

染色體 自動分類 시스템의 具現

조 종 만·홍 승 흥

= Abstract =

Computer-assisted Karyotyping System of Giemsa Stained Chromosomes

Chong-Man Cho, Seng-Hong Hong

This paper describes the design and implementation of personal computer assisted karyotyping system of Giemsa stained chromosomes. The system consists of an Image Acquisition Module being capable of 256 x 256 pixels and its relevant software modules optimized for karyotyping. The results of karyotyping using this system with an image of chromosomes taken from the Rana Amurensis are acceptable.

As a result of this study we can save our load owing to the conventional hand-karyotyping and the high-cost computer.

1. 序 論

顯微鏡 畫像의 處理는 컴퓨터에 의한 畫像處理의 應用 中에서도 비교적 일찍부터 다루어져 온 것으로, 1960년대 中반에 染色體의 解析 및 白血球의 分類등이 시도되었다. 그러나, 顯微鏡 寫眞을 찍어 그것을 Flying Spot Scanner로 입력하여 처리하는 off-line 방식이 대부분이었으며, On-line으로 입력하여 처리하는 방식은 1970년대에 이르러 미니컴퓨터의 보급이 확산됨에 따라 널리 쓰이게 되었다.

그러나, 수요가 많은 血球自動分類 및 細胞診斷(특히 子宮癌의 集團檢診)등의 분야는 실용적인 수준에 도달해 있으나, 染色體의 解析이나 病理標本의 檢査등을 위한 시스템은 수요가 적기 때문에 전용 시스템의 상품화는 아직 미진한 상태이며, 대부분 필요로 하는 연구기관이 자체 개발하여 사용하고

있는 실정이다.¹⁾ 染色體가 발견된 이후 주된 요구중의 하나는 개개의 染色體에 대한 識別이었다. 즉, 각 種에 대한 染色體數의 判別과 染色體의 形態에 대한 記述에 많은 노력이 기울여져 왔다. 有絲核分裂(Mitosis)이나 減數分裂(Meiosis)의 後期(Anaphase)에 있어서 각 染色體의 크기와 모양이 染色體를 識別하는데 사용된 첫번째의 특징이 되었다.

核型分類(Karyotyping)란 한 種의 染色體를 크기(길이) 순서로 배열한 것으로 이를 통해 염색체의 정상여부 또는 염색체 배열의 정상여부를 알 수 있다²⁾. 手作業에 의한 核型分類는 통상 한 細胞에서 얻은 染色體에 대한 擴大된 顯微鏡 寫眞으로부터 얻어진다. 즉, 染色體 寫眞에서 각 染色體를 올려낸 다음 각각의 짝을 찾아내어 길이순서로 배열하게 되며, 이때 分染法(Banding Technique)을 사용하면보다 정확한 짝을 찾아낼 수 있다. 또한, 팔(腕)의 길이가 서로 다른 Submetacentric Chromosome의 경우 短腕이 위쪽으로 오도록 한다.

그러나, 한 種에 대한 완전한 核型分類를 얻기 위

<접수: 1988년 2월 6일>

仁荷大學校 電子工學科

Dept. of Electronic Eng., Inha University

해서는 여러 번의 核型分類 과정을 거쳐야 하기 때문에 이를 사람 대신 마이크로 컴퓨터와 畫像處理 技法를 이용하여 效果적으로 處理하고자 하는 것이 본 研究의 目的이다.

본 研究에서는 이를 위해 既存의 마이크로컴퓨터에 適合한 畫像入力裝置(Image Acquisition Module)를 製作하였고, 이를 이용하여 最適의 核型分類를 할 수 있는 소프트웨어 모듈도 함께 개발하여 完全한 核型分類 시스템을 具現하였다.

2. 畫像入力裝置 設計

여러가지 조건을 고려하여 기존의 개인용 컴퓨터에 적합한 畫像入力裝置(Image Acquisition Module)만을 새로이 設計/製作하여 추가함으로써 개발의 부담을 최소화 하였으며, 그 하드웨어적인 規格을 다음과 같이 하였다.

- (1) 畫素數：256x256 畫素 (512x512 畫素로 확장을 고려)
- (2) 階照度：256 (8비트)
- (3) 畫像入力時間：1/60 Sec
- (4) 畫像메모리 容量：64 KByte

그림 2. 1 은 위의 規格을 만족시키면서 개인용 컴퓨터 (IBM-PC XT/AT)의 시스템 버스에 인터페이스시켜 사용할 수 있도록 설계한 畫像入力裝置의 전체적인 構成圖이며, 각 세부모듈의 機能 및 規格은 다음과 같다.

2-1 入力處理回路

顯微鏡에서 카메라를 통해 입력된 映像信號(약 $1 V_p-p$)를 A/D 변환기의 적정 입력 레벨($2 V_p-p$)로 증폭하고, 同期回路에 안정된 직류 레벨을 갖는 신호를 제공하기 위해 입력 신호를 일정 레벨로 클램핑 하도록 구성하였다. 또한, 샘플링 주파수의 1/

2 이상의 주파수 성분은 정보로서 아무 가치가 없으며 A/D 변환에 有害하므로 이 성분의 신호를 억제하는 低域濾波 기능도 포함하여 入力處理回路를 구성하였다.

2-2 同期回路

入力處理回路에서 보내진 複合映像信號로부터 水平同期信號, 垂直同期信號 및 필드判別信號를 再生해 낸다.

2-2-1 同期分離回路

入力處理回路에서 입력된 클램핑 되어 있는 複合映像信號로부터 比較器를 사용하여 複合同期信號를 分離해 낸다.

2-2-2 垂直同期 再生回路

同期分離回路에서 分離된 複合同期信號로부터 RC로 구성된 積分回路과 比較器를 사용한 아날로그적인 방법으로 垂直同期信號를 再生해 낸다.

2-2-3 필드判別回路

대부분의 비디오 카메라가 飛越走査 方式을 사용하고 있기 때문에 정확한 映像信號의 입력을 위해서는 奇數/偶數 필드를 구분해야 할 필요가 있으며, 본 畫像入力裝置의 解像度를 次後 512x512 畫素로 확장할 경우 필드判別信號의 필요성은 自明해지므로 이를 위해 필드判別回路를 구성하였다.

2-3 도트 클럭(Dot Clock) 發生回路

도트 클럭 信號는 화면상의 한 畫素의 橫幅, 즉 샘플링 간격을 결정할 뿐만 아니라, A/D 변환 및 畫像메모리의 읽기/쓰기를 제어하므로 매우 정확하고 안정된 發振을 해야 한다. 또한, 샘플링 시작

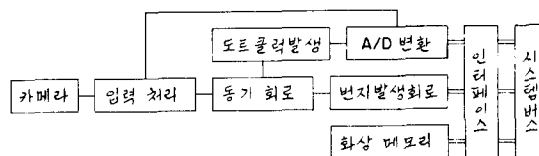


그림 1 화상입력장치의 구성도

검과 끝점을 항상 일정하게 유지하기 위해 水平同期信號에 同期시키지 않으면 안된다.

2-3-1 주파수의 결정

TV 화면의 縱橫比가 3:4, 黑白 TV의 有効走査線數가 필드당 241.5~249, 水平有効期間이 52~53 μ s이므로 화면상에서 한 화소의 가로 및 세로의 크기 비율을 1:1로 하기 위해 도트 클럭의 주파수는

유효주사선수 $x(4/3)/$ 수평유효기간 = 6.07~6.26MHz가 되어야 한다. 본 畫像入力裝置에서는 有効走査線數를 243, 水平有効期間을 53 μ s로 하여 도트 클럭 주파수를 6.11 MHz로 결정하였다.

2-3-2 發振回路의 選定

精度나 安定度만을 고려한다면 水晶發振子나 세라믹 發振子 따위의 메카니칼 필터 (Mechanical Filter)를 사용하는 것이 좋으나, 이들은 發振周波數의 調整이 곤란하고 外部 同期가 어렵기 때문에 본 畫像入力裝置에서는 사용하지가 곤란한 반면, LC 發振器의 경우 어느 정도 周波數 調整도 가능하고 外部 同期도 가능하며 精度나 安定度도 그다지 나쁘지 않기 때문에 이 방식을 사용하였다.

2-4 垂直/水平番地 發生回路 (V/H Address Center)

2-4-1 垂直番地 發生回路

畫面內的 垂直方向의 番地를 發生시키는 回路로서 水平同期信號를 클럭信號로 하는 9 비트 카운터로 구성함으로써 水平走査線數를 計數할 수 있도록 하였으며, 垂直 方向의 도트 수를 256개로 제한하기 위해 이카운터의 最上位 비트가 "L" 레벨일 때에만 A/D 변환된 데이터가 畫像메모리에 써넣어질 수 있도록 하였다. 한편, 畫面上部(垂直走査의 시작 부분)의 불필요한 영역에 대한 입력을 막기 위해 카운터의 始作番地를 미리 지정할 수 있도록 Preset기능을 가진 카운터를 사용하였다.

2-4-2 水平番地 發生回路

畫面內的 水平方向에 대한 番地를 發生시키는 回路으로써, 그 구성과 동작은 垂直番地 發生回路와 같다. 단, 水平番地 發生回路는 垂直의 경우와는 달리 높은 주파수(6.11 MHz)의 도트 클럭을 클럭 신호로 사용하기 때문에 遲延 時間이 작은 "F"형의

카운터를 사용하였다.

2-5 A/D 變換回路

畫像信號를 디지털화하여 畫상메모리에 저장하기 위한 회로로 도트클럭의 주파수가 6.11 MHz이므로 한 필드 내에 모두 Digitizing하기 위해서는 변환 시간이 적어도 164 ns(1/6.11 MHz)보다 작아야 한다. 또한 畫像入力裝置의 解像度를 512x512로 확장할 경우를 고려하여 변환 시간이 50 ns인 8비트 高速 A/D 變換器(KSV3110)를 사용하였다.

2-6 畫像메모리 回路

A/D 變換된 畫像데이터를 저장하기 위한 메모리로 256x256 畫素의 경우 64 KByte, 512x512 畫素의 경우 256 KByte가 필요하며 액세스 타임은 70 ns이라야 한다. 이를 위해 액세스 타임이 약 55 ns (typical)이고 32K x 8Bit구조인 SRAM(IDT 7125-6S) 2 개를 사용하여 구성하였다. 또한, 이 메모리는 IBM-PC의 메모리번지 가운데 使用者 領域으로 비어있는 0D0000H-0DFFFFH에 할당 하였다.

2-7 인터페이스 回路

畫像入力裝置와 IBM-PC 시스템 버스와의 인터페이스를 위해 2-to-1 MUX, Data Buffer/Transceiver, Decoder, Latch 등으로 구성하였으며 그 기능은 표 1과 같다.

표 1 할당된 I/O Port의 기능

I/O Addr	210H-217H	218H-21FH	
		0	1
Bit No.			
Bit 0	필드 判別信號의 레벨 입력	화상메모리를 畫像入力裝置에서 제어	화상메모리를 CPU에서 제어
Bit 1	X	화상메모리와 A/D 변환기의 데이터 버스 연결	화상메모리와 A/D 변환기 데이터 버스 분리
Bit 2-7	X	X	X
기능	A/D 변환의 시작 및 끝 감지	畫像 入力	畫像 處理

3. 소프트웨어 모듈의 設計

畫像入力裝置의 메모리에 저장된 데이터를 처리

하여 목적한 결과를 얻기 위해 이에 적합한 소프트웨어를 前處理 프로그램과 主 프로그램으로 나누어 설계하였다.

前處理 프로그램은 대부분 하드웨어와 밀접한 관계가 있는 기능을 수행하므로 고유 기능별로 Assembly 언어를 사용하여 개발하였으며, 주 프로그램은 수학적 계산이 많은 관계로 개발효율을 고려하여 FORTRAN 언어를 사용하여 개발하였다.

또한 전체적으로 고유기능을 수행하는 모듈간의 結合度를 낮게 함으로써 프로그램 개발과 수정이 용이하도록 하였다. 그리고 운영자가 順次的으로 작업을 수행하지 않거나, 작업의 도중에 중단하는 경우 및 중단되었던 작업을 계속할 경우 등을 위하여 어느 단계에서나 中間 處理 結果를 디스크에 저장하거나 디스크에서 읽어낼 수 있도록 함으로써 전체적인 運用 效率를 높이도록 하였다.

전체적인 소프트웨어 모듈의 구성은 그림 3.1과 같으며, 각 모듈의 기능은 다음과 같다.

3-1 畫像入力 모듈 (IMACQ)

먼저 畫像入力裝置의 設置 有無를 확인하여 설치되지 않았으면 에러메세지를 出力한 후 Return 하며, 畫像入力裝置가 설치되어 있으면 화상메모리의 전체영역을 클리어 시킨 다음, 畫像入力裝置의 필드判別信號 레벨을 조사하여 奇數 필드가 시작되면 화상 메모리의 제어를 A/D 변환기로 넘겨 한 프레임의 화상 데이터를 읽어들이는 한편, 계속하여 필드判別信號를 조사하여 偶數 필드가 시작되면 화상메모리의 제어를 CPU로 되돌려 놓고 Return 한다.

3-2 畫像表示 모듈 (DISP)

화상메모리에 저장된 데이터를 현재 설정되어 있는 Threshold Level과 비교하여 2值化시켜 IBM-PC의 화면에 표시하는 기능을 갖는다. 즉, 본 시스템에서는 2值化된 화상에 의한 처리를 하므로 별도의 畫像出力裝置를 사용하지 않고 IBM-PC의 화면을 畫像出力裝置로 사용하였다.

3-3 畫像데이터 저장 모듈 (SAVE)

화상 메모리에 저장되어 있는 데이터를 디스크에 저장하는 기능을 가지며, 화일 이름은 키보드에서 직접 입력받는다.

3-4 畫像데이터 읽기 모듈 (LOAD)

디스크에 저장되어 있는 화상데이터를 읽어내어 화상 메모리에 格納하는 기능을 가지며, 화일 이름은 키보드에서 직접 입력 받는다.

3-5 히스토그램 作成 모듈 (HISTO)

화상 메모리의 영역 중 현재 설정되어 있는 Window내의 화상 데이터에 대한 히스토그램을 작성하여 화면에 표시 하는 기능을 가지며, 운영자에 의해 Threshold Level을 선택할 수 있는 Option을 두었다.

3-6 畫像 데이터 修正 모듈 (EDIT)

화상메모리의 내용을 對話型으로 수정하는 기능을 수행 한다.

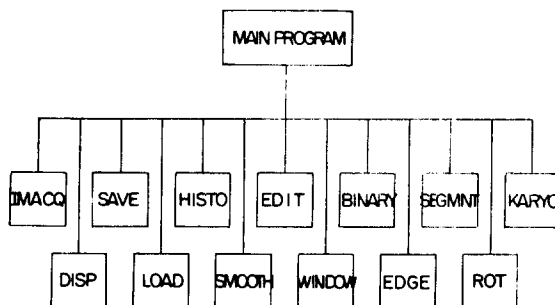


그림 1 소프트웨어 모듈의 구성도.

3-7 平滑化 모듈 (SMOOTH)

畫像入力裝置로부터 얻은 畫像 데이터에는 일반적으로 여러 종류의 雜音이 포함되어 있으며, 이들 잡음을 없애기 위한 방법중의 하나로 畫像 데이터를 平滑化하는 방법이 있다. 그러나, 平滑化에 의해 정확한 畫像의 윤곽이 흐려질 수 있으므로 이의 적용에 주의하여야 한다.

平滑化에는 여러가지 방법이 있으나 본 연구에서는 가장 기본적인 3x3의 Neighborhood에 대한 Gray Level을 단순히 평균하는 방법을 사용하였다.

3-8 部分 領域 決定 모듈 (WINDOW)

畫像의 平滑化, 2值化, 輪郭線 檢出, 히스토그램作成 및 세그멘테이션 등의 畫像 처리시 畫像의 일부 영역만을 취하여 처리할 필요가 있으며, 이 때에 처리하고자 하는 영역을 결정할 수 있게 해주는 것이 이 "WINDOW" 모듈이다.

3-9 2值化 모듈 (BINARY)

256단계의 Gray Level로 입력된 畫像 데이터로부터 처리에 필요한 물체(도형)만을 추출해 내기 위해 畫像메모리 가운데 현재 Window로 설정된 영역의 畫像 데이터에 대해서만 Threshold Level과 비교하여 Threshold Level보다 높은 화소에 대해서는 Gray Level을 255로, Threshold Level보다 낮은 화소에 대해서는 Gray Level을 0으로 2值化한 후, 그 결과를 화면에 출력함으로써 운전자로 하여금 2值化 결과를 쉽게 알 수 있도록 하였다.

3-10 輪郭線 檢出 모듈 (EDGE)

입력된 畫像으로부터 필요한 물체(도형)의 윤곽선을 검출하는 데에는 1次微分을 이용하는 Sobel Operator에 의한 방법과 2次微分을 이용하는 Laplacian Operator에 의한 방법 및 Thresholding에

의한 방법등이 있으나, 計算量 및 雜音에 의한 영향등을 고려하여 2值化된 畫像 데이터로부터 직접 輪郭線을 檢出하는 방법을 사용하였으며 그 방법은 다음과 같다^{3, 4)}.

그림 3. 2의 (a)나 (b)의 경우 3x3 마스크의 中央點에 대한 上下左右의 네 點이 모두 明點이므로 中央點이 될 수 없으나, (c)의 경우에는 中央點의 左側과 上側의 點만이 明點이므로 中央點은 境界點이 된다. 즉, 판단하고자 하는 화소의 4-Neighbors가 모두 明點일 때에는 內點이 되며, 어느 한 화소라도 明點이 아닐 경우 境界點이 된다.

3-11 세그멘테이션 모듈 (SEGMNT)

2值化 처리를 거쳐 輪郭線이 검출된 畫像 데이터 중 Window로 설정된 영역내에 존재하는 閉曲線(染色體)을 하나 하나 구분해 내는 기능을 수행한다. 輪郭線이 검출된 畫像 가운데에는 잡음이나 조명불량 등으로 인해 원하지 않는 모양이 있을 수 있으나, 이들은 閉曲線을 형성하지 못하거나 혹은 閉曲線을 형성하더라도 그 크기(둘레)가 원하는 도형에 비해 매우 크거나 작은 경우에는 이를 제거할 수 있다. 본 모듈에서는 入力變數로 주어진 범위내의 크기를 갖는 도형에 대해서만 세그멘테이션을 하도록 하였다.

3-12 圖形 回轉 모듈 (ROT)

세그멘테이션 된 각 染色體의 主軸을 계산하여, 이 主軸이 Y축에 평행하도록 회전시킨다.

도형의 主軸을 구하는 일반적인 방법으로서 그 도형을 구성하는 각 화소를 統計學的인 分布로 보고 그 回歸直線을 구하는 방법이 많이 사용되나, 染色體가 水平軸이나 垂直軸에 평행하게 놓여 있을 경우나 평행에 가깝게 놓여 있을 때에는 전혀 다른 主軸이 구해지므로 본 시스템에서는 다음과 같은 計算量도 적고 비교적 정확한 主軸을 구하는

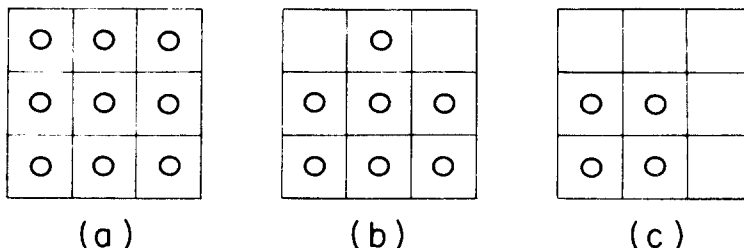


그림 2 경계점의 판정(O은 明點 표시임)

방법을 사용하였다.

즉, 한 염색체의 무게중심(圖心)을 구한다음, 이 점을 原點座標로 하여 가장 멀리 떨어진 點 즉 $(X^2 + Y^2)$ 가 最大인 點을 찾은 다음 이 點과 原點을 잇는 直線을 主軸으로 近似시켰으며, 염색체가 심하게 굽어져 있지 않는 경우 이 방법은 매우 만족한 결과를 보여 주었다. 한편, 이렇게 구한 主軸이 Y 축에 평행이 되도록 染色體의 무게중심을 原點으로 하여 回轉시킨다. 이에 대한 座標變換은 식(3.1)과 같다.

$$\begin{pmatrix} X^* \\ Y^* \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \theta & \sin \theta \\ -\sin \theta & \cos \theta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} X \\ Y \end{pmatrix} \quad (3.1)$$

단, X, Y : 원래의 좌표
X*, Y* : 회전 후의 좌표
 θ : 회전각

3-31 核型分類 모듈 (KARYO)

染色體를 회전시킨 후 Y축을 중심으로 각 Y값에 대한 X좌표의 分散을 구해 分散히스토그램을 작성하면 Bimodal Curve가 형성되며 여기서 分散이 최소가 되는 점이 동원체(Centromere)가 된다. 다음에는 이 동원체를 기준으로 長腕(Long Arm)과 短腕(Short Arm)의 길이를 구하고 이를 이용하여 腕比(Centromeric Ratio)를 구하게 된다. 腕比는 長腕의 길이를 短腕의 길이로 나눈 값이다.

끝으로 이들 값을 이용하여 각 染色體의 짝을 찾아 再配列하면 모든 작업은 끝난다. 짝을 찾는 기준은 전체 길이와 腕比에 기준하며 전체 길이가 같은 경우 腕比를 비교하여 近似한 染色體를 짝으로 한다. 배열순서는 길이 순서로 하며 전체 길이가 가장 큰 것을 먼저 배열한다.

4. 實驗 및 考察

먼저 畫像入力裝置에 대한 調整 및 動作試驗을 통해 畫像入力裝置의 동작을 확인한 다음, 個個의 소프트웨어 모듈에 대해 시험용 프로그램을 작성하여 디버깅(Debugging)을 한 후, 이들을 統合하여 전체적인 核型分類를 試驗하였다.

4-1 畫像入力裝置 實驗

먼저 카메라를 연결하지 않은 상태에서 도트 클

럭 발생기의 發振周波數가 6.11 MHz 되도록 LC값을 조정하고 다음 畫像入力장치에 카메라(GVM-70AF)를 연결하고 垂直 및 水平同期信號가 정확히 分離되도록 클램핑 레벨을 조정하였다. 다음에 IBM-PC와의 인터페이스 부분의 동작을 확인하기 위해 별도의 시험용 프로그램을 작성하여 畫상메모리에 쓰기/읽기를 시험한 결과 양호하게 동작하였다.

4-2 소프트웨어 모듈의 시험

본 시스템을 위해 개발한 소프트웨어 모듈은 대부분 다른 모듈과의 연관성이 없기 때문에 개개의 모듈을 독립적으로 시험해 볼 수 있었다. 즉, 개개의 소프트웨어 모듈에 대해 시험용 프로그램을 작성하여 디버깅(Debugging)하였다.

4-3 綜合 試驗

核型分類 실험에서는 1984년 11월부터 1985년 7월 사이에 채집된 韓國産산개구리(Rana Amurensis)의 染色體 顯微鏡 寫眞(Giemsa Stained) 中 染色體가 겹쳐지지 않은 것을 확대하여 사용하였다⁵⁾.

그림 1은 "畫像 入力 모듈(IMACQ)"을 이용하여 입력된 染色體의 畫상을 하드카피한 것이고, 그림 2는 "部分 領域 決定 모듈 (WINDOW)"을이용하

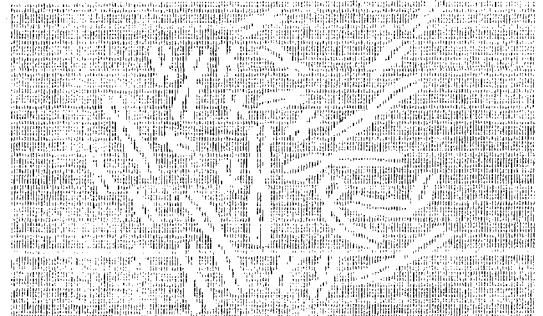


그림 1 입력된 染色體의 畫像

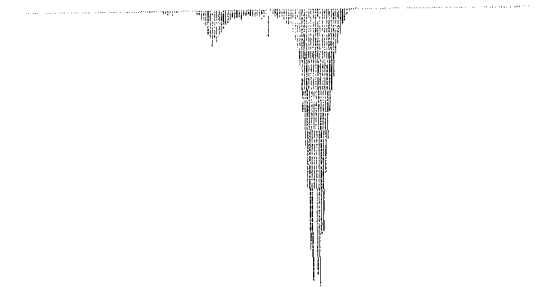


그림 2 입력된 畫상의 히스토그램

여 染色體가 존재하는 영역을 지정한 후 이 영역에 대해 "히스토그램 작성 모듈(HISTO)"을 이용하여 히스토그램을 작성한 것으로 화상의 대부분이 바탕임을 알 수 있다.

이 입력 화상에 대한 2値化는 위의 "히스토그램 작성 모듈(HISTO)"에서 구해진 Threshold Level을 근거로 하였으며, 2値化된 결과가 만족스럽지 않을 경우에는 다시 "히스토그램 작성 모듈"로 돌아가 對話型으로 Threshold Level을 가변하였다.

이렇게 하여 얻어진 2値化된 染色體 화상을 그림 3에 나타냈으며, 그림 4는 "輪郭線 檢出 모듈(EDGE)"을 이용하여 2値化된 染色體 화상으로부터 染色體의 輪郭을 검출한 결과이다.

다음에는 輪郭線이 검출된 화상으로부터 "세그멘테이션 모듈(SEGMNT)"을 이용하여 개개의 染色體를 구분해내어 디스크에 저장하였다. 저장되는 變數는 각 染色體의 輪郭線을 구성하는 總 畫素數와 各 畫素의 座標이다.

이와 같이 입력된 화상으로부터 개개의 染色體를 구분하고 난 후에는 "圖形 回轉 모듈(ROT)"을 이용하여 개개의 染色體에 대한 主軸을 算出하고, 이 主軸을 Y축과 平行하게 회전시킨 다음 "核型分類 모듈(KARYO)"을 이용하여 Y축에 대한 각 染

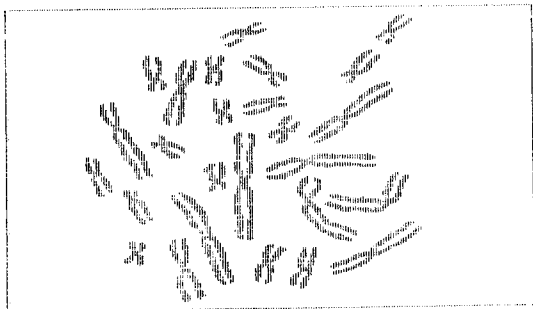


그림 3 2値化된 染色體 畫像

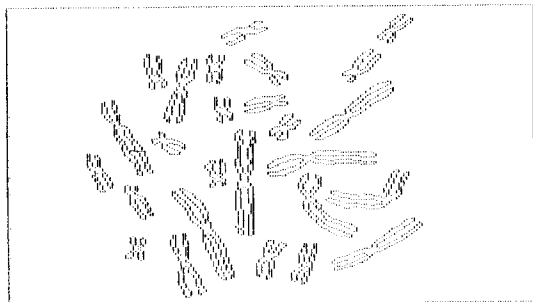


그림 4 輪郭線 檢出結果

色體의 X좌표의 分散을 구한다. 그림 5는 이렇게 하여 구한 각 染色體의 X축 分散을 나타낸 그림이다.

"核型分類 모듈"에서는 이 分散 데이터를 이용하여 각 染色體에 대한 長腕(Long Arm)과 短腕(Short Arm)의 길이와 腕比(Centromeric Ratio)를 구하고 이를 근거로 하여 核型分類를 한다.

표 1은 본 실험에 사용된 染色體 畫像內의 각 染色體에 대한 長腕, 短腕 및 腕比를 나타낸 것이며

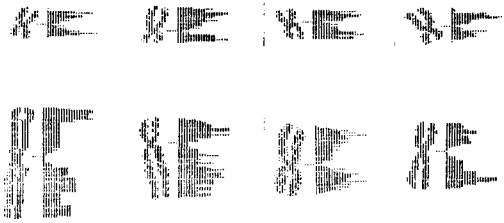


그림 5 동원체의 탐색

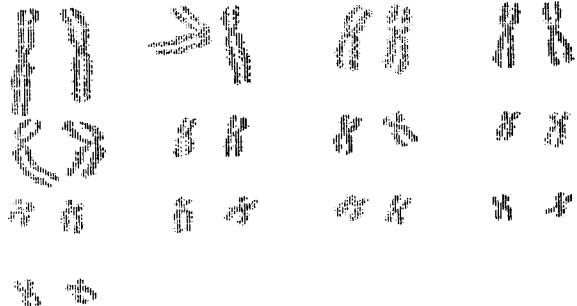


그림 6 核型分類된 染色體

표 1 각 染色體의 길이 및 腕比

No.	Length	Ratio	No.	Length	Ratio
13	44.00	1.3158	6	17.52	1.2992
21	40.09	1.1967	17	16.94	1.1175
18	39.20	2.2667	4	16.45	1.5703
11	32.85	2.2687	12	16.14	1.4054
22	30.87	1.0760	3	16.10	1.8445
8	29.45	1.1945	20	15.78	2.8301
7	29.04	1.4120	2	15.30	1.5164
23	28.16	1.3389	9	15.05	1.5815
19	28.05	1.7910	1	14.07	1.0100
15	23.53	1.4795	10	13.61	1.1266
16	19.31	1.4138	24	12.81	1.5620
26	19.06	1.1038	5	12.21	1.4420
25	18.10	1.4863	14	12.07	1.4140

그림 6은 核型分類된 染色體를 나타낸 것으로 만족할 만한 결과를 얻을 수 있었다.

結 論

전체적으로 양호한 결과를 얻을 수 있었으며 따라서 각 처리단계에서 적용한 알고리즘이 染色體 처리에 적합함을 알 수 있었으나 主軸을 구하는 단계에서 심하게 굽은 모양의 染色體에 대해서는 정확한 主軸을 구하지 못함으로 인해 동원체 검색에는 실패하여 對話型으로 修正하였다. 이에 대한 補完과 함께 染色體를 보다 정확하게 處理(計測)하기 위해서는 畫像入力裝置의 解像도를 현재보다 높여 512x512 畫素나 1024x1024 畫素로 처리할 것이 요망되며, 이에 따라 별도의 독립된 화상출력장치를 추가할 필요가 생긴다. 또한, 다양한 分染法(Banding Technique)에 의한 核型分類도 함께 수행할 수 있도록 알고리즘 및 시스템의 소프트웨어를 更新함으로써 병원이나 연구실에서 사용하는데 충분한 시스템이 될 수 있을 것이다.

參 考 文 獻

- 1) 尾上守夫, "醫用畫像處理," 朝倉書點, pp. 362-363, 1982.
- 2) Franklin E. Eldridge, "Cytogenetics of Livestock," AVI Publishing Company, Inc. pp 45-60, 1985.
- 3) R. C. Gonzalez, P. Wintz, "Digital Image Pro-

- cessing," Addison Wesley, pp. 334-366, 1987.
- 4) 水島二郎, 宮內新, 齊藤善雄, "パソコン 畫像處理," 啓學出版, pp. 140-144, 1986.
- 5) 朴昌信, "韓國産 산개구리와 아무르산개구리의 核型 및 種分化에 관한 研究," 仁荷大 理學碩士學位 請求論文, 1986.
- 6) C. Bruschi, et al., "Computer-assisted karyotyping system of banded chromosomes," *Cytogenet. Cell Genet.* 29: 1-8, 1981.
- 7) Lore Zech, *Fluorescence Banding Technique, Proc. 23rd Nobel Symposium, Stockholm* 1972, pp. 28-31
- 8) A. R. Moller, H. Nilsson, *Computerized Statistical Analysis of Banding Patterns, Proc. 23rd Nobel Symposium, Stockholm*, 1972, pp. 56-60
- 9) H. A Lubs, R. S. Ledley, *Automated Analysis of Differentially Stained Human Chromosomes, Proc. 23rd Nobel Symposium, Stockholm*, 1972, pp. 61-76
- 10) K. R. Castleman, R. J. Wall, *Automatic Systems for Chromosome Identification, Proc. 23rd Nodel Symposium, Stockholm*, 1972, pp. 77-84
- 11) A. F. Dyer, "Investigating chromosomes," *Whitstable Lith Ltd*, 1979
- 12) 畔津明仁, "基礎からの 畫像信號處理," CQ出版社, 1987