

피부의 특성 추출을 위한 가시광선 반사 스펙트럼의 역 추적 최적화 알고리즘 개선

최승호 · 임창환 · 정병조[†]

연세대학교 보건과학대학 의공학부

Ⓞ 220-710 강원도 원주시 흥업면 매지리 234

(2007년 3월 19일 받음, 2007년 5월 21일 수정본 받음)

본 논문은 가시광선 반사 스펙트럼으로부터 피부조직의 광학적, 구조적 특성을 역 추출하는 알고리즘에 대한 연구를 다룬다. 본 연구에서는 유전알고리즘을 사용한 기존의 역 추적 최적화 알고리즘에 파장 선택법과 심플렉스법을 추가하여 알고리즘의 최적화 능력을 개선 하였다. 파장 선택법은 기존 알고리즘에 사용된 135개의 파장 중 10개의 유효 파장만을 사용한 결과 계산시간이 83% 감소하였다. 심플렉스법을 사용해 유전알고리즘으로 얻은 근사적인 탐색 점으로부터 재 탐색을 수행하였고, 이를 통해 얻은 탐색 점의 SSE(sum of square error)는 기존 유전알고리즘 만으로 얻은 탐색 점이 가지는 SSE의 0.64%였다. 본 연구의 모델링 결과를 통해 개선된 알고리즘이 기존 알고리즘에 비해 빠르고 정확한 해를 찾는다라는 것을 확인할 수 있었다.

주제어 : Genetic algorithm, Optical property, Visible reflectance spectrum

I 서 론

최근, 색소 및 혈관 질환성 피부병변의 치료에 임상용 레이저가 일반적으로 사용되고 있다. 이 때 치료의 효율을 높이기 위해서는 조사되는 레이저의 에너지, 파장, 직경, 펄스 폭과 같은 변수들을 환자에 따라 최적화 해야 하며 최적 변수의 조합은 환자에 따른 피부조직의 특성(광학적, 구조적) 정보를 측정 분석함으로써 가능하다.

피부에서 획득된 가시광선 반사 스펙트럼(visible reflectance spectrum: VRS)을 이용하여 피부조직의 특성정보를 비 침습적으로 추출하기 위한 역 추적 알고리즘은^[1-3] 다 변수 모델을 사용한다. 이러한 다 변수 모델을 통하여 피부조직에서 빛의 산란(scattering) 및 흡수 계수(absorption coefficient), 상피의 두께(epidermal thickness), 멜라닌 농도(melanin concentration), 산소포화도(oxygen saturation) 같은 생체조직의 다양한 특성들을 추출해 낼 수 있다(표 1). 생체조직과 빛의 상호작용을 다루는 조직광학(tissue-optic)에서 일반적인 다 변수 모델은 복사전달방정식(radiative transfer equation)의 확산근사(diffusion approximation: DA) 모델이다.^[4] 본 연구에서는 피부조직의 특성 추출을 위해 피부조직을 3층으로 가정한 “Keijzer”의 확산근사모델을 사용하였다.^[5] “Rong Zhang”은^[6] 피부조직의 특성을 추출하기 위해 “Keijzer”의 모델에 유전알고리즘(genetic algorithm)을 적용하였으나 역 추적 최적화 시간이 오래 걸리는 단점이 있다.

최적화 알고리즘은 크게 생태계 및 생물학적인 이론을 모사한 확률론적 알고리즘(stochastic algorithm)과 수학적인 기법을 적용하는 결정론적 알고리즘(deterministic algorithm)으로 나눌 수 있다. 확률론적 알고리즘에는 유전알고리즘, 시

물레이티드 어닐링(simulated annealing), 진화전략(evolution strategy) 등이 있으며 이들은 수렴 속도가 느리고 다 변수 함수에 적용이 힘들다는 단점이 있으나 전역 최적점을 탐색하는데 효과적이다. 결정론적 알고리즘에는 최대경사도법(steepest descent method), 공액경사도법(conjugate gradient method), 심플렉스법(simplex method) 등이 있으며 이들은 수렴 속도가 매우 빠르고 다 변수 함수의 최적화에 적합하나 초기값이 전역 최적점에서 멀리 떨어져 있을 경우 전역 최적점으로 수렴하지 못하고 국소 최적점을 찾게 된다는 단점이 있다.

특히 본 연구에서 적용한 유전알고리즘은 전역 최적점에 근접할수록 수렴성이 떨어지게 되어 정확한 설계변수의 값을 찾기 힘들다. 따라서 본 연구에서는 이들 두 가지 다른 알고리즘들의 장점을 혼합하여 최적화 초기에는 유전알고리즘을 이용하여 전역 최적점에 가깝게 접근한 다음 이 값을 초기값으로 결정론적 알고리즘의 일종인 심플렉스법을 적용하여 보다 정밀한 탐색이 가능하도록 한 혼합형 알고리즘(hybrid algorithm)을 적용하였다.

본 연구에서는 “Rong Zhang”이^[6] 시도한 피부조직의 특성들을 역 추적 하는 유전알고리즘 기반의 VRS알고리즘의 최적화 효율을 높이는 것을 목적으로 한다. 이를 위해 유효 파장선택(wavelength selection)과 심플렉스법을 기존 알고리즘에 추가 적용 시켰다.^[7] VRS곡선과 확산근사모델의 비교 점 개수를 유효 파장선택을 통해 줄여 계산 시간을 줄이고 유전 알고리즘 적용 이후 심플렉스법의 추가를 통해 좀 더 정확한 해를 탐색하도록 하였다.

II 모델링 방법

본 연구에서 제안된 알고리즘을 피부조직에서 측정된 VRS

[†] E-mail: bjung@yonsei.ac.kr

에 적용하기 전 모델링 연구를 통해 알고리즘의 유효성을 검증 하였다. 알고리즘의 성능 비교를 위해 임의의 피부조직 특성 변수들을 확산근사모델에 입력하여 가상 VRS 곡선을 만들었다. 데이터의 최대 변위 2% 이하의 노이즈를 삽입하였고 이것을 기존 및 개선된 알고리즘에 적용하여 VRS 곡선 역 추적 과정 수행 결과를 비교 하였다.

2.1. 순방향 모델(Forward Model)

본 연구에서는 “Keijzer”의 확산근사모델을^[5] 사용하여 순방향모델을 생성 하였으며 사용된 모델은 파장에 따른 피부 표면에서의 반사율 값을 구할 수 있는 단 변수 방정식을 제공한다.

$$\text{Reflectance} = \frac{c_1 + c_2}{2A \left(\frac{2\pi L_0}{1 - R_s} \right)} - \frac{1 - R_2}{1 + R_2} (1 - R_s) \quad (1)$$

여기서 L_0 는 최초에 입사된 빛의 양, R_s 은 표면 반사량, 그리고 R_1, R_2 는 각각 프레넬 반사계수(Fresnel reflection factor)의 첫 번째, 두 번째 반구 모멘트(hemispherical moment)이다. 이 변수들은 고정된 값으로 각각 100, 0.04, 0.5577, 0.422의 값을 가진다. C_1, C_2 는 “Keijzer”의 확산근사 값으로서 반사율과 파장의 관계를 나타낸다. C_1, C_2 를 이루고 있는 구성 변수는 $z, A, h, \mu'_t, \mu_{\text{eff}}$ 이다. z 는 피부 표면으로부터의 깊이를, A 와 h 는 굴절률이 다른 두 매질간의 경계면에서 산란하는 빛의 경계조건계수(boundary condition coefficient)로서 다음과 같이 표현 된다.^[8]

$$A = \frac{1 + R_2}{1 - R_1}, h = \frac{2}{3\mu'_t} \quad (2)$$

μ_{eff} 와 μ'_t 은 각각은 유효감쇠계수(effective attenuation coefficient)와 전감쇠계수(total attenuation coefficient)로서 다음과 같이 표현된다.

$$\mu_{\text{eff}} = \sqrt{3\mu_a\mu'_t}, \mu'_t = \mu_a + \mu'_s, \mu'_s = \mu_s(1 - g), g = \langle \cos \theta \rangle \quad (3)$$

μ_a 와 μ'_s 은 각각 흡수계수(absorption coefficient)와 감쇠산란계수(reduced scattering coefficient)이며 θ 는 산란 각도(deflection angle)를 나타낸다. 순방향 모델에 사용된 9개의 광학적, 구조적 특성 변수들의 유효 범위는 표 1과 같다.^[6,9-11]

2.2. 역 추적 과정^[6]

본 연구에서 VRS의 역 추적 최적화 과정은 9가지 피부 특성 변수 값을 역 추출하는 것으로 임의로 생성된 순방향 VRS에 9가지의 피부 특성 정보를 VRS역 추적 최적화 알고리즘에 적용하여 최적화 오차가 가장 작은 역 추적 VRS 곡선으로부터 9가지의 피부 특성 정보를 추출하게 된다. 본 연구에서는 기존에 사용된 알고리즘의 부분적 수정과 최적화 기법의 추가를 통해 역추적 연산과정의 효율(짧은 시간에 일관된 해를 찾는 것)을 높이는 것을 목적으로 한다.

2.3. 최적화 설계

우리는 9개의 특성변수를 각각 설계 변수 $x_1, x_2, x_3, x_4, x_5, x_6, x_7, x_8, x_9$ 으로 정의하고 목적함수(object function)는 다음과 같이 정의한다.

$$f(x) = \sum_{n=1}^N (f_n - g_n(x))^2 \quad (4)$$

수식에서 x 는 설계 변수 $x_1, x_2, x_3, x_4, x_5, x_6, x_7, x_8, x_9$ 를 나타내고, N 은 비교 점의 개수(파장의 개수), f_n 은 피부에서 측정된 비교하고자 하는 파장에서의 반사율값, g_n 은 설계 변수에 따라 변하는 순방향 모델의 비교하고자 하는 파장에서의 반사율값을 나타낸다. 최적화의 목적은 측정된 VRS 곡선에 가장 일치하는 9개의 특성변수의 조합에 따라 변하는 VRS 곡선을 찾는 것이다. 두 곡선이 잘 일치할수록 위의 목적함수 값은 낮아지므로 최적화 과정은 목적함수의 최소값을 찾는 최소값 탐색 문제이다.

표 1. 다 변수 모델에 의해 추출되는 9가지의 피부의 광학적, 구조적 특성^[6,9-11]

피부의 광학, 구조적 특징	변수[단위]	범위
Absorption coefficient of epidermal melanin at 694 nm	$\mu_a^M 694 [\text{mm}^{-1}]$	0.2~2.5
Scattering coefficient of epidermal at 577 nm	$\mu_s^E 577 [\text{mm}^{-1}]$	35~80
Scattering coefficient of dermis at 577 nm	$\mu_s^D 577 [\text{mm}^{-1}]$	10~50
Blood volume fraction in 2 nd layer	$B_2 [\%]$	Normal: 1~10, PWS: 5~30
Blood volume fraction in 3 rd layer	$B_3 [\%]$	Normal: 1~10, PWS: 1~20
Epidermal thickness	$d_1 [\text{mm}]$	0.05~0.13
Blood vessel radius in 2 nd layer	$R_2 [\text{mm}]$	Normal: 0.008~0.03, PWS: 0.02~0.2
Oxygen saturation	SaOxy[%]	50~100
Hematocrit	H[%]	Male: 36.1~44.3, Female: 40.7~50.3

2.4. 유전알고리즘의 구성

본 연구에서, 유전 알고리즘은 단지 보조 해를 찾는 역할을 수행하기 때문에 우리에게 유전 알고리즘의 여러 세대 연산을 통해 정밀한 해의 탐색은 필요하지 않았다.

각 세대의 마지막에 Elitism 개념을 적용하여 매 세대의 우수한 개체들이 손실되지 않고 다음 세대로 이어지도록 하였다.^[12] 본 연구에 사용된 유전알고리즘은 Elitism의 적용으로 기존 연구에 사용되었던 유전알고리즘보다 빠른 적합도의 수렴 속도를 보여 기존 유전알고리즘을 300세대를 수행하여 얻은 전역 최적해와 본 연구에 사용된 유전알고리즘을 100세대 수행하여 얻은 전역 최적해와 큰 차이를 보이지 않아, 유전알고리즘의 세대 수는 기존 연구에서 300세대를 갖는데 비해 본 연구에서는 100세대만을 가지도록 하였다.

유전 연산자들(단순 변이, 균등 교배, 결정 표본 선택 연산자)은 기존 연구에서 사용한 연산자들을 그대로 사용하였다. 기존, 유전 알고리즘 연구에 따르면 돌연변이 확률은 주로 5% 이하를 사용한다.^[12] 그러나 돌연변이 확률과 교차 확률이 수렴 속도에 어느 정도 영향을 미친다고 판단하여 본 연구에서는 돌연 변이 확률과 교차 확률이 변화를 주었다. 돌연변이 확률과 교차 확률을 변화시켜가며 알고리즘을 반복 수행하였고, 10%의 돌연 변이 확률과 50%의 교차확률을 사용했을 때, 본 연구에서 사용된 유전 알고리즘이 100세대 동안 초기해(SSE: 0.010~0.020)를 찾는데 적합한 것을 발견 하였다.

매 세대는 82비트로 구성된 12개의 염색체를 가지고 있고 이들은 표 1^[6]에 나타난 피부의 특성을 나타낸다. 각 염색체의 목적함수는 각 고유 염색체에 의해 얻어지는 확산근사모델과 측정된 스펙트럼간의 차이의 제곱오차의합(sum of square error: SSE)에 의해 정의된다. 그리고 각 염색체는 이 목적함수의 값에 의해 우열이 평가된다. 이를 토대로, 한 세대를 이루는 12개의 염색체들 중 목적함수 값이 작은 우수한 6개의 염색체가 선택된다. 그리고 이들은 교배와 변이를 통해 다음 세대를 생성하는데 사용된다. 이러한 과정을 반복하여 가장 작은 목적함수를 갖는 피부의 특성을 대표하는 염색체를 찾는다.

2.5. 파장 선택(Wavelength Selection)

파장선택법은 연산 시간 감소를 위해 목적함수의 계산 시 스펙트럼의 모든 파장을 사용하지 않고 특징을 갖는 일부 유효파장만을 선택적으로 사용하는 방법을 말한다.^[13] 기존 연구에서는 450-800 nm 스펙트럼 사이의 135개의 파장에서 확산근사모델과 측정된 반사율값의 차이를 비교 하도록 목적함수가 설계되어 있어서 연산에 상당한 시간을 소요한다. 따라서 소요되는 시간을 줄이기 위해 유효한 정보를 제공하는 10개의 파장만을 사용하여 목적함수를 계산하였다.

기존의 색에 의한 혈관모반(port wine stain)진단에 대한 연구에서는 중요한 정보를 갖는 피부의 VRS 곡선의 특징적인 7개의 파장(415, 500, 545, 560, 577, 585, 633 nm)들을 제시하고 있다.^[14] 본 연구에서는 기존의 7개의 파장에 3개의 파

장을(650, 700, 800 nm)을 새롭게 추가하여 10개의 파장을 사용하여 유전알고리즘 기반의 최적화 알고리즘에 적용 하였다(그림 1).

2.6. 심플렉스법(Simplex Method)

심플렉스란 (N+1)개의 점으로 이루어진 N차원의 기하학적 도형을 의미한다. 심플렉스법에서는 (N+1)개의 서로 다른 변수 조합이 N차원 도형의 각 꼭지점을 구성하며 최적화 과정 중 각 꼭지점에서의 목적함수 값을 지속적으로 비교한다. 이 때, 함수 값이 가장 좋지 않은 꼭지점을 반사(reflect), 확장(expand), 축소(contract)시켜 새로운 꼭지점으로 대체하게 되며 최종적으로 목적함수 값을 가장 잘 만족시키는 변수 조합을 찾을 수 있다. 이 방법은 각 변수에 대한 목적함수의 미분을 따로 구하지 않아도 되어 목적함수 계산이 어려운 함수의 최적화에 적합하고 유전알고리즘과 같은 확률론적 최적화 기법에 비해 다변수 최적화에 적합하며 다른 결정론적 최적화 알고리즘과 같이 수렴 속도가 빠르다는 장점을 지나고 있으나 해가 초기 값에 많이 영향을 받으며 따라서 국소 최적점에 수렴할 가능성이 높다는 단점을 가지고 있다.^[15] 본 연구에 사용된 심플렉스법 알고리즘은 1000번의 반복(iteration) 동안 종료허용오차(termination tolerance)가 1×10^{-8} 이하가 되었을 때 수렴 하도록 하였다.

본 연구에서는 유전알고리즘에서 구한 해를 초기값으로 설정하고 이후 좀 더 정밀한 탐색을 수행하기 위해 심플렉스법을 적용하였다. 마지막으로, 위에 언급한 유전알고리즘, 파장 선택, 심플렉스법 모두 MATLAB 프로그램으로 수행되었다.

III. 결과 및 고찰

표 2는 파장선택이 적용되지 않은 300세대 유전알고리즘 (Algorithm 1), 파장 선택이 적용되지 않은 100세대 유전알고리즘(Algorithm 2), 파장선택이 적용된 100세대 유전알고리

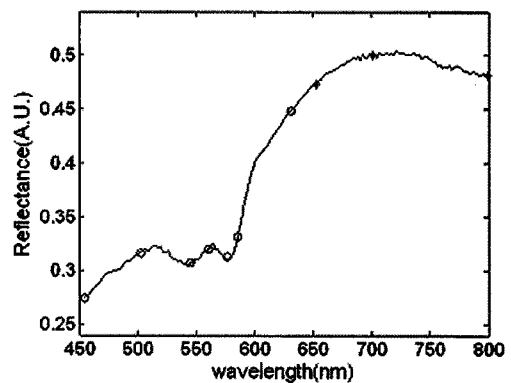


그림 1. 파장선택법 적용을 위한 피부의 VRS 곡선의 중요한 정보를 지닌 특징적인 7개의 파장(415, 500, 545, 560, 577, 585, 633 nm)과 새롭게 선택한 3개의 파장(650, 700, 800 nm). 그림에서 기존의 7개 파장은 “o”로 표시되었고 새로이 추가된 3개의 파장은 “*”로 표시되었다.

즘(Algorithm 3) 그리고 파장선택이 적용된 100세대 유전알고리즘에 심플렉스법을 추가한 혼합형 알고리즘(Algorithm 4)을 수행결과 얻은 SSE값들과 각각의 알고리즘들을 수행하는데 소요된 시간의 비교 결과이다.

본 연구에서는 혼합형 알고리즘 중 최적화 초기에 전역 최적점에 가깝게 접근시키기 위해 사용된 유전알고리즘의 확률론적(stochastic)인 특성을 고려하여 각각의 알고리즘을 12회씩 수행하여 얻은 SSE값들의 평균 값을 통해 각 알고리즘의 전역 최적점 탐색성능을 평가하였다. 각 알고리즘의 수행결과 얻어진 SSE값들의 평균 값들을 비교하여 보면 혼합형 알고리즘에서 얻은 SSE값은 300세대 유전알고리즘만을 수행하여 얻는 SSE값의 0.64%에 불과하였다. 이는 유전알고리

즘에 심플렉스법이 적용된 혼합형 알고리즘이 단일 유전알고리즘보다 더 정밀하게 전역 최적점을 탐색함을 보여 주고 있다(표 2(a)).

유전알고리즘을 100세대 수행할 때, 유전알고리즘에 파장선택이 적용되지 않았을 경우에는 35초가 걸렸으나 동일한 세대를 갖는 유전알고리즘에 파장선택을 적용하자 소요시간이 6초, 즉 연산 시간이 약 83% 감소하였다(표 2(b)). 알고리즘 연산에 소요되는 시간은 실행 컴퓨터의 성능에 따라 다르므로 본 연구에서 얻어진 소요 시간은 2.6 GHz Pentium^(R)4 컴퓨터에서 수행한 결과이다.

그림 2는 기존의 300세대 유전알고리즘(그림 2(a))과 파장선택이 적용된 100세대 유전알고리즘(그림 2(b)), 그리고 이

표 2. 알고리즘 수행결과 비교. Algorithm 1: 파장선택이 적용이 안 된 유전알고리즘(300세대), Algorithm 2: 파장선택이 적용이 안 된 유전알고리즘(100세대), Algorithm 3: 파장선택이 적용이 된 유전알고리즘(100세대), Algorithm 4: 파장선택이 적용된 혼합형 알고리즘(hybrid algorithm).

(a) 각 알고리즘의 수행 후 얻어진 SSE값의 비교

Algorithm 실행	1	2	3	4
1	0.0084	0.0092	0.0023	7.1925×10^4
2	0.0027	0.0034	1.2262×10^{-4}	5.0917×10^4
3	0.0087	0.0117	3.6911×10^{-4}	0.0026
4	0.0217	0.0223	0.0010	5.9462×10^4
5	0.0113	0.0513	3.7464×10^{-4}	2.8259×10^7
6	0.0035	0.0072	5.9652×10^{-4}	2.8679×10^5
7	0.0019	0.0026	5.2512×10^{-4}	9.2121×10^4
8	0.0292	0.0325	1.4855×10^{-4}	1.8602×10^7
9	0.0032	0.0057	4.5739×10^{-4}	5.7321×10^7
10	0.0110	0.0172	4.9971×10^{-4}	7.1094×10^7
11	0.0094	0.0101	0.0013	1.4661×10^6
12	0.0017	0.0018	0.0016	5.0158×10^6
평균값	0.0094	0.0146	0.0105	6.0538×10^5

(b) 각 알고리즘의 연산시간의 비교(단위: 초)

Algorithm	1	2	3	4
연산 소요시간	100	35	6	19

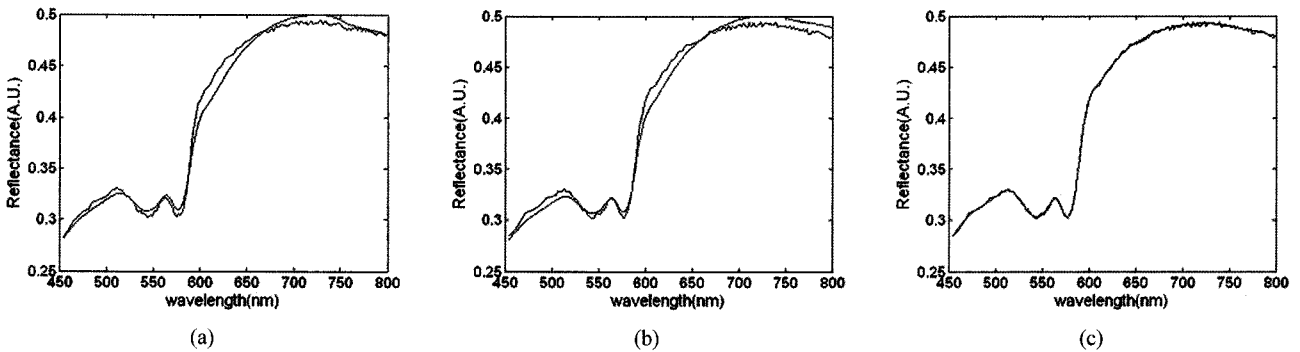


그림 2. 알고리즘에 따른 VRS 곡선의 최적화 결과. (a) 기존 알고리즘(유전알고리즘(300세대))의 최적화 수행 결과. (b) 파장선택이 적용된 유전알고리즘(100세대)의 최적화 수행 결과. (c) 파장선택이 적용된 유전알고리즘(100세대)에 심플렉스법의 추가 적용 후 최적화 수행 결과. 점선은 피부의 VRS곡선을 나타내고 실선은 역 추적 알고리즘에 의해 얻어진 “Keijzer” 3층 피부 확산근사모델 곡선을 나타낸다.

표 3. 2% 이하의 노이즈를 갖는 순방향모델 곡선에 대해 기존 알고리즘(Algorithm 1)과 개선된 알고리즘(Algorithm 2)를 수행한 결과 역 추출된 9개의 피부조직 특성정보들의 평균값 및 표준 편차.

변수[단위]	순방향 모델의 값	Algorithm 1		Algorithm 2	
		평균값	표준편차	평균값	표준편차
μ_a^M 694[mm ⁻¹]	0.3895	0.3559	0.0394	0.3864	0.0279
μ_s^E 577[mm ⁻¹]	70.2441	66.5527	9.1045	69.9453	4.8458
μ_s^D 577[mm ⁻¹]	17.7344	25.9219	8.0536	17.7991	0.1963
B ₂ [%]	1.80	3.07	1.06	1.88	0.22
B ₃ [%]	2.22	6.44	4.76	2.18	0.09
d ₁ [mm]	0.0902	0.1040	0.0045	0.0923	0.0077
R ₂ [mm]	0.0105	0.0138	0.0087	0.0104	0.0013
SaOxy[%]	89.98	87.91	2.54	90.58	1.97
H[%]	50.28	43.97	2.46	59.53	26.34

것에 심플렉스법이 추가된 알고리즘(그림 2(c))을 실행하여 역 추출된 피부 특성 변수 값에 의한 VRS 곡선과 임의로 생성된 순방향 VRS곡선이 겹쳐진 모습을 보여주고 있다.

표 3은 표 1에 제시된 피부 특성(광학적, 구조적) 변수들의 범위 내에서 임의로 선택된 9개 피부조직 특성 정보와 2% 이하의 노이즈를 갖는 순방향모델 곡선에 대해 기존 알고리즘(파장 선택법이 적용되지 않은 300세대를 갖는 GA)과 개선된 알고리즘(파장 선택법이 적용된 혼합형 알고리즘)의 역 추적 최적화에 따른 결과이다. 각 알고리즘을 50회 반복 수행하여 표 1에 제시된 변수 값 범위에 수렴한 10건의 결과에 대한 피부 특성 정보들의 평균값과 표준편차를 보여주고 있다. 기존 알고리즘에 비해 개선된 알고리즘의 경우 Hematocrit를 제외한 8개의 변수가 작은 오차를 가지고 순 방향 모델에 사용된 변수 값에 근사한 값을 추출 하였다. 심플렉스 방법을 적용한 현재 알고리즘의 경우 유효 범위 설정을 하지 않았기 때문에 Hematocrit의 경우와 같이 표 1에서 제시된 유효 범위를 벗어나는 값들이 최적화 과정에서 발생되었다. 결과적으로 최적화 결과의 오차는 감소되었으나 역 추출되는 변수들의 값은 제시된 범위를 벗어나는 경우가 발생하게 된다. 이러한 문제는 알고리즘에 심플렉스 방법 적용 시 변수들의 유효범위를 설정함으로써 해결 될 수 있으며 향후 알고리즘 개선을 통해 관련 연구를 수행할 계획이다.

목적함수는 피부의 특성이 일정할 때에는 파장에 대한 단 변수 함수로 표현 될 수 있다. 전체 VRS 곡선(450-800 nm)에 걸친 파장 중 특징적인 현상의 지표가 되는 중요한 정보를 갖는 유효 파장들이 존재하며 그 외의 파장에서의 확산근사 값들은 주요 파장에서의 확산근사 값들에 종속적인 특징을 갖는다. 목적 함수의 이런 특성은 몇 개의 유효 파장만을 사용하여 목적함수를 설계 하는 것이 전체 파장의 개수를 사용하여 목적함수 설계에 사용하는 것과 동일한 결과를 보이리라는 것을 추측할 수 있게 한다. 표 2(a)의 100세대 유전 알고리즘에 파장선택이 적용되기 전후의 유사한 SSE값은 전체 파장에서 VRS(450-800 nm)의 반사율 값을 확산근사값과 비교하는 대신 유효한 몇 개의 파장에서만 비교하여도 많은 차가 없다는 것을 보여준다.

IV. 결 론

본 연구에서는 역 추적 연산을 통해 가상의 측정 VRS 곡선에 확산근사모델을 비교함으로써 9개의 피부의 특성 변수 값을 역 추출하는 기존의 알고리즘에 유효 파장선택과 심플렉스법을 추가하여 알고리즘의 개선을 구현하였다. 본 연구를 통해 개선된 알고리즘이 좀더 빠르고 정확한 해를 탐색하는 것을 모델링 연구를 통해 확인 하였으며 향후 연구에서는 실제 피부에서 VRS곡선을 측정하여 본 연구에서 제안한 알고리즘이 효과적으로 작동하는지 연구 할 계획이다.

감사의 글

본 연구는 산업자원부 차세대신기술개발사업의 지원에 의하여 이루어진 것임(10028424).

참고문헌

- [1] E. Berardesca, P. H. Andersen, P. Bjerring, and H. I. Maibach, "Erythema induced by organic-solvents in vivo evaluation of oxygenized and deoxygenized hemoglobin by reflectance spectroscopy," *Contact Dermatitis*, vol. 27, pp. 8-11, 1992.
- [2] L. T. Norvang, E. J. Fiskerstrand, B. Badden, D. Grini, O. Standahl, T. F. Milner, M. W. Berns, J. S. Nikon, and L. O. Svassand, "The influence of tissue parameters on visual reflectance spectra of portwine stains and normal skin," *Proc. SPIE*, vol. 2623, pp. 2-14, 1995.
- [3] I. V. Meglinski and S. J. Matcher, "Quantitative assessment of skin layers absorption and skin reflectance spectra simulation in the visible and near-infrared spectral regions," *Physiol. Meas.*, vol. 23, pp. 741-753, 2002.
- [4] A. Ishimaru, *Wave Propagation and Scattering in Random Media, Vol. 1* (Academic Press, New York, USA, 1978), pp. 175-190.
- [5] M. Keijzer, W. M. Star, and P. R. M. Storichi, "Optical

- diffusion in layered media," *Applied Optics.*, vol. 27, pp. 1820-1824, 1988.
- [6] R. Zheng, J. A. Viator, B. Jung, L. O. Svasand, G. Aguilar, and J. S. Nelson, "Determination of human skin optical properties from spectrophotometric measurement based on optimization by genetic algorithms," *J. Biomed. Opt.* vol. 10, pp. 024030, 2003.
- [7] W. H. Press, B. P. Flannery, S. A. Teukolsky and W. T. Vetterling, *Numerical Recipes in C: The Art of Scientific Computing, 2nd Ed* (Cambridge University Press, 1992), pp. 408-411.
- [8] K. M. Case and P. F. Zweifel, *Linear Transport Theory* (Addison-Wesley Publishing Co. Reading, 1967).
- [9] W. F. Cheong, S. A. Prahl, and A. J. Welch, "A Review of the Optical Properties of Biological Tissues," *IEEE J. Quantum Elect.*, vol. 26, pp. 2166-2185, 1990.
- [10] S. L. Jacques, See <http://omlc.ogi.edu/spectra/melanin/index.html>
- [11] S. L. Jacques, See <http://omlc.ogi.edu/spectra/hemoglobin/index.html>
- [12] 진강규, 유전알고리즘과 그 응용(교우사, 서울, 한국, 2002), pp. 149-213.
- [13] Q. Ding, G. W. Small, and M. A. Arnold, "Genetic algorithm-based wavelength selection for the near-infrared determination of glucose in biological matrixes: initialization strategies and effects of spectral resolution," *Anal. Chem.*, vol. 70, pp. 4472-4479, 1998.
- [14] O. Lakmaker, J. W. Pickering and J. C. Martin, "Modeling the color perception of port wine stains and its relation to the depth of laser coagulation blood vessels," *Laser. Surg. Med.*, vol. 13, pp. 219-226, 1993.
- [15] J. S. Arora, *Introduction to Optimum Design*, (Academic Press, Orlando, Florida, USA, 1989), pp. 198-218.

Improvement of Inverse Fitting Algorithm of Visible Reflectance Spectrum to Extract Skin Parameters

Seungho Choi, Chang-Hwan Im, and Byungjo Jung[†]

Department of Biomedical Engineering, Yonsei University, Wonju 220-710, Korea

[†]*E-mail: bjung@yonsei.ac.kr*

(Received March 19, 2007, Revised manuscript May 21, 2007)

In order to extract more accurate skin parameters, this study was focused on the improvement of the efficiency of a previous inverse fitting algorithm based on genetic algorithms. The algorithm provides the best fitting result of the diffusion approximation model to a VRS (visual reflectance spectroscopy) curve of skin. Simplex and wavelength selection methods were applied to the previous algorithm. Nine skin parameters were inversely extracted from the modeling studies. The revised inverse fitting algorithm was determined to produce an 83% reduction of computation time and a 0.64% reduction of sum of square error, compared to the previous algorithm. In conclusion, we confirmed that the new algorithm provides faster and more accurate solutions for the diffusion approximation model.