

명암값 분포를 이용한 자동화된 간과 비장의 정교한 추출

(The Exquisite Automatic Segmentation of Liver and Spleen with Gray Value Portion)

유 승 화 † 성 윤 창 † 조 준 식 †† 노 승 무 †††

(Seung Wha Yoo) (Yun Chang Sung) (June Sik Cho) (Seung Moo Noh)

신 경 속 †† 박 종 원 ††††

(Kyung Suk Shin)(Jong Won Park)

요 약 각 장기는 고유한 명암값의 범위와 각 명암값에 대한 서로 다른 비율을 지니고 있으므로 제안된 연구에서는 이러한 명암값의 비율을 이용하여 장기의 영역과 노이즈를 구분할 수 있도록 하였다. 장기의 영역을 세 종류의 메쉬영상으로 표현하여 이들의 유니온 영상으로 장기의 전반적인 형태인 템플리트를 생성하였다. 템플리트 방식은 기존의 방식에서 명암값의 범위가 같은 노이즈의 제거가 어려운 단점을 해결하여 장기의 영역만을 분리할 수 있었다. 장기의 위치를 탐색하기 위한 위치탐색과정에서는 장기의 존재여부의 파악과 함께 분리된 장기까지 추적할 수 있도록 하였다. 외곽선 표현을 위해서는 템플리트로 이진영상에서 서브트랙션(subtraction)하는 방법을 사용하여 장기의 말단부위까지 세밀하게 표현하였다. 제안된 연구에서 사용된 오픈닝과 클로징 방법으로 기존의 structuring element를 사용하는 방법에 비해 처리속도를 단축시킬 수 있었다. 추출된 장기의 면적을 토대로 체적계산을 시행하였고 동물실험을 통하여 임상 실험치를 제시하였다.

Abstract Because each organ has a gray value range of its own and its different ratio, in this study, we segmented the organ from the noise part with this gray value portion. We represented the organ with mesh images and made a template that is the rough outline of the organ. In the location searching process, that is to find the organs location, we traced not only the organ itself but also the separated organ. To represent the outline of the organ, we used the subtraction method from the binary image, so that even the tip of the organ could be represented minutely. With the proposed opening and closing methods in this paper, we reduced the runtime of the process in comparison with the existing algorithm. We computed the volume calculation from the segmented organ size and presented a clinical demonstration with the animal experiment

1. 서 론

현대의학에서는 질병의 진단이나 진료, 수술계획을 위하여 보편적으로 CT(computerized tomography), MR(magnetic resonance) 그리고 초음파(ultra sound) 등의 의학영상을 사용하고 있다. 의학영상은 직접 물체를 해부해 보지 않고도 체내의 상태를 정확하게 나타내 주고, 여러 가지 질병의 징후를 관찰할 수 있도록 함으로써 그 중요성이 갈수록 커지고 있다. 따라서 의학영상에 대한 연구는 필수적이라 볼 수 있으며, 이것을 컴퓨터로

† 학생회원 : 충남대학교 정보통신공학과
shyoo@crow.chungnam.ac.kr
yosung@crow.chungnam.ac.kr

†† 비 회 원 : 충남대학교 진단방사선과
jscho@cnuh.co.kr
shinks@cnuh.co.kr

††† 비 회 원 : 충남대학교 일반외과 교수
seungnoh@hanbat.chungnam.ac.kr

†††† 종신회원 : 충남대학교 정보통신공학과 교수
jwpark@crow.chungnam.ac.kr

논문접수 : 2000년 4월 3일
심사완료 : 2000년 11월 6일

처리하여 사람의 눈이 간과할 수 있는 여러 가지 정보를 빠르게 정확하게 전달해주는 의학영상에 대한 컴퓨터처리는 의료인의 진단 활동에 보조적 자료로써 활용되고 있다. 의학영상처리는 객관적이며 판단의 근거를 제시하며 결과데이터를 의료인이 시각적으로 인식하는데 용이하게 표현해 줌으로써 빠르고 정확한 진단에 도움이 될 수 있다.

제안된 연구는 여러 가지 의학영상 가운데 복부 CT 영상에서 간과 비장을 자동으로 추출하고 그 체적을 구하였다. 처리된 데이터는 조영제를 사용하지 않은 영상을 대상으로 처리하였으므로 임상에서 사용될 경우, 조영제의 인체에 대한 영향을 줄일 수 있다.

제안된 연구에서 일반적인 간의 추출 알고리즘과 구별되는 특징은 크게 네 가지로 나누어 볼 수 있다

1. 장기와 노이즈부분의 서로 다른 명암값 분포를 이용한 장기부분의 추출
2. 메쉬를 이용한 장기를 구성하는 명암값의 범위 자동 추출
3. 분리된 장기부분의 탐색을 포함한 위치탐색과정
4. 템플리트를 이용한 서브트랙션 과정

이러한 특징 가운데 가장 독창적인 부분은 장기와 노이즈부분의 서로 다른 명암값 분포를 이용하여 노이즈를 제거한 부분이다. 일반적으로 각 장기는 각기 고유한 명암값의 범위를 지니고 있다. 그러나 이러한 범위에는 여러 장기가 동시에 존재하므로 명암값 만으로 추출할 경우[1][2], 복강 내의 다른 조직인 노이즈가 추출하고자 하는 장기로 오인될 가능성이 크다. 이러한 이유로 기존의 알고리즘에서는 장기와 노이즈의 명암값의 범위가 같다면 추정된 명암값에 속하는 화소들을 모두 추출하기 때문에 노이즈의 제거가 어려웠다. 기존의 방법에서는 장기의 추출에 사용한 정보로 장기의 명암값과 위치정보만을 사용해 왔고[2][3][4][5] 필요한 경우, 크기나 모양정보를 사용하기도 하였다. 그러나 간이나 비장과 같은 장기는 그림 1.과 같이 각 개인에 따라 다양한 형태적 변이를 보이므로 크기나 모양정보는 일관성 있는 조건이라 볼 수 없다.

다른 장기와의 인접한 형태로 분리하는 방법이 연구되기도 했으나[6] 이 방법 역시 예외의 경우가 많아 모든 영상에 적용될 수 없다. 현재까지의 간의 추출에 관한 다른 논문에서는 명암값의 범위가 일치하는 노이즈의 제거에 관한 방법의 제시가 없었고[6][7][8][9][10] 다만 복강 내에서 장기와 노이즈와 넓게 붙어 있지 않은 영상을 대상으로 추출하였다.

텍스춰 분석에 기반한 클러스터링 방법을 사용한 연

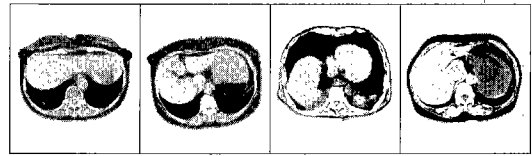


그림 1 평준화된 복부 CT 영상에 나타난 다양한 형태의 간

구[7]에서는 노이즈 부분과의 분리에 관한 사항은 소개되어 있지 않고 간에 속하는 화소들끼리의 병합이 어려워 오차가 19 %에 이르고 있다. 또 하나의 텍스춰 기반의 region growing 방법을 사용한 논문[8]에서는 제안된 논문에서 사용한 템플리트와 유사한 과정으로 detect before extract 방법을 제시하였는데 텍스춰 분석의 결과에 따라 레이블링하여 장기부분을 '1로 나머지를 '0으로 나누는 방법이다. 여기에서는 레이블링의 단위가 지나치게 커서 장기의 말단부위나 장기 사이의 노이즈를 장기와 구별하기 힘든 경우가 발생할 수 있다. 또한 처리결과에서 명암값이 유사한 근육층부분과 문맥부분이 제거되지 않은 것을 볼 수 있다. 제안된 연구에서는 근육층을 프리프로세싱 단계에서 미리 제거하였다.

히스토그램 thresholding 방법을 사용한 논문[6][9]에서는 히스토그램에서 분할하는 방법을 사용하였으나 복부 장기의 특성 상, 위나 심장, 신장 등의 존재로 히스토그램에서 뚜렷하게 간과 노이즈의 부분으로 분할되지 않아 일반화하기는 어려운 방법이다. 장기의 부분에서 구성 명암값의 범위를 추정하는 방법을 사용한 논문[10]에서는 이진영상을 생성한 이후에는 연결된 노이즈부분의 제거 방법은 소개되어 있지 않다. 그러나 아무리 적절한 명암값의 범위로 이진영상을 생성하여도 노이즈부분은 반드시 존재하며 이것이 장기와 연결된 경우도 적지않게 발생하고 있다.

제안된 논문에서는 장기를 구성하는 명암값 분포의 비율을 이용함으로써 노이즈가 잘못 인식되는 것을 방지하였다. 이것을 위해 명암값의 비율이 샘플링된 수치와 같은 부분을 nonoverlapping 블록의 형태인 메쉬영상으로 표현하여 전반적인 장기의 윤곽을 먼저 결정하였다.

두 번째의 특성으로 장기를 구성하는 명암값 범위를 추정하는 과정에서도 제안된 연구에서는 단순히 통계적인 데이터를 적용한 방법[6]과 장기의 일정부분을 반자동 방식으로 사용자가 설정해주는 기존의 방법[10]과 달리, 장기를 구성하는 명암값의 범위를 벗어나는 메쉬를 제거하여 간에 해당하는 메쉬에서만 범위를 결정하

는 방식을 사용하였다. 복부 CT영상에서 정상인의 간이 일정한 명암값의 범위에 존재하는 특성을 적용하여 단위 메쉬의 평균이 결정된 범위를 벗어나는 메쉬를 제거한 나머지 메쉬에서 명암값의 범위를 결정하였다. 따라서 명암값의 범위는 입력영상에서 자동으로 결정되며, 주어진 영상에 따라 다르게 결정되고 있다.

명암값 범위의 결정에서 메쉬 사용이 필요한 이유는 사용자가 일정부분의 관심영역(ROD)을 설정할 경우에는 자동화가 불가능하고, 자동화할 경우에는 간 실질이 아닌 부분에서 관심영역이 추출될 위험성이 있기 때문이다. 메쉬의 특성은 메쉬가 장기의 영역 밖에 위치할 경우, 메쉬의 평균값에 영향을 주어 해당 메쉬가 선택되지 않도록 함으로써 간의 영역에 해당되는 메쉬만으로 명암값 추정이 이루어지도록 하였다. 따라서 메쉬의 설정으로 자동화와 정확한 명암값의 범위추정이 가능하도록 하였다.

세 번째 특징의 위치탐색과정은 기존의 간에 관한 추출연구에서는 발견되지 않고 있으며, 일부의 연구에서는 명암값에 의한 thresholding 방법을 사용하여 가장 큰 영역을 간으로 인식하는 방법을 사용[6][10]하고 있다. 그러나 간의 경우, 그림 1.의 두 번째 경우와 같이 좌엽이 분리된 것으로 나타나는 경우가 많아 반드시 필요한 과정이다. 위치탐색과정은 장기의 대략적인 위치와 존재 여부를 자동으로 판단하기 위한 과정이다. 제안된 연구에서는 위치탐색좌표를 중심으로 폐영역추출 방법을 사용하여 장기부분만을 추출하였다.

마지막의 서브트랙션을 이용한 외곽선 추출과정에서는 현재까지의 연구에서 오프닝 방법[6], deformable active model을 이용한 외곽선 조절[8], B-spline에 의한 smoothing 방법[10], structuring element를 사용한 방법[11] 등이 사용되었다. 그러나 의학영상에서 요구하는 정확성의 관점에서 추출알고리즘에 의해 입력영상의 정보가 유실되어 장기의 전반적인 형태만을 표현하는 방법은 적절하지 않다는 것이 의료전문가들의 판단이다.

제안된 연구에서는 이진영상에서 템플릿영상을 서브트랙트하는 방식을 사용하여 장기의 외곽선을 추출하였다. 기존의 연구에서 장기부분의 대략적인 모양 정보를 미리 판단하는 방법[8]을 사용한 경우가 있었으나 여기에서는 레이블링의 범위가 지나치게 커서 서브트랙트를 위한 틀의 역할을 할 수 없었고 장기의 외곽선 처리는 deformable active model을 이용하여 표현하였다.

Deformable active model을 사용한 방법[12][13][14]은 초기 제어점 지정, 국부 최소점의 존재, 파라미터의 선택, 합병과 분할의 기준 설정 등이 문제점으로 제기되

고 있다. 초기 제어점 지정은 전과정의 자동화를 어렵게 하고 반복된 과정은 메모리와 계산량 측면에서 낭비가 크다고 볼 수 있다. 이러한 방법은 에너지가 최소화되는 경계를 찾는 점에서 타당성이 있지만 하지만 초기경계와 파라미터에 민감하고 각 화소에서 일정 범위만 조사하여 에너지를 계산하므로 장기의 전반적인 경계를 얻기 힘들다. 그래서 초기 윤곽선이 정확한 윤곽선과 떨어져 있거나 모양이 복잡한 경우, 잘못 추출될 가능성이 있다. 또한 추적 결과의 오차가 누적되면 그 이후는 계속 그릇된 결과를 얻게 되는 단점이 있다. 따라서 명암값의 국부적인 변이가 있을 수 있고 모양이 복잡한 간의 추출에는 어려움이 있다.

Template matching[11][15]방법은 효과적인 템플릿의 선정과 많은 계산량에서 역시 적용이 어렵다. 외곽선 추출 과정에서 그림 2.는 제안된 방법에 의해 추출된 외곽선 추출결과와 structuring element를 사용한 기존의 방법[11]에 의한 외곽선 추출결과를 비교한 영상이다. (b)의 기존의 결과는 structuring element의 크기보다 작은 말단부위에서 유실이 있었고 원래의 장기 크기보다 크게 추출되는 결과를 볼 수 있다.

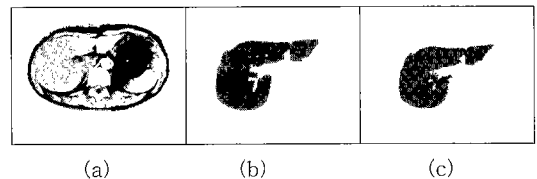


그림 2 외곽선 추출결과 비교 (a) 평준화영상 (b) structuring element를 사용한 기존의 외곽선 추출결과 (c) 제안된 방법에 의한 외곽선 추출결과

텍스처를 이용한 방법[7][8][16][17][18]이 제안된 논문의 명암값 분포 비교 방식과 근사한 방법이라 볼 수 있으나 복부 장기에서는 각 명암값을 지닌 화소의 패턴이 일정하지 않으며 패턴 방법에서는 노이즈라 볼 수 있는 화소의 분포도 포함시켜야 한다. 따라서 장기 내부의 명암값 분포가 모두 같은 패턴으로 이루어져 있지 않으므로 서로 다른 패턴의 장기부분들을 합병하여야 하는 문제가 발생한다.

한편, CT영상 화일은 한 슬라이스가 512 x 512의 크기이며 ACR/NEMA 버전 2.0으로서 DICOM 형태의 화일로 변환시켜 사용하였고, 알고리즘의 적용을 위해 다시 8 비트 pgm 화일로 변환하였다. 화일의 헤더에는 CT 영상의 구성과 형식에 대한 정보에서부터 환자

대한 정보에 이르기까지 많은 양의 정보가 들어 있다. 이 화일은 0에서 255까지의 명암값에 의해 복부의 장기들을 표현하고 전체 슬라이스는 약 20 슬라이스 정도이며 조영제를 사용하지 않은 정상인에 대한 영상 화일이다.

일반적으로 각 장기는 일정한 영역의 명암값을 갖고 있고 조영제를 사용하지 않은 정상인의 간과 비장의 명암 값은 보통 넓게 88에서 94까지의 분포를 보이고 있었다. 그러나 이러한 명암 값의 범위는 대략적인 범위일 뿐으로 개인차가 존재하며 간과 비장이 서로 다른 명암 값 분포를 보이고 있다. 제안된 연구에서는 개인차를 고려하여 입력영상에서 명암값의 분포를 조사하여 자동으로 범위를 결정할 수 있도록 하였다.

2. 명암값의 분포를 이용한 노이즈의 제거

기존의 방법에서는 명암값 분포의 비율을 고려하지 않고 장기의 명암값의 범위와 같은 영역을 모두 추출하여 노이즈부분이 잘못 인식되는 결과를 초래하였다[11]. 예를 들어, 추출하고자 하는 장기와 노이즈의 명암값의 범위가 모두 90에서 92를 나타내고 화소끼리 서로 연결되어 있다면 노이즈도 함께 추출되는 결과를 가져 온다. 그림3은 기존의 방법에서 노이즈 부분이 잘못 추출된 영상들을 보이고 있다. 여기에는 간과 명암값이 유사한 신장이나 심장 그리고 근육층 등이 포함되어 있다.

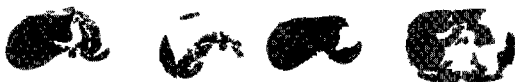


그림 3 다른 명암값 분포를 지닌 노이즈가 잘못 인식된 다양한 영상

그림 4는 추출하고자 하는 장기와 노이즈의 명암값 분포의 예를 든 그림이다. 장기와 노이즈는 같은 90에서 92의 명암값의 범위를 보이지만 표 1에서와 같이 각 명암값들의 분포하는 비율은 큰 차이를 나타내고 있다. 제안된 연구에서는 이러한 명암값 분포를 이용하여 해당 장기의 명암값 분포를 인식함으로써 다른 명암값 분포를 지닌 노이즈부분을 제거하였다. 즉, 장기와 노이즈가 같은 명암값의 범위를 가지고 있더라도 각 명암값의 화소들이 서로 다른 비율로 존재하고 있으면, 명암값의 비율 차이를 인식함으로써 원하는 장기만의 추출이 가능하도록 하였다.

일반적으로 화소의 크기가 작을 경우, 사람의 육안은 다른 명암값 분포를 지닌 두 종류의 물체를 다른 객체

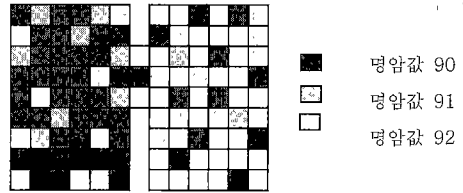


그림 4 장기와 노이즈가 같은 명암값의 범위를 지니면서(90-02) 다른 명암값의 분포를 보이는 예

표 1 장기와 노이즈를 구성하는 명암값의 비율

명암값	liver	Noise
90	65%	8%
91	21%	19%
92	11%	71%
기타	3%	2%

로 인식할 수 있다. 이것은 피사체와의 거리와 spatial frequency에 관계된 문제로서, 아주 가까운 거리가 아니면 눈이 영상을 낮은 해상도로 인식하여 각 화소의 고유한 명암값을 인식하지 않고 주위의 명암값과 번진 평균값으로 인식하므로 객체끼리의 구별이 가능한 것이다[4].

그림 5의 (a)는 실제의 영상과 먼 거리에서 화소의 번짐효과로 인해 실제의 명암값과 다른 일정한 명암값으로 보이는 경우의 예이다. (b)는 평균화영상에서 간과 노이즈가 같은 명암값의 범위를 지니지만 각각 다른 비율로 분포하고 있으므로 다른 객체로 인식됨을 보이고 있다. 즉, 서로 다른 명암값 분포로 인한 화소의 번짐효과로 각각 다른 명암값으로 표현되고 있다. (c) 영상에서는 명암값의 차이를 크게 하여 시각적인 구분을 쉽게 하였다.

메쉬영상으로 표현되는 명암값 분포 비교방법은 각 화소들을 일정 영역에서 인위적으로 번지게 하는 방법으로서 번짐값이 기준값과 근사한 메쉬만을 추출하는

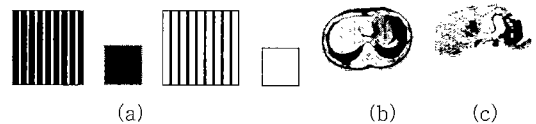


그림 5 (a) 실제의 줄무늬 영상과 육안으로 보는 번짐 영상의 예 (b) 같은 명암값의 범위 (90-92)를 가진 장기와 노이즈의 평균화영상 (c) 명암값 차이가 확장된 평균화영상

방법이다. 그림5.(b)에서는 시각적 번짐효과로인해 육안으로 장기와 노이즈를 서로 다른 객체로 인식할 수 있음을 보였는데 제안된 연구에서는 메쉬가 이러한 기능을 담당하였다. 화소의 메쉬처리로 인해 일정한 면적내의 화소들을 그들의 평균값으로 대체시킴으로써 사람의 육안으로 보는 것과 같은 합병(merging)의 효과를 얻을 수 있었다. 즉, 서로 다른 화소들을 번짐값으로 표현하는 것은 화소들의 합병을 뜻하고 이러한 화소의 합병기능을 메쉬가 담당하고 있는 것이다.

그림 6의 (a)는 메쉬로 표현된 영상의 예이며 (b)는 (a)의 메쉬처리된 영상을 임계값으로 처리한 이진메쉬영상이다. (c)는 입력영상을 메쉬영상으로 나타낸 영상이며 (d)는 (c)의 영상을 임계값으로 처리하여장기와 노이즈의 영역을 구분한 영상이다.

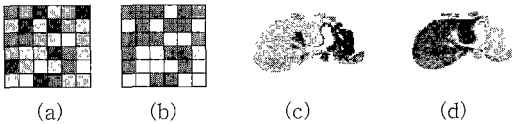


그림 6 (a) 메쉬영상으로 표현된 예 (b) (a)의 메쉬영상을 임계값(threshold)으로 표현 (c) 메쉬로 표현된 장기와 노이즈의 영상으로 그림(a)와 같은 방식의 메쉬 표현영상 (d) 임계값으로 나뉜 메쉬영상-장기와 노이즈의 구분

제안된 연구에서는 같은 명암값 범위를 지나는 장기와 노이즈를 구분하기 위해 장기의 명암값의 분포를 샘플링하여 전체영상을 처리하는 방식을 사용하였다. 노이즈는 장기와는 다른 명암값의 비율을 가지고 있으므로 샘플링된 값과의 비교로 제거될 수 있었다.

알고리즘은 해당 장기의 명암값 범위에 속하는 각각의 명암값에 대하여 그 비율을 구하고 이것을 입력영상에 대해 메쉬 단위로 처리하는 방식으로 구현되었고 메쉬 내에서 명암값의 비율이 샘플링된 명암값의 비율과 일치하는 메쉬만을 추출하였다. 따라서 하나의 슬라이스 내에서 간의 좌엽이 분리되어 존재할 경우에도 두 조각이 서로 같은 명암값 비율을 가지고 있으므로 같은 장기의 부분으로 인식하여 추출할 수 있었다.

한편, 제안된 연구에서의 템플리트는 노이즈가 포함되지 않은 추출하고자 하는 장기의 전반적인 형태로 정의되며, 장기의 세부적인 외곽선이 표현되지 않은 서브트랙션의 틀로서 사용하였다. 템플리트 영상은 세 종류의 오차영상 중에서 자동으로 결정되도록 하였다. 템플리트는 장기부분의 대략적인 윤곽선을 먼저 결정함으로써

structuring element를 사용하는 기존의 방법에서 장기와 넓게 붙은 노이즈 제거가 어려운 단점을 개선하였다.

3. 장기의 추출

전체 처리과정은 크게 3부분으로 나눌 수 있다. 첫번째 과정은 배경과 근육층을 제거하는 전처리과정과 장기를 구성하는 명암값의 범위 및 분포 샘플링 과정으로 구성되어 있다. 첫번째 과정에서는 하나의 슬라이스를 선택하여 명암값 분포를 샘플링함으로써 각 명암값의 분포 비율을 구하였다.

두 번째 과정은 처리할 슬라이스들을 차례로 입력영상으로 받아들여 장기추출을 시행하는 단계이다. 여기에는 메쉬영상으로부터 템플리트영상을 결정하는 과정과 서브트랙션, 채우기 과정으로 구성되어 있다. 이 과정에서 세 종류의 메쉬영상 중에서 평균화영상과의 비교에 의해 템플리트영상을 결정하게 되므로 전체 처리과정 가운데 가장 핵심적인 과정이라 볼 수 있다.

세 번째 단계는 추출된 각 슬라이스의 면적을 토대로 장기의 체적을 구하는 과정이다. 전체 처리과정을 나타내면 그림 7.과 같다.

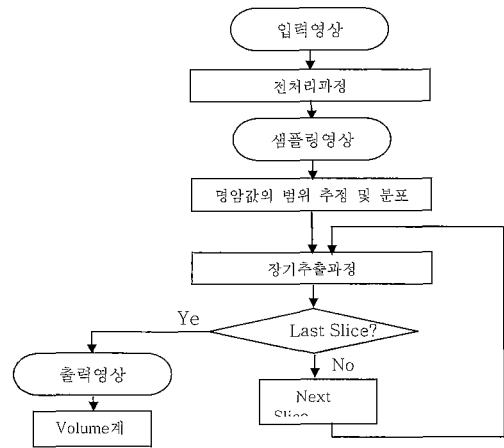


그림 7 전체 처리과정

3.1 전처리과정

전처리과정은 배경제거와 근육층 제거의 크게 두 부분으로 구성된다. 배경제거 과정은 영상에서 물체를 제외한 검은 배경을 명암값 255로 처리하는 과정이다.

한편, 대부분의 CT 영상에는 간이나 비장과 동일한 명암값을 가지면서 이들과 인접하여 위치한 근육층이 물체 둘레를 따라 분포하고 있다. 이러한 근육층은 장기를 구성하는 화소의 추적 시에 장기의 일부로 인식되어

장기의 정확한 추출을 어렵게 하여, 결과적으로 장기의 체적에 오차를 가져올 수 있으므로 사전에 제거하였다. 제거 방법으로 일단 명암값이 다른 피하지방층과 늑골 부분을 먼저 제거하고 나서 남아있는 불규칙한 띠 모양의 근육조직을 몸체 둘레를 따라 두께를 추적하여 제거하였다. 그림 8의 (a)와 (b)는 배경제거 전의 입력영상과 평균화영상이다. (c)는 배경제거 후, 피하지방층과 늑골을 제거한 영상이다. 그림에서 근육층은 지방층과 섞여 있으므로 지방을 제거하고 나서 드러난 근육층을 각 부위의 두께를 측정하여 몸체 둘레를 따라 제거하였다. (d)는 근육층이 제거된 영상이다.

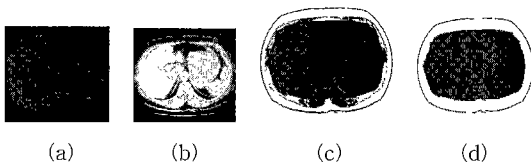


그림 8 (a) 배경제거 전의 입력영상 (b) 평균화영상 (c) 배경제거 후, 피하지방층과 늑골부분이 제거된 영상 (d) 불규칙한 근육층의 두께를 추적함으로써 근육층을 제거한 영상

3.2 명암값의 범위 결정과 샘플링

명암값의 범위 결정과 샘플링 과정과 3.3의 위치탐색 과정은 그림 9. (a)와 같이 먼저 입력영상에서 상,하,좌,우의 몸체의 대략적인 위치를 탐색하고 나서 (c)와 같은 메쉬영역을 설정하였다. 메쉬는 명암값 범위결정과 샘플링을 위한 일정 크기의 nonoverlapping 블록의 형태이다. 메쉬의 설정을 위해서는 간과 비장이 각각 몸체의 좌측과 우측에 있다는 대략적인 장기의 위치정보와 그림1. (a)의 몸체의 위치정보를 사용하였다. 장기를 구성하는 명암값 범위를 추정하는 방법은 (b)에서 일정부분을 반자동방식으로 사용자가 설정해주는 기존의 방법

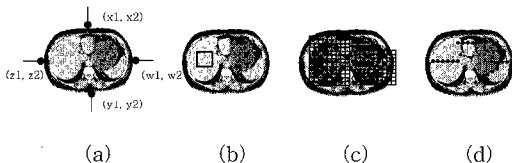


그림 9 명암값의 범위 및 분포 추출에 대한 자동화 과정 (a) 몸체의 위치탐색 (b) 일정 부분을 사용자가 설정하는 기존의 방법 (c) 장기의 명암값 범위 및 분포 추정을 위한 메쉬의 설정 (d) 3개의 위치탐색선을 지닌 위치탐색좌표 설정

[10]과 달리, (c)와 같이 장기를 구성하는 명암값의 범위를 벗어나는 메쉬를 제거하여 간에 해당하는 메쉬에서만 범위를 결정하는 방식을 사용하였다.

일반적으로 복부 CT 영상은 각 장기에 해당하는 고유한 명암값의 범위를 지니는 특성이 있고 이것은 CT 영상이 인체의 한 단면을 따라 X선을 주사하여 투과된 강도(intensity)가 해당 단면 각 지점(matrix)의 X선 흡수강도로 표현되어 영상화되는 원리에 의한 것이다[19]. CT의 영상획득 원리는 근본적으로 물체의 전자밀도를 측정하는 것이므로 주사 및 이완 시간에 따라 다양한 명암값으로 표현되는 MR(magnetic resonance) 영상과는 달리, 일정한 명암값으로 표현되며 인체의 해부학적인 특성을 지니고 있다. 이러한 명암값의 범위는 개인차가 있을 수 있으나 정상인 간의 경우, 88~94의 범위 내에서 발견되고 있으며 이것은 thresholding 방법을 사용하는 추출과정에서 일반적으로 사용[6] [9]되고 있다.

제안된 연구에서는 복부 CT영상에서 정상인의 간이 일정한 범위내에 존재한다는 특성에 의해 단위 메쉬의 평균이 결정된 범위를 벗어나는 메쉬를 제거한 나머지 메쉬에서 상한 90%를 차지하는 명암값의 최대값과 최소값을 결정하였다. 따라서 명암값의 범위는 입력영상에서 자동으로 결정되며, 주어진 영상에 따라 다르게 결정되었다. 그림 9. (c) 영상에서는 일정한 위치에 간과 비장을 위한 메쉬를 몸체의 위치를 중심으로 고정하고 조건을 만족하는 메쉬에서 명암값의 범위 추정과 분포를 샘플링하는 과정을 보였다. 회색의 메쉬는 명암값 추정에 사용된 메쉬로서 메쉬의 평균이 평균적인 명암값 범위에 속하는 메쉬를 취하여 명암값 범위로 결정하였다. 검은 색의 메쉬는 샘플링을 위한 메쉬로서 명암값 추정에 사용된 메쉬 중에서 메쉬 전체의 평균값과 일치하는 메쉬만을 선택하였다

명암값의 결정에서 메쉬를 사용하는 이유는 그림 9. (b)와 같이 사용자가 일정한 관심영역(ROI)을 설정할 경우에는 자동화가 불가능하고, 자동화할 경우에는 간실질이 아닌 부분에서 관심영역이 추출될 위험성이 있기 때문이다. 메쉬의 특성은 메쉬가 장기의 영역밖에 위치할 경우, 메쉬의 평균값에 영향을 주어 해당 메쉬가 선택되지 않도록 함으로써 간의 영역에 위치한 메쉬만으로 명암값 추정이 이루어지도록 하였다. 제안된 연구에서는 메쉬의 설정으로 자동화와 정확한 명암값의 범위추정이 가능하도록 하였다.

3.3 위치탐색

위치탐색과정은 각 슬라이스에서 입력영상의 몸체의 위치를 결정하고 몸체 내에서 간과 비장의 대략적인 위

치를 결정하여 이들의 추적을 위한 좌표를 획득하는 과정이다. 간은 CT 영상에서 일관되게 좌측에 분포하고 비장은 우측에서 발견되나 슬라이스에 따라 존재하지 않는 경우도 있으며 분리된 형태로 나타날 수도 있다. 따라서 장기의 존재 여부확인과 분리된 장기의 추출을 위해 그림 9. (d)와 같이 위치탐색좌표를 설정하였다. 위치탐색선은 좌표의 설정을 위하여 사용되며 특히 분리된 장기의 존재를 확인할 수 있도록 설정되었다. 위치탐색선에서 제시된 방향으로 탐색해 나가며 추정된 장기의 명암값과 일치하는 픽셀을 발견하면 그 좌표를 장기 내부의 한 점으로 설정하였다. 좌표가 발견되지 않는 경우는 해당 슬라이스에 장기가 존재하지 않는 것으로 처리하였다.

그림 9. (d) 영상에서는 위치탐색점의 설정방법을 보이고 있다. 위치탐색점을 찾기 위하여 위치탐색선을 설정하였고 이들은 각각 간을 위한 왼쪽과 중간의 것과 비장을 위한 오른쪽의 것의 3개로 구성되어 있고 가운데에 위치한 것은 분리된 간의 좌역을 찾기 위한 것이다. 위치탐색점의 결정방법은 각 위치탐색선으로부터 제시된 방향으로 나아가면서 장기의 명암값을 지닌 화소를 만나면 그 위치를 저장하는 방식을 사용하였다. 그림에서 간의 영역에서는 간의 영역 내에 위치탐색선이 위치하므로 위치탐색선의 좌표에서 위치탐색점이 결정되었고 비장의 경우에는 위치탐색선에서 일정한 방향으로 진행하다가 비장의 구성명암값을 발견하고 위치탐색점을 결정하였다.

폐영역추출(closed area segmentation) 방법은 하나의 좌표를 중심으로 연결된 모든 화소를 찾는 방법으로 제안된 연구에서도 여러 번 사용되고 있다. 그림 10.

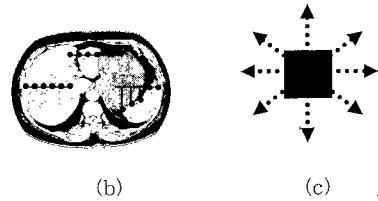


그림 10 폐영역추출 과정 (a) 폐영역추출 코드 (b) 위치 탐색좌표 (c) 폐영역추출을 위한 8 개의 탐색 방향

(a)는 폐영역추출 방법을 구현한 코드이며 (b)는 위치탐색과정에서 탐색된 위치탐색좌표이다. 폐영역추출에서는 이러한 위치탐색좌표를 중심으로 탐색하였다. (c)는 하나의 화소를 중심으로 둘러싸인 나머지 8개의 인접한 화소로 추적하는 방향을 표시하였다.

그림11. (a)는 그림10. (b), (c)에서 하나의 화소를 중심으로 탐색하는 각각의 좌표를 나타내었고 (b)(c)(d)는 폐영역추출과정을 나타내었다. 좌표 B가 중심화소이며 이것과 연결된 모든 B 화소들은 추출되며 연결성이 없는 A화소들은 제거되는 과정을 보이고 있다.

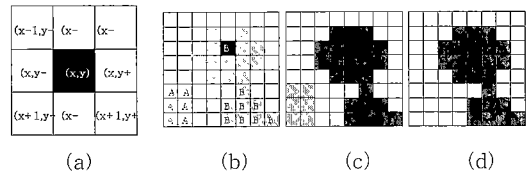


그림 11 (a) 중심화소(x,y)를 기준으로 한 탐색방향의 좌표들 (b)(c)(d) 폐영역추출과정

```

void tracepixel( IMAGE im, int i, int j, int lower, int upper)
{
    if( i >= 0 && i < im->nr)
        if( j >= 0 && j < im->nc ) {
            if( im->data[i][j] >= lower && im->data[i][j] <= upper){
                im->data[i][j]=0;

                tracepixel( im, i-1, j-1, lower, upper);
                tracepixel( im, i-1, j, lower, upper);
                tracepixel( im, i-1, j+1, lower, upper);
                tracepixel( im, i, j+1, lower, upper);
                tracepixel( im, i+1, j+1, lower, upper);
                tracepixel( im, i+1, j, lower, upper);
                tracepixel( im, i+1, j-1, lower, upper);
                tracepixel( im, i, j-1, lower, upper);
            }
        }
    else return;
}
    
```

(a)

3.4 평준화영상의 평균값 결정

이진영상은 장기를 구성하는 명암값의 범위를 명암값 0으로 표현한 영상이다. 여기에는 장기부분 뿐만 아니라 장기와 같은 명암값을 가진 노이즈도 많이 포함되어 있다. 장기에 대한 평준화영상의 평균값을 얻기 위해서는 이진영상을 클로징 후, 장기부분을 폐영역추출하여 평준화영상에 서브트랙트를 통해 평균값을 구하였다. 평준화영상의 평균값은 세 종류의 오차영상 중에서 템플릿영상을 선택 시에 자동 결정을 위한 기준이 되었다. 클로징의 목적은 장기에 직접 붙어 있는 노이즈부분을 제거하기 위함이다.

히스토그램 평준화 알고리즘은 일반적인 영상처리 알고리즘으로, 제안된 연구에서는 복부 CT영상에 적용시켜 장기와 노이즈의 명암값의 구별을 뚜렷하게 하여 템

플리트를 결정하거나 템플릿에서 노이즈 부분을 제거하기 위한 기준으로 사용하였다.

그림 12. (a) 영상은 명암값의 범위 추정과정에서 획득한 명암값 범위로 나타낸 이진영상이다. 이러한 이진 영상은 마지막 단계에서 템플릿으로 서브트랙션하는 과정에서도 사용되었다. (b) 영상은 (a) 영상을 클로징하여 장기부분을 빼영역추출한 영상이며 (c) 영상은 (b)영상을 평균화영상에 서브트랙트한 영상이다. 이러한 영상은 템플릿영상 선택과정에서 세 종류의 오차영상 중에서 명암값의 평균이 일치하는 영상을 자동으로 결정하기 위해 사용되었다.

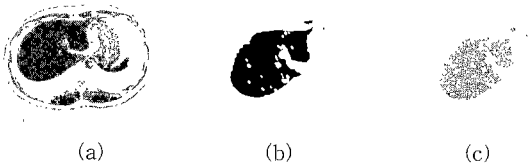


그림 12 (a) 이진영상 (b) 장기부분에 대한 클로징된 이진 영상 (c) (b) 부분을 서브트랙션한 평균화 영상

3.5 템플릿 영상 결정

메쉬영상은 그림 13.과 같이 각각 10*10, 7*7, 5*5의 세 종류의 메쉬영상의 유니온영상으로 생성하였다.

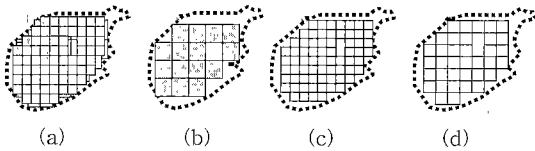


그림 13 (a) 세 영상의 유니온영상 (b)10*10 화소 크기의 오차영상의 예 (c) 5*5 화소 크기의 오차영상의 예 (d) 7*7 화소크기의 오차영상의 예

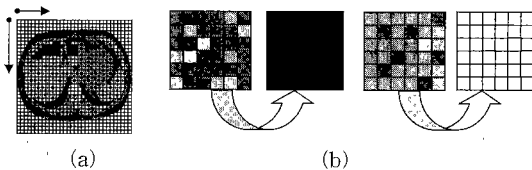


그림 14 (a) 좌표 (0,0)부터 메쉬 단위로 메쉬영상을 생성 (b) 단위 메쉬 내에서의 처리과정

그림14. (a)는 명암값의 분포를 이용한 세 종류의 메쉬영상 가운데 그림 13. (b)와 같은 10*10 크기의 메쉬영상을 생성하는 과정을 보인 그림이다. 그림과 같이 메

쉬단위로 명암값 0 또는 255로 처리하였다. (b)에서는 메쉬처리의 방법을 보였다. 샘플링된 기준값과 같은 부분은 메쉬 전체를 255로 처리하며 분포가 다른 노이즈 부분은 255로 처리하여 제거하였다.

메쉬영상은 하나의 메쉬 내에서 입력영상의 명암값의 비율과 샘플에서 추출한 비율들을 비교하여 그림 15.와 같이 샘플링된 수치의 차이에 따라 각각 3, 4, 5인 세 종류의 오차영상으로 생성되었다. 이러한 영상들은 모두 3 가지 크기(5*5, 7*7, 10*10)의 메쉬영상의 합영상으로 생성되었다

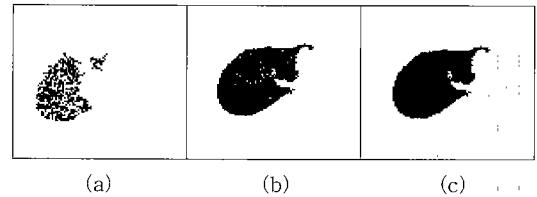


그림 15 3 종류의 오차영상 (a) 오차 3의 영상 (b) 오차 4의 영상 (c) 오차 5의 영상

생성된 오차영상들은 평균화영상에 서브트랙트되어 그림 16. (a)(b)(c)와 같은 3종류의 영상을 획득하였다. 이러한 세 종류의 오차영상 중에서 하나를 선택하여 템플릿영상을 생성하였다. 선택을 위한 임계값으로 그림 12. (c)의 클로징된 평균화영상이 사용되어 각각의 오차영상 가운데 가장 가까운 영상을 자동으로 선택되도록 하였다. 한편, 템플릿 영상이 결정된 후에도 남아 있는 노이즈가 존재할 수 있으므로 평균화영상의 평균값을 사용하여 그림 16. (d)와 같이 메쉬단위로 노이즈를 제거하였다.

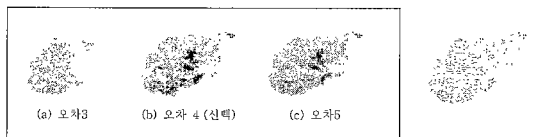


그림 16 (a) 오차3의 평균화영상 (b) 오차4의 선택된 평균화영상 (c) 오차5의 평균화영상 (d) 선택된 (b)의 오차4의 영상에서 노이즈가 제거된 영상

3.6 템플릿의 생성 및 서브트랙션

제안된 연구에서 템플릿은 이진영상에서 추출하고자 하는 장기부분만을 서브트랙트하기 위한 틀로 사용

되었다. 그림 17.에서는 생성된 다양한 템플리트 영상의 예를 보였다. 그림에서 템플리트영상은 노이즈가 포함되지 않은 장기의 대략적인 형태를 나타내고 있다.

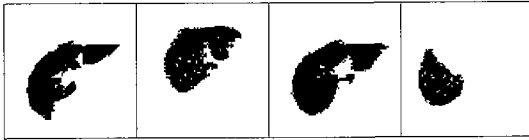


그림 17 다양한 템플리트 영상들

템플리트는 장기의 외곽선부분을 모두 포함할 수 있는 정도의 크기를 요구하므로 템플리트 영상을 오픈닝시켜 확대하였다. 이러한 과정에서 기존의 오픈닝 방법 [20][21][22]은 structuring element를 사용하므로 처리시간이 길어지는 단점이 있었으나 제안된 논문에서는 기존의 방법에 비해 처리속도를 단축시킬 수 있는 확장 방법을 사용하였다. 구형방법은 확장의 중심이 되는 화소와 그 주위에 위치한 여덟 개의 화소들을 8-연결성을 이용하여 상,하 좌,우의 4번에 걸쳐 확장하였다.

기존의 연구에서는 structuring element를 사용하여 다듬기과정을 시행하였는데, 노이즈가 제거되는 대신에 장기의 말단부위가 노이즈로 잘못 인식되어 부분적인 소실이 발생하였다. 제안된 알고리즘에서는 정교한 외곽선을 표현하기 위해 이진영상에서 서브트랙션하는 방법을 사용하였다. 이 방법은 원래의 영상이 지닌 정보를 손실 없이 표현하여 자연스러운 외곽선의 생성에 도움을 주었다. 그림 18.(a)는 그림 16.(d) 영상의 이진영상이며 템플리트 영상이다. (b)는 서브트랙션을 위해 (a)가 오픈닝된 영상이며 (c)는 이진영상에서 서브트랙트될 부분을 나타낸 영상이다. (d)는 서브트랙트된 영상이다. 그림 19.에서는 결과영상과 결과영상에서 템플리트부분을 뺀 차영상을 보였다. (a)(d)는 입력영상의 평준화영상이며 (b)(e)는 결과영상이다. (c)(f)는 결과영상에서 그림 18.(a)와 같은 템플리트를 뺀 차영상을 보였다.

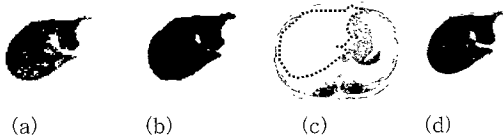


그림 18 (a) 메쉬로 표시된 템플리트 영상 (b) 오픈닝된 템플리트 영상 (c) 이진영상에서 서브트랙트될 영역을 표시한 영상 (d) 이진영상에서 서브트랙트된 장기의 부분

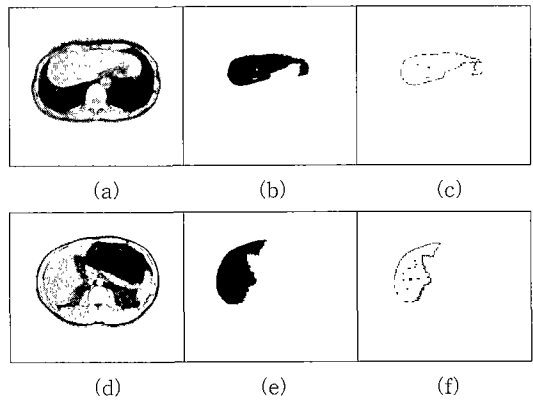


그림 19 템플리트와 서브트랙트된 부분 (a) 평준화영상 (b) (a) 영상의 결과영상 (c) (b)에서 템플리트 부분에 대한 차영상 (d) 평준화영상 (e) (d)영상의 결과영상 (f) (e) 에서 템플리트 부분에 대한 차영상

3.7 채우기과정

채우기과정은 기존의 연구[11]에서 사용하였던 erosion과 dilation을 사용하지 않고 화소와 화소 사이를 인식하여 채우는 방법을 사용하였다. 이러한 방법으로 장기의 외곽선 부분에는 영향을 미치지 않고 장기 내부의 홀을 채울 수 있었다. 여기에서는 간의 채우기 과정에서 요구되는 장기 내부의 작은 크기의 홀(hole)만을 채우고 장기의 고유한 형태에서 기인하는 큰 홀은 채우지 않았다. 결과적으로, 기존의 erosion 알고리즘의 결과로 나타나는 무딘 외곽선을 방지할 수 있었고 블러링에서 오는 부정확한 외곽선을 인위적으로 분할하지 않고 자연스럽게 해결할 수 있었다.

그림20. (c)는 템플리트의 이진영상에 대한 차영상으로서 장기의 내부에는 수 많은 작은 크기의 홀이 존재하며 가운데 부분에는 장기의 형태에 기인한 비교적 커다란 홀이 존재한다. (a)는 (c)의 화소 단위의 예이며

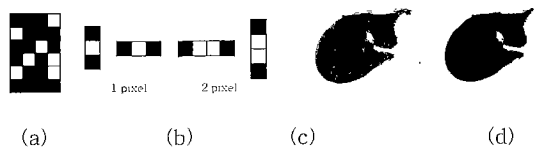


그림 20 채우기 과정의 홀 인식 (a) 채우기 과정 이전의 간 내부 화소의 예 (b) 1 화소의 홀과 2화소로 구성된 홀의 인식 (c) 채우기 과정 이전의 영상 (d) 채우기 과정을 거친 결과영상

(b)(c)는 각각 1화소와 2 화소의 홀을 인식하는 예를 보이고 있다. 결과영상인 (d)에서 채우지 말아야 할 장기의 형태에 기인한 큰 홀은 채워지지 않고 내부의 작은 홀만 채워진 것을 볼 수 있다.

그림 21.와 그림 22.에서는 제안된 연구의 결과영상을 평균화영상과 비교하였다

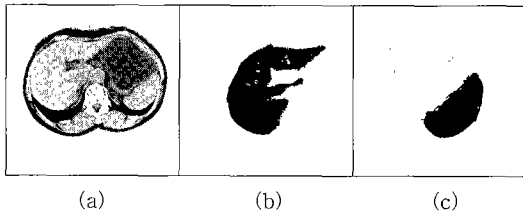


그림 21 처리결과 비교 (a) 평균화 영상 (b) 간의 추출결과 (c) 비장의 추출결과



그림 22 평균화영상과 간이 추출된 결과 영상들

4. 처리결과

명암값 비율 비교방법에서 구한 각 슬라이스의 면적을 토대로 장기의 체적을 계산하였다. 체적계산을 위해서는 CT 영상 파일의 헤더부분의 슬라이스 간격이나 각 화소의 크기 등의 부가적인 정보가 필요하다. 다음의 식은 추출된 장기의 체적을 계산하기 위한 것이다.

$$Volume = \sum_{i=1}^{N-1} (((L_p * X * Y) \text{ of } S_i + (L_p * X * Y) \text{ of } S_{i+1}) / 2) * D$$

N : 추출된 장기를 포함하는 슬라이스 개수

S_i : 슬라이스 번호

D : 슬라이스 사이의 간격

L_p : 추출된 장기를 구성하는 화소의 개수

X, Y : 화소의 가로 및 세로 길이

알고리즘은 50명의 정상인의 CT 영상에 적용되었고 다음 표는 제안된 연구에 의한 장기 체적의 결과와 의

표 2 프로그램에 의한 체적과 매뉴얼에 의한 체적의 비교

No.	Image_index	Age	Manual Volume	Program Volume	Error(program/manual)
1	2_15	38	1.249868	1.322714	5.507%
2	2_17	46	0.813572	0.830232	2.007%
3	2_21	74	1.074664	1.005049	6.927%
4	2_42	42	0.972156	0.97995	0.795%
5	4_38	75	0.981094	0.946822	3.620%
6	4_45	73	0.62417	0.640111	2.490%
7	5_53	46	1.208444	1.193362	1.264%
8	5_76	52	1.036857	1.103869	6.071%
9	6_116	71	1.139062	0.867217	23.866%
10	6_210	56	0.930623	0.917354	1.446%
11	6_241	74	0.808258	0.766424	5.458%
12	8_256	44	1.005817	0.974769	3.185%
13	8_287	64	0.903387	0.897499	0.656%
14	8_295	61	1.47959	1.556711	4.954%
15	9_370	74	0.852556	0.884286	3.588%
16	10_608	36	1.441742	1.392473	3.538%
17	10_634	39	0.895664	0.898725	0.341%
18	10_643	51	0.882872	0.863449	2.249%
19	10_763	35	1.386811	1.337211	3.709%
20	11_779	45	1.422471	1.391229	2.246%
21	11_809	35	1.148378	1.09438	4.934%
22	11_817	39	1.923169	1.869499	2.871%
23	17_414	42	1.322601	1.256303	5.277%
24	17_419	58	1.372082	1.393445	1.533%
25	17_457	53	1.222027	1.171723	4.293%
26	17_508	63	1.652714	1.57645	4.838%
27	18_522	64	1.053875	1.002252	5.151%
28	18_561	43	1.453008	1.412486	2.869%
29	18_621	63	1.470035	1.469496	0.037%
30	19_646	66	1.32254	1.350253	2.052%
31	19_712	55	1.22284	1.228999	0.501%
32	20_223	48	0.787436	0.81502	3.384%
33	20_442	42	1.002031	0.996635	0.535%
34	21_454	55	1.155491	1.145186	0.900%
35	21_481	55	0.958068	0.909314	5.362%
36	21_532	54	1.077023	1.031696	4.393%
37	21_539	64	0.557755	0.587509	5.064%
38	21_562	36	0.967715	0.958124	1.001%
39	21_568	60	0.806416	0.773305	4.282%
40	22_491	53	1.369984	1.284844	6.626%
41	22_593	24	1.270492	1.305248	2.663%
42	23_719	46	1.116484	1.090609	2.373%
43	24_229	55	1.183406	1.186211	0.236%
44	24_148	55	1.210214	1.202862	0.611%
45	25_879	32	1.678676	1.632408	2.834%
46	26_914	67	0.843826	0.853209	1.100%
47	27_946	65	1.592839	1.640688	2.916%
48	30_608	56	1.21467	1.224744	0.823%
49	31_245	70	0.800057	0.755622	5.881%
50	33_515	54	1.178289	1.194887	1.389%
Average			1.13543948	1.12909536	3.41%

료 전문가의 매뉴얼에 의한 결과를 비교한 것이다. 영상의 처리결과는 의료전문인의 매뉴얼 결과와 비교할 때, 5% 미만의 낮은 오차로 처리된 것을 확인할 수 있었으며 외곽선 부분도 기존의 결과보다 세밀한 부분까지 표현되었다. 제안된 방법으로 비교적 커다란 크기의 노이즈가 제거되므로 오차가 줄었으며 처리영상의 정확성에서도 평균화영상에 비교하여 외곽선 부분이 정밀해졌고 특히, 장기의 말단부위를 소실 없이 표현할 수 있었다는 점에서 진전이 있었다. 이러한 결과는 마우스에 의한 built-in 커서[23][24]나 track-ball[25] 등을 이용하여 수동적으로 측정하여 크기를 비교하는 연구에 비해 처리속도도 빠르며 정확도 면에서 뒤지지 않는 결과이다. 표 2.에서 프로그램에 의한 결과와 의료전문인의 매뉴얼에 의한 결과를 정상인 50명을 대상으로 처리하여 결과를 비교하였다.

그림 23.(a)는 표 2.의 결과에 대한 오차를 그래프로 나타낸 것이며 (b)는 매뉴얼의 결과와 제안된 방식의 결과를 비교하여 그래프로 나타냈다.

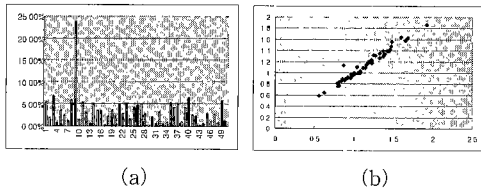


그림 23 (a) 처리결과 오차의 분포 (b) 의료인의 매뉴얼에 의한 결과와 제안된 방식에 의한 결과의 비교

최대 오차의 경우는 표3.에서 보인 바와 같고 원인은 분리된 좌엽이 탐색과정에서 제외되어 높은 오차가 발생하였다. 최소 오차의 경우는 표 4.과 같다.

표 3 최대 오차의 경우

No.	Image_index	Age	Manual Volume	Program Volume	Error(program/manual)
9	6.116	71	1.139062	0.867217	23.866%

표 4 최대 오차의 경우

No.	Image_index	Age	Manual Volume	Program Volume	Error(program/manual)
29	18.621	63	1.470035	1.469496	0.037%

5. 동물실험

제안된 연구의 알고리즘의 검증은 위하여 동물실험을

실시하였으며 실험대상으로 생후 4개월의 Landrace종의 돼지를 사용하였으며 무게는 약 24kg이었다. 1% propionyl promazine과 2% xylazine hydrochloride를 사용하여 실험 동물을 마취하였다. 복부 CT 촬영은 복강에 생리적 식염수를 주입하기전과 500cc를 주입한 경우로 각각 촬영하였다. 이때 촬영 두께는 7mm, 10mm의 2가지로 하였다. 표 5.는 동물실험에서 얻은 추출결과를 매뉴얼에 의한방법과 비교한 결과이며 그림 24.는 간이 추출된 결과 영상이다.

표 5 동물실험에 대한 프로그램에 의한 체적과 매뉴얼에 의한 체적의 비교

Case	식염수 주입	촬영 두께	화소 크기	슬라이스 개수	program에 의한 체적	실제 체적 (단위:1)	오차
1	주입 없음	7mm	0.449219	16	1.078074(1)		2.18%
2	500cc 식염수 주입	10mm	0.488281	11	1.057972(1)	1.055(1)	0.28%

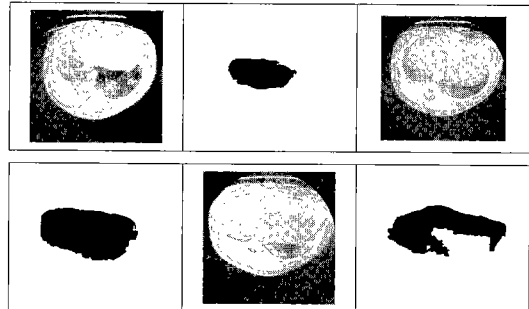


그림 24 돼지 영상의 평균화 영상과 처리결과 영상

6. 결론 및 향후 연구방향

영상의 처리속도는 그림 7.과 같은 전체과정의 처리속도가 CPU 167Mhz, RAM 128MB의 Sun ultrasparc 워크스테이션에서 약 12 분에서 4분 내외로 단축되었다. PC의 경우, CPU 500Mhz, RAM 128 MB의 Pentium III에서 한 사람 당 16슬라이스 정도를 약 20초 정도에 처리함으로써 더욱 향상된 결과를 볼 수 있었다. 처리속도의 단축은 많은 처리시간을 요하는 기존의 연구[11]에서 사용한 structuring element를 사용하지 않고 제안된 오프닝 방법으로 처리한데 기인한 것으로 볼 수 있다.

메쉬 처리방법은 화소단위의 처리방법에서 벗어나 빠른 시간 내에 처리가 가능하도록 하였고 메쉬처리된 결과가 템플릿 영상으로 연결되어 장기의 대략적인 모

양을 결정함으로써 효율성을 높일 수 있었다. 메쉬처리의 임계값은 각 영상의 명암값의 분포 특성에 따라 자동으로 결정되도록 하여 의학영상에서 발생하는 다양성의 특성을 감안하였다. 메쉬는 일정한 영역 내에서 제시된 조건을 수행하여 처리 상의 편이를 제공하고 처리속도를 단축시켜 처리과정에 많은 도움이 되었다.

명암값 분포의 비율 비교방법도 노이즈가 포함되지 않도록 방지하여 해당 장기의 추출에 도움이 되었다. 장기의 명암값의 분포 비율을 샘플링하여 3 종류의 메쉬영상을 생성하고 이를 평균화영상과 비교함으로써 타당성 있는 비교방법을 제시하였고 다른 장기가 추출되는 것을 방지할 수 있었다는 점에서 좋은 결과를 보였다.

자동화된 명암값의 범위결정과 위치탐색과정은 전체 과정의 자동화에 기여하였고 템플리트를 사용한 서브트랙션 방법은 세밀한 외곽선 표현이 가능하게 하였다.

향후 연구 과제로는 복부 CT의 다른 장기의 추출이나 병변이 간의 추출 및 진단 등을 들 수 있다. 병변이 있는 간의 경우, 병변의 범위는 전체적인 것일 수도 있고 부분적인 것일 수도 있으나 명암값 분포 비교방법을 사용하여 명암값 분포가 다른 병변부위를 자동으로 결정할 수 있도록 해야 할 것이다.

참 고 문 헌

- [1] M. J. Carlotto, "Histogram Analysis Using a Scale-Space Approach" IEEE Transaction on PAMI, pp.121 - 129, January 1987
- [2] R. D. Henkei, "Segmentation in Scale Space," Proceedings of 6th international conference. On Computer Analysis of Images and Pattern, CAIP, Prague 1995.
- [3] H. E. Burdick "Digital Imaging, theory and application" McGraw_Hill inc, 1997
- [4] S. E. Umbaugh, "Computer Vision and Image processing : A Practical Approach Using CVI Ptools", Prentice Hall PTR, 1988
- [5] D. H. BALLARD and C. M. computer Vision," Prentice Hall, inc, 1982
- [6] D. G. Health, B. S. Kuszyk, Elliot K.Fishman, Automatic Liver Segmentation Technique for Three-dimensional Visualization of CT Data, Radiology, 1996.
- [7] L. Gao, D. G. Heath and E. Fishman, Abdominal Image Segmentation Using Three-Dimensional Deformable Models, Inves. Radio., vol 33, No.6, 348-355, 1998
- [8] E. L. Chen, P. C. Chung, C. L. Chen, H. M. Tsai, C. I. Chang, An Automatic Diagnostic System for CT Liver Image Classification, IEEE Trans. Biomed. Eng. Vol. 45, pp783-794, 1998
- [9] L. A. Farjo, D. M. Williams, P. H. Bland, I. R. Francis, C. R. Meyer, Determination of Liver Volume from CT Scans Using Histogram Cluster Analysis. J Comput Assist Tomogr, Vol. 16, No.5,1992
- [10] K. T. Bae, M. L. Giger, H. MacMahon, and K. Doi, Automatic segmentation of liver structure in CT images, Med. Phys. 20 (1), 1993
- [11] S.W.Yoo, Y.C.Sung, J.S.Cho, S.M.Noh, K.S.Shin, J.W.Park Segmentation of Liver and Spleen by using Lattice Estimation System in Abdominal CT Image, ITC-CSCC'99, Volume II, pp.991-994, 1999
- [12] A. Yezzi, S. Kichenassamy, A. Kumar, A Geometric Snake Model for Segmentation of medical Imagery, IEEE Trans. Med. Imag., vol. 16, 1997
- [13] L. Gao, D. G. Heath and E. Fishman, Abdominal Image Segmentation Using Three-Dimensional Deformable Models, Inves. Radio., vol 33, No.6, 348-355, 1998
- [14] T. McInerney, D. Terzopoulos, Topology Adaptive Deformable Surfaces for Medical Image Volume Segmentation, IEEE Trans. Med. Imag., vol. 18, no. 10, Oct, 1999
- [15] C. B. Ahn, Y. C. Song and D. J. Park, Adaptive Template Filtering for Signal-to-Noise Ratio Enhancement in Magnetic Resonance imaging, IEEE Trans. Med. Imag., vol. 18, no. 6, June, 1999
- [16] M. Unser, Sum and Difference Histograms for Texture Classification, IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., vol. PAMI, No 1, JAN, 1986
- [17] A. L. Victoris and J. W. Modestino, A maximum likelihood approach to texture classification, IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., vol. PAMI-4, JAN, 1982
- [18] H. Derin and H. Elliott, Modeling and Segmentation of Noisy and Textured Images Using Gibbs Random Fields, IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., vol. PAMI-9, No.1, JAN, 1987
- [19] 김영근, 김정삼, 박병래, 박영순, 박희곤, 이규은 CT 영상학, 청구문화사, 1997
- [20] M. E. Brummer, R. M. Mersereau, R. L. Eisner and R. J. Lewine, Automatic Detection of Brain Countours in MRI Data Sets, IEEE Trans. Med. Imag. Vol. 12, no. 2, 1993
- [21] K. P. Philip, E. L. Dove, D. D. Mcpherson, N. L. Gotterner, M. J. Vonesh, W. Stanford, J. E. Reed, J. A. Rumberger and K. B. Chandran, Automatic Detection of Myocardial Contours in Cine-Computed Tomographic Images, IEEE Trans. Med. Imag. Vol. 13, no. 2, 1994

[22] J. R. Parker, Algorithm for Image Processing and Computer vision, Wiley Computer Publishing, 1996

[23] B. Heymsfield, T. Fulenwider , B. Nordlinger, P. Sones, and M. Kutner. Accurate measurement of liver, kidney, and spleen, volume, and mass by computerized axial tomography, Ann Intern Med 90:185-7. 1979

[24] G. R. McNeal, W. H. Maynard, R. A. Branch, T. A. Powers, P. A. Arns, K. Gunter, J. M. Fitzpatrick and C. L. partain, Liver Volume Measurements and Three -dimensional Display from MR Images, Radiology, 169, 1988

[25] A. A. Moss, M. A. Frieman, and A. C. Broto, Determination of Liver, Kidney, and Spleen Volumes by Computed Tomography : An Experimental Study in Dogs, Journal of Computer Assisted Tomography 5(1): 12-14, 1981



신 경 숙

1990년 충남대학교 의과대학 의학사. 의사면허 취득. 1994년 충남대학교 의과대학 대학원 진단방사선과 의학석사. 진단방사선과 전문의 취득. 1998년 ~ 현재 전북대학교 의과대학 대학원 진단방사선과 박사과정. 충남대학교 의과대학 진단방사선과 교실재직(조교수). 관심분야는 의학영상, 영상처리



박 종 원

1979년 2월 충남대학교 전자공학과 졸업, 공학사. 1981년 2월 한국과학기술원 전산학과 졸업, 전산학 석사. 1991년 8월 한국과학기술원 전산학과 졸업, 전산학 박사. 1995년 ~ 현재 충남대학교 공과대학 정보통신공학과 정교수. 관심분야는 영상처리, 병렬처리, 의공학



유 승 화

1994년 영남대학교 전자공학과(공학사). 1999년 충남대학교 기술교육과 전자전공(교육학석사) 1999년 ~ 현재 충남대학교 컴퓨터공학과(박사과정). 관심분야는 의학영상, 영상처리, computer vision



성 윤 창

1987년 2월 충남대학교 계산통계학과 졸업, 이학사. 1989년 2월 충남대학교 대학원 전산학과 졸업, 이학석사. 1998년 3월 ~ 현재 충남대학교 컴퓨터공학과 박사과정. 관심분야는 의학영상처리



조 준 식

현재 충남대학교 의과대학 진단방사선과 충남대학교병원 진료처장. 관심분야는 복부영상, 증례적치료, 영상처리.



노 승 무

1976년 2월 충남대학교 의과대학 졸업, 의학사. 1992년 2월 전북대학교 대학원 졸업, 의학 박사. 1990년 8월 ~ 현재 충남대학교 의과대학 일반의과 부교수.