

논문 2004-41SP-4-7

적용 최적 임계화와 B-spline 적합을 사용한 CT영상열내 치아 분할

(Segmentation of tooth using Adaptive Optimal Thresholding and
B-spline Fitting in CT image slices)

허 훈*, 채 옥 삼**

(Hoon Heo and Ok-Sam Chae)

요 약

치과 분야에서 치아가 개별적으로 조작될 수 있는 3차원 치아 모델은 치과 치료와 시술 시뮬레이션을 위해 중요한 요소이다. CT영상으로부터 이러한 치아 모델을 재구성하기 위해서는 각 치아의 경계를 정확하게 분할할 수 있어야 한다. 그러나 기존의 3차원 재구성 시스템에서 사용되는 임계화 방법은 치아들과 치아와 비슷한 밝기의 치조골이 서로 인접해서 나타나는 CT 영상열에서 효율적이지 못하다. 본 논문에서는 CT영상에서 부드러운 치아 경계를 추출하기 위해 B-spline 곡선 적합을 이용한 치아 분할 방법을 제안한다. 성공적인 적합을 위해서 이전 슬라이스의 분할정보와 적용 최적 임계화 방법을 기반으로한 초기 경계 생성방법을 제안한다. 그리고 적합과정에서 이웃한 유사한 물체에 적합되는 것을 줄일 수 있는 유전자 알고리즘을 이용한 B-spline 적합방법을 제안한다. 평가결과 제안된 알고리즘은 개별치아의 경계를 성공적으로 검출하였으며 이를 이용하여 시술과 치료 과정의 시뮬레이션을 위한 치아의 3차원 모델을 정확하고 부드럽게 생성할 수 있음을 보였다.

Abstract

In the dental field, the 3D tooth model in which each tooth can be manipulated individually is an essential component for the simulation of orthodontic surgery and treatment. To reconstruct such a tooth model from CT slices, we need to define the accurate boundary of each tooth from CT slices. However, the global threshold method, which is commonly used in most existing 3D reconstruction systems, is not effective for the tooth segmentation in the CT image. In tooth CT slices, some teeth touch with other teeth and some are located inside of alveolar bone whose intensity is similar to that of teeth. In this paper, we propose an image segmentation algorithm based on B-spline curve fitting to produce smooth tooth regions from such CT slices. The proposed algorithm prevents the malfitting problem of the B-spline algorithm by providing accurate initial tooth boundary for the fitting process. This paper proposes an optimal threshold scheme using the intensity and shape information passed by previous slice for the initial boundary generation and an efficient B-spline fitting method based on genetic algorithm. The test result shows that the proposed method detects contour of the individual tooth successfully and can produce a smooth and accurate 3D tooth model for the simulation of orthodontic surgery and treatment..

Keywords : CT image, individual tooth segmentation, B-spline curve fitting, adaptive optimal thresholding.

* 정희원, 경희대학교 일반대학원 컴퓨터공학과
(Department of Computer Engineering, Graduate School, Kyunghee University)

** 정희원, 경희대학교 컴퓨터공학과(교신저자)
(Department of Computer Engineering, Kyunghee University)

접수일자: 2004년4월2일, 수정완료일: 2004년6월8일

I. 서 론

치아와 턱뼈의 정확한 모델링과 이를 이용한 치아 움직임의 시뮬레이션은 치과 치료와 시술의 계획을 수립하는데 있어서 중요한 역할을 한다. 본 논문에서는 CT

영상열로부터 각 치아를 개별적으로 자유로이 조작할 수 있는 3차원 치아 모델 재구성의 기반기술인 영상분할 방법을 제안한다. CT영상으로부터 인간의 장기 등을 3차원 재구성하는 시스템은 상용화되어 임상에 널리 사용되고 있다.^[1] 그러나 이들 시스템에서 널리 사용되고 있는 전역 임계화 방법은 연조직(soft tissue)과 골조직(hard tissue)의 분리에는 매우 효과적이다. 그러나 유사한 밝기를 갖는 치조골에 둘러싸인 치아나 이웃 치아와 접해 있는 치아를 CT영상에서 개별적으로 분리하는 방법으로는 적당하지 않다.^[2] 이러한 문제를 해결하기 위해 여러 방법이 제안되었다. Bohm과 Knoll^[2]은 워터쉐드(Watershed)를 이용하여 적응적으로 인접 물체와의 경계를 결정하면서 워터쉐드의 과분할 문제를 완화할 수 있는 방법을 제안하였다. 하지만 이 방법은 부드러운 경계를 갖는 하나의 치아 영역을 추출하는 데는 어려움이 많다.

B-spline적합을 사용하여 물체의 경계를 추출하는 활성 윤곽선 모델(active contour model)은 내부에너지(internal energy)와 외부에너지(external energy)로 구성이되는 목적 함수(objective function)를 최소화하여 최적의 경계를 찾는다.^[3] 내부에너지는 물체 경계의 매끄러움을 유지하기 위해 도입되었고 영상에서 물체의 밝기 특성을 이용하고자 외부 에너지가 모델링되었다. 그러나 이러한 목적함수는 경계에서 밝기 차이가 작아서 외부 에너지 성분이 상대적으로 작아지면 최적화된 경계가 작은 영역으로 축소되어 적합되는 경향이 있다.^[4] 물체의 경계를 표현하는 방법도 알고리즘의 성능을 결정하는 중요한 역할을 한다. 표현방법에 따라서 알고리즘이 추출할 수 있는 경계의 형태에 제약을 받으며 최적화 과정에서 많은 미분연산이 필요하기도 하다.^[5] Liu와 Ma^[6]는 치아를 대상으로 한 것은 아니지만 연속영상에서 B-spline 적합을 사용하여 물체영역을 분할하는 방법을 제안하였다. 이전 영상에서 검출된 에지를 물체의 초기경계로 하고 이 초기 경계와 현재 영상의 에지 사이의 거리의 합으로 목적(objective)함수를 구성하는 적합방법을 제안하였다. 그러나 이 방법은 사전에 정확한 에지검출을 필요로 하며, 주변에 유사한 물체의 에지가 존재할 경우에는 이 이웃 물체에 적합될 가능성이 높다. Brigger^[7]는 이진화된 물체의 에지 정보 대신 경사크기(gradient magnitude)를 기반으로 하는 B-spline snake를 제안하였다. 그는 적합되는 경계의 매끄러움을 유지하기 위해서 B-spline 함수^[8]에 추출

(sampling)된 점들의 수와 spline 매듭점(knot)들의 간격을 변화시킬 수 있는 stiffening 매개변수를 도입하였다. 이 방법은 CT 영상에서 비교적 매끄러운 타원형 경계를 갖는 치아를 추출하는 데 유리한 특성을 가지고 있다. 하지만 치아가 이웃 치아와 치조골에 접해 있는 경우에는 이웃 물체에 적합되거나 작은 영역으로 축소되어 적합되는 경우가 자주 나타난다.

본 논문에서 3차원 치아 모델의 생성을 위해 CT 영상에서 다른 치아나 치조골에 적합되지 않고 부드럽고 정확한 치아 경계를 추출할 수 있는 치아 분할 방법을 제안한다. 이를 위해서 먼저 실제 치아의 경계에 근접한 초기 경계를 생성하기 위한 적응 최적(adaptive optimal) 임계화 방법을 제안한다. 정확한 초기경계의 생성은 적합시 탐색 영역(search area)을 작게 함으로써 이웃 치아와 치조골의 영향을 최소화하여 잘못 적합(malfitting)되는 문제를 줄이고 계산량을 줄일 수 있도록 한다. 본 연구에서는 또한 보다 정확한 적합을 위하여 유전자(genetic) 최적화 알고리즘^[9]에 근거한 B-spline 적합 알고리즘을 제안한다. 이와 함께 이웃한 다른 물체의 에지에 적합되는 것을 막고 경사 크기의 합이 최대가 되는 경계를 찾을 수 있는 적합 함수(fitness function)를 제안한다.

본 논문의 구성은 II장에서 CT영상에서 치아분할의 문제점을 분석하고 이를 해결하기 위한 접근방법으로써 제안된 알고리즘을 단계적으로 기술한다. III장에서 적응 최적 임계화방법을 이용한 초기 치아의 경계를 설정하는 방법을 제안한다. IV장에서 초기 치아 경계를 사용하는 제안된 B-spline 적합 방법을 기술하고 V장에서 실험결과와 분석을 제시한다.

II. 제안된 알고리즘의 구조와 배경

1. 치아 CT영상의 특성과 배경

치아 CT영상은 치아영역의 분할관점에서 다음과 같은 특성을 갖는다.

- (a). 개별 치아는 보통 다른 골조직인 치아나 치조골과 이웃하여 나타난다.
- (b). 이웃한 골조직의 밝기값은 치아의 밝기값과 같거나 유사하다.

이러한 치아 CT영상의 특성으로 인하여 현재 3차원 재구성 시스템에서 널리 사용되는 전역 임계화에 근거한 영역 분할 방법들은 그림 1에서 볼 수 있듯이 효과

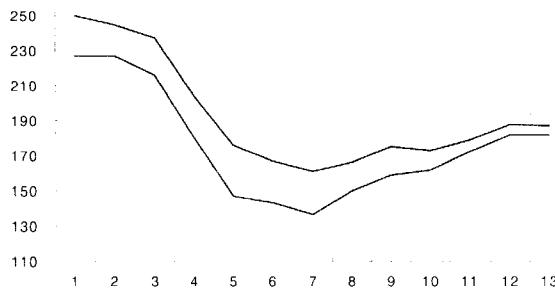


그림 1. 수동으로 결정된 슬라이스별 임계치
Fig. 1. Threshold values computed at each slice by manual.

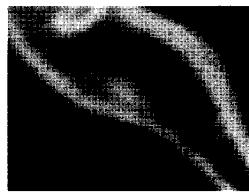


그림 2. 최적 임계치로 정확한 치아영역 분리가 어려운 영상
Fig. 2. Tooth image difficult to be segmented by optimal thresholding.

적이지 못하다. 그림 1은 한 치아에 대해서 임계화로 얻어진 치아영역의 정확도가 95% 이상으로 유지되는 임계치 구간을 슬라이스별로 보여주고 있다.

가로축은 슬라이스열을 나타내고 세로축은 임계치를 나타낸다. 임계치 구간의 상한과 하한은 사용자 상호작용으로(interactively) 결정되었으며, 정확도는 Zijdenbos의 유사인덱스(similarity index)^[10]를 이용하여 계산되었다. 그림 1의 결과는 모든 슬라이스에서 공통으로 사용할 수 있는 전역 임계치는 존재하지 않으며 각 슬라이스별로 적응적으로 결정되어야 한다는 것을 보여주고 있다.

주어진 영상에 대해서 최적의 임계치를 결정하였다 해도 경우에 따라서는 주변의 다른 치아나 치조골과 밝기 차이가 작아서 그림 2와 같이 치아영역을 다른 물체로부터 분리하는 것이 어려울 수도 있다.

그림 2처럼 경계가 불분명하거나 다른 유사한 물체와 접해 있어 정확한 영역검출이 어려운 문제를 해결할 수 있는 방법이 필요하다. Liu와 Ma^[6]는 영상 슬라이스 간 물체의 형태와 밝기값은 점진적으로 변하는 사실을 이용하여 치아 경계를 추출하는 적합방법을 제안하였다. 이 방법에서는 이전 영상에서 추출된 경계를 초기 경계로 사용하여 현재 영상에서 추출된 에지에서 치



그림 3. 인접한 두 슬라이스의 치아 경계들
(a) 슬라이스 37 (b) 슬라이스 38
Fig. 3. Contours of two adjacent slices.
(a) slice 37 (b) slice 38.



그림 4. 슬라이스 37의 경계를 초기 경계로 슬라이스 38에서 적합으로 추출된 결과
Fig. 4. The fitting result using the contour of slice 37 as an initial contour in slice 38.

아경계를 찾는 윤곽선 적합(contour fitting)을 수행한다. 이 방법은 전술한 문제점 이외에 그림 3과 같이 간과할 수 없는 슬라이스 간격 때문에 발생하는 초기경계의 부정확성으로 인한 문제가 존재한다.

슬라이스 간격이 1mm 내외인 치아 CT영상들에서 특정 치아의 형태는 그림 3의 (a)와 (b)처럼 큰 차이가 나며 이를 이용한 적합은 그림 4와 같이 주변 물체의 경계에 적합되는 오류가 발생한다. 이처럼 치아와 치아 그리고 치아와 치조골 사이의 간격이 좁거나 거의 없는 치아 CT 영상에 기존의 적합 알고리즘들을 적용하여 개별치아를 분리하는 것은 어려움이 있다.

이러한 문제점들을 극복하고 정확한 치아 영역을 분할하기 위해서 본 논문에서는 다음 사항을 고려하여 적합 알고리즘을 설계하였다.

첫째, 탐색 윈도우 영역을 줄이기 위해 가능한 정확한 적합의 초기 경계가 필요하다.

둘째, 적합 동작을 위한 비용 함수(cost function)는 치아의 경계가 가까운 물체의 경계까지 확장되어 결정되는 것을 막아야 한다.

2. 알고리즘의 구조

본 논문에서 정확하고 부드러운 치아 경계의 생성을 위해서 탐색범위를 최소화 할 수 있는 적응 최적 임계화 방법의 초기경계 생성방법과 유전자 최적화 알고리

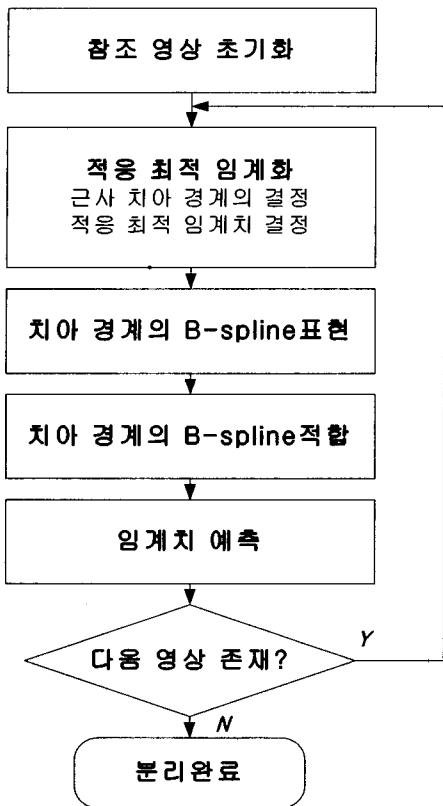


그림 5. 개별치아의 분할 과정

Fig. 5. Segmentation procedures for individual tooth.

증 기반의 B-spline 적합 방법을 제안한다.

치아 분할과정은 치아와 치조골이 가능한 분리되어 있는 참조영상을 선택함으로써 시작된다. 참조영상에서 사용자에 의해 개별치아와 치조골의 경계가 결정된 후 분할 결과는 다음 슬라이스로 전달된다. 개별 치아의 형태와 밝기값분포 특성은 그림 1에서와 같이 슬라이스마다 변한다. 각 치아는 자신만의 치아 형태와 밝기값 분포를 가지므로 분할은 개별 치아 단위로 수행된다. 일단 분할될 치아가 선택되고 참조영상이 초기화(initialize)되면, 치아 분할은 전 영상에서 전달된 분할 정보를 사용하여 각 슬라이스마다 수행된다. 제안된 분할알고리즘은 슬라이스내 각 치아에 대해 그림 5와 같이 수행된다.

먼저, 전 영상에서 예측된 임계치를 사용하여 적용 최적 임계화 방법으로 적합을 위한 보다 정확한 초기 치아 경계를 결정한다. 연속적인 두 슬라이스 사이에서 치아 영역 형태는 크게 변화할 수 있지만 밝기값 분포는 점진적으로 변한다는 사실에 근거하여 예측된 임계치를 사용하였다. 하지만 예측된 임계치도 주변의 유사한 밝기 특성을 갖는 치아와 치조골을 분리하는 데는

한계가 있다. 따라서 본 연구에서는 예측된 임계치로 근사적인 치아경계를 결정하고 이를 바탕으로 치아의 외부와 내부영역을 구분하여 히스토그램을 구한 다음 적용 최적 임계치를 결정한다. 이렇게 결정된 임계치에 의한 초기 경계는 전 영상에서의 경계나 근사적인 초기경계보다 치아의 실제 경계에 더 가깝다.

임계화 단계에서 추출된 초기치아경계는 적합과정을 위해 B-spline 보간(interpolation)^[8]으로 매개변수 함수로 표현된다. 치아 경계를 B-spline을 사용하여 표현할 경우 다음과 같은 장점들이 있다.

- (a) 적은 정보량으로 전체 폐곡선을 표현할 수 있다.
- (b) B-spline 표현 자체에 부드러움과 연속성이 내장(built-in)되어 잡음과 같은 작은 에지들을 극복할 수 있다. 폐(closed) B-spline 곡선으로 표현된 초기 치아 경계는 B-spline 적합(fitting)이 되어 최적의 치아 경계를 구하게 된다. 적합과정은 B-spline 초기 경계를 경사(gradient) 정보에 따라 확장하거나 축소하여 에너지 함수를 최대화하는 경계를 찾는다. 이와 같이 우리는 치아의 정확한 경계를 나타내는 곡선을 영상의 경사 정보를 기반으로 생성하였다.

III. 적용 최적 임계화에의한 초기 치아 경계 설정

전술한 것처럼 정확한 초기경계를 생성하기위한 적용 최적 임계화 방법은 연속적인 슬라이스 사이에서 치아의 밝기는 점진적으로 변한다는 사실을 이용하여 설계되었다. 제안된 초기 치아 경계의 생성 알고리즘은 주어진 슬라이스에 대해 아래와 같은 5단계로 구성된다.

- (1) 예측된 임계치를 이용하여 치아의 근사초기경계 결정
- (2) 근사적인 경계를 이용하여 치아의 외부와 내부 히스토그램을 생성한다.
- (3) 내부와 외부 히스토그램에서 잡음을 제거하고 가우시안(Gaussian) 적합을 수행한다.
- (4) 외부와 내부의 밝기값 분포함수를 바탕으로 적용 최적 임계치를 결정하고 최종 초기경계를 결정한다.
- (5) 다음 슬라이스를 위한 임계치를 예측한다.

1. 히스토그램의 생성

적용 최적 임계치 결정을 위한 치아의 외부와 내부 밝기값 분포 함수는 예측된 임계치를 이용하여 생성된

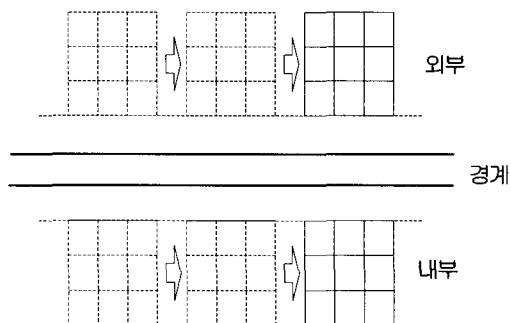
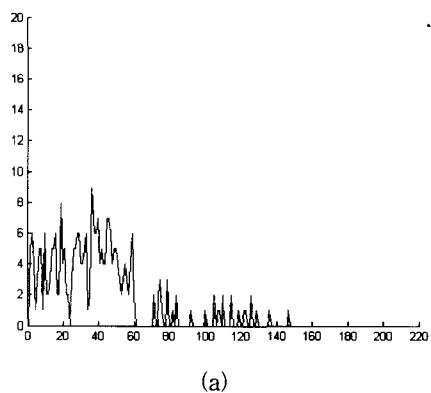
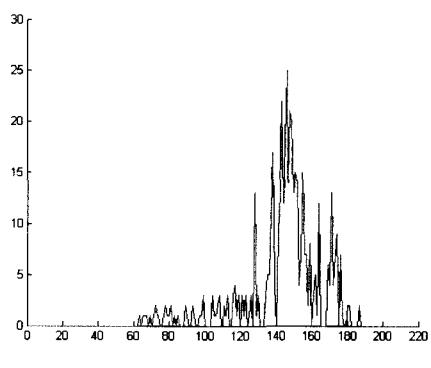


그림 6. 3*3 마스크를 이용한 치아의 내부와 외부영역 추적

Fig. 6. Inside and outside regions defined by 3x3 mask.



(a)



(b)

그림 7. 치아의 외부와 내부 영역의 히스토그램 (a) 외부 영역의 히스토그램
(b) 내부 영역의 히스토그램

Fig. 7. Histograms of inner and outer region of tooth (a) Histogram of an outer region (b) Histogram of an inner region.

근사초기 경계를 추적하면서 만들어진 히스토그램을 이용하여 계산된다. 즉, 근사 경계의 양쪽 면을 따라 그림 6과 같이 3*3 마스크를 위치시켜 추적함으로써 두개의 히스토그램을 생성한다. 이 때 경계의 방향설정에는 FMILL tangents가 사용된다.^[8]

그림 7은 한 치아에 대해 생성된 내부 영역의 히스토

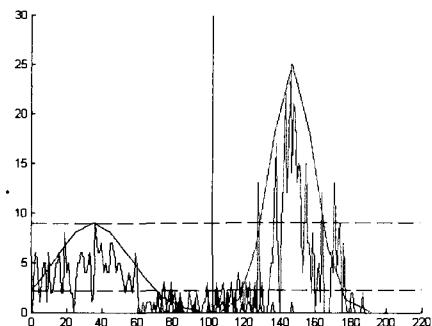


그림 8. "cross-over"화소들을 제거한 가우시안 함수 적합

Fig. 8. Gaussian fitting by eliminating "cross-over" pixels.

그림과 외부 영역의 히스토그램을 보여준다.

분할 오차를 최소화하는 최적 임계치를 계산하기 위해 평균과 분산을 계산하여 히스토그램을 가우시안 분포함수로 모델링하였다.^{[9][11]} 그러나 두 히스토그램을 만들기 위하여 근사 치아 경계를 사용하였기 때문에 각 히스토그램에 상대방 영역에 속하는 화소값들이 포함될 수 있다. 또 유사한 밝기값 분포를 가진 물체가 종종 가까이 인접하는 치아 CT영상의 특성도 에러를 발생시키는 원인이 된다. 따라서 정확한 임계치 계산을 위해 히스토그램의 가우시안 모델링과정에서 악영향을 주는 "cross-over" 화소들이 제거되어야 한다. 이를 위해서 먼저 각 히스토그램의 극(peak)값을 찾은 다음, 극값의 1/3보다 큰 화소값들만을 대상으로 가우시안 함수를 모델링하였다. 가우시안 함수가 결정된 후 두 히스토그램을 이용하여 최적 임계치가 계산되어진다.

2. 적응 최적 임계치의 계산

치아 내부와 외부 영역의 분포 함수가 구해지면, 외부 조직으로부터 치아를 분할하는 최적 임계치의 계산은 외부 영역의 조직(tissue)이 균일한 경우 간단히 구해진다. 그러나 외부 영역과 그 밝기값 분포는 슬라이스마다 변화한다. 하악골(mandible) 치아의 CT영상열에서 중간부분 슬라이스의 치아 외부 영역은 단지 빈 공기(air pocket)로 구성되어있다. 따라서 임계치 결정에 있어서 이 외부 영역은 슬라이스간 일정한 밝기값 분포를 나타내는 내부 영역에 비해 적은 정보를 제공한다. 치아 CT영상열의 아랫부분 슬라이스에서는 외부 영역내 치조골의 양이 증가한다. 이 부분 슬라이스에서 치아는 완전히 치조골에 둘러싸이기도 한다. 외부 영역이 치조골 또는 치아와 같은 다른 조직들로 구성이 되

면 외부 영역의 분포 정보는 임계치 계산에 있어서 중요해진다. 이러한 특징들을 고려하여 주어진 슬라이스 내 각 치아에 대해서 다음의 적용 최적 임계치 결정 방법을 제안한다.

$$T_{adapt_{opt}} = \begin{cases} \mu_i - 2\sigma_i & C_o/C_i < \alpha \\ T_{opt} & C_o/C_i \geq \alpha \end{cases} \quad (1)$$

위식에서 첨자 'o'와 'i'는 외부 영역과 내부 영역을 나타낸다. C 는 가우시안 분포함수를 모델링하기 위해 사용된 화소들의 개수이다. μ , σ 는 각각 가우시안 분포함수의 평균과 분산을 나타낸다.

매개변수 α 는 상수로써 경험적으로 0.3으로 설정되었다. 이는 치아의 외부와 내부 영역의 상대적인 비율이 30%이상이면 치조골의 영향을 고려하여 적용 최적 임계치로써 최적 임계화를 하려는 의도이다. 외부 영역 내 빈 공간 부분이 증가하면 외부 영역의 가우시안 분포함수의 형성에 기여하는 C_o 는 감소하므로 C_o/C_i 도 감소한다. 만약 C_o/C_i 이 α 보다 작으면 적용 최적 임계치 $T_{adapt_{opt}}$ 는 σ_i 와 μ_i 로써 나타난 내부 영역 분포 함수로써 결정된다. 그렇지 않으면 $T_{adapt_{opt}}$ 는 내부와 외부 분포 함수로써 나타난 다음 에러 함수를 최소화하도록 결정된다.

$$E(T) = P_i E_o(T) + P_o E_i(T) \quad (2)$$

여기서 $E_o(T)$ 는 임의의 임계치 T 에서 내부 영역의 화소가 외부 영역으로 분류될 확률이고, $E_i(T)$ 는 외부 화소가 내부 화소로 분류될 확률이다. 이 확률들은 다음과 같이 나타난다.

$$E_o(T) = \int_{-\infty}^T p_i(z) dz, \quad E_i(T) = \int_T^{\infty} p_o(z) dz \quad (3)$$

위 식에서 $p_o(z)$ 와 $p_i(z)$ 는 외부와 내부 영역의 밝기값 분포함수이다. P_o 와 P_i 는 외부 영역과 내부 영역의 priori 확률로써 다음 식과같이 계산된다.

$$P_o = \frac{C_o}{C_o + C_i}, \quad P_i = \frac{C_i}{C_o + C_i} \quad (4)$$

최적 임계치는 다음 식을 계산하여 얻어진다.

$$\frac{dE(T_{opt})}{dT} = 0 \quad (5)$$

위 식의 최종 해는 다음과같이 내부 영역과 외부 영역의 가우시안 분포 함수를 정의하는데 사용된 평균과 분산으로써 표현된다.

$$T_{opt} = \frac{-a \pm \sqrt{(a^2 - b(\sigma_o^2 \mu_i^2 - \sigma_i^2 \mu_o^2 + 2\sigma_o^2 \sigma_i^2 \ln(\sigma_i P_o / \sigma_o P_i)))}}{b} \quad (6)$$

$$a = \mu_o \sigma_i^2 - \mu_i \sigma_o^2 \quad b = \sigma_o^2 - \sigma_i^2$$

IV. B-spline적합에의한 치아 분할

1. 적합 초기 경계의 B-spline표현

전 단계에서 생성된 초기 치아 경계는 매개변수 형태로써 부드럽게 표현될 필요가 있다. 우리는 이 표현을 위해 균일 매듭열(uniform knot sequence)의 큐빅(cubic) B-spline을 선택하였다. 치아의 B-spline표현은 경계상의 잡음성 선분의 화소를 없애고 치아를 표현하는데 필요한 정보량을 크게 줄이는 장점이 있다. 치아의 경계점들로부터 등간격으로 추출되어 구성된 자료점의 행렬이 \mathbf{P} 일때 개별 치아의 폐 B-spline경계를 나타내는 제어점들인 d_0, K, d_L 는 다음의 균일 매듭열의 큐빅 B-spline 보간(interpolation) 식에 의해 제어점 행렬 \mathbf{D} 로써 얻어지고, 적합을 위한 초기 경계로써 사용된다.

$$\mathbf{K} \mathbf{D} = 6 \mathbf{P} \quad (7)$$

$$\mathbf{K} = \begin{bmatrix} 4 & 1 & & & & 1 \\ 1 & 4 & 1 & & & \\ & & & \ddots & & \\ & & & & \mathbf{0} & \\ & & & & & 1 & 4 & 1 \\ 1 & & & & & 1 & 4 & \end{bmatrix} \quad \mathbf{D} = \begin{bmatrix} d_0 \\ d_1 \\ \vdots \\ M \\ d_{L-2} \\ d_{L-1} \end{bmatrix} \quad \mathbf{P} = \begin{bmatrix} P_0 \\ P_1 \\ \vdots \\ M \\ P_{L-2} \\ P_{L-1} \end{bmatrix} \quad (8)$$

그리고 $d_0 = d_L$ 을 만족한다. 그림 9는 폐 B-spline곡선의 이러한 제어점들과 자료점들의 관계를 보여준다.

2. 적합을 위한 유전자 알고리즘의 설계

최종적인 치아 경계를 표현하기위해, 최적화과정으로써 유전자 알고리즘을 사용하는 B-spline 곡선 적합방법을 채택하였다. B-spline 곡선의 국부 제어성(local

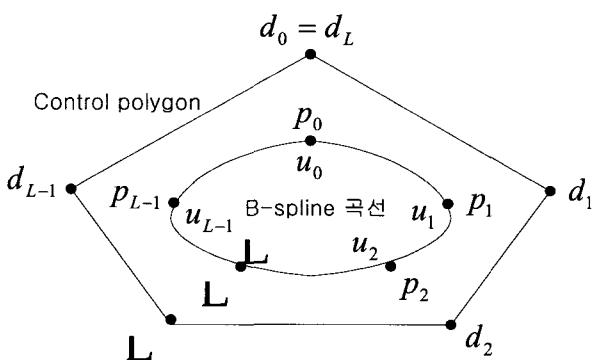


그림 9. 폐 B-spline 곡선을 형성하는 제어점들과 곡선

상의 자료점들

Fig. 9. Control points consisting closed B-spline curve, and its data points.

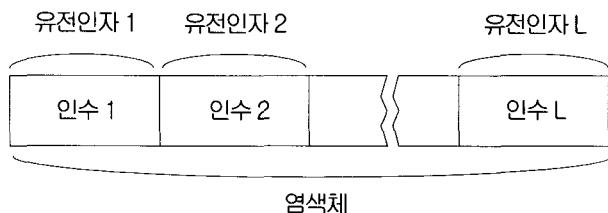


그림 10. 염색체의 구성

Fig. 10. A design for a chromosome.

controllability)으로 인해서 치아 경계의 제어점들은 유전자 알고리즘의 염색체(chromosome)의 구성원이 될 수 있다.^[12] 유전자 알고리즘은 치아와 치조골의 간격이 극히 작은 복잡한 영상으로 인해서 발생한 지역적 극점들(local extrema)을 극복하는데 매우 효과적이다.^[4] 또 해를 구하기 위해서 많은 탐색을 하지 않는다. 제안된 알고리즘에서 치아의 경계는 염색체의 집합인 개체군(population)으로 초기화된다. 각 염색체는 한 물체의 완전한 경계를 나타내는 L개의 B-spline 제어점들로 구성이 되었다. 즉, 염색체의 각 유전인자(gene)는 곡선의 개별 제어점이 된다. 여기서 유전인자의 값은 제어점의 실제 위치를 그림 10과 같이 인수(index)로써 나타낸다.^[12]

따라서 염색체는 하나의 완전한 경계를 나타내고 염색체내 각 유전인자는 제어점의 실제 위치를 나타내므로, 제안된 적합 알고리즘은 곡선의 위치를 결정하는데 모호한 점이 없으며, 특정한 형태의 경계로 치우치지 않게된다.^[5] 염색체의 최종 해를 얻기 위해서, 유전자 알고리즘은 재생산(reproduction 또는 selection), 교배(crossover), 돌연변이(mutation)의 진화과정을 거쳐 새로운 세대(generation)를 만들게 된다. 재생산 단계에서는 교배 동작을 위해, 개체군의 구성원과 같은 수의 염

색체가 재생산 규칙에 따라 선택되어 개체군으로부터 교배 집단(mating pool)이 생성된다. 본 연구에서는 토너먼트(tournament) 선택 방법을 사용하여 현재의 개체군으로부터 무작위로 두 염색체를 선택하고 그중 적합지(fitness value)가 큰 염색체를 선택하여 교배 집단을 만들었다.^[13] 교배 동작은 교배 집단에서 무작위로 두 부모 염색체를 선택하고 각 부모의 유전인자들을 교환하여 두 자식 염색체를 발생한다. 부모 염색체의 교환이 될 부분을 정하기 위해 우리는 한점을 기준으로 잘려져 교환이 되는 한 점(one point) 교환 방법을 사용하였다. 그런데 교배에 의해 각 제어점을 나타내는 유전인자의 내부가 절단되어 교환이 되면 유전인자의 값이 바뀌어 전혀 새로운 유전인자 만들어져 교배가 일어날 확률에 의해 의도치 않은 돌연변이가 발생하게 된다. 따라서 본 연구에서는 유전인자의 값 자체는 변경되지 않고 교환이 될 수 있도록 유전인자와 유전인자의 사이에만 절단점이 위치할 수 있도록 하였다. 이렇게하여 구성된 자식 염색체들은 교배 동작에 의해 오직 부모 염색체의 유전인자를 물려 받게 된다. 만약 현재의 개체군에서 최적해 염색체를 구성하는 유전인자들이 존재하지 않으면, 교배동작만으로는 최적해를 만들지 못한다. 돌연변이 동작은 새로운 유전인자를 만들므로써 이러한 문제를 해결한다. 이러한 진화연산의 마지막 단계에서는 염색체가 얼마나 좋은 값을 나타내는지 적합치를 조사하여 판단한다. 최종 상태에서는 단지 하나의 염색체가 해로써 남으며, 이 염색체는 실제 치아 경계에 적합된 최적의 경계 곡선을 나타낸다. 다른 치아들에도 이와 동일한 과정이 적용되어 최종 치아 경계가 얻어진다.

3. 치아 분할을 위한 적합 함수의 설계

연속 영상열에서 물체의 분할을 위해, 기존의 B-spline 적합 알고리즘은 현재 슬라이스에서 검출된 위치와 초기 경계의 거리를 최소화하는 목적 함수를 갖는다.^[6] 그런데 이러한 목적함수와 기존의 B-spline snake 방법의 목적 함수는 치아 주위에 다른 치아나 치조골이 인접해 있으면 치아 경계를 정확히 검출하지 못한다. 따라서 이러한 복잡한 환경에서 치아를 분할하기 위해, 적합 함수는 그 설계가 중요하다. 즉, 적합 함수는 치아의 초기 경계가 작은 영역으로 축소되는 것을 막기 위해서, 제어점들의 상대적인 위치 및 간격을 유지하여야 한다. 또한 이웃한 물체사이의 작은 밝기값 차를 이용하기위해 경사 정보를 이용하여야 한다. 제안된 적합

함수는 경계상에서 추출된 점들의 경사 값들의 합을 최대화하도록 구성되었다. 따라서 최대화될 적합 함수는 다음과 같다.

$$E = E_{\text{ext}} + E_{\text{int}} \quad (9)$$

여기서,

$$E_{\text{int}} = \alpha_1 \sum_{i=0}^{L-1} |d_i - d_{i+1}|^2, \quad E_{\text{ext}} = \alpha_2 \sum_{i=0}^{M-1} E'_{\text{ext}}(r(s)) \quad (10)$$

이다. 제어점들의 총 개수는 L이고 α_1 과 α_2 는 경험적으로 결정된 상수로써 $\alpha_1 = 1.5$, $\alpha_2 = 0.005$ 이 사용되었는데 이는 외부와 내부 에너지가 어느정도 균형을 이루어 전체 에너지에 기여하도록 결정되었다. 에너지 함수 내 내부 에너지는 제어점들의 상대적인 위치를 유지시킴으로써 발생한 경계가 초기 경계와 유사한 형태를 갖도록 한다. 외부 에너지는 곡선의 경로를 따라 연속적으로 추출된 M개의 점들의 경사 값들의 합을 바탕으로 계산이 된다. 초기 경계에 가까이 위치한 에지의 화소들에 높은 가중치(weight)값을 할당하고 초기 경계에서 멀리 떨어진 에지의 화소들에 낮은 가중치값을 할당하였다. 이렇게 함으로써 치아의 경계가 인접한 다른 물체의 경계까지 확장되어 버리는 것을 막는다. 초기 경계 생성시에 포함된 오류는 적합 과정에서 더욱 정확한 경계를 찾음으로써 완화되어진다. 가중치는 다음 식에 의해 계산된다.

$$E'_{\text{ext}}(r(s)) = \frac{1}{\sum_{i=n-1}^{n+2} \Delta d_i + 1} |\nabla I(r(s))| \quad (11)$$

$$u_n \leq s < u_{n+1}$$

여기서 ∇ 는 sobel 연산자와 같은 경사 연산자이고 n 은 제어점의 인수로써 $0 \leq n < L$ 이다. Δd_i 는 제어점 d_i 의 원래의 위치와 최적화과정에 의해 움직여진 위치와의 거리의 차이다. B-spline곡선 $r(s)$ 는 곡선이 큐빅차수인 경우 그림 11과 같이 매개변수 s 의 값에 연관된 4개의 B-spline 기저(basis)함수들로부터 영향을 받는다.

즉, 매개변수 s 가 매듭 간격 $u_n \leq s < u_{n+1}$ 에 속해 있으면 4 개의 B-spline기저 함수들에 의해 정의된 큐빅곡선 단편(segment)은 u_{n-3} 에서 u_{n+4} 에 걸쳐진다. 그런

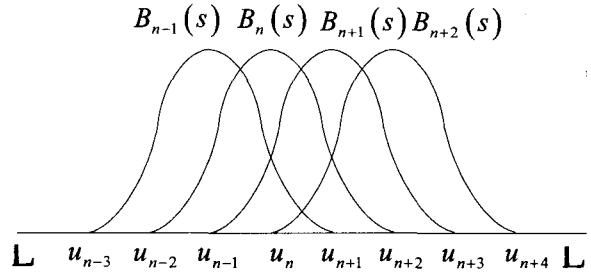


그림 11. 매개변수 s 가 $[u_n, u_{n+1})$ 에 속할 때 곡선 부분이 걸쳐지게 되는 구간과 대응되는 기저 함수들
Fig. 11. Interval spanned with the B-spline curve segment and the corresponding basis functions, when parameter s is included in $[u_n, u_{n+1})$.

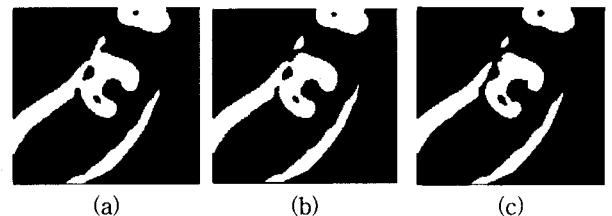


그림 12. 초기 경계 생성을 위한 개별 치아의 영역

(a) 전역 임계화 ($T = 169$)
(b) 치아 내부 정보만으로 분할된 영역
($T = 176 \mu_i = 201.14 \sigma_i = 12.52 \mu_o = 109.95 \sigma_o = 37.75$)
(c) 제안된 방법 ($T_{\text{adapt}} = 180$)
Fig. 12. Individual tooth region for initial contour.
(a) By global thresholding ($T = 169$)
(b) By using the inside information of tooth solely($T = 176 \mu_i = 201.14 \sigma_i = 12.52 \mu_o = 109.95 \sigma_o = 37.75$)
(c) By proposed method ($T_{\text{adapt}} = 180$)

데 균일 매듭열의 큐빅차수의 B-spline의 경우 매듭열 u 는 그림 9와 같이 곡선 단편들이 만나는 곳과 일치하여 제어점 d 와 일대일 대응이 된다. 또한 제어점들 $d_{n-1}, d_n, d_{n+1}, d_{n+2}$ 에 따라 균일 큐빅 B-spline의 곡선 단편을 독립적으로 다룰 수 있으므로 매개변수 s 의 위치에 따라 곡선단편 단위로 가중치를 할당할 수 있다. 본 연구는 초기 경계로부터 멀리 떨어진 에지일수록 인접한 치아나 치조골의 에지일 확률이 높다고 가정하여 적은 가중치가 할당되도록 하였다.

V. 실험결과 및 분석

정확하고 부드러운 경계추출 측면에서 제안된 초기

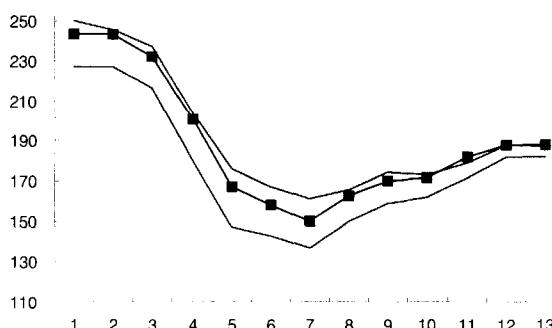


그림 13. 적응적으로 계산된 슬라이스별 임계치
Fig. 13. Threshold value computed at each slice for a given tooth.

경계 생성 알고리즘과 B-spline 경계 적합 알고리즘을 평가하였다. 평가자료는 치아의 하악골을 일반 CT 시스템으로 슬라이스 간격 0.67mm로 촬영한 영상 슬라이스들을 사용하였다. 그림 12는 물체의 실제경계에 가까운 초기 경계를 만들기 위해서 제안된 적응 최적 임계화 방법에 의해 생성된 치아 영역을 보여준다.

사용된 전역 임계치는 치아 CT영상내 치아들을 전체적으로 잘 분할하도록 사용자에 의해 결정되었다. 치아에 인접한 치조골들로 인하여 전역 임계화에 의한 방법으로는 개별 치아 영역의 검출이 실패하나 제안된 적응 최적 임계화 방법으로써 비교적 정확한 치아 영역을 생성한 것을 볼 수 있다. 치아 내부 영역의 분포정보만을 이용하여 계산된 임계치는 그림과 같이 이웃한 치조골이 존재하는 경우 인접한 치조골 화소들이 외부 히스토그램으로써 고려되지 않아 치아를 최적으로 분할하지 못하는 것을 볼 수 있다. 따라서 치아와 치조골을 분할하는 최적 임계치로써 적응 최적 임계치를 결정하였다. 이 개별 치아의 영역은 부드러운 경계의 치아 분할을 위해 초기 경계로 사용된다.

그림 13은 제안된 적응 최적 임계화 방법에 의해서 슬라이스별로 계산된 임계치를 보여주고 있다. 한 치아의 임계치를 슬라이스별로 자동으로 계산한 결과이다. 그림에서 상한값과 하한값은 그림 1과 마찬가지로 임계화로 생성된 치아영역의 정확도 95% 이상을 유지하는 임계치 구간을 정의한다. 이 구간은 상호작용으로 임계치를 조정하면서 얻어진 영역을 손으로 분할된 이상적인 영역과 비교하여 Zijdenbos의 유사인덱스^[10]를 계산하여 정의되었다. 그림 13은 치아분할에서 슬라이스 별로 임계치가 다르게 설정되어야 한다는 사실과 제안된

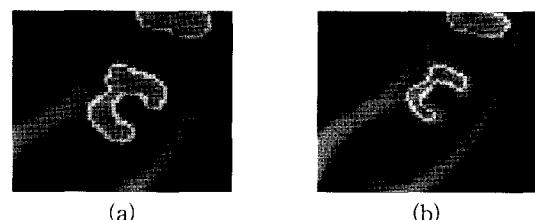


그림 14. 현재 슬라이스에 중첩된 초기 경계들
(a) 제안된 방법으로 생성된 초기 경계
(b) 전의 슬라이스에서 전달받은 경계
Fig. 14. The initial contours overlaid on the current slice.
(a) The contour by the proposed algorithm
(b) The contour passed from previous slice.

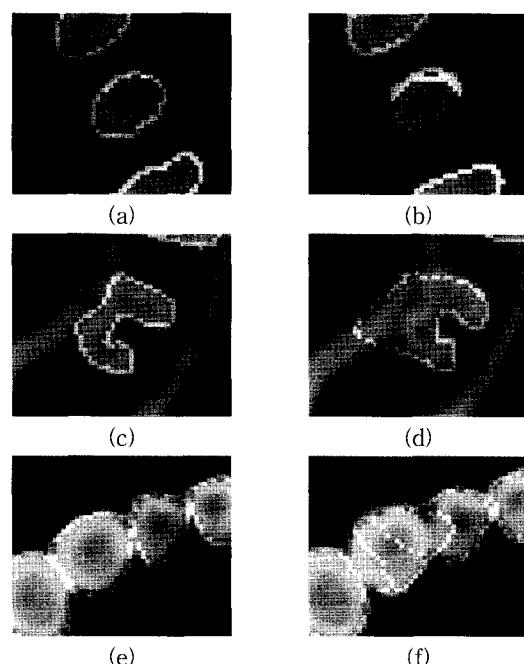


그림 15. 제안된 방법과 Brigger 방법으로 생성된 경계
(a)(c)(e) 제안된 방법 (b)(d)(f) 기존의 방법
Fig. 15. Contour generated by the proposed algorithm and Brigger's algorithm (a)(c)(e) the proposed method (b)(d)(f) the existing method.

알고리즘이 적응적으로 임계치를 계산하고 있음을 입증하고 있다.

그림 14(a)는 제안된 최적 임계화 알고리즘에 의해 생성된 초기 경계를 원영상에 중첩한 것이다. 그림 14(b)는 전 슬라이스에서 검출된 경계를 현재 영상에 중첩한 것으로 제안된 방법에 의해서 생성된 초기경계와 비교해서 큰 차이가 나는 것을 볼 수 있다. 초기경계가 실제 경계에 가까울수록 적합의 정확도가 높아진다.

그림 15는 제안된 방법과 Brigger에 의해서 제안된 B-spline snake방법^[7]을 적용한 결과 중 일부를 보여주고 있다. Brigger의 방법은 목적 함수로써 경사 크기 정

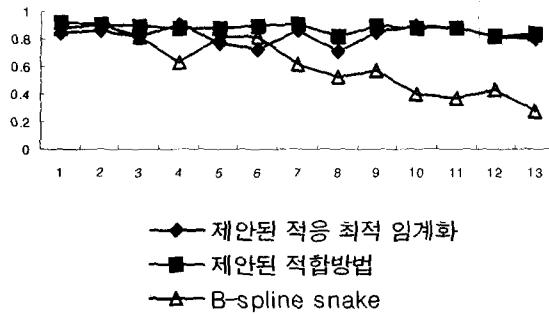


그림 16. 특정 치아에 대한 슬라이스별 유사인덱스

Fig. 16. The similarity index value at each slice for a given tooth.

보를 이용하는 외부 에너지와 경계의 매끄러움을 유지하기 위해서 stiffening 매개변수를 사용한다. 두 방법 모두 치아의 경계 곡선을 표현하기 위해서 13개의 제어 점이 사용되었고 Brigger의 방법인 B-spline snake의 stiffening 매개변수는 2를 사용하였다. 평가결과 치아가 단독으로 나타나는 경우에는 두 방법 모두 좋은 결과를 생성하였으나 가까이 치조골이나 다른 치아가 있는 경우에는 그림 15와 같이 제안된 알고리즘이 보다 좋은 결과를 생성하였다. 그림에서 볼 수 있듯이 기존의 방법은 작은 영역으로 쭈그리들거나 주변의 치아나 치조골로 경계가 확장되는 것을 볼 수 있다. 제안된 방법의 이러한 결과가 나타난 것은 정확한 초기경계의 추출로 탐색영역을 줄이고 치아분할을 위해서 특별히 고안된 적합함수의 사용으로 치아 영역이 작은 영역으로 축소되는 것을 방지하기 때문이다.

그림 16는 제안된 방법과 기존의 방법의 정확도를 나타내는 유사 인덱스 그래프이다. 한 어금니에 대해서 슬라이스별로 제안된 방법과 기존의 B-spline snake 방법을 적용하여 치아의 경계를 추출하여 그림 13에서와 같이 유사 인덱스를 계산하였다. 그림에서 가로축의 왼쪽은 치아의 치관부분의 슬라이스에 해당하고 오른쪽은 치아의 치근부분의 슬라이스를 나타낸다. 슬라이스 번호가 커짐에 따라서 치아를 둘러싸는 치조골의 양이 증가한다. 그림 16에서 볼 수 있듯이 치아 주변에 치조골이 없는 부분에서는 큰 차이가 없으나 치조골의 양이 많은 부분에서는 제안된 알고리즘이 보다 정확하게 치아를 분리할 수 있음을 보여주고 있다. 이 그래프를 통하여 임계치에 기반한 적응 최적 임계화로 분할된 초기 치아 영역은 적합과정을 통해 경사정보에 균가하여 더욱 정확해지는 것을 볼 수 있다. 또한 기존 방법의 주요



그림 17. 3차원 하악골 모델과 개별 치아의 조작

- (a) 개별 치아의 조작
- (b) 치아 발치 시뮬레이션

Fig. 17. 3D mandible model and manipulation of 3D tooth.

- (a) manipulation of individual tooth
- (b) simulation for having a tooth pulled

한 분할 실패 원인은 치조골 때문에 발생함을 알 수 있다. 치아 분할의 목적은 치아를 개별적으로 조작할 수 있는 3차원 치아 모델의 재구성이다. 제안된 방법은 특정 슬라이스에서 매끄러운 경계를 갖는 치아경계를 추출할 뿐만 아니라 슬라이스 간에도 매끄러운 경계를 추출한다. 그림 17은 제안된 분할 알고리즘으로 추출된 치아 경계들을 사용하여 재구성된 3차원 치아 모델을 보여준다. 각 치아가 독립적으로 모델링되어 개별적으로 조작될 수 있음을 보여주고 있다.

VI. 결 론

본 연구에서는 CT영상으로부터 부드러운 치아 경계를 추출하기 위해 B-spline 곡선 적합을 이용한 치아 분할 알고리즘을 제안하였다. 제안된 방법은 적응 최적 임계화 방법으로 실제 치아 경계에 근접한 초기 치아 경계를 생성함으로써 탐색영역을 최소화 하고, 치아 분할을 위해 고안된 목적함수와 유전자 알고리즘을 기반으로 하는 적합방법으로 인접한 치아나 치조골로부터 정확하게 치아영역을 분리하였다. 여러 조건하에 수행된 평가에서 제안된 알고리즘은 개별치아 분할을 위한 효율적인 방법임을 보여주었다. 또한 분할 결과를 이용하여 재구성한 3차원 치아모델은 치과 진료와 시술 시뮬레이션을 위한 새로운 가능성을 보여주었다.

참 고 문 헌

- [1] J. H. Ryu, H. S. Kim, K. H. Lee, "Contour based algorithms for generating 3D medical models," Scanning Congress 2001: Numerization 3D ses

- sion, Paris, France, April 4-5,2001.
- [2] G. Bohm, C. Knoll, V. G. Colomer, M. Alcaniz -Raya, S. Albalat, "Three-dimensional segmentation of bone structures in CT images," SPIE, vol.3661,pp.277-286, San Diego, California, 2,1999.
- [3] M. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos, "Snakes: Active contour models," International Journal of Computer Vision, vol. 1, pp.321-331, 1998.
- [4] L. Ballerini, L. Bocchi, "Multiple genetic snakes for bone segmentation," EvoWorkshops 2003, LNCS 2611, pp. 346-356, 2003.
- [5] A. Toet, W. P. Hajema, "Genetic contour matching," Pattern Recognition Letters 16, pp.849-856, 1995.
- [6] S. Liu, W. Ma, "Seed-growing segmentation of 3-D surfaces from CT-contour data, Computer-Aided Design 31, pp.517-536, 1999.
- [7] P. Brigger, J. Hoeg, M. Unser, "B-spline snakes: A flexible tool for parametric contour detection," IEEE Trans. on Image Processing, Vol. 9, No. 9, pp.1484-1496, 2000.
- [8] G. Farin, Curves and surfaces for CAGD, Academic Press, California, 1997.
- [9] E. K. P. Chong, S. H. Zak, An introduction to optimization, Wiley Interscience, New York, 2001.
- [10] A. P. Zijdenbos, B. M. Dawant, R. A. Margolin, A. C. Palmer, "Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: Method and validation," IEEE Trans. on Medical Imaging, Vol. 13, pp. 716-724, 1994.
- [11] K. Bilger, J. Kupferschlager, W. Muller-Schauenburg, F. Nusslin, R. Bares, "Threshold calculation for segmented attenuation correction in PET with histogram fitting," IEEE Trans. on nuclear science, vol. 48, no. 1, pp.43-50, 2001.
- [12] L. A. MacEachern, T. Manku, "Genetic algorithms for active contour optimization," ISCAS '98, Vol. 4, pp. 229-232, 1998.
- [13] C. Ooi, P. Liatsis, "Co-evolutionary-based active contour models in tracking of moving obstacles," ADAS., IEEE Conference, pp.58-62, 2001.

저자소개

허 훈(정회원)
제41권 SP편 제3호 참조

채 옥 삼(정회원)-교신저자
제41권 SP편 제3호 참조

