

## Hyperspectral Image Analysis

金漢烈\* · 金仁澤\*\*  
(HanYeol Kim · Intaek Kim)

**Abstract** - This paper presents a method for detecting skin tumors on chicken carcasses using hyperspectral images. It utilizes both fluorescence and reflectance image information in hyperspectral images. A detection system that is built on this concept can increase detection rate and reduce processing time, because the procedure for detection can be simplified. Chicken carcasses are examined first using band ratio FCM information of fluorescence image and it results in candidate regions for skin tumor. Next classifier selects the real tumor spots using PCA components information of reflectance image from the candidate regions. For the real world application, real-time processing is a key issue in implementation and the proposed method can accommodate the requirement by using a limited number of features to maintain the low computational complexity. Nevertheless, it shows favorable results and, in addition, uncovers meaningful spectral bands for detecting tumors using hyperspectral image. The method and findings can be employed in implementing customized chicken tumor detection systems.

Key Words : 하이퍼스펙트럴 영상, 종양 검출, 형광영상, 반사영상, 융합

### 1. 서론

하이퍼스펙트럴 영상(Hyperspectral Image)은 넓은 대역의 스펙트럼에서 상대적으로 미세한 간격의 주파수 파장마다 얻은 영상들의 집합이다. 하이퍼스펙트럴 영상은 각각의 주파수에서 얻은 영상들이 주파수 축을 따라 쌓여진 것과 같은 3차원의 데이터로 형성되어 있다. 각 데이터는 화소의 밝기를 나타내는 것으로  $I(u,v,\lambda)$ 로 표현할 수 있는데 여기서  $u=1,2,\dots,M$ ,  $v=1,2,\dots,N$  그리고 형광영상의 경우  $\lambda$ 는  $\lambda_1(425.4\text{nm})$ 에서  $\lambda_{66}(710.7\text{nm})$ 까지 이산 값을 가진다. 특정한  $\lambda_k$ 에 대하여  $I(u,v,\lambda_k)$ 는  $k$  번째 주파수에서의 영상으로 공간적인 정보를 제공한다. 한편  $u$ 와  $v$ 가 고정된 경우,  $I(u,v,\lambda)$ 는 한 화소에서의 스펙트럼 즉, 주파수 특성을 보여준다. 일반적으로 인접한 주파수에서 얻은 두 개의 영상은 매우 유사한 반면, 반대로 멀리 떨어진 주파수에서 얻은 두 개의 영상은 상당히 다른 정보를 포함하고 있다. 따라서 어느 한 영상만으로 관측물을 정확하게 설명할 수 없으나 여러 개의 영상으로 이루어진 하이퍼스펙트럴 영상은 관측물에 대한 많은 양의 정보를 제공할 수 있다.

하이퍼스펙트럴 영상 기술은 인공위성 및 카메라의 발전에 의해 원격탐사(remote sensing)분야에서 시작하여 현재 여러 분야에서 활발히 응용이 되고 있다. 인공위성 또는 항공

기를 통해 얻은 영상은 사용 목적에 따라 군사용 지리정보, 농작물 또는 건물 등의 분포, 태풍의 움직임과 형태 파악 등의 여러 가지 응용에 사용된다[4]. 최근에는 의료영상 및 농축산물 등으로 그 응용이 확대되어 가고 생물학 분야에서 유전자의 분석[5], 생체공학 분야에서 종양감지[6]등 다양한 분석 방법에 의해 많은 연구가 진행되고 있다.

미국 농무부(USDA-United States Department of Agriculture) 식품 안전 검사처(FSIS-Food Safety and Inspection Service)에서는 미국 내의 도살장에서 식용 사육 조류의 안전성을 조사한다. 미 농무부는 이러한 작업을 위해 수천 명의 공공 검열관을 고용하고 있다. 이들은 적어도 하루 8시간 근무하면서 분당 30~35 마리의 닭들을 육안으로 검사한다. 그러나 수동적인 검사가 가져오는 질적 문제를 해결하기 위해서 자동화와 실시간 처리 등의 방법이 궁극적으로 실현되어야 한다. 미국 농무부 소속의 ISL(Instrumentation and Sensing Laboratory) 연구원들은 이상에서 언급한 문제를 해결하기 위해 하이퍼스펙트럴 영상을 이용한 감지 시스템을 개발하여 이를 실시간 자동화 구현에 힘쓰고 있다[1~3].

닭의 종양을 찾아내기 위한 방법으로, ISL에서는 하이퍼스펙트럴 시스템을 이용하여 얻은 형광영상을 분석하였다. 분석 방법으로는 몇 가지의 주파수 영역에서 화소의 밝기 차이를 이용하였는데 종양부분과 정상부분의 구별을 극대화하는 주파수를 선택하였다. 그러나 조직의 특성에 따른 주파수 특성만으로 종양부분과 정상부분을 구분하는데 아직도 상당한 오류 판정이 발생한다[7].

이러한 문제점을 해결하기 위해 본 논문에서 제안한 방법은 하이퍼스펙트럴 시스템에서 얻은 형광영상 뿐만 아니라

\* 正會員 : 明知大學校 情報制御工學科 碩士

\*\* 正會員 : 明知大學校 通信工學科 副教授 · 工博

接受日字 : 2003년 6월 9일

最終完了 : 2003년 9월 26일

반사영상도 종양 검출에 사용하는 것이다. 본 논문에서는 형광영상의 결과를 개선하고자 몇 가지의 기술을 도입하여 종양부분에 대한 정보를 추출한 후, 반사영상에서 얻은 정보에 적용하여 더욱 효과적인 인식을 수행하고자 하였다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 하이퍼스펙트럴 영상의 구성을 간략하게 설명하였다. 3장에서는 제안된 알고리즘을 설명하고 형광영상/반사영상에서의 종양 후보영역 검출에 대해서 실험을 수행하고 분석하였다. 4장에서는 모의실험을 통해 제안된 알고리즘의 성능을 확인하였다. 마지막으로 5장과 6장에서는 본 논문에 대한 토의와 결론을 서술한다.

## 2. 하이퍼스펙트럴 영상의 구성

하이퍼스펙트럴 영상의 구조는 앞에서 설명한 바와 같이 3차원으로 되어 있다. 이 영상을  $I(u,v,\lambda)$ 라고 표현할 때,  $\lambda$ 는 영상이 취득된 파장을,  $u$ 와  $v$ 는 영상의 가로와 세로의 위치를 각각 알려준다. 취득된 데이터를 살펴보면 그림 1과 같이 2차원의 구조를 가진다. 2차원 데이터의 각각의 세로는 특정 주파수( $\lambda_k$ )에서의 세로 방향으로 스캔하여 얻은 데이터이다. 인접한 행은 인접한 주파수( $\lambda_{k+1}$ )를 보여준다. 따라서 영상의 크기가  $M \times N$ 이며  $W$ 개의 주파수에서 측정되었다고 가정할 때, 그림 1의 위 그림은 각각  $M \times W$ ,  $N$ 의 크기를 가지는 2차원 데이터이다. 이 데이터로부터 특정 파장  $\lambda_k$ 에서의 영상을 구하는 과정이 그림 1에 표현되어 있다. 본 논문에서는 특정한 하나의 파장 또는 주파수에서 얻은 영상을 밴드영상이라고 부르기로 한다. 그림 2와 그림 3은 본 논문의 실험에서 사용된 형광영상과 반사영상을 각각 10번째, 20번째, ... 60번째 등 여섯 개의 파장(형광영상: 465.5, 510.1, 554.7, 599.3, 643.8, 688.4nm)에서 얻은 영상(밴드영상)을 한 예로 보여준다. 형광영상은 총 65개의 다른 파장에서 얻은 하이퍼스펙트럴 영상이며, 반사영상은 총 112개의 파장으로부터 얻었다. 형광영상을 살펴보면 배경은 거의 무시되었으며, 닭 표면이 여러 파장에 걸쳐 다양한 모습을 가지고 있음을 보여 준다. 형광영상은 종양과 정상부분이 화소의 밝기 특징을 이용하여 판단이 가능하다. 한편 반사영상은 형광영상과 달리 종양부분에 대한 형태가 거의 관찰되지 않는데 이는 화소의 밝기 차이가 거의 없기 때문이다. 닭의 윤곽 정도만을 알 수 있으며, 닭의 중앙부에 포화된 반사광의 형태를 확인할 수 있다. 다음 장에서 제안하는 알고리즘은 서로 다른 특성을 가진 두 영상을 효과적으로 사용하여 종양의 위치를 찾고자 한다.

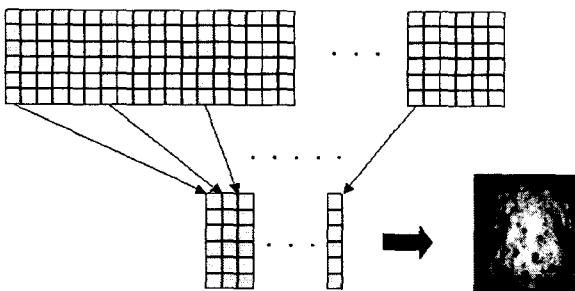


그림 1 하이퍼스펙트럴 데이터에서의 밴드영상 추출  
Fig. 1 Band image extraction from hyperspectral data

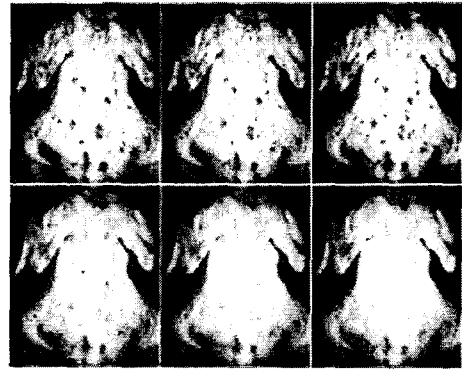


그림 2 형광영상의 일부 밴드영상  
Fig. 2 Examples of fluorescence band images

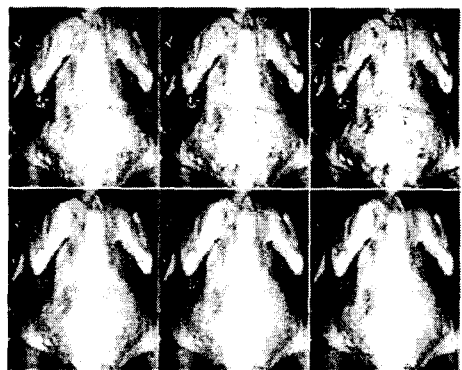


그림 3 반사영상의 일부 밴드영상  
Fig. 3 Examples of reflectance band images

## 3. 영상 융합을 이용한 종양 검출 알고리즘

형광영상의 밝기 특성만을 이용하여 종양을 검출한 방법의 결과를 보면 다수의 종양 중에서 일부만을 검출한 것을 알 수 있다[7]. 이와 같은 이유는 뒤에서 설명할 형광 영상의 밝기 스펙트럼을 보면 알 수 있듯이 정상부분과 종양부분의 구분이 모호하게 중첩되는 영역이 존재하기 때문이다. 따라서 형광영상은 정상과 종양을 구분할 수 있는 충분한 정보를 제공하지 않음을 알 수 있다. 동일한 물체에 대하여 다른 조명을 통해 얻은 영상이 반사영상이다. 반사영상은, 그림 3에 보여준 바와 같이, 그림 2의 형광영상과는 다른 종류의 정보를 포함할 수 있다.

본 논문에서는 형광영상과 반사영상을 융합하여 더 효과적인 종양 검출을 위해 그림 4와 같은 순서의 알고리즘을 제안한다. 위의 알고리즘은 궁극적으로 형광영상과 반사영상에서 각각 종양 후보 영역 (candidate region)이라고 판단되는 부분을 논리적 AND 연산을 통해 각 화소에 대한 결정 수준 (decision level)의 융합을 수행한다. 그림 4에서 살펴볼 수 있는 바와 같이 형광영상과 반사영상은 서로 다른 방법에 의하여 후보 영역을 추출한다.

먼저 형광영상의 분석에서는 한 화소에 대한 밝기 스펙트럼을 통한 종양과 정상 부분에 대한 구분이 상당히 이루어진다. 그러나 이러한 구분을 위해서 모든 파장 영역의 값을 사용하는 것은 그 갯수도 비현실적으로 많을 뿐만 아니라 비효

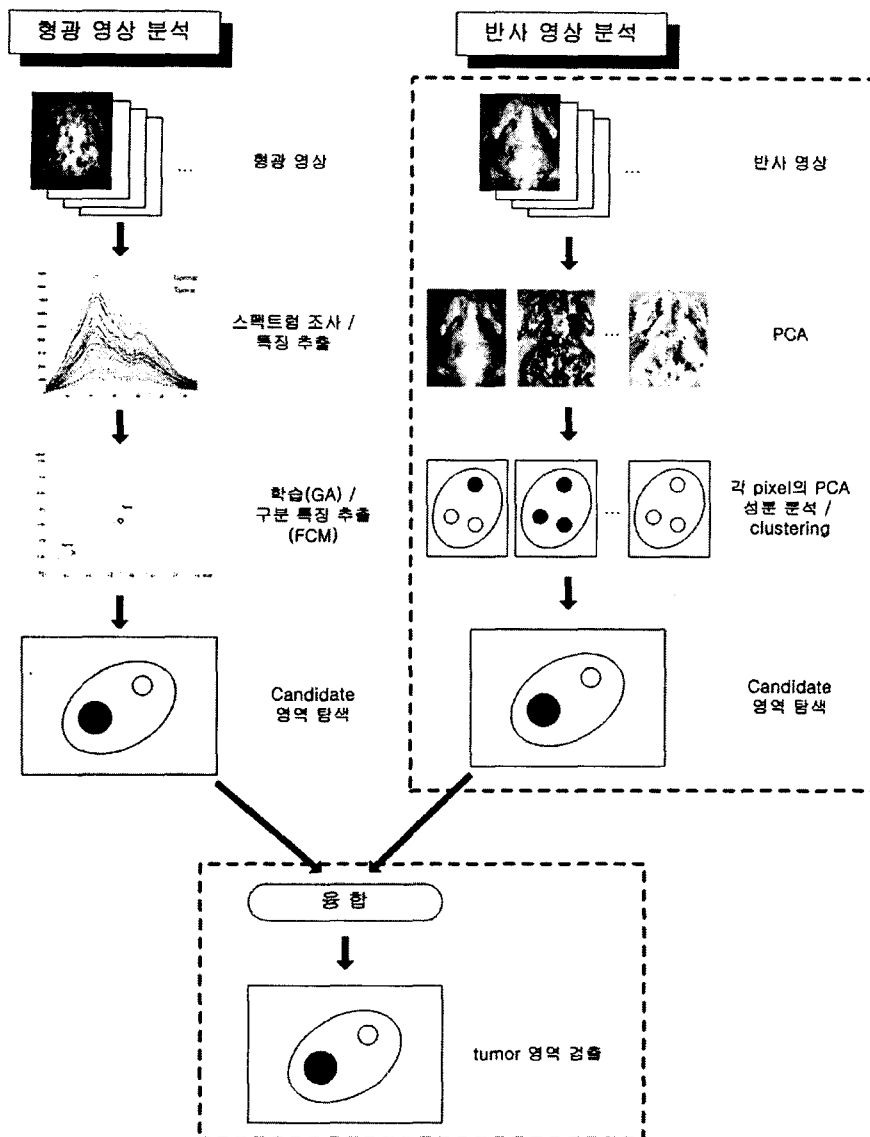


그림 4 영상 융합을 통한 종양 검출 알고리즘  
 Fig. 4 Tumor detection algorithm via image fusion

울적인 특징 (feature)이 될 수 있다. 따라서 종양과 정상 부분을 구분 짓는 효과적인 특징을 찾는 것이 매우 중요하다. 몇 번의 실험을 통해 사용될 특징으로 특정 파장에서 화소의 밝기보다 몇 가지 파장들의 밝기 비율이 더 효과적인 특징임을 확인하였다. 이를 위해 유전자 알고리즘을 사용하여 획득한 데이터로부터 효과적인 파장들의 값을 추출하였다. 그 후 종양과 정상 부분에서 얻어진 4개의 파장간의 비율, 즉 2개의 비율을 2차원 상에 투영하여 각각 부분에 대한 클러스터를 구하였다. 클러스터를 얻기 위하여 FCM (fuzzy C-means) 알고리즘을 사용하였다. 종양과 정상을 알려주는 두 개의 클러스터를 획득한 후 각 클러스터의 중심 값을 이용하여 알고자하는 미지의 화소가 종양인지 정상인지 판별한다. 이 방법만으로는 앞에서 언급하였듯이 종양과 정상 부분에 대한 구분이 확실하지 않을 수 있다. 그 이유는 종양과 정상 부분에 대한 화소의 밝기 스펙트럼이 서로 중첩하여 판단의 오류가

발생하기 때문이다.

반사영상은 형광영상에 비해 그 영상의 획득이 쉬운 장점이 있다. 형광영상은 광원이 형광을 사용하기 때문에 측정할 때, 주위의 환경을 조절해야 한다. 따라서 단일 영상을 사용한다면 반사영상이 형광영상에 비해 그 활용 가능성이 매우 높다. 그런데 그림 3에서 살핀 바와 같이 하이퍼스펙트럴 반사영상은 형광영상만큼 종양에 대한 시각적인 정보를 제공하지 않는다. 따라서 그림 4의 우측 상단에 나타난 바와 같이 반사영상은 주성분 분석(PCA : Principal Components Analysis)을 통해 매우 비슷한 영상들의 집합으로부터 선형변환을 통해 가장 구별이 잘 되는 새로운 영상들의 집합을 발생시킨다[12~13]. 주성분 분석 결과 동일한 수의 발생된 영상 중, 최초 수 개의 영상은 매우 다른 형태의 모습을 보여준다. 이들 영상을 제외하곤 그 후의 영상은 거의 잡음으로 이루어진 영상이다. 본 논문에서 사용한 112개의 밴드영상은

로 이루어진 하이퍼스펙트럴 영상을 PCA한 결과를 살펴보면 최초의 수개의 성분에서만 의미 있는 형태를 가지게 된다. 여기서 최초의 수개란 실험에 사용된 데이터에 따라 다르지만 일반적으로 10개 내외가 된다. 따라서 10번째 이상의 성분은 종양의 위치를 알려주는데 거의 정보량이 없기 때문에 8번째까지의 성분만을 고려하였다(그림 13 참조). 여기서 종양 부분은 각 주성분 영상에서 유사한 밝기를 가질 것이라 가정하여, 영상을 이진화한 후 한 화소의 변화된 패턴을 통해 종양 또는 정상 부분으로 판단한다. 반사영상으로부터 이와 같은 과정을 거쳐 종양 부분을 찾아낼 수 있다.

이상의 형광영상과 반사영상에서 나온 결과를 그림 4의 화소단위의 융합을 통해 종양과 정상 부분을 구분하게 된다.

### 3.1. 형광영상을 이용한 종양 후보 영역 추출

형광영상을 자세히 살펴보면 종양부분과 정상부분에 존재하는 화소들의 주파수 특성 곡선에 상당한 차이가 있음을 알 수 있다. 따라서 형광영상만을 사용한 종양부분 탐색도 비교적 양호한 결과를 가져왔다[7].

#### [학습과정]

형광영상을 이용하여, 종양 후보 영역을 추출하는데 화소들의 주파수 특성을 사용한다. 그림 5와 같이 화소의 주파수 특성을 살펴보면 화소 밝기 값에 따라 종양 후보 판단 여부도 가능하다. 그러나 자세히 살펴보면 정상부분과 종양부분의 화소들의 밝기가 중첩되어 있는 부분도 발견된다. 따라서 이러한 사실에 기인하는 오류를 극복하기 위해 절대적인 밝기에 의존하지 않고, 상대적인 값을 이용하는 것이 탐색의 신뢰도를 높일 수 있다. 이를 위해 x번째 파장과 y번째 파장에서의 밝기를 각각  $I_x, I_y$ 라고 표기하자. 이 두 밝기의 비율,  $I_x/I_y$ 는 형광영상을 이용하여 종양 후보 영역 탐색에 있어 특징 (feature)으로 사용한다.

그림 5는 이와 같이 두 밝기의 비율을 사용하여 효과적인 추출이 가능하리라 생각되는 몇 개의 파장들이 존재함을 보여준다. 이러한 값들을 찾기 위해 유전자 알고리즘 (Genetic Algorithm)을 이용하여 두 개의 비율, 즉 4개의 파장을 구하였다. 여기서 가장 효과적인 파장은 두 개의 밝기비율로 하여금 종양부분과 정상부분을 가장 잘 구분할 수 있는 것으로 다음과 같은 조건을 고려할 수 있다.

(1)  $P(N|N)$ 와  $P(T|T)$ 의 값을 최대화시켜야 한다. 여기서  $P(N|N)$ 는 정상부분을 측정했을 때 정상으로 판단하는 비율을 의미하고  $P(T|T)$ 는 종양부분을 종양으로 인식하는 비율이다.

(2) 두 개의 비율, 예를 들어  $I_x/I_y$ 와  $I_p/I_q$ 를 각각 X, Y라고 할 때, 종양부분과 정상부분에서 얻은 데이터를 (X, Y) 좌표 상에 그려보면 두 개의 클러스터 (cluster)가 생기는 것을 확인할 수 있다. 이 때 두 클러스터의 중심을 각각  $m_N$ 과  $m_T$ 라고 할 때, 최소화시키고자 하는 값 S는 아래 식(1)과 같다. 즉 데이터들의 각 해당 클러스터까지의 거리의 제곱합이다.

$$S = \sum_{Z \in Normal} \|Z - m_N\|^2 + \sum_{Z \in Tumor} \|Z - m_T\|^2$$

이상의 두 가지 조건을 가장 잘 만족시키는 4개의 파장을 구한 후, 학습된 클러스터의 중심을 사용하여 결정평면

(decision boundary)을 설정함으로써 인식기 (classifier)를 구현할 수 있다. 30개의 정상부분과 30개의 종양부분에서 얻은 데이터를 사용하여 클러스터링한 결과가 그림 6에 나타나 있다. 학습 과정에서 최적의 비율( $I_x/I_y, I_p/I_q$ )을 위한 4개의 밴드 x, y, p, q를 찾기 위해 본 논문에서는 유전자 알고리즘 (GA)을 사용한다. 유전자 알고리즘에서 사용되는 적합도 (fitness)는 식(1)이 최소화되도록 구성하였는데 식(1)의 클러스터 중심을 구하기까지는 FCM (fuzzy C-means) 알고리즘을 사용하였다.

FCM 알고리즘은 아래와 같은 순서를 따라 클러스터의 중심을 구한다[10~11].

(1) 클러스터의 수 c를 정하고 퍼지 소속함수  $U(p=0)$ 를 초기화시킨다.

(2) c개의 평균 벡터 (mean vectors)  $\{v_i\}$ 를 아래의 식을 이용하여 구한다.

$$v_i = \frac{\sum_{k=1}^N (u_{ik})^m x_k}{\sum_{k=1}^N (u_{ik})^m} \quad (1 < m < \infty)$$

(3)  $U(p)$ 를 다음의 식을 사용하여 갱신한다.

$$u_{ik}^{p+1} = \frac{1}{\sum_{j=1}^c \left( \frac{d_{ik}}{d_{jk}} \right)^{2/m-1}}$$

(4)  $U(p)$ 와  $U(p+1)$ 을 비교하여  $\|U(p) - U(p+1)\| \leq \epsilon$ 를 만족하면 중지하고 그렇지 않으면 p를 증가시키고 단계 (2)로 간다.

이상에서 언급한 종양 후보 영역 추출을 위해 본 논문에서는 아래와 같은 학습과정을 수행하였다. 학습과정에서의 궁극적인 목표는 인식기에 사용될 정상부분과 종양부분의 클러스터와 퍼지 소속함수를 얻는 것이다.

(1) 형광데이터를 읽어 들인 후, 밴드 수만큼의 2차원 형광영상을 획득한다.

(2) 정상부분에서 m개, 종양부분에서 n개의 데이터를 추출한다. (본 논문에서는  $m=n=30$ )

(3) 정상과 종양을 가장 잘 구별할 수 있는 밝기 비율을 구하기 위해, 유전자 알고리즘을 사용하여, 4개의 파장을 구한다.

(4) 앞의 과정에서 얻은 4개의 파장에 해당하는 정상부분과 종양부분의 클러스터 중심과 이를 만족하는 퍼지 소속함수를 FCM 알고리즘에 의하여 구한다.

#### [종양후보 영역 추출]

종양후보 영역이란 형광영상에 의해 종양이라고 판단되는 영역을 의미한다. 앞에서 언급한 학습방법에 의해 종양을 추출해보면 실제의 종양영역보다 훨씬 더 많은 부분을 종양이라고 판단한다. 따라서 이 때 생기는 문제점, 즉 정상을 종양이라고 오인식 되는 부분을 제거하는 방법으로 논문[7]에서는 종양이 가질 수 있는 형태를 가정함으로써 상당한 부분을 제외시켰다. 그러나 이러한 방법은 궁극적으로 실시간으로 수행되어야 할 작업에 큰 부담이 되기 때문에 현실적으로 어려운 점이 있다. 그러므로 본 논문에서는 반사영상의 정보를

사용하여 이를 해결하고자 한다.

종양후보의 추출은 앞에서 학습에 사용한 퍼지 소속함수를 이용하여 정상 또는 종양 여부를 판단한다.

FCM으로 구한 클러스터 구분 정확도를 적합도로 적용한 유전자 알고리즘 (GA)을 사용하여 새로운 임의의 4개의 밴드 값을 구하여 앞의 방법을 반복해서 최적의 밴드(X1, X2, X3, X4)를 구한다. 형광영상에서 종양부분과 정상부분의 구분에 사용할 특징은 학습을 통해 구한 4개의 최적의 밴드와 이때의 클러스터 중심 값이 사용된다. 구한 최적의 밴드는 58, 13, 59, 23 이다.

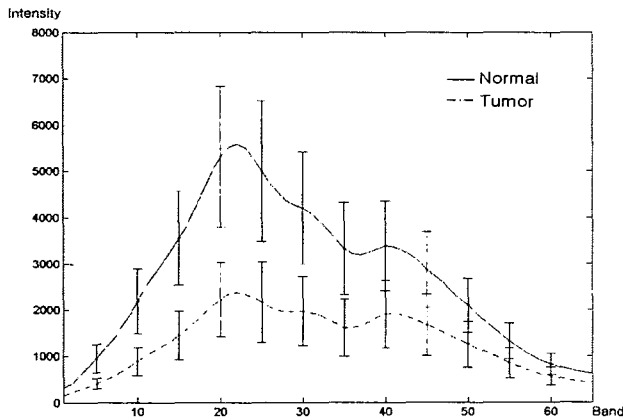


그림 5 형광영상의 밴드별 밝기  
Fig. 5 Band intensity of fluorescence image

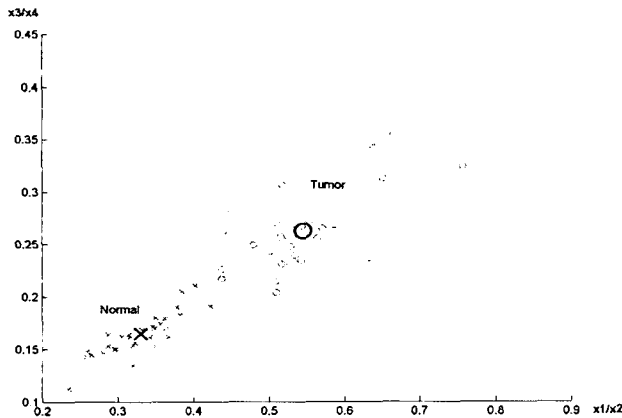


그림 6 클러스터링의 결과  
Fig. 6 Result of clustering

형광영상에서의 종양부분과 정상부분의 판별은 구한 각각의 클러스터 중심 값으로부터 얼마나 떨어져 있는가에 결정된다. 실험에 쓰인 형광영상은 종양과 정상부분을 판정함에 있어서 불필요한 배경부분이 있어, 그림 8에 나타난 마스크영상을 적용한다. 그림 9는 나타난 형광영상에서의 분석 결과 종양 후보영역으로 판단되는 부분을 보여준다.

그림 9의 결과영상에는 정상부분이 다수 포함되어 있음을

알 수 있다. 이러한 오류 값은 다음절에서 구한 반사영상을 이용하여 구한 결과영상과의 논리적 AND 연산을 통해 오류 값을 제거 보완하여 종양을 검출한다.

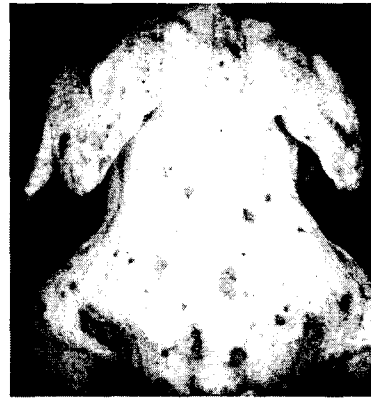


그림 7 형광영상  
Fig. 7 Fluorescence image



그림 8 마스크영상  
Fig. 8 Mask image



그림 9 결과영상  
Fig. 9 Resultant image

### 3.2 반사영상을 이용한 종양 후보 영역 추출

반사영상은 일반적인 백열조명을 사용하여 반사된 영상을 112 개의 주파수에서 획득한 것이다. 이 영상의 형식은 형광

영상과 동일하기 때문에 그림 1의 방법으로 영상을 얻을 수 있다. 반사영상은 그림 10과 그림 11에서 나타나 있듯이, 형광영상과 달리, 영상에서 종양 부분과 정상부분 간의 구별이 매우 어렵다. 이러한 특성 때문에 반사영상은 형광영상에서 사용한 방법으로 종양 부분을 검출하는데 문제가 있다. 반사영상에서의 정상 부분과 종양 부분의 특징을 찾아내기 위해 주성분 분석(PCA: Principal Component Analysis)을 사용한다[12~13]. 주성분 분석은 변수들의 선형결합으로 표시되는 새로운 주성분을 찾아서, 이를 통하여 자료를 쉽게 요약하거나 해석할 수 있다. 주성분 분석은 그 자체로 어떤 결론에 도달하기 위한 분석이라기보다는 차후의 분석을 위한 수단을 제공하여 주는 단계이다.



그림 10 반사영상  
Fig. 10 Reflectance image

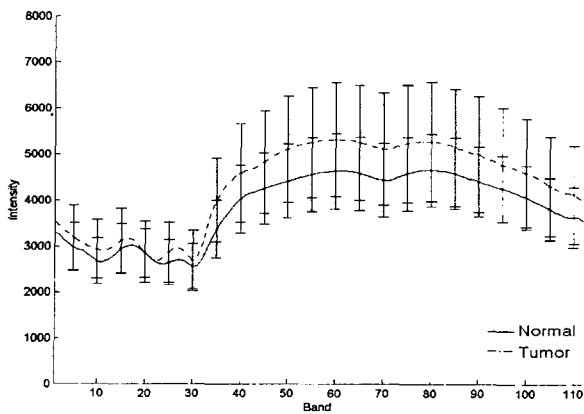


그림 11 반사영상의 밴드별 밝기  
Fig. 11 Band intensity of reflectance image

[주성분 분석]

N 차원을 가진 다변수 (multivariate) 데이터는 하나의 측정원 (source)에 대하여 N 개의 측정치를 가진다. 이와 같은 데이터를 자세히 살펴보면 측정치 사이에 비슷한 경향을 가진 측정치의 집합들을 발견할 수 있다. 즉 N 개의 측정치 사이에는 얼마간의 종속적인 관계를 지닌 측정치들이 존재한다. 실제로 다변수 시스템에서 독립성을 지닌 변수는 수 개

에 지나지 않는다. 따라서 상당수의 측정치가 중복성 (redundancy)을 지니고 있기 때문에 이러한 중복성을 줄이는 방향으로 데이터의 수를 줄일 수 있다면, 연산 속도를 향상시킬 수 있으며 효율적인 데이터 처리가 가능하다.

데이터의 중복성을 효과적으로 줄이는 방법중 하나인 주성분 분석은 N 차원 데이터를 이보다 매우 적은 차원의 유효한 데이터로 줄인다. 주성분 분석의 결과 발생하는 주성분 (principal component)은 아래의 식과 같이 변수들의 선형 결합으로 얻는다.

$$y = x*W$$

여기서  $x \in \mathbb{R}^{M \times N}$  이며,  $W \in \mathbb{R}^{N \times N}$  는 직교하는 벡터를 각 행으로 갖는 행렬로

$$W = [w_1 | w_2 | \dots | w_N]$$

$w_p^T * w_q$  는  $0(p \neq q)$  또는  $1(p = q)$ 을 가진다.

이상에서와 같이 모든 주성분은 서로 직교하는 basis와 x의 곱에 의해 표현된다. 첫 번째 주성분 (the first principal component)은 데이터를 공간 위의 한 개의 축(L1)에 투영된 것으로 이들 데이터간의 분산이 가장 큰 값을 가진다. 두 번째 주성분 (the second principal component)은 앞의 축(L1)에 수직인 축(L2)에 투영된 것으로 앞의 첫 번째 주성분을 제외하곤 최대의 분산을 가진다. 이와 같은 방법을 연속적으로 하면 N 차원 데이터는 N 번째 주성분까지 존재하게 된다. 그런데 N 차원 다변수 데이터에 주성분 분석을 적용하여 보면 데이터가 가진 분산이 처음 수 개의 주성분의 분산 합과 비슷해짐을 알 수 있다. 이는 주성분 분석을 적용한 후, 수 개의 주성분만 원래 데이터에 대한 상당한 정보를 지니고 있으며 그 후의 주성분은 거의 잡음에 가까운 성분만을 가진다(그림 13). 따라서 N 차원에서 표현해야 하는 M 개의 데이터가 있다면 주성분 분석에 의하여 n 차원의 M 개의 데이터로 축소할 수 있다. 이 때 앞서 지적한 바와 같이 n은 N에 비해 매우 적은 값을 가지므로 효과적으로 데이터의 수가 줄어든다.

주성분 분석에서 새로운 직교 좌표를 시각적으로 표현하기 위해 그림 12를 살펴보자. 이 그림은 주성분 부공간 (subspace)의 기하학적인 해석을 보여 주는 설명으로, 새롭게 설정된 축(U)에서의 분산 (variance)이 최대 값을 가진다. 따라서 각 점들의 원래의 2차원 좌표 대신 새로운 축(U)상의 값을 이용하면 각 점들을 효과적으로 표현할 수 있음을 알 수 있다. 이와 반대로 축 U와 수직인 축 V에 투영된 점들은 최소의 분산을 가지며, 그 값들은 원래의 데이터가 가진 점들의 특성을 표현하는데 구체적이지 못하다. 그러므로 데이터의 각 점들의 특성을 (X, Y)의 좌표를 이용하여 2차원으로 표현하는 것보다 U축에 투영시켜 1차원으로 표현하는 것이 더욱 효과적인데 이것이 주성분 분석을 사용하게 되는 근본적인 이유이다.

주성분을 구하는 절차는 아래와 같다.

- (1)  $x \in \mathbb{R}^{M \times N}$  을 구한다. 여기서 N은 차원의 수이며 M은 측정된 N 차원의 데이터 집합의 수이다.
- (2) x의 공분산 (covariance) C를 구한다.  $C = cov(x) \in \mathbb{R}^{N \times N}$
- (3) C의 eigenvalue와 eigenvector를 구한 후 eigenvalue가 적어지는 순서대로 배열한다.

즉  $C * V_k = \lambda_k V_k$  이며  $\lambda_i \geq \lambda_j (i > j)$ 이다.  $\lambda_1$ 은 첫 번째 주성

분 (the first principal component)의 eigenvalue이며 벡터  $V_1$  은 첫 번째 주성분을 생성시키는 변환이다. 이제  $W = [V_1 | V_2 | \dots | V_N]$  하자

(4)  $y = x * W$ 를 얻는다. 여기서  $y = [y_1 | y_2 | \dots | y_N]$ 으로 표현할 수 있는데  $y_k$ 는  $k$  번째 주성분 ( $k$ -th principal component)이다.

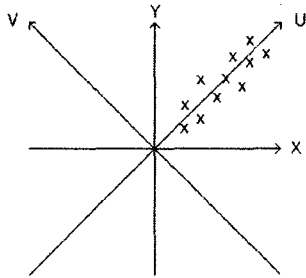


그림 12 주성분 분석에서 새로운 직교 좌표의 시각적 표현  
Fig. 12 Visualization of new orthogonal coordinate in PCA

반사영상을 주성분 분석한 영상 데이터에서 첫 번째에서 여덟 번째 성분의 데이터만을 취득한다. 주성분 분석의 성분 (component)은 그 차수가 증가할수록 분석을 위한 영상 데이터의 특징과 중요도가 감소한다. 그림 13은 차수에 따른 주성분 분석 영상을 나타낸다.



그림 13 주성분 분석 영상(5,10,15,20,25,30,35,40번째 성분)  
Fig. 13 PCA image(5th, 10th, ..., 40th components)

그림 14는 8개의 주성분 영상에서 종양 부분의 특징을 가장 잘 나타내고 있는 성분이 아래쪽에 위치한 5, 6, 7, 8번째의 성분 영상임을 보여준다. 그림 15는 각각의 성분 영상에서 배경을 제외한 화소들의 임계치를 이용하여 얻은 이진 영상이다. 주성분분석을 통해 얻은 eigenvalue 값이 큰 8개의 성분을 살펴보면, 반드시 8개의 영상 모두가 종양위치에 대한 효과적인 정보를 가지고 있지 않다. 따라서 종양위치를 찾기에 가장 적절하다고 판단되는 4개의 영상을 선택한다. 본 논문에서는 이 4개의 이진영상으로부터 각 화소마다의 값에서 종양의 특징을 지니는 값을  $q$ 로 정의한다. 그림 15에서 나타나는 종양 부분의 규칙적인 변화를 이용하기 위해 4개의 2진 영상으로 그림 16과 같은 4비트의 데이터 배열을 구한다.

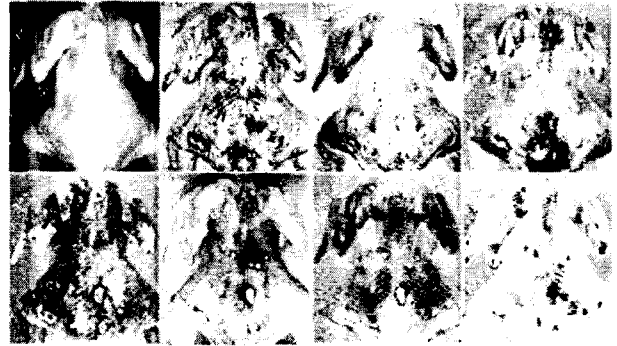


그림 14 주성분 분석 영상(왼쪽 위부터 1,2,3,...,8번째 성분)  
Fig. 14 PCA images

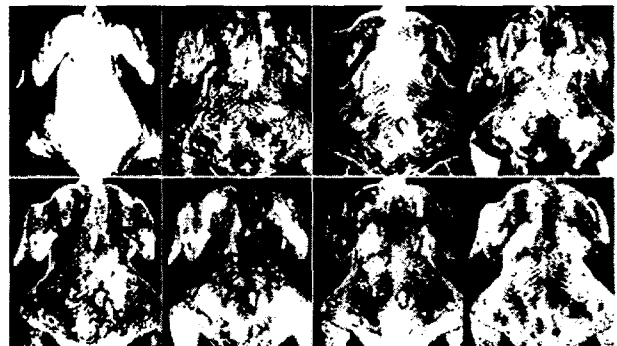


그림 15 주성분 분석이진 영상(왼쪽 위부터 1,2,3,...,8번째 성분)  
Fig. 15 PCA binary images

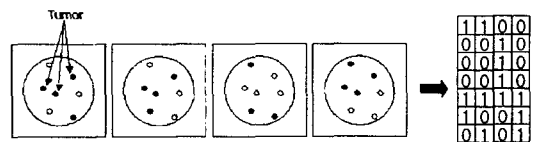


그림 16 주성분 분석 영상에서의 종양 특징과 4bit 데이터 배열  
Fig. 16 Feature of tumor in PCA binary image & 4 bit data array

그림 16에서는 2, 3, 4열의 비트 열처럼 종양 부분은 동일하거나 거의 비슷한 비트 열을 가진다고 가정하여 이를 특징 (feature)으로 사용하여 결과 영상을 얻는다. 종양 부분을 표현하는 비트 열을 찾아 종양으로 판단하기 위해 Hamming Distance 값을 사용한다[14~15]. 두 개의  $n$ 차원 벡터 ( $n$ -tuple vector)  $d(u, v)$ 는  $u$ 와  $v$ 의 대응되는 성분 중 서로 다른 성분 쌍의 개수를 말한다. 그림 16에서의 종양 특성을 지닌 4 비트의  $q = [0 0 1 0]$ 와 같이 그림 14에서 구한 그림 15의 이진 영상에서  $q$  값을 찾으면  $q = [1 1 1 0]$  이 된다. 실험을 통해 구한  $q$  값을 기준으로 Hamming Distance 값을 구한다. 그림 17은 종양과의 Hamming Distance 값이 1인 화소들의 집합을 표현한다.



그림 17 Hamming Distance 결과 영상  
Fig. 17 Hamming Distance resultant image



그림 20 종양부위를 표시한 실제 닭 사진  
Fig. 20 Image showing the position of tumor

형광영상과 반사영상으로부터 얻은 그림 9, 17은 정상을 종양으로, 또는 종양을 정상으로 판단하는 오인식 부분을 포함한다. 본 논문에서는 이러한 오인식 부분을 제거하기 위해, 알고리즘의 최종 단계에서 영상 융합을 통해 종양 특징 영역을 분류한다. 두 영상의 논리적 AND 연산을 통해 그림 18과 같은 영상을 얻는다. 그림 19는 융합한 결과영상에서 종양의 형태를 고려하여, 9×9 크기의 Median Filter를 적용하여 얻은 영상이다. 필터를 통해 잡음을 제거한 영상에는 크고 작은 종양들이 존재한다. 작은 종양의 확인을 용이하게 할 수 있도록 Morphology 확장 방법을 사용한 후 얻은 영상이 그림 21에 나타나 있다. 그림 20은 실험에 쓰인 실제 닭의 종양부분에 종이로 표시를 해놓은 사진이다. 그림 18과 그림 20 사이에 닭의 윤곽에 발생하는 차이는 측정위치가 일치하지 않기 때문이다.



그림 21 Morphology 확장 방법을 적용한 영상  
Fig. 21 Image using morphological expansion method



그림 18 (그림 9)와 (그림 17)을 융합한 영상  
Fig. 18 Image obtained by fusing (Fig. 9) and (Fig. 17)



그림 22 형광영상에서의 종양 후보 영역  
Fig. 22 Tumor candidate region in fluorescence image



그림 19 필터링을 통한 잡음 제거 영상-Median Filter(9×9)  
Fig. 19 The noise removal using Median filter



그림 23 반사영상에서의 종양 후보 영역  
Fig. 23 Tumor candidate region in reflectance image





그림 24 융합 후 후처리 결과  
Fig. 24 Fusion and post-processing

#### 4 모의실험

앞 절에서 제안한 방법을 다른 닭 영상에 적용하여 모의실험을 수행하였다. 그림 22는 동일한 알고리즘을 새로운 닭의 형광영상에 적용하여 얻은 결과 영상이다. 반사영상으로부터 얻은 종양 후보 영역이 그림 23에 나타나 있다. 그림 24를 얻기 위해서는 주성분 분석 후, 1, 2, 7, 8번째의 주성분으로부터 구한 비트 조합을 사용하여 결과를 얻었다. 반대되는 값을 지닌 종양 부분에 의해  $q$  값의 선정에 따라 종양 부분의 값이 나타나거나 그렇지 않다. 그림 23을 얻기 위해 그림 17과 다른 주성분을 사용하였는데, 이는 주성분 분석의 특정한 주성분이 정상과 종양 부분에 대한 명백한 분류의 도구를 제공하지는 않기 때문이다. 따라서 어떤 주성분을 선택하여 정상과 종양을 구분하는데 사용할 것인가는 풀어야 할 문제로 남아 있다. 그림 24는 그림 22의 형광영상과 그림 23의 반사영상을 융합한 후 후처리한 결과를 보여준다. 앞 절에서 사용한 표본을 포함하여 10마리의 닭에 동일한 방법을 적용하여 표 1의 결과를 얻었다. 표 1에서 종양 개수는 닭에 있는 실제의 종양 수를, 검출 개수는 검출된 종양 수를 각각 의미한다. 오인식은 정상부분을 종양부분으로 오인식한 경우이며, 누락은 종양부분을 정상부분으로 오인식한 것으로 정의한다.

#### 5. 토의

본 논문에서는 특성이 서로 다른 형광영상과 반사영상을 이용하여 각각의 종양 후보 영역을 구한 후 이 두 결과 영상을 융합하여 종양을 검출하는 알고리즘을 제안하였다.

기존 알고리즘[7]은 형광영상의 특정 밴드 밝기 값과 종양 형태를 이용하여 종양 검출을 하였다. 이 방법은 입체적인 물체의 특성상 외곽으로 갈수록 어두워진 부분에 있는 종양이 검출되지 않는 경향이 있는데, 제안한 알고리즘은 외곽부분의 종양 검출에 개선된 결과를 보여주었다. 형광영상에서 종양 후보 영역을 검출하는 방법은 FCM과 유전자 알고리즘(GA)을 통한 학습으로 구한 4개 밴드의 밝기 비율 값을 이용하여 종양 후보 영역을 추출한다. 한편 반사영상에서는 종양 후보 영역을 검출하기 위해 주성분 분석(PCA)으로 얻은 수 개의 성분 이진영상과 영상의 비트 나열의 Hamming Distance 값을 비교하여 종양 후보 영역을 추출한다. 형광영

상과 반사영상을 통해 구한 종양 후보 영역을 융합한 후, 종양 형태를 고려한 필터링과 Morphology 기법을 사용하여 오인식 부분을 제거한 최종 결과영상을 얻는다.

본 연구는 영상 융합을 통해, 하나의 영상만을 이용한 때와 비교하여 상대적으로 빠르고 정확한 결과를 얻을 수 있는 방법을 제시했다는데 그 의의를 찾을 수 있다.

결과를 얻기까지 필요한 여러 가지 단계를 수행함에 있어 요구되는 효과적인 문턱치의 선정이 요구되었다. 형광영상의 경우는 FCM 알고리즘을 적용하여 그림 9의 결과를 얻었으며, 반사영상의 경우는 히스토그램의 분석을 통해 그림 15의 결과를 얻었다. 그러나 그림 15의 여덟 개의 영상에서 가장 효과적이라 판단되는 몇 개의 영상을 추출하는 방법은 향후 연구 과제로 남아 있다.

본 연구의 결과로 제시된 검출 결과는 제한된 닭의 수로 인해 아쉬운 점이 있다. 그러나 본 논문에서 사용한 알고리즘은 화소 단위로 적용하기 때문에 하나의 영상에 대해서도 영상 내에 존재하는 화소의 값만큼의 알고리즘이 적용되었다는 점을 강조할 수 있다.

#### 6. 결 론

본 논문은 두 가지의 서로 다른 형광영상과 반사영상을 이용하여 닭의 종양 부위를 검출하는 알고리즘을 제안하였다. 두 영상을 효과적으로 이용함으로써 기존의 형광영상만을 사용한 경우[7]에 비하여 향상된 검출 결과를 얻었다.

모의실험에서는 9마리의 닭에 제안된 알고리즘을 적용한 결과, 86%의 검출율과 14%의 누락율을 보여주었다. 본 연구의 결과가 앞으로 실제의 현장에서 사용하기에는 검출율을 향상을 위한 정확도와 검출시간의 개선이 요구되며, 앞으로 이를 위한 연구가 더욱 요구된다. 향후 본 연구를 실용화할 경우, 기존의 현장에서 발생하는 안정성, 생산성, 위생적인 측면에서 일어나는 여러 문제를 해결할 수 있는 계기가 될 것으로 판단된다.

앞으로 본 연구의 남은 과제로 반사영상을 처리하는 과정에서 종양 위치를 알려주는 벡터  $q$ 의 설정 방법이 자동화되어야 한다. 관련된 연구 방향으로서는 하이퍼스펙트럴 데이터의 압축, 종양에 대한 광학적 특징 규명 등을 예로 들 수 있다.

표 1 검출 결과

Table. 1 Detection Results

Image No.	종양 개수	검출 개수	오인식 개수	누락 개수
1	3	3	1	0
2	3	3	0	0
3	1	1	1	0
4	3	2	1	1
5	4	4	1	0
6	2	1	1	1
7	3	3	1	0
8	7	5	3	2
9	3	3	3	0
Total	29	25(86%)	12	4(14%)

**감사의 글**

본 연구는 한국 과학 재단 목적기초연구사업 (R05-2003-000-11268-0) 지원으로 수행되었음.

**참고 문헌**

[1] Chen, Y. R., "Classifying diseased poultry carcasses by visible and near-IR reflectance spectroscopy," Optics in Agriculture and forestry, SPIE 1836: pp. 46-55, 1993.

[2] Chen, Y. R., B. Park, R. W. Huffman, and M. Nguyen., "Classification of on-line poultry carcasses with backpropagation neural networks.," J. Food. Proc. Eng. 21: pp. 33-48, 1998.

[3] Chao, K., Y. R. Chen, W. R. Hruschka, and F. B. Gwozdz., "On-line inspection of poultry carcasses by a dual-camera system.," J. Food. Eng. 51: pp. 185-192, 2002.

[4] Zhou, L., Kambhamettu, C., Goldgof, D.B., "Fluid structure and motion analysis from multi-spectrum 2D cloud image sequences.," Computer Vision and Pattern Recognition, 2000. Proceedings. IEEE Conference on, Volume: 2, pp. 744-751, 2000.

[5] Huebschman, M.L., Schultz, R.A., Garner, H.R., "Characteristics and capabilities of the hyperspectral imaging microscope.," IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine, Volume: 21 Issue: 4, pp. 104-117, July-Aug. 2002.

[6] Yu Chen, Chenpeng Mu, Intes, X., Nioka, S., Chance, B., "Fast imaging of fluorescence labeled tumor.," Bioengineering Conference, 2002. Proceedings of the IEEE 28th Annual Northeast, pp. 77-78, 2002.

[7] Intaek Kim, Moon S. Kim, Yud-Ren Chen, "Application of Hyperspectral Imaging for Detection of Skin Tumors on Chicken Carcasses.," 2002 ASAE Annual International Meeting / CIGR XVth World Congress, July 28-July 31. 2002.

[8] Zhijiang Guo, Hongtao Zheng, Jinping Jiang, "A powerful modified genetic algorithm for multimodal function optimization.," American Control Conference, 2002. Proceedings of the 2002, Volume: 4, pp. 3168-3173, 2002.

[9] Chang-Su Park, Hungu Lee, Hyo-Choong Bang, Min-Jea Tahk, "Modified Mendel operation for multimodal function optimization.," Evolutionary Computation, 2001. Proceedings of the 2001 Congress on, Volume: 2, pp. 1388-1392, 2001.

[10] J.P.Stitt, R.L.Tutwiler, and A.S.Lewis., "Fuzzy C-Means Image Segmentation of Side-Scan Sonar Images.," Signal and Image Processing, Proc. of the IASTED Int. Conf. August 2001.

[11] Ahmed, M.N., Yamany, S.M., Mohamed, N., Farag, A.A., Moriarty, T., "A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data.," Medical Imaging, IEEE Transactions on, Volume: 21 Issue: 3, pp. 193-199, March 2002.

[12] Tsuhan Chen, Hsu, Y.J., Xiaoming Liu, Wende Zhang, "Principle component analysis and its variants for biometrics.," Image Processing, 2002. Proceedings. 2002 International Conference on, Volume: 1, pp. 61-64, 2002.

[13] Goodman, S., Hunter, A., "Feature extraction algorithms for pattern classification.," Artificial Neural Networks, 1999. ICANN 99. Ninth International Conference on (Conf. Publ. No. 470), Volume: 2, pp. 738-742, 1999.

[14] Jung, S., Thewes, R., Scheiter, T., Goser, K.F., Weber, W., "A low-power and high-performance CMOS fingerprint sensing and encoding architecture.," Solid-State Circuits, IEEE Journal of, Volume: 34 Issue: 7, pp. 978-984, July 1999.

[15] Shigematsu, S., Morimura, H., Tanabe, Y., Adachi, T., Machida, K., "A single-chip fingerprint sensor and identifier.," Solid-State Circuits, IEEE Journal of, Volume: 34 Issue: 12, pp. 1852-1859, Dec. 1999.

**저 자 소 개**



**김한열(金漢烈)**

1975년 9월 24일생. 2002년 명지대학교 정보제어공학과 졸업.  
 2001년~2003년8월 명지대학교 정보제어공학과 석사졸업.  
 관심분야 : 정보보호, 영상분석.  
 Tel: 031-330-6772  
 E-mail : hanyori@mju.ac.kr



**김인택(金仁澤)**

1960년 12월 25일생. 1984년 서울대학교 공과대학 전자공학과 졸업. 1986년 서울대학교 대학원 전자공학과 졸업(석사).  
 1992년 Georgia Institute of Technology, 전기공학과 졸업(공학박).  
 1993년-1995년 LG전자기술원 선임연구원.  
 1995-2003 명지대학교 정보공학과 부교수.  
 2003-현재 명지대학교 통신공학과 부교수.  
 2001-2002 미국농림부(USDA) Visiting Scientist.  
 연구분야 : 센서융합, 정보보호, 영상분석  
 Tel : 031-330-6772  
 E-mail : kit@mju.ac.kr