

개미 군집 최적화 알고리즘을 이용한 뇌 자기공명 영상의 영역분할

이 명 은[†] · 김 수 형^{††} · 임 준 식^{†††}

요 약

논문에서는 개미 군집 최적화 알고리즘을 이용하여 뇌 자기공명 영상의 백질 및 회백질 영역을 분할하는 방법을 제안한다. 확률적 조합 최적화에 적합한 알고리즘으로 알려진 개미 군집 최적화 알고리즘은 실제 개미들이 집에서 먹이를 찾아가는 동안의 방법을 기억하는 습성을 적용한 것이다. 논문에서 제안하는 방법은 개미가 먹이를 찾아가는 동안의 방법을 기억하는 습성처럼 영상에서 원하는 픽셀을 찾아갈 수 있다는 것이다. 원하는 픽셀을 찾은 개미들은 페로몬을 픽셀에 축적하게 되는데 이 페로몬은 이후에 지나가는 개미들이 다음 경로를 선택할 때 영향을 준다. 그리고 각각의 반복단계에서 상태전이 법칙에 따라 영상의 위치를 바꿔가면서 최종 목적지에 도달하게 되며, 마지막으로 페로몬 분포의 분석을 통해 영상에서 분할 된 결과를 얻는다. 제안한 알고리즘을 기존의 임계치 기반의 분할 알고리즘인 Otsu 방법, 메타휴리스틱 계열의 대표적인 방법인 유전자알고리즘, 퍼지방법, 원래의 개미 군집 최적화 알고리즘등과 비교하였다. 비교 실험을 통해 제안한 방법이 뇌의 특정 영역을 더 정확하게 분할함을 알 수 있었다.

키워드 : 뇌 자기공명 영상, 영상분할, 개미 군집 최적화, 메타 휴리스틱 기법

Region Segmentation from MR Brain Image Using an Ant Colony Optimization Algorithm

Lee Myung-Eun[†] · Kim Soo-Hyung^{††} · Lim Jun-Sik^{†††}

ABSTRACT

In this paper, we propose the regions segmentation method of the white matter and the gray matter for brain MR image by using the ant colony optimization algorithm. Ant Colony Optimization (ACO) is a new meta heuristics algorithm to solve hard combinatorial optimization problem. This algorithm finds the expected pixel for image as the real ant finds the food from nest to food source. Then ants deposit pheromone on the pixels, and the pheromone will affect the motion of next ants. At each iteration step, ants will change their positions in the image according to the transition rule. Finally, we can obtain the segmentation results through analyzing the pheromone distribution in the image. We compared the proposed method with other threshold methods, viz. the Otsu' method, the genetic algorithm, the fuzzy method, and the original ant colony optimization algorithm. From comparison results, the proposed method is more exact than other threshold methods for the segmentation of specific region structures in MR brain image.

Keywords : Brain MR Image, Image Segmentation, Ant Colony Optimization, Meta Heuristic Method

1. 서 론

영상분할은 영상을 동질의 특성을 갖는 균일한 영역으로 구분해 내는 과정으로서 영상검색, 영상인식, 영상이해 등의

컴퓨터 비전에서 필수적인 과정 중의 하나이며 최근에는 고도의 의료 영상 촬영 장비가 개발되면서 선명도가 좋은 디지털 영상의 획득이 가능해짐에 따라 영상처리 및 영상해석을 활용한 의료진단에 영상분할 기술이 중요한 역할을 차지하게 되었다. 또한, 근래 뇌 질환 환자의 수가 급증하면서 뇌 영상 분할에 관한 많은 논문들이 나오고 있다.

오늘날 의료진단을 위하여 일반적으로 사용되고 있는 진단용 영상으로부터 관심 대상 부위를 분할하는 영상 분할은 삼차원 가시화, 해부학적 구조의 연구, 모의 수술 계획 등 다양한 의료 영상 활용 분야에 가장 먼저 수행되어야 하는

※ 이 논문은 2007년도 정부(교육과학기술부)의 재원으로 한국과학재단의 지원을 받아 수행된 연구임(No. R01-2007-000-20486-0).

† 정 회 원 : 전남대학교 전자컴퓨터공학부 연구원(교신저자)

†† 종신회원 : 전남대학교 전자컴퓨터공학부 교수

††† 준 회 원 : 전남대학교 전자컴퓨터공학부 박사과정

논문접수 : 2009년 2월 17일

수정일 : 1차 2009년 3월 24일

심사완료 : 2009년 3월 24일

중요한 작업이다. 그러나 대상 영상과 분할하고자 하는 관심 대상 영역의 다양성 및 복잡성으로 인해 자동화된 영상 분할 방법의 개발은 쉽지 않다. 따라서 정확한 영상 분할은 단순히 눈으로 신체 특정 부위의 모양과 상태를 보거나 조사하는 정도에서 벗어나 원하는 신체 부위를 정확히 찾아내어 최상의 수술 계획을 세우거나 또는 질병의 진행 모습을 추적하는 데에도 유용하게 이용된다. 이러한 이유로 컴퓨터를 이용한 의료영상 처리기술의 개발에 대한 필요성이 제기되며 영상처리 과정의 첫 단계에서 가장 중요시 되는 성능이 우수한 영상분할 기술의 개발에 있다.

따라서, 자동으로 뇌 자기공명 영상에서 백질, 회백질 등의 분할을 수행하는 컴퓨터지원진단(CAD:Computer Aided Diagnosis) 시스템 개발의 의미는 크다. 컴퓨터지원진단 시스템은 반복적이거나 빠뜨리기 쉬운 부분을 검출, 계산하는데 쓰이며 의사의 진단 시간과 소모적인 업무를 대신하여 진단 효율을 향상시키는데 목적을 두고 있다. 본 논문에서는 뇌 자기공명 영상의 영역 분할을 위하여 휴리스틱기법 기반의 개선된 개미 군집 알고리즘[1-5]을 적용하고자 한다. 이 알고리즘은 실제 개미들이 먹이에서 집까지 가장 짧은 경로를 찾는 능력을 모방한 메타 휴리스틱 기법이며, 최근 들어 확률적 조합 최적화에 적합한 효과적인 알고리즘으로 알려지고 있다.

본 논문의 전체적인 구성은 다음과 같다. 먼저 1장 서론에 이어 2장에서는 기존에 제시된 의료 영상 분할 기법들을 설명하고, 3장에서는 기존의 개미 군집 최적화 알고리즘에 관한 개요, 4장에서는 뇌 영상 분할을 위한 제안한 개미 군집 최적화 알고리즘을 제시한다. 제 5장에서는 제안한 분할 기법의 실험 결과와 그에 대한 분석을 하였으며, 6장은 본 연구에 대한 결론을 제시한다.

2. 기존의 분할 알고리즘

본 장에서는 뇌 자기공명 영상에 관하여 그 동안 연구되었던 분할 알고리즘에 관하여 살펴본다. 기존에 많이 사용된 대표적인 분할방법은 반복적 임계(thresholding)값[6] 방법, 에지 검출 방법, 영역 기반[7] 분할 방법 등이 있다. 반복적 임계값 방법은 특정 임계 값으로 영상을 이진화하여 영상을 두 영역으로 나눈다. 나누어진 각 영역은 특정 조건에 의해 더 이상 나누어지지 않을 때까지 임계 값을 다시 계산하여 이진화를 반복하는 것이며, 가장 간단한 방법으로 분할은 할 수 있으나 정확하고 세부적인 임계 값을 구하는 것은 불가능하다. 에지 검출 방법은 영상으로부터 추출된 에지의 강약에 의해서 주어진 영상을 분할 할 수 있는데 영상의 객체가 뚜렷한 윤곽을 포함하고 있는 영상에 대해서는 좋은 결과를 보여주지만, 기술기 연산자들이 잡음에 대하여 민감한 특징을 보이며, 추출된 경계의 불연속 때문에 실제로 이용함에 있어서는 많은 문제점을 가지고 있다. 영역 기반 분할 방법은 영상을 처음에 임의로 몇 개의 분리된 영역들로 나눈 후, 그 영역들을 특정 조건들을 만족시키도록 하

기 위하여 다시 분할 혹은 병합[8]하는 방법과, 성장을 위한 미리 정의된 기준에 따라 화소들 혹은 부 영역들을 더 큰 영역들로 군집화 하는 영역 성장[8] 방법이 있다. 영역의 성장은 그 영역에 속하기 위한 기준을 만족시키는 화소가 더 이상 존재하지 않는다면 멈춰야 한다. 밝기 값, 텍스처, 칼라와 같은 기준들은 특성상 지역적이며 영역 성장의 내력을 고려하지 않는다는 점이다. 또한 특정한 응용에서 영상의 사전 지식을 이용함으로써 분할 결과를 향상시킬 수 있는 방법이다. 하지만 세분화된 분할 작업에는 많은 문제가 있다. 위와 같은 방식들은 고정 형태의 윤곽 추출에서는 양호한 결과를 기대할 수 있으나 고정 형태가 아닌 물체의 윤곽 추출에는 추출결과가 잡음의 영향을 크게 받을 수 있다는 단점들을 가지고 있다.

최근에는 잡음에 강인하면서 동작특성이 우수한 영상 분할 방법들로 통계학적 모델을 사용한 EM방법[9] 등이 개발되었으며 이 방법들은 의료영상처리 분야에서 많은 관심을 가지게 되었다. 가우시안 모델기반의 EM방식은 혼합 모델의 파라미터 추정을 위해 결정적 어닐링 EM 알고리즘이 사용되고, 추정된 통계적인 분포 특성에 따라서 각 화소의 사후 확률을 계산하여 동질의 영역을 나타내는 샘플들의 집합으로 객체를 분할한다. 그러나 EM 알고리즘은 초기 파라미터 값이 정확한 값으로 들어가야만 정확한 분할결과를 얻을 수 있다는 단점을 가지고 있다. 마지막으로 메타-휴리스틱계열의 대표적인 응용방법으로 유전자 알고리즘[10], 개미 모델[1-5] 등이 있으며 특히 최근 들어 개미 모델은 확률적 조합 최적화에 적합한 효과적인 알고리즘으로 알려져 있다. 따라서 본 논문에서는 개미 군집 최적화 알고리즘을 뇌 자기공명 영상의 영역을 분할하는데 새롭게 적용하고자 한다.

3. 개미 군집 최적화 알고리즘 개요

개미 군집 최적화 알고리즘은 조합 최적화 문제를 해결하기 위해 Dorigo와 Gambardella등에 의해 소개되었다[1-4]. 그 기본 원리는 에이전트라 불리는 개미들이 목적지를 향해 나아가는 동안 각 경로에 페로몬(pheromone)을 분비하고, 이후에 지나가는 개미들은 그 경로에 쌓여있는 페로몬 정보를 이용해 다음 경로를 선택하는 원리를 휴리스틱 탐색에 적용시킨 것이다[5]. (그림 1)은 위에서 소개한 개미 군집



(그림 1) 개미 군집 최적화 방법의 기본원리

최적화 방법의 기본원리를 나타내고 있다.

일반적으로 개미 군집 최적화 방법은 다음과 같은 방법으로 수행을 한다. 먼저 m 개의 개미들이 초기화 규칙에 따라 무작위로 n 개의 노드를 선택한 다음, 각 개미들은 상태전이 규칙에 따라 다음에 방문할 노드를 선택하고 계속해서 탐색 과정을 거친다. 이러한 탐색과정을 거치는 동안 개미들은 갱신 규칙에 따라 방문한 각 간선에 페로몬 양을 변경하게 된다. 그리고 일단 모든 개미들이 탐색과정을 마치게 되면 갱신 규칙에 따라 다시 한 번 페로몬 양을 변경하게 된다. 결국, 각 개미들은 짧은 간선을 선택하려는 휴리스틱 정보와 많은 양의 페로몬을 가진 간선을 선택하려는 페로몬 정보에 따라 탐색경로를 완성하게 된다.

개미 군집 최적화 알고리즘은 첫 번째 노드에 있는 개미가 다음 노드로 이동하며 수행하는데 이러한 규칙을 상태전이(state transition) 확률이라 하고 다음 식과 같다[10].

$$p_i = \frac{\omega(\sigma_i)(v^* \omega \sigma_i)}{\sum \omega(\sigma_i)(v^* \omega \sigma_i)}, \quad \omega(\sigma) = \left(1 + \frac{\sigma}{1 + \delta \sigma}\right)^\beta \quad (1)$$

여기서 ω 는 가중치, σ 는 픽셀 r 에서 페로몬 농도, v 는 각 반복 횟수에서 페로몬의 쇠퇴율이다. 이는 무조건 페로몬의 농도만으로 다음 노드를 선택하지 않고 주어진 확률분포를 이용해서 다음 노드를 선택하는 과정을 의미한다.

개미 군집 알고리즘에서 갱신하는 방법[5]은 개미들이 모든 경로를 완성한 후 경로를 구성한 모든 간선에 대해 갱신을 하는데, 개미들이 방문한 각 간선들에 대해 아래의 갱신 규칙을 적용시켜 페로몬의 양을 갱신 시킨다.

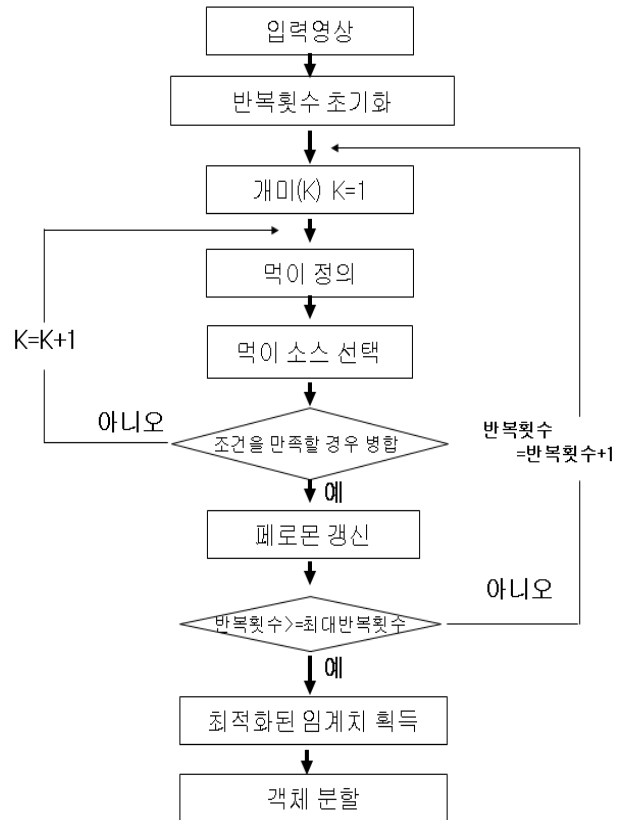
$$\tau \leftarrow (1 - \rho) \cdot \tau + \rho \cdot \Delta \tau \quad (0 < \rho < 1), \quad \Delta \tau = \sum_{k=1}^m \Delta \tau \quad (2)$$

여기서 $\rho(0 < \rho < 1)$ 는 페로몬 지연(decay) 파라미터이고, $\Delta \tau$ 은 간선에 대해 전체 페로몬 증가량을 의미하고 m 은 개미 수이다. 또한, 개미들이 모든 경로 사이클을 완성한 후에 다시 한 번 갱신을 수행하는데, 이때는 가장 짧은 전체 경로를 완성한 개미의 경로에 대해 갱신하는 것을 말하며 더 짧은 경로 사이클에 더 많은 강화를 제공하게 된다.

4. 영상 분할을 위한 제안한 알고리즘 모델링

의료영상 분할에 개미 군집의 특성을 이용하고자 할 때, 개미들은 영상에서 먹이(food)를 구분할 수 있다고 생각한다. 즉, 개미들이 의료영상에서 찾고자 하는 먹이와 유사한 픽셀들을 찾을 수 있다고 가정하며, 유사한 픽셀들을 찾은 개미들은 픽셀들위에 다른 개미들의 움직임에 영향을 주는 페로몬을 축적한다. 그 다음 개미들은 각 반복단계에서 영상에 그들의 위치를 전이확률에 따라 변화시킨다. 본 논문에서 제안한 의료영상 분할은 개미들이 먹이 소스 즉, 영상

분할의 최적 임계치를 얻기 위하여 특정 벡터를 찾는 과정이며 페로몬의 농도 뿐 만 아니라 상태전이 확률 분포에 먹이정의가 추가함으로써 기존의 개미 군집 최적화 방법보다 더 정확한 영역 분할을 할 수 있다. 제안된 분할 방법의 블록 다이어그램을 (그림 2)에 나타냈다.



(그림 2) 제안된 분할 알고리즘의 블록 다이어그램

4.1 먹이 정의 및 먹이 소스 선택

논문에서 먹이는 영상분할 동안 개미들에 의해서 기억된 참조(reference) 객체로 정의할 수 있다. 즉, 입력 영상에서 픽셀 o 의 주변 픽셀 반경 $n_r(o)$ 을 선택하고 $t=0$ 일 때 개미들의 기억상태를 다음과 같이 초기화 한다.

$$f_{i,t=0} = n_r(o), \quad n_r(o) = [e \in I \mid \|e - o\| < r] \quad (3)$$

여기서 r 은 개별적인 개미 상태의 위치를 나타내며, e 는 개미 상태의 위치를 통과하는 픽셀을 나타낸다. I 는 분할을 위한 영상에서의 픽셀을 나타낸다. 개미들이 새로운 먹이 소스를 발견 했을 때, 개미의 기억에 있는 먹이는 전이확률에 따라 새로 갱신된다. 다음으로 먹이가 정의되었을 때, 개미들은 유사한 특성들을 가지고 픽셀들을 찾는 과정(먹이 소스 선택)을 수행한다. 이러한 유사한 픽셀들을 찾기 위하여 개미들은 그들이 찾고자 하는 객체와 유사한 픽셀들을 비교한다.

4.2 상태전이 규칙

각 반복 단계에서 개미들은 현재 픽셀에서 다른 픽셀로 이동하며 개미들의 전이확률은 다른 개미들의 주변에도 영향을 미친다고 가정한다. 또한, 다른 개미들의 영향은 가중치 w 로 주어지며, 시간 t 에서 현재 픽셀에서 다른 픽셀로 이동하기 위한 정규화된 전이 확률은 다음과 같이 정의한다.

$$p_i = \frac{\omega(\sigma_i)((v^* \omega \sigma_i) + E_i)}{\sum \omega(\sigma_i)((v^* \omega \sigma_i) + E_i)} \quad (4)$$

$$\omega(\sigma) = (1 + \frac{\sigma}{1 + \delta \sigma})^\beta, \quad E = \frac{n_r - food}{nr} \quad (5)$$

여기서 σ 는 픽셀 r 에서의 페로몬 농도, $n_r - food$ 는 정의된 먹이의 수, nr 은 전체 먹이들의 수, v 는 각 반복 횟수에서 페로몬의 쇠퇴율이다. 이 정의와 함께 개미들의 행동은 먹이 소스를 찾아가는 능력이 향상되는 것처럼 군집 행동이 더 많이 일어나게 된다.

4.3 페로몬 갱신

개미가 먹이 소스를 찾는 과정 동안에 각 개미는 그 자신의 임계치 λ 를 가지며, 임계치를 초과했을 때 먹이 소스로 분할하고자하는 목표물을 고려한다. 또한 픽셀에서의 페로몬 퇴적은 τ 로 정의할 수 있고 다음 식 (6)과 같다.

$$\tau = \begin{cases} \eta & p_i < \lambda \\ \eta + p^* u & p_i \geq \lambda \end{cases} \quad (6)$$

여기서 η 는 페로몬의 양을 나타내는 상수이고 p 는 가중치 상수이며, u 는 먹이 소스를 위한 개미들의 탐색률이다. 따라서 개미 움직임과 함께 모든 경로에 있는 페로몬 양이 변화된다. 한 번의 이동을 통해서 모든 경로(path)에 있는 페로몬 양이 조절되며, 식 (6)에 의해서 페로몬이 갱신된다.

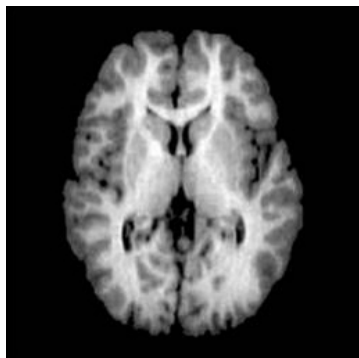
마지막으로, 개미 군집의 종료조건은 설정된 최종 반복 횟수가 종료되었을 때 알고리즘이 종료되게 설정하였다. 반복 횟수가 너무 적다면 최적화 탐색과정이 충분치 못할 것이며 그 결과 최적화 임계치 값은 얻어지지 않을 것이다. 반면에, 너무 큰 반복횟수가 설정이 된다면 최적의 임계치를 얻을 수는 있지만 계산시간이 오래 걸려 알고리즘의 효율성이 감소될 것이다. 따라서 본 논문에서는 최적의 임계치를 얻는데 초점을 두고 실험에 의해 반복횟수를 설정하였다.

5. 실험결과

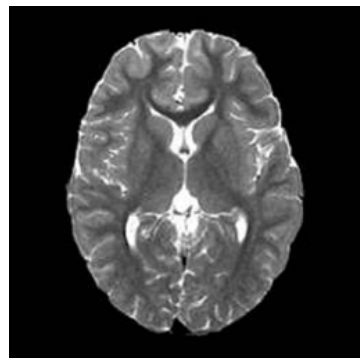
제안한 방법을 실제 뇌 자기공명 영상에 적용하였다. 뇌 자기공명 영상은 원래 다이콤(DICOM) 형태의 영상포맷이다. 보통 한 사람에 대하여 다양하게 위치 및 방향을 바꾸어 가며 획득한 영상이 100 슬라이스 이상 얻어지고 있으나, 백질 및 회백질의 추출을 위해 사용될 수 있는 영상은 전체 영상 중 15 슬라이스 내외로 얻어지고 있다. 또한, 자기공명 영상에서 그레이 스케일은 신호도와 직접적으로 관계가 있으며, 신호도가 높은 구조는 밝게 나타나고 중간정도의 신호도나 낮은 신호도는 각각 회색, 검정색으로 어둡게 나타나게 된다. T1 강조영상에서 뇌 조직은 중간 정도의 신호도를 가지는데 뇌척수액은 검게 보이고, 지방이나 백질 및 회백질과 같은 뇌 실질은 상대적으로 희게 나타난다. T2 강조영상은 전체적으로 어둡게 표현되어 있으나 뇌 전체에 분포되어 있는 뇌척수가 상대적으로 밝게 표현되며, 백질 및 회백질과 같은 뇌 실질은 상대적으로 상당히 검게 나타나게 된다.

실험에 사용된 영상의 한 슬라이스는 256x256크기이고, 각 픽셀은 8bit로서 0에서 255범위의 명암 값으로 표현되며, 논문에서는 BMP(bitmap)형식의 파일로 변환하여 처리하였다. (그림 3) (a)는 전처리과정을 거쳐 외피를 제거한 뇌 자기공명 T1 강조영상이고, (b)는 T2 강조영상이다.

(그림 4)는 제안한 알고리즘의 종료조건으로 설정된 반복 횟수의 변화에 따른 T1 강조영상의 백질부분의 분할결과를 나타내고 있다. 4장에서 기술했듯이 개미 군집의 종료조건

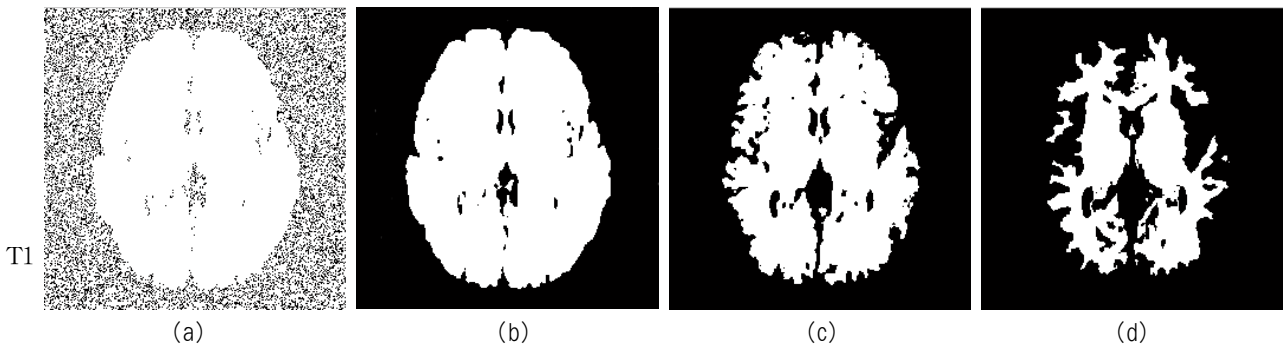


(a)

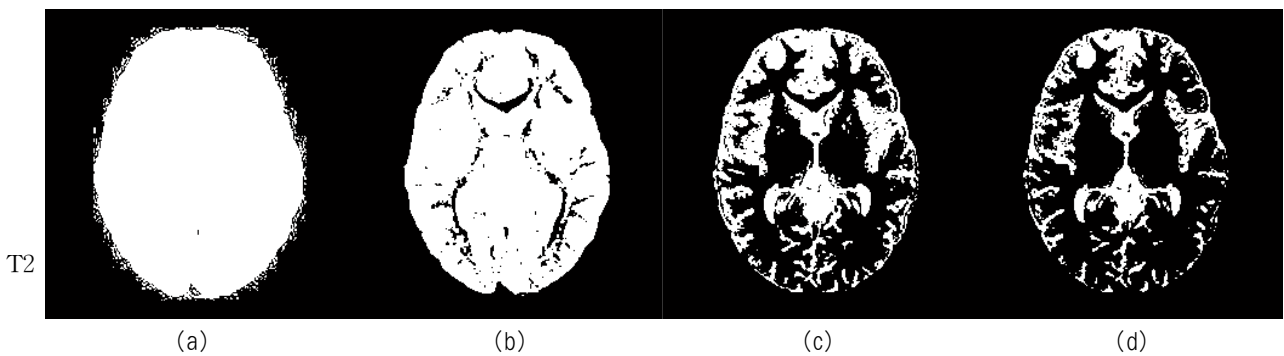


(b)

(그림 3) 뇌 자기공명 원본 영상 (a) T1 강조영상 (b) T2 강조영상



(그림 4) 반복횟수에 따른 백질 분할 결과 (a)10회 (b) 50회 (c) 100회 (d) 200회



(그림 5) 반복횟수에 따른 회백질 분할 결과 (a)10회 (b) 50회 (c) 100회 (d) 200회

은 설정된 최종 반복 횟수가 종료되었을 때 알고리즘이 종료되게 설정하였다. 따라서 본 논문에서는 최적의 임계치를 얻는데 초점을 두고 반복실험에 의해 횟수를 설정하였다. 분할결과에서 보여주듯이 반복횟수가 너무 적게 설정이 되면 백질의 해부학적 구조가 정확하게 분할되지 않음을 확인할 수 있었고 반복횟수가 증가하면서 더 정확하게 백질이 분할됨을 확인할 수 있다.

다음 (그림 5)는 반복횟수에 따른 T2 강조영상의 회백질 부분의 분할결과를 나타냈다. 백질의 분할결과와 마찬가지로 (그림 5) (a), (b) 처럼 반복횟수가 너무 적게 설정이 되면 회백질의 해부학적 구조가 정확하게 분할되지 않음을 확인할 수 있었고 반복횟수가 증가하면서 더 정확하게 회백질이 분할됨을 확인할 수 있다.

(그림 6)의 결과는 제안한 방법과 기존의 분할 방법들과 비교한 실험결과이다. 첫 번째 행은 T1 강조영상, 두 번째 행은 T2 강조영상에 대한 결과이며, 왼쪽부터 (a) Otsu 방법, (b) 유전자 알고리즘, (c) 퍼지 방법, (d) 기존 개미 군집 최적화 방법, (e) 제안한 방법을 나타내고 있다. 첫 번째 행의 T1 강조영상의 백질 분할결과에서 (a) Otsu 방법, (b) 유전자 알고리즘, (c) 퍼지 방법을 이용한 결과는 정확한 백질이 분할되지 못했음을 알 수 있으며, (d) 기존의 개미 군집 최적화 방법을 이용한 결과와 비교했을 때 (e) 제안한 방법이 백질의 구조적인 부분을 더 정확하게 분할함을 알 수 있다. 두 번째 행 T2 강조영상의 회백질 분할결과를 보

면 (a) Otsu와 (b) 유전자 알고리즘을 적용한 결과는 회백질의 내부가 거의 분할되지 못하였고, (c) 퍼지 방법을 이용한 결과는 회백질의 내부가 많이 제거됨을 알 수 있다. (d) 기존의 개미 군집 최적화 방법의 결과는 기존의 방법보다는 보다 정확하게 분할됨을 알 수 있지만 회백질이 아닌 부분까지 분할결과에 포함하고 있는걸 확인할 수 있다. (e) 제안한 방법의 결과는 논문에서 제시한 기존의 방법들과 비교했을 때 정확하게 회백질 부분이 분할됨을 확인할 수 있다.

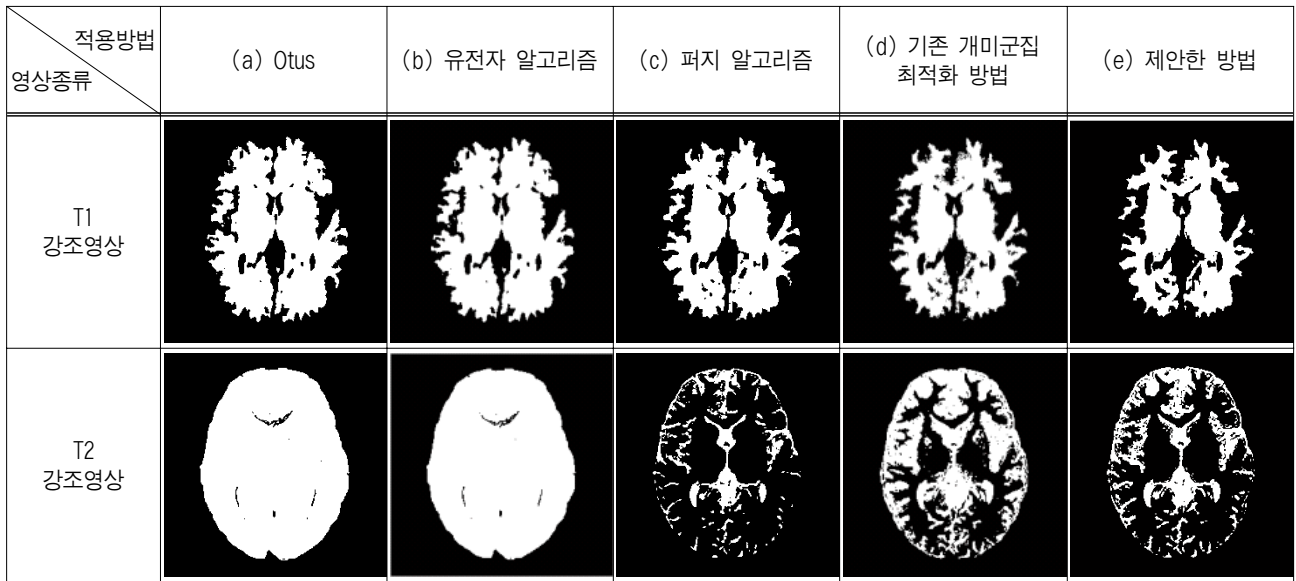
또한, 알고리즘의 견고성을 평가하기 위하여 같은 원본영상에 블러링을 적용하여 기존 분할방법들과 비교하였다. (그림 7)의 결과에서 볼 수 있듯이 블러링된 영상에서도 기존의 분할 방법보다 제안한 방법이 더 견고함을 알 수 있다.

영상 분할 결과의 성능평가 방법으로써 논문에서는 객관적인 평가항목으로 영상의 해상도 측정치인 엔트로피 H[11] 값을 사용하였다. H는 다음 식 (7)과 같이 정의한다.

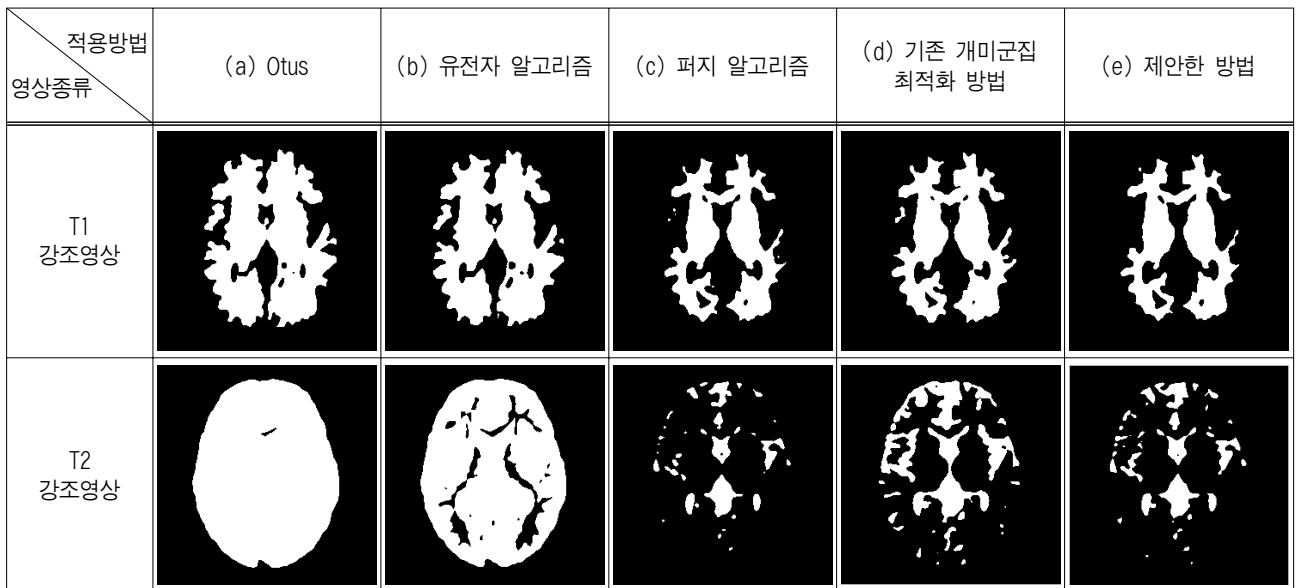
$$H(x) = - \sum_{i=0}^{255} p_i \log_2 p_i \quad (7)$$

여기서 i 는 영상의 밝기 값이며, H의 계산결과 값이 더 작을 경우 더 높은 해상도를 가지고, H가 더 클수록 더 낮은 해상도를 갖게됨을 알 수 있다.

<표 1>의 결과와 같이 제안한 방법이 전통적인 분할방법을 사용한 것보다 엔트로피의 값이 작게나옴을 알 수 있으



(그림 6) 제안한 방법과 기존 방법의 분할 결과



(그림 7) 블러링 영상에 대하여 제안한 방법과 기존 방법의 결과

<표 1> 뇌 자기공명 영상에 대한 기존의 분할 알고리즘과의 엔트로피 값 비교

분할방법	영상종류	T1 강조영상	T2 강조영상
Otus 방법		0.5244	0.4906
유전자 알고리즘		0.5189	0.5290
퍼지 방법		0.5253	0.4657
기존의 개미 군집 최적화 방법		0.5222	0.3897
제안한 방법		0.5033	0.3787

며, 제안한 방법을 이용한 분할된 결과가 더 효과적임을 확인할 수 있다.

6. 결 론

본 논문에서는 뇌 자기공명 영상에서 해부학적 구조를 자동 분할하는 방법을 제안하였다. 실험 결과에서 확인했듯이 기존의 분할 방법에 비해 백질 및 회백질이 정확하게 분할됨을 알 수 있었다. 이는 컴퓨터지원진단 시스템에 적용할 수 있는 효과적인 알고리즘임을 확인했으며, 뇌 질환의 조기 진단에 유용할 것이라 예상된다.

향후 연구주제로는 제안한 방법이 T1, T2 영상의 구분없이 백질 및 회백질을 구분할 수 있도록 향상 시킬 필요성이 있으며, 종양을 포함하고 있는 것과 같이 다양한 자기공명 뇌 영상에 적용 할 수 있도록 알고리즘을 향상 시킬 필요가 있다. 이에 페르몬 갱신 방법을 다양하게 적용할 필요가 있으며 알고리즘 수행시간을 단축시키는 연구가 진행될 예정이다.

참 고 문 헌

[1] A. Colomi, M.Dorigo, and V. Maniezzo, "An investigation of some properties of an ant algorithm," Proceedings of the Parallel Problem Solving from Nature Conference (PPSN 92), R. Manner and B. Manderick(Eds.), Elsevier Publishing, pp.509-520, 1992.

[2] A.Colomi, M.Dorigo, and V. Maniezzo, "Distributed optimization by ant colonies," Proceedings of Ecal91-European Conference of Artificial Life, Paris, France, F.Varela and P.Bourgine(Eds.), Elsevier Publishing, pp.134-144, 1991.

[3] L.M. Gambardella and M.Dorigo, "Ant Colony System: A Cooperative Learning approach to the Traveling Salesman Problem" IEEE Transactions on Evolutionary Computation, Vol.1, No.1, 1997.

[4] M. Dorigo, V.Maniezzo, and A.Colomi, "The ant system: optimization by a colony of cooperation agents," IEEE Transactions of Systems, Man, and Cybenetics-Part B, Vol.26, No.2, pp.29-41, 1996.

[5] 이승관, 정태충, "최적화 이론 : 개미군집 최적화," 경희대학교 출판국, 2005.

[6] R. C. Gonzalez and P. Wintz, Digital Image Processing, 3rd Edition, Addison-Wesley, 1993.

[7] T. Asano, N. Yokoya, "Image Segmentation Schema Low-level Computer Vision", Pattern Recognition, Vol.14, pp.267-273, 1981.

[8] R. C. Gonzalez, R. E. Woods, S. L. Eddins, "Digital Image Processing using Matlab", Prentice Hall, 2004.

[9] A. P. Dempster, N. M. Laird and D. B. Rubin, "Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm", J. Royal Statistical Society Ser. B, Vol.39, pp.1-38, 1977.

[10] L. Bosco, "A genetic algorithm for image segmentation", Image Analysis and Proceedings, Sept., pp.262-266, 2001.

[11] H. M. Yao, J. F. Wang, X. Z. Liu, "A Minimum Entropy Spectrum Extrapolation Technique and Its Application to Radar Super Resolution", Modern Radar, Vol.27, No.3, pp.18-19, 2005.



이 명 은

e-mail : melee@chonnam.ac.kr
 1998년 목포대학교 전자공학과(학사)
 2001년 목포대학교 전자공학과(공학석사)
 2007년 목포대학교 전자공학과(공학박사)
 2006년~2007년 목포대학교 정보공학부 초빙교수

2007년~현 재 전남대학교 전자컴퓨터공학부 연구원
 관심분야 : 의료영상 분할 및 정합, 3차원 시각화, 패턴인식, 인공지능



김 수 형

e-mail : shkim@chonnam.ac.kr
 1986년 서울대학교 컴퓨터공학과(학사)
 1988년 한국과학기술원 전산학과(공학석사)
 1993년 한국과학기술원 전산학과(공학박사)
 1993년~1996년 삼성전자 멀티미디어연구소 선임연구원

2000년~2002년 캐나다 Concordia 대학 CENPARMI 연구소 방문교수
 1997년~현 재 전남대학교 전자컴퓨터공학부 교수
 관심분야 : 인공지능, 패턴인식, 문서영상 정보검색, 유비쿼터스 컴퓨팅



임 준 식

e-mail : goethe0708@iip.chonnam.ac.kr

2004년 전남대학교 전산학과(학사)

2007년 전남대학교 전산학과(이학석사)

2007년~현재 전남대학교 전자컴퓨터공
학부 박사과정

관심분야 : 객체추정, 문자인식, 3D 시각화