논문 2009-46SP-2-4

유전적 알고리듬을 이용한 신장 사구체 영역의 추출

(Extraction of Renal Glomeruli Region using Genetic Algorithm)

김 응 규*

(Eung-Kyeu Kim)

요 약

사구체 영역의 추출은 신장염 진단 자동화에 있어서 매우 중요한 역할을 하고있다. 그러나 사구체 영역과 타 영역과의 차이가 그다지 뚜렷하지 않고 동시에 표본화 과정과 영상취득과정에서 발생한 얼룩이 원영상에 존재하기 때문에 사구체 영역을 정확히 추출하는 일은 간단치 않다. 본 연구에서는 신장 사구체 영역의 추출에 관해서 유전적 알고리듬에 의한 새로운 방법을 제안한다. 우선, 표준편차 $\sigma = 2.1$과 $\sigma = 1.8$의 라플라시안-가우시안 필터를 사용해서 저해상도와 고해상도 영상을 획득한 후, 그 임계값을 0으로 설정하여 2치화 영상을 취득하며, 그런 다음, 저해상도 영상으로부터 경계에지를 추출한다. 사구체의 경계는 B-스플라인 폐곡선으로 표현한다. 이 저해상도 영상에 있어서 B-스플라인 폐곡선을 결정하는 파라메타는 유전적 알고리듬을 이용한 탐색에 의해 잡음과 경계선이 도중에서 끊어지는 것을 방지한다. 그 다음, 보다 정밀한 사구체의 경계 에지를 획득하기 위해 고해상도 영상으로부터 절점수를 8개, 16개 및 32개로 순차적으로 증가시켜 수정한다. 최종적으로 실제 영상에 적용함으로써 제안한 본 방법의 유효성을 확인하였다.

Abstract

Extraction of glomeruli region plays a very important role for diagnosing nephritis automatically. However, it is not easy to extract glomeruli region correctly because the difference between glomeruli region and other region is not obvious, simultaneously unevennesses that is brought in the sampling process and in the imaging process. In this study, a new method for extracting renal glomeruli region using genetic algorithm is proposed. The first, low and high resolution images are obtained by using Laplacian-Gaussian filter with $\sigma = 2.1$ and $\sigma = 1.8$, then, binary images by setting the threshold value to zero are obtained. And then border edge is detected from low resolution images. the border of glomeruli is expressed by a closed B-splines' curve line. The parameters that decide the closed curve line with this low resolution image prevent the noises and the border lines from breaking off in the middle by searching using genetic algorithm. Next, in order to obtain more precise border edges of glomeruli, the number of node points is increased and corrected in order from eight to sixteen and thirty two from high resolution images. Finally, the validity of this proposed method is shown to be effective by applying to the real images.

Keywords : Medical image, Genetic algorithm, Renal glomerulus, B-spline, Edge detection

I. 서 론

신장검사는 신장염 진단에 있어서 매우 효과적인 방법으로 신장염 진단에 영상처리를 응용하면 진단의 자동화와 고속화 및 정량화를 행할 수 있다. 많은 신장병의 경우 신장조직중의 사구체라고 하는 구조에 있어서 진한 염색성의 핵을 가진 메산기움(MG) 세포가 증식한다고 알려져 있다[1]. 이 시각적인 특징이 신장염의 진단에 있어서 중요한 단서가 되고 있고. 이 세포의 증식정도를 추정함으로써 신장병의 상태를 진단할 수가 있다. 따라서 신장조직 영상으로부터 사구체 영역 및 사구체 영역내의 메산기움 세포핵 영역의 추출은 신장염 검사를 지원하기 위한 기본적인 처리가 된다. 그러나 사구체 영역(glomeruli region)과 타 영역과의 차이가 명확치 않은 것 외에 표본화 과정과 영상취득 과정에서 발

* 평생회원, 한밭대학교 정보통신·컴퓨터공학부
(Division of Information Communication & Computer Engineering, Hanbat National University)
※ 이 논문은 2007년도 한밭대학교 교내학술연구비 지원을 받았음
접수일자: 2008년8월19일, 수정완료일: 2009년3월3일

생한 얼룩이 원영상에 존재하기 때문에 사구체 영역의 정확한 추출은 간단치 않은 일이다. 하지만, 대상 사구체 영역은 사람의 눈에 어느 정도 식별 가능한 영역 경계에 둘러쌓여 있다. Zhang 등은 이 점에 주목해서 사구체 영역을 추출하는 2가지 방법을 제안했다. 우선, 사구체 표면의 약간 밝은 주변 녹색을 이용해서 신경회로망 필터에 의해 사구체 영역을 추출하였다[2]. 또한 밝은 주변 녹색이 없는 사구체 영역에도 대응할 수 있는 방법으로서 가우시안 필터에 의한 동적 임계값법을 제안해서 외측의 에지를 사구체 영역의 경계로서 추출하고 있다[3~4]. 이 방법들은 어느 것이나 경계 영역의 특징을 기초로한 영역 분할이다. Haralick와 Dokur 등은 영역 분할에 대해서 유전적 알고리듬을 그 초기치 설정법으로 이용하고 있다[5~6]. 한편, 경계선 추적에 관해서 Kass 등이 제안한 Snake는 선과 에지와 같은 특징을 향하는 이미지 힘(image force)과 외부의 구속력에 의해 유도되는 에너지를 최소화하는 스플라인 곡선에 대해 홍색을 사용함으로써 중단 없는 입술 윤곽선의 추적을 행하고 있다[7]. 또한, 그 입술은 형상이 대칭성을 갖는다는 것에 착안해서 수염 등의 잡음과 도중에서 끊어지는 영향을 방지하는 입술 윤곽선의 추적을 행한 연구도 있다[8~9]. 그러나 사구체는 입술과 비교시 그 형상이 일정하게 존재치 않을 뿐만 아니라 타 세포 윤곽선 등의 잡음이 많이 혼재하고 있어 에지 추출에 있어서 도중에 끊어지는 현상이 많이 발생한다.

본 연구에서는 사구체 영역 추출법으로서 사구체가 매끄러운 타원형의 기하학적인 특징을 갖는 것에 주목하여, 8 방향에서의 중심점과 대략적인 거리 r 및 이 거리의 보정값 r_i 등을 유전자로 갖는 생물을 가정하여 어떤 형상에 맵핑(mapping)하는 생물을, 유전적 알고리듬(GA: Genetic Algorithm)에 의해 발생시키는 방법을 제안한다. 본 방법에 의해 잡음과 실종된 부분을 많이 포함하는 사구체 에지 영상으로부터 윤곽선의 보완과 추출을 행할 수 있다. 이에 대해, Nagao 등은 유전적 알고리듬을 이용해서 이동, 확대, 축소하는 복수 도형으로부터 매칭에 의한 도형의 추출을 행하고 있지만[10~12], 본 연구와 같은 타원형의 기하학적인 특징을 기초로 한 도형생성에 의한 매칭 방법은 아닌 것이다. 또한, 이 방법은 2치 도형의 패턴매칭 문제를 4차원 탐색공간내의 최대치 탐색문제로 간주하여 탐색공간에 대한 전처리 및 부모 개체의 적응도에 응한 자손 생성의 유전 규칙을 고려한다는 전제하에 위치, 크기 및 회전각도가 모두 미지인 원형상 중에 추출 대상의 유사 도형만이 포함된 기초적인 경우에만 유효하게 되고, 다른 도형이 다수 존재하는 경우에는 그 유효성이 저하된다는 단점을 갖고 있다. 따라서 본 연구에서는 유전적 알고리듬을 이용한다는 공통점 외에 대상 영역의 추출방법이 전혀 다른 Nagao의 단점을 개선하여 비교한다기 보다는 사구체 영역과 타 영역과의 경계가 명확치 않은 신장조직 영상으로부터 사구체 영역만을 추출할 목적으로 본 제안 방법을 적용하고자 한다. 제안하는 방법에서는 라플라시안-가우시안 필터를 이용해서 σ를 크게 한 저해상도와 σ를 작게 한 고해상도의 영상을 이용해서 2단계로 나누어 추출을 행한다. 우선, 사구체의 경계를 B-스플라인 폐곡선으로 표현하고, 이 B-스플라인 폐곡선을 결정하는 절점 좌표를 유전적 알고리듬에 의해 탐색함으로써 잡음은 감소되지만 도중에서 끊어짐이 많은 저해상도 영상으로부터 경계에지를 보완하고 추출을 행한다. 다음으로, 잡음은 많으나 도중에서 끊어짐이 적은 고해상도 영상을 이용해서 유전적 알고리즘에 의해 추출한 사구체 경계에지의 절점수를 8개, 16개, 32개로 순차적으로 증가시켜 경계 에지의 수정 및 정밀화를 꾀한다.

이하, Ⅱ장에서는 라플라시안-가우시안 필터에 의한 2치화 처리, 유전자형의 설정, 유전자 코딩, B-스플라인 함수 및 유전적 알고리듬에 의한 사구체 영역 추출에 관하여 기술한다. 다음 Ⅲ장에서는 유전적 알고리듬에 의한 경계검출 및 검출에지의 정밀화에 대해 기술하고, Ⅳ장에서는 B-스플라인 곡선의 절점수 조정에 의한 사구체 경계에지의 실험결과와 제안한 본 방법의 유효성에 대해 기술한다. 제Ⅴ장에서는 결론 및 향후의 과제에 대하여 논한다.

Ⅱ. 유전적 알고리듬에 의한 사구체 영역 추출

1. 유전적 알고리듬과 라플라시안-가우시안 필터에 의한 2치화 처리

우선, 유전적 알고리듬에 대하여 개괄적으로 설명한다. 생물은 환경의 변화속에서 최적인 상태로 적응하면서 진화를 행해왔다. 생물의 진화 과정을 모방한 유전적 알고리듬(GA: Genetic algorithm)은 문제 해답 후보의 요점이 되는 파라메타를 숫자, 기호 등에 의해 표현된 유전자에 대해서 도태, 증식, 교차, 돌연 변이 등의 유전자 연산을 행한다. 그 해법은 문제의 해답을 환경

으로서 설정하여 적응도(평가 함수)의 고저에 따라 생물을 증식, 도태 및 진화시킴으로써 최적의 해답을 구하는 기법으로, 그 기본적인 흐름을 나타내면 다음과 같다.

첫째, 환경 및 유전자의 설정.

둘째, 초기 집단의 생성.

셋째, 유전적 연산, 즉, 도태 및 증식, 교차, 돌연변이, 적응도의 재계산, 평가이다.

다음으로, 유전적 알고리듬에 의한 사구체 영역의 추출에 관해 설명하면, 먼저 원영상의 2치화 처리를 행한다. 그림 1(a)~그림 1(h)에 나타낸 바와 같이 사구체 경계는 명암이 있기 때문에 이것에 착안해서 강도변화를 효율 좋게 검출할 수 있는 $\nabla^2 G(x,y)$ 필터를 사용해서 특징 추출을 행한다[13].

$$\nabla^2 G(x,y) = \frac{-1}{\pi\sigma^4}\left(1-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}\right)e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}} \qquad (1)$$

여기서, $\nabla^2 G(x,y)$는 라플라시안-가우시안 연산자이고,

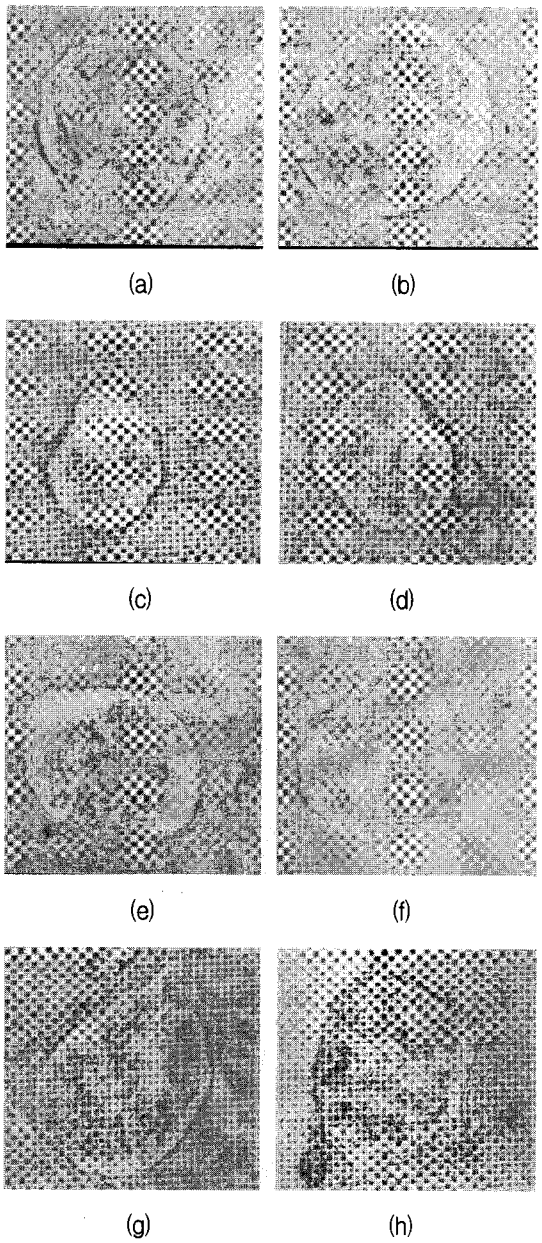


그림 1. 원영상

Fig. 1. Original images

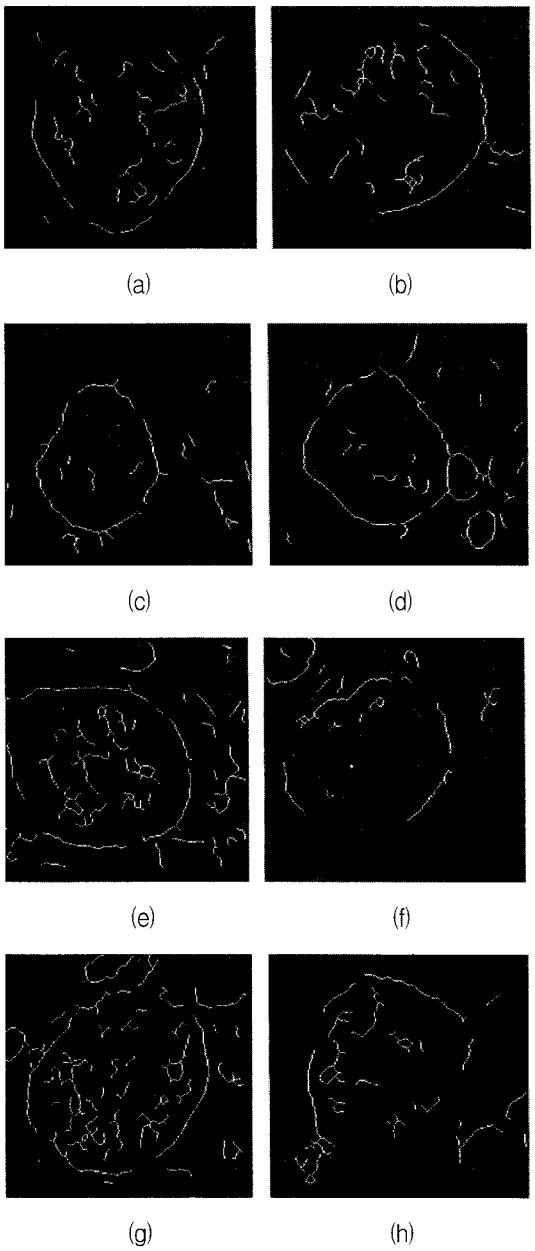


그림 2. 라플라시안-가우시안 필터($\sigma = 2.1$) 처리에 의한 에지 영상

Fig. 2. Edge images by Laplacian-Gaussian filter in case of $\sigma = 2.1$.

$G(x,y)$는 2차원 가우스 함수이며, σ는 표준편차 이다.

그림 1(a)~그림 1(h))는 서로 다른 크기의 사구체 원영상을 나타낸 것이다. 이러한 원영상 $I(x,y)$에 대해 $\nabla^2 G(x,y)$와의 컨벌루션(convolution) 연산, 즉, $\nabla^2 G(x,y) * I(x,y)$를 행한다. 그 결과, 부(minus)가 아닌 값은 흰색으로, 부(minus)는 검은색으로 표시하여, 이들 영상에 대해서 더욱이 세선화 등의 간단한 처리를 추가함으로써 2치화 영상 $I_b(x,y)$를 얻게 된다. 그림 2(a)~그림 2(h)는 그림 1(a)~그림 1(h)에 $\sigma = 2.1$일 때의 처리 결과를 나타낸 것이다. 이 필터의 검출은 $\sigma = 1.7 \sim 2.1$에서 양호한 결과를 나타냈다. 가우스 함수의 표준편차 σ는 작을수록 잡음이 증가하고, 크게 되면 사구체 에지가 도중에서 끊어지게 되는 현상이 많이 발생한다. 따라서 $\sigma = 2.1$ 및 $\sigma = 2.8$의 두 표준편차를 이용해서 2단계로 영역 추출을 행하였다. 우선, 제1단계는 $\sigma = 2.1$로 한다. 이 경우, 그림 2(a)~그림 2(h)에 나타낸 바와 같이 경계선은 도중에서 끊어짐을 나타내고 있으나 전체적으로 사구체 영역을 포착하고 있다. 이 결과를 이용해서 유전적 알고리듬에 의해 에지 추출을 행한다. 다음으로, 다음 절에서 추출 정도의 향상을 위해 제2단계인 $\sigma = 1.8$에 대한 처리 결과를 Ⅲ장의 그림 6(a)~그림 6(h)에 나타낸다.

2. 유전적 형의 성질

한 개의 점을 중심으로, 이 점으로부터 8 방향, 즉 45° 마다 직선상의 점을 절점으로 하여 B-스플라인 함수로 한 개의 폐곡선을 구성할 수가 있다. 사구체의 경계선 추출은 이와 같이 구성되는 폐곡선으로 근사화하거나 보완함으로써 행하여진다. 영상의 크기는 256×256 화소이다. 개체 G^k(k=1,2,…,n)는 이와 같은 폐곡선을 표시하기 위해 다음의 유전자형을 갖는 것으로 한다.

$$G^k = (\Delta r_0^k, \Delta r_1^k, \ldots, \Delta r_7^k, r^k, e^k, d^k) \qquad (2)$$

여기서, Δr_i^k 는 i 방향($i = 0 \sim 7$)의 직선상에서의 거리 보정값 4 비트로, $-7 \leq \Delta r_i^k \leq 8$의 범위로 하였다. r^k는 중심점 간의 대략적인 거리로, 5 비트와 $0 \leq r^k \leq 31$의 치역으로 하였다. (2)식에 있어서 각 변수는 모두 (3)식과 (4)식에 나타낸 바와 같이 실제 영상에서는 그 값의 2배를 대응시킨다. 이렇게 함으로써 (2)식에서 정의한 유전자의 탐색 공간을 축소하였다. G^k는 (8+1)개의 절점을 통해서, 윤곽을 근사화하는 한 개의 B-스플라인 폐곡선을 나타낸다. 2치화 영상 $I_b(x,y)$의 중심 (x_0, y_0)와 영상 중심점 (128,128)간의 중심점을 각 개체의 근사 중심점으로 한다. e^k는 (X_0, Y_0)의 8 방향의 조정값 3 비트로, $0 \leq e^k \leq 7$의 치역으로 한다. d^k는 (X_0, Y_0)의 e^k 방향으로의 이동조정거리 4 비트로, $0 \leq d^k \leq 15$의 치역으로 한다.

상기 설명으로부터,

$$X_0 = \frac{x_0 + 128}{2}, \quad Y_0 = \frac{y_0 + 128}{2}$$

$$x_0^k = X_0 + d^k \cos\left(\frac{2\pi}{N} e^k\right),$$

$$y_0^k = Y_0 + d^k \sin\left(\frac{2\pi}{N} e^k\right) \qquad (3)$$

가 된다. (3)식에 있어서 아래 제2항이 조정값이다. 중심점을 임의 범위에서 이동시킴으로써 극소해로의 수렴을 피할 수가 있었다.

중심점 (x_0^k, y_0^k)를 극좌표의 원점으로 하면, 각 절점의 극좌표 (θ_i^k, ρ_i^k)는 다음 식으로 주어진다.

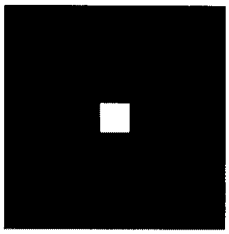
$$\theta_i^k = \frac{i}{N} 2\pi, \quad \rho_i^k = 2(r^k + 18) + 2\Delta r_i^k \qquad (4)$$

여기서 $i = 0 \sim (N-1)$이고, 분할수 $N = 8$로 하였다. 이 때, $\rho_i^k = [22, 114]$의 범위가 된다.

3. 적응도의 정의

우선, 2치화한 영상 $I_b(x,y)$의 흑점의 밝기를 0, 흰점의 밝기 1을 L로 변환시켜, L 단계로 몽롱화(blurring) 처리, 즉, 거리 변환[10]을 행한 영상을 B(x,y)로 한다. 한 예로서 그림 3에 L=3 단계로 몽롱화한 영상을 나타낸다. 이 몽롱화에 의한 밝기 차이에 대해서도 해의 안정성을 도모했다.

적응도는 아래에 나타낸 3개항의 조건을 사고했다. 첫 번째의 적응도는, 저해상도 영상에 의한 사구체 영역의 보완과 추출을 위한 각 개체의 환경, 즉 영상으로의 제일 적응도로서 식 (5)를 정의한다.



0	0	0	0	0	0	0
0	1	1	1	1	1	0
0	1	2	2	2	1	0
0	1	2	3	2	1	0
0	1	2	2	2	1	0
0	1	1	1	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0

그림 3. 몽롱화의 예(L=3)
Fig. 3. Example of blurring(L=3).

$$f\,{}^{k}_{0} = \frac{\Sigma B(x\,{}^{k}_{j}, y\,{}^{k}_{j})}{L \times \sum^{k}} \tag{5}$$

여기서, 극좌표 $(\theta\,{}^{k}_{j},\ \rho\,{}^{k}_{j})$에 대응하는 직교좌표 $(x\,{}^{k}_{j}, y\,{}^{k}_{j})$(j=1,2,…n)는 개체 G^k에 대응하는 윤곽 모델 도형의 점 좌표 이고, $B(x\,{}^{k}_{j}, y\,{}^{k}_{j})$는 직각좌표 $(x\,{}^{k}_{j}, y\,{}^{k}_{j})$에 있어서 거리변환을 행한 후의 영상의 계조값으로, 0에서 L까지의 정수(integer)값으로 한다. $\sum^{k}$는 개체 G^k에 대응하는 윤곽 모델 도형의 구성점의 총 개수이다. 몽롱화는 실험적으로 L=4로 하였다. 그렇지만, 식 (5)만을 평가 함수로 사용한 경우, 사구체내 잡음의 영향에 의해 추출되는 경계선이 작은 폐곡선으로 되는 경향이 있다. 이것을 피하기 위해 제2의 적응도로서 다음 식 (6)으로 다시 정의한다.

$$f\,{}^{k}_{1} = \frac{\sum^{k}}{bsum} \tag{6}$$

여기서, bsum은 2치화한 영상 $I_b(x,y)$의 흰점의 총 개수이다. 이 제2의 적응도는 윤곽 모델 도형의 구성점 수가 많을수록 평가값이 높게 된다. 이 제2적응도 $f\,{}^{k}_{i}$는 추출되는 윤곽이 작은 폐곡선이 되지 않도록 할 뿐만 아니라 도중에서 끊어진 부분의 보완에 도움이 되었다.

더욱이, 오차항 E^k를 제3적응도로 한다. 스플라인 함수에 의한 윤곽 모델 도형과 2치화한 영상 $I_b(x,y)$의 화소와의 오차항 E^k를 아래의 식 (7)로 정의한다.

$$E^k = \frac{\Sigma D_i}{\Sigma 1} = \frac{\Sigma \sqrt{(Bx_i - bx_i)^2 + (By_i - by_i)^2}}{\Sigma 1} \tag{7}$$

여기서, (Bx_i, By_i)는 윤곽 모델 도형상에서의 점 좌표값이고, (bx_i, by_i)는 2치화 영상 $I_b(x,y)$에 있어서 점 (Bx_i, By_i)의 법선에 따른 어떤 범위내(여기에서는 실험적으로 양쪽에 폭 H=25) 에서의 점 (Bx_i, By_i)와 가장 가깝게 존재하는 점이다. D_i는 이 2개의 점 사이의 거리이다. 점 (Bx_i, By_i)가 존재하지 않을 때 D_i는 25로 한다. 즉,

$$f\,{}^{k}_{2} = -E^k \tag{8}$$

식 (8)은 윤곽 모델 도형을 화소가 많이 존재하는 장소로 끌어들이는 경향이 있다.

이상의 설명으로부터, 환경에 대한 개체의 적응도 $f(G^k)$는 3단계로 다음의 식 (9)로 정의한다.

$$f(G^k) = \alpha_0 f\,{}^{k}_{0} + \alpha_1 f\,{}^{k}_{1} + \alpha_2 f\,{}^{k}_{2} \tag{9}$$

여기서, $\alpha_0, \alpha_1, \alpha_2$는 가중치 계수이다. 실험시 각 가중치 계수는 실험적으로 구하였다. 이번에 사용한 계수는 $\alpha_0 = 1.5$, $\alpha_1 = 1.2$, $\alpha_2 = 0.05$이다. 또한 $f\,{}^{k}_{1} > 0.75$가 되었을 때 $f\,{}^{k}_{1}$는 0.75로 하였다. 이하에서는 오답이 없는 경우 k는 생략하는 것으로 한다.

4. 유전자 코딩과 세대교체

가상생물 염색체의 코딩에 대해서 탐색공간을 1/2로 하는 것 외에 다른 변환을 행하지 않고 상기의 수치를 직접 코딩으로 행한다.

수치의 코딩에는 첫째, 2치화 코드, 둘째, 그레이 코드, 셋째, 균질 코드, 넷째, 랜덤 코드를 고려할 수가 있다. 본 연구의 사구체 주변은 잡음이 대단히 많고, 경계추출에 있어서 수량적으로는 적지만 복잡한 형상에 대해서 국소적인 해가 많이 존재하여 폐곡선의 중심점은 수렴에 중요한 포인트가 되었다. 균질 코딩은 코드간의 해밍 거리에 규칙성이 없고, 가상생물 집단의 진화가

어느 정도 진행된 시점에서도 집단의 다양성이 보존되어 유지된다고 예상된다. 본 연구에서는 2치화 코드를 이용해서 극소해로부터의 탈출은 돌연변이율을 크게 변화시키는 것으로 대처하였지만 속도 면에서는 문제가 없었다. 또한 그레이 코드와의 우열에 대해서는 아직 명확하게 밝혀지지 않고 있다.

세대교체에 있어서, 유전자 열은 44비트의 2진수로 표현하였다. 개체의 수를 200, 실험적인 도태율을 0.4, 돌연변이율은 가변으로, 0.05를 초기값으로 하여 진화의 진행상황에 응해서 0.4까지 변화시켜 2점 교배로 400세대까지 행하였다.

5. B-스플라인 함수에 의한 에지의 근사

우선, B-스플라인 함수에 의한 에지의 근사화를 위해, 사구체 (N+1)개의 절점을 통과하는 유연한 곡선을 B-스플라인 함수로 표현한다. 여기서 보간해야만할 절점 열의 좌표 (x_i,y_i)에 대해서 파라메타 t_i를 결정하여 새로운 점열 $((t_i,x_i),(t_i\ ,y_i))(i=0,1,\cdots,\ N)$을 만든다. 이 때 x, y는 t에 의해 결정되는 함수로서 다음 식 (10)과 같이 표시된다.

$$\begin{cases} x=x(t) \\ y=y(t) \end{cases} \tag{10}$$

여기서, (N+1)개의 절점상에서 $t_i(i=0,1,\cdots,N)$는 각각 $0,1,\cdots,N$이 된다.

폐곡선은 다음 식 (11)과 같이 나타낼 수 있다.

$$\begin{cases} x(t)=\sum_{i=0}^{N}\alpha_i B_{i,K}(t) \\ y(t)=\sum_{i=0}^{N}\beta_i B_{i,K}(t) \end{cases} \tag{11}$$

여기에서 $B_{i,K}$는 (K-1)차 스플라인 함수의 기저이고, α_i, β_i는 정수이다.

상기 식에서 우선, α_i, β_i를 구한다. 이들은 윗 식에 절점의 좌표 $(t_i,x_i),(t_i,y_i)$ 및 그 점의 파라메타 $t_i=i(i=0,1,\cdots,N)$에 대한 $B_{i,K}(t_i)$의 값을 대입해서 얻게 되는 α_i, β_i에 관한 연립방정식으로부터 얻어진다. 여기에서, B-스플라인 함수는 절점수가 N+1=9이고, 차수가 (K-1)=2가 된다. 절점을 연결하는 곡선은 파라메타 t에 의해 결정된다. 즉, 제 i번째의 절점에서는 t=i가 되는 정수값이 되고, 절점의 제i번째와 i+1번째 사이에서는 다음 식 (12)로 나타낸 값을 취하는 것으로 한다.

$$i \leqq t < i+1 \tag{12}$$

절점간의 분할계수를 $Kubun$으로 하면 전체의 점의 계수가 $N_p=N\times Kubun+1$이기 때문에 시점으로부터 종점(단, 시점=종점)까지의 파라메타의 값은 간단히 식 (13)과 같이 나타낼 수 있다.

$$t=j/Kubun\ \ (j=0,1,\cdots,N_p-1) \tag{13}$$

실험은 B-스플라인 함수의 최소한의 절점수 8과 경험적인 실험값에 의해 절점간의 분할구분 개수 $Kubun=15$에서 행하였다. j를 0으로부터 N_p-1까지 변화시킴으로써 유연한 경계선 검출이 가능하였다.

Ⅲ. 에지의 정밀화

에지의 정밀화를 위해, Ⅱ장에서 행한 것처럼, $\sigma=1.8$로 취한 2치화 처리 영상을 준비해서 이하의 처리를 행한다. 그림 4(a)~그림 4(h)는 그림 1(a)~그림 1(h)의 원영상에 대해 유전적 알고리듬에 의해 추출한 사구체 영상의 윤곽선으로 이들 윤곽선에 대해서 고해상도 영상으로부터, 우선, 절점수 (8+1)로 절점을 수정한다. 유전적 알고리듬에 의한 추출결과가 그다지 좋지 않을 때, 예를 들면 그림 4(a)와 그림 4(b)와 같은 경우에 특히 효과가 있다. 다음으로, 절점수를 (16+1), (32+1)로 증가시킴으로써 추출 영역의 정밀화를 순차적으로 도모한다. 그리고 각 단계에서 추출한 에지의 중심 (x_0,y_0)를 수정해서 구하고, 이것을 새로운 원점으로 한다.

그림 5에 나타낸 바와 같이 각 절점 좌표값은 다음 식(14)의 직선, 즉

$$y=x\tan\theta_i,\ \text{단}\ \theta_i=\frac{2\pi}{N}i \tag{14}$$
$$(i=0,1,\cdots,N-1),N=8,16,32$$

와의 경계선의 교차점을 구함으로써 계산된다.

유전적 알고리듬에서 구한 경계선과 좌표 원점을 통과하는 식 (14)의 직선 교차점을 절점으로 해서, 그 수정해야할 절점을 해당 직선상의 절점 근방에서 찾는다. 그림 6(a)~그림 6(h)는 그림 1(a)~그림 1(h)의 원영상에 대해 $\sigma=1.8$일 때의 2치화 처리 영상으로, 즉, 부근

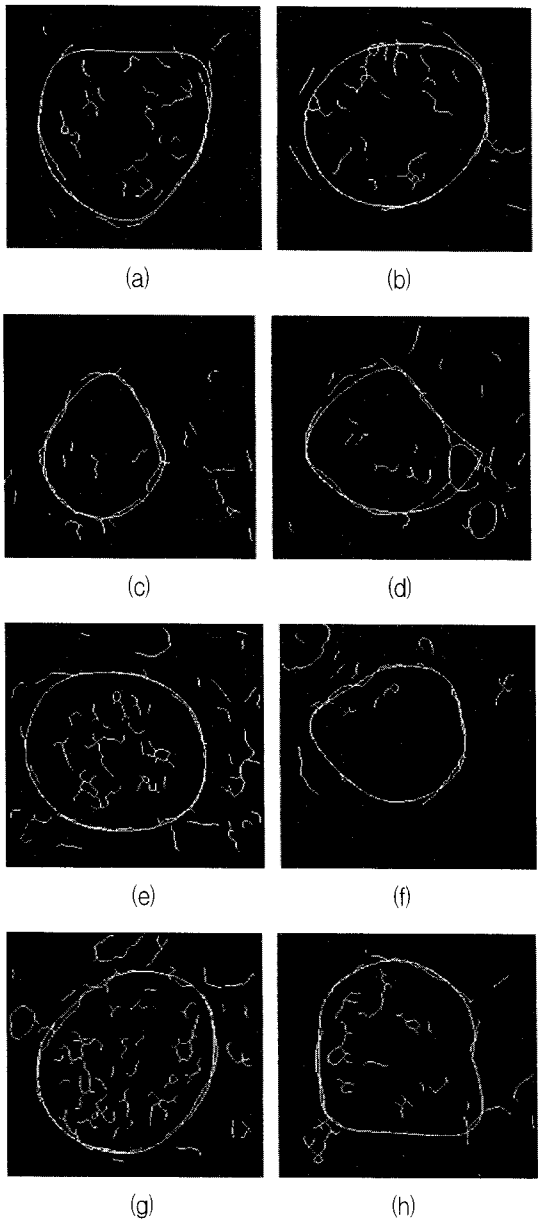


그림 4. 유전적 알고리듬에 의한 경계 검출
Fig. 4. Boundary extraction by genetic algorithm.

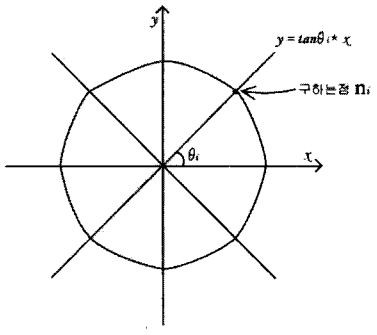


그림 5. N=8인 경우의 절점 수정
Fig. 5. Node correction in case of N=8.

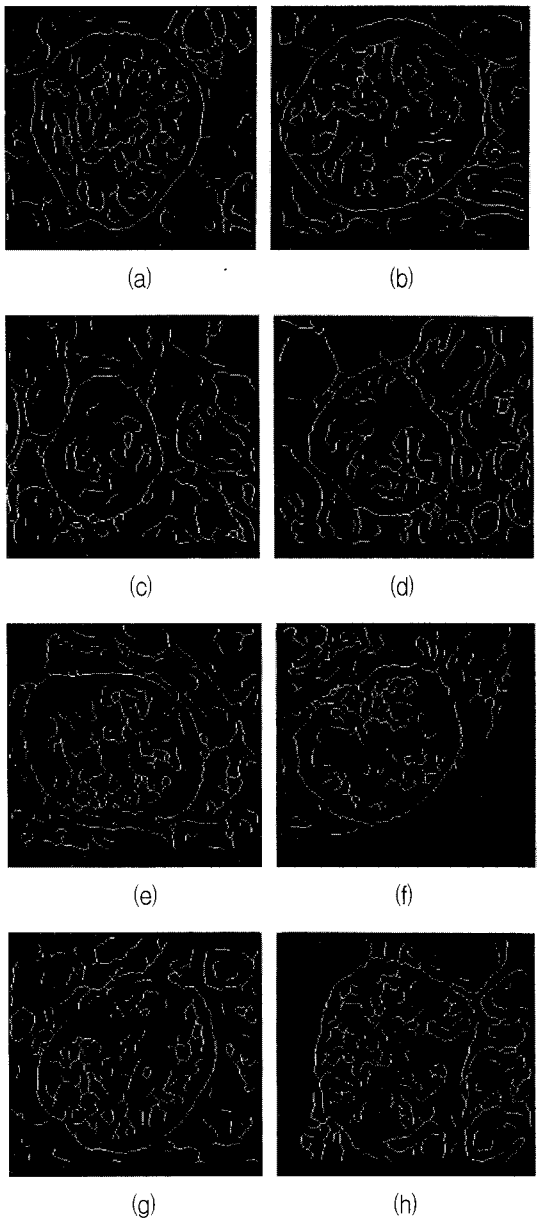


그림 6. 라플라시안-가우시안 필터에 의한 에지 영상 ($\sigma = 1.8$)
Fig. 6. Edge images by Laplacian-Gaussian filter in case of $\sigma = 1.8$

의 작은 범위내에서 이 2치화 영상 위의 흰점을 탐색해서, 만약 존재한다면, 찾아낸 모든 흰점을 순서에 의한 가상 절점으로 하여 각각에 대해서 B-스플라인 함수를 이용해서 폐곡선을 구한다. 이중에는 2치화 처리영상을 몽롱화한 것과 가장 잘 어울리는 폐곡선이 있다면 이 폐곡선에 대응하는 흰점을 새로운 절점으로 선택한다. 만약 이 흰점이 없다면 이 절점은 변하지 않는다. 만약 이 흰점을 탐색해서 찾아낼 수 없을 때도 이 절점은 변하지 않는다. 여기에서 최초 수정, 즉 8개 절점일 때, 유

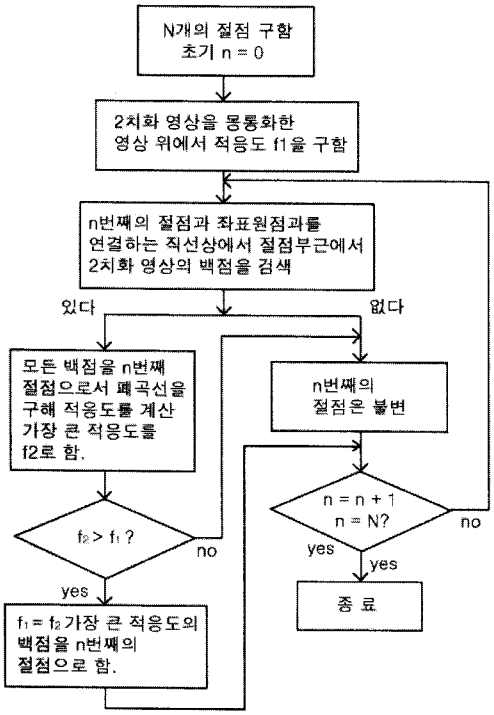


그림 7. 절점 수정 알고리듬 흐름도
Fig. 7. Algorithm of node modification.

전적 알고리듬에 의한 추출 결과가 그다지 양호하지 않거나 혹은 많은 절점이 사구체 경계선 위에 존재하지 않고 특히 연속 3개로 그러한 절점이 존재할 때, 이 3개 절점중 한가운데 절점을 시점으로 하여 위에서 기술한 방법으로 수정하면 큰 오차를 발생시킬 수 있다. 이 문제를 피하기 위해 시점을 랜덤하게 4회 선택해서 이 시점으로부터 수정하여 그 중에서 적응도가 가장 좋은 결과를 선택한다. 이 결과를 기초로해서 절점수를 16 및 32개로 증가시킨다. 이 수정방법에 의해 절점의 미세조정을 행한다. 이들 절점수정 알고리듬에 대한 흐름도를 그림 7에 나타낸다. 여기서, 8, 16, 32절점의 각 단계에서의 수정 폭은 순차적으로 작게해서 20, 10, 5로 한다. 또한 적응도를 계산하기 위해 2치화 영상에 대해서 Ⅱ.3절과 동일한 몽롱화 처리를 행하였다.

적응도 f는 다음 식 (15)로 계산한다.

$$f = \frac{\Sigma B(x_j, y_j)}{L \times \sum} \tag{15}$$

여기서, L=4는 몽롱화의 단계수, (x_i, y_i)은 보간을 행한 폐곡선상의 점 좌표, $\sum$은 이 폐곡선의 구성점의 총수이다.

Ⅳ. 실험결과

그림 1(a)~그림 1(h)로부터 얻어진 저해상도 2치화 영상인 그림 2(a)~그림 2(h)에 대해 유전적 알고리듬에 의한 추출 예를 그림 2에 겹쳐서 그림 4(a)~그림 4(h)에 나타냈다. 부분적으로는 진짜의 경계에 크게 벗어난 오인식 부분도 발생하고 있지만 이것은 주변부 타 세포 등의 영향으로 도중에서 많은 끊어짐이 발생하고 있기

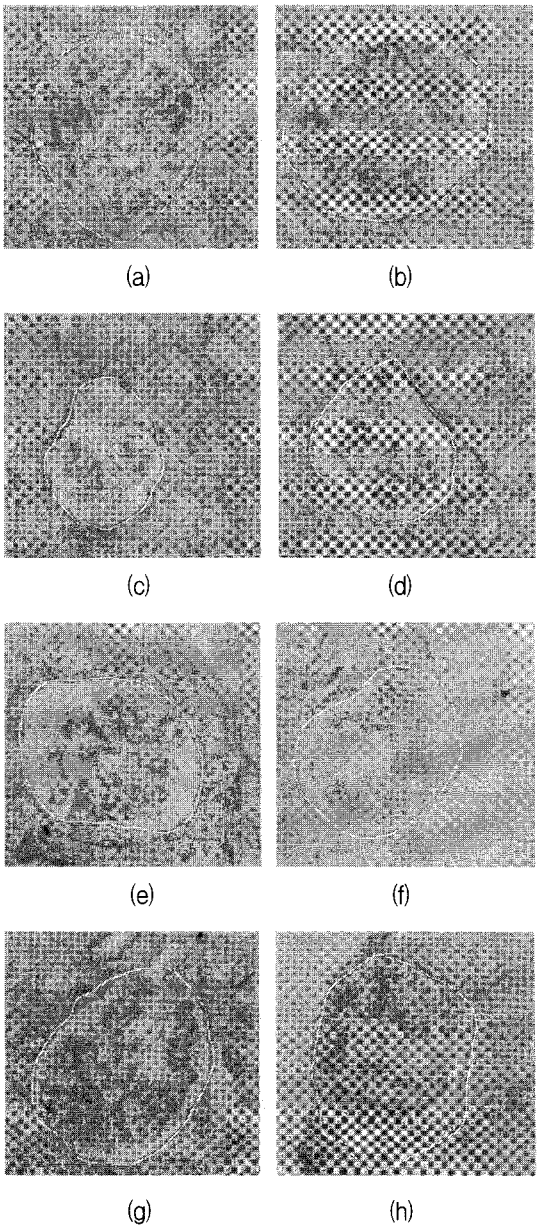


그림 8. B-스플라인의 곡선의 절점 조정에 의한 수정된 사구체 영역 추출의 최종적인 결과
Fig. 8. Final results of extraction of glomeruli region corrected by node modification of B-splines' curve.

때문으로, 추출 에지 그 자체는 시각적으로 타당한 것이 되고 있다. 그래서 B-스플라인 곡선의 절점을 조정함으로써 이 오인식 부분을 감소시켜 정밀화를 도모한다. 그 처리결과를 그림 8(a)~그림 8(h)에 흰선으로 나타냈다.

그림 8(a)~그림 8(h)는 그림 1(a)~그림 1(h)의 원영상으로부터 유전적 알고리듬에 의해 추출한 그림 4(a)~그림 4(h)의 영상에 대해 몽롱화와 B-스플라인 함수의 절점수 증가 처리에 의해 얻어진 추출정도가 향상된 사구체 영역의 영상이다. 그림 8(a)~그림 8(h)에서 보여지는 것처럼 사구체 영역에 대한 정확한 추출이 행해지고 있다. 빠진 부분, 도중에서 끊어진 부분이 많은 저해상도 영상으로부터 유전적 알고리듬에 의한 처리결과에 의해 고해상도 영상에 의한 정확한 보정을 행할 수 없는 경우도 발생한 그림 8(g)의 위쪽부분과 그림 8(h)의 오른쪽 아래부분을 충분히 보완할 수는 없었지만 대략적으로 추출할 수 있었다. 그림 8(g)와 그림 8(h)는 타 세포가 경계영역에 많이 존재해서 시각적으로도 추출이 곤란하다고 생각되지만 전체적으로 이러한 것의 수는 적었다.

V. 결 론

본 논문에서는 신장조직영상으로부터 사구체 영역을 추출하기위한 유전적 알고리듬에 의한 새로운 방법을 제안하였다. 우선, 라플라시안-가우시안 필터를 사용해서 저해상도와 고해상도 2치화 영상을 획득한다. 저해상도 영상으로부터 경계 에지를 추출한다. 사구체의 경계는 B-스플라인 폐곡선으로 표현한다. 이 B-스플라인 폐곡선을 결정하는 파라메타는 유전적 알고리듬에 의해 탐색함으로써 잡음과 경계선이 도중에서 끊어지는 것을 방지한다. 이 사구체의 경계 에지에 대해 고해상도 영상으로부터 절점수를 8개, 16개 및 32개로 순차적으로 증가시켜 수정함으로써 경계 에지의 정밀화를 도보하였다. 최종적으로 본 방법을 실제 영상에 적용함으로써 그 유효성을 확인하였다.

금후의 과제로서, 필터처리를 행하기 위한 가우스 함수의 표준편차 σ의 최적치에 대한 검토와 유전적 알고리듬보다 개선된 평가함수의 검토 및 유전적 알고리듬에 의한 절점위치의 최적화를 들을 수 있다.

참 고 문 헌

[1] AF. Michael, WF. Keane, L. Raij et al, "The glomerular mesangium," Kidney Int. Vol.17, pp.141-145, 1990.

[2] XM. Zhang, K. Taniguchi, Y. Nakano, "An extraction method of glomerulus region using neural network," Bioelectron and somatic Eng.,.Vol.32, Suppl. 2, p.71, 1994.

[3] XM. Zhang, K. Taniguchi, Y. Nakano, "Variable thresholding and its application to extracting nuclei in glomeruli," Proc. of International Association of Science and Technology for Development on MSI, pp.112-115, 1994.

[4] XM. Zhang, K. Taniguchi, Y. Nakano, "Extraction of glomerular cell nuclei redions in the kidney by dynamic thresholding method having feature amount feedback," Journal of the Institute of Electronics, Information and Communication Engineers, Vol.116, No.4, pp.425-431, 1996.

[5] RM. Haralick, LG. Shapiro, "Survey on image segmentation techniques," Computer Vision Graphics Image Process, Vol.29, pp.100-132, 1995.

[6] Z. Dokur, "Segmentation of MR and CT Images Using Hybrid Neural Network Trained by Genetic Algorithms," Neural Processing Letters, Vol.16, Iss. 3, pp.211-225, 2002.

[7] A. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos, "Snakes: Active Contour Models," International Journal of Computer Vision, Vol.1, No.3, pp.321-331, 1988.

[8] A. W. Liew, S. H. Leung and W. H. Lau, "Lip contour extraction from color images using a deformable model," Pattern Recognition, Vol.35, No.12, pp.2949-2962, 2002.

[9] J. Zhang, L. Wang, D. Niu, Y. Zhan, "Research and Implementation of a Real Time Approach to Lip Detection in Image Sequencs," Proceedings of the Second International Conference on Machine Learning and Cybernetics, Xi'an, 2-5, pp.2795-2799, Nov. 2003.

[10] T. Nagao, T. Agui and H. Nagahashi, "Pattern Matching of Binary Shapes using a Genetic Method," Journal of the Institute of Electronics, Information and Communication Engineers, Vol.J76-D-II, No.3, pp.557-565, 1993.

[11] M. Nagano, et al, "study of three chromosomal coding in genetic algorithm," Proceedings of IEICE, PRU 9-24, PP.41-48, 1994.

[12] Chuljin Jang and Hwan-Gue Cho, "A method of

image matching by 2D alignment of unit block based on comparison between block content," Proceedings of Korea Computer Congress 2008, KIISE, Vol.35, No.1, pp.295-296, 2008.
[13] 김응규, 이충호, "신장조직영상에서 사구체 영역의 자동 추출법," 한국신호처리시스템학회, 2006 하계 학술대회논문집, Vol.7, No.1, pp.21-24, 2006.

저 자 소 개

김 응 규(평생회원)
1976년 02월 충남대학교 공과대학 공업교육과 졸업(학사)
1978년 02월 충남대학교 대학원 공업교육과 졸업(석사)
1993년 09월 일본 오사카대학 대학원 기초공학연구과 정보공학전공 졸업(박사)
1982년 06월~1987년 09월 충남대학교 공과대학 조교.
1987년 10월~1989년 09월 교오토대학 공학부 연구원.
1990년 02월~1992년 03월 오사카대학 기초공학부 文部教官(助手).
1993년 09월~1994년 02월 충남대학교 공과대학 컴퓨터공학과 시간강사.
1994년 03월~현재 한밭대학교 정보통신·컴퓨터공학부 정보통신공학전공 (정)교수
2001년 02월~2002년 01월 Visiting Scholar, Oklahoma State University, USA
2003년 05월~2006년 02월 한밭대학교 BK21지역대학 육성사업단장 겸 정보통신·컴퓨터공학부장
2005년 03월~2007년 02월 한밭대학교 정보통신전문대학원장
2005년 01월~2008년 12월 대한전자공학회 대전·충남지부 상임이사(부지부장)
2006년 01월~2007년 12월 한국정보과학회 이사
2009년 01월~현재 대한전자공학회 대전·충남지부장
<주관심분야: 영상신호처리, 컴퓨터비젼, 영상압축통신, 컴퓨터그래픽(3D) 등>