

MR 머리 영상의 뇌 경계선 추출 및 디렉트 볼륨 렌더링

(Extraction of Brain Boundary and Direct Volume Rendering
of MRI Human Head Data)

송 주 환 [†] 권 오 봉 ^{**} 이 건 ^{***}

(Ju Whan Song) (Ou Bong Gwun) (Kun Lee)

요약 본 논문은 MR 머리 영상 데이터를 디렉트 볼륨 렌더링하는 방법을 제안한다. MR 영상을 가시화하기 위해서는 서피스 렌더링을 많이 사용하나 이 방법은 면을 추출하는 과정에서 면 내부의 정보를 잃어버린다. 디렉트 볼륨 렌더링은 면 내부의 정보를 추출 할 수 있으나 데이터의 특성상 MR 머리 영상 데이터에 이 방법을 적용하기가 쉽지 않다. 이 논문에서는 MR 머리 영상 데이터를 뇌와 뇌 이외의 구성 요소로 분할한 다음에 뇌 복셀값을 증가시키고 원래의 영상과 다시 결합시켜 디렉트 볼륨 렌더링을 시도하였다. 뇌 경계선은 히스토그램 경계값, 모포로지 연산, 스네이크 알고리즘(snakes algorithm)을 이용하여 추출하였다. 추출된 뇌 경계선은 육안으로 추출한 것의 91~95%의 유사도를 보인다. 제안된 디렉트 볼륨 렌더링은 뇌와 뇌 이외의 구성 요소를 동시에 3차원 가시화하였다.

키워드 : 디렉트 볼륨 렌더링, 분할, MR 머리 영상 데이터, 스네이크알고리즘, 가시화

Abstract This paper proposes a method which visualizes MRI head data in 3 dimensions with direct volume rendering. Though surface rendering is usually used for MRI data visualization, it has some limits of displaying little speckles because it loses the information of the speckles in the surfaces while acquiring the information. Direct volume rendering has ability of displaying little speckles, but it doesn't treat MRI data because of the data features of MRI. In this paper, we try to visualize MRI head data in 3 dimensions as follows. First, we separate the brain region from the head region of MRI head data, next increase the pixel level of the brain region, then combine the brain region with the increased pixel level and the head region without brain region, last visualizes the combined MRI head data with direct volume rendering. We segment the brain region from head region based on histogram threshold, morphology operations and snakes algorithm. The proposed segmentation method shows 91~95% similarity with a hand segmentation. The method rather clearly visualizes the organs of the head in 3 dimensions.

Key words : direct volume rendering, segmentation, MRI human head data, snakes algorithm, visualization

1. 서론

지난 수십 년 동안에 CT, MR 등의 의료 진단 영상 장비는 많은 발전을 이루어 생체 내부를 단층으로 촬영

하여 관찰할 수 있게 되었고 일반 병원에서도 이용할 수 있을 정도로 보편화되었다. 이와 더불어 대량의 영상 데이터가 발생하여 이를 효율적으로 해석할 수 있는 획기적인 방법이 필요하게 되었다. 예를 들어 한 명의 환자를 정밀 진단하는데는 체측상(axial), 관상상(coronal), 시상상(sagittal)의 3방향으로 10~20장의 2차원 단층 사진을 인체기관별로 촬영하기 때문에 수 백장의 단층 사진을 빠른 시간 내에 조사할 것을 요구한다[1]. 이러한 요구를 수용할 수 있는 하나의 방법이 볼륨 렌더링이다. 볼륨 렌더링은 3차원으로 샘플링 한 물체의 데이

[†] 비회원 : 전주대학교 교양학부 교수
jwsong@jeonju.ac.kr

^{**} 종신회원 : 전북대학교 전자정보공학부 교수
obgwun@moak.chonbuk.ac.kr

^{***} 정회원 : 한동대학교 전산전자공학부 교수
kunlee@handong.edu

논문접수 : 2002년 7월 8일

삼사완료 : 2002년 10월 10일

타를 내외부가 보이도록 2차원 모니터에 가시화하는 기술이다[2]. 현재 컴퓨터 기술은 획기적인 발전을 이루어 거의 모든 개인용 컴퓨터가 고속 그래픽스 카드를 내장하고 있다. 개인용 컴퓨터 상에서 단층 사진을 3차원 가시화하는 것이 일반화된다면 대량의 데이터를 저렴하고 빠르게 해석할 수 있어 진단, 치료 등의 분야에 응용을 기대할 수 있다.

3차원 가시화는 주로 디렉트 볼륨 렌더링(direct volume rendering)을 이용하며 CT나 MR영상 등 단층영상이 가시화의 대상이 된다. 그런데 디렉트 볼륨 렌더링을 이용하여 CT의 가시화는 용이하나 MR 영상의 가시화는 쉽지 않다. CT 슬라이스 상의 물체는 디렉트 볼륨 렌더링에서 사용하는 방법으로 분류(classify)할 수 있으나 MR 슬라이스 상의 물체는 분류할 수 없는데 이것은 MR 영상에서는 몇 개의 서로 다른 구성 요소가 같은 복셀값을 갖고 있기 때문이다[2]. 특히 MR 머리 영상은 치매, 암 진단, 방사성 치료에 중요하게 사용되나 구조가 복잡하여 디렉트 볼륨 렌더링을 이용한 3차원 가시화가 더욱 어렵다. MR 영상을 가시화하기 위해서는 먼저 머리의 조직을 구성 요소 별로 분할(segmentation)하여야 한다. 전통적인 분할 방법은 방사선과 전문의가 단층 영상을 보면서 마우스와 커서를 사용하여 관심 영역(region of interest)을 육안으로 추출하는 것으로 정확하지만 시간이 많이 걸리는 단점이 있다. 육안으로 분할하는 방법은 단시간에 많은 환자의 진단을 요구하는 의사들의 요구를 만족시키지 못함으로 자동 분할 방법의 필요성이 제기되어 왔다. 자동 분할 방법은 다양한 종류의 MR 영상에 대하여 항상 신뢰성 있는 결과를 산출할 것을 요구한다. 그러나 MR 영상을 분할하는데는 영상 대비, 해상도, 신호잡음비, 슬라이스의 두께, 장면의 복잡도, 데이터 용량 등 고려해야 할 변수가 너무나 많기 때문에, 아직도 자동으로 MR 머리 영상을 완전하게 피부, 두개골, 뇌척수액, 백질, 회질 등으로 분할하는 방법은 많지 않다[3]. 위와 같은 현실을 고려하여 본 논문에서는 MR 머리 영상을 세부 구성 요소 별로 분할하지 않고 뇌와 뇌 이외의 구성요소(피부, 두개골 등)로 분할하여 디렉트 볼륨 렌더링하는 방법을 제안한다. 이 방법의 포인트는 머리 분할을 뇌와 뇌 이외의 구성요소 분할로 단순화시키고 세부적인 구성요소 분할은 디렉트 볼륨 렌더링에 맡겨 서피스 렌더링이 빠트릴 수 있는 미세 조직이 표시되도록 하는 것이다.

볼륨 렌더링은 크게 영상순서법(image order), 물체순서법(object order), 텍스처매핑 방법이 있다[2]. 물체순서법은 영상순서법보다 일반적이지 못하고 텍스처매

핑 방법은 매우 고속이나 관측 방향이 변할 때마다 다시 샘플링하여야 하는 단점이 있기 때문에 여기에서는 영상순서법만을 조사의 대상으로 한다. 영상순서법은 여러 방향으로 개선되었으나 주요한 것은 볼륨 렌더링 방정식의 정밀 계산, 보간법, 고속 복셀 탐색 등이다. 초기의 볼륨 렌더링 방정식은 리만 합(Riemann sum)을 이용하여 계산하였으나 정문열 등은 볼륨 렌더링 방정식의 지수항을 수치 적분으로 근사화하고 밀도와 관련된 항을 삼중 보간으로 대치하였다[4]. 보간에 관한 쟁점은 보간과 분할의 우선 순위 문제이다. Gasparakis 등은 분할한 후에 보간을 하는 것이 부드러운 영상을 생성한다고 주장하였으나[5] Lichtenbelt[2] 등은 반대 의견을 제시하였다. 고속 복셀 탐색의 기본 개념은 볼륨 공간에 있는 많은 복셀 중에서 데이터를 갖고 있는 복셀을 전처리 단계에서 찾아 본 처리에서 이것만을 처리하여 고속화하는 것이다. 대표적인 것은 팔진 트리(octree)를 이용하는 방법[6], 경계 복셀을 이용하는 방법[7], 거리 지도(distance map)[8]를 이용하는 방법 등이 있다. 디렉트 볼륨 렌더링은 위에서와 같이 여러 가지 방향으로 개선되었으나 MR 영상 데이터를 가시화시키는 방향으로로는 그다지 발전하지 않았다.

MR 머리 영상 데이터의 3차원 가시화의 일반적인 방법은 머리 내부의 구성 요소를 완전히 분할한 다음에 이를 바탕으로 면을 구축하여 서피스 렌더링하는 방법이다[9][10]. 이 때문에 MR 영상의 3차원 가시화에서는 분할 알고리즘이 중요한 부분을 차지하게 되었다. MR 머리 영상의 분할 알고리즘은 크게 자동경계값법(automatic thresholding), 통계적분할법(statistical segmentation), 영역성장법(region growing)으로 나눌 수 있다.

자동경계값법은 MR 영상에서 뇌가 정규분포 곡선의 형태를 띠며 뇌의 복셀값이 한 영역에 모여있다는 가정 아래 뇌와 뇌 이외의 조직과의 경계값을 찾고 이 경계값을 이용하여 뇌의 마스크 영상을 생성한 후에 모포로지 또는 구조적인 지식을 이용하여 뇌 이외의 영역을 제거하여 뇌를 찾는다. Suzuki 등은 MR 머리 영상에서 머리와 배경이 나누어지는 경계값이 최대 복셀값의 20% 안에 있고 뇌와 뇌 이외의 부분이 나누어지는 경계값이 최대 복셀값의 70% 안에 든다고 가정하고 이 경계값을 이용하여 머리와 뇌 마스크를 만든 후에 마스크의 모양을 보고 순차적으로 수정하였다[11]. Brummer 등은 배경 잡음 모델을 이용하여 머리와 머리 이외의 경계값을 구한 다음에 이 경계값을 이용하여 머리 마스크를 구하였다. 머리 마스크를 이용하여 머리영역의 히

스토그램을 작성하여 뇌가 어떤 영역에 속한다고 가정하고 뇌 경계값을 구하였다. 마지막으로 모포로지 연산을 이용하여 뇌가 아닌 부분을 삭제하였다[3].

통계적 분류법은 뇌 구성 조직의 특징 벡터(feature vector)를 추출하고 이것을 이용하여 조직을 분류한다. Cline은 머리에서 백질, 회질, 뇌척수액 등 각 조직의 샘플 값을 육안으로 추출한 후에 이 샘플들의 정규 분포함수의 파라미터를 구한 다음에 각각의 복셀이 이 분포 함수에 얼마만큼 속하는가를 계산하여 조직을 분류하였다[12]. Kapur 등은 통계학적인 분류 방법을 이용하여 뇌를 분류한 다음에 모포로지 처리로 뇌 이외의 영역을 제거하고 스네이크 알고리즘을 이용하여 뇌 영역의 경계선을 조정하였다[13]. 이후 스네이크 알고리즘은 비이스네이크(B-snake) 등으로 발전하여 뇌실(Ventricles) 등의 뇌 구성 요소를 분할할 수 있게 되었다[14].

영역 성장법은 MR 슬라이스를 분할하여 멤버십을 반영하는 값을 계산하고 이웃 영역간에 이 값의 차이가 거의 없으면 통합하고, 있으면 그대로 놓아두는 방법이 다[15].

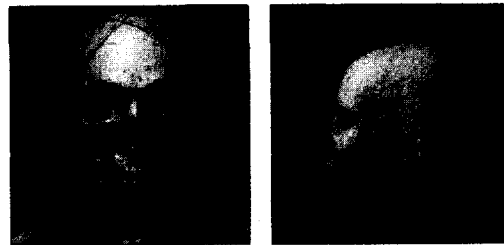
MR 영상은 레디오 주파수의 비 균질성 때문에 일반적으로 슬라이스 내부의 영상이 균질하지 않다. 위의 여러 방법 중에서 스네이크 알고리즘을 적용한 것을 제외하고는 비균질한 영상을 정확히 분류하는 방법은 많지 않다. 따라서 본 논문에서는 스네이크 알고리즘을 사용하였다. 머리에서 뇌를 분할하는데는 스네이크(snakes) 또는 액티브 컨터(active counter) 알고리즘을 이용하여 2 단계로 뇌의 경계선을 추출한다. 1 단계에서는 히스토그램 경계값과 모포로지 연산을 이용하여 근사적인 뇌의 경계선을 추출하고, 2 단계에서는 스네이크 알고리즘을 이용하여 근사적인 경계선을 수정하여 정확한 뇌 경계선을 구한다. 스네이크 알고리즘이 뇌의 경계선을 정확히 추출한다면 1 단계의 근사적인 뇌 경계선의 추출에 복잡한 알고리즘을 사용할 필요가 없다고 생각되어 비교적 간단한 히스토그램 경계법과 모포로지 연산을 이용하였다. 마지막으로 뇌 경계선 내부의 픽셀 값을 높인 다음에 뇌 이외의 부분과 함께 디렉트 볼륨 렌더링한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 우선 2장 1절에서는 본 논문에서 제안한 방법의 개요를 설명하고 2장 2절에서는 뇌 영역의 경계선을 찾는 방법에 대하여 고찰하고 2장 3절에서는 찾은 뇌 영역과 뇌 이외의 영역을 합성하여 디렉트 볼륨 렌더링하는 방법을 제안한다. 이어서 3장에서 구현 결과를 보이고 제안된 방법을 평가한다. 마지막으로 4장에서 결론을 내린다.

2. MR 머리 영상의 뇌 경계선 추출 및 디렉트 볼륨 렌더링

2.1 MR 영상의 문제점 및 처리의 개요

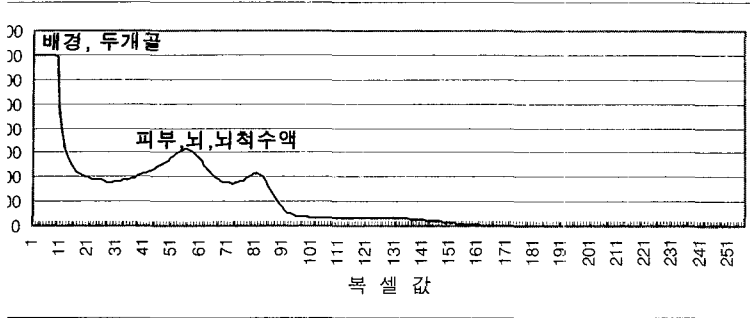
MR 영상 데이터와 CT 데이터와의 차이점을 알기 위하여 뇌와 피부가 동시에 표시되도록 불투명도를 주고 디렉트 볼륨 렌더링을 이용하여 이 두 영상 데이터를 가시화하였다. 그림 1(a)는 미국국립의료도서관(national library of medicine)의 디지털 맨의 CT 데이터[16], 그림 1(b)는 노스캐롤라이나 대학(north carolina university)의 MR 머리 영상 데이터이다[17]. 그림 1(a)의 CT 데이터는 피부와 두개골을 동시에 표시하고 있으나 그림 1(b)의 MR 머리 영상 데이터는 피부와 뇌를 동시에 표시하지 못하고 있다. 그림 1(b)에서 피부와 뇌가 동시에 표시되지 않는 이유를 알기 위하여 MR 머리 영상 데이터의 복셀값의 히스토그램을 그렸는데 그림 2(a)는 이것을 표시한다.



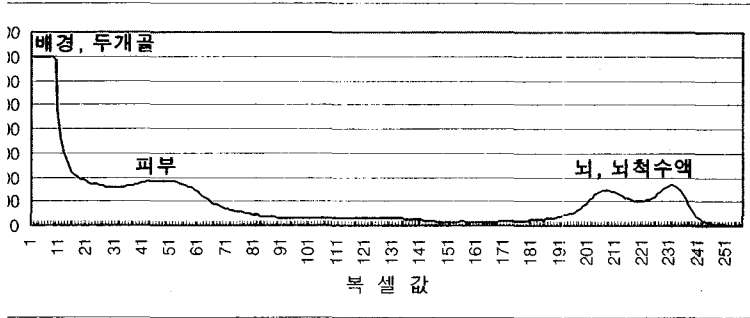
(a) CT 데이터 (b) MR 영상 데이터
그림 1 머리 단층 영상의 디렉트 볼륨 렌더링

히스토그램은 배경과 두개골이 거의 같은 복셀값을, 또 피부와 뇌가 같은 복셀값을 갖고 있음을 보였다. Levoy와 Drevin의 디렉트 볼륨 렌더링을 위한 영상 조직 분류 방법에서 공기(air), 지방(fat), 근육(soft tissue), 뼈(bone)가 다른 복셀값을 갖는다고 가정하였는데[18][19] MR 영상 데이터는 이 조건을 만족하지 않기 때문에 디렉트 볼륨 렌더링을 이용한 가시화가 어렵다는 것을 알았다. 또 히스토그램의 많은 영역이 사용되지 않는 것을 알았다. 즉 히스토그램은 복셀값 157 이상의 복셀을 갖고 있지 않았다. 서로 다른 해부학적인 구성 요소가 다른 복셀값을 갖는다는 조건을 만족시키기 위해서 우리는 MR 머리 영상 데이터에서 뇌만을 추출하여 복셀값을 증가시켜 히스토그램을 다시 그렸다(그림 2(b)).

MR 머리 데이터를 디렉트 볼륨 렌더링하는 처리 단계를 그림 3에 보인다. MR 머리 영상 데이터의 볼륨 렌더링 처리 단계는 3 단계로 구성된다. 1 단계에서는



(a) 처리전의 히스토그램



(b) 뇌 영역 복셀값의 증가

그림 2 MR 머리 영상 데이터의 히스토그램

슬라이스 단위로 머리의 단층 영상을 뇌 영역과 뇌 이외의 영역(피부, 두개골 등)으로 분할하고 2 단계에서는 뇌 영역의 복셀값을 증가시켜 이것을 다시 뇌 이외 영역의 영상과 결합시킨다. 마지막으로 3 단계에서는 결합된 모든 뇌 및 피부 두개골 등의 단층 영상을 함께 디렉트 볼륨 렌더링한다.

1 단계의 뇌 영역과 뇌 이외의 영역 분리는 다시 세 개의 서브 단계로 나누어진다. 서브 단계 1에서는 배경 잡음을 제거하고 머리 마스크를 만들어 관심 영역(region of interest)인 머리 영역을 추출한다. 서브 단계 2에서는 서브 단계 1에서 추출한 머리 영역을 이용하여 근사적인 뇌 경계선을 추출한다. 서브 단계 3에서는 서브 단계 2에서 근사적으로 추출한 뇌 경계선을 수정하여 보다 완벽한 뇌 경계선을 찾는다. 머리 경계선과 근사적인 뇌 경계선 추출은 히스토그램 해석, 모포로지 연산, 뇌의 구조적인 지식을 이용하고 정확한 뇌 경계선의 추출은 스네이크 알고리즘을 이용한다. 2 단계에서는 윈도우레벨전달함수(window level transfer Function) [20]를 사용하여 뇌 픽셀값을 증가시키고 3 단계에서는 디렉트 볼륨 렌더링 알고리즘을 이용하여 렌더링한다.

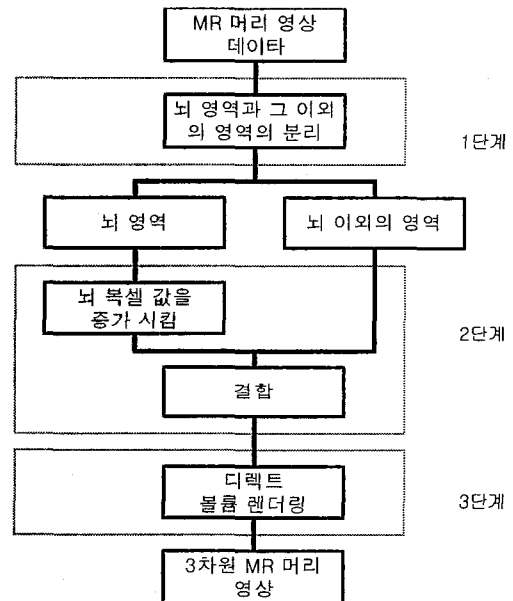


그림 3 MR 머리 영상 데이터의 디렉트 볼륨 렌더링 처리 단계

2.2 뇌 영역과 뇌 이외의 영역 분리

2.2.1 머리 영역 분리

한 장의 MR 슬라이스에서 머리 영역을 Brummer[3]가 제안한 히스토그램 방법과 본 논문에서 제안하는 영상처리 알고리즘을 조합한 방법으로 분리한다. 한 장의 MR 슬라이스에 대하여 히스토그램 $h(x)$ 를 그린다. 배경 잡음은 그림 2(a)와 같이 다른 부분에 비해 아주 많고 픽셀값이 낮은 영역에 위치하므로, 픽셀값이 낮은 영역에서 커브피팅을 하여 배경 잡음의 Rayleigh 분포 함수 $r(x)$ 를 구한다. 노스캐롤라이나 대학 MR 머리영상 벤치마크 데이터[17]에서는 Rayleigh 분포함수가 픽셀값이 낮은 영역(픽셀값 0 ~ 10)의 값에 따라 결정된다. 전체 히스토그램에서 Rayleigh분포함수를 뺀 나머지 데이터의 히스토그램은 다음 식으로 표시된다[3].

$$g(x) = h(x) - r(x) \quad (1)$$

최소 에러를 갖는 배경과 머리의 경계값은 다음 식 ξ_t 의 값을 최소로 하는 t 이다[3].

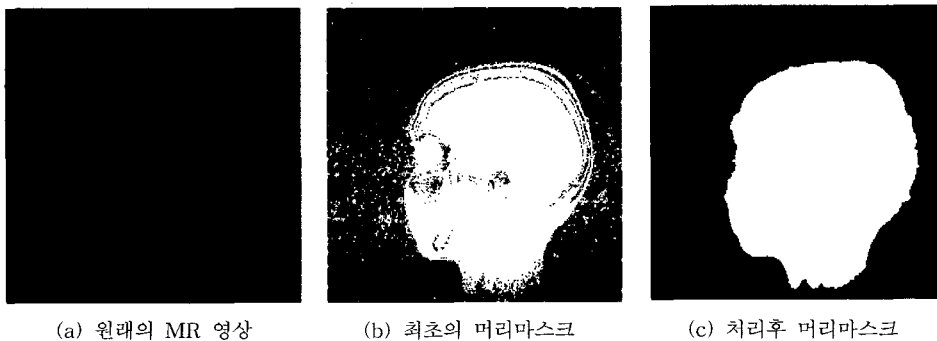
$$\xi_t = \sum_{x=0}^t g(x) + \sum_{x=t}^{\infty} r(x) \quad (2)$$

이 경계값을 이용하여 MR 슬라이스 35번의 마스크를 구한 것을 그림 4(b)에 보인다. 그러나 그림 4(b)에서와 같이 솔트앤드페퍼(salt and pepper)잡음이 발생하는데 이것을 미디언 필터를 이용하여 제거한다. MR 슬라이스에 따라 잡음 때문에 머리 영역에 흑 같은 것이 붙어 있는 경우도 있으므로 5×5 마스크로 모포로지 오프닝 연산하여 이것을 분리한다. 그 다음에 에지 추출 알고리즘을 이용하여 경계선을 찾아 생성된 여러 개의 에지 중에서 가장 큰 것을 머리영역의 경계선으로 하고 이 경계선의 내부를 채워 머리 마스크로 한다. 최종 처리된 머리 마스크를 그림 4(c)에 보인다. 머리 영역 분리의 구체적인 절차는 다음과 같다.

- ① 1개의 MR 슬라이스의 히스토그램을 구한다.
- ② MR 슬라이스의 배경 잡음이 Rayleigh 분포함수를 갖는다고 가정하고 커브피팅을 하여 파라미터를 구한다[3].
- ③ ②에서 구한 분포함수와 식(1), 식(2)를 이용하여 배경과 머리의 경계값을 찾는다[3].
- ④ ③에서 구한 경계값을 이용하여 머리의 이진 마스크를 만든다.
- ⑤ 머리의 이진 마스크에 미디언 필터 처리를 하여 솔트앤드페퍼(salt and pepper) 잡음을 제거한다.
- ⑥ 모포로지 오프닝 연산을 한다.
- ⑦ ⑥에서 구한 이진 마스크에서 에지를 추출하고 이 중에서 제일 큰 에지를 머리 영역의 경계선으로 한다.
- ⑧ 머리 영역의 내부를 픽셀값 255로 채워 머리의 이진 마스크를 구한다.

2.2.2 근사적인 뇌 경계선 찾기

히스토그램 경계값, 모포로지 연산, 뇌 영역의 구조적인 특징을 이용하여 뇌 경계선을 찾는 방법을 제안한다. 뇌는 많은 영역을 차지하고 균일한(homogeneous) 물질이기 때문에 MR 영상 획득장치가 백질과 회질 대비를 최대화나 최소화시키는 것에 관계없이 뇌를 둘러싼 뇌척수액의 픽셀 값이 뇌 보다 높거나 낮아 뇌의 영역만을 히스토그램으로 그리면 뇌 영역은 정규분포함수를 이룬다고 가정한다[3][12]. 뇌와 뇌 이외의 영역과의 경계값은 3.2.1항에서 머리 부분만을 추출한 데이터를 히스토그램으로 그린 후 픽셀 값이 낮은 영역의 국소 최소값(local minimum)을 찾아 이 값을 뇌와 뇌 이외 영역의 경계값으로 한다. 그림 5는 MR 슬라이스 35번에 대하여 머리의 히스토그램과 국소 최소값을 보인다. 이 값을 이용한 뇌의 이진 마스크를 그림 6(a)에 보인다.



(a) 원래의 MR 영상

(b) 최초의 머리마스크

(c) 처리후 머리마스크

그림 4 히스토그램 경계값과 모포로지 연산을 이용하여 생성한 머리 마스크

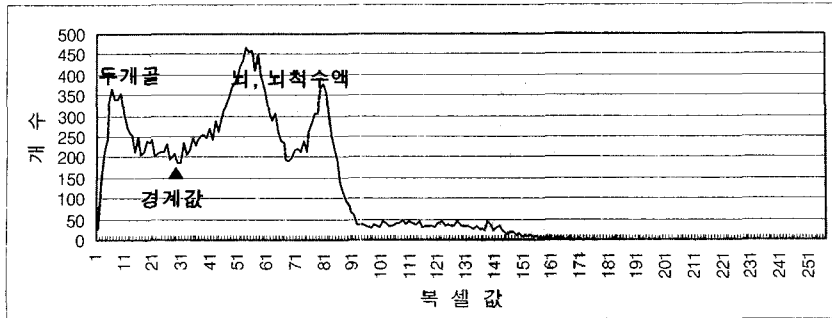


그림 5 슬라이스 한 장의 머리 영역 히스토그램



(a) 잠정적인 뇌 경계값을 이용한 머리 마스크 (b) 모포로지 오프닝 연산 결과 (c) 추출된 근사적인 뇌 경계선

그림 6 히스토그램 경계값과 모포로지 연산을 이용하여 추출한 근사적인 뇌 경계선

다. 그런데 뇌의 이진 마스크에는 뇌에 속하지 않는 부분이 포함되어 있어 이를 모포로지 오프닝 연산을 이용하여 분리한다(그림 6(b)). 그리고 에지 추출 알고리즘을 이용하여 각 영역의 에지를 구하여 이중에서 뇌의 중심을 포함하는 에지를 선택하여 잠정적인 뇌의 경계선으로 간주하고 그 크기를 계산한다. 30번 이상과 78번 이하의 MR 머리 슬라이스에서는 뇌가 차지하는 비율이 40% 이상이라는 구조적인 지식을 이용한다. 이러한 값은 항상 일정한 것이 아니고 머리 크기, 인종, 성별 등의 그룹 정보에 맞추어 조정될 수 있는 양이다. 잠정적인 뇌 영역이 머리 영역의 40% 이상이 되지 않으면 잠정적인 뇌 경계값을 감소시켜 위의 과정을 반복한다. 조건을 만족하는 잠정적인 뇌 영역의 경계선이 발견되면 이것을 근사적인 뇌 경계선으로 한다. 29번 이하의 슬라이스와 79번 이상의 슬라이스에서는 반복 과정을 거치지 않고 잠정적인 뇌 영역의 경계선을 근사적인 뇌 경계선으로 한다. 최종 결과를 그림 6(c)에 보인다. 자세한 처리 순서는 다음과 같다.

- ① 한 개의 MR 슬라이스 머리 영역만의 데이터를 사용하여 히스토그램을 그린다.
- ② 픽셀값이 낮은 부분에서 국소 최소값을 찾아 잠정적인 뇌 영역과 뇌 이외의 영역과의 경계값으로 한다.
- ③ ②에서 구한 값으로 뇌의 이진 마스크를 구한다.
- ④ 뇌의 이진 마스크에 모포로지 오프닝 연산을 수행한다.
- ⑤ 에지 추출 알고리즘을 이용하여 각 영역의 경계선을 구한다.
- ⑥ 3.2.1절에서 구한 머리의 마스크를 이용하여 뇌의 중심을 계산한다.
- ⑦ ⑤에서 추출한 에지 중에서 뇌의 중심을 포함하는 에지를 잠정적인 뇌의 경계선으로 한다.
- ⑧ 30번 이상 78번 이하의 MR 슬라이스에 대해서는 잠정적인 뇌의 면적을 계산하여 이것이 머리면적의 40%보다 작은 경우에는 경계값의 픽셀값을 감소시켜 단계 ③으로 간다. 그렇지 않은 경우에는 ⑨로 간다.
- ⑨ 잠정적인 뇌 경계선을 근사적인 뇌 경계선으로 한다.

2.2.3 정확한 뇌 경계선 찾기

여기에서는 2.2.2절에서 근사적으로 추출한 뇌 경계선을 스네이크 알고리즘을 이용하여 정확한 경계선으로 수정하는 방법을 설명한다. 스네이크 알고리즘은 이차원 영상과 근사적으로 주어진 경계선을 바탕으로 에너지 최소화 문제를 만들고 이를 풀어, 이차원 영상 위에서 물체의 경계선을 찾는 알고리즘이다[21]. 여기에서는 MR 머리 영상 슬라이스에서 대략적인 머리 경계선을 추출한 후 이 결과에 스네이크 알고리즘을 적용하여 정확한 경계선을 찾는 것을 목표로 한다.

경계선은 영상판(image plane) 위에서 다음과 같이 n 개의 점들의 집합으로 표시된다.

$$P = \{p_1, \dots, p_n\} \quad (3)$$

$$p_i = (x_i, y_i), \quad i = \{1, \dots, n\}$$

위와 같이 정의된 경계선 위의 점 p_i 에 대하여 에너지 최소화 문제를 풀어 에너지가 가장 낮은 곳으로 점 p_i 를 순차적으로 이동시켜 최종 경계선을 찾는다. 스네이크 에너지 함수는 다음 식으로 표시된다.

$$E_i = \alpha_i E_{cont,i} + \beta_i E_{curv,i} + \gamma_i E_{img,i} \quad (4)$$

여기에서 $E_{cont,i}$ 는 경계선이 연속성을 유지하려는 에너지이고 $E_{curv,i}$ 는 곡률 에너지로 작을수록 경계선은 매끄럽게 변한다. $E_{img,i}$ 는 영상 에너지 함수로 다음과 같이 2가지로 정의된다.

1) $E_{img,i} = I$ 여기에서 I 는 픽셀값의 크기인데 이렇게 정의하면 경계선은 영상의 어두운 곳으로 이동한다.

2) $E_{img,i} = -\|\nabla(I)\|$ 여기서 ∇ 는 기울기를 의미하며 이와 같이 정의하면 경계선은 영상 위에서 픽셀값의 경사가 심한 곳 즉 물체의 경계로 이동한다.

(4) 식에서 $\alpha_i, \beta_i, \gamma_i$ 는 각각 에너지 함수들의 상대적

인 하중을 나타내는 상수이다. α_i 는 경계선의 연속성과 관련되어 이 값을 크게 하면 할수록 경계선 위의 점들은 더욱더 같은 간격으로 배치된다. β_i 는 경계선의 곡률과 관련되어 이 값을 크게 하면 할수록 경계선이 더 부드럽게 된다. γ_i 는 경계선 위의 점들이 곡률이나 연속성보다는 픽셀값의 크기나 픽셀값의 변화에 반응하게 한다. MR 머리 영상에서 뇌 영역의 경계에서는 픽셀값이 작고 변화가 심하기 때문에 위에서 정의한 두 가지의 영상 에너지는 모두 의미를 갖는다. 그리고 $\alpha_i, \beta_i, \gamma_i$ 값은 상대적인 의미만을 갖는다.

스네이크 알고리즘을 이용하여 뇌의 경계선을 찾기 위해서는 이 알고리즘의 특성과 뇌의 구조적 특성을 이용하면 효과가 있다. 이 알고리즘은 연속성을 유지하고 곡률을 줄이면서 에지를 찾으려고 하기 때문에 경계선을 밖으로 이동시킨다. 따라서 대략적인 뇌의 경계선을 정확한 뇌의 경계선보다 안쪽으로 설정할 필요가 있다. 이것은 뇌의 경계값을 2.2.2에서 구한 값보다 약간 크게 하면 쉽게 조정이 된다. 여기에서는 경계선의 연속성을 유지하기보다는 뇌와 뇌 이외의 부분과의 경계선을 찾기 위하여 $\alpha_i, \beta_i, \gamma_i$ 를 각각 0.3, 0.6, 0.9로 하였고 스네이크 알고리즘의 반복회수는 50회로 하였다. 그림 7(a), 7(b), 7(c)는 근사적인 뇌 경계선, 스네이크 알고리즘을 이용하여 수정한 뇌 경계선, 육안으로 추출한 뇌 경계선을 각각 보인다.

2.3 뇌 영역과 뇌 이외 영역의 결합 및 디렉트 볼륨 렌더링

8비트의 MR 영상 데이터는 0~255의 복셀값을 가지나 여기에서는 그림 2(a)에서 보듯이 이 값의 일부분만을 사용하기 때문에 2.2절에서 추출한 뇌 영역의 복셀값



(a) 히스토그램 경계값으로 추출한 뇌 경계선

(b) (a)를 스네이크로 수정한 뇌 경계선

(c) 육안으로 추출한 뇌 경계선

그림 7 스네이크 알고리즘으로 수정한 뇌 경계선과 육안으로 추출한 뇌 경계선의 비교

에 임의의 값을 가산하여 사용하지 않는 부분으로 이동시킬 수 있다. 이동되는 부분의 복셀값은 히스토그램의 빈 공간에 맞추어 조정하여야 한다. 만일 원래의 MR 영상 데이터가 히스토그램의 모든 영역을 사용하고 있고 뇌 영역과 피부 두개골 영역이 히스토그램을 각각 반반씩 사용하기를 원한다면 모든 복셀값에 0.5를 곱하여 원래의 복셀값을 모두 히스토그램의 아래 부분으로 이동시켜 위 부분에 빈 영역을 만들어 아래에서 설명하는 처리를 따른다. 이때 곱하는 상수는 0.5로 고정되어 있는 것이 아니라 무엇을 강조하느냐에 따라 윈도우레벨전달함수[20]를 이용하여 조절할 수 있다. 예를 들어 뇌 영역을 강조하기 위해서는 원래의 복셀값에 0.5보다 작은 값을 곱하고 피부 두개골 영역을 강조하기 위해서는 0.5보다 큰 값을 곱한다. 뇌 영역과 피부 두개골 영역을 결합시키는 처리는 다음과 같다.

- ① 3.2절에서 분리한 뇌 영역과 뇌 이외의 영역에 대하여 각각 히스토그램을 그린다.
- ② 뇌 영역의 히스토그램으로부터 뇌 영역 최소 복셀값과 뇌 영역 최대 복셀값을 구한다.
- ③ 255에서 뇌 영역의 최대 복셀값을 감산하여 조정값 α 를 구해서 뇌 영역의 다른 복셀값에도 모두 조정값 α 를 더한다.
- ④ 뇌 이외의 영역과 조정된 복셀값을 갖는 뇌 영역의 히스토그램을 그린다.
- ⑤ 뇌 영역의 히스토그램과 뇌 이외의 영역의 히스토그램에 겹치는 부분이 있는지 확인한다.
- ⑥ 만일 겹치는 부분이 있으면 윈도우레벨전달함수를 사용하여 뇌 영역과 피부 두개골 영역의 복셀값을 수정하여 히스토그램을 조정한다.

위의 처리 과정을 그림 8에 보인다. 그림 8(a)는 처리전의 MR 머리 단층 영상이고 그림 8(b)는 뇌만을 분리한 영상이고 그림 8(c)는 뇌 이외의 영역을 분리한 영

상이고 그림 8(d)는 뇌의 복셀값을 증가시켜 뇌 이외의 영역과 다시 결합시킨 영상이다.

위와 같이 처리한 볼륨 데이터에 대하여 Song이 제안한 디렉트 볼륨 렌더링을 이용하여 3차원 가시화한다[22]. 이 디렉트 볼륨 렌더링은 Levoy의 분류 방법을 이용하여 물체사이의 면을 강조한다. 그리고 전면에서 후면으로 복셀을 탐색(front to back compositing)하는 영상순서법을 이용하여 복셀 탐색이 이른 시기에 종료(early termination)하도록 하며 복셀 탐색을 3DDDA(3 Dimension Digital Differential Analyzer)를 이용하고 연산 레벨에서 고속화를 도모하고 있다.

3. 구현 결과 및 평가

제안된 방법의 타당성을 검증하기 위하여 본 논문에서 제안한 방법을 256MB의 주기억과 Pentium III 550MHz의 CPU를 장착한 개인용 컴퓨터에서 Visual C++로 구현하였다. 벤치마크용의 MR 머리 영상 데이터[17]는 노스캐롤라이나 대학의 것으로 픽셀당 8비트, 슬라이스 당 256×256 픽셀, 109개의 시상면(sagittal) 슬라이스이다.

본 논문에서 제안한 방법으로 구한 뇌의 경계선과 육안으로 분할한 뇌의 경계선을 그림 7(b), 7(c)에 보인다. 본 논문에서 제안한 방법이 육안으로 분할한 것보다 뇌의 경계선이 뇌 주름 속으로 들어가 있음을 알 수 있다. 이것은 제안된 방법이 히스토그램의 경계값을 이용함으로써 복셀값에 따라 분할의 경계선이 결정되기 때문에 이러한 현상이 발생한 것이라 생각된다. 그러나 그림 7(a)와 7(b)를 비교해 보면 알 수 있듯이 주름 안으로 뇌 경계선이 생성되는 현상을 스테이크 알고리즘이 어느 정도 완화하고 있음을 알 수 있다. 그림 8은 노스캐롤라이나 MR 머리 영상 데이터 중에서 대표적인 10개의 슬라이스를 뽑아 뇌 경계선을 추출한 것을 보인다.



(a) 처리전의 MRI 머리 단층 영상 (b) 뇌만 분리한 영상 (c) 뇌 이외의 영역을 분리한 영상 (d) 뇌의 복셀값을 증가시켜 재결합시킨 영상

그림 8 한 개의 MR 슬라이스의 뇌 영역 복셀값 변경 과정

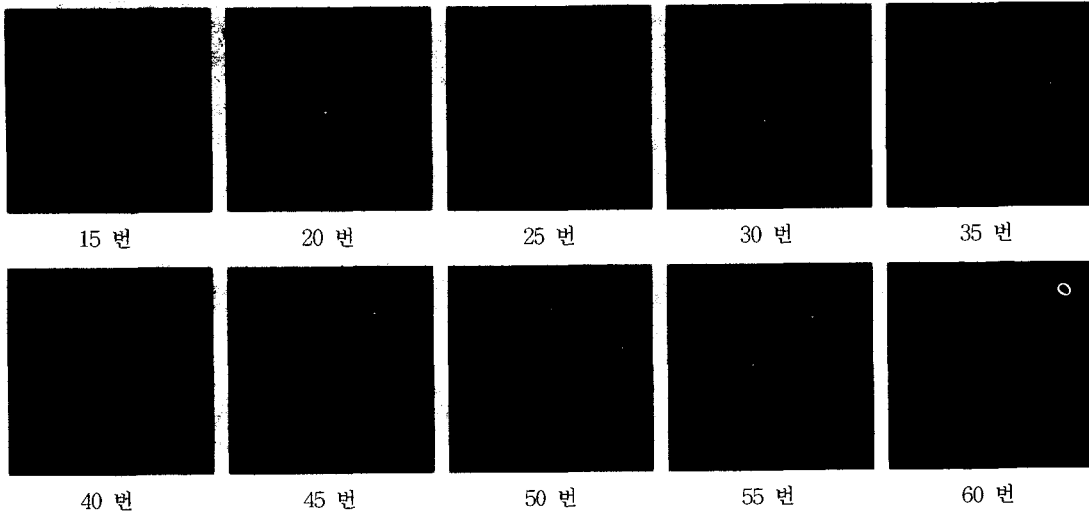


그림 9 노스캐롤라이나 MR 머리 영상 데이터에서 제안한 방법으로 추출한 뇌

본 논문에서 제안한 방법으로 분할한 뇌 영역과 육안으로 분할한 영역을 Zijdenbos[23]가 제안한 유사도 지표를 사용하여 정량적으로 비교하였다. 이 유사도 지표는 다음 식과 같이 정의된다.

$$S = 2 \frac{|A_1 \cap A_2|}{|A_1| + |A_2|} \quad (5)$$

분할된 두 개의 영역 A_1 과 A_2 의 유사도 S 는 실수 0과 1사이의 값으로 주어지는데 1에 가까울수록 두 개의 영역은 유사함을 나타낸다. 이 유사도 지표를 이용하여 본 논문에서 제안한 방법과 육안으로 분할한 것과의 비교를 표 1에 표시한다. 표 1에서 육안 분할 면적은 육안으로 분할한 뇌 영역의 복셀수이며 제안 분할 면적은 본 논문에서 제안한 방법으로 분할한 뇌 영역의 복셀수

이다. 그리고 유사도는 Zijdenbos 지표를 이용하여 계산한 값이다. 뇌 영역의 면적은 본 논문에서 제안한 방법으로 분류한 것이 육안으로 분류한 것보다 복셀수가 평균 1,528개 많다. 유사도 척도의 값은 0.91~0.95의 범위에 있고 슬라이스가 중앙에 위치할수록 0.95에 가까워진다. 이것은 본 논문에서 제안한 방법이 뇌의 중심에서만 슬라이스보다는 뇌의 중심을 관통하는 슬라이스를 정확히 분할하는 것을 알 수 있다

전체 MR 머리 영상 데이터를 그림 8(d)처럼 만든 후에 디렉트 볼륨 렌더링[22]를 이용하여 가시화시켰는데 그 결과를 그림 10에 보인다. 그림 10(a)는 피부의 불투명도와 뇌의 불투명도를 함께 1로 하여 가시화한 것인데 피부만이 보인다. 뇌만을 보기 위하여 피부의 불투명도를 0.0으로 하고 뇌의 불투명도를 1.0으로 하여 생성한 결과를 그림 10(b)에 표시하였다. 머리 내부에 있는 뇌만이 선명하게 표시되었다. 그림 10(c), 10(d), 10(e)는 머리 내외부를 동시에 표시하기 위하여 뇌의 불투명도를 1.0으로 하고 피부의 불투명도를 0.05, 0.10, 0.15로 표시한 결과이다. 기대대로 뇌와 피부 두 개가 함께 표시되었다. 처리 시간은 그림 10(a), 10(b), 10(c), 10(d), 10(e)가 각각 2.494초, 2.804초, 7.320초, 7.301초, 7.301초 걸렸다. 피부 또는 뇌만을 나타내는데는 처리시간이 적게 걸리나, 둘을 같이 표현하기 위해서는 많은 양의 복셀을 통과해야 하므로 처리 시간이 많이 걸린다. 그림 10(d)는 머리를 90도 회전시켜 앞에서 본 결과이다.

표 1 육안으로 분할한 방법과 제안한 분할 방법의 유사도

슬라이스 번호	육안 분할 면적	제안 분할 면적	유사도
15	2,626	2,708	0.93
20	7,710	8,178	0.92
25	14,217	15,781	0.91
30	22,890	24,441	0.93
35	32,397	34,043	0.94
40	42,278	44,048	0.94
45	52,387	53,792	0.94
50	62,719	64,591	0.94
55	74,816	77,125	0.95
60	86,114	88,728	0.95

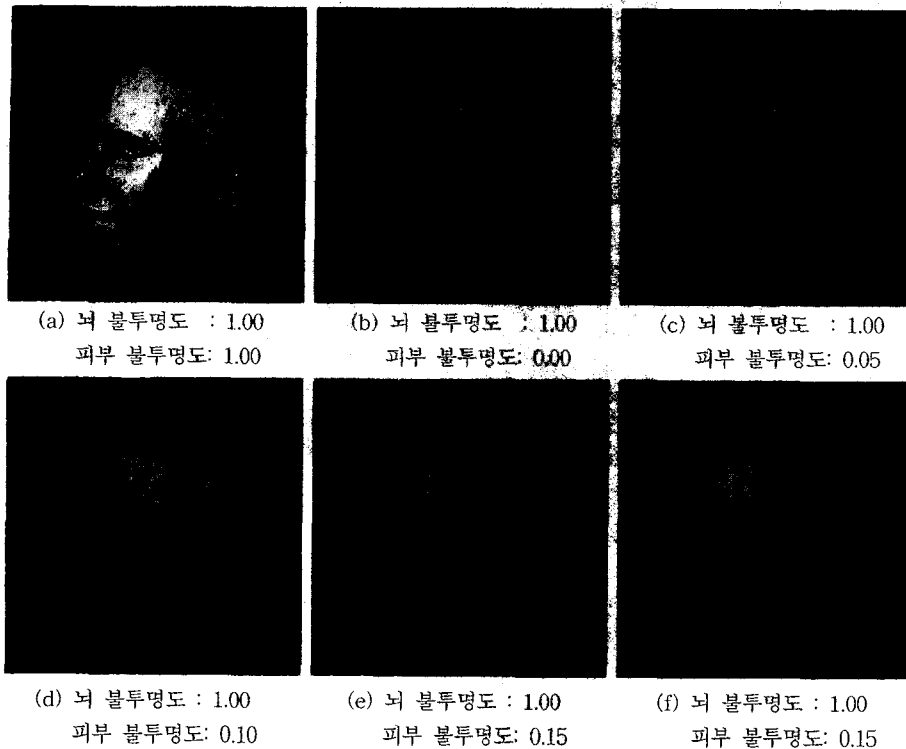


그림 10 MR 머리 영상의 디렉트 볼륨 렌더링을 이용한 3차원 가시화

디렉트 볼륨 렌더링을 이용하여 MR 영상 데이터를 가시화하는 다른 방법은 모든 복셀을 조직별로 분할하여 각 조직에 따라 레이블을 붙이고 레이블에 따라 조직별로 복셀이 같은 색을 갖도록 색전달함수(coloring transfer function)를 설정하는 것이다[2]. 이러한 방법을 이용하면 색깔을 달리하여 몇 개의 조직을 동시에 3차원으로 렌더링할 수 있다. 그러나 이 방법은 조직을 여러 가지로 분할하여야 하며, 분할 알고리즘의 부정확성 때문에 경우에 따라서는 육안으로 조직을 분할할 필요가 있어 시간이 많이 걸린다. 따라서 인체지도를 만드는 것 같은 시간에 구애를 받지 않는 작업은 레이블링 방법이 의미가 있으나 수많은 MR 영상을 짧은 시간 안에 판독해야되는 경우는 레이블링 방법을 사용하기가 어렵다. 그러나 본 논문에서 제안하는 방법은 뇌와 뇌 이외의 기관으로 분할하기 때문에 단순하여 자동화가 가능하기 때문에 짧은 시간 안에 MR 머리 영상을 3차원으로 가시화하여 뇌를 관찰할 수 있다.

4. 결론

본 논문에서는 MR 머리 영상의 구성 요소 즉 뇌, 두개골, 피부 등을 완전히 분할하여 레이블링하지 않고 단순히 뇌와 뇌 이외의 영역으로 분할하여 가시화하는 방법을 제안하였다. 머리 MR 영상에서 뇌 영역만을 추출하여 윈도우 레이블 전달함수를 이용하여 이 영역의 복셀값을 변화시킨 다음에 뇌 이외의 영역과 다시 합성하여 디렉트 볼륨 렌더링으로 가시화를 시도하였다. 뇌 영역의 추출은 2 단계로 진행하였다. 1 단계에서는 히스토그램 경계값과 모포로지 연산을 이용하여 근사적인 뇌의 경계선을 추출하고, 2 단계에서는 스네이크 알고리즘을 이용하여 근사적인 경계선을 수정하여 정확한 뇌 경계선을 구하였다. 이러한 추출 방법은 육안으로 추출한 것의 91~95% 유사도를 보였다.

본 논문에서 제안된 MR 영상 가시화 시스템은 일반적인 방법과 다르게 물체의 완전한 분할과 레이블링을 하지 않고 디렉트 볼륨 렌더링하기 때문에 간단하고 빠른 뇌와 피부를 동시에 3차원 가시화할 수 있는 시스템의 구축을 기대할 수 있다. 시작 시스템으로 가시화한 영상도 비교적 선명하였다. 향후 연구로는 개선된 스네

이크 알고리즘을 이용하여 정확한 뇌 경계선을 추출하여 보다 더 선명한 3차원 머리 영상을 얻는 것을 계획하고 있다.

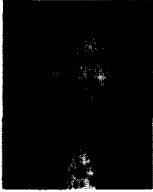
참고 문헌

- [1] C. Tsai, B. S. Manjunath, and R. Jagadeesan, Automated Segmentation of Brain MR Images, *Pattern Recognition*, vol. 28, no. 12, pp. 1825-1837, 1995.
- [2] B. Lichtenbelt, R. Crane, and S. Naqvi, *Introduction to Volume Rendering*, Prentice Hall PTR, 1998.
- [3] M. E. Brummer, R. M. Mersereau, R. L. Eisner, and R. R. J. Lewine, Automatic Detection of Brain Contours in MRI data sets, *IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol. 12, pp. 153-166, Jun 1993.
- [4] M. R. Jung, H. W. Park, and D. W. Paik, An Analytical Ray Casting of Volume Data, *Pacific Graphics 98*, pp. 79-86, 1998.
- [5] C. Gasparakis, Multi-resolution Multi-field Ray tracing: A Mathematical Overview. *Proceedings of IEEE Visualization 99*. ACM Press, 1999.
- [6] S. Parker, M. Parker, Y. Livnat, P. P. Sloan, C. Hansen, and P. Shirley. *Interactive Ray Tracing for Volume Visualization*. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 5, no. 3, pp. 238-250, 1999.
- [7] M. Wan, S. Bryson, and A. Kaufman, Boundary Cell Based Acceleration for Ray Casting, *Proceedings of IEEE Visualization 99*, pp. 379-386. 1999.
- [8] M. Sramek, and A. Kaufman, Fast Ray-Tracing of Rectilinear Volume Data Using Distance Transforms, *IEEE Transaction on Visualization and Computer Graphics*, vol. 6, no. 3, pp. 236-252, 2000.
- [9] CEA Research Center, Brain Segmentation Using Mathematical Morphology http://www-dsv.cea.fr/thema/shfj/web/demo_extraction/english/cerveau.htm
- [10] T. Oakes, J. Koger, and R. Davidson, Automated Whole-Brain Segmentation, http://tezipur.keck.waisman.wisc.edu/~oakes/brain_segment_HBM_poster_all.pdf
- [11] H. Suzuki, and J. Toriwaki, Automatic Segmentation of Head MRI Images by Knowledge Guided Thresholding, *Computerized Med. Imag. Graphics*, vol. 15, no. 4, pp. 233-240, 1991.
- [12] H. E. Cline, W. E. Lorensen, R. Kikinis, and F. Jolesz, Three-dimensional Segmentation of MR images of the Head using Probability and Connectivity, *J. Comput. Assist. Tomogr.*, vol. 14, no. 6, pp. 1037-1045, 1990.
- [13] T. Kapur, W. E. L. Grimson, W. M. Wells III, and R. Kikinis, Segmentation of Brain Tissue from Magnetic Resonance Images, *Med. Imag. Anal.*, vol. 1, no. 2. 1996.
- [14] Y. Wang, E. K. Teoh, and D. Shen, Structure-Adaptive B-Snake for Segmenting Complex Objects, *ICIP 2001*, Thessaloniki Greece, Oct 7-10 2001.
- [15] F. Pannizzo, M. J. B. Stallmeyer, J. P. Whalen, and P. T. Cahill, Quantitative MRI Studies for Assessment of Multiple Sclerosis, *Magn. Reson. Med.*, vol. 24, pp. 90-99, 1992.
- [16] http://www.nlm.nih.gov/research/visible/visible_human.html
- [17] http://www.siggraph.org/education/materials/vol-viz/volume_visualization_data_sets.htm
- [18] M. Levoy, Display of Surfaces from Volume Data, *IEEE Computer Graphics and Application*, vol. 8, pp. 29-27, May 1988.
- [19] R. A. Drebin, L. Carpenter, and P. Hanrahan, Volume Rendering, *Computer Graphics*, vol. 22, pp. 51-58, Aug 1988.
- [20] W. Schroeder, K. Marten, and B. Lorensen, *The Visualization Toolkit*, 2nd Edition, Prentice Hall PTR, 1998.
- [21] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, Snakes: Active Contour Models, *International Journal of Computer Vision*, vol. 1, no. 4, pp. 321-331, 1987.
- [22] J. W. Song, O. B. Gwon, and H. B. Jeong, Operation Level Acceleration for Volume Rendering, *Proceedings of SPIE: Visualization and Data Analysis 2002*, vol. 4665. pp.154-164, Jan 2002.
- [23] A. P. Zijdenbos, B. M. Dawant, R. A. Margolin, and A. C. Palmer, Morphometric Analysis of White Matter Lesions in MR images: Method and Validation, *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 13, pp. 716-724, Dec. 1994.



송 주 환

1995년 전주대학교 전자계산학과 졸업 (학사). 1997년 전북대학교 전산통계학과 (이학석사). 1999년 전북대학교 전산통계학과 박사과정 수료. 2001년 ~ 현재 전주대학교 교양학부 강의전담전임강사. 관심분야는 컴퓨터그래픽스, 사이언티픽 비주얼라이제이션, 멀티미디어



권 오 봉

1980년 고려대학교 전기공학과 졸업(학사). 1983년 고려대학교 전기공학과(공학석사). 1993년 일본구주대학교 총합이공학연구과(공학박사). 1992년 ~ 1993년 일본구주대학교 정보공학과 조수. 1994년 ~ 1995년 전북대학교 컴퓨터과학과 전임강사. 1996년 ~ 1999년 전북대학교 조교수. 2000년 ~ 현재 전북대학교 부교수. 관심분야는 컴퓨터 그래픽스, 사이트픽 비주얼라이제이션, 병렬처리



이 건

1978년 고려대학교 전자공학과 졸업(학사). 1983년 고려대학교 전자공학과(공학석사). 1985년 애리조나 주립대학 전기공학과(공학석사). 1995년 애리조나 주립대학 전기공학과(공학박사). 1995년 ~ 1996년 호원대학교 컴퓨터공학과 전임강사. 1997년 ~ 현재 한동대학교 전산전자공학부 조교수. 관심분야는 Visualization, Computer Aided Geometric Design, 의료영상 가시화