논문 2006-43SC-4-2

초분광 영상 융합을 이용한 종양인식

(Hyperspectral Image Fusion for Tumor Detection)

허 성 철*, 김 인 택**

(Chengzhe Xu and Intaek Kim)

요 약

본 논문에서는 초분광 형광영상과 반사영상 융합을 이용한 닭의 종양인식방법을 제안하였다. 형광영상에 밴드비율을 적용하여 피부의 정상과 종양부분을 구분한다. 이를 위해 각각 부분의 확률밀도함수의 중첩된 면적을 최소화하는 방법을 사용하였다. 이 방법으로 획득한 4 개의 특징영상에 분할-합병법을 적용하여 형광영상 분류결과를 얻었다. 반사영상 분석에서는 단일 밴드가 정보량에 주는 영향에 근거하여 밴드 선택 방법을 제안하였다. 학습데이터에 의해 투영 축을 선택하는 선형변환을 정의함으로써 영상분류에 효과적인 많은 특징을 확보하였다. 이에 따라 반사영상에서도 세밀한 영상의 해석이 가능하였고 특징 선택의 자동화를 실현하였다. 반사영상에서 획득한 특징영상도 분할-합병법으로 분류하였으며 형광영상의 분류결과와 융합하여 종양을 인식하였다. 모의실험을 통해 제안한 방법은 기존의 방법에 비해 오인식이 낮음을 확인하였다.

Abstract

This paper presents a method for detecting tumors on chicken carcasses by fusion of hyperspectral fluorescence and reflectance images. Classification of normal skin and tumor is performed by the image obtained from optimal band ratio which minimizes the overlapping area of PDFs for normal skin and tumor. This method yields four feature images, each of them represents the ratio of two intensity values from a pixel. Classification is achieved by applying ISODATA to each pixel from the feature images. For the analysis of reflectance image, band selection method is proposed based on the information quantity, many effective features are acquired for the classification by defining the linear transformation selecting the projection axis, accordingly, accurate interpretation of images is possible in the reflectance image and automatic feature selection method is realized. Feature images from reflectance images are also classified by ISODATA and combined with the result from fluorescence images. Experimental result indicates that improved performance in term of reducing false detection rate is observed.

Keywords : hyperspectral image, feature extraction, KDE, band-ratio, PCA

I. 서 론

초분광 영상(hyperspectral image)은 넓은 대역의 스펙트럼에서 상대적으로 미세한 간격의 주파수 파장마다 얻은 영상들의 집합이다. 공간적인 정보와 주파수 특성 정보를 동시에 가진 3차원의 데이터로 형성되어 있으므로 관측물에 대한 많은 양의 정보를 제공한다.

초분광 영상 기술은 인공위성 및 카메라의 발전에 의해 원격탐사(remote sensing) 분야에서 시작하여 현재 여러 분야에서 활발히 응용되고 있다. 인공위성 또는 항공기를 통해 얻은 영상은 사용 목적에 따라 군사용 지리정보, 농작물 또는 건물 등의 분포, 태풍의 움직임과 형태 파악 등 여러 가지 응용에 사용된다[1]. 최근에는 의료영상 및 농축산물 등 분야로 그 응용이 확대되어 가고 있으며 다양한 분석방법에 의해 많은 연구가 진행되고 있다[2,3,4].

축산물 분야에서의 초분광 영상의 응용으로는 닭 피부 종양을 찾아내는 선행연구가 있었다. 미국 농무부

* 학생회원, ** 정회원, 명지대학교 통신공학과
(Department of Communication Engineering Myongji University)

※ 본 연구는 한국과학재단 지역대학 우수 과학자 지원 사업 (R05-2003-000-11268-0) 지원으로 수행되었음.

접수일자: 2005년12월14일, 수정완료일: 2006년7월5일

(USDA-United States Department of Agriculture) 소속의 ISL(Instrumentation and Sensing Laboratory)에서는 닭의 종양을 찾아내기 위한 방법으로 초분광 시스템을 이용하여 얻은 형광영상(fluorescence image)을 분석하였다. 분석방법으로는 몇 가지 주파수 영역에서 화소의 밝기 차이를 이용하였는데 정상과 종양부분의 구별을 극대화하는 주파수를 선택하였다. 그러나 조직의 특성에 따른 주파수 특성만으로 정상과 종양부분을 구분하였고, 인식기(classifier)를 설계함에 있어 정상과 종양 두 개의 클래스(class)만 있다고 가정하였기에 상당한 오류판정이 발생한다[5].

한편 닭의 종양을 찾아냄에 있어서 초분광 형광영상과 반사영상(reflectance image)의 융합에 의한 방법도 최초로 시도되었다[6]. 형광영상 분석에서는 ISL과 같은 방법을 사용하였고, 반사영상 분석에서는 주성분 분석을 적용하여 얻어진 주성분 영상을 선택적으로 이진화한 후 한 화소의 변화된 패턴을 통해 종양을 판단하였다. 그렇게 얻은 두 영상의 결과로부터 공동적인 부분을 찾고 종양이 가질 수 있는 크기를 고려하여 종양을 검출하였다. 그러나 모든 밴드를 선택하여 주성분 분석을 진행함으로 효과적인 특징영상을 획득할 수 없었고, 주성분 영상의 선택이 자동화되지 못하였다.

본 논문에서는 형광영상 분석에서 효과적인 특징을 추출하기 위해 커널분포추정 알고리즘으로 정상과 종양부분의 확률밀도함수를 구하였으며, 형광영상에 밴드비율을 적용하여 얻어진 데이터의 정상과 종양부분 확률밀도함수의 중첩된 면적을 원소로 하여 얻어진 65×65 행렬에서 구역 최소값을 구하는 방법으로 특징영상을 획득할 수 있는 밴드 쌍을 결정하였다. 밴드 쌍의 비율로 얻어진 4개의 특징영상은 분할-합병법으로 분류함으로써 형광영상의 분류결과를 얻었다.

반사영상 분석에서는 공분산 행렬의 고유값에 기초하여 주성분 분석에서의 효과적인 특징추출을 목표로 하는 밴드 선택 방법을 제안하고, 학습데이터에 의해 투영 축을 선택하는 선형변환을 정의함으로써 많은 특징을 확보하여 반사영상에서도 세밀한 영상의 해석을 할 수 있었으며 특징 선택의 자동화를 실현하였다. 반사영상에서 획득한 특징영상도 분할-합병법으로 분류하였으며 형광영상의 분류결과와 융합함으로써 종양을 인식하였다. 모의실험을 통하여 제안한 방법의 오인식이 기존의 방법에 비하여 낮음을 확인하였다.

Ⅱ. 영상 융합을 이용한 종양 검출 알고리즘

1. 형광영상을 이용한 종양 후보 영역 추출

형광영상은 형광램프를 광원으로 이용할 때 연속된 여러 개의 파장에서 얻은 영상이다. 본 논문에서 사용하는 형광영상은 [425nm, 710nm] 파장범위에서 65개의 파장을 균일한 간격으로 선택하여 얻어진 영상이다.

가. 학습과정

그림 1의 초분광 형광영상의 일부 밴드 영상을 보면 형광영상에서는 화소의 밝기 값에 의해 정상과 종양부분에 대한 구분이 상당히 이루어진다. 그러나 자세히 살펴보면 정상과 종양부분의 화소들의 밝기가 중첩되어 있는 부분도 적지 않게 발견된다. 따라서 화소의 밝기 값만을 특징으로 하여 영상 분류를 진행하면 오인식의 확률이 높아질 뿐만 아니라 모든 파장 영역의 값을 사용하는 것 또한 그 개수가 많아 비현실적이다.

이로부터 초분광 형광영상의 식별을 위해서는 효율적인 특징 추출을 위한 특징공간의 변환이 필요하며, 이와 동시에 차원축소도 이루어져야 한다. 즉 용이한 식별을 위해서는 클래스 군집 내부의 패턴들은 서로 모이고, 다른 클래스의 군집들은 멀리 떨어지도록 해야 하며 패턴의 차원도 원 데이터보다 줄어들게 하여 '차원의 유해로움(curse of dimensionality)'를 제거하는 것이 바람직하다. 특징공간의 변환이란 주어진 특징공간을 특징패턴의 분포를 가장 잘 근사시킬 수 있는 다른 한 공간으로 전개시키는 처리이다.

형광영상의 학습데이터는 그림 1의 영상에서 정상과 종양부분의 일부를 선택했다. 그림 2는 정상과 종양부분의 학습데이터에서 21번째 밴드에 해당하는 데이터로

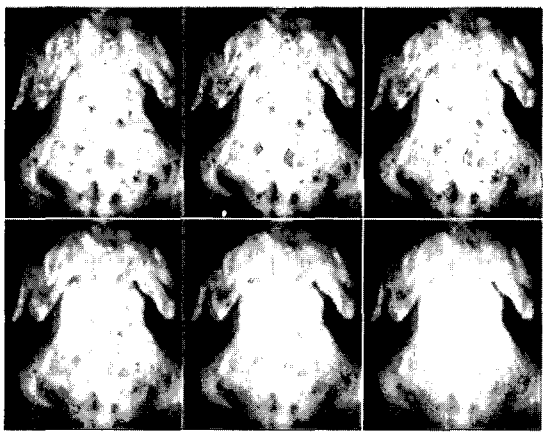


그림 1. 형광영상의 일부 밴드 영상
Fig. 1. Examples of fluorescence band images.

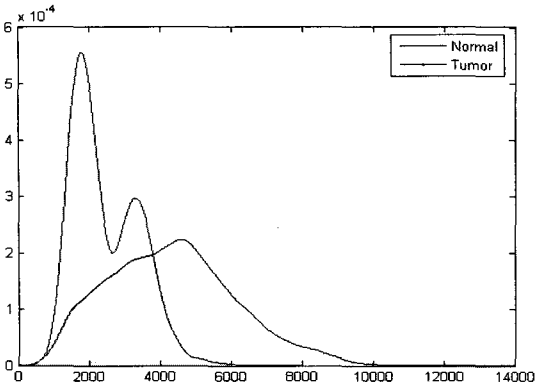


그림 2. 21번째 밴드에서의 정상과 종양부분 확률밀도함수

Fig. 2. PDFs of normal and tumor in the 21st band image.

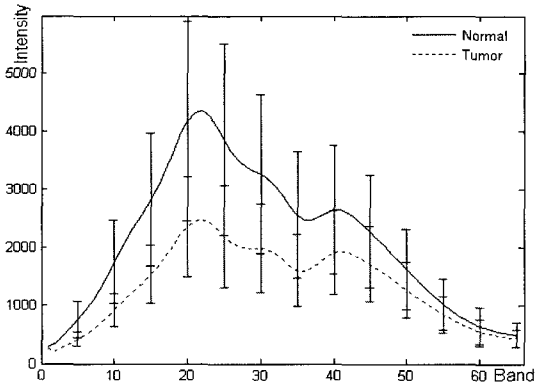


그림 3. 형광영상의 밴드별 밝기

Fig. 3. Band intensity of fluorescence image.

각각의 확률밀도함수를 그림으로 표시한 것이다. 그림에서 보면 정상과 종양부분의 확률밀도함수는 많이 중첩되어있고 종양부분 확률밀도함수는 두 개의 피크가 나타나있다. 오인식의 확률은 정상과 종양부분의 확률밀도함수의 중첩된 면적에 정비례함으로 화소의 밝기만을 사용하면 오인식의 확률이 상당히 높아짐을 알 수 있다. 또한 종양부분의 확률밀도함수는 두 개의 피크가 나타남으로 종양부분을 하나의 클래스로 가정하여 분류하면 역시 오인식의 확률이 높아짐을 알 수 있다.

그림 3은 형광영상에서 정상과 종양부분의 밴드별 밝기 스펙트럼을 표시한다. 스펙트럼을 분석하면 밴드가 변함에 따라 정상과 종양부분의 스펙트럼 변화에는 명확한 차이가 있다. 이러한 스펙트럼 특성은 절대적인 밝기 값에 의존하지 않고, 상대적인 값을 이용하는 것이 탐색의 신뢰도를 높일 수 있음을 말해준다. 이를 위해 x번째 밴드와 y번째 밴드에서의 밝기를 각각 I_x, I_y라고 표기하고, 이 두 밴드의 밝기 비율 I_x/I_y는 형광영상을 이용하여 종양 후보 영역 탐색에 있어 특징으로

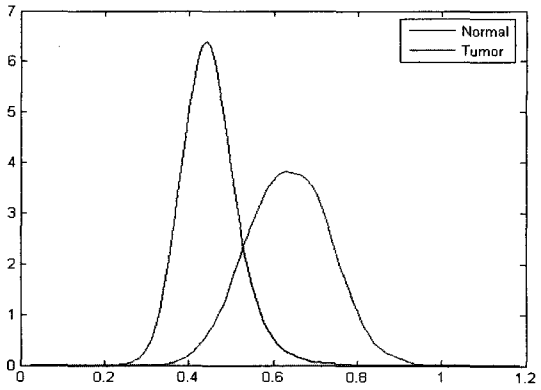


그림 4. I_{51}/I_{17} 에서의 확률밀도함수

Fig. 4. PDFs of normal and tumor in I_{51}/I_{17}.

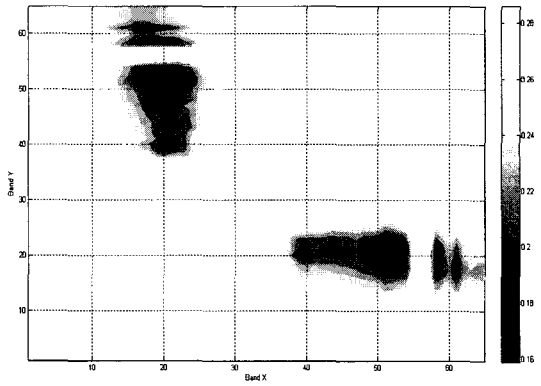


그림 5. Iy/Ix 에서 정상과 종양부분 밀도함수의 중첩된 부분의 면적

Fig. 5. The overlapping area of two PDFs.

사용한다. 그림 4는 I_{51}/I_{17}에서 정상과 종양부분의 확률밀도함수를 보여준다. 그림에서 보면 정상과 종양부분의 확률밀도함수의 중첩된 면적이 그림 2보다 작아졌고, 종양부분 확률밀도함수도 하나의 피크를 갖고 있다. 이로부터 밴드비율은 주어진 특징공간을 패턴의 분리에 적합한 다른 한 공간으로 전개시킴을 확인하였다. 밴드비율에 의해 원 데이터를 다른 특징공간으로 전개한 후 정상과 종양부분을 가장 효과적으로 구분할 수 있는 몇 개의 밴드 쌍은 확률밀도함수의 중첩된 면적이 작은 것을 선택하는 방법으로 구할 수 있다.

정상과 종양부분의 확률밀도함수를 각각 $f_N(n)$과 $f_T(n)$이라 하고, 샘플사이의 거리를 δ_n이라 하면, 최소화시키고자 하는 확률밀도함수의 중첩된 면적 P_S는 식 (1)에 의해 결정된다.

$$P_S = 1 - \frac{1}{2}\sum_{i=1}^{K} | f_N(i) - f_T(i) | \delta_n \qquad (1)$$

최적의 비율을 위한 밴드 쌍을 찾기 위해 학습 데이

터를 이용한 정상과 종양부분의 확률밀도함수의 추정이 우선되어야 한다. 본 논문에서는 식 (1)의 확률밀도함수를 커널분포추정(kernel density estimation: KDE)[7] 알고리즘을 사용하여 구하였다. KDE알고리즘은 아래와 같다.

확률변수 X의 확률밀도함수의 정의는 다음과 같다.

$$f(x) = \lim_{h \to 0} \frac{P(x < X \leq x + \sigma)}{\sigma}$$

여기서 P는 확률을 의미한다. 이 확률분포로부터 나온 임의의 N개의 샘플 데이터들을 $S = \{x_i\}_{i=1}^{N}$이라 할 때, 어떤 작은 값 σ에 의한 확률분포의 추정치를 위의 정의에 근거하여 다음과 같이 표현할 수 있다.

$$\hat{p}(x) = \frac{no.\ of\ |x - x_i| < \sigma}{2\sigma N}$$

즉, x로부터 σ거리이하에 있는 샘플 x_i 개수를 간격 2σ와 샘플 수 N으로 나눈 것이다. 여기서 $w(x)$를 정의하여 식을 다시 쓰면 다음과 같다.

$$\hat{p}(x) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N} \frac{1}{\sigma} w\left(\frac{x - x_i}{\sigma}\right)$$

$$w(x) = \begin{cases} \frac{1}{2} & \text{if } |x| < 1 \\ 0 & otherwise \end{cases}$$

여기서 $\frac{1}{\sigma} w\left(\frac{x - x_i}{\sigma}\right)$는 샘플 포인트 x_i를 중심으로 너비가 2σ이고 높이가 $\frac{1}{2\sigma}$인 사각형 모양의 함수이다. 이제 미분이 가능하기 위해 w대신에 다음 조건을 만족하는 함수 K를 도입한다.

- 대칭 (symmetric)이다.
- 중심으로부터 멀어질수록 단조감소 한다.
- 미분 가능한 스므딩 (smoothing) 함수이다.
- 확률밀도함수의 성질을 만족한다.

$$\left(\int_{-\infty}^{\infty} K(x)dx = 1, \quad K(x) > 0\right)$$

K함수를 도입했을 때의 확률분포의 추정치는 다음과 같다.

$$\begin{aligned} \hat{p}(x) &= \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N} \frac{1}{\sigma} K\left(\frac{x - x_i}{\sigma}\right) \\ &= \frac{1}{N} \sum_{i=1}^{N} K_\sigma(x - x_i) \end{aligned} \tag{2}$$

여기서 각 샘플 포인트 x_i가 중심인 N개의 K_σ가 모여 확률분포를 추정하게 된다. K_σ는 커널함수라고 부르며 σ는 K_σ의 너비로서 bandwidth 이다. σ가 너무 크면 추정의 세밀함이 떨어지고, σ가 너무 작으면 추정된 분포의 굴곡이 원래의 분포보다 심해진다. 커널함수로 자주 쓰이는 함수로는 가우시안 분포함수가 있다. 샘플의 개수 N이 무한대로 감에 따라 KDE에 의해 추정된 분포는 평균 제곱이 수렴(convergence in mean square)하여 실제 분포에 근접한다.

형광영상의 학습데이터를 식 (2)에 입력하여 추정된 정상과 종양부분의 확률밀도함수를 식 (1)에 대입하여 얻어지는 P_S값에 근거하여 65×65 매트릭스를 생성한다(그림 5 참조). 이 때, 행렬의 구역 최소값을 결정하는 방법에 의해 얻어지는 최적의 밴드 쌍은 61/18, 58/19, 52/21, 40/21이다 (P_S값으로 형성된 65×65 행렬에서 대각선 위부분에서 선택한 결과). 그림 6의 네 개의 영상은 위에서 얻은 네 개의 밴드비율로 얻어진 특징영상이다. 여기서 불필요한 배경부분을 제거하기 위하여 특징영상에 그림 7과 같은 마스크를 씌웠다. 네

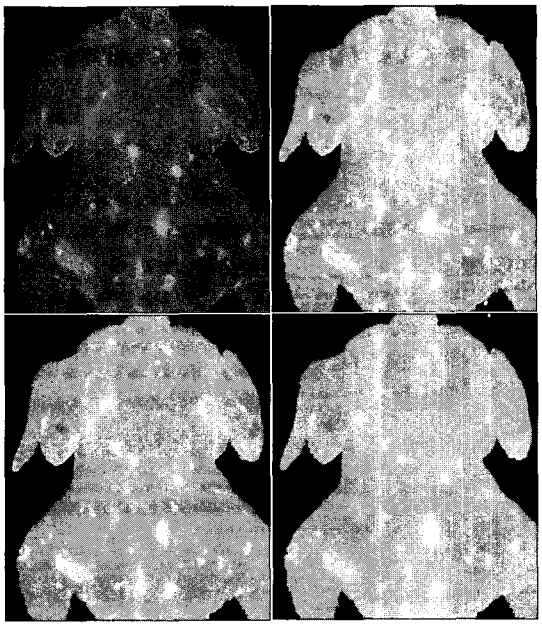


그림 6. 특징영상 (위쪽 좌측으로부터 I_{61}/I_{18}, I_{58}/I_{19}, I_{52}/I_{21}, I_{40}/I_{21})
Fig. 6. Feature images.

개의 특징영상에서 보면 화소의 밝기만을 사용했을 때 보다 정상과 종양부분의 구분이 더욱 뚜렷함을 알 수 있다 (그림 1과 비교).

나. 분할-합병법

형광영상 분석에서 종양을 인식할 때, 정상부분을 하나 또는 몇 개의 클래스로 확정짓는 방법은 정상을 종양으로 오인식 하는 확률이 높으므로 본 논문에서는 클러스터링방법에 있어서 분할-합병법 (iterative self-organizing data analysis techniques a: ISODATA)[8]을 사용하였다.

분할-합병법은 K-평균법 등으로 생성한 군집을 어떤 기준에 따라 다시 분할하거나 합병하여 최적이라고 생각되는 N_C개의 군집을 도출하는 알고리즘이다. 분할-합병 클러스터링은 초기값 설정, 패턴 분류, 작은 군집 제거, 패턴 분류, 분기 처리, 분산 체크, 군집 분할, 군집간 거리계산, 군집 합병 등의 단계로 구성된다.

분할-합병법에서는 초기 파라미터 설정이 결과에 큰 영향을 미친다. 파라미터 값을 적절하게 설정하지 못하였을 경우, 클러스터링은 분할-합병을 반복하면서 진동하게 된다. 본 논문에서 형광영상 분류에 분할-합병법을 사용함에 있어서 다음과 같이 초기 파라미터를 설정하였으며 Envi 3.2에서 실행하였다.

최소 클래스 개수: 3, 최대 클래스 개수: 7, 최소 클래스 거리: 5, 최대 클래스 표준편차: 1, 합병할 수 있는 최대 클래스 개수: 2, 최대 반복회수: 10.

다. 종양 후보 영역 추출

앞의 학습과정에서 KDE알고리즘을 이용하여 구한 정상과 종양부분의 확률밀도함수를 식 (1)에 대입하여 구역 최소값을 결정함으로써 4-차원 벡터들의 집합을 얻는다. 이러한 벡터들이 어떤 클래스에 소속되는가는 분할-합병 클러스터링 방법을 이용하여 분류한다. 분류결과의 매개 클래스의 최종 군집중심과 학습데이터의 몇 개의 대표적인 종양부분 샘플들을 비교하여 종양부분이 해당하는 클래스의 인덱스 값을 결정한다. 종양부분이 해당하는 인덱스 값과 그 외의 인덱스 값에 근거하여 정상과 종양부분을 구분 짓는 이진영상을 획득한다. 이 때 불필요한 배경부분이 있으므로 그림 7에 나타난 마스크영상을 적용한다. 그림 8은 형광영상의 분석 결과 종양 후보영역(검은 부분)으로 판단된 결과영상이다.

분류 결과를 보면 정상부분이 다수 포함되어 있다.

그림 7. 마스크영상
Fig. 7. Mask image.

그림 8. 분류결과
Fig. 8. Resultant image.

이러한 오류 값은 반사영상을 이용하여 구한 결과영상과의 융합을 통해 오류 값을 제거 보완하여 최종적으로 종양 후보 영역을 결정한다.

2. 반사영상을 이용한 종양 후보 영역 추출

반사영상은 일반적인 백열전등과 같은 광원을 이용하여 반사된 빛을 연속된 여러 개의 파장에서 얻은 영상이다. 본 논문에서 사용하는 반사영상은 파장범위가 [425nm, 710nm]에서 112개의 파장을 균일한 간격으로 선택하여 얻어진 영상이다.

반사영상은 그림 9에 나타나 있듯이, 형광영상과 달리 영상에서 정상과 종양부분의 구별이 매우 어렵다. 이러한 특성 때문에 초분광 반사영상은 형광영상에서 사용하는 방법으로 종양을 검출하는데 문제가 있으므로 그 분석방법을 달리한다. 초분광 영상의 융합을 위해서는 반사영상에서도 세밀한 영상의 해석이 요구되며, 이러한 영상의 해석은 궁극적으로 영상에서 획득한 특징에 의해 결정된다. 본 논문에서는 반사영상에 주성분 분석(principal component analysis: PCA)[9,10]을 적용하여 특징을 추출한다.

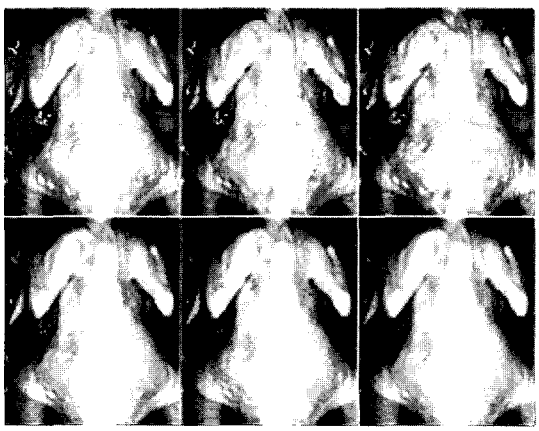


그림 9. 반사영상의 일부 밴드 영상
Fig. 9. Examples of reflectance images.

가. 주성분 분석

주성분 분석은 서로 관련 있는 데이터 집합이 관측되었을 때, 원래 데이터를 직교하는 새로운 좌표축들 상에 투영하여 데이터 전체의 분포를 가장 잘 근사시킬 수 있는 부분공간을 찾는 선형변환으로서 식 (3)과 같이 표시할 수 있다.

$$Y = W^T X \tag{3}$$

여기서 X는 n-차원 열벡터의 집합이며 $E[X] = 0$이고, $W \in \mathbb{R}^{n \times n}$이다. 변환행렬 W는 아래와 같은 고유방정식에 의해 구할 수 있다.

$$\Sigma_X W = W\Lambda \tag{4}$$

여기서 $\Lambda = diag[\lambda_1, \lambda_2, \cdots, \lambda_n]$은 공분산 행렬 $\Sigma_X = E[XX^T]$에 대응하는 고유값 행렬이며 고유값이 적어지는 순서로 배열되었다. 변환행렬 W는 적어지는 순서로 배열된 고유값에 대응하는, 정규직교하는 n개의 고유벡터를 열로 구성된다. 변환행렬 W의 각 열은 정규직교하는 벡터이므로 $W^{-1} = W^T$이다. 주성분 분석 후 얻어지는 주성분 Y의 분산은 다음과 같이 표시할 수 있다.

$$\begin{aligned} \Sigma_Y &= E[YY^T] = E[(W^T X)(X^T W)] \\ &= W^T E[XX^T] W = W^T \Sigma_X W \end{aligned} \tag{5}$$

$W^{-1} = W^T$와 식 (4)를 식 (5)에 대입하면 주성분의 분산은 식 (6)과 같이 표시된다.

$$\Sigma_Y = \Lambda = diag[\lambda_1, \lambda_2, \cdots, \lambda_n] \tag{6}$$

즉, 입력데이터의 공분산 행렬의 고유값은 주성분의 분산이고, 분산은 콘트라스트의 척도이므로, 큰 고유값에 대응하는 주성분 영상들이 훨씬 더 높은 콘트라스트를 보여준다. 콘트라스트가 높다는 것은 원 데이터의 정보를 많이 갖고 있음을 말해주며, 정보를 많이 갖고 있는 성분들이 효과적인 특징으로 될 확률이 높다. 여기서 첫 번째 주성분은 원 데이터를 가장 잘 근사시키는 것이므로 특징으로 사용하기에 적합하지 않으므로 제외한다. 분산의 크기에 의하여 처음 수 개의 주성분만 원 데이터의 상당한 정보를 가지며 그 후의 주성분들은 거의 잡음에 가까우므로 본 논문에서는 8번째 주성분까지만 특징 선택에 사용한다.

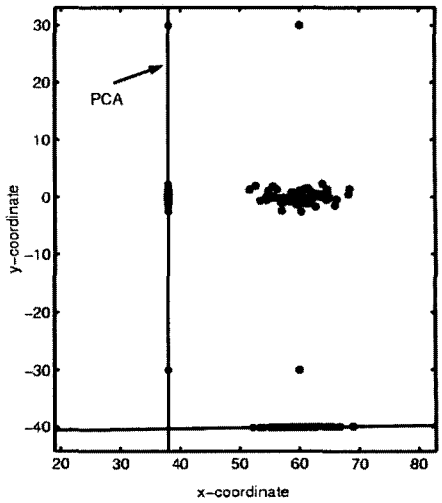


그림 10. Outlier가 PCA에 주는 영향
Fig. 10. Influence of outlier.

주성분 분석은 공분산 행렬 Σ_X의 추정이 강건(robust)하지 못하기에 outlier에 매우 민감하다. 그림 10에서 보면 2-차원 공간에서 수평방향으로 분산된 데이터들이 절대적으로 많음에도 불구하고 주성분의 방향은 수직방향으로 되어진다. 이는 공간상에서 아래와 위에 위치한 두 개의 데이터에 의해 주성분 방향이 변화되었음을 말해준다. 이러한 데이터들을 outlier라고 하며, 적은 량의 outlier는 주성분의 방향을 변화시키기에 충분하다. outlier에 민감함은 주성분 분석을 이용한 특징 추출이 가능케 한다. 실제로 닭의 초분광 반사영상에서 종양부분의 많은 데이터가 정상부분에 포함되어 있음과 동시에 얼마만큼의 종양 데이터는 정상부분의 밖에 존재한다. 이런 데이터의 존재는 주성분의 방향을 종양부분 인식에 적합한 방향으로 일정 각도 회전시키며, 처음 수개의 주성분 중에서, 첫 번째 주성분을 제외한 기타 주성분에서 표현될 수 있다. 이는 주성분 분석을 이용하여 클래스를 구별할 수 있는 특징 추출의 이론적 근거이다.

나. 밴드 선택

본 논문에서는 초분광 반사영상에서 종양인식에 적합한 밴드를 선택하여 주성분 분석의 입력으로 함으로써 종양인식에 효과적인 특징을 추출한다.

종양인식에 적합한 밴드는 다음과 같은 조건을 고려한다. 112개의 밴드를 갖고 있는 반사영상에서 k번째 밴드를 제외시킴으로써 111개의 밴드를 갖게 되는 새로운 초분광 영상을 생성한다. 원 데이터와 새로운 데이터에 각각 주성분 분석을 적용하여 2~8번째 주성분 영

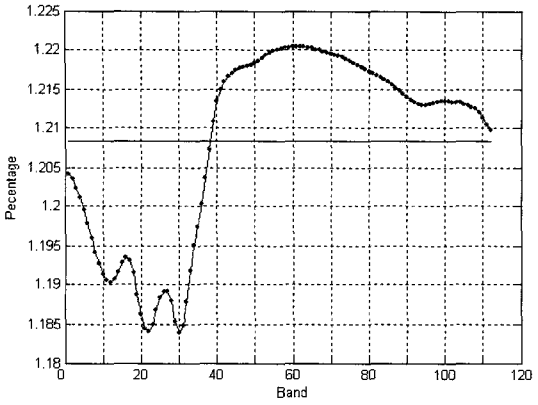


그림 11. 단일 밴드가 2~8번째 주성분 영상의 정보량에 주는 영향

Fig. 11. Relationship between kth band and information of 2~8th principal component.

상이 확보하는 정보량의 비중을 계산한다. 이때 새로운 데이터로부터 구한 정보량의 비중이 원 데이터로부터 구한 수치보다 작으면 k번째 밴드는 종양인식에 적합한 밴드라 확정한다.

그림 11은 이러한 밴드가 존재함을 보여주고 있으며, 효과적인 특징 추출을 위한 밴드 선택 알고리즘은 다음과 같다.

① 학습데이터로부터 얻어지는 공분산 행렬 Σ_X로부터 고유값 $\lambda_1, \lambda_2, \cdots, \lambda_{112}$를 계산한다.

$\sum_{j=2}^{8}\lambda_j \Big/ \sum_{j=1}^{112}\lambda_j$보다 작은 문턱치 T를 설정한다.

② Σ_X의 k행과 k열을 제거하여 $\hat{\Sigma}_X$ 획득한다. $\hat{\Sigma}_X$로부터 고유값 $\hat{\lambda}_1, \hat{\lambda}_2, \cdots, \hat{\lambda}_{111}$계산하고

$\sum_{i=2}^{8}\hat{\lambda}_i \Big/ \sum_{i=1}^{111}\hat{\lambda}_i < T$이면 k번째 밴드를 선택한다.

③ k값을 [1, 112] 범위 내에서 차례로 변경하면서 단계 ②를 반복하여 밴드를 선택한다. k가 112보다 크면 알고리즘을 종료한다.

위의 알고리즘에서 문턱치 T는 선택되는 밴드 개수를 조절한다. 실제로 위의 알고리즘으로 선택한 밴드가 주성분의 방향을 종양인식에 적합한 방향으로 회전시켰음을 보여주기 위하여 그림 9의 반사영상에서 정상과 종양부분의 일부를 선택하여 학습데이터를 만들었다. 전체 밴드와 1~38번째 밴드를 각각 선택하여 정상부분 학습데이터로 구한 주성분 방향과 정상과 종양부분을 혼합한 학습데이터로 구한 주성분 방향이 이루는 각도를 표로 작성하였다. 표 1에서 보면 정상부분 학습데이

표 1. 종양부분 데이터에 의해 주성분이 회전한 각도 (단위: degree)

Table 1. Rotated degree of PC by tumor data.

	전체 밴드 선택	1 ~ 38번째 밴드 선택
2번째 주성분	0.84	6.07
3번째 주성분	0.58	6.18
4번째 주성분	0.95	2.11
5번째 주성분	1.84	4.11
6번째 주성분	5.77	89.88
7번째 주성분	5.07	89.88
8번째 주성분	14.44	14.85

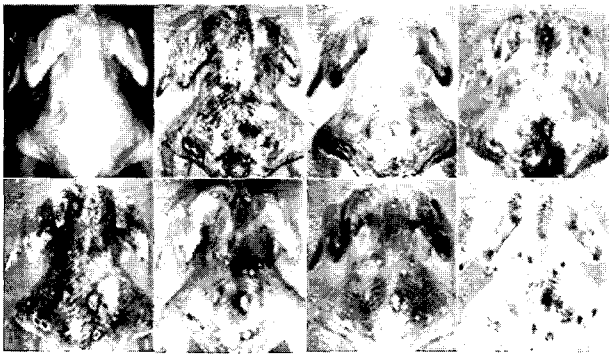


그림 12. 모든 밴드를 선택했을 때의 주성분 영상

Fig. 12. PC images when select all bands.

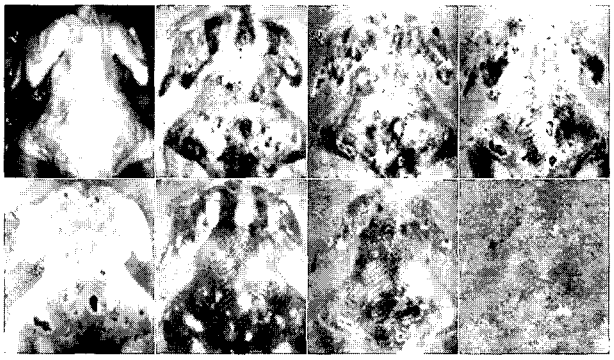


그림 13. 1~38번째 밴드를 선택했을 때의 주성분 영상

Fig. 13. PC images when select 1~38th bands.

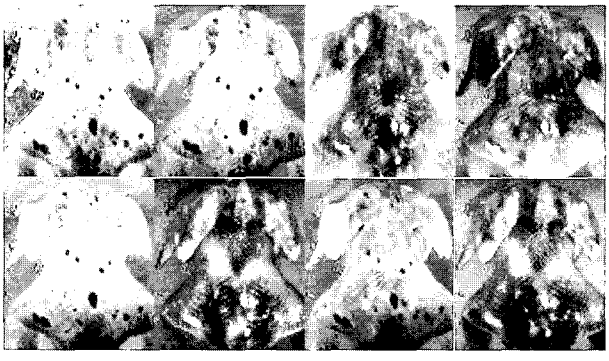


그림 14. 투영 축 선택으로 획득한 특징영상

Fig. 14. Feature images obtained from projection axes selection.

터를 종양부분의 학습데이터와 혼합했을 때, 1~38번째 밴드에서 주성분의 회전 각도는 전체 밴드에서 주성분이 회전한 각도보다 크다. 이는 주성분 분석에서 outlier에 의한 주성분 방향의 회전이 특징 추출이 가능케 함을 설명한다. 그림 12와 13은 모든 밴드, 1~38번째 밴드를 선택하여 주성분 분석을 진행하여 얻어진 1~8번째 주성분 영상이다. 그림에서 보면 1~38번째 밴드에 주성분 분석을 적용한 후 얻어진 주성분 영상에서 5, 6번째 주성분 영상은 종양부분이 아주 선명하게 나타나 있다. 이는 밴드 선택 방법으로 효과적인 특징을 추출할 수 있음을 말해준다.

다. 투영 축 선택

반사영상 분석에서는 주성분 분석후의 몇 개의 주성분 영상을 특징으로 선택하여 분석을 진행한다. 특징의 개수를 늘리면 그만큼 관련정보가 많아져 보다 정확한 식별을 할 수 있다. 그러나 위의 밴드 선택에서 알 수 있다시피 주성분 분석 후 얻어지는 주성분 영상에서 영상분류에 적합한 성분영상은 두 개 좌우이다. 본 논문에서는 특징의 개수를 늘리는 방법으로 주성분 분석과 비슷한 원리로 초분광 영상을 영상분류에 적합한 여러 개의 축에 투영하여 영상분류에서 특징으로 사용되는 새로운 특징영상을 얻는 방법을 제안한다.

X_1, X_2를 학습데이터로 선정된 초분광 반사영상이라 할 때, 주성분 분석은 $Y_1 = W_1^T X_1$, $Y_2 = W_2^T X_2$와 같다.

여기서 $W_1 = [u_1|\cdots|u_n]$이고, $W_2 = [v_1|\cdots|v_n]$이다. 주성분 분석의 결과 Y_1에서 i, j번째 주성분, Y_2에서 k, l번째 주성분이 초분광 영상분류를 위한 효과적인 특징이라 하고, n-차원 열벡터 $u_{i,j}$와 $v_{k,l}$가 이루는 각도 $\theta = arccos\left(\frac{u_{i,j} \cdot v_{k,l}}{\|u_{i,j}\|\|v_{k,l}\|}\right)$가 충분히 크면 데이터를 u_i, u_j, v_k, v_l축에 투영하는 방법으로 초분광 반사영상 분류의 효과적인 특징으로 되는 네 개의 특징영상을 얻을 수 있다. 같은 방법으로 다른 한 학습데이터가 입력될 때 그에 대응하는 투영 축을 선택할 수 있다. 이것을 다음과 같은 선형변환으로 표시할 수 있다.

$$Y = A^T X, \quad A = [u_i|u_j|v_k|v_l|\cdots] \tag{7}$$

위의 선형변환에서 변환 행렬 A의 각각의 열벡터는 학습과정에서 학습데이터로 선정된 여러 개의 초분광 반사영상을 밴드 선택 방법으로 주성분 분석을 진행한 후 얻어지는 성분영상을 관찰하는 방법으로 확정할 수 있다. 또는 학습과정에서 학습데이터로 선정된 하나의 초분광 반사영상의 밴드 선택 과정에서 문턱치 T를 변화하는 방법으로 선택된 밴드 영상에 주성분 분석을 적용한 후 얻어지는 주성분 영상을 관찰하는 방법으로 확정할 수 있다.

그림 15. 그림 13의 분류 결과
Fig. 15. Resultant image of Fig 13.

그림 16. 그림 14의 분류 결과
Fig. 16. Resultant image of Fig 14.

투영 축 선택 방법에 근거하여 얻어진 선형변환 행렬 A와 식 (7)에 근거하여 초분광 반사영상의 특징영상을 획득할 수 있다. 그림 14는 투영 축 선택 방법으로 획득한 8개의 특징영상이다. 그림 14와 그림 12, 13을 비교하여 보면 투영 축 선택 알고리즘을 이용하여 획득한 특징영상은 초분광 반사영상 분류의 효과적인 특징임을 알 수 있다.

그림 15는 그림 13에서 5, 6번째 주성분 영상을 특징으로 하여 분류한 결과영상이다. 그림 16은 그림 14의 특징영상을 특징으로 하여 분할-합병 클러스터링방법으로 분류한 결과영상이다. 두 분류결과를 비교하여 보면, 투영 축 선택 알고리즘을 적용함으로써 종양인식에 적합한 더욱 많은 특징이 분류에 참가하여 정상부분을 종양부분으로 오인식하는 결과가 적어졌음을 알 수 있다.

3. 영상 융합

형광영상과 반사영상으로부터 얻은 분류결과는 정상을 종양으로, 또는 종양을 정상으로 판단하는 오인식 부분을 포함한다. 본 논문에서는 이러한 오인식 부분을 제거하기 위해, 분류결과의 영상 융합을 통해 종양 특정 영역을 분류한다.

본 논문에서는 형광영상과 반사영상 분류결과에 화소/결정 수준의 융합방법을 적용하였다. 화소/결정 수준의 융합은 형광영상이 반사영상보다 세밀한 분류가 이

그림 17. 형광, 반사영상 융합 결과
Fig. 17. Resultant of fusion.

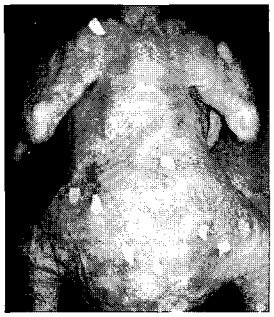


그림 18. 종양위치를 표시한 사진
Fig. 18. Position of tumor.

루어질 수 있다는 점을 이용한 방법으로서 형광영상 결정 영역의 단위면적에 포함된 반사영상 분류결과의 화소수가 임계값 (본 논문에서는 0.35를 선택)보다 크면 종양이라 판단한다. 형광영상의 결정 영역은 분류결과에 9×9 크기의 Median Filter를 적용하여 잡음을 제거한 후, Morphology 기법으로 후처리하여 얻었다. 그림 17은 위의 융합방법으로 그림 8과 그림 16을 융합한 결과영상이며, 그림 18은 종양부위를 표시한 실제 닭 사진이다.

III. 모의실험

앞에서 제안한 방법을 다른 닭 영상에 적용하여 모의실험을 수행하였다. 그림 19 (a)는 동일한 알고리즘을

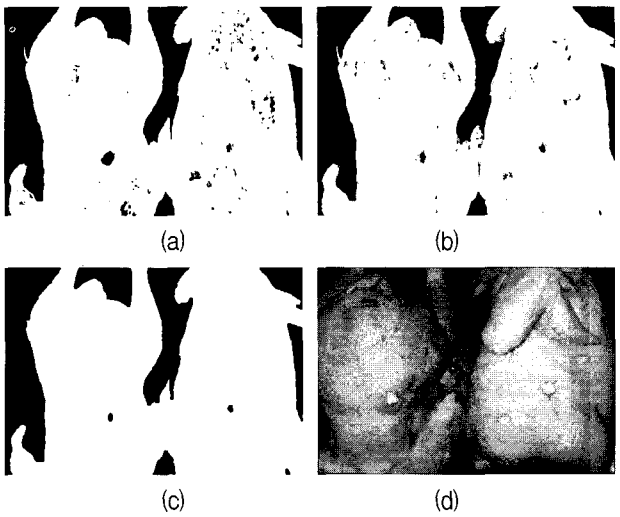


그림 19. (a) 형광영상의 분류 결과, (b) 반사영상의 분류 결과, (c) 융합 결과, (d) 종양위치를 표시한 사진
Fig. 19. (a) Resultant of fluorescence image, (b) Resultant of reflectance image, (c) Resultant of fusion, (d) Position of tumor.

표 2. 검출 결과
Table 2. Detection Results.

Image No.	종양 개수	검출 개수	오인식 개수	누락 개수
1	3	3	1	0
2	5	2	2	2
3	2	1	0	1
4	3	2	0	1
5	2	1	1	1
6	2	2	0	0
7	12	11	2	1
Total	29	22(75.8%)	6(20.7%)	7(24.2%)

새로운 닭의 형광영상에 적용하여 얻은 결과영상이다. 그림 19 (b)는 반사영상으로부터 얻은 분류결과이다. 그림 19 (c)는 그림 19 (a)의 형광영상의 분류결과와 그림 19 (b)의 반사영상의 분류결과를 융합한 결과이며, 그림 19 (d)는 종양부위를 표시한 실제 닭 사진이다. 그림 19 (d)와 그림 19 (a)~(c) 사이에 닭의 윤곽에 발생하는 차이는 측정위치가 일치하지 않기 때문이다. 위에서 사용된 두 개의 닭을 포함하여 보유하고 있는 7개의 초분광 영상에 본 논문의 방법을 적용하여 표 2의 실험결과를 얻었다. 표에서 오인식은 정상을 종양으로 오인식한 경우를 말한다. 모의실험에서 75.8%의 검출율과 20.7%의 오인식율을 보여주었으며 기존의 방법[6] (검출율: 75.6%, 오인식율: 29.3%)보다 오인식율이 적음을 확인하였다.

IV. 결 론

본 논문에서는 특성이 서로 다른 형광영상과 반사영상을 이용하여 각각의 종양 후보 영역을 구한 후, 이 두 결과영상을 융합하여 종양을 검출하는 알고리즘을 제안하였다. 형광영상 분석에서는 밴드비율을 적용한 후 확률밀도함수의 중첩된 면적을 최소화 하는 방법으로 특징을 추출하였으며, 분할-합병법으로 종양 후보 영역을 결정하였다. 반사영상 분석에서는 밴드 선택 후 주성분 분석을 적용함으로써 효과적인 특징을 추출할 수 있었고, 학습과정에서 투영 축을 선택하여 변환행렬을 획득함으로써 특징 추출의 자동화를 실현하였으며 분할-합병법으로 종양 후보 영역을 결정하였다. 형광영상과 반사영상의 분류결과는 화소/결정 수준의 융합을 통하여 최종적으로 종양을 인식하였다. 모의실험을 통하여 제안된 알고리즘이 기존의 방법보다 오인식이 적음을 확

인하였다.

향후 원 데이터에 적은 양의 데이터들을 삽입하여 주성분의 방향을 패턴분류에 적합한 방향으로 회전시킴으로써 특징으로 사용되는 주성분 영상을 자동으로 선택하는 연구가 진행되어야 한다.

참 고 문 헌

[1] 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, Vol. 2, pp. 744-751, 2000.

[2] 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.

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

[4] Huebschman, M. L., Schultz, R.A., Garner, H. R., *Characteristics and capabilities of the hyper-spectral imaging microscope*,IEEE Engineering in Medicine and Biology Magazine, Vol. 21 Issue 4, pp. 104-117, July-Aug. 2002.

[5] Kim, I., M.S. Kim, Y.R. Chen, and S.G. Kong, *Detection of skin tumors on chicken carcasses using hyperspectral fluorescence imaging*, Transactions of ASAE, Vol. 47(5), pp. 1785-1792, 2004.

[6] 김한열, 김인택, *하이퍼스펙트럴 영상 분석*, 대한전기학회 논문지 Vol. 52D, No. 11, pp. 634-643, Nov. 2003.

[7] Bowman, A. W. and A. Azzalini, *Applied Smoothing Techniques for Data Analysis*, Oxford University Press, 1997.

[8] Menahem Friedman, Abraham Kandel, *Introduction to Pattern Recognition*, Imperial College Press, pp. 81-85, 1999.

[9] 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, Vol. 1, pp. 61-64, 2002.

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

저 자 소 개

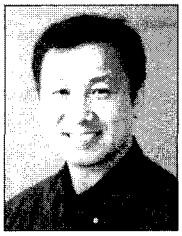
허 성 철(학생회원)

1998년 중국 吉林大學 전자공학과 학사.

2006년 명지대학교 통신공학과 석사.

2006년～현재 명지대학교 통신공학과 박사과정.

<주관심분야 : 신호처리, 영상처리, 패턴인식>



김 인 택(정회원)

1984년 서울대학교 전자공학과 학사.

1986년 서울대학교 전자공학과 석사.

1992년 Georgia Tech 전자공학과 박사.

1993년～1995년 LG전자기술원 선임연구원.

2001년～2002년 미국 농림부(USDA) Visiting Scientist.

1995년～현재 명지대학교 통신공학과 교수.

<주관심분야 : 센서융합, 신호처리, 영상처리, 패턴인식>