있다.

[0010] 또한, 상기 분류부는 기댓값 최대화 알고리즘(Expectation Maximization)을 이용하여 상기 벡터를 복수의 그룹으로 분류할 수 있다.

[0011] 여기서, 상기 분류부는 하기의 E 단계와 M 단계를 번갈아 반복하여 상기 벡터를 복수의 그룹으로 분류할 수 있다.

[0013] [E 단계]

[0018] 여기서, $T_{j,i}^{(t)}$ 는 t번째 계산에서, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수이다. $Z_i = j$은 i번째로 모니터링된 생체 정보가 j번째 그룹에 포함되는지 여부를 나타내는 사건이고, $\theta^{(t)}$는 두 그룹의 평균, 분산, 크기 등 통계적 특성을 나타낸다. $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다. $f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_j^{(t)}, \Sigma_j^{(t)})$ 는 평균이 $\boldsymbol{\mu}_j^{(t)}$ 이고, 분산이 $\Sigma_j^{(t)}$ 인 가우시안 분포를 나타낸다.

[0020] [M 단계]

[0022]
$$\tau_j^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{j,i}^{(t)}}{\sum_{i=1}^{n} (T_{1,i}^{(t)} + T_{2,i}^{(t)})}$$

[0024] 여기서, $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다.

[0026]
$$\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})^\top}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}}$$

[0027]
$$\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})^\top}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}}$$

[0029] 여기서, $\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)}$ 는 첫 번째 그룹의 평균값이고, $\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)}$ 는 두 번째 그룹의 평균값이다.

[0031] 그리고, 상기 생체 정보는 상기 각 가축들의 체온, 운동량, 발성음 및 급수량 중에서 적어도 하나를 포함할 수 있다.

[0032] 또 다른 예시적 실시예에 따르면, 가축들로부터 생체 정보를 모니터링하는 단계, 상기 모니터링된 생체 정보들을 원소로 포함하고 상기 각 가축들에 대응되는 벡터를 생성하는 단계, 상기 벡터를 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류하는 단계 및 상기 그룹들의 크기 변화에 따라서 상기 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단하는 단계를 포함하는 가축의 질병 발생 여부 판단 방법이 제공된다.

[0033] 여기서, 상기 판단하는 단계는 상기 각 그룹의 크기 변화가 제1 임계값 이상인 경우에는 상기 가축들에게 전염병이 발생한 것으로 판단할 수 있다.

[0034] 그리고, 상기 판단하는 단계는 상기 각 그룹 중에서, 가장 작은 그룹의 크기가 제2 임계값 이하인 경우에는 상기 가축들 중 적어도 하나의 가축에 질병이 발생한 것으로 판단할 수 있다.

[0035] 또한, 상기 분류하는 단계는 기댓값 최대화 알고리즘(Expectation Maximization)을 이용하여 상기 벡터를 복수의 그룹으로 분류할 수 있다.

[0036] 여기서, 상기 분류하는 단계는 하기의 E 단계와 M 단계를 번갈아 반복하여 상기 벡터를 복수의 그룹으로 분류할 수 있다.

[0038] [E 단계]

[0042] 여기서, $T_{j,i}^{(t)}$ 는 t번째 계산에서, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수이다. $Z_i = j$ 은 i번째로 모니터링된 생체 정보가 j번째 그룹에 포함되는지 여부를 나타내는 사건이고, $\theta^{(t)}$ 는 두 그룹의 평균, 분산, 크기 등 통계적 특성을 나타낸다. $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다. $f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_j^{(t)}, \Sigma_j^{(t)})$ 는 평균이 $\boldsymbol{\mu}_j^{(t)}$ 이고, 분산이 $\Sigma_j^{(t)}$ 인 가우시안 분포를 나타낸다.

[0044] [M 단계]

[0046]
$$\tau_j^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{j,i}^{(t)}}{\sum_{i=1}^{n} (T_{1,i}^{(t)} + T_{2,i}^{(t)})}$$

[0048] 여기서, $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다.

[0050] $$\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})^\top}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}}$$

[0051] $$\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})^\top}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}}$$

[0053] 여기서, $\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)}$ 는 첫 번째 그룹의 평균값이고, $\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)}$ 는 두 번째 그룹의 평균값이다.

[0055] 그리고, 상기 생체 정보는 상기 각 가축들의 체온, 운동량, 발성음 및 급수량 중에서 적어도 하나를 포함할 수 있다.

발명의 효과

[0057] 하기의 실시예들에 따르면, 가축의 생체 정보에 기반하여 가축 개체의 질병 발생 여부를 신속하게 판단할 수 있다.

[0058] 하기의 실시예들에 따르면, 집단으로 사육되는 가축 개체들에게 전염병이 발생하였는지, 또는 개별 개체에만 질병이 발생하였는지 여부를 판단할 수 있다.

도면의 간단한 설명

[0059] 도 1은 예시적 실시예에 따른 가축의 질병 발생 여부 판단 방법의 도시한 도면이다.

도 2는 예시적 실시예에 따른 가축의 질병 발생 여부 판단 장치의 구조를 도시한 블록도이다.

도 3은 예시적 실시예에 따라서 가축의 생체 정보들을 포함하는 벡터들을 벡터 공간상에서 분류하는 개념을 도시한 도면이다.

도 4는 기댓값 최대화 알고리즘을 이용하여 가축의 생체 정보들을 포함하는 벡터들을 벡터 공간상에서 분류하는 개념을 도시한 도면이다.

도 5는 일부 개체에 이상이 있거나, 모든 개체가 정상인 경우를 도시한 도면이다.

도 6 내지 도 8은 그룹들의 크기 변화에 따라서 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단하는 개념을 도시한 도면이다.

도 9는 또 다른 예시적 실시예에 따른 가축의 질병 발생 여부 판단 방법을 단계별로 도시한 순서도이다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0060] 이하, 실시예를 첨부된 도면을 참조하여 상세하게 설명한다.

[0061] 식생활양식의 개선, 국민소득과 인구의 증가, 교육수준의 향상 등에 따른 문화와 경제가 발전함으로써 축산물의 수요가 점차 증가하고 있다. 증가하는 축산물의 수요를 충당하기 위하여 소, 돼지 등의 가축을 축사에서 집단 사육하는 경우가 증가하고 있다.

[0062] 가축을 축사에서 집단적으로 사육하는 경우, 전염병이 발병하여 축사내의 가축들에게 감염이 확산될 수 있다. 따라서, 축사내의 가축들에 대하여 질병이 발생하였는지, 또는 발명한 질병이 전염병인지 여부를 판단하는 것은 매우 중요하다.

[0064] 도 1은 예시적 실시예에 따른 가축의 질병 발생 여부 판단 방법의 도시한 도면이다. 예시적 실시예에 따르면, 축사 내에 센서를 설치하고, 설치된 센서를 이용하여 축사 내의 가축(110, 120, 130)들로부터 생체 신호를 모니터링 할 수 있다.

[0065] 여기서, 생체 신호는 각 가축(110, 120, 130)들의 체온, 운동량, 발성음 및 급수량 중에서 적어도 하나를 포함할 수 있다.

[0066] 일측에 따르면, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치(140)는 모니터링된 생체 신호를 분석하여 축사 내의 가축들에게 질병이 발생하였는지, 또는 발생한 질병이 전염병인지 여부를 판단할 수 있다.

[0068] 도 2는 예시적 실시예에 따른 가축의 질병 발생 여부 판단 장치의 구조를 도시한 블록도이다. 예시적 실시예에 따르면, 가축의 질병 발명 여부 판단 장치(200)는 모니터링부(210), 벡터 생성부(220), 분류부(230) 및 판단부(240)를 포함한다.

[0069] 모니터링부(210)는 가축들로부터 센싱된 생체 정보를 모니터링한다.

[0070] 벡터 생성부(220)는 모니터링된 생체 정보들을 이용하여 각 가축들에게 대응되는 벡터를 생성한다. 예를 들어, 벡터 생성부(220)는 특정 개체로부터 모니터링된 생체 정보를 원소로 포함하도록 특정 개체에 대응되는 벡터를 생성할 수 있다.

[0071] 분류부(230)는 생성된 벡터를 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류한다.

[0073] 이하 도 3을 참조하여 생성된 벡터를 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류하는 개념을 구체적으로 설명한다.

[0074] 도 3은 예시적 실시예에 따라서 가축의 생체 정보들을 포함하는 벡터들을 벡터 공간상에서 분류하는 개념을 도시한 도면이다. 도 3에 도시된 그래프의 가로축은 가축의 생체 정보 중에서 체온이고, 그래프의 세로축은 가축의 생체 정보 중에서 운동량이다. 도 3에서는 설명의 편의를 위하여 2차원 벡터 공간을 예로 들었으나, 모니터링된 생체 정보의 종류의 따라서 벡터 공간은 N차원으로 확대될 수 있다.

[0075] 도 3에서는 벡터(311, 312, 313)들이 하나의 그룹(310)으로 분류되고, 벡터(321, 322)들이 다른 그룹(320)으로 분류될 수 있다. 질병에 감염되지 않은 정상적인 개체들의 운동량 및 체온은 일정한 범위 내에 포함되는 경우가 많으므로, 정상 개체들은 특정 그룹으로 분류될 가능성이 높다. 또한, 질병에 감염된 개체들의 운동량 및 체온은 일정한 범위에서 벗어난 경우가 많으므로, 질병에 감염된 이상 개체들은 다른 그룹으로 분류될 가능성이 높다.

[0076] 도 3에서 벡터(311, 312, 313)들은 정상 개체에 대응되는 벡터들이고, 벡터(321, 322)는 이상 개체에 대응되는 벡터들이다.

[0078] 도 4는 기댓값 최대화 알고리즘을 이용하여 가축의 생체 정보들을 포함하는 벡터들을 벡터 공간상에서 분류하는 개념을 도시한 도면이다.

[0079] 도 2에 도시된 분류부(230)는 기댓값 최대화 알고리즘(Expectation Maximization)을 이용하여 벡터들을 복수의 그룹으로 분류할 수 있다. 여기서, 기댓값 최대화 알고리즘은 분류하고자하는 벡터들의 통계적인 특징을 알지 못하는 경우에도 사용할 수 있는 분류 방법이다. 기댓값 최대화 알고리즘은 최대 우도(Maximum Likelihood)를 최대화하는 파라미터를 반복적으로(iterative) 계산함으로써 벡터들을 복수의 그룹으로 분류할 수 있다.

[0080] 기댓값 최대화 알고리즘은 조건부 확률(conditional probability)를 예측하는 E 단계(E-step)과 조건부 확률을 이용하여 두 가우시안(Gaussian) 분포의 파라미터를 예측하는 M 단계(M-step)를 반복적으로 수행한다.

[0082] 여기서, E 단계는 하기 수학식 1과 같이 수행될 수 있다.

[0084] [수학식 1]

[0086]
$$T_{j,i}^{(t)} := \mathrm{P}(Z_i = j | X_i = \mathbf{x}_i; \theta^{(t)}) = \frac{\tau_j^{(t)} \ f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_j^{(t)}, \Sigma_j^{(t)})}{\tau_1^{(t)} \ f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_1^{(t)}, \Sigma_1^{(t)}) + \tau_2^{(t)} \ f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_2^{(t)}, \Sigma_2^{(t)})}.$$

[0088] 여기서, $T_{j,i}^{(t)}$ 는 i번째로 모니터링된 생체 정보가 j번째 그룹에 포함된 조건부 확률이다. 상단의 첨자 t는 계산 횟수를 나타낸다. $Z_i = j$ 은 i번째로 모니터링된 생체 정보가 j번째 그룹에 포함되는지 여부를 나타내는 사건이고, $\theta^{(t)}$ 는 두 그룹의 평균, 분산, 크기 등 통계적 특성을 나타낸다. $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다. $f(\mathbf{x}_i; \boldsymbol{\mu}_j^{(t)}, \Sigma_j^{(t)})$ 는 평균이 $\boldsymbol{\mu}_j^{(t)}$ 이고, 분산이 $\Sigma_j^{(t)}$ 인 가우시안 PDF(Probability Density Function)에서 $\mathbf{x}_i$ 가 나올 확률을 나타낸다.

[0091] 또한, M 단계는 하기 수학식 2 내지 수학식 4와 같이 수행될 수 있다.

[0093] [수학식 2]

[0095]
$$\tau_j^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{j,i}^{(t)}}{\sum_{i=1}^{n} (T_{1,i}^{(t)} + T_{2,i}^{(t)})}$$

[0097] 여기서, $\tau_j^{(t+1)}$ 는 분류에 사용된 전체 벡터의 수에 대한, j번째 그룹에 포함된 벡터의 개수의 비이다.

[0099] [수학식 3]

[0101]
$$\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_1^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)})^{\top}}{\sum_{i=1}^{n} T_{1,i}^{(t)}}$$

[0103] 여기서, $\boldsymbol{\mu}_1^{(t+1)}$ 는 첫 번째 그룹의 평균값이다.

[0105] [수학식 4]

[0107] $$\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} \mathbf{x}_i}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}} \text{ and } \Sigma_2^{(t+1)} = \frac{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)} (\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})(\mathbf{x}_i - \boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)})^{\top}}{\sum_{i=1}^{n} T_{2,i}^{(t)}}$$

[0109] 여기서, $\boldsymbol{\mu}_2^{(t+1)}$ 는 두 번째 그룹의 평균값이다.

[0111] 따라서, 처음 수행되는 단계에서는 일부 파라미터를 초기화하여 사용하며, 초기화된 파라미터로 인하여 초기 분류에는 다소 오류가 발생할 수 있다.

[0112] 도 4의 (a)는 정상 개체에 대응되는 벡터들(410)과 이상 개체에 대응되는 벡터들(420)이 벡터 공간상에 배치된 것을 도시한 것이다.

[0113] 도 4의 (b)는 기댓값 최대화 알고리즘의 초기값을 잘못 설정함에 따라서 정상 개체에 대응되는 벡터들의 일부와 이상 개체에 대응되는 벡터들의 일부가 동일한 그룹(430, 440)으로 분류된 것을 도시한 것이다.

[0114] 기댓값 최대화 알고리즘은 초기화된 파라미터에 다소 이상이 있는 경우에도, E 단계와 M 단계를 반복함에 따라서 벡터들을 정상적으로 분류할 수 있다.

[0115] 도 4의 (c)는 기댓값 최대화 알고리즘이 반복적으로 수행됨에 따라서, 정상 개체에 대응되는 벡터들(450)과 이상 개체에 대응되는 벡터들(460)이 정상적으로 분류된 것을 도시한 것이다.

[0117] 판단부(240)는 도 3에서 도시된 바와 같이 벡터들이 분류된 결과에 따라서 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단할 수 있다.

[0118] 이하 도 5 내지 8을 참고하여 판단부가 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단하는 구성을 설명한다.

[0120] 도 5는 일부 개체에 이상이 있거나, 모든 개체가 정상인 경우를 도시한 도면이다.

[0121] 기댓값 최대화 알고리즘을 이용하는 경우에도, 모든 경우에 이상 개체와 정상 개체를 성공적으로 분류하지는 못한다.

[0122] 도 5의 (a)는 이상 개체들(520)이 벡터 공간상에서 서로 이격된 공간에 위치하는 경우를 나타낸 것이다. 이상 개체들(520)을 동일한 그룹으로 분류하기 위해서는 정상 개체들(510) 중에서 일부 개체들도 이상 개체들(520)과 동일한 그룹으로 포함된다. 다라서, 일부 개체들은 정상 개체들(510)의 그룹과 이상 개체들(520)의 그룹에 동시에 포함되어 질병 발생 여부의 판단이 곤란하다.

[0123] 도 5의(b)는 모든 개체가 정상인 경우를 도시한 도면이다. 기댓값 최대화 알고리즘은 벡터 공간상의 벡터들을 기계적으로 복수의 그룹으로 분류하기 때문에, 정상인 개체들이 서로 다른 그룹(530, 540)으로 분류되었다.

[0124] 따라서, 기댓값 최대화 알고리즘만으로는 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 정확히 판단할 수 없다.

[0126] 예시적 실시예에 따르면, 도 2의 판단부(240)는 벡터들이 분류된 그룹들의 크기 변화에 따라서 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단할 수 있다.

[0128] 도 6의 (a)는 가축들에게 질병이 발생하지 않은 경우에 벡터들의 분포를 도시한 도면이다.

[0129] 가축들에게 질병이 발생하지 않은 경우에, 모든 개체들의 통계적인 특성은 동일한 것으로 가정할 수 있다. 따라서 개체들은 서로 비슷한 크기의 그룹으로 양분될 수 있다.

[0130] 도 6의 (b)는 분류된 그룹들의 크기 변화를 도시한 것으로, 가로축은 시간이고, 세로축은 전체 개체수 중에서 특정 그룹에 포함된 개체의 수의 비율이다. 가축에게 질병이 발생하지 않았다면, 전체 개체수 중에서 특정 그룹에 포함된 개체의 수의 비율은 0.5 부근의 값에서 수렴한다.

[0131] 분류된 그룹들의 크기가 시간에 따라서 변경되지 않고, 일정하게 유지되며, 그 크기가 서로 유사한 경우에는 판단부(240)는 모든 개체가 질병이 발생하지 않은, 정상 개체인 것으로 판단할 수 있다. 일측에 따르면, 분류된 모든 그룹의 크기의 변화량이 제2 임계치 이하이고, 전체 개체수 중에서 특정 그룹에 포함된 개체의 수의 비율이 0.5 부근인 경우에, 판단부(240)는 모든 개체가 질병이 발생하지 않은 정상 개체인 것으로 판단할 수 있다.

[0133] 도 7의 (a)는 일부 가축에게 전염병이 아닌 질병이 발생한 경우에 벡터들의 분포를 도시한 도면이다. 일부 가축에게 전염병이 아닌 질병이 발생한 경우, 정상 개체와 이상 개체가 서로 다른 그룹으로 구분될 수 있다.

[0134] 도 7의 (b)는 분류된 그룹들의 크기 변화를 도시한 것으로, 가로축은 시간이고, 세로축은 전체 개체수 중에서 특정 그룹에 포함된 개체의 수의 비율이다. 이상 개체에 발병한 질병이 전염병이 아니라면, 전체 개체수 중에서 특정 그룹에 포함된 개체의 수의 비율은 시간에 따라 크게 변경되지 않는다. 또한, 이상 개체의 수는 정상 개체의 수보다는 적은 것이 일반적이므로, 특정 그룹에 포함된 개체의 수의 비율은 0.5 보다는 훨씬 작고, 0 보다는 큰 값에서 수렴한다.

[0135] 분류된 그룹들의 크기가 시간에 따라서 변경되지 않고, 일정하게 유지되나, 그 크기가 서로 상이한 경우에는 판단부(240)는 일부 개체에 전염병이 아닌 질병이 발생한 것으로 판단할 수 있다. 일측에 따르면, 분류된 모든 그룹의 크기의 변화량이 제2 임계치 이하이고, 전체 개체수 중에서 특정 그룹에 포함된 개체의 수의 비율이 0 부근이거나, 1 부근인 경우에, 판단부(240)는 일부 개체에 전염병이 아닌 질병이 발생한 것으로 판단할 수 있다.

[0137] 도 8의 (a)는 전염병이 발생한 초기의 벡터들의 분포를 도시한 도면이다. 일부 가축에게 전염병이 아닌 질병이 발생한 경우, 정상 개체와 이상 개체가 서로 다른 그룹으로 구분될 수 있다.

[0138] 도 8의 (b)는 전염병이 발생한 후기의 벡터들의 분포를 도시한 도면이다. 시간이 지남에 따라서 정상이었던 개체들에게도 질병이 확산된 것을 알 수 있다.

[0139] 도 8의 (c)는 분류된 그룹들의 크기 변화를 도시한 것으로, 가로축은 시간이고, 세로축은 전체 개체수 중에서 특정 그룹에 포함된 개체의 수의 비율이다. 전염병이 발명한 경우에는 시간이 지남에 따라서 이상 개체들의 비율이 크게 증가한다.

[0140] 분류된 그룹들의 크기가 시간에 따라서 변경된다면, 판단부(240)는 일부 개체에 전염병이 발생한 것으로 판단할 수 있다. 일측에 따르면, 분류된 그룹들 중에서, 어느 한 그룹의 크기의 변화량이 제1 임계치 이상이라면, 판단부(240)는 일부 개체에 전염병이 아닌 질병이 발생한 것으로 판단할 수 있다.

[0142] 도 2 내지 도 8에서 설명된 가축의 질병 발생 여부 판단 장치의 동작은 하기 알고리즘으로 요약하여 설명할 수 있다.

[0144] 스텝 1: $\mu_1, \mu_2, \sigma_1, \sigma_2, \tau_1, \tau_2$ 을 초기화

[0145] 여기서, μ_1, μ_2 는 분류될 각 그룹의 평균값이고, σ_1, σ_2 는 분류될 각 그룹의 분산이다. 또한, τ_1, τ_2 는 분류될 각 그룹의 크기(그룹에 포함된 벡터의 개수)를 나타낸다.

[0147] 스텝 2: F_1 , F_2 를 초기화

[0148] 여기서, F_1 은 전염병 카운터, F_2 는 비전염병 카운터이다. 일측에 따르면, F_1, F_2는 '0'으로 초기화될 수 있다.

[0150] 스텝 3: F_1 , F_2 를 카운터 임계값과 비교

[0151] F_1 와 F_2 를 카운터 임계값 θ_1 와 비교한다. 만약 F_1 와 F_2 모두가 카운터 임계값 θ_1와 같거나 작은 값인 경우에는 스텝 4 이하의 단계를 수행한다.

[0153] 스텝 4: 가축들로부터 생체 정보를 모니터링한다.

[0155] 스텝 5: 이전에 계산되었던 각 그룹의 평균값 μ_1, μ_2 를 $\mu_1^{prev}, \mu_2^{prev}$ 로 저장하고, 이전에 계산되었던 각 그룹의 분산 σ_1, σ_2 를 $\sigma_1^{prev}, \sigma_2^{prev}$ 로 저장하고, 이전에 계산되었던 각 그룹의 크기 τ_1, τ_2를 $\tau_1^{prev}, \tau_2^{prev}$ 로 저장한다.

[0157] 스텝 6: 모니터링된 생체 정보들을 원소로 포함하고 상기 각 가축들에 대응되는 벡터를 생성하고, 기댓값 최대화 알고리즘을 이용하여 생성된 벡터들을 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류한다.

[0158] 새롭게 분류된 그룹에 따라서, $\mu_1, \mu_2, \sigma_1, \sigma_2, \tau_1, \tau_2$ 를 업데이트 한다.

[0160] 스텝 7: 각 그룹에 대하여, 그룹의 크기 변화량이 제1 임계값으로부터 제2 임계값 사이인지를 판단한다. 수학식으로 표현하면 하기 수학식 5와 같다.

[0162] [수학식 5]

[0164] $$\eta_d \leq |\tau_1 - \tau_1^{prev}| \leq \eta_u$$

[0166] 여기서, η_u 는 제1 임계값이고, η_d 는 제2 임계값이다. 만약 그룹의 크기 변화량이 제1 임계값으로부터 제2 임계값 사이인 경우에는 해당 그룹의 카운터를 '1'만큼 증가시킨다.

[0168] 스텝 8: 각 그룹의 크기 중에서 가장 작은 값을 제3 임계값과 비교한다. 이를 수학식으로 표현하면 하기 수학식 6과 같다.

[0170] [수학식 6]

[0173] $$\min(\tau_1, \tau_2) \leq \eta$$

[0175] 여기서, η 는 제3 임계값이다. 만약 각 그룹의 크기 중에서 가장 작은 값이 제3 임계값 보다 작거나 같다면, 해당 그룹의 카운터를 '1'만큼 증가시킨다.

[0177] 이후에는 스텝 4로 진행하여 증가된 카운터 값과 카운터 임계값을 비교하고, 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단할 수 있다. 예를 들어, 전염병 카운터 F_1 가 카운터 임계값 θ_1보다 큰 값이라면, 가축들 사이에 전염병이 발생한 것으로 판단할 수 있다. 또는 비전염병 카운터 F_2 가 카운터 임계값 θ_1보다 큰 값이라면, 가축들 사이에 전염병이 아닌 질병이 발생한 것으로 판단할 수 있다.

[0179] 도 9는 또 다른 예시적 실시예에 따른 가축의 질병 발생 여부 판단 방법을 단계별로 도시한 순서도이다.

[0180] 단계(910)에서, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 가축들로부터 생체 정보를 모니터링한다. 여기서, 생체 정보는 각 가축들의 체온, 운동량, 발성음 및 급수량 중에서 적어도 하나를 포함할 수 있다.

[0181] 단계(920)에서, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 모니터링된 생체 정보들을 원소로 포함하고, 각 가축들에게 대응되는 벡터를 생성한다. 예를 들어, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 특정 개체로부터 모니터링된 생체 정보를 원소로 포함하도록 특정 개체에 대응되는 벡터를 생성할 수 있다.

[0182] 단계(930)에서, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 생성된 벡터를 벡터 공간상에서 복수의 그룹으로 분류한다. 일측에 따르면, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 기댓값 최대화 알고리즘을 이용하여 벡터들을 복수의 그룹으로 분류할 수 있다. 또 다른 측면에 따르면, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 수학식 1 내지 수학식 4에서 설명된 E 단계와 M 단계를 번갈아 반복하여 벡터를 복수의 그룹으로 분류할 수 있다.

[0183] 단계(940)에서, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 분류된 그룹들의 크기 변화에 따라서 가축들에게 질병이 발생하였는지 여부를 판단할 수 있다. 예를 들어, 각 그룹의 크기 변화가 제1 임계값 이상인 경우에는 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 가축들에게 전염병이 발생한 것으로 판단할 수 있다. 또 다른 실시예에 따르면, 가축의 질병 발생 여부 판단 장치는 가장 작은 그룹의 크기가 제2 임계값 이하인 경우에는 가축들 중 적어도 하나의 가축에 질병이 발생한 것으로 판단할 수 있다.

[0185] 실시예에 따른 방법은 다양한 컴퓨터 수단을 통하여 수행될 수 있는 프로그램 명령 형태로 구현되어 컴퓨터 판독 가능 매체에 기록될 수 있다. 상기 컴퓨터 판독 가능 매체는 프로그램 명령, 데이터 파일, 데이터 구조 등을 단독으로 또는 조합하여 포함할 수 있다. 상기 매체에 기록되는 프로그램 명령은 실시예를 위하여 특별히 설계되고 구성된 것들이거나 컴퓨터 소프트웨어 당업자에게 공지되어 사용 가능한 것일 수도 있다. 컴퓨터 판독 가능 기록 매체의 예에는 하드 디스크, 플로피 디스크 및 자기 테이프와 같은 자기 매체(magnetic media), CD-ROM, DVD와 같은 광기록 매체(optical media), 플롭티컬 디스크(floptical disk)와 같은 자기-광 매체(magneto-optical media), 및 롬(ROM), 램(RAM), 플래시 메모리 등과 같은 프로그램 명령을 저장하고 수행하도록 특별히 구성된 하드웨어 장치가 포함된다. 프로그램 명령의 예에는 컴파일러에 의해 만들어지는 것과 같은 기계어 코드뿐만 아니라 인터프리터 등을 사용해서 컴퓨터에 의해서 실행될 수 있는 고급 언어 코드를 포함한다. 상기된 하드웨어 장치는 실시예의 동작을 수행하기 위해 하나 이상의 소프트웨어 모듈로서 작동하도

록 구성될 수 있으며, 그 역도 마찬가지이다.

[0186]

[0187] 이상과 같이 실시예들이 비록 한정된 실시예와 도면에 의해 설명되었으나, 해당 기술분야에서 통상의 지식을 가진 자라면 상기의 기재로부터 다양한 수정 및 변형이 가능하다. 예를 들어, 설명된 기술들이 설명된 방법과 다른 순서로 수행되거나, 및/또는 설명된 시스템, 구조, 장치, 회로 등의 구성요소들이 설명된 방법과 다른 형태로 결합 또는 조합되거나, 다른 구성요소 또는 균등물에 의하여 대치되거나 치환되더라도 적절한 결과가 달성될 수 있다.

[0188] 그러므로, 다른 구현들, 다른 실시예들 및 특허청구범위와 균등한 것들도 후술하는 특허청구범위의 범위에 속한다.

부호의 설명

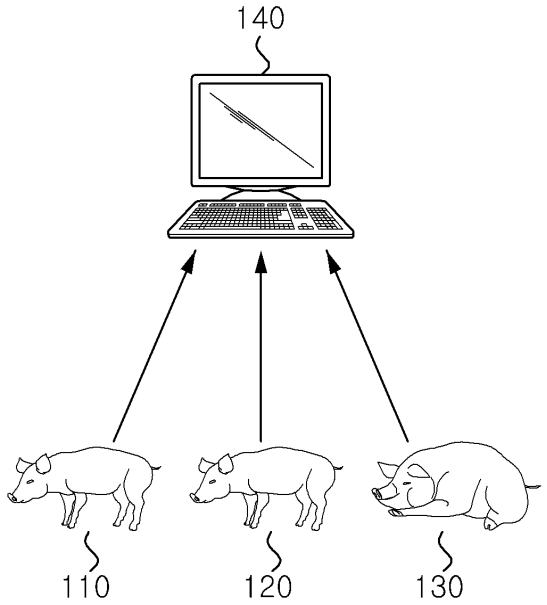
[0189] 110, 120 : 정상 개체

130: 이상 개체

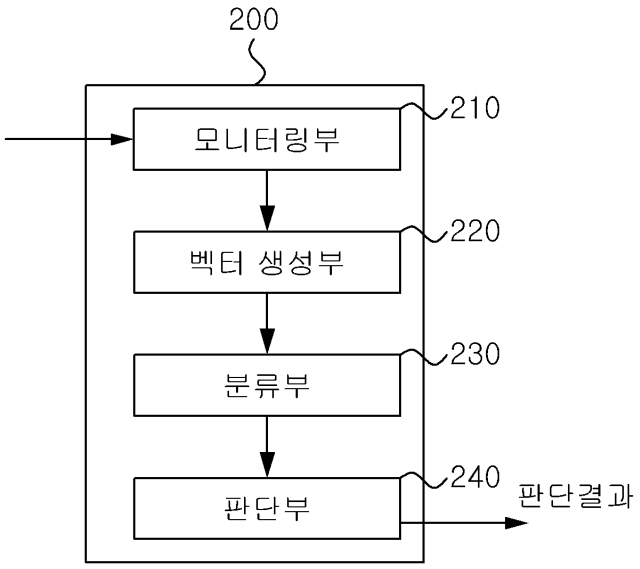
140: 가축의 질병 발생 여부 판단 장치

도면

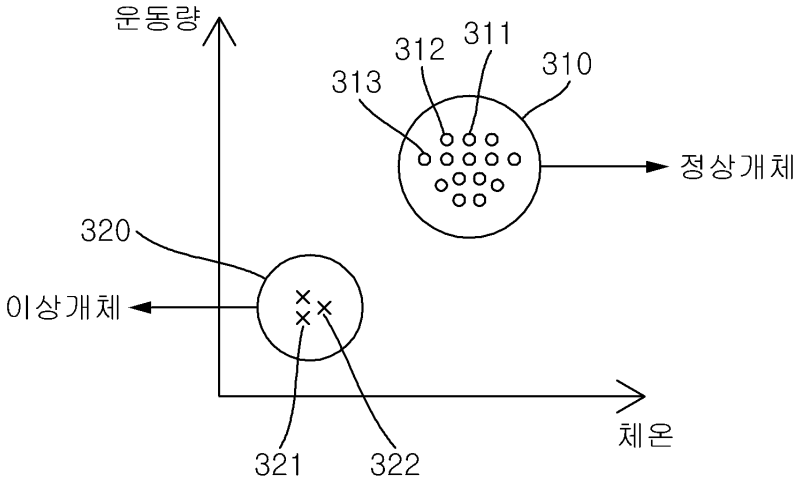
도면1



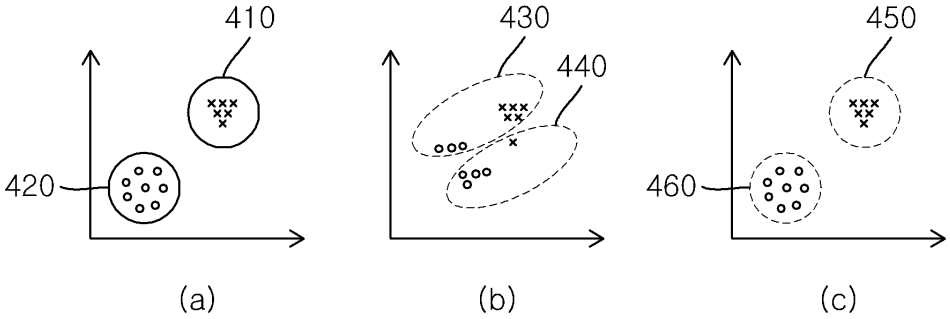
도면2


200
210
모니터링부
220
벡터 생성부
230
분류부
240
판단부
판단결과

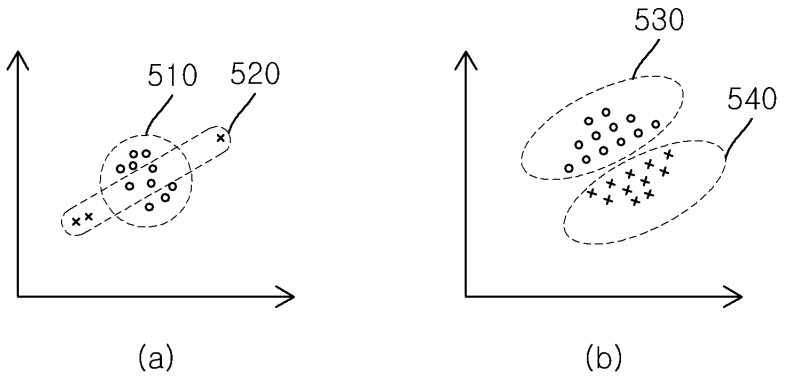
도면3


운동량
312
311
310
313
정상개체
320
이상개체
체온
321
322

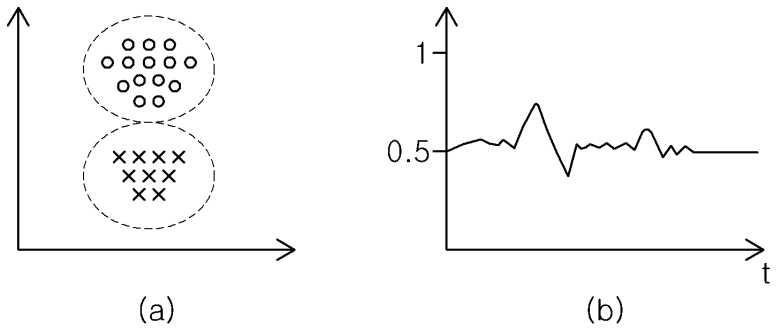
도면4


410
420
(a)
430
440
(b)
450
460
(c)

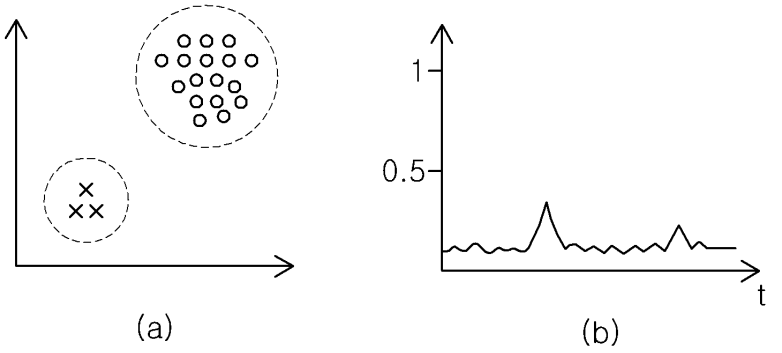
도면5



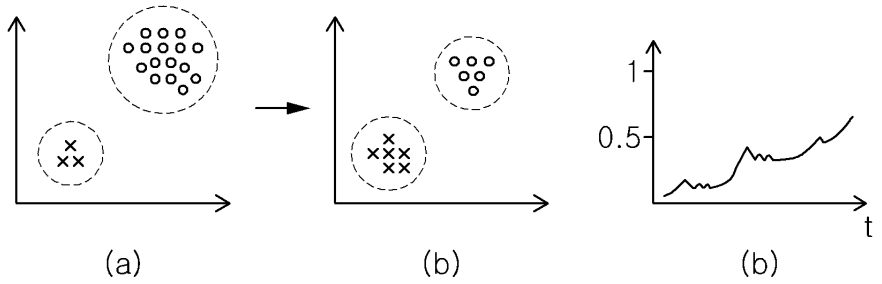
도면6



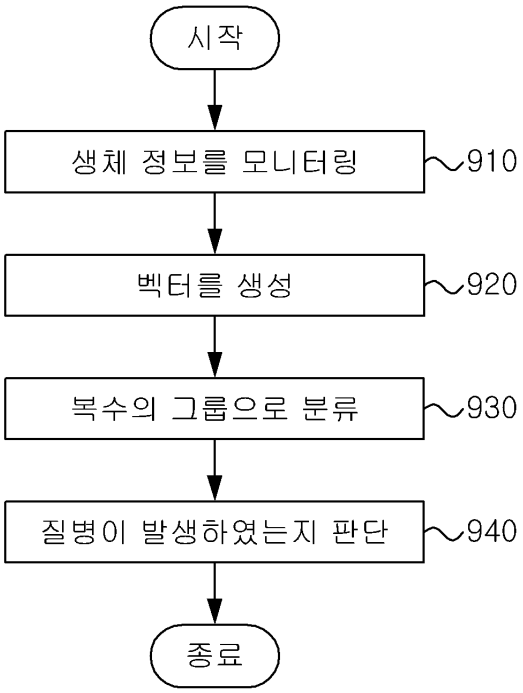
도면7



도면8



도면9


시작
생체 정보를 모니터링
910
벡터를 생성
920
복수의 그룹으로 분류
930
질병이 발생하였는지 판단
940
종료