

고속 3 차원 CT/CTA 영상 정합 기법 및 DS-CTA 응용

권성민¹, 김용선¹, 김태성², 김동익², 나중범¹

¹한국과학기술원 전자전산과

²연세대학교 의과대학 진단방사선과

Fast 3D CT/CTA Image Registration and its Application to DS-CTA

Sung Min Kwon¹, Yong Sun Kim¹, Tae-Sung Kim², Dong-Ik Kim², and Jong Beom Ra¹

¹Image Systems Lab., Dept. of EECS, KAIST

²Dept. of Diagnostic Radiology, Yonsei University College of Medicine

E-mail : jbra@ee.kaist.ac.kr, smkwon@issserver.kaist.ac.kr

Abstract

이 논문에서는 3 차원 CT/CTA 영상 데이터에 대하여 고속 자동 정합 기법을 제안한다. 제안하는 기법은 다해상도 (multi-resolution) 구조의 정규 상호 정보량 (normalized mutual information) 을 최대화하는 정합 방식에서, 정합 유사도를 계산하는 볼륨 영역을 효율적으로 줄여 정합 속도를 증가시키는 방법이다. 제안된 정합 방식을 CT/CTA (CT angiography) 팬텀 데이터와 7 세트의 실제 CT/CTA 임상 데이터에 적용하여 테스트하였다. 이로부터 제안하는 방식이, 정합 정확도를 유지하는 동시에 정합 속도를 10 ~ 60% 로 감소시킴을 확인 할 수 있었다. 또한 제안된 정합 방식을 DS-CTA (digital subtraction CT angiography) 에 적용하여, CT/CTA 영상으로부터 혈관 영상을 성공적으로 추출하였다.

I. 서론

의료 영상 정합은 (1) 다른 종류 (modality) 의 의료 영상 획득 장치에 의해 얻어진 의료 영상 (multi-modality) 이나, (2) 동일한 의료 영상 획득 장치로 얻어진 다른 환자들 사이의 의료 영상 (uni-modality), 혹은 (3) 동일한 환자에 대해 다른 시간대에 얻은 의료 영상들을, 동일한 좌표계로 변환시키는 기법이다.

의사들이 이러한 여러 종류의 의료 영상을 이용하여 환자에 대한 다각적인 진단을 수행하고자 할 때, 각각 의료 영상들의 영상 획득 특성에 따른 해상도의 차이와 각각의 의료 영상 촬영 시 환자의 방향 차이는 효율적인 진단에 어려움을 주게 된다. 이러한 의료 영상을 의사가 따로 판독하고 종합적으로 해석하기 위해서는, 의심되는 병변에 대한 좌표변환을 머리 속에서 수행해야 하기 때문이다. 그러나 이미 좌표계가 일치된 의료 영상을 의사가 판독한다면, 훨씬 능률적인 진단을 할 수 있다. 근래에 의료 영상 획득 장치의 발전에 의해, 환자에 대한 대용량의 의료 영상들의 획득이 간편해져서, 고속 의료 영상 정합 기법의 필요성이 증대되고 있다. 본 논문에서는 3 차원 CT/CTA 영상 데이터에 대하여, 고속 자동 영상 정합 기법을 제안하고, 제안한 방법을 DS-CTA 에 응용하여 정합 기법의 성능을 살펴본다.

II 장에서는 기존의 방법으로 본 제안하는 기법에서 기반으로 사용하고 있는, 상호 정보량 최대화 방식 정합 기법에 대해 설명한다. III 장에서는 제안한 정합 기법에 대해서 설명하고, IV 에서는 제안한 정합 방법들의 실험한 결과에 대해서 설명한다. 마지막으로 V 장에서는 결론을 내린다.

II. 상호 정보량 최대화 방식 정합 기법

상호 정보량을 이용한 정합 기법은 여러 영상 정합 방식 중에서 확률 통계적 접근 방법이다. 이 방법에서는 정합 시키고자 하는 두 영상이 정확히 정합 되었을 때 상호 엔트로피 (joint entropy)가 최소화 된다는 점을 이용한다 [1]. 이 정합 방법에서, 두 영상 사이의 관계를 나타내는 행렬을 변환 행렬 (transformation matrix) 이라고 하고, 기준이 되는 볼륨을 기준 볼륨 (reference volume), 변환 행렬에 의해 기준 볼륨으로 투영이 수행 되는 볼륨을 부유 볼륨 (floating volume) 이라고 한다.

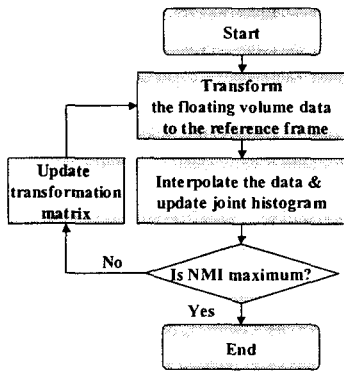
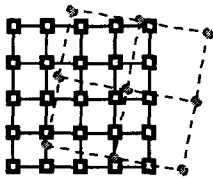


그림 1 상호 정보량 기반 정합 방법의 순서도



- : Voxels in the reference volume
- : Voxels in the floating volume

그림 2 기준 볼륨 격자와 투영된 부유 볼륨 격자

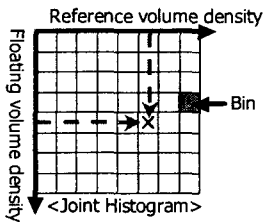


그림 3 기준 볼륨과 부유 볼륨의 상호 히스토그램

그림 1 은 상호 정보량을 이용한 정합 기법의 전체 순서도이고, 그림 2 는 기준 볼륨과 변환 행렬에 의해

기준 볼륨으로 투영된 부유 볼륨의 격자들을 보여준다. 각각의 투영된 부유 볼륨의 격자들에 대하여 해당하는 위치의 기준 볼륨 값을 내삽 (interpolation) 으로 구하고, 이러한 (기준 볼륨 격자 값, 내삽된 부유 볼륨 값) 한 쌍을 그림 3 에서와 같이 상호 히스토그램 (joint histogram) 상에 반영하게 된다. 상호 히스토그램은 상호 확률 분포 (joint probability distribution) 를 근사화해서 나타낸 것으로, 최적의 정합의 정확도와 계산량을 유도하는 빈 크기가 결정된다. 상호 히스토그램으로부터 상호 정보량이 계산되는데, 상호 정보량이 두 볼륨의 겹치는 영역에 영향을 받지 않도록 정규 상호 정보량 (normalized mutual information) 이 주로 이용된다 [2]. 이 정규 상호 정보량은 다음과 같이 정의된다. 여기서 $H(A)$, $H(B)$ 는 각 영상의 엔트로피, $H(A,B)$ 는 상호 엔트로피를 의미한다.

$$Y(A, B) = \frac{H(A) + H(B)}{H(A, B)}$$

이러한 정규 상호 정보량을 최대화하는 영상 정합 기법은, 모든 부유 볼륨의 격자를 3 차원 변환 행렬을 이용하여 기준 볼륨에 투영하고, 투영된 위치의 기준 볼륨 값을 3 차원 내삽 (tri-linear interpolation) 을 수행하여 구하고, 상호 히스토그램에서 해당하는 빈을 변환시켜야 한다. 이 과정들은 상당한 영상 정합시간을 요구하므로, 다해상도 구조를 적용하여 속도를 개선하는 방법이 제안되었다 [3]. 하지만 다해상도 기법으로도 영상 정합의 속도를 빠르게 하는 데는 한계가 있다.

III. 제안한 정합 기법

제안하는 정합 기법은 다해상도 구조의 정규 상호 정보량을 최대로 하는 영상 정합 방법에서, 정합 유산도, 즉 상호 정보량을 계산하는 부유 볼륨 격자의 개수를 효율적으로 줄여 정합 속도를 증가시키는 정합 기법이다. 제안하는 정합 기법의 순서는 그림 4 와 같다. 이 그림은 다해상도 구조 중에서 어느 한 해상도 단계에서 수행하는 일련의 과정을 보여주고 있다. 제안한 정합 기법은, 정규 상호 정보량 정합 방법에서 두 영상사이의 정규 상호 정보량을 계산하는데 있어서, 상호 확률 분포가 상호 히스토그램으로 근사화 되었다는 점에 착안하였다.

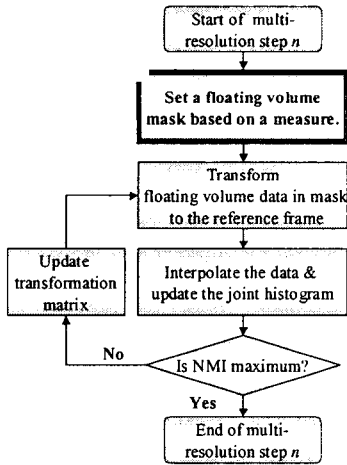


그림 4 제안한 정합 방법의 순서도

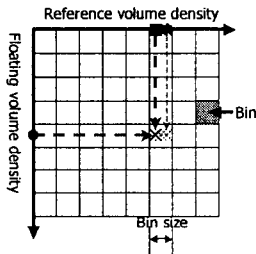


그림 5 상호 히스토그램에서 (부유 볼륨 격자 값, 내삽된 기준 볼륨 값) 쌍의 이동

영상 정합 과정은 변환 행렬을 조금씩 변화시키면서 정규 상호 정보량을 최대화 하는 변환 행렬을 구하는 과정이다. 이 과정에서 변환 행렬이 조금씩 변화되면, 변환 행렬에 의해 부유 볼륨의 격자점이 투영되는 위치가 조금씩 변화하게 된다. 따라서, 부유 볼륨 격자에 대해 내삽된 기준 볼륨 값이 조금씩 변화하고, 상호 히스토그램 상에서 (부유 볼륨 격자 값, 내삽된 기준 볼륨 값) 의 쌍도 그 위치를 조금씩 달리하게 된다. 만일, 히스토그램 상의 (부유 볼륨 격자 값, 내삽된 기준 볼륨 값) 의 쌍이 한 개의 bin 안에서만 계속 움직인다면, 양자화 과정에 의해, 본 부유 볼륨 격자는 상호 히스토그램에 아무런 영향을 미치지 않는다. 따라서 정규 상호 정보량에도 아무런 영향을 미치지 않게 된다.

이렇게 정규 상호 정보량에 아무런 영향을 미치지 않는 부유 볼륨 격자들을 미리 정합 계산에서 제거하면 정합 정확도를 유지하면서, 정합 속도를 개선할 수 있다. 이러한 부유 볼륨 격자들을 정합 과정에서 효율적으로 제거하기 위해서 각 부유 볼륨 격자에 대해 SMD

(spherical maximum distance) 를 정의하고, SMD 값이 임계치를 넘지 않는 부유 볼륨의 격자일 경우 정합 과정에서 제거하여 준다. SMD 는 각 부유 볼륨 격자로부터 일정한 반지름을 가지는 구를 생각하고, 그 안쪽에 있는 최대 변화량으로 정의한다.

다해상도 구조의 정규 상호 정보량 최대화 기법에서는, 해상도가 좋아질수록 변환 행렬에 의한 투영된 부유 볼륨 격자의 이동이 작아지므로, 투영된 부유 볼륨의 이동이 SMD 의 반지름보다 작을 것으로 예상되면, 각 부유 볼륨 격자에 대해 미리 계산한 SMD 값을 이용하여 임계치보다 작은 격자는 정합 계산에서 제외해 준다.

IV. 모의 실험 결과

제안된 정합 방식을 CT/CTA (CT angiography) 팬텀 데이터와 7 세트의 실제 CT/CTA 임상 데이터에 적용하여 테스트하였다. 사용한 데이터에 대한 정보는 다음 표 1 과 같다.

표 1 사용한 3차원 데이터의 정보

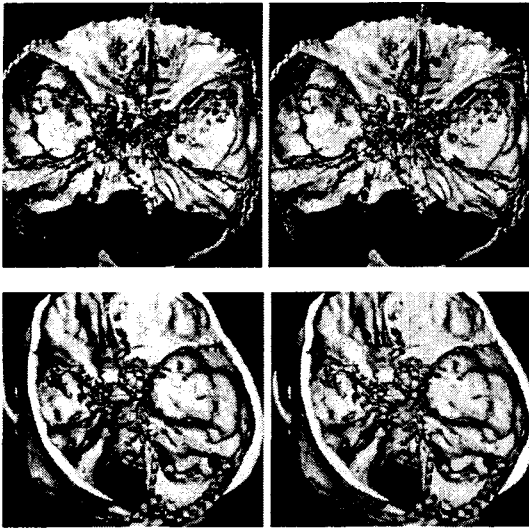
	Dimension (voxel)	Pixel spacing (mm)
Phantom CT/CTA	512 x 512 x 180	0.300 x 0.300 x 0.300
CTCTA0p1 CT/CTA	512 x 512 x 185	0.268 x 0.268 x 0.300
CTCTA0p2 CT/CTA	512 x 512 x 185	0.268 x 0.268 x 0.300
CTCTA0p4 CT/CTA	512 x 512 x 163	0.326 x 0.326 x 0.500
CTCTA0p5 CT/CTA	512 x 512 x 215	0.301 x 0.301 x 0.300
CTCTA0p6 CT/CTA	512 x 512 x 147	0.289 x 0.289 x 0.500
CTCTA006 CT/CTA	512 x 512 x 201	0.275 x 0.275 x 0.300
CTCTA096 CT/CTA	512 x 512 x 180	0.254 x 0.254 x 0.300

표 2 팬텀 실험 결과

	Multi-resolution step	Tx	Ty	Tz	Rx	Ry	Rz	Absolute error	Error decrements	NMI
		(voxel)	(voxel)	(voxel)	(degree)	(degree)	(degree)			
Conventional method	(8.8)	6.2	-0.7	-5.1	-0.7	-0.4	0.2	0.8155		1.48604
	(4.4)	5.4	-1.4	-4.4	-0.8	-0.3	0.2	0.0116	0.8215	1.51806
	(2.2)	5.4	-1.4	-4.4	-0.8	-0.3	0.2	0.0138	0.0125	1.51808
	(1.1)	5.4	-1.4	-4.4	-0.8	-0.3	0.2	0.0113	0.0098	1.51812
Proposed approach to finest-level	(8.8)	6.2	-0.7	-5.1	-0.7	-0.4	0.2	0.8155		1.48604
	(4.4)	5.4	-1.4	-4.4	-0.8	-0.3	0.2	0.0116	0.8215	1.51806
	(2.2)	5.4	-1.4	-4.4	-0.8	-0.3	0.2	0.0128	0.015	1.51809
	(1.1)	5.4	-1.4	-4.4	-0.8	-0.3	0.2	0.0123	0.0045	1.51812

제안한 알고리즘에서 상호 히스토그램 bin 크기는 16 HU x 16 HU 를 사용하였고, SMD 의 반지름은 3 차원 데이터에서 각 x, y, z 축 방향의 복셀 간격 중 최소인 것으로 사용하였다. SMD 의 임계값으로는 8 HU 을 사용하였다. 표 2 의 팬텀 실험을 통해 제안한 방법이 기존의 다해상도 구조의 정규 상호 정보량 최대화 정합 기법과 동일한 정합 결과를 보임을 알 수 있다. 그림 6 의 윗 줄은 CTCTA0p1 데이터에 대한 기존의 정합 결과와

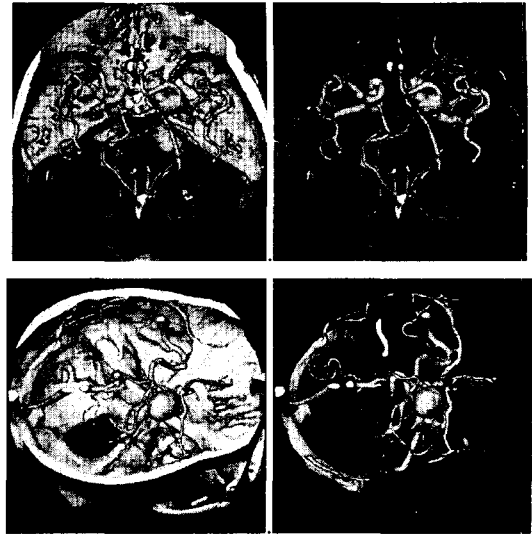
제안하는 기법의 정합 결과를 보여주고 있고, 아래 줄은 CTCTA0p5 데이터에 대한 결과를 보여주고 있다. 양쪽의 결과가 일치하므로, 정합 정확도가 유지됨을 알 수 있다.



(a) 기존의 방법 (b) 제안하는 방법

그림 6 CTCTA0p1, CTCTA0p5 데이터의 정합 결과

에 정합 속도는 10 ~ 60% 로 감소시켰다. 또한 제안된 정합 방식을 DS-CTA 에 적용하여, CT/CTA 영상으로부터 혈관 영상을 성공적으로 추출하였다.



(a) CTA 데이터 (b) 추출된 혈관

그림 7 제안한 정합기법의 DS-CTA 에의 적용: CTCTA0p2, CTCTA0p5 데이터

표 3 정합 속도 (Intel P4 of 2.4GHz)

	Conventional method (sec)	Proposed method (sec)	Complexity Ratio
Phantom data	1953	137	0.07
CTCTA0p1	1639	133	0.08
CTCTA0p2	1936	537	0.28
CTCTA0p4	1683	828	0.49
CTCTA0p5	1931	187	0.1
CTCTA0p6	922	554	0.6
CTCTA006	2176	731	0.34
CTCTA096	1580	648	0.41

표 3 은 각 데이터에 대해 정합 속도를 보여주고 있다. 데이터에 따라서 정합 속도가 10 ~ 60% 로 감소됨을 확인 할 수 있었다. 그림 7 은 정합 방식을 DS-CTA 에 적용한 결과이다 [4]. CT/CTA 영상 정합 방법으로부터 혈관 영상을 성공적으로 추출하였다.

V. 결론

본 논문에서 제안하는 정합 기법은 다해상도 구조의 정규 상호 정보량을 최대로 하는 영상 정합 기법에서, 정규 상호 정보량을 계산하는 부유 볼륨 격자의 개수를 효율적으로 줄여서 정합 정확도를 유지하는 동시

참고문헌

- [1] F. Maes, A. Collignon, D. Vandermeulen, and G. Marchal, and P. Suetens, "Multimodality image registration by maximization of mutual information," *IEEE Transactions on Medical imaging*, vol. 16, no. 2, pp. 187-198, Apr. 1997.
- [2] C. Studholme, D. L. G. Hill, and D. J. Hawkes, "An overlap invariant entropy measure of 3D medical image alignment," *Pattern Recognition*, vol. 32, no. 1, pp. 71-86, 1999.
- [3] F. Maes, D. Vandermeulen, and P. Suetens, "Comparative evaluation of multiresolution optimization strategies for multimodality image registration by maximization of mutual information," *Medical Image Analysis*, vol. 3, no. 4, pp. 373-386, 1999.
- [4] 김용선, 권성민, 김태성, 김동익, 나종범, "삼차원 CTA 뇌 영상에서 자동 혈관 추출," 제 28 회 대한 의용생체공학회 춘계학술대회, pp. 761-763, 2003년 5월 16-17 일.