

단백질 결정학 빔 라인에서의 자동 샘플 정렬 알고리즘 개발

論 文

55D-7-2

Development of an Auto Sample Centering Algorithm at the Macromolecular Crystallography Beam Line of the Pohang Light Source

張 惟 進[†]
(Yu-Jin Jang)

Abstract - An automatic sample centering system is underway at the protein crystallography beam line of the Pohang Light Source to improve the efficiency of the crystal screening process. A sample pin which contains a protein crystal is mounted on a goniometer head. Then the crystal should be moved to the center of X-ray beam by controlling the motorized goniometer to obtain diffraction data. Since the X-ray beam is located at the center of the image obtained from the CCD camera when the image of the sample pin is in focus, an auto-focusing algorithm is a very important part in the auto-sample-centering system. However the results of applying several well-known auto focusing algorithms directly to the images are not satisfactory owing to the following factors: misalignment of CCD camera, non-uniform cryo-stream in the background of the image and the supporter of the loop. The performance of an auto-focusing algorithm can be increased if the algorithm is applied to only the loop region identified. Non-uniform cryo-stream and a various illumination condition and a stain, which is shown in the image, are main obstacles to loop region identification. In this paper, a simple loop region identification algorithm, which can solve these problems, is proposed and the effectiveness of the proposed scheme is shown by applying the auto-focusing algorithm to the loop region identified.

Key Words : Protein Crystallography, Loop Region Identification, Auto Sample Centering, Pohang Light Source.

1. 서 론

고분자 단백질의 3차원 구조 규명은 신약 개발을 위한 필수 과정이며 이러한 구조 규명은 단백질 샘플에 X선을 조사하여 얻은 회절 데이터를 분석하여 이루어진다. 현재 포항 방사광 가속기에서 단백질 결정학 빔라인을 운영중이며 사용자들의 수동 조작으로 X선 회절 데이터를 수집하고 있다. 따라서 단백질 샘플의 개수가 많을수록 회절 데이터를 얻기 위해서는 많은 시간과 노력이 필요하다. 회절 데이터 수집 효율을 향상시키기 위해 세계 여러 빔라인에서 자동화 시스템이 최근 몇 년 사이에 구축되고 있으며, 크게 단백질 샘플의 저장, 장착 및 정렬 시스템으로 이루어져있다.[1,2] 그림 1은 자동화 시스템 구축이 진행되고 있는 포항 가속기 연구소의 단백질 결정학 빔라인을 나타내고 있다. 샘플 핀(sample pin) 끝 부분의 원형 루프(loop)에 단백질 결정이 위치하며 이 샘플 핀은 측각도계 끝부분(goniometer head)에 장착된다. 그 후 측각도계의 모터를 조절하여 원형 루프를 X선 중심 위치로 이동시킨다. 루프 내 단백질 결정의 위치를 결정하고 그 단백질 결정을 X선의 중심으로 이동시킨다. 이 과정이 끝나면 X선을 방출하고 회절 데이터를 검출기(detector)를 통해 얻는다. 이러한 자동화 시스템은 반자동과 완전자동 시스템

으로 분류된다. 완전 자동 시스템은 모든 측정 과정에 사용자가 개입하지 않는 것을 말하며, 반자동 시스템은 루프를 X선 중심 위치로 이동시키는 과정까지만 자동으로 이루어지고 그 후 사용자에게 의해 루프 내 단백질 결정의 위치가 결정되면 측정을 시작한다.[2] 궁극적인 목표는 완전 자동 시스템 구축이지만 현재로서는 신뢰성 있는 반자동 시스템 구축이 목표이다. 이러한 자동화 시스템에서 단백질 샘플을 X선 중심 위치에 정렬하는 것은 매우 중요한 과정이다. 그림 2의 점 O는 X선의 위치를 나타내며 그 지점에 CCD 카메라의 초점이 맞도록 사전 설정되어 있다. X선 중심위치에 루프를 정렬 시키는 통상적인 과정은 다음과 같으며 이 과정을 자동화하면 반자동 시스템이 된다.[2] : 1. 루프를 CCD 카메라에서 얻은 이미지의 중심 지점으로 이동시킴. 2. 측각도계를 90도 회전시킴. 3. 다시 루프를 이미지의 중심 지점으로 이동시킴. 이 과정을 반복하면 루프는 X선 중심에 위치하게 된다. 그러나 이러한 방법은 언제나 이미지 속에 루프가 포함됨을 전제하고 있다. 또한 ALS(Advanced Light Source) 빔라인에 구축된 반자동 시스템의 예를 살펴보면 다양한 조명 조건에서 동작하지 못하는 단점이 있다.[2]. 만약 초점이 많이 맞지 않는 상태에서 루프를 화면의 중심으로 옮긴 후 측각도계를 90도 회전 시키면 CCD 카메라 화면에서 루프가 사라져 버리는 상황이 발생할 수도 있다. 물론 로봇을 사용하여 샘플장착 작업을 하는 것이기 때문에 화면을 벗어나는 일이 없을지도 모르지만 포항 가속기 연구소의 단백질 결정학 빔라인에 사용자들이 수동으로 샘플을 장착하는 경우를 관찰해보면 루프를 화면 중심으로 옮기고 측각도계를 90도 회전 시킬 때

[†] 교신저자, 正會員 : 東國大學 情報通信工學科 助教授 · 工博

E-mail : season@dongguk.ac.kr

接受日字 : 2006年 4月 17日

最終完了 : 2006年 5月 26日

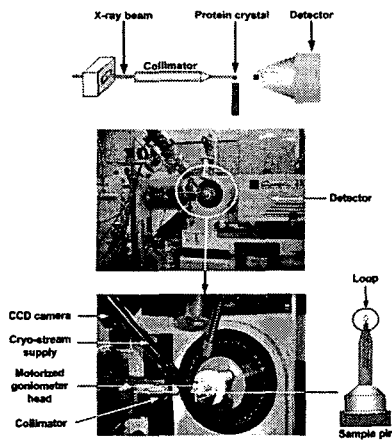


그림 1. 시스템 구조
Fig. 1. System structure

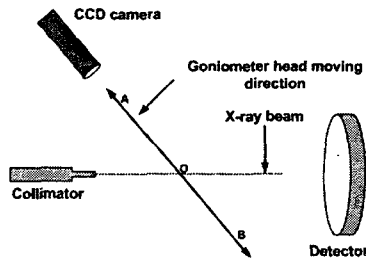


그림 2. 루프 정렬 과정
Fig. 2. Loop alignment

CCD 카메라에서 루프가 사라지는 상황이 가끔 발생하는 것을 알 수 있다. 따라서 로봇을 이용한 샘플 장착을 수행하더라도 위와 같은 상황이 발생하지 않으리라 장담할 수 없다. 단백질 결정학 빔라인에서 X선은 CCD 카메라 화면의 중심 부분 $300\mu\text{m} \times 300\mu\text{m}$ 영역에 위치하며 단백질 샘플을 포함하는 루프가 X선 중심 위치에서 대략 $700\mu\text{m}$ 벗어났을 때 (즉, 사용자가 보기에 루프는 화면의 중심에 있지만 깊이 방향으로 대략 $700\mu\text{m}$ 벗어났을 때) 측각도계를 90도 회전시키면 CCD 카메라 화면에 루프가 나타나지 않는다. 본 논문에서는 기존 방식과 달리 먼저 측각도계를 그림 2의 A, B 방향으로 움직이면서 초점을 조절하여 측각도계를 90도 회전시켰을 때도 루프가 이미지에 머물도록 하였다. 만약 초점 조절이 상당한 정확도로 이루어진다면 초점 조절과정만으로 루프를 X선 중심 지점에 위치시킬 수 있다. 이를 위해 초점 조절 알고리즘이 대략 $100\mu\text{m}$ 정도 떨어진 이미지들을 구별할 수 있으면 충분하다. 다양한 초점 조절 알고리즘들 [3,4,5,6,7]이 있으나 CCD 카메라로부터 얻은 이미지에 그대로 적용했을 때 다음과 같은 문제들이 발생한다: 1. 루프와 지지대가 동시에 같은 이미지에 나타날 때 초점이 지지대에 맞춰진다. 2. CCD 카메라와 그림 2의 직선 AB 방향이 정확히 평행이 아닌 경우 초점 조절을 위해 루프를 이동시킬 때 화면에 보이는 부분이 조금씩 달라져서 초점 조절 알고리즘의 정확도가 떨어진다. 3. 회절 데이터 측정 도중 단백질 샘플을 저온 상태로 유지하기 위해 사용되는 냉각 스트림 (cryo-stream)이 이미지에 불규칙하게 나타나서 초점 조절

알고리즘의 성능을 저해한다. 이러한 문제점들은 샘플핀의 루프 부분만을 식별하여 초점 조절 알고리즘을 적용하면 해결된다. 그러나 다양한 조명 조건, 불규칙한 냉각 스트림의 영향과 CCD 카메라에 이물질이 들어가서 생기는 이미지상의 얼룩은 루프영역 식별에 악영향 주는 요소이다. 본 논문에서는 이러한 악영향을 주는 요인에도 불구하고 루프 부분을 식별할 수 있는 간단한 알고리즘을 제시하였고 식별된 루프 영역에 자동 초점 조절 알고리즘을 적용하면 초점 조절과정만으로 루프를 X선 중심 지점에 위치시킬 수 있음을 실험을 통하여 보였다.

2. 루프 식별 알고리즘

2.1 이미지 수집 및 특징

CCD 카메라를 통해서 보여지는 단백질 샘플이 들어있는 루프의 이미지는 회절 데이터를 수집하는 빔라인 사용자들의 협조로 수집되었다. 그림 3에서는 회절 데이터 수집 시 발생할 수 있는 조명변화, 냉각 스트림의 영향, 다양한 루프 크기 및 이미지속 지지대 존재 유무를 보여주기 위해 수집된 이미지 중 대표적인 것 6개를 나열했다. 이들 이미지의 크기는 640×480 픽셀이며 우측 상부에 보이는 검은 점 형태의 얼룩은 배경이 밝을 때 눈에 띄며 CCD 카메라 내부에 들어간 이물질에 의한 것이다. 그림 3의 (d)를 이용하여 냉각 스트림이 어떤 영향을 주는지 알아보자. 우선 일반적으로 임펄스 형태의 노이즈를 없애기 위해 널리 사용되는 median 필터링을 적용한 후 이미지의 밝기(intensity) 값의 분포를 살펴보자 [8].

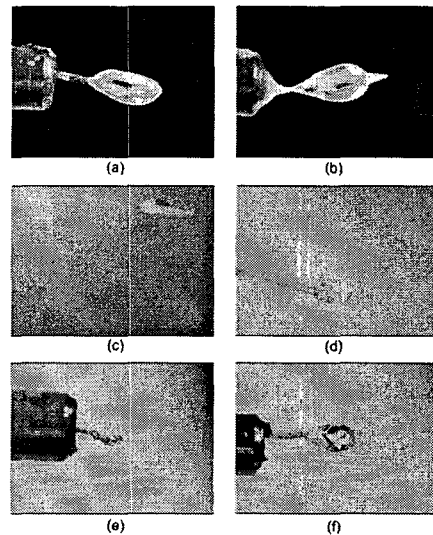


그림 3. 수집된 이미지
Fig. 3. Image collection

그림 4의 (b)는 8×8 크기의 median 필터링을 적용한 후 이미지의 밝기(intensity) 값이 같은 지점들을 등고선으로 연결하여 나타낸 것이다. 루프 부분과 루프 근처 냉각 스트림의 밝기 차이가 미미하기 때문에 문턱치(threshold value)를 조절하여 냉각 스트림의 영향을 제거하다 보면 루프도 제거되는 상황이 발생한다. 또한 냉각 스트림이 불규칙하게 단백질

샘플 쪽으로 쏘아지고 조명도 달라지기 때문에 단순히 문턱치를 설정하는 것만으로는 원하는 결과를 얻을 수 없다. 그림 4의 (c)와 (d)는 루프 위치를 대략적으로 결정할 때 이미지의 밝기 값을 X, Y축 방향으로 각각 더해서 관찰하는 투사(projection) 기법을 그림 4의 (a)에 적용한 결과이다. 본 경우에는 투사만으로 루프의 위치를 결정할 수가 없음을 알 수 있다.

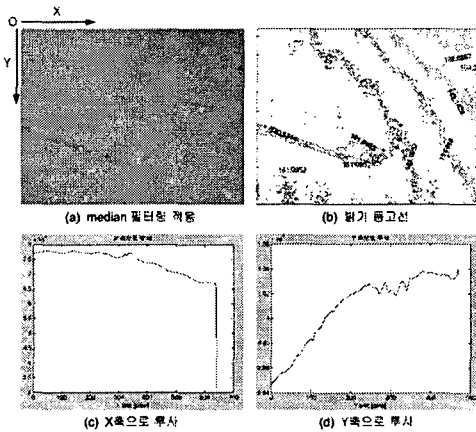


그림 4. 냉각 스트림의 영향
Fig. 4. An effect of cryo-stream

2.2 루프 식별 알고리즘

루프 식별을 위해서 가장 중요한 요소는 전술한 바와 같이 불규칙한 냉각 스트림의 영향을 효과적으로 없애는 것이다. 육안 관찰에 의하면 그림 3의 모든 경우에 대해 루프 식별이 가능하다. 이것은 루프와 루프 주변의 밝기 차이가 인식할 수 있는 범위 내에 있기 때문이다. 또한 냉각 스트림은 비교적 넓은 범위에 걸쳐 변하는 특징을 보이고 있다. 이 사실을 이용하기 위하여 이미지를 그림 5와 같이 10×10 블록으로 나누자. $W_{i,j}$ ($i, j = 1, 2, \dots, 10$)는 블록에 속한 픽셀(pixel)의 밝기 값을 나타내며 0 (black)에서 255 (white)의 범위를 가진다. 이 블록에 대해 각각의 열(column)에서의 밝기 차의 최대치를 D_i ($i = 1, 2, \dots, 10$)로 정의하자. 전체 이미지는 64×48개의 블록으로 나누어지며 각 블록의 대푯값 $B_{m,n}$ ($m = 1 \sim 48, n = 1 \sim 64$)을 다음과 같이 설정하자.

$$B_{m,n} = \begin{cases} 255 & \text{if all } D_i > \text{Threshold, } (i = 1 \sim 10) \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

열 방향으로 10개의 픽셀을 관찰하여 최대 밝기 차가 문턱치(Threshold) 이상이면 일단 어떤 물체가 존재할 가능성이 있다. 물론 냉각 스트림의 밝기 변화도 이 가능성에 포함된다. 그러나 냉각 스트림은 인접한 10개의 열에 대해서도 모두 문턱치 이상의 밝기 차이가 나기는 매우 어렵다. 식 (1)은 이러한 점을 이용해서 샘플 편이 존재할 가능성이 높은 곳을 표시한다. 이 문턱치의 값을 크게 설정하면 배경과 밝기 차이가 작게 나는 부분이 무시되는 경향이 있고 작게 설정하면 작은 밝기 차이가 나는 부분까지 찾아내지만 냉각 스트림에 의한 영향을 두드러지게 하는 역효과가 있다. 본 논문에서는 몇 번의 시행착오 끝에 문턱치를 5로 설정했다. 식 (1)을 이

용해서 결정된 $B_{m,n}$ 을 모아서 T 라는 행렬을 정의하고 이를 이용해서 루프 부분을 결정하자. 먼저 드물지만 냉각 스트림을 물체로 인식해서 $B_{m,n}$ 의 값을 255로 설정한 부분을 없애야 한다. 이는 간단히 행렬 T 에서 값이 255인 위치를 찾아 그 위치를 중심으로 3×3과 5×5 픽셀을 관찰하여 만약 그 중심점이 값이 0인 픽셀들로 둘러싸일 수 있으면 해당 중심점의 값을 0으로 설정함으로써 달성 된다. 이제 T 에 형태학적 이미지 닫기(morphological closing)를 수행하여 샘플 편 내부 부분을 채운다 [9]. 이때 사용된 구조요소(structuring element)는 5×5의 정사각형 블록이다. 이 과정은 전술한 투사(projection) 기법 적용 시 루프 부분의 밝기의 함을 크게 만들어 루프 식별을 쉽게 해준다. 그림 6은 그림 3의 (b)와 (d)에 대해 8×8 크기의 median 필터링을 적용한

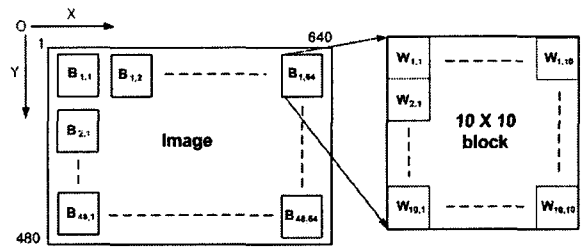


그림 5. 이미지 분할
Fig. 5. Division of an image

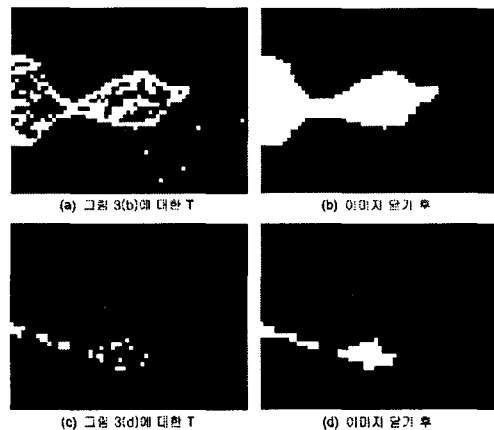


그림 6. 이미지 처리
Fig. 6. Image processing

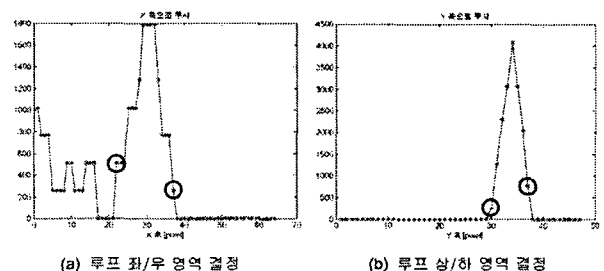


그림 7. 투사를 이용한 루프 위치 결정
Fig. 7. Determination of a loop region by using projection

후 각각의 T 를 구성하고 형태학적 이미지 단기 과정까지 수행한 결과를 나타냈다. 조명 조건이 현저히 다른 경우에 대해서도 냉각 스트립의 영향이 잘 제거됨을 관찰 할 수 있다. 이제 투사 기법을 이용하여 루프 부분의 위치를 결정 할 수 있다. 그림 6의 (d)에 대해 X 축 방향으로(열 방향) T 의 밝기 값을 모두 더하면 루프 부분이 두드러지게 되며 그림 7의 (a)에 나타내었다. 이 때 그림 4의 (c)와 달리 쉽게 루프의 오른쪽 끝부분의 위치를 결정할 수 있다. 그 후 루프 오른쪽 끝 위치에서 왼쪽에 있는 부분의 투사값 중 최소 값을 찾고 그 최소값 보다 20% 이상 큰 값을 가지는 부분들을 찾는다. 이 20%라는 수치는 몇 번의 시행착오를 통하여 결정 하였다. 만약 이 값이 너무 크면 최악의 경우 매우 작은 루프를 찾지 못할 수도 있다. 이제 최소값 보다 20% 큰 부분들 중 연속으로 이어져 있으면서 가장 오른쪽에 있는 부분을 찾고 그 부분의 왼쪽 끝을 루프의 왼쪽 끝점으로 정한다. T 에서 이러한 방법으로 결정된 루프의 왼쪽 경계와 오른쪽 경계 사이에 위치한 부분만을 이용하여 Y 축 방향으로 투사하면 그림 7의 (b)에서와 같이 루프의 상/하 부분의 경계를 쉽게 결정 할 수 있다. 그림 5에서 원래 이미지를 10×10 블록으로 나누었기 때문에 T 에서 결정된 루프 영역을 나타내는 경계 좌표 값은 원래 이미지에서의 경계 좌표 값으로 쉽게 변환될 수 있다.

2.3 루프 식별 결과

그림 3에 있는 다양한 조건에 대하여 제안된 알고리즘을 이용하여 루프 식별을 하였으며 그림 8에서 사각형 박스를 이용하여 식별된 루프 영역을 나타내었다.

3. 자동 초점 조절 알고리즘과의 연동

3.1 자동 초점 조절 알고리즘

자동 초점 알고리즘은 이미지의 그래디언트(gradient)를 이용한 방법[3], 라플라시안(Laplacian)을 이용한 방법[4], SML (Sum modified Laplacian)[5], SMD (Sum Modulus Difference)[6] 방법과 이들에 비해 성능이 뛰어나다고 알려진 MMDT(Min Max Difference Threshold) 방법이 있다.[7]

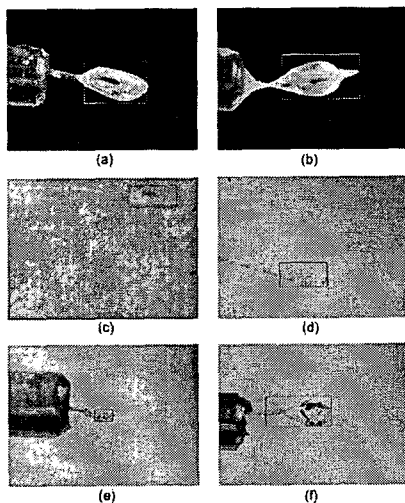


그림 8. 루프 식별 결과
Fig. 8. Results of loop region identification

(x, y) 를 이미지에서 픽셀의 위치라 하고 그 위치에서의 이미지의 밝기(intensity)를 $I_{(x,y)}$ 라 하자. MMDT를 제외한 나머지 방법에 대한 주요 내용을 표 1에 나타내었다. 각 알고리즘에 의해서 focus value가 계산되며 이 값이 최대가 될 때가 가장 초점이 잘 맞는 위치이다.

표 1. 자동 초점 조절 알고리즘
Table 1. Several auto-focusing algorithms

<p>Algorithm using gradient</p> $G_x = (I_{(x+1,y-1)} + 2I_{(x+1,y)} + I_{(x+1,y+1)}) - (I_{(x-1,y-1)} + 2I_{(x-1,y)} + I_{(x-1,y+1)})$ $G_y = (I_{(x-1,y-1)} + 2I_{(x,y-1)} + I_{(x+1,y-1)}) - (I_{(x-1,y+1)} + 2I_{(x,y+1)} + I_{(x+1,y+1)})$ $ G_{(x,y)} = \sqrt{G_x^2 + G_y^2}$ $focus\ value = \sum_x \sum_y G_{(x,y)}^2$
<p>Algorithm using Laplacian</p> $L_{(x,y)} = 4I_{(x,y)} - I_{(x,y-1)} - I_{(x,y+1)} - I_{(x-1,y)} - I_{(x+1,y)}$ $focus\ value = \sum_x \sum_y L_{(x,y)}^2$
<p>SML(Sum-Modified-Laplacian) algorithm</p> $ML_{(x,y)} = 2I_{(x,y)} - I_{(x-1,y)} - I_{(x+1,y)} + 2I_{(x,y)} - I_{(x,y-1)} - I_{(x,y+1)} $ $focus\ value = \sum_x \sum_y ML_{(x,y)}^2$
<p>SMD(Sum-Modulus-Difference) algorithm</p> $focus\ value = \sum_x \sum_y (I_{(x,y)} - I_{(x,y-1)} + I_{(x,y)} - I_{(x-1,y)})$

3.2 알고리즘 테스트를 위한 이미지 수집

현재 자동화가 진행중이기 때문에 아직은 수동으로 X선 중심 위치에서 벗어나는 정도를 조절하면서 이미지를 얻어야만 한다. 제안된 알고리즘 테스트를 위해 그림 9와 같이 9 지점에 대하여 이미지를 수집하였다. 그림 9(e) 위치에 대해서는 대략 $100\mu m$ 간격으로 이미지 수집을 할 수 있으며 나머지 위치에 대해서는 도구를 이용하여 대략 $230\mu m$ 간격으로 이미지 수집이 가능하다. 우선 수동으로 루프를 X선 중심 위치에 정렬 시키고, 그 위치 전후로 $100\mu m$ 또는 $230\mu m$ 씩 움직이면서 CCD 카메라로부터 이미지를 수집한다. 그림 10은 그림 9(c) 위치에 대해 $230\mu m$ 간격으로 수집된 이미지를 보여주고 있다. 이때 X선 중심에 정렬된 상태는 image 6이다.

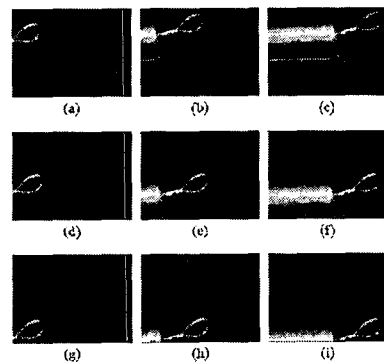


그림 9. 이미지 수집
Fig. 9. Loop position for image collection

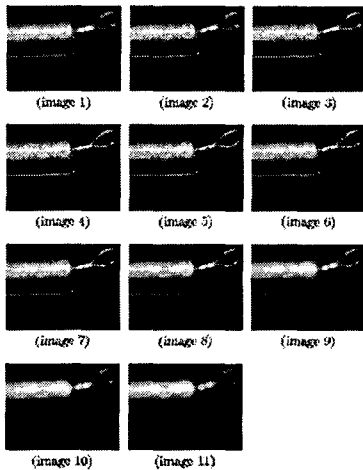


그림 10. 그림 9(c) 위치에서 수집된 이미지
 Fig. 10. Image collection for Fig. 9(c)

또한 초점 조절의 정확도를 테스트하기 위해 그림 9(e)위치에 대해 $100\mu m$ 간격으로 수집된 이미지들은 그림 11에 나타내었으며 X선 중심에 정렬된 상태는 image 7이다.

3.3 결 과

본 논문에서는 MMDT를 식별된 루프 영역에 적용한 것과 MMDT 및 다른 초점 조절 알고리즘을 이미지 전체에 적용한 것과의 결과를 비교하였다. 적용 결과 그림 9의 모든 위치에 대해 만족스러운 결과를 보여 주었으며 그 중 대표적인 결과 4개를 선택해서 그림 12에 나타냈다. 가장 초점이 잘 맞는 위치(X선 중심 위치)는 전술한 바와 같이 image 6이다(단 그림 9(c)에 대해서는 image 7임). 그림 12에서 normalized focus value는 각 위치에 대해 수집된 11장의 이미지에 대해서 계산된 focus value를 그들의 최대 값으로 나눈 것으로서 결과 관찰의 편의를 위한 것이다. 오직 제안된 방법만이 정확한 결과

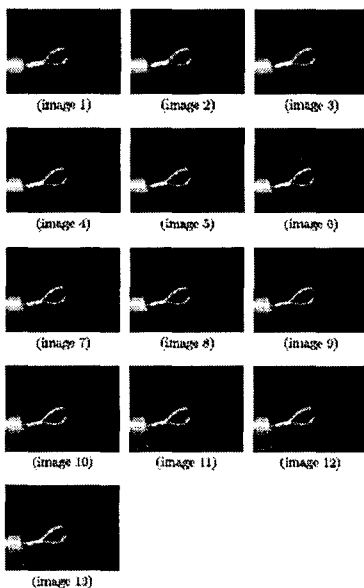


그림 11. 그림 9(e) 위치에서 수집된 이미지
 Fig. 11. Image collection for Fig. 9(e)

를 보였다. 마지막으로 $100\mu m$ 간격의 이미지를 구분해 낼 수 있는지 알아보기 위하여 그림 9(c)의 경우에 대해 제안된 방법을 적용하였으며 그림 13에 결과를 나타냈다. 그림 13을 보면 제안된 알고리즘이 $100\mu m$ 간격의 이미지를 구분해 낼 수 있음을 알 수 있다. 이는 샘플 정렬 시스템에서 사용될 수 있는 충분한 정확도이다. 따라서 제안된 방법은 측각도계를 반복적으로 90도 회전 시키면서 루프를 X선 중심 위치에 정렬 시키는 과정과 이 과정중에 이미지에 언제나 루프가 나타나야 하는 제약 조건을 가진 기존 방법 보다 효율적이라 할 수 있다. 또한 다양한 조명 조건에서도 루프 정렬을 할 수 있다는 장점이 있다.

4. 결 론

본 논문에서는 단백질 결정학 빔라인 자동화에서 중요한 부분을 차지하고 있는 단백질 샘플 자동 정렬 알고리즘을 제안하였다. 이를 위해 먼저 다양한 실험환경에서의 조명차이, 루프 크기 차이, 불규칙한 냉각 스트림의 영향에도 불구하고 루프 영역을 식별 할 수 있는 알고리즘을 제안하였고 식별된 루프 영역에 자동 초점 조절 알고리즘을 적용하여 초점 조절만으로 루프를 X선 중심 위치에 정렬 시킬 수 있음을 보였다. 이러한 방법은 기존의 반자동 시스템에서의 정렬 방법보다 효율적이다.

참 고 문 헌

- [1] Pohl E, Ristau U, Gehrman T, Jahn D, Robrahn B, Malthan D, Dobler H, Hermes C., "Automation of the EMBL Hamburg protein crystallography beamline BW7B", J. Synchrotron Rad. 11, pp. 372-377, 2004.
- [2] Gyorgy Snell, Carl Cork, Robert Nordmeyer, Earl Cornell, George Meigs, Derek Yegian, Joseph Jaklevic, Jian Jin, Raymond C. Stevens, and Thomas Earnest, "Technical Advance Automated Sample Mounting and Alignment System for Biological Crystallography at a Synchrotron Source", Structure, Vol. 12, pp. 537-545, 2004.
- [3] J. M. Tenenbaum, "Accummodation in computer vision", Ph.D. thesis, Stanford University, 1970.
- [4] Hanma, M. Masuda, H. Nabeyama and Y. Saito, "Novel technologies for automatic focusing and white balancing of solid state color video camera", IEEE Trans. on Consumer Electronics, vol. CE-29, no. 3, pp. 376-381, 1983.
- [5] S. K. Nayar and Y. Nakagawa, "Shape from focus", IEEE Tans. Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 16, pp. 824-831, 1994.
- [6] A. Jarvis, "Focus optimization criteria for computer image processing", Microscope, vol. 24, no. 2, pp. 163-180, 1976.
- [7] S. -H. Shin, J. -H. Park, K. -S. Kim, I. -J. Cho, and S. H. Kim, "A study on a new auto-focusing algorithm for digital cameras", Trans. KIEE, vol. 50D, no. 9, pp.

447-453, 2001.

- [8] R. C. Gonzalez, R. E. Wood, "Digital Image Processing 2nd ed.", Prentice Hall, 2002.
- [9] Rafael C. Gonzalez, Richard E. Woods and Steven L. Eddins, "Digital Image Processing Using MATLAB", PrenticeHall, 2004.

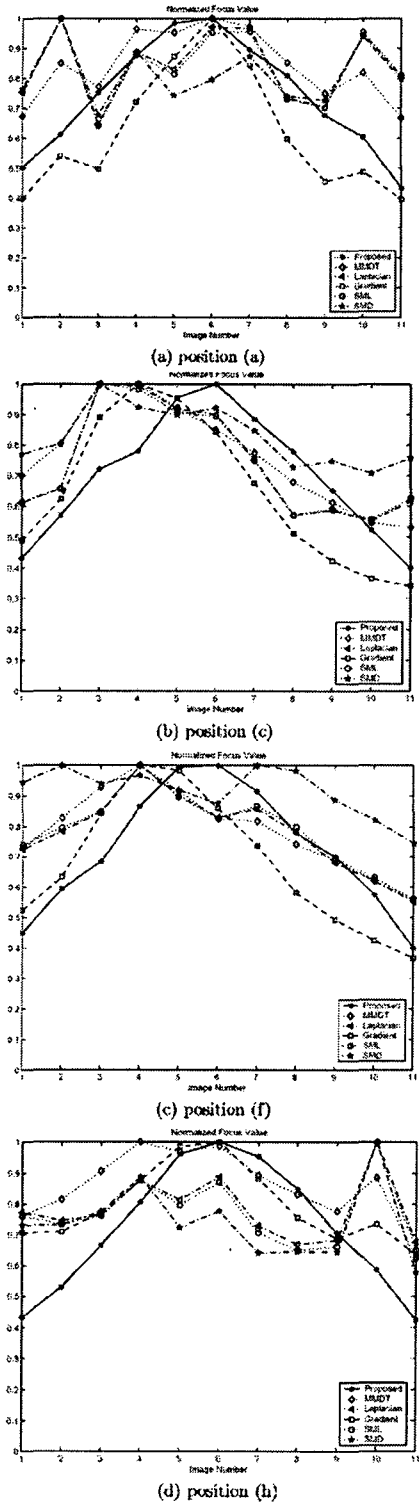


그림 12. 결과
Fig. 12. Results

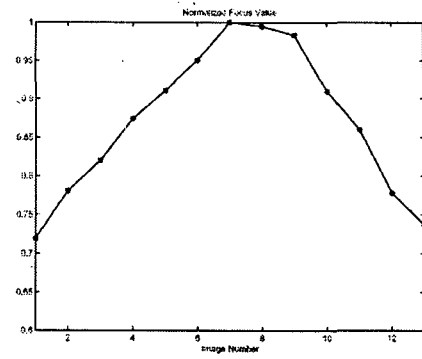


그림 13. 제안된 알고리즘 성능 테스트 결과
Fig. 13. Focusing resolution test of the proposed scheme

저 자 소 개



장 유 진 (張 惟 進)

1996년 한국 과학기술 대학교 전기전자공학과 졸업. 1998년, 2002년 포항공과대학교에서 석사, 박사학위를 받음. 2000년~2005년 철강 제어 연구센터 연구원. 2005년~현재 동국대학교 정보통신공학과 조교수.

Tel : 054-770-2275

E-mail : season@dongguk.ac.kr