

論文2001-38SP-2-7

조영제를 사용한 복부CT영상에서 명암값 비율을 이용한 간의 자동 추출

(Automatic Liver Segmentation by using Gray Value Portion in Enhanced Abdominal CT Image)

俞承和*, 趙俊植**, 盧承武***, 愼敬淑**, 朴宗元*

(Seung Wha Yoo, June Sik Cho, Seung Moo Noh, Kyung Suk Shin, and Jong Won Park)

요약

제안된 연구에서는 조영제를 사용한 복부 CT 영상에 대한 특성을 분석함으로써 간에 대한 자동추출을 시행하였다. 영상에 나타난 명암값을 지형적 고도정보로 해석하는 침수실험에 근거하여 영역을 분리하였고 임계값에 의하여 장기 내부의 국부최대점들을 제거함으로써 장기에 해당하는 부분들을 합병하였다. 임계값은 장기를 구성하는 각 명암값의 비율에 의하여 생성된 메쉬영상으로부터 결정되었고 간과 노이즈 영역의 분리에 사용되었다. 장기의 외곽선추출을 위해서는 장기의 전반적인 형태를 나타내는 템플리트를 생성한 후 이진 영상에서 서브트랙션하는 방법을 사용하였다. 템플리트의 생성과정에서는 처리시간이 긴 기존의 오픈링 방법을 사용하지 않고 8-연결성에 의한 방법을 사용함으로써 처리속도를 단축하였다. 추출된 장기의 면적을 토대로 체적계산을 시행하였고 동물실험을 통하여 임상 실험치를 제시하였다.

Abstract

In this proposed study, observing and analyzing contrast enhanced abdominal CT images, we segmented the liver automatically. We computed the ratio of each gray value from the estimated gray value range. With the average value of mesh image, we distinguished the liver from the noise parts. We divided the region based on immersion simulation. The threshold value is determined from the mesh image which is generated from each gray value portion of the liver and is used in dividing the liver to the noise region. To get the outline of the liver, we generated template image which represents the lump of the liver, and subtracted it from the binary image. With the results we use the proposed algorithm using 8-connectivity instead of the present opening algorithm, to reduce the processing time. We computed the volume from the segmented organ size and presented a clinical demonstration with the animal experiment

* 正會員, 忠南大學校 工科大学 情報通信工學科
(Dept. of Information Communications Engineering, Chungnam National University)

*** 正會員, 忠南大學校 一般外科
(Dept. of General Surgery, Chungnam National Univ.)
接受日字:2000年6月8日, 수정완료일:2001年1月18日

** 正會員, 忠南大學校 醫科大学 診斷放射線科
(Dept. of Diagnostic Radiology, Chungnam National University)

I. 서론

현대 의학에서 질병의 진단 및 치료를 위해 사용되는 영상으로 CT, MR, 초음파 영상 등이 주로 사용되고 있다. 그 중에서도 CT영상은 복강 내부의 장기 촬영에 보편적으로 사용되는 영상으로 질병의 진단, 인체에 대한 연구 및 세부적인 수술계획에도 사용되어 그 수요가 계속 증가하고 있다. 조영제는 의료인의 영상에 대한 판독 시에 육안으로의 식별을 용이하게 하기 위해 영상을 촬영하는 과정에서 인체에 투여하는 물질이다. 조영제는 종양을 비롯한 비정상적 조직을 쉽게 드러나게 해주는 특성을 지니고 있어 현재 의료기관에서 사용하는 CT영상 가운데에서 조영제를 사용하는 비율이 매우 높은 편이므로 보편적으로 사용되는 조영제 영상에 대한 처리는 반드시 이루어져야 할 과제로 볼 수 있다.

제안된 논문에서는 조영제를 사용한 영상에서 간이라는 특정 장기의 자동적인 추출방법에 대하여 연구하였으며 이를 통해 추출된 장기의 체적을 계산할 수 있도록 하였다. 일반적으로 CT 영상에서 간이나 비장을 추출하기위한 연구는 주로 조영제를 사용하지 않은 영상에 대하여 이루어져 왔으며 외국의 경우, 심장이나 폐 그리고 뇌에 비해 연구결과가 많지 않은 편이다. 특히 조영제를 사용한 간에 대한 연구는 거의 이루어지지 않았다.

지금까지 이루어져온 간 추출에 관한 연구들은 다음과 같이 요약해 볼 수 있다. (1) 수동적으로 추적하는 방법^{[1][2][3]} (2) 장기를 구성하는 명암값으로 임계값을 부여하는 방법^{[4][5][6][7]} (3) 모양 정보나 다른 장기와 인접해 있는 형태에 의존한 방법 (4) 텍스춰 기반, 클러스터링 방법, deformable model, 템플리트 매칭 등을 이용한 방법이 있었다. 장기에 대한 체적 계산을 시작한 초기에는 마우스에 의한 built-in 커서나 트랙-볼 등을 이용하여 수동적으로 측정하여 크기를 비교하는 연구가 행해져 왔고, 이후에는 명암값이나 모양 정보를 이용하거나 텍스춰 기반의 연구가 병행되어 왔다.

조영제를 사용한 영상에 관한 연구는 히스토그램 분석과 모델-기반 외곽선 추출방법을 사용한 연구[8]가 있었다. 여기에서는 조영제 영상의 히스토그램에서 간에 대한 명암값의 최대값과 최소값을 결정하고 이 값

을 임계값으로 부여하여 영상을 분할하였다. 그리고 간 실질에 비해 명암값이 높은 혈관영역과 낮은 종양부분은 따로 추가시키는 방법을 사용하였다. 또한 간과 신장의 연결부위를 오픈닝 과정을 통하여 제거하고 장기의 내부의 홀은 클로징을 통하여 채웠다. 그러나 이러한 연구에서는 명암값이 유사한 노이즈 제거에 관한 사항은 언급되지 않았고, 일정한 임계값의 결정으로 인해 조영제의 흡수속도와 개인차에 따른 명암값의 변이도 고려되지 않았다.

위와 같이 히스토그램 thresholding 방법을 사용한 논문은 복강 내부에 간과 명암값이 유사한 위나 심장, 신장 등이 함께 존재하므로 일반화하기는 어려운 방법이다. 장기의 부분에서 관심영역을 설정하여 명암값의 범위를 추정하는 방법^[9]에서도 장기와 연결된 노이즈 부분의 제거 방법은 소개되어 있지 않다. 그러나 실제로 아무리 적정한 명암값의 범위로 영상을 분할하여도 노이즈 부분은 반드시 존재하며 이것이 장기와 연결된 경우도 적지않게 발생하고 있다.

세 번째로 다른 장기와 인접한 모양정보로 추출을 시도 하였으나 그러나 간이나 비장 등의 장기는 모양이 다양하고 사람마다 다른 형태를 지니고 있으며, 다른 장기와의 인접하는 형태도 일정하지 않은 것으로 알려져 있다. 이러한 점은 감안하여 장기의 대략적인 윤곽을 먼저 표현하기 위하여 "detect-before-extract (DBE)" 방식이 제안^[10]되었다. 여기에서는 텍스춰 기반의 region growing 방법을 사용하였고 제안된 논문에서 사용한 템플리트와 유사한 "detect before extract" 방법을 제시하였는데 텍스춰 분석의 결과에 따라 영역을 나누어 장기부분과 나머지로 나누는 방법이다. 그러나 장기 부분을 나타내는 블록 크기가 지나치게 커서 장기의 말단부위나 연결 부위의 손실이 발생하였고 결과영상에서 근육층부분과 문맥부분이 제거되지 못한 것을 볼 수 있었다

비슷한 명암값의 화소들끼리 모으는 클러스터링 방법^[11]에 대한 시도도 있었다. 이밖에 텍스춰 기반 방식과 반 자동방식으로 윤곽선을 보정하는 deformable model^{[12][13][14]}을 사용하거나 패턴분류, 템플리트 필터링을 이용한 연구도 시행되어 왔다. 텍스춰에 기반한 방법^{[15][16][17][18][19]}이 제안된 논문의 명암값 분포 비교 방식과 가장 근사한 방법이라 볼 수 있으나 실제의 간 실질의 각 부분이 같은 패턴을 보이지 않으므로 다른 패턴의 장기부분들을 합병하여야 하는 문제가 발생한

다.

Deformable active model을 사용한 방법은 초기 제어점 지정, 국부 최소점의 존재, 파라미터의 선택, 합병과 분할의 기준 설정 등이 문제점으로 제기되고 있다. 초기 제어점을 지정하는 방식은 전체 처리과정의 자동화를 어렵게 하고 반복된 과정은 메모리와 계산량 측면에서 낭비가 크다고 볼 수 있다. 이러한 방법은 에너지가 최소화되는 경계를 찾는 점에서 타당성이 있지만 초기경계와 파라미터에 민감하고 각 화소에서 일정 범위만 조사하여 에너지를 계산하므로 장기의 전반적인 경계를 얻기 힘들다. 따라서 형태가 다양하고 명암값의 국부적인 변이가 큰 조영제 영상의 적용에는 무리가 따르는 방법이다. 템플릿 매칭방법^[20] 역시 장기 내부의 명암값 변이와 처리과정에서 많은 계산량을 요구하는 점에서 효과적이지 못하였다.

외곽선 추출과정에서는 오프닝 방법^[8], deformable active model을 이용한 외곽선 조절, B-spline에 의한 smoothing 방법^[9], structuring element를 사용한 방법^[21] 등이 사용되었다. 그러나 정확성을 요구하는 의학영상에서 오프닝 방법이나 structuring element를 사용한 방법 등과 같이 처리과정에서 입력영상의 외곽선 정보가 유실되는 방법은 적절하지 않은 것으로 판단되었다. 제안된 연구에서는 영상에 표현된 명암값의 정보를 지형적 고도로 인식하여 침수실험 과정으로 구현하였다. 제안된 연구에서 일반적인 간 추출 알고리즘과 구별되는 특징은 크게 네 가지로 나누어 볼 수 있다

1. 장기와 노이즈부분의 서로 다른 명암값 분포를 이용한 임계값의 자동 계산
2. 임계값을 이용한 피크와 크레스트 제거 및 영역 합병
3. 메쉬 필터를 이용한 전반적인 장기의 명암값 범위 추정
4. 템플릿을 이용한 서브트랙션 과정

이러한 특징 가운데 첫 번째 특성은 장기와 노이즈부분의 서로 다른 명암값 분포를 이용하여 임계값을 자동 설정하여 노이즈를 분리한 부분이다. 이것을 위해 간 실질에서 각 명암값의 분포를 샘플링하고 영상을 메쉬단위로 처리하여, 샘플링된 수치와 같은 부분만을 메쉬영상으로 표현하였다. 이것은 간과 노이즈의 명암값의 범위는 같지만 각각의 명암값이 분포하는 비율은

다르다는 점에 착안한 방법으로 메쉬영상에서 결정된 임계값으로 댐 수위를 결정하여 노이즈 영역을 분리하였다.

두 번째의 특성은 제안된 침수실험이 기존 watershed 알고리즘과 다른 점을 제시하고 있다. 제안된 방법은 특징은 오프닝을 통한 국부최대점의 제거과정과 합병과정을 합침으로써 기존에 따로 이루어지는 합병과정을 추가할 필요가 없다는 점이다. 제안된 침수모델은 임계값으로 장기내부의 피크들을 제거함으로써 간에 포함되는 영역들을 합병하였다. 이러한 방법으로 제거할 피크의 크기에 영향을 받는 기존의 오프닝 알고리즘의 특성에 관계없이 수행할 수 있었다.

세 번째의 특성으로 장기를 구성하는 명암값 범위를 추정하는 과정에서도 제안된 연구에서는 단순히 통계적인 데이터를 적용한 방법^[8]과 장기의 일정부분을 반자동 방식으로 사용자가 설정해주는 기존의 방법^[9]과 달리, 장기를 구성하는 명암값의 범위를 벗어나는 메쉬를 제거하여 간에 해당하는 메쉬에서만 범위를 결정하는 방식을 사용하였다. 특히 명암값의 변이가 큰 조영제 영상에서는 일정부분에서 샘플링하거나 통계값을 이용하는 것이 의미가 없는 것으로 조사되었다. 명암값의 범위는 입력영상에서 자동으로 결정되며, 주어진 영상에 따라 다르게 결정되었다. 메쉬의 설정으로 자동화와 정확한 명암값의 범위추정이 가능하도록 하였다.

마지막은 외곽선을 추출하는 방법에 관한 것으로 이진영상에서 템플릿영상을 서브트랙트하는 방식을 사용하였다. 제안된 서브트랙션 방법은 이진영상에서 올려내는 것과 같은 효과로 세밀한 외곽선을 추출할 수 있었다. structuring element 방법과 B-spline에 의한 기존의 외곽선 추출결과와 서브트랙트 방법을 비교하면 기존의 결과는 원래의 영상에 비해 전반적으로 무딘 외곽선이 추출되었고 말단부위에서 유실이 있었다. 또한 제안된 방법은 많은 반복과정을 거치게 되는 기존의 방법에 비해 처리속도를 단축시킬 수 있었다.

II. Materials and Methods

1. CT 자료 정보 및 알고리즘의 개관

CT 영상 파일은 한 슬라이스가 520Kbyte 정도로서 512×512의 크기이며, 0에서 255의 명암값에 의해 영상을 표현하고 있다. 파일의 헤더에는 CT 영상의 구성과

형식에 대한 정보에서부터 개인에 대한 정보에 이르기 까지 많은 양의 정보가 들어 있다. 이 파일은 ACR/NEMA version 2.0으로서 DICOM 형태의 파일로 변환시켜 사용하였다. 이러한 DICOM 유틸리티는 먼저 .dcm의 DICOM 파일들을 raw format 형태로 변환하고 raw2pgm을 사용하여 16 비트 .pgm의 변환단계를 거쳐, 다시 알고리즘의 적용을 위해 8 bit pgm 파일로 변환한 후 장기의 추출을 시행하였다. 알고리즘은 C 언어로 구현되어 퍼스널 컴퓨터와 워크스테이션에서 실행되었다.

장기 추출 과정에 대한 블록 다이어그램은 그림1과 같다

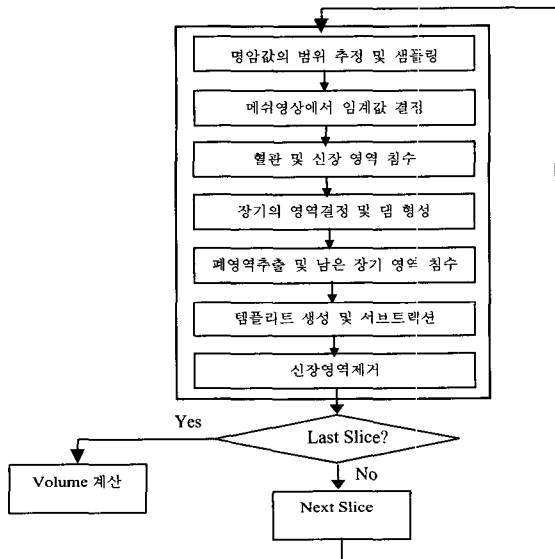


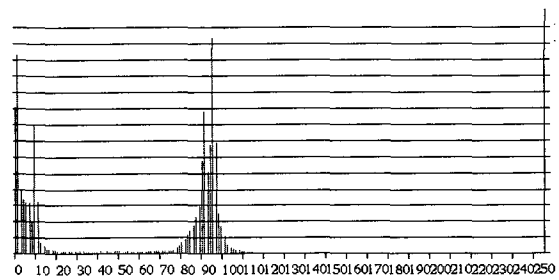
그림 1. 장기추출의 과정
Fig. 1. Organ segmentation flow.

2. 조영제 영상의 특성과 침수모델 적용

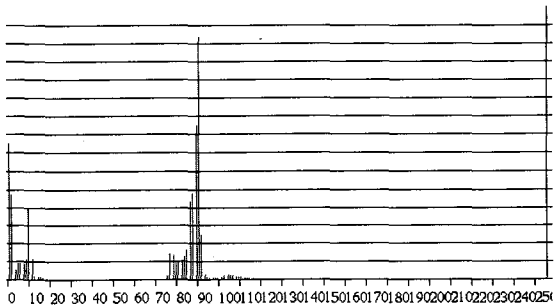
Watershed는 원래 지형학 분야에서 널리 사용되어온 개념으로 침수지역들과 그들을 나누는 경계선인 분수령으로 지형을 구분하였다. 이러한 지형적 정보를 영상에 응용하여 영상의 명암값 정보를 지형적 기록으로 표현하려는 시도^{[22][23]}가 있었다. 이것은 지형학적 보간법을 통하여 경사영상 화소의 명암값을 수피에 있어서의 고도정보에 응용하는 방법이다. 제안된 연구에서는 기존의 Watershed 알고리즘을 그대로 적용하지 않고 영상화소의 명암값 정보를 그 지점의 지형적 정보로 해석하여 침수모델로 표현하고 장기부분에서 노이즈를

분리하고자 하였다. 방법적 차이점으로는 기존의 watershed 알고리즘에서는 오프닝을 통하여 국부최대점을 제거하는 방법을 사용^[24]하고 있으나 제안된 연구에서는 명암값의 분포를 이용하여 임계값을 결정하고 이러한 값으로 장기 내부의 피크를 제거하여 화소들을 합병하도록 하였다. 또한 임계값의 지점에서 댐을 생성함으로써 노이즈 영역과의 분리를 시도하였다.

기존의 Watershed 알고리즘에서의 침수실험을 통한 영역분할 과정은 국부최소점이 영역확장의 출발점이 되어 침수지역에 물을 채워 나가다가 산마루에서 다른 물과 만나게 되면 댐을 쌓아 전체 영역이 국부최소점의 개수에 따라 분할되는 방식이다. 제안된 연구의 침수모델에서 기존 알고리즘의 적용이 부적절한 이유는 조영제를 사용한 CT 영상에서의 간의 특징에 기인한다.



(a)



(b)

그림 2. 조영제영상과 일반 CT 영상의 히스토그램 비교 (a) 조영제영상의 히스토그램 (b) 일반 CT 영상의 히스토그램

Fig. 2. Comparing histogram of enhanced image with that of the general CT image. (a) Histogram of enhanced image (b) histogram of general CT image.

일반적인 조영제 영상의 특징은 다음과 같다. 조영제

영상은 일반 CT와 마찬가지로 0에서 255까지의 명암값에 의해 체내의 장기들을 표현하고 있으나 조영제 영상에서 간의 명암값은 대략 90에서 103까지 분포하고 있다. 그리고 간 내부의 혈관의 경우, 98에서 105까지의 명암값을 보였다. 이러한 명암값의 범위는 조영제를 사용하지 않은 일반 CT영상의 두 배 정도의 넓은 범위이다. 그림 2의 히스토그램에서 그림3 (a)과 같은 조영제 영상은 (c)와 같이 조영제를 사용하지 않은 영상의 명암값 범위보다 훨씬 넓게 분포하고 있음을 볼 수 있다.

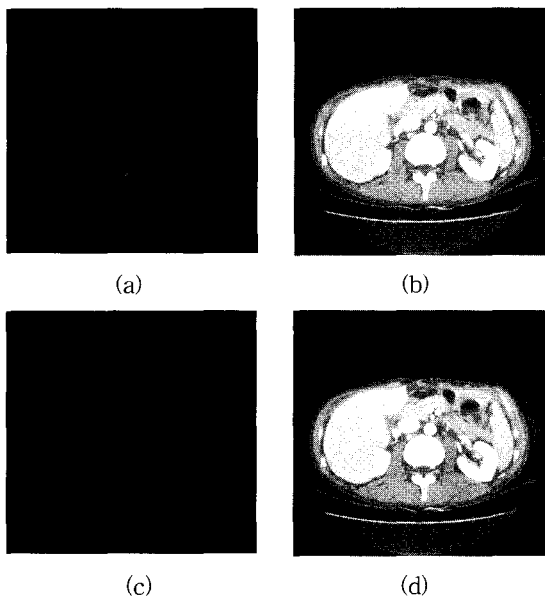


그림 3. (a) 조영제 입력영상 (b) (a)의 평준화영상 (c) 일반 CT 영상 (d) (c)의 평준화영상
 Fig. 3. (a) Input image of enhanced image. (b) Equalized image of (a) (c) Input image of general CT image. (d) Equalized image of (c).

복부 CT영상의 간에서 조영제 영상과 일반 영상의 차이점은 전반적인 명암값 분포와 혈관영역의 명암값 차이에 있다. 일반적으로 조영제 영상에서 명암값이 커서 밝게 보이며 명암값 분포의 폭과 변이가 크다. 특히 명암값의 변이에 있어서 조영제를 흡수하는 정도에 따라 같은 슬라이스의 간 실질에서도 차이가 있으며 개인차도 심한 편이다. 한편, 간 실질의 화소들끼리의 명암값의 차이는 큰 반면, 장기와 노이즈 사이의 명암값 차이는 작은 편이다. 이러한 원인으로 인해 조영제 영상에서의 간 추출이 일반 CT영상에서보다 어려운 것으

로 조사되었다. 또한 조영제 영상의 명암값의 변이와 조영제 흡수의 개인차는 기존의 watershed 알고리즘의 단순한 적용이 어려움을 나타내고 있다.

조영제 영상에서 간 영역을 분석하면 크게 간 실질에 포함된 혈관영역과 간 실질의 두 부분으로 나누어 볼 수 있다. 그리고 간 실질은 다시 노이즈와 명암값이 같은 영역과 다른 영역으로 구분할 수 있다. 그림4는 조영제 영상에서 장기를 구성하는 명암값에 따른 영역 구분에 관한 그림으로, 장기의 영역을 크게 세 영역으로 구분하였다. (b)와 (c)는 각각 노이즈와 명암값이 같은 영역과 다른 영역을 나타낸 이진영상이다.

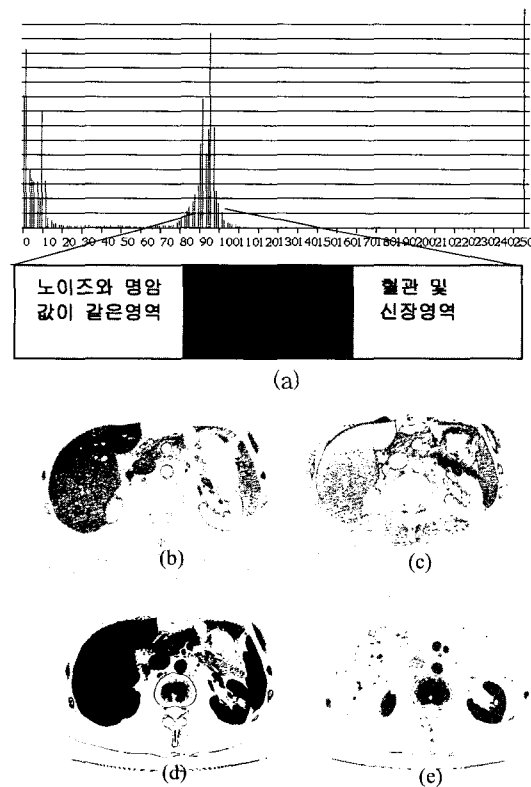


그림 4. 조영제영상의 영역구분 (a) 입력영상의 히스토그램과 장기를 구성하는 명암값의 구분 (b) 노이즈와 명암값이 같은 영역을 나타낸 이진영상 (c) 노이즈와 명암값이 다른 영역을 나타낸 이진영상 (d) 전체영역의 이진영상 (e) 혈관 및 신장영역
 Fig. 4. Region analysis (a) Histogram of input image and region division (b) Binary image showing region the same as noise region (c) Binary image showing region different from the noise region (d) Binary image showing whole region.

그림 5의 영상들은 각각 명암값 99, 98, 96, 95, 94, 92이상의 화소들을 나타낸 이진영상이다. (a)는 신장영역과 비교적 큰 혈관을 보이고 있고 (b)는 모든 혈관 및 일부의 장기영역까지 포함하고 있다. 따라서 전체 간의 영역에서 (a)(b)는 혈관영역을, (c)(d)는 간 실질을 나타내고 있다. (e)와 (f)는 복부 내부의 다른 장기들과 근육층까지 포함하고 있다. (c)는 간 실질에서 노이즈보다 밝은 부분을 나타내고 (d)는 노이즈와 명암값이 같은 부분을 나타내고 있다. 제안된 연구에서 노이즈의 명암값 분포는 대략 90-95 정도로서 간 실질의 명암값 일부와 일치하는 것으로 조사되었다. 이러한 노이즈 부분이 간과 인접한 경우, 장기추출을 어렵게 하는 요인이 된다. 그 예를 그림5 (d),(e)영상에서 볼 수 있다. 제안된 연구에서는 노이즈가 간으로 인식되는 것을 방지하기 위해 간의 영역에서 임계값을 결정하여 장기의 대략적인 형태를 얻어내는 방법을 사용하였다. 즉, 장기의 명암값 분포를 이용하여 노이즈가 포함되지 않은 (c)의 임계값으로 결정되도록 하였다. 이러한 임계값은 주어진 입력영상에서 자동으로 결정되어 개인차와 조영제의 흡수정도에 따라 다르게 설정되었다.

표 1. 장기와 노이즈를 구성하는 각 명암값의 비율

Table 1. Each ratio of gray value constructing organ and noise.

명 암 값	liver	Noise
90	65%	8%
91	21%	19%
92	11%	71%
기 타	3%	2%

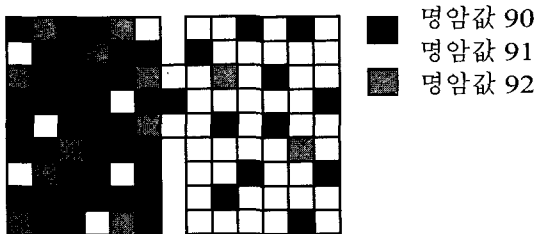


그림 10. 장기와 노이즈의 명암값 비율 분포의 예
Fig. 10. Example of ratio distribution of organ and noise.

명암값의 범위가 결정되면 결정된 명암값 각각의 전

체에 대한 구성 비율을 계산하였다. 그림10은 추출하고자 하는 장기와 노이즈에 대한 명암값 분포의 예를 보인 그림이다. 장기와 노이즈는 90에서 92의 동일한 명암값의 범위를 보이지만 표 1과 같이 각 명암값들의 분포 비율은 장기와 노이즈가 서로 다른 양상을 보이고 있다.

제안된 연구에서는 이러한 명암값의 분포 차이를 장기와 노이즈의 구분에 이용하였다^[10]. 즉, 노이즈 부분을 제외한 장기만을 추출하는 방법으로 장기에서 샘플링된 명암값의 분포 비율로 영상을 처리하는 방식을 사용하였다. 그 방법은 입력영상을 메쉬 형태의 일정크기의 블록들로 나누어 스캔하면서 각각의 블록 안에서 그 블록을 구성하는 명암값의 비율이 샘플링된 비율에 일치하는 블록만을 추출하였다. 즉 샘플링된 비율값을 기준으로 입력영상에서 비율이 일치하는 블록만을 메쉬영상으로 나타냈다. 메쉬영상으로 추출된 부분은 대략적인 장기의 형태를 지니고 있으며 떨어져 위치한 노이즈는 폐영역추출 방법으로 제거하였다.

메쉬영상을 생성하는 목적은 장기 내부에 존재하는 피크와 crest를 제거하기 위한 임계값을 얻기 위해서이다. 또한 이러한 임계값은 장기와 노이즈 영역을 구분하는 데 사용되는 수위이다. 이것은 조영제를 사용한 영상은 장기내부의 혈관이나 조영제의 고르지 않은 흡수상태로 인하여 일반 영상에 비해 노이즈가 포함될 수 있으므로 메쉬영상을 바로 장기추출을 위한 템플릿으로 사용^[25]하는 방법을 사용하지 않고 침수모델의 임계값으로만 사용하였다.

III. Implementation

1. 명암값의 분포를 이용한 메쉬영상의 생성

명암값 비율 비교방법은 간의 영역에서 샘플링된 비율로 입력영상에 대해 블록 단위로 비교해 나가는 방법이다. 메쉬영상은 입력영상의 각 블록에서 명암값 구성이 샘플링된 값에 대해 상위 90%의 조건을 만족하는 블록들을 메쉬 영상으로 표현하였다. 임계값을 결정하기 위한 최종적인 메쉬영상은 그림 11과 같이 각각 10*10, 7*7, 5*5의 세 종류의 메쉬영상의 합영상으로 생성하였다.

합영상이 생성되면 폐영역추출 방식을 사용하여 장기의 부분만 추출되도록 하였는데 그림 12에서는 합영상에서 폐영역추출된 다양한 메쉬영상을 보이고 있다.

폐영역추출방식은 폐영역 내에 존재하는 하나의 점을 인식하여 그 화소와 연결된 화소만을 검출하여 떨어져 있는 노이즈는 검출되지 않도록 하는 특성을 지니고 있다.

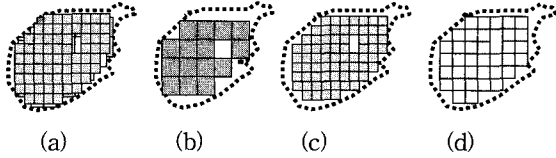


그림 11. (a) 3종류의 mesh영상의 union 영상 (b) 10*10 화소 크기의 mesh영상 (c) 5*5 화소 크기의 mesh영상, (d) 7*7 화소 크기의 mesh영상

Fig. 11. (a) Union image of three kinds of mesh image (b) Example of error image with 10*10 pixel size (c) Example of error image with 5*5 pixel size (d) Example of error image with 7*7 pixel size.

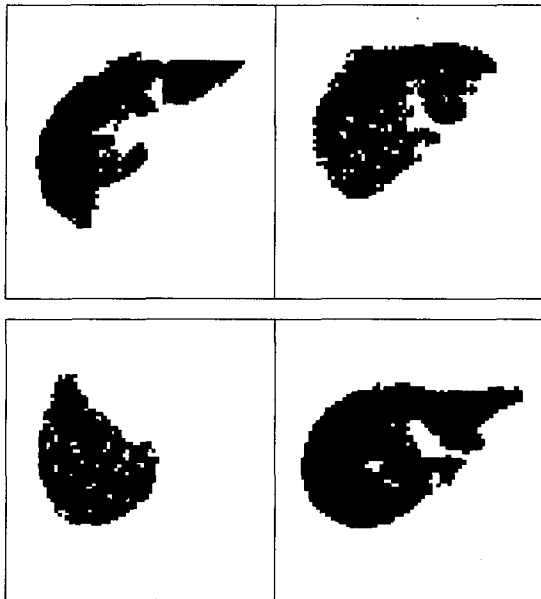


그림 12. 다양한 합영상들
Fig. 12. Union Images

2. 임계값의 결정

메쉬영상의 합영상은 전반적인 장기의 형태를 표현한 영상이라 볼 수 있다. 임계값은 이러한 메쉬영상부분을 입력영상에서 서브트랙트한 부분의 평균값으로 결정하였다. 임계값은 개인차나 조영제가 흡수된 정도에 따라 값이 다르게 나타나므로 제안된 연구에서는 각각의 슬라이스에서 메쉬영상을 생성하고 자동으로 임계값이 결정되도록 하였다. 설정된 값은 영역 분할의

기준값인 댐이 형성되는 수위로 결정되었다.

3. 혈관영역 및 임계값까지의 침수

1차 침수는 그림 13 (a)와 같이 신장 및 혈관영역에 대한 침수과정이다. 혈관영역은 명암값 100~105이상까지 분포하고 간의 내부에 존재하므로 간의 일부로 취급되어 포함되어야 한다는 의료전문가의 조언에 따라 간 조직에 포함시켰다. 혈관영역과 함께 추출된 신장영역은 장기와 같이 추출한 다음, 마지막 과정에서 인식하여 제거하였다.

2차 침수는 그림 13 (b)와 같이 메쉬영상에서 결정된 임계값까지의 영역을 침수하는 과정이다. 임계값은 침수모델에서 댐을 형성하는 산마루의 수위와 같으므로 노이즈가 포함되지 않는 전반적인 장기의 외곽선을 얻을 수 있었다. 임계값은 슬라이스에 따라 다르게 결정되지만 대체로 명암값 95-98의 범위로 분포하는 것으로 조사되었다. 또한 이러한 분포는 일반적으로 노이즈보다 밝은 것으로 조사되었다.

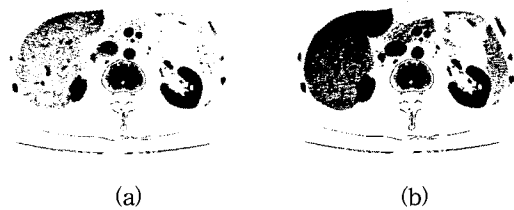


그림 13. (a) 혈관과 신장부분에 대한 침수 (b) 2차 침수로 추출된 영역

Fig. 13. (a) Immersion of vessel and kidney region (b) Segmented region from second immersion.

4. 폐영역추출 및 장기의 남은 영역 채우기

2차 침수된 영상은 혈관부분을 포함한 장기 조직의 반 이상이 채워진 상태이며 대략적인 장기의 외곽선을 갖추고 있다. 3 차 침수는 그림 14 (a)와 같이 폐영역추출을 통하여 장기부분만을 추출하고 난 후 (a)에서 장기 내부의 홀을 채우는 과정이다. 3차 침수되는 명암값은 노이즈와 비슷한 90-95의 범위로 조사되었으나 제안된 연구에서는 전 단계에서 미리 댐을 구축하였으므로 노이즈가 함께 추출되지 않았다.

채우기 기법은 홀의 크기에 관계없이 내부를 채워야 하므로 홀의 크기에 제한을 받는 일반적으로 사용되는 dilation 알고리즘은 적절하지 않았다. 또한 structuring element를 사용하므로 처리속도를 지연시키게 되어 제

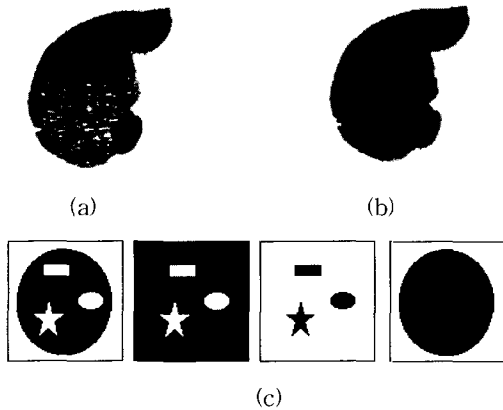


그림 14. (a) 폐영역추출된 2차 침수 영역 (b) 3차 침수로 추출된 영역 (c) 홀의 인식과정
 Fig. 14. (a) Second immersion image from closed area segmentation (b) Region from the third immersion (c) Hole recognition process.

안된 연구에서는 다음과 같은 방법을 사용하였다. 먼저 바탕색을 객체와 같은 색으로 처리해 주고 나서, 그 영상의 반전된 영상을 생성하고 채워질 홀들을 인식하여 객체와 같은 색으로 처리하여 장기 내부의 홀들을 채웠다.

5. 템플리트의 생성 및 서브트랙션

제안된 연구에서는 이진영상에서 장기의 부분을 서브트랙션하기 위한 틀로써 템플리트를 사용하였다. 이진영상에서 structuring element를 사용하여 노이즈를 트리밍하는 기존의 방법^[21]에서는 structuring element의 크기보다 넓게 붙어있는 노이즈의 제거에는 효과가 없었고 장기의 말단부위가 노이즈로 잘못 인식되어 부분적인 소실이 발생하였다. 제안된 알고리즘에서는 그림 15.(b)와 같이 이진영상에서 장기부분을 서브트랙션하는 방법을 사용하여 원래의 영상이 지닌 정보를 그대로 추출하여 정확한 외곽선을 표현하였다.

그림 15 (a)의 템플리트는 추출하고자 하는 장기의 외곽선부분까지 포함할 수 있는 크기이어야 하므로 그림 14 (b) 영상을 오프닝하여 크기를 확대하였다. 기존의 오프닝 알고리즘^[9]은 처리 시간이 길었으나 제안된 방법으로는 처리속도를 단축시킬 수 있었다. 제안된 방법은 multiresolution를 이용한 방법^[22]과 유사한 방법으로 중심이 되는 화소와 주위에 위치한 여덟 개의 화소의 8-연결성을 이용하여 상, 하 좌, 우의 4번에 걸쳐 확장하는 방법이다.

6. 채우기

채우기 방법은 외곽선에는 영향을 미치지 않고 장기 내부의 홀만을 채우기 위하여 내부의 홀을 인식하는 방법을 사용하였다. 이것은 기존의 오프닝 방법^{[7][21]}에 비해 원래의 영상정보에 충실한 외곽선을 얻을 수 있었고 처리속도도 개선되었다. 제안된 기법은 화소와 화소 사이의 홀을 인식하여 채우는 방식으로, 장기 내부의 작은 크기의 홀만을 채움으로써 장기의 고유한 형태에서 나타날 수 있는 일정 크기 이상의 홀은 채우지 않았다.

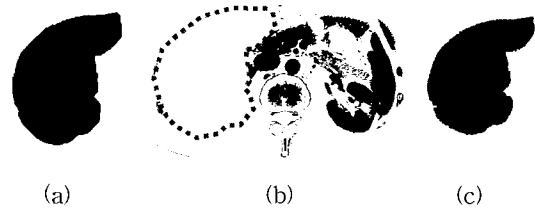


그림 15. (a) 템플리트의 생성 (b) 이진영상에서 서브트랙트되는 부분 (c) 서브트랙트된 영상
 Fig. 15. (a) Template (b) subtracted region from binary image (c) Subtracted image.

7. 신장영역의 제거

신장영역은 장기와 함께 추출한 다음, 따로 신장부분을 추출하여 원래의 영상에서 제거하는 방법을 사용하였다. 먼저 신장영상의 이진영상에서 제안된 오프닝과 클로징 방법에 의해 신장의 템플리트를 생성한 다음, 원래의 영상에 대해 서브트랙트 하였다.

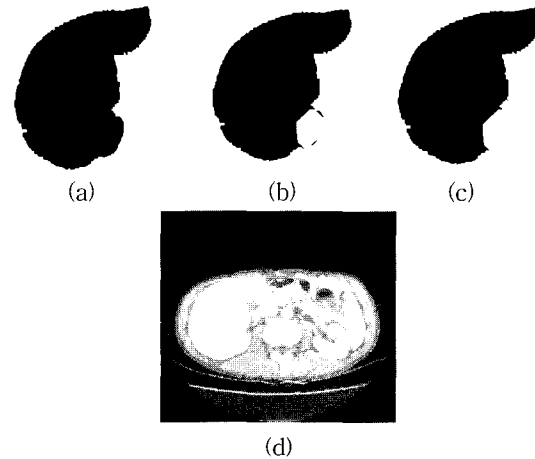


그림 16. (a) 신장이 포함된 영상 (b) 서브트랙트된 영상 (c) 폐영역추출된 최종영상 (d) 평준화영상
 Fig. 16. (a) Segmented image including kidney part (b) Subtracted kidney part (c) Final image from the closed area segmentation (d) equalized image.

그림 17에서는 3개의 입력영상에 대한 평균화영상과 제안된 방법의 결과영상을 나타내었다.

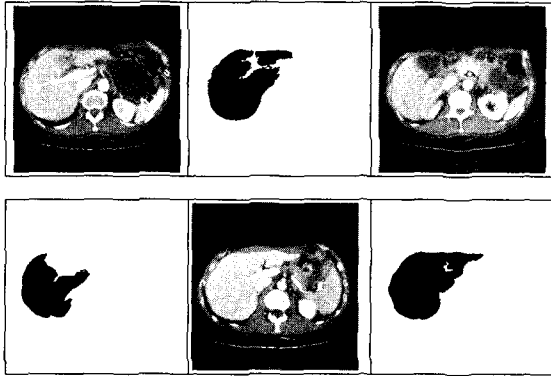


그림 17. 평균화영상과 결과영상
Fig. 17. Equalized images and result images.

IV. 체적 계산 및 결과

CT 영상 파일의 헤더부분에는 해당 파일에 대한 여러 가지 정보를 저장하고 있다. 이들 정보 중에서 슬라이스 사이의 간격에 대한 정보와 화소의 크기에 대한 정보는 분리된 장기의 체적을 계산하는데 유용하게 사용된다. 장기의 체적은 각 슬라이스에서 구한 슬라이스 단위의 면적을 바탕으로 전체 슬라이스에서 간의 체적을 구하는 방식을 사용하였다.

지금까지 언급된 장기의 추출 및 체적의 산출을 위한 알고리즘을 총 30명의 CT 영상에 적용하였다. 이들 결과를 살펴보면, 추출된 장기의 정확도 면에서는 진단 방사선 분야의 전문의에 의해 매뉴얼 방식에 의해 분리된 영상과 비교한 결과, 상당히 정확한 장기의 추출이 이루어졌음을 알 수 있었다. 표 2는 본 논문에서 제안된 방법에 의해 추출된 간의 영상으로부터 각각의 체적을 구한 평균값과, 방사선 전문의의 매뉴얼에 의해 추출되어 얻어진 영상으로부터 얻어진 체적의 평균값을 비교한 표이다. CT 영상에 따라 다소간의 차이는 있으나 전체적으로 5% 이내의 오차를 보이고 있다.

표 2. 장기의 평균체적 비교(단위 : liter)
Table 2. Average volume comparison of liver.

Volume by Program	Volume by Manual	Error
1.153	1.208	4.55%

V. 동물 실험

제안된 연구의 알고리즘의 검증을 위하여 동물실험을 실시하였으며 실험대상으로 생후 4개월의 Landrace 종의 돼지를 사용하였으며 무게는 약 24kg이었다. 1% propionyl promazine과 2% xylazine hydrochloride를 사용하여 실험 동물을 마취하였다. 복부 CT 촬영은 조영제 주입 전과 조영제 주입 후에 시행되었으며, 복강에 생리적 식염수를 500cc, 1,000cc, 1,600cc를 주입한 경우로 각각 촬영하였다. 이때 촬영 두께는 5mm, 7mm, 10mm의 3가지로 하였다.

표 3. 동물실험에 대한 프로그램에 의한 체적과 매뉴얼에 의한 체적의 비교

Table 3. Volume comparison program volume with manual volume for liver.

조영제	식염수 주입	촬영 두께	화소 크기	슬라이스 개수	Program에 의한 체적	실제 체적 (단위: l)	오차
사용	1,600cc	5 mm	0.546875	25	0.9721(l)	1.055 (l)	7.86 %

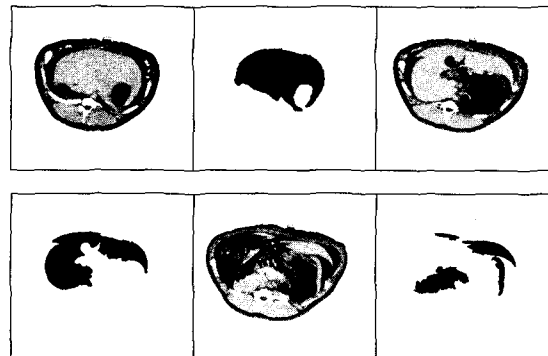


그림 18. (a)~(f) 돼지 영상의 평균화영상과 처리결과 영상
Fig. 18. (a) (c) (e) Equalized image (b) (d) (f) Result image.

VI. 결론

지금까지 복부방사선 분야의 조영제를 사용한 CT 영상에서 간의 추출방법에 대하여 살펴보았다. 조영제를 사용한 CT 영상에서 간의 추출 결과는 의료전문가의 판단과 비교할 때 5% 이내의 오차를 가지며 추출된 장기의 외곽선도 거의 정확하다는 평가를 받았다. 처리속도는 CPU 167Mhz, RAM 128MB의 Sun ultrasparc 워크스테이션에서 약 4분 내외로, CPU 500Mhz, RAM

128 MB의 펜티엄III 개인용 컴퓨터에서는 약 30초 정도로 실행되었다. 또한 알고리즘은 사용자의 수작업이 없이 전과정이 자동으로 수행되도록 구현되었다. 제안된 연구에서는 장기 추출을 위한 일련의 작업들의 수행에 있어서 조영제의 흡수 정도에 따른 가변성에 대하여 알고리즘의 일관성을 유지하는데 중점을 두었다. 같은 슬라이스 내에서도 간을 구성하는 화소들의 명암값이 고르지 않은 점과 변이가 큰 점, 그리고 체내에 장기와 유사한 명암값의 노이즈가 존재하는 점 등이 기존 watershed 알고리즘의 적용을 어렵게 하였다. 따라서 주어진 영상에 대하여 명암값 정보를 지형적 기복으로 이해하는 침수모델로 표현하여 장기와 노이즈의 영역을 분리하였다. 입력영상에서 명암값의 비율 비교 방법을 통하여 임계값을 구하여 노이즈와의 영역분할을 위한 기준값으로 사용하였다. 침수모델에서는 결정된 값을 기준으로 장기의 영역만을 침수시킴으로써 노이즈 부분이 포함되지 않도록 하였다. 또한 템플릿을 사용하여 서브트랙션 하는 방법으로 장기의 말단까지 표현하여 원래의 영상정보를 충실하게 반영할 수 있도록 하였다.

참 고 문 헌

- [1] 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.
- [2] 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.
- [3] 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.
- [4] R. D. Henkei, Segmentation in Scale Space, Proceedings of 6th international conference. On Computer Analysis of Images and Pattern", CAIP, Prague 1995.
- [5] H. E. Burdick Digital Imaging, theory and application McGraw_Hill inc, 1997.
- [6] S. E. Umbaugh, Computer Vision and Image processing : A Practical Approach Using CVIPtools, Prentice Hall PT R, 1988.
- [7] D. H. Ballard and C. M. computer Vision, Prentice Hall, inc, 1982.
- [8] L. Gao, D. Health, B. Kuszyk, E. Fishman, Automatic Liver Segmentation Technique for Three-dimensional Visualization of CT Data, Radiology, pp. 359-364, 1996.
- [9] K. T. Bae, M. L. Giger, H. MacMahon, and K. Doi, Automatic segmentation of liver structure in CT images, Med. Phys. 20 (1), 1993.
- [10] E. L. Chen, P. C. Chung, C. L. Chen, H. M. Tsai, and C. I. Chang, An Automatic Diagnostic System for CT Liver Image Classification, IEEE Trans. Biomed. Eng. Vol. 45, pp783-794, 1998.
- [11] L. A. Farjo, D. M. Williams, P. H. Bland, I. R. Francis, and C. R. Meyer, Determination of Liver Volume from CT Scans Using Histogram Cluster Analysis., Comput Assist Tomogr, Vol.16, no.5, 1992.
- [12] T. McInerney, D. Terzopoulos, Topology Adaptive Deformable Surfaces for Medical Image Volume Segmentation, IEEE Trans. Med. Imag., vol. 18, no. 10, Oct, 1999.
- [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] A. Yezzi, S. Kichenassamy, A. Kumar, A Geometric Snake Model for Segmentation of medical Imagery, IEEE Trans. Med. Imag., vol. 16, 1997.
- [15] M. Unser, Sum and Difference Histograms for Texture Classification, IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., vol. PAMI, No 1, JAN, 1986.

- [16] A. L. Vectors and J. W. Modestino, A maximum likelihood approach to texture classification, *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. PAMI-4, JAN, 1982.
- [17] 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.
- [18] J. E. Koss, F. D. Newman, T. K. Johnson and D. L. Kirch, Abdominal Organ Segmentation Using texture transforms and Hopfield Neural Network, *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 18, no. 7, pp. 640-648, 1999.
- [19] J. S. Bleck, U. Ranft, M. Gebel, H. Hecker, M. Westhoff-Bleck, C. Thiesemann, S. Wagner, and M. Manns, Random Field models in the textural Analysis of Ultrasonic Images of the Liver, *IEEE Trans. Med. Imag.* Vol. 15, no. 6, pp 796-801, 1996.
- [20] 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.
- [21] S. W. Yoo, Y. C. Sung, J. S. Cho, S. M. Noh, K. S. Shin, and J. W. Park, Segmentation of Liver and Spleen by using Lattice Estimation System in Abdominal CT Image, *ITC-CSCC'99*, vol. 2, pp.991-994, 1999.
- [22] L. Vincent, P. Soille, Watersheds in Digital Spaces: An Efficient Algorithm Based on Immersion Simulations, *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.* 13(6) 583-593: 1991.
- [23] W. E. Higgins and E. J. Ojard, Interactive Morphological Watershed Analysis for 3D Medical Images, *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 17, pp387-395, 1993.
- [24] P. Salembier and M. Pardas, Hierarchical morphological segmentation for image sequence coding, *IEEE Transactions Image Processing*, vol. 3, no. 5, pp.639-651, Sept.1994.
- [25] S. W. Yoo, J. S. Cho, S. M. Noh, K. S. Shin, and J. W. Park, Advanced Liver Segmentation by Using Pixel Ratio in Abdominal CT Image, *ITC-CSCC'2000*, vol.1, p.39-42, 2000.
- [26] 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.
- [27] 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.

저 자 소 개

俞 承 和(正會員)

1994 영남대학교 전자공학과(학사). 1999 충남대학교 교육대학원 공업교육(전자) (석사). 1999~현재 충남대학교 컴퓨터공학과 박사과정 재학중. 관심분야 : 의학 영상, 영상처리



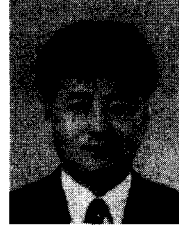
趙 俊 植(正會員)

관심분야 : 복부영상, 중재적치료, 영상처리. 현 재 : 충남대학교 의과대학 진단방사선과. 충남대학교병원 진료처장



盧承武(正會員)

충남대학교 의과대학 (의학사). 전북대학교 대학원 (의학박사). 충남대학교 의과대학 일반외과 부교수. 미국 콜로라도 주립대학교 의과대학 외과 교환교수. 대한외과학회 섭외홍보위원. 대한위암학회 이사. 한국외과 의사영상연구회 이사. 관심분야 : 위암, 의공학



朴宗元(正會員)

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



愼敬淑(正會員)

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