인공지능 학습활동 5

1829008 김민영

0. Set Up

```
In [125]: import nltk
from nltk.corpus import *
corpus_root = "C:/Users/KimMinyoung/nltk_data/corpora/Genomics-Informatics-Corpus-master/Genomics-Informatics-C

In [126]: GNI = nltk.corpus.PlaintextCorpusReader(corpus_root, 'gni-14-1.txt', encoding='utf-8')
giRaw = GNI.raw('gni-14-1.txt')
GNISents = nltk.sent_tokenize(giRaw)
problem = []
```

- 1) Gni-14-1.txt
- 1. "."만을 기준으로 문장을 분리하기 때문에, 특수문자와 제목이 한 문장에 들어갔다.

```
      In [127]:
      problem.append(GNISents[0])

      Out[127]:
      '#n=========Title======#nEditor' s Introduction to This Issue.'

      "." 만을 기준으로 문장을 분리하기 때문에, 특수문자랑, 제목이랑 같이 들어갔다.

      개선 방안 -> '---' 나 '==='가 반복적으로 나타나면 문장분리기호로 인식하도록 개선한다. 혹은 \n을 추가적으로 문장분리기호로 인식하도록 개선한다.
```

-> 개선방안 : '---' 나 '==='가 반복적으로 나타나면 문장분리기호로 인식하도록 개선한다. 혹은 ₩n을 추가적으로 문장분리기호로 인식하도록 개선한다.

2,3. "."을 기준으로 문장을 분리하기 때문에 Vol. No. 에서 문장으로 잘렸다

```
In [128]: problem.append(GNISents[1])

Out[128]: '=====Cor Author====#hwww.genominfo.orgGenomics & Informatics Vol.'

In [129]: problem.append(GNISents[2])

GNISents[2]

Out[129]: '14, No.'
```

-> 개선방안: Vol. No. 등 "."로 끝나는 약어사전을 만들어 문장을 분리할 때에 제거한다.

4. "."을 기준으로 문장을 분리하기 때문에, 이메일 전화번호 등등 여러가지가 하나의 문장으로 들어가게 되었다.

Jun Chung* IRCGP, College of Medicine, The Catholic University of Korea, Seoul 06591, Korealn the post-genome

-> **개선방안 :** 마찬가지로 '---' 나 '==='가 반복적으로 나타나면 문장분리기호로 인식하도록 개선한다. 혹은 ₩n을 추가적으로 문장분리기호로 인식하도록 개선한다.

5. "."을 기준으로 문장을 분리하기 때문에 Dr. 에서 문장으로 잘렸다.

era, understanding protein biomarkers is becoming more important.'

```
In [131]: problem.append(GNISents[11])
GNISents[11]
Out[131]: 'Regarding neurobiology, Dr.'
```

-> 개선방안 : Dr. 등 "."로 끝나는 약어사전을 만들어 문장을 분리할 때에 제거한다.

6. "."을 기준으로 문장을 분리하기 때문에, 이메일 전화번호 등등 여러가지가 하나의 문장으로 분리되어버렸다.

```
In [132]: problem.append(GNISents[-1])
GNISents[-1]

Out[132]: 'Dr. Seon-Young Kim's group (KRIBB, Korea) suggests that public datasets should not be expected to be error-f
ree and, whenever possible, that we should check the consistency of the data. For further details, please visit
the G&I homepage (http://www.kogo.or.kr/webapp/kogo_publish/genomics_and_informatics/)\mathfrak{\mathfrak{H}}n========\mathfrak{\mathfrak{H}}n \mathfrak{\mathfrak{H}}n \mathfrak{\mathfra
```

개선방안 -> 마찬가지로 '---' 나 '==='가 반복적으로 나타나면 문장분리기호로 인식하도록 개선 한다. 혹은 ₩n을 추가적으로 문장분리기호로 인식하도록 개선한다.

2) Gni-14.2.txt

In [133]: giRaw2 = GNI.raw('gni-14-2.txt')
GNISents2 = nltk.sent_tokenize(giRaw2)

7. Result, After~ 등등이 한꺼번에 다 같은 문장에 들어가게 되었고 마지막에 Fig.에서 짤렸다.

In [134]: problem.append(GNISents2[20])
GNISents2[20]

Out[134]: 'Results\m\m\nPeptide and protein identification\m\m\nAfter obtaining proteomic data from tissue or body fluid sam

4]: 'Results\(\pi\)m\(\pi\)peptide and protein identification\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\)m\(\pi\

개선방안 -> Fig. 등 "."로 끝나는 약어사전을 만들어 문장을 분리할 때에 제거한다. 또한 ₩n₩n을 추가적으로 문장분리기호로 인식하도록 개선한다.

8. "."을 기준으로 문장을 분리하기 때문에 홈페이지주소가 . 단위로 잘렸다.

In [136]: problem.append(GNISents2[64])

Out[136]: 'For example, the enrichment analysis of gene ontology biological processes (GCBPs) or Kyoto Encyclopedia of G enes and Genomes (KEGG) pathways can be applied to the DEPs using DAVID [38] and PANTHER [39], and commercial tools, such as MetaCore [40] and Ingenuity Pathway Analysis (IPA, QIAGEN Redwood City, http://www.'

In [137]: problem.append(GNISents2[65])

GNISents2[65]

Out[137]: 'qiagen.'

개선방안 -> "."이후에 ₩s 가 오는 경우에만 문장을 분리하도록 개선한다.

9. "."을 기준으로 문장을 분리하기 때문에 Fig.에서 잘렸다.

A (QIAGEN Redwood City, http://www.

In [138]: problem.append(GNISents2[90])
GNISents2[90]

Out[138]: 'Next, the network model are analyzed to identify network modules or clusters each of which includes a set of the nodes densely connected in the network (Fig.'

개선방안 -> Fig. 등 "."로 끝나는 약어사전을 만들어 문장을 분리할 때에 제거한다. 또한 ₩n₩n을 추가적으로 문장분리기호로 인식하도록 개선한다.

10. "."을 기준으로 문장을 분리하기 때문에 홈페이지주소가 . 단위로 잘렸다.

In [141]: problem.append(GNISents2[127])
GNISents2[127]

Out[141]: 'A number of the tools have been developed to understand the subnetworks (network clusters) of the multi-layer ed networks whose perturbations are collectively indicated by different types of global datasets, including IP

개선방안 -> -> "."이후에 ₩s 가 오는 경우에만 문장을 분리하도록 개선한다.