

양자화 기법과 퍼지 기반 SOM 알고리즘을 이용한 CT 영상에서의 간 영역과 간 종양 검출 및 분석

Detection and Analysis of the liver Area and liver tumors in CT Images using Quantization Method and Fuzzy based-SOM Algorithm

전태룡¹, 정경훈², 김광백³

¹신라대학교 컴퓨터정보공학부
dokikorea2@naver.com
²신라대학교 컴퓨터공학과
jkbjkh@naver.com
³신라대학교 컴퓨터공학과
gbkim@silla.ac.kr

요 약

간은 인체의 생명을 유지하고 성장할 수 있도록 하는 영양섭취와 매우 밀접한 관계를 가진 중요한 장기이다. 이러한 간의 중요성에도 불구하고 현재 우리나라의 간암 발병률이 세계에서 가장 높은 수치를 기록하고 있으며 이에 따라 간암을 조기 진단하고 예방할 수 있는 방법의 중요성이 확대되고 있다. 따라서 본 논문에서는 영상 의학적 검사 방법 중 하나인 CT 촬영으로 획득된 조영 증강 CT 영상에서 간 영역과 간 종양 영역을 정확히 검출하고 간 종양의 악성도를 판별할 수 있는 방법을 제안한다. 흉부로부터 5mm 간격으로 약 40 ~ 50장 정도로 촬영한 조영 증강 CT 영상에서 명암도와 명암의 분포도를 이용한 양자화 기법과 장기들의 위치 및 형태학적 특징 정보, 그리고 흉부와 복부 양방향으로 인접한 CT 영상들의 정보를 분석하여 간 영역을 검출한다. 간 종양 영역은 과혈관성 종양의 특징을 분석하고 간 영역의 검출 방법에 적용하여 추출한다. 추출된 간 종양 영역은 퍼지 기반 SOM 알고리즘을 제안하여 간 종양의 악성도를 분석하는데 적용한다. 제안된 퍼지 기반 SOM 알고리즘은 SOM의 이웃 반경을 동적으로 조정하는데 퍼지 제어 기법을 적용하여 기존의 SOM 알고리즘보다 종양의 악성 정도를 분류하는 정확성을 개선하였다. 제시된 간 영역과 간 종양 검출 및 분석 방법의 결과와 전문의가 진단한 결과를 비교 분석한 결과, 기존의 간 영역 및 간 종양 영역 검출 방법보다 정확성이 향상된 것을 확인할 수 있었다.

Key Words : 조영증강 CT 영상, 퍼지 기반 SOM 알고리즘, 간 영역, 간 종양

1. 서 론

암은 우리나라 전체 사망률의 가장 큰 원인 중의 하나이다. 이 중 간암은 상태가 매우 악화되고 나서야 증상이 나타나며 그 증상 또한 간질환과 유사하여 정확한 감별이 어렵다. 따라서 간암의 진단은 증상이나 이학적 검사와 같은 간단한 검사로는 진단이 불가능하며 예방과 조기 발견하여 치료하는 것이 최선책으로 알려져 있다. 현대에 이르러 CT, MRI, 초음파와 같은 영상 의학적 검사 방법이 발달함에 따라 의학영상의 분석 및 처리 기술에 의해 인체

의 질환을 검출하거나 진단하는 시스템의 중요성이 확대되고 있으며 전문의에게 질병에 대한 정확하고 일관적인 진단을 진행 할 수 있도록 보조하는 컴퓨터 보조진단 시스템(Computer-Aided Diagnosis, CAD) 분야가 발전하고 있다. 하지만 인체의 생명을 유지하고 성장할 수 있도록 하는 영양섭취와 매우 밀접한 관계를 가진 간의 중요성에도 불구하고 다른 장기에 비해 간 CT의 CAD 연구가 미흡하다. 이는 CT 영상에서 간 영역이 인접해 있는 다른 장기들과의 경계가 모호하고 간 영역만이 가지는 명암도 특징이 뚜렷하지 않으며, 사람마다 간의 형태가 일정하지 않아 정확한 간 영역 검출

이 어렵기 때문이다. 본 논문에서는 다양한 영상 의학적 검사 방법 중 CT 촬영으로 획득된 조영 증강 CT 영상을 분석하여 자동으로 간 영역을 정확히 검출하고 검출된 간 영역에서 육안으로 분석하기 힘든 간 종양 영역을 추출할 수 있는 방법을 제시한다. 또한 검출된 간 영역과 간 종양 영역의 형태 및 크기 정보를 제공함으로써 전문의를 보조할 수 있는 보조 전문가 시스템으로서의 효율성을 검증한다.

기존의 간 영역 검출 방법은 장기를 구성하는 명암값으로 임계치를 부여하여 추출하는 방법[1-4], 히스토그램 분석과 모델-기반 외곽선 추출 방법[5], Blob Coloring을 이용한 추출 방법[6], Co-occurrence Matrix를 이용한 추출 방법[7], Template matching, Edge-based method, Region growing thresholding based method[8], 형태학적 필터를 이용한 방법[9], 모폴로지컬 특성에 기반한 분할 방법[10] 등이 제시되었다. 장기를 구성하는 명암도 값을 이용한 방법과 히스토그램 Thresholding 방법은 간 영역이 존재하는 명암도 범위를 계산하여 이에 해당하는 영역을 간 영역으로 추출하는 방법으로서 CT 영상을 통해 분석할 수 있는 정보 중 명암도를 이용한 것이다. CT 영상에서 간 영역이 가지는 명암도에 의해 영역 분할을 수행하면 간과 유사한 명암도를 가지며 인접해 있는 장기들까지 포함되어 추출되는 경우가 발생한다. Blob Coloring을 이용한 추출 방법은 명암도를 이용하여 영상에 존재하는 객체들을 그룹화 하는 방법으로서 그룹화 된 영역 중에 간 영역으로 판별하는 기준의 설정이 어려워 간 영역이 정확히 검출되지 않는 경우가 발생한다. Co-occurrence Matrix를 이용한 추출 방법은 window 기반 국부 이진화 방법으로 설정하는 window 크기에 따라 간 영역 검출의 정확성의 차이가 크게 나타난다. Template matching, Edge-based method, Region growing thresholding based method를 이용한 추출 방법들은 피하지방층과 간 영역이 연결되어 있는 영상에서 간 영역의 정확한 윤곽선과 영역의 크기를 추출하기 어려우며 모폴로지컬 특성에 기반한 분할 방법도 Multi-modal 히스토그램 분할로 간 영역의 분할 범위를 찾는 과정에서 피하지방층과 연결된 간 영역의 정확한 분할 범위를 측정하기가 어렵다. 형태학적 필터를 이용한 방법은 watershed 알고리즘을 적용한 방법으로 간 내부에 존재하는 대동맥과 기타 혈관들을 다른 영역으로 분할하는 과정에서 간 종양 영역까지 관심 영역에서 제외되어 간 종양 분석에는 적합하지 않다. 이러한 기존의 간 영역 추출 방법의 문제점들을 개선하기 위하여 본 논문에서는 흉부로부터 5mm 간격으로 약

40 ~ 50장 정도로 촬영된 조영증강 CT 영상에서 늑골의 정보를 이용하여 장기들의 정보만으로 구성된 내부 영역과 늑골 및 피하지방층, 그리고 배경으로 구성된 외부 영역을 구분하고 양자화 기법과 명암도 및 장기들의 형태와 위치, 그리고 흉부와 복부 양방향으로 인접한 CT 영상들의 정보를 이용하여 내부 영역에서 간 영역과 간 종양 영역을 검출한다. 간 영역과 간 종양 영역을 검출한 후에는 검출된 간 종양 영역에 퍼지 기반 SOM(Self-Organizing Map)[11,12] 알고리즘을 적용하여 간 종양의 악성 정도를 분석한다.

2. 간 영역 추출

2.1 CT 영상에서의 내부 영역 추출

총 40 ~ 50 장 정도로 촬영된 조영 증강 CT 영상 각각에서 간 영역과 간 종양 영역이 존재하는 내부 영역과 피하지방층과 배경으로 구성된 외부 영역을 구분한다. 영역 구분을 위한 기준은 내부 영역으로 정의한 객체들과 외부 영역으로 정의한 객체들의 경계에 존재하는 늑골 정보를 이용한다. 영역 구분 과정을 거쳐 내부 영역을 추출하는 과정은 다음과 같다.

- Step 1. 심장, 대동맥 영역 제거 및 내부 후보 영역 추출
- Step 2. 늑골 후보 영역 추출
- Step 3. 각 영상별 늑골 추출
- Step 4. 각 영상별 내부 영역 추출

CT 영상에서 늑골을 추출하기 위해 늑골과 유사한 명암도를 가지는 대동맥과 심장 영역을 제거하여 내부 후보 영역을 추출한다. 심장은 늑골과 대동맥보다 영역 반경 크기가 큰 특징을 가지며 이러한 정보를 이용하여 반복 이진화를 수행한 CT 영상에서 Erosion 연산으로 심장의 위치를 구분하고 Dilation 연산으로 크기를 복원한 후에 추출한다. 대동맥은 내부 장기들의 형태가 가장 잘 나타나는 명암도 180을 기준으로 이진화 한 CT 영상에서 원에 가까운 형태를 가지는 정보를 이용하여 추출한다. 추출한 심장과 대동맥은 배경과 내부 영역을 가장 뚜렷하게 구분할 수 있는 명암도 10을 기준으로 이진화한 영상에서 제거하고 이외의 잡음들은 수직 및 수평 방향으로 스미어링 기법을 적용하여 제거한 후, 내부 후보 영역을 추출한다. 그림 1은 내부 후보 영역을 추출하는 과정이다.

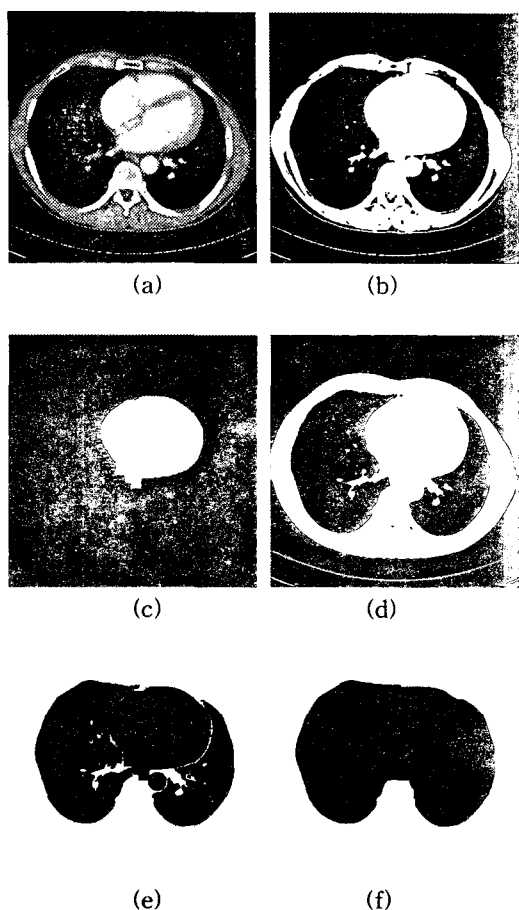


그림 1. 내부 후보 영역 추출 과정
 (a) 조영 증강 CT 영상
 (b) 반복 이진화를 수행한 영상
 (c) 심장 영역을 추출한 영상
 (d) 명암도 10을 기준으로 이진화한 영상
 (e) 영상(d)에서 심장과 대동맥 및 배경을 제거한 결과
 (f) 내부 후보 영역 추출 결과

각각의 조영 증강 CT 영상에서 늑골 정보를 추출하기 위해 전체 CT 영상을 대상으로 늑골 영역이 존재할 수 있는 최대 범위를 늑골 후보 영역으로 설정하여 추출한다. 명암도 180을 기준으로 이진화 한 전체 영상에 OR 연산을 수행하면 내부 장기들의 최대 영역 범위가 검출되고 내부 후보 영역을 이용하여 늑골과 유사한 명암도를 가지는 내부 장기들의 영역을 제거 하는 과정을 거쳐 늑골 영역의 최대 범위 정보를 가지는 늑골 후보 영역을 추출한다. 각 영상에서의 늑골 영역은 늑골 후보 영역의 범위 내에 존재하므로 늑골 후보 영역에 완전히 포함되는 영역들을 추적하여 추출한다. 그림 2는 늑골 영역을 추출하는 과정을 나타낸 것이다.

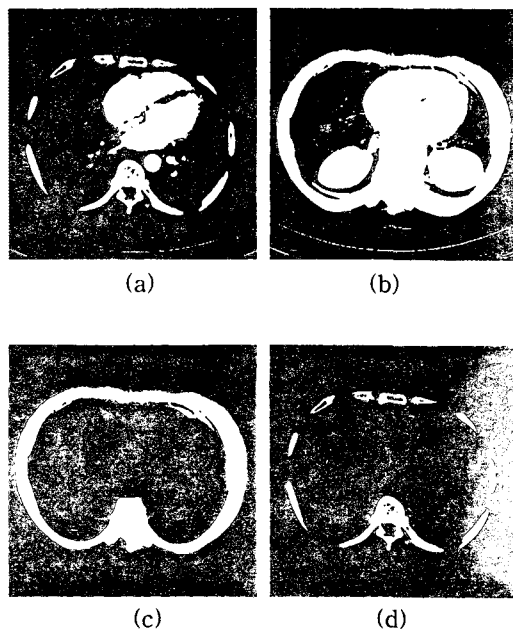


그림 2. 늑골 영역 추출 과정
 (a) 명암도 180을 기준으로 이진화 한 영상
 (b) 명암도 180을 기준으로 이진화 한 전체 영상에 OR 연산을 수행한 영상
 (c) 늑골 후보 영역 추출 영상
 (d) 늑골 영역 추출 영상

전체 CT 영상에서 늑골 영역을 추출하는 과정을 수행한 후, 내부 영역과 외부 영역을 구분할 수 있는 영역 구분 틀을 형성한다. 내부 영역과 외부 영역을 구분하기 위해서는 타원 형태를 가지는 경계가 필요하며 늑골 영역의 정보로 이루어진 타원 형태의 경계를 형성하기 위해 인접 CT 영상들에 존재하는 늑골 영역의 정보를 이용한다. 인접 CT 영상은 내부 영역의 형태 변화가 미미한 범위 내에 존재하는 영상이며 현재 분석하는 CT 영상을 기준으로 흉부쪽으로 2장의 CT 영상과 복부쪽으로 2장의 CT 영상을 이용한다. 내부와 외부 영역을 구분하는 기준 틀이 형성되면 이를 경계로 하여 내부 영역을 추출한다. 이 때 인접 CT 영상의 정보를 포함하여 형성된 영역 구분의 기준 틀이 완전한 타원 형태의 경계를 이루지 못하고 부분적으로 끊어져 있는 경우에는 흉부 방향으로 가장 인접한 CT 영상의 내부 영역을 이용하여 끊어진 영역을 연결한다. 제안된 연결 방법은 추출된 영역 구분 기준 틀을 영역 구분 기준 틀의 후보 영역으로 설정하고 인접 CT 영상에서 추출한 내부 영역과의 공백을 수직 및 수평 방향 스미어링 기법을 적용하여 채운 후, 다시 영역 구분 기준 틀의 후보 영역을 제거함으로써 현재 CT 영상에 대한 내부 영역을 추출하는 방법이다. 그림 3은 제안된 내부 영역 추출 과정이다.

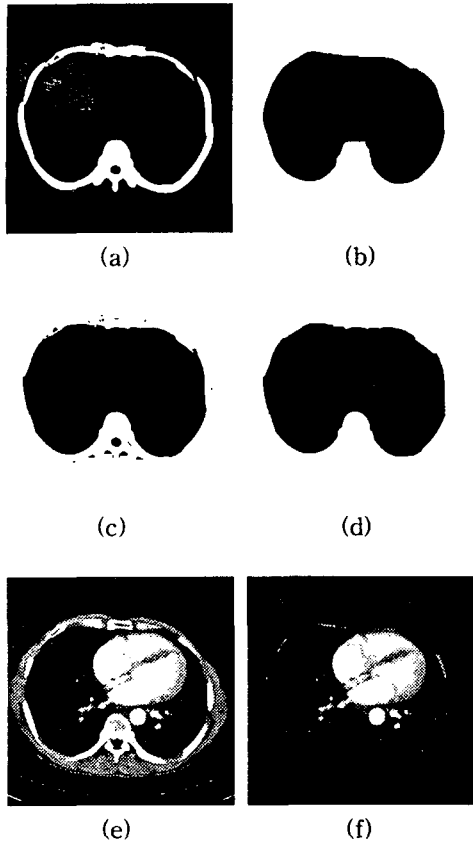


그림 3. 내부 영역 추출 과정

- (a) 5장의 CT영상에서 추출한 늑골 영역
- (b) 이전 CT영상에서의 내부 영역
- (c) 늑골과 이전 내부영역을 OR 연산한 영상
- (d) 영상(c)에 수직, 수평 스미어링 기법을 적용한 결과 영상
- (e) 원본 CT 영상
- (f) 영상(e)에서 내부 영역을 추출한 영상

2.2 양자화 기법을 이용한 간 영역 추출

늑골 정보로 형성한 영역 구분 기준 틀을 경계로 하여 추출한 내부 영역에서 유사한 명암도를 가지는 색상들을 그룹화 하는 양자화 기법[13]을 적용하여 간 영역을 추출한다. 내부 영역에서 간 영역을 추출하는 과정은 다음과 같다.

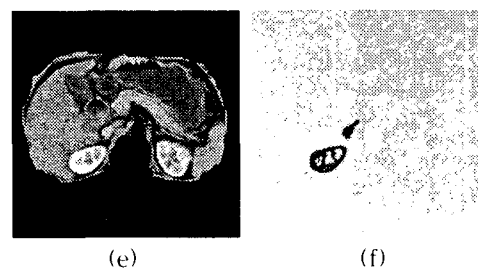
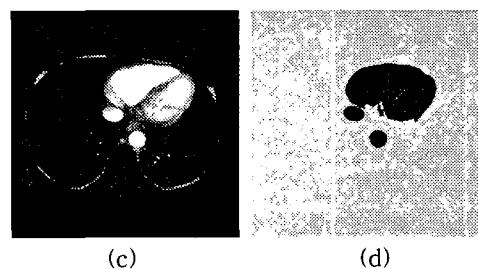
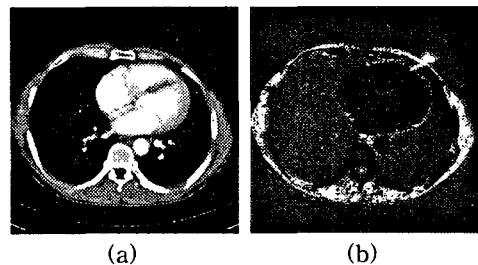
- Step 1. 내부 영역 양자화
- Step 2. 비 관심 영역 추출 및 제거
- Step 3. 간 후보 영역 추출
- Step 4. 잡음제거 및 간 영역 추출

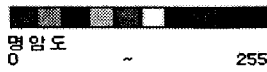
0 ~ 255 사이의 그레이 정보로 구성된 조영 증강 CT 영상을 10개의 컬러 색상으로 분류하여 유사한 명암도를 나타내는 영역끼리 그룹화 한다. CT 영상의 내부 영역은 간 영역과 간 종양 영역 이외에 심장과 신장, 대정맥, 대동맥

이 존재하는데 이들 영역은 간 종양과 유사한 명암도를 가지며 간과 인접해 있기 때문에 간 종양으로 오 추출 되는 경우가 발생한다. 따라서 본 논문에서는 심장과 신장, 대정맥과 대동맥 영역들을 비 관심 영역으로 간주하고 추출하여 제거한다. 비 관심 영역은 양자화를 수행한 전체 CT 영상에서 각 장기들의 형태가 시작되는 위치 정보와 각 장기들의 명암도가 관심 영역인 간 영역보다 높은 명암도를 가지는 특징을 이용하여 추출한다. 각 장기들의 특징은 표 1과 같고 그림 4는 각 장기들을 추출하는 과정이며, 신장은 간과 인접해 있는 부분만 추출 후 제거 한다.

표 1. 각 장기의 시작 위치 및 명암도

	명암도 그룹	시작 위치
심장	7 ~ 10	CT영상의 정중앙
신장	7 ~ 9	척추체의 양 옆
대정맥	7 ~ 10	간 영역 내부
대동맥	8 ~ 10	척추체의 오른쪽 옆
간	5 ~ 7	심장의 왼쪽 아래

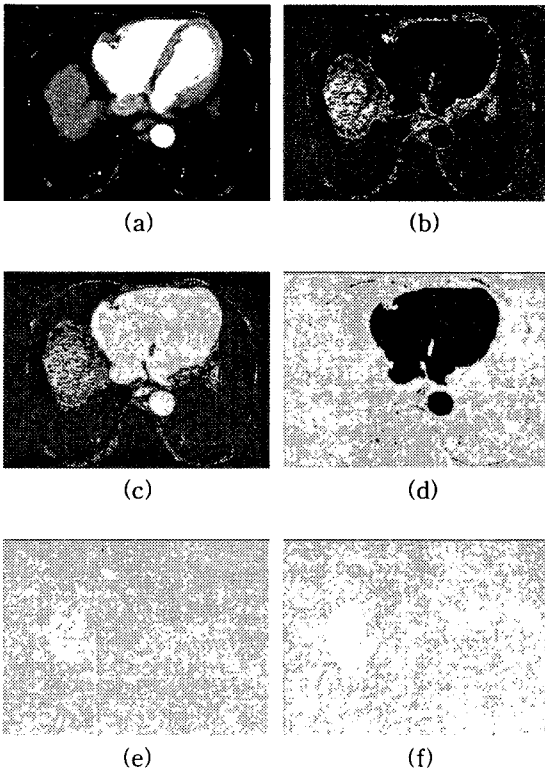




(g)
그림 4. 비 관심 영역 추출 과정

- (a) 조영 증강 CT 영상
- (b) 영상(a)를 양자화 한 영상
- (c) 심장, 대정맥, 대동맥이 존재하는 내부 영역
- (d) 심장, 대정맥, 대동맥 영역을 추출한 영상
- (e) 신장, 대정맥 영역이 존재하는 내부 영역
- (f) 신장, 대정맥 영역을 추출한 내부 영역
- (g) 양자화 색상 그룹

양자화 색상 그룹 중에 간의 위치와 형태 정보를 이용하여 간 영역을 대표하는 그룹을 설정하고 전체 영상에서 간이 처음으로 나타나는 영상을 탐색한 후, 첫 번째 간 영역을 추출한다. 첫 번째 간 영역 추출은 간 영역을 대표하는 양자화 색상 그룹 영역 중 표 1의 간 특징을 가지는 영역을 간의 후보 영역으로 추출하고 영역 확장을 수행한다. 영역 확장은 대표 그룹을 기준으로 명암도 값이 낮으면서 간의 외곽을 구성하는 하위 그룹과 명암도 값이 높으면서 간의 내부를 구성하는 상위 그룹으로 영역을 구분하고 각 그룹별로 간 후보 영역에 포함되는 정도를 판별하여 수행한다. 그림 5는 첫 번째 간 영역을 추출하는 과정을 나타낸 것이다.

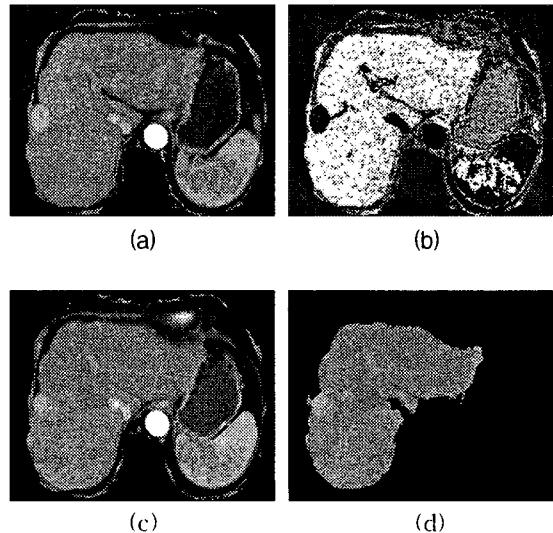


(g)

그림 5. 첫 번째 간 영역 추출 과정

- (a) 간 영역이 나타나는 첫 번째 CT 영상
- (b) 영상(a)를 양자화 한 영상
- (c) 하위그룹 색상 영역 추출 영상
- (d) 상위그룹 색상 영역 추출 영상
- (e) 간 대표그룹 색상 영역 추출 영상
- (f) 첫 번째 간 영역 추출 영상
- (g) 양자화 그룹 분류 기준

간 형태가 나타나는 첫 CT 영상에서 간 영역이 추출되면 복부 방향으로 CT 영상을 탐색하면서 간 영역 추출 대상이 되는 CT 영상의 양자화 수행 결과와 흉부 방향의 인접 CT 영상에서 추출한 간 영역의 형태 및 위치 정보를 이용하여 전체 CT 영상에 대해 간 영역을 추출한다. 표 1에서의 정보는 CT 영상에서 각 장기들의 형태가 나타나는 시점의 정보이기 때문에 전체 CT 영상에 적용하기 어렵다. 따라서 간 영역을 추출하고자 하는 CT 영상에서 흉부 방향으로 인접한 CT 영상의 간 영역 추출 결과를 이용하여 각 CT 영상마다 변화하는 간의 위치와 형태 정보를 반영한다. 현재 처리 대상이 되는 CT 영상의 대표 그룹 영역들이 흉부 방향의 인접 CT 영상에 대한 간 영역 추출 결과에 포함되는 정도를 판별하여 간 후보 영역을 추출한 후, 영역 확장을 수행한다. 영역 확장은 객체화 한 하위 그룹 및 상위 그룹 영역들이 간 후보 영역에 포함되는 정도와 흉부 방향의 인접 CT 영상에 대한 간 영역 추출 결과에 포함되는 정도를 분석하여 수행한다. 그림 6은 간 영역을 추출하는 과정이다.



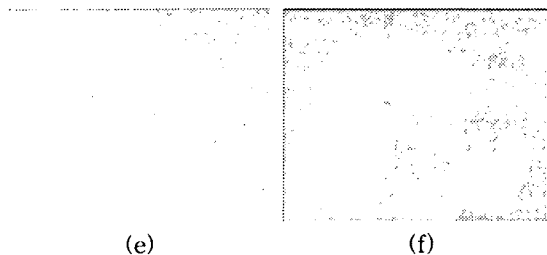


그림 6. 간 영역 추출 과정
 (a) 간 영역 추출 대상 CT 영상
 (b) 영상(a)를 양자화 한 영상
 (c) 영상(a)에서 흉부방향으로 인접한 CT 영상
 (d) 영상(c)에서 간 영역을 추출한 결과
 (e) 영상(b)에서 간 후보 영역 추출 영상
 (f) 영역 확장을 수행한 영상

영역 확장 수행 시, 그림 6의 (f)와 같이 간 영역이 아니면서 간 영역과 연결되어 있는 장기들이 존재하는 경우가 발생한다. 간의 위치와 형태 정보를 이용하여 간 영역을 주 객체로, 나머지를 기생 객체로 정의 하였을 때, 주 객체와 기생 객체가 한 픽셀에 의해 연결된 경우는 Morphology 기법[14,15]을 적용하여 영역 구분이 가능하지만 한 픽셀 이상으로 연결된 경우는 그림 6의 (f)에서와 같이 주 객체와 기생 객체가 같은 영역으로 추출된다. 따라서 본 논문에서는 Rough Edge[16]를 적용하여 주 객체에서 한 픽셀 이상 연결된 기생 객체를 제거한다. Rough Edge는 형태에 기반한 잡음 제거 방법으로서 주 객체인 간 영역의 윤곽이 다른 영역과의 연결 부분 없이 원형에 가까운 곡선을 가지는 특징을 이용한다. 추출된 객체의 윤곽을 추적해 나가면서 주 객체의 특징 정보에 벗어나는 지점이 탐색되면 주 객체와 기생 객체를 연결하는 지점으로 간주하고 선으로 영역을 분리한 후, 간의 위치와 흉부 방향의 인접 CT 영상에서 추출한 간 영역 정보를 이용하여 주 객체를 정의하고 기생 객체를 제거한다. 그림 7은 그림 6.(f)에서 제안된 Rough Edge를 적용하여 기생객체를 제거한 결과를 나타낸 것이다.

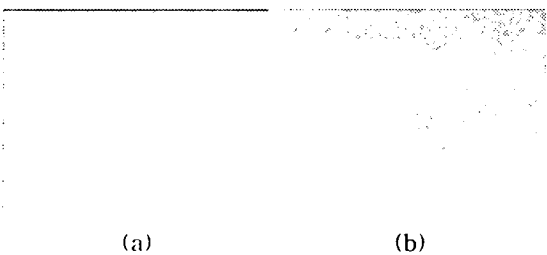


그림 7. Rough Edge를 이용한 잡음 제거
 (a) 주 객체와 기생 객체가 연결된 영상
 (b) 기생 객체를 제거한 영상

3. 간 종양 추출

전형적인 간암은 과혈관성 종양으로 내부에 신생혈관이 밀집되어 실질 간 영역보다 높은 명암도를 가지며 팽창형 성장을 보일 경우에는 구형의 형태를 이루는 특징이 있다[17]. 이러한 종양의 특징을 분석하여 과혈관성 종양 영역의 범위를 추출하고 종양의 악성도를 분석하기 위해 퍼지 기반 SOM(Self-Organizing Map) 알고리즘을 적용한다.

3.1 과혈관성 종양 탐색 및 추출

간 영역 내에서 간 보다 상위 그룹의 양자화 색상을 가지는 영역들을 후보 영역으로 설정하고 부피와 원형도를 이용하여 과혈관성 종양의 대표 영역을 설정한 후, 인접한 CT 영상에서 대표 영역과 유사한 위치에 존재하는 후보 영역들을 과혈관성 종양으로 판별하여 추출한다. 부피는 해당 영역의 픽셀 수로 나타내며 원형도는 식 (1)을 이용하여 계산한다.

$$Circularity = \frac{Perimeter^2}{4\pi Area} \quad (1)$$

(단, $Perimeter = 2\pi r_{max}$, r_{max} = 최대반경)

과혈관성 종양의 대표 영역은 전체 영상에서 부피가 500 이상이고 원형도가 0.4 이상인 영역으로 설정한다. 설정한 대표 영역을 포함하는 CT 영상을 기준으로 흉부 방향과 복부 방향으로 가장 인접한 CT 영상을 조사하여 유사한 위치에 상위 그룹의 양자화 색상을 가지는 영역이 존재하지 않으면 과혈관성 종양과 유사한 특징을 가지는 혈관이나 간 문맥이므로 다음 CT 영상으로 이동하여 과혈관성 종양의 대표 영역을 탐색한 후 추출한다. 그림 8은 과혈관성 종양의 대표 영역이 존재하는 CT 영상과 이를 양자화 한 영상에서 과혈관성 종양의 모든 후보 영역을 나타낸 영상이다.

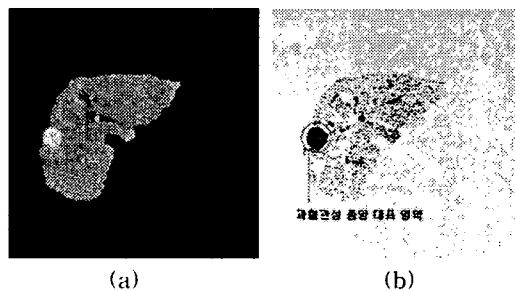
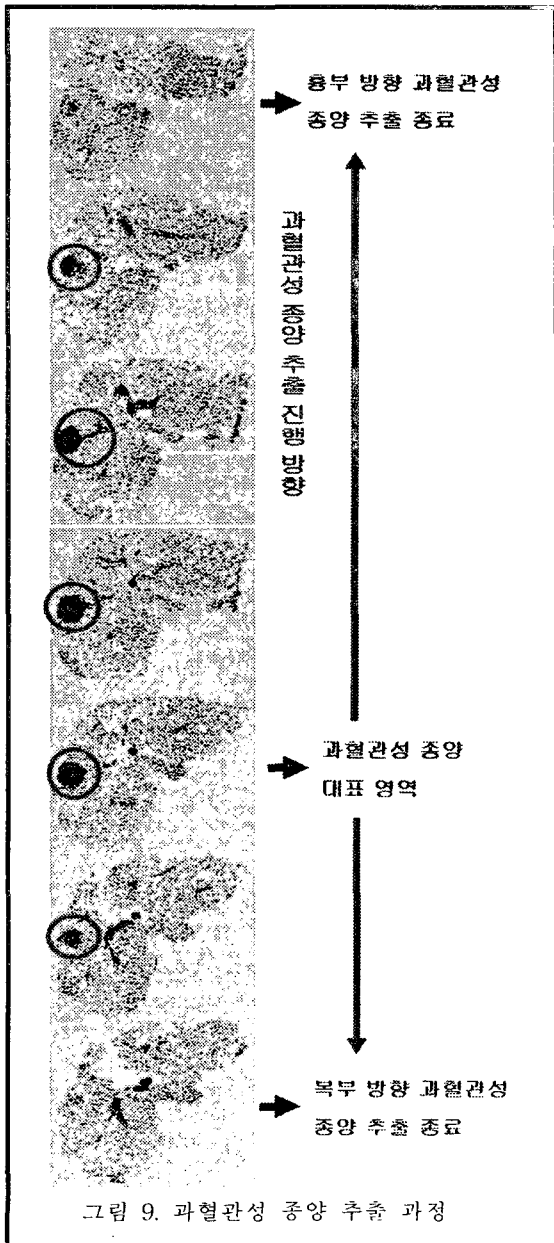


그림 8. 과혈관성 종양이 존재하는 영상
 (a) 과혈관성 종양의 대표 영역이 존재하는 영상
 (b) 영상 (a)의 과혈관성 종양 영역

대표 영역이 설정되면 대표 영역이 존재하는 첫 CT 영상을 기준으로 흉부 방향으로 CT 영상을 탐색해 가면서 추출한 후보 영역 중 대표 영역에 포함되는 정도를 판별하여 과혈관성 종양으로 추출한다. 과혈관성 종양 추출 과정은 후보 영역이 존재 하지 않는 CT 영상이 탐색 될 때 까지 진행하며 흉부 방향으로 과혈관성 종양의 추출 과정이 종료되면 대표 영역이 존재하는 첫 CT 영상을 기준으로 복부 방향으로 위의 방법을 수행하여 전체 CT 영상에 대해 과혈관성 종양을 추출한다. 그림 9는 과혈관성 종양 추출과정을 나타낸 그림이다.



3.2 퍼지 기반 SOM 알고리즘을 적용한 과혈관성 종양 악성도 분석

전체 조영 증강 CT 영상에서 과혈관성 종양이 모두 검출되면 검출된 과혈관성 종양 영역 범위 내에서 퍼지 기반 SOM 알고리즘을 제안하여 종양의 악성도를 분석하는데 적용한다. 기존의 SOM 알고리즘은 학습 파라미터인 학습률, 이웃 반경의 크기에 크게 영향을 받으며, 가중치 초기값에 크게 의존하고, 최종 연결 강도는 입력 데이터 열에 종속적이라는 단점이 있다. 따라서 이러한 단점을 보완하기 위해 본 논문에서는 퍼지 기반 SOM 알고리즘을 적용하여 검출한 과혈관성 종양 영역의 악성도를 분석한다. SOM의 가중치 조정은 입력 벡터와 승자 노드의 대표 벡터간의 차이만큼 조정되고 승자 노드의 대표 벡터에 입력 벡터의 정보를 반영하게 된다. 이 때 입력 벡터와 승자 노드의 대표 벡터 간에 차이가 크면 입력 벡터를 기억시키기 위하여 입력 벡터의 정보를 더 많이 반영해야한다. 이러한 문제점을 개선하기 위하여 퍼지 기반 SOM 알고리즘에서는 승자 노드에서의 오류 값을 0과 1사이의 값으로 정규화 하여 학습 파라미터에 적용한다. 따라서 제시된 출력 오류에 의한 가중치 조정으로 오류의 크기에 따라서 그 비율만큼 가중치를 조정한다. 또한 승자 노드의 저 활용 문제를 개선하기 위해 학습 중에 각 승자 노드들이 수정되고 선택되어지는 횟수가 가능한 동등해지도록 각 노드의 승자 빈도수를 가중치 조정에 적용한다. 즉, 학습이 끝날 때 각각의 노드들이 승자 노드로 선정된 빈도수가 유사하도록 한다. 이를 위해서는 승자 노드의 대표 벡터들과 학습 벡터간의 실제적인 왜곡 정도가 충분히 고려되어야 한다. 따라서 경쟁 학습 알고리즘에서 승자 노드를 선정하기 위한 왜곡의 척도를 승자노드로 선정된 빈도수와 유클리디안 거리 값의 곱으로 수정한다. 오류 값을 이용한 방법은 현재의 가중치 변화량만 고려하고 이전의 변화량은 고려되지 않는다. 따라서 비록 적응적으로 가중치 조정이 이루어지지만, 현재의 가중치뿐만 아니라 그 이전의 가중치 변화량에 비례하여 가중치를 조정하도록 한다. 중요 학습 파라미터인 이웃반경은 퍼지 제어 시스템을 적용하여 학습하는 동안 동적으로 조정한다.

퍼지 제어 시스템은 입력 신호의 퍼지화, 전문가의 지식에 기반을 둔 퍼지 규칙에 의한 퍼지 추론, 비 퍼지화로 구성된다. 본 논문에서 제안한 퍼지 제어 시스템의 입력은 승자 노드의 거리와 가중치의 변화율을 적용하며 출력은 이웃 반경의 크기를 설정하는데 적용한다. 입력과 출력에 대한 각각의 소속 함수는 그림 10, 11과 같다.

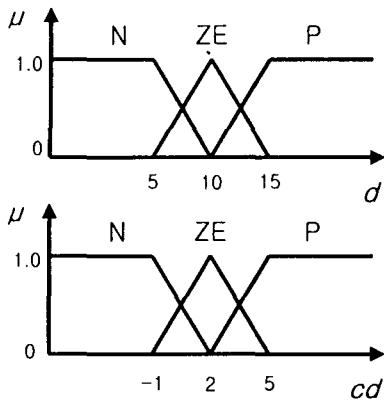


그림 10. 이웃 반경에 대한 입력 소속함수

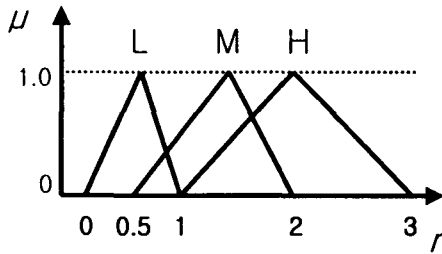


그림 11. 이웃 반경에 대한 출력 소속함수

그림 10에서 d 는 승자 노드의 거리이며 cd 는 가중치의 변화율이다. 그림 11의 r 은 이웃 반경의 크기이다. 이웃 반경에 대한 퍼지 제어 규칙은 다음과 같으며 MAX_MIN 추론 방법을 적용하여 추론한다.

- If d is N and cd is N then r is L
- If d is N and cd is Z then r is L
- If d is N and cd is P then r is M
- If d is Z and cd is N then r is L
- If d is Z and cd is Z then r is M
- If d is Z and cd is P then r is H
- If d is P and cd is N then r is M
- If d is P and cd is Z then r is H
- If d is P and cd is P then r is H

비퍼지화는 퍼지 추론의 결과인 퍼지값을 단일 실수 값으로 변화시키는 부분으로 본 논문에서는 식 (2)와 같은 무게 중심법을 적용한다.

$$y^* = \frac{\sum \mu(y_i)x_i}{\sum \mu y_i} \quad (2)$$

제안한 퍼지 기반 SOM 학습 알고리즘을 단계 별로 정리하면 다음과 같다.

단계 1 : N개의 입력과 M개의 출력 노드 사이의 연결강도 (w_{ji})를 임의의 작은 값으로 초기화 하고, 이웃 반경 N_c 의 크기를 초기화한다.

단계 2 : 새로운 입력 패턴을 제시한다.

단계 3 : 입력 노드와 출력 노드들 간의 거리 (d_j)를 식 (3)과 같이 계산한다.

$$d_j = \sum_{i=0}^{n-1} (x_i - w_{ji})^2 \quad (3)$$

단계 4 : 최소 거리에 있는 출력 노드(j^*)를 승자 노드로 선택한다.

단계 5 : 선택된 승자 노드(j^*)와 그 이웃 반경 내의 노드들의 연결 가중치를 식 (4)과 같이 조정한다.

$$w_{j^*i}(n+1) = w_{j^*i}(n) + \delta(n+1) \quad (4)$$

$$\delta(n+1) = \alpha(n+1)(x_i(n) - w_{j^*i}(n)) + \alpha(n+1)\delta(n)$$

여기서 α 는 승자 노드와 입력 노드간의 출력 오류를 0과 1사이로 정규화 하여 승자 노드가 된 빈도수를 적용한 학습 파라미터로 다음과 같이 학습율을 동적으로 조정한다.

$$\alpha = f(e_{j^*}) + \frac{1}{f_{j^*}} \quad (5)$$

$$e_{j^*} = \frac{1}{1 + e^{-(x_i - w_{j^*i})}}$$

j^* 는 j 번째 출력 노드가 승자로 선택된 뉴런을 의미하고 f_{j^*} 는 승자 노드로 선택된 빈도수이다. 그리고 $f(e_{j^*})$ 는 시그모이드 함수이다.

단계 6 : 승자 노드의 거리와 가중치의 변화율을 제안된 퍼지 제어 시스템의 입력으로 적용하여 퍼지 제어 규칙을 MAX_MIN 추론 방법으로 추론하고 무게 중심법으로 비 퍼지화한 결과를 이웃 반경에 적용하여 동적으로 조정한다.

단계 7 : TSS가 오류 한계 보다 적거나 같으면 학습을 종료하고 오류 한계 보다 큰 경우 단계 2로 가서 반복 수행한다.

4. 실험 및 결과 분석

본 논문에서 제안한 간 영역 및 간 종양 검출 방법이 전문의를 보조할 수 있는 보조 전문가 시스템으로서 효율적임을 검증하기 위해 4 종류의 조영 증강 CT 영상을 대상으로 실험하였다. 실험 환경은 Intel Pentium-IV 2GHz 환경에서 VC++ 6.0으로 구현하였다.

4.1 과혈관성 종양 특징 벡터 구성 및 학습

과혈관성 종양 영역의 악성도를 분석하기 위한 특징 벡터를 추출하기 위해 과혈관성 종양의 대표 영역에 대한 정보를 분석한다. 총 4 종류의 CT영상에서 과혈관성 종양의 대표 영역 중심에 분포되어 있는 1500 개의 픽셀을 선정하고 각 픽셀 당 인접 8 방향에 존재하는 픽셀들의 정보를 포함해서 특징 벡터로 구성하였다. 특징 벡터들은 과혈관성 종양 영역의 악성 정도를 분석하기 위해 퍼지 기반 SOM 알고리즘의 학습에 적용하였다. 퍼지 기반 SOM 알고리즘의 초기 이웃 반경 N_c 는 3으로 초기화하였고 Feature Map의 크기는 $70 * 70$ 으로 설정하였으며, 총 100번의 반복학습을 수행하였다. 과혈관성 종양의 악성도에 대한 분석 결

과는 그림 12와 같이 종양 영역에서 색상으로 표현하였다.

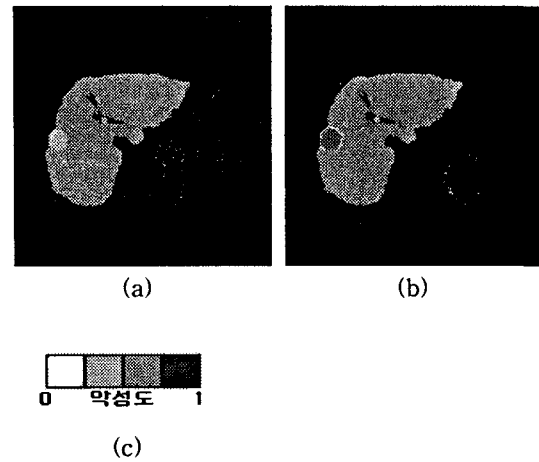


그림 12. 과혈관성 종양 영역 인식 결과

- (a) 간 영역 추출 결과 영상
- (b) 퍼지 기반 SOM 알고리즘을 적용하여 과혈관성 종양 영역을 분석한 결과
- (c) 과혈관성 종양의 악성도 Level

4.2 과혈관성 종양 영역 인식 결과

그림 13은 제안된 간 영역 및 간 종양 영역 검출 방법을 수행한 결과 화면이며 그림 14는

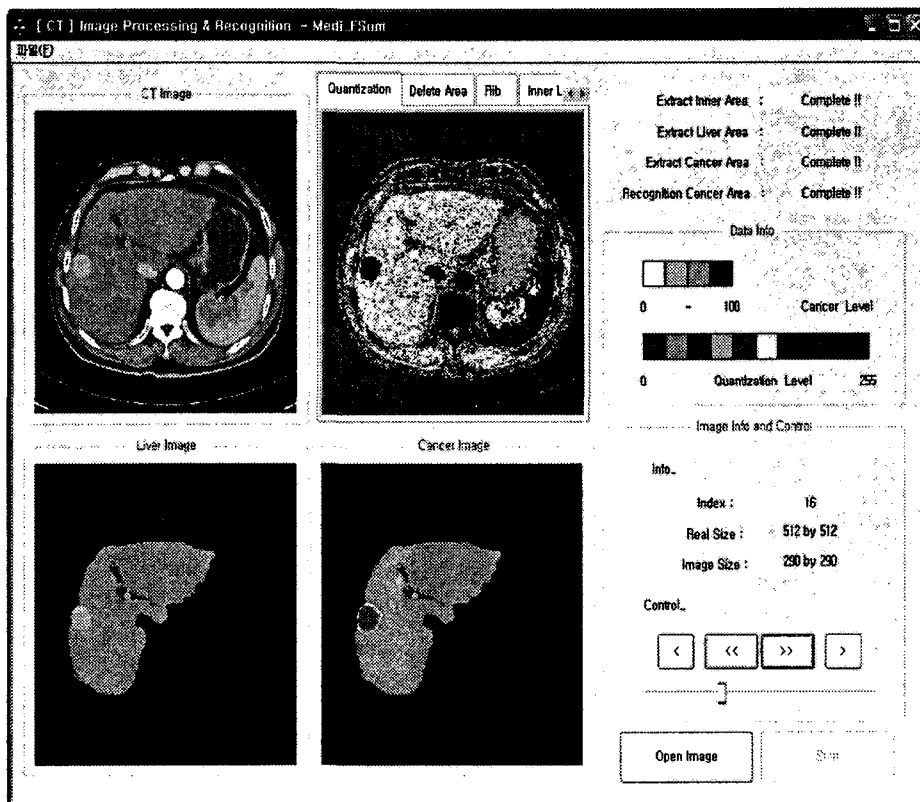
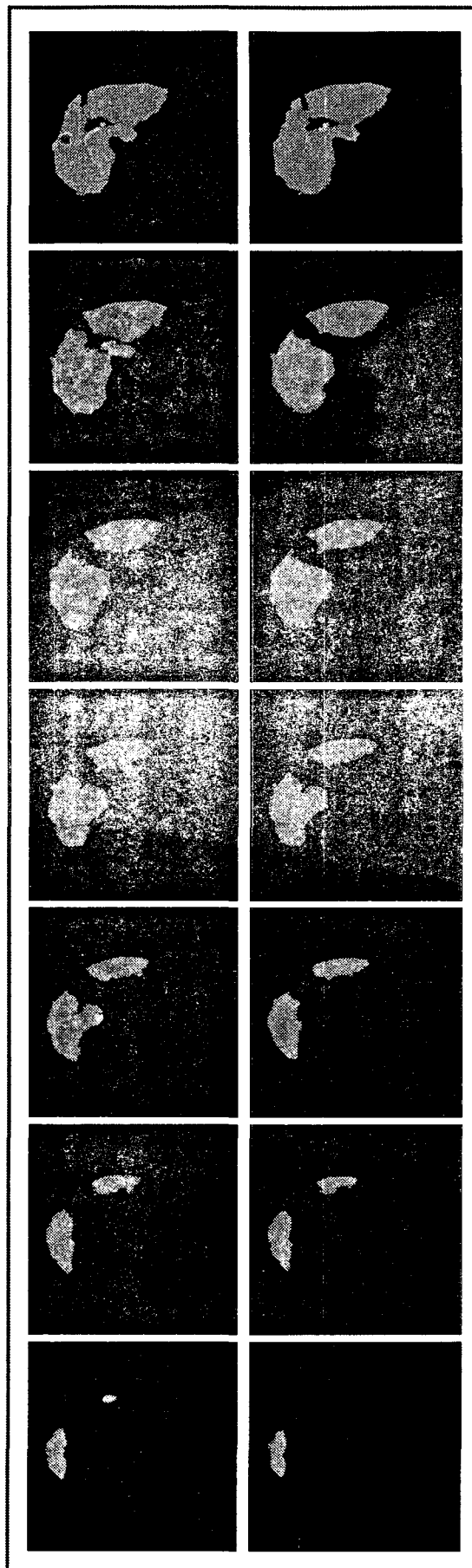
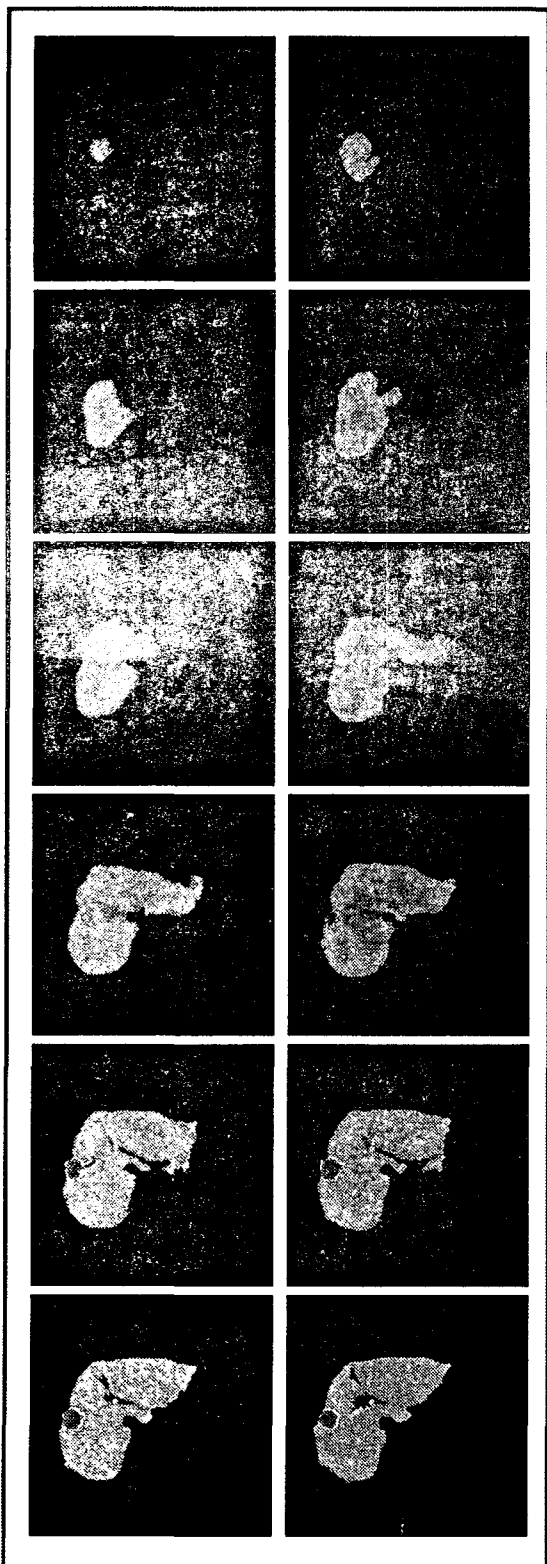


그림 13. 제안된 방법의 수행 화면

환자 한 명에 대해 촬영한 전체 조영 증강 CT 영상을 대상으로 제안된 방법을 적용한 결과 영상이다. 간 영역이 시작되는 영상부터 끝나는 영상까지를 나타낸 것이며 각 영상에서 과혈관성종양은 퍼치 기반 SOM 알고리즘을 적용하여 종양의 악성도 Level 별로 나타내었다.



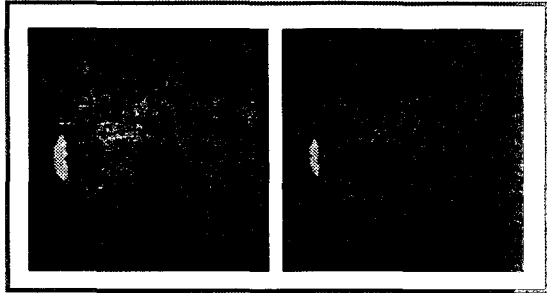


그림 14. 조영증강 CT 영상에 제안된 방법을 적용한 결과 영상

그림 14에서의 조영 증강 CT 영상은 총 46장으로 촬영된 것이다. 이 중 28장에서 간 영역이 추출되었으며 7장의 영상에서 과혈관성 종양 영역이 검출되었다. 제안된 간 영역 및 간 종양 검출 방법은 총 4종류의 조영증강 CT 영상을 대상으로 실험하였고 표 2는 간 영역 및 간 종양 영역의 검출 결과를 나타낸 것이다.

표 2. 4종류의 조영증강 CT 영상에 대한 결과

조영증강 CT 영상	총영상	추출한 간 영상	추출한 과혈관성 종양 영상
1	46	28	7 / 28
2	46	33	7 / 33
3	44	23	11 / 23
4	48	22	6 / 22

표 3은 간 영역 내에 존재하는 과혈관성 종양 검출 및 분석 결과와 전문의가 분석한 결과를 비교하여 나타낸 결과이다.

표 3. 과혈관성 종양 분석 결과

조영증강 CT 영상	Sensitivity	Specificity	False positive	False negative
	(+)->(+)	(-)->(-)		
1	7	21	0	0
2	7	26	0	0
3	11	22	0	0
4	6	16	0	0

과혈관성 종양 분석 결과는 Sensitivity(민감도), Specificity(특이도), False positive(허위양성), False negative(허위음성) 네 가지로 구분하였다. 먼저, Sensitivity는 실제 양성(+)을 결과에서도 양성으로 유도한 것을 의미하며 이것은 과혈관성 종양이 제대로 추출된 경우이다. Specificity는 음성(-)을 결과에서도 음성으로 유도하는 것을 의미한다. False positive는 양성(+)이 아닌데 결과가 양성으로 나타난 경우이며 False negative는 양성(+)을 음성(-)으로 판별한 것을 의미하는 것으로 의료 영상 처리에서 가장 위험한 오류이다. 표 3에서와 같이 제안된 과혈관성 종양 추출 방법은 False positive와 False negative가 모두 0으로 나타났고 양성(+)은 모두 양성으로 판별되어 과혈관성 종양의 영역이 모두 추출되었음을 확인할 수 있다. 기존의 과혈관성 종양에 대한 검출 방법 [16]은 과혈관성 종양 영역만을 검출하였지만 본 논문에서는 과혈관성 종양 영역을 검출하고 검출된 종양에서 퍼지 기반 SOM 알고리즘을 적용하여 종양의 악성도까지 분석할 수 있는 방법을 제시하였다.

5. 결 론

본 논문에서는 영상 의학적 검사 방법 중 하나인 CT 촬영으로 획득된 조영증강 CT 영상에서 간 영역 및 간 종양 영역을 자동으로 검출하고 종양의 악성도를 분석할 수 있는 방법을 제안하였다. 제안된 방법은 단층 촬영한 조영 증강 CT 영상에서 우선적으로 간 영역을 검출하였고 검출된 간 내부에서 종양 영역을 검출하기 위해 전형적인 간암의 형태인 과혈관성 종양의 특징을 분석하였다. 간 영역 추출은 조영 증강 CT 영상에서 인체 내부 장기들로 구성된 내부 영역과 배경 및 피하지방층으로 구성된 외부 영역을 구분할 수 있는 특이 정보를 이용하여 영역을 구분하였다. 구분된 영역 중에 간이 존재하는 내부 영역을 대상으로 각 장기들의 명암도와 형태학적 특징 정보를 이용하여 영역들을 분할하였다. 분할한 영역들은 흉부 방향으로 가장 인접한 CT 영상의 정보를 이용하여 간 후보 영역을 설정하고, 간 후보 영역과의 포함 정도를 판별하여 영역 확장 과정을 거쳐 간 영역으로 추출하였다. 과혈관성 종양은 실질 간 영역보다 높은 명암도를 가지며 팽창형 성장을 보일 경우 구형의 형태를 가지는 특징이 있으며 이러한 특징 정보와 인접 CT 영상에서 과혈관성 종양의 특징을 가지는 영역들의 정보를 이용하여 추출하였다. 기존의

CT 영상에 대한 분석 방법들은 특정 영상에 국한되어 흉부에서 복부까지 장기에 대한 단면들의 관계 분석이 이루어지지 않았고 추출된 결과가 초기 설정 파라미터에 영향을 크게 받아 실제로 적용하기 어려운 방법들이었다. 본 논문에서는 이러한 단점을 보완하기 위해 간 영역과 과혈관성 종양의 위치 및 형태 변화를 고려하였으며 과혈관성 종양의 범위 뿐만 아니라 퍼지 기반 SOM 알고리즘을 적용하여 종양의 악성도를 분석하였다. 제안된 방법의 결과를 전문의에게 검증 받은 결과, 기존의 간 영역 및 간암 영역 추출 방법보다 정확성과 신뢰성이 향상된 것임을 확인할 수 있었다.

향후 연구 방향은 간 종양에 대한 임상 실험의 결과를 분석하여 좀더 다양하고 정확한 간 종양의 특징을 연구할 것이고 이를 기반으로 하여 종양의 악성도 분석에 대한 정확성을 높일 것이다.

참 고 문 헌

- [1] R. D. Henkei, "Segmentation in Scale Space," Proceedings of Computer Analysis of Images and Pattern, CAIP, Prague, 1995.
- [2] H. E. Burdick Digital Imaging, theory and application McGraw_Hill Inc., 1997.
- [3] S. E. Umbaugh, Computer Vision and Image processing : A Practical Approach Using C/VIptools, Prentice Hall PT R., 1988.
- [4] D. H. Ballard and C. M. Computer Vision, Prentice Hall, Inc., 1982.
- [5] L. Gao, D. Health, B. Kuszyk, E. Fishman, Automatic Liver Segmentation Technique for Three-dimensional Visualization of CT Data, Radiology, pp. 359-364, 1996.
- [6] 임옥현, 김진철, 박성미, 이배호, "블러프 컬러링을 이용한 CT영상에서 간 영역 자동 추출," 한국정보과학회 추계 학술발표 논문집(II), pp.760-762, 2004. 10.
- [7] 김규태, 이성기, "Co-occurrence Matrix를 이용한 CT영상에서의 간 영역 추출," 한국정보과학회추계 학술발표 논문집(B), pp.508-510, 2000. 4
- [8] Robert M. Haralick and Linda G. Shapiro, "Image Segmentation Techniques", Computer Vision, Graphics and Image Processing, Vol. 29, pp.100-132, 1985.
- [9] 임성재, 정용연, 이철우, 호요성, "형태학적 필터를 이용한 CT영상에서 간 영역 분할 기법," 대한전자공학회 컴퓨터 Society 추계학술대회 논문집, 제 26 권, 제 2 호, pp.153-156, 2003.
- [10] 서경식, 박승진, 박종안, "CT 영상의 모폴로지컬 특성에 기반한 완전 자동 간 분할," 한국의학물리학회지:의학물리 제 15(2) 권, pp.70-76, 2004.
- [11] K. B. Kim, Abhijit S. Pandya, "Color Image Vector Quantization Using an Enhanced Self-Organizing Neural Network," Lecture Notes in Computer Science, LNCS 3314, Springer pp.1121-1126, 2004.
- [12] S. H. Kang, D. S. Son, J. G. Lim, J. S. Park and K. H. Eom. "Kohonen Clustering Network Using The Fuzzy System," 한국해양정보통신학회논문지, 제6 권, 1호, pp.322-325, 2002.
- [13] Milan Sonka, J. Michael Fitzpatrick, HANDBOOK OF Medical Imaging, Vol. 2, Medical Image Processing and Analysis, SPIE Press, 2000.
- [14] James R. Parker, Algorithms for Image Processing and Computer Vision, John Wiley & Sons, New York, 1997.
- [15] Howard E. Burdick, Digital Imaging Theory and Applications, McGraw-Hill, New York, 1997.
- [16] 장도원, 임은경, 김창원, 김민환, 김광백, "CT 영상에서의 간 영역 추출 및 간 종양 분석," 한국지능정보시스템학회 추계학술대회 논문집, pp.183-192, 2006.
- [17] Murakami, T., Hori, M., Kim, T., Kawata, S., Abe, H., Nakamura, H., "Multidetector row CT and MR imaging in diagnosing hepatocellular carcinoma," Intervirology, Vol.47, No.3-5, pp.209-226, 2004.