

국소간병변의 하모닉 초음파와 고식적 초음파영상: 컴퓨터진단시스템에 의한 분류성능 비교

이재영*, 조인아**, 이시형**, 김경원*, 노용만**
*서울대학병원 영상의학과
**한국과학기술원 전기 및 전자공학과
e-mail : leejy4u@snu.ac.kr

Harmonic Ultrasound Images and Conventional Ultrasound for Focal Hepatic Lesions: Comparison of Classification Performance by Computer-aided Diagnosis System

Jae Young Lee*, In A Jo**, Sihyoung Lee**, Kyung Won Kim*, Yong Man Ro**

*Dept. of Radiology, Seoul National University Hospital

** Dept. of Electrical Engineering, Korea Advanced Institute of Science and Technology

요 약

초음파 영상은 다른 의료 진단 방법에 비해 상대적으로 비용이 적게 들고 데이터 획득이 용이하기 때문에 널리 이용되고 있다. 초음파 영상은 획득 방법에 따라 화질이 차이가 난다. 고식적 초음파 영상에 비해 두 배의 주파수를 사용하는 하모닉 영상은 대조도나 해상도가 향상되고, 영상 내 잡음이 감소한다. 그래서 초음파 영상을 이용한 진단 과정에서 병변의 특징을 육안으로 정확하게 관찰할 수 있고, 이를 통해서 진단 결과의 정확성이 향상된다. 본 논문에서는 초음파 영상의 획득 방법의 차이에 따른 진단 성능의 차이를 컴퓨터를 이용한 병변 분류 성능을 통해서 비교했다. 이를 위해서 초음파를 통해서 획득한 영상에서 병변의 형태 및 질감 특징을 추출하고, 이를 바탕으로 병변을 분류하는 시스템 구성하였다. 실험을 통해서 하모닉 초음파 영상을 이용한 컴퓨터 기반 분류 방법이 고식적 초음파를 이용한 방법에 비해서 6% 정확성 향상이 있는 것을 확인하였다.

1. 서론

진단용 초음파 영상은 컴퓨터 단층 촬영 (CT)이나 자기 공명 영상 (MRI) 등에 비해 상대적으로 저렴한 비용과 실시간 데이터 획득으로 인해 의료 진단 분야에서 널리 이용되고 있는 방법이다.

일반적인 고식적 초음파 영상은 인체에 짧은 펄스를 송신했을 때 조직에 반사되어 탐촉자로 되돌아오는 신호를 처리하여 획득한다 [1]. 하모닉 초음파 영상은 펄스가 조직 안으로 투과하면서 비선형 왜곡현상이 일어나는데 이때 발생한 처음 주파수의 정수 배의 주파수 성분에서 신호를 받아 획득한다. [2]. 하모닉 초음파 영상은 고식적 초음파 영상에 비해 해상도가 개선되고 잡음이 줄어들기 때문에 육안으로 관찰했을 때 병변도 잘 구분되고 진단 시 좀 더 정확하다는 연구가 보고되었다 [3].

이러한 초음파 영상을 통한 진단 시 분류시스템을 진단의 참고 자료로 활용하기도 한다. 기계마다 영상의 잡음, 대조도 등이 다르고 판단하는 사람의 경험 등 주관적인 견해에 따라 다를 수 있기 때문에 종양의 특징을 수학적 수치로 정량화한 분류시스템이 이용된다 [4]. 전체 분류시스템은 먼저 입력 영상에서 관심 영역 (Region Of Interest (ROI))을 획득한다. 여기

서 관심 영역은 병변이 된다. 그 병변에서 특징을 추출한 다음 결과로 얻게 된 수치를 분류기의 입력으로 사용하여 양성종양인지 악성종양인지 구별하는 과정으로 구성되어 있다 [4].

실제로 초음파 영상을 사용하여 분류시스템을 만들었을 때 육안으로 진단할 때와 마찬가지로 하모닉 초음파 영상이 진단 결과의 신뢰도를 높이는지 확인해 볼 필요가 있다.

본 논문은 2 절에서 조직 하모닉 초음파 영상에 대해서 기술하고, 3 절은 두 절로 나누어 3.1 절은 특징 추출에 대해, 3.2 절은 특징 분류에 쓰인 분류기인 서포트 벡터 머신 (Support Vector Machine (SVM)) [5]에 대해 설명하고 4 절에서는 하모닉 초음파와 고식적 초음파 영상으로 각각 분류시스템을 만들어 그 성능을 비교하고 마지막 5 절에서 결론을 맺는다.

2. 하모닉 초음파 영상

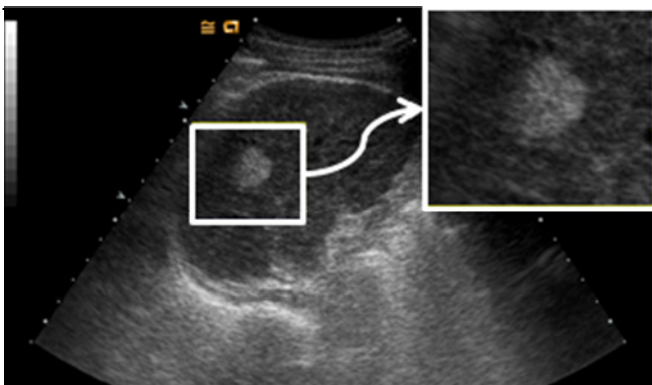
하모닉 초음파 검사 [2]는 초음파 신호가 인체를 통과하면서 일어나는 비선형 왜곡 현상을 기반으로 한다. 처음에는 파동이 단일 주파수인 상태였다가 조직 안으로 침투하면서 왜곡이 일어나고 처음 주파수의 정수 배인 주파수 성분이 생성된다. 이러한 성분을

하모닉 주파수라 한다. 초음파가 몸 안쪽으로 좀 더 진행하면 더 많은 왜곡이 생기면서 하모닉 주파수도 증가한다.

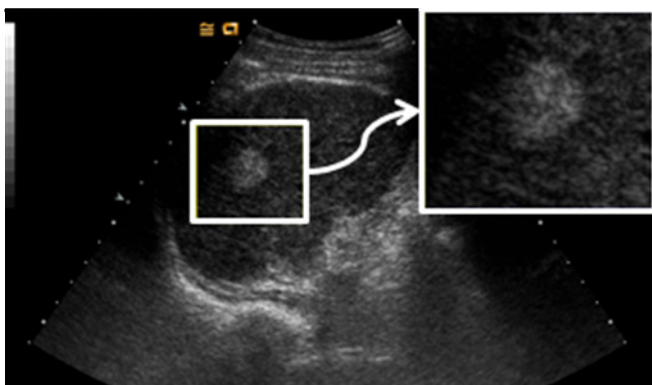
일반적인 고식적 초음파 검사에서 초음파는 탐촉자의 표면에서 생성되어 몸 안쪽으로 이동할수록 강도가 약해진다. 이에 반해 하모닉 초음파는 조직 안에서 생성되어 몸 속의 어느 깊이까지 강도가 세지다가 다시 약해진다 [2].

하모닉 영상의 장점은 일반적인 고식적 초음파에 비해 파장이 짧아 축 방향의 해상도가 향상된다. 그리고 높은 주파수에 초점을 맞추므로써 측면 해상도가 나아진다. 또한 상대적으로 작은 진폭으로 인해 다중산란 시 에코의 검출이 줄어들기 때문에 잡음이 줄어든다 [1], [2].

그림 1은 실제 고식적 초음파 영상과 하모닉 초음파 영상이다. 자세히 관찰할 수 있도록 각각의 영상에서 중앙 부위를 두 배로 확대하여 오른쪽 상단에 다시 나타냈다. 확대한 부분을 비교해 보면 하모닉 초음파 영상의 경우에 해상도가 개선되고 조직간의 대조도가 뚜렷하여 병변이 눈에 잘 띄는 것을 확인할 수 있다.



(a)고식적 초음파 영상



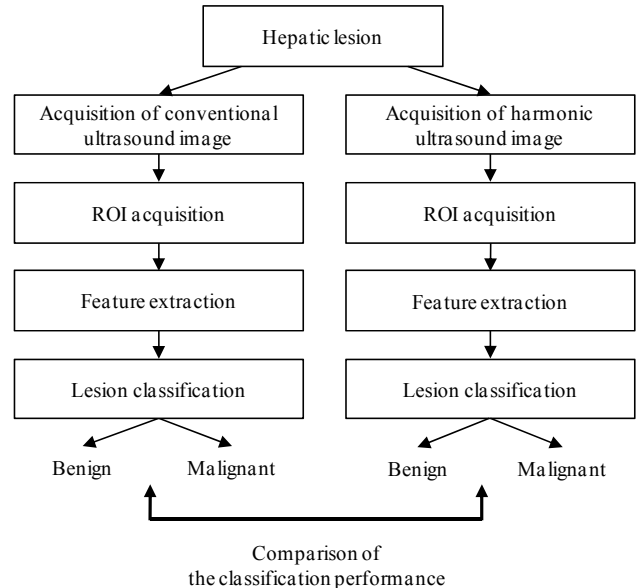
(b)하모닉 초음파 영상

(그림 1) 고식적 초음파 영상과 하모닉 초음파 영상의 예

3. 병변의 특징 추출 및 분류

본 논문에서 수행한 실험의 전체 프레임워크 (framework)는 그림 2와 같다. 고식적 초음파 영상과

하모닉 초음파 영상을 각각 분류시스템의 입력으로 넣고 분류 결과를 비교한다. 분류시스템은 초음파 영상에서 ROI를 얻고 ROI에서 특징을 추출한 다음 분류기로 분류하는 과정으로 구성되어 있다. ROI는 수동 분할을 통해서 획득하였고, ROI영역에서 병변의 특징을 추출했다. 특징 추출과 특징 분류 방법에 대해서는 3.1절과 3.2절에서 구체적으로 설명한다.



(그림 2) 초음파 영상 별 분류시스템 비교 실험의 프레임워크

3.1 특징 추출

병변을 분류하기 위해 사용한 특징은 크게 질감 특징 (texture feature)과 형태 특징 (shape feature) 두 가지로 나눌 수 있다. 질감 특징으로는, 병변의 밝기 값의 평균 (mean grayness) [6], 한 픽셀의 밝기 값과 그 픽셀로부터 특정 거리와 방향에 있는 픽셀의 밝기 값의 분포를 행렬로 나타내는 그레이 레벨 동시발생 행렬 (gray-level co-occurrence matrix) [7], 한 픽셀의 밝기 값과 특정 거리와 방향에 있는 픽셀의 밝기 값의 차이를 히스토그램으로 나타낸 후 분산을 구하는 차분 히스토그램 분산 (difference histogram variation) [7], 단위 면적당 에지의 개수를 나타내는 에지 밀도 (edge density) [7], 데이터의 분포의 비대칭성을 나타내는 왜도 (skewness) [8], 같은 밝기 값을 가지는 연속적인 이미지 요소의 개수를 나타내는 그레이 레벨 작용길이 (gray-level run length) [7], 후방 에코 증강을 나타내는 후방 음영 증강 (posterior enhancement) [8], 병변이 얼마만큼 눈에 잘 띄는지를 나타내는 병변의 명확도 (lesion conspicuity) [8]를 사용하였다. 형태 특징으로는 병변의 불규칙성과 관련된 재그 개수 (jag count) [9], 병변의 오목한 불규칙성의 정도를 나타내는 컨벡스 헐 뎀스(convex hull depth) [6], 병변의 소엽 (lobule)의 정도를 나타내는 소엽화 개수 (lobulation count) [6], 병변의 경계에서의 밝기의 변화를 기반으로 하는 에지

강도 (edge strength) [10], 병변의 침예도를 측정하기 위한 시그모이드 곡선 접합의 기울기 (slope of a sigmoidal curve fitting) [6], 주변 외륜의 존재 (presence of peripheral rim) [8]을 사용하였다.

3.2 병변 분류

SVM [5]은 두 클래스에서 가장 가까운 샘플들간의 거리인 여백 (margin)을 최대로 하는 초평면 (hyperplane)을 결정함으로써, 두 클래스를 분류할 때 발생할 수 있는 오류를 최소화하는 이진 분류기이다. 이 때 가까운 샘플들을 서포트 벡터라 한다.

먼저 훈련집합을 다음과 같이 표현할 수 있다.

$$X = \{(\mathbf{x}_1, t_1), \dots, (\mathbf{x}_N, t_N)\}, \quad (1)$$

여기서 \mathbf{x}_i 는 i 번째 훈련 샘플의 특징 벡터, t_i 는 i 번째 훈련 샘플의 라벨, N 은 전체 훈련 샘플의 개수이다. 초평면의 최적화 문제를 다음과 같이 공식화 할 수 있다. 수식 (2)에서 두 번째 항은 초평면으로부터 잘못된 쪽에 위치한 데이터까지의 거리를 나타내는 여유변수 (slack variable) ξ 를 바탕으로 한 패널티 항으로, 여백을 최대화하는 첫 번째 항에 추가를 함으로써 선형 분리 가능하지 않은 경우에 대해 표현할 수 있다.

$$\min_{\mathbf{w}, \xi} \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^N \xi_i. \quad (2)$$

이 때 제한 조건은 다음과 같다.

$$\begin{aligned} t_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + b) &\geq 1 - \xi_i, i=1,2,\dots,N, \\ \xi_i &\geq 0, i=1,2,\dots,N, \end{aligned} \quad (3)$$

여기서 w 는 초평면의 법선 벡터, b 는 편향, C 는 상수이다. 위의 문제를 Lagrange 승수를 사용하여 다음과 같이 표현할 수 있고 이를 Lagrange 함수라 한다.

$$\begin{aligned} L(\mathbf{w}, b, \xi, \alpha, \beta) &= \frac{1}{2} \|\mathbf{w}\|^2 + C \sum_{i=1}^N \xi_i \\ &- \sum_{i=1}^N \alpha_i (t_i(\mathbf{w} \mathbf{x}_i + b) - 1 + \xi_i) - \sum_{i=1}^N \beta_i. \end{aligned} \quad (4)$$

Lagrange 함수를 최적화하는 문제는 다음과 같은 Karush-Kuhn-Tucker 조건을 만족한다.

$$\frac{\partial L(\mathbf{w}, b, \xi, \alpha, \beta)}{\partial \mathbf{w}} = \mathbf{w} - \sum_{i=1}^N \alpha_i t_i \mathbf{x}_i = 0, \quad (5)$$

$$\frac{\partial L(\mathbf{w}, b, \xi, \alpha, \beta)}{\partial b} = - \sum_{i=1}^N \alpha_i t_i = 0, \quad (6)$$

$$\frac{\partial L(\mathbf{w}, b, \xi, \alpha, \beta)}{\partial \xi_i} = C - \alpha_i - \beta_i = 0. \quad (7)$$

위 식을 다시 쌍대 문제 (dual problem)를 써서 다음과 같이 변환시킬 수 있다.

$$\text{Max} \quad L_D(\alpha) = \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j t_i t_j \mathbf{x}_i^T \mathbf{x}_j, \quad (8)$$

$$\begin{aligned} \text{subject to} \quad & \sum_{i=1}^N t_i \alpha_i = 0, \\ & 0 \leq \alpha_i \leq C, i=1, \dots, N. \end{aligned} \quad (9)$$

비선형 데이터에 대해 입력공간을 더 높은 고차원 특징공간으로 매핑함으로써 선형적으로 분리 가능하도록 만들 수 있다. 수식 (5)를 다음과 같이 매핑 함수 Ψ 로 표현할 수 있다.

$$\text{Max} \quad L_D(\alpha) = \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j t_i t_j \Psi(\mathbf{x}_i)^T \Psi(\mathbf{x}_j), \quad (10)$$

이 때 매핑 함수의 내적을 커널 함수라고 하며 다음과 같이 표현한다.

$$K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \Psi(\mathbf{x}_i)^T \Psi(\mathbf{x}_j). \quad (11)$$

SVM에서 일반적으로 사용되는 커널 함수는 다항식 (polynomial), 방사 기저 함수 (radial basis function), 하이퍼볼릭 탄젠트 (hyperbolic tangent) 커널 3가지가 있다. 이 중에서 논문에서 사용한 방사 기저 함수 커널 식은 다음과 같다.

$$K(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i) = \exp(-\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_i\|^2 / 2\sigma). \quad (12)$$

4. 실험 및 결과

본 절에서는 하모닉 초음파 영상과 고식적 초음파 영상으로 각각 간 병변 분류시스템을 만들어 그 결과를 비교한다. 사용된 영상은 하모닉 초음파 영상과 고식적 초음파 영상에서 각각 양성종양 50 케이스, 악성종양 50 케이스로, 영상의 종류별로 100 케이스씩 실험하였다. 병변의 경계는 영상의학과 의사의 소견을 바탕으로 획득하였고 악성과 양성종양으로 구분하기 위해 쓰인 특징은 3.1 절에서 설명한 질감 및 형태 특징으로 23 차원이다. 분류기는 3.2 절에서 설명한 방사 기저 함수 커널을 기반으로 한 SVM이다. SVM 파라미터는 각각의 영상에서 최대의 성능을 보이는 값을 선택하였으며 훈련과 테스트 방법은 100 케이스에 대해 k 배 교차 검증 (k-fold cross validation) [11]를 적용하였다. k 배 교차 검증은 먼저 전체 샘플을 k 그룹으로 나누고 k-1 그룹을 훈련 집합으로 나머지 한 그룹을 테스트 집합으로 사용한다. 모든 그룹이 한 번씩 테스트 집합으로 쓰일 때까지 이 과정을 k 번 반복하고 각각의 결과를 평균을 내는 방법이다. 실험에서는 k 값으로 10을 사용했다.

성능 측정은 정확도 (accuracy), 재현율 (recall), 정밀도 (precision)를 사용하였으며 수식은 다음과 같다.

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}, \quad (13)$$

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP + FN}, \quad (14)$$

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP + FP}, \quad (15)$$

여기서 TP는 실제 종양을 종양으로 판단한 것의 개수, TN은 종양이 아닌 것을 종양이라고 판단한 것의 개수, FN은 실제 종양을 종양이 아니라고 판단한 것

의 개수, FP 는 종양이 아닌 것을 종양이라고 판단한 것의 개수를 의미한다. 따라서 정확도는 전체 개수 중에서 종양을 종양으로, 종양이 아닌 것을 종양이 아닌 것으로 맞게 판단할 확률이고, 재현율은 실제 종양 중에서 종양이라고 판단할 확률, 정밀도는 종양이라고 판단한 것 중에 실제 종양의 확률을 의미하며 이 값들이 클수록 높은 성능을 나타낸다.

영상의 종류에 따른 간 병변 분류 시스템의 성능을 <표 1>에 정리하였다.

<표 1> 영상의 종류에 따른 간 병변 분류 시스템의 성능 비교

고식적	Accuracy	Recall	Precision
양성 종양	85%	0.82	0.87
악성 종양		0.88	0.83
하모닉	Accuracy	Recall	Precision
양성 종양	91%	0.92	0.90
악성 종양		0.90	0.92

<표 1>에서 확인할 수 있듯이 고식적 초음파 영상에 비해 하모닉 초음파 영상에서 더 높은 정확도, 재현율, 정밀도 값을 얻을 수 있었다. 즉, 하모닉 초음파 영상을 사용한 간 병변 분류시스템이 양성 종양과 악성 종양을 구분해낼 확률이 높았다. 이는 하모닉 초음파 영상이 고식적 초음파 영상에 비해 두 배의 주파수를 사용함으로써 해상도가 개선되고 잡음이 줄어들어 조직간의 대조도가 높아지기 때문에 종양의 특징이 더욱 뚜렷해지기 때문이다.

5. 결론

본 논문에서는 초음파 영상의 종류가 간 병변 분류 시스템의 성능에 미치는 영향을 비교하기 위해, 하모닉 초음파 영상과 고식적 초음파 영상으로 각각 간 병변 분류시스템을 구성하여 악성종양인지 양성종양인지 분류하는 실험을 했다. 그 결과, 육안으로 진단 시 하모닉 초음파 영상에서 정확한 결과를 얻는 것과 마찬가지로 하모닉 초음파 영상을 바탕으로 구성된 간 병변 분류시스템에서 더 높은 성능을 보였다. 결론적으로 하모닉 초음파 영상이 간 병변 분류시스템에서도 고식적 초음파 영상보다 진단결과의 신뢰도를 높일 수 있음을 확인할 수 있었다.

Acknowledgement

본 연구는 지식경제 산업원천기술개발사업(10033726)의 지원을 받아 수행되었음을 밝힙니다.

참고문헌

- [1] G. A. Santoro, G. D. Falco, "Fundamental Principles of Ultrasound Imaging", Springer Milan, Inc., 2006.
- [2] Ward B, Baker AC, Humphrey VF., "Nonlinear propagation applied to the improvement of resolution in diagnostic medical ultrasound", J Acoust Soc Am, vol.101, pp.143-154, 1997.
- [3] Choudhry S, Gorman B, Charboneau JW, Tradup DJ,

- Beck RJ, Koler JM, Groth DS, "Comparison of tissue harmonic imaging with conventional US in abdominal disease", Radiographics, Vol 20, pp. 1127-1135, 2000.
- [4] K. Doi, H. MacMahon, S. Katsuragawa, R. Nishikawa, and Y. Jiang, "Computer-aided diagnosis in radiology: Potential and pitfalls", Eur. J.Radiol., vol. 31, pp. 97-109, 1997.
- [5] Vapnik, V, "The Nature of Statistical Learning Theory", Springer-Verlag, NewYork, 1995.
- [6] Kwang Gi Kim MS, Seong Whi Cho MD, Seon Jung Min MD, Jong Hyo Kim PhD, Byoung Goo Min PhD, and Kyoungtae T. Bae MD, PhD, "Computerized scheme for assessing ultrasonographic features of breast masses", Academic Radiology, vol.12, pp.58-66, 2005.
- [7] Pitas, "Digital image processing algorithms and applications", Wiley-Interscience, New York, 2000.
- [8] Kim SH, Lee JM, Kim KG, Kim JH, Lee JY, Han JK, Choi BI, "Computer-aided image analysis of focal hepatic lesions in ultrasonography: preliminary results", Abdominal Imaging, vol. 34, pp.183-191, 2009.
- [9] K.G. Kim, J.H. Kim and B.G. Min, "Classification of malignant and benign tumors using boundary characteristics in breast ultrasonograms", J Digit Imaging vol.15, pp. 224-227, 2002.
- [10] R.M. Rangayyan, N.M. El-Faramawy and J.E. Desautels et al., "Measures of acutance and shape for classification of breast tumors", IEEE Trans Med Imaging vol.16, pp. 799-810, 1997.
- [11] GJ, McLachlan, K.A. Do, C. Ambrose, "Analyzing microarray gene expression data", Wiley, 2004.