

MR 영상에서 정규화된 기울기 크기 영상을 이용한 자동 간 분할 기법

이정진[†], 김경원^{**}, 이 호^{***}

요 약

본 논문에서는 자기 공명 영상에서 고속의 간 분할 기법을 제안한다. 제안 기법은 MR 영상을 정규화된 기울기 크기 정보를 바탕으로 효율적으로 객체와 경계로 구분한다. 다음으로 간 영역에 해당하는 객체를 직전에 분할된 슬라이스의 간 영역에서 추출된 씨앗점으로 2차원 씨앗점 영역 성장법을 이용하여 검출한다. 마지막으로 롤링 볼 알고리즘과 연결 요소 분석 기법을 사용하여 간 경계 부근의 위양성 오차를 최소화한다. 20명의 환자 데이터에 대하여 제안 기법으로 분할한 결과와 수작업으로 분할한 결과를 비교하여 정확성을 검증하였다. 평균 볼륨 오버랩 오차 5.2%였고, 평균 절대값 볼륨 측정 오차는 1.9%였다. 제안 기법으로 한 환자 데이터를 분할하는 데 소요되는 평균 시간은 약 3초 정도였다. 제안 기법은 빠르고, 정확한 간 분할을 필요로 하는 컴퓨터 보조 간 진단 기법에 사용될 수 있다.

Automatic Liver Segmentation Method on MR Images using Normalized Gradient Magnitude Image

Jeongjin Lee[†], Kyoung Won Kim^{**}, Ho Lee^{***}

ABSTRACT

In this paper, we propose a fast liver segmentation method from magnetic resonance(MR) images. Our method efficiently divides a MR image into a set of discrete objects, and boundaries based on the normalized gradient magnitude information. Then, the objects belonging to the liver are detected by using 2D seeded region growing with seed points, which are extracted from the segmented liver region of the slice immediately above or below the current slice. Finally, rolling ball algorithm, and connected component analysis minimizes false positive error near the liver boundaries. Our method was validated by twenty data sets and the results were compared with the manually segmented result. The average volumetric overlap error was 5.2%, and average absolute volumetric measurement error was 1.9%. The average processing time for segmenting one data set was about three seconds. Our method could be used for computer-aided liver diagnosis, which requires a fast and accurate segmentation of liver.

Key words: Liver Segmentation(간 분할), Normalized Gradient Magnitude Image(정규화된 기울기 크기 영상), Rolling Ball Algorithm(롤링 볼 알고리즘), MR Images(MR 영상)

※ 교신저자(Corresponding Author) : 김경원, 주소 : 서울특별시 서초구 반포동 반포자이아파트 135동 301호 (137-040), 전화 : 02)3010-4385, E-mail : kimkw@amc.seoul.kr
접수일 : 2010년 6월 24일, 수정일 : 2010년 8월 19일
완료일 : 2010년 9월 20일

[†] 정회원, 가톨릭대학교 디지털미디어학부 전임강사
(E-mail : imagination@catholic.ac.kr)

^{**} 정회원, 울산대학교 의과대학 영상의학과 조교수

^{***} 정회원, 스탠포드대학교 방사선종양학과 박사후연구원
(E-mail : leeho@stanford.edu)

※ 본 연구는 2009년도 가톨릭대학교 교비연구비의 지원으로 이루어졌음. 또한, 본 연구는 문화체육관광부 및 한국콘텐츠진흥원의 2010년도 문화콘텐츠산업기술지원사업의 연구결과로 수행되었음.

1. 서 론

최근 의학과 공학 기술의 급격한 발전으로 컴퓨터 보조 간 진단에 대한 연구가 시작 되어 복부의 다중 페이지 컴퓨터 단층 촬영(Computed Tomography, CT) 영상에서 영상처리 기술을 사용하여 간의 체적을 자동으로 측정하거나 간암을 자동으로 검출하는 다양한 기법들이 연구되고 있다[1,2]. 임상에서는 해부학적인 정보를 담고 있는 CT 영상과 기능적 정보를 담고 있는 자기 공명(Magnetic Resonance, MR) 영상을 동시에 참조하여 판독을 수행하고 있지만, 아직까지 MR 영상에 영상처리 기술을 사용하여 컴퓨터 보조 간 진단에 이용하는 연구는 CT 영상과 비교하여 초기 단계에 머물고 있다. MR 영상을 컴퓨터 보조 간 진단에 이용하기 위해서는 MR 영상에서 간 분할이 선행되어야 한다. MR 영상에서 분할된 간 영역은 간 체적 측정과 간암 검출을 위한 영역 설정, CT 영상과 MR 영상의 정합 시 해부학적 표시기 등으로 사용될 수 있기 때문에 중요하다.

CT 영상에서 간 분할을 위하여 많은 연구들이 수행되었고, 대표적인 연구들은 다음과 같다. Lim 등은 다단계 임계값 기법과 형태학적 필터링을 사용하여 초기 간 경계를 추출하고, 경계 주변의 기울기 정보와 밝기값 분포를 분석하여 초기 결과를 향상시켰다[3]. Schenk 등은 라이브-와이어 기법을 채택하여 사용자가 입력한 초기 곡선을 변형시켜 최소 비용 경계를 탐색하였다[4]. 이 기법에서 사용자는 몇 개의 슬라이스에서 초기 곡선을 입력해주어야 하고, 사용자의 입력을 받지 않은 슬라이스에서는 보간과 라이브-와이어 기법으로 경계가 생성되었다. Pan 등은 간 분할을 위하여 레벨 셋 기법에서 누적 속도 함수를 제안하였다[5]. 기존에는 시간에 따라 고정되어 있었던 속도 함수를 명확하지 않은 경계의 검출을 향상시키기 위하여 시간에 따라 변화시켰다. Gao 등은 제어점들을 이용한 가중치 스네이크 알고리즘을 제안하였다[6]. 가중치는 제어점들 간의 거리와 곡선의 지역적 곡률에 의하여 동적으로 결정되었다. Lamecker 등은 43개의 수동 분할된 간 데이터에 대해서 주 성분 요소 분석을 통하여 생성된 통계 모델을 이용한 간 분할 기법을 제안하였다[7,8]. 현재 분할되고 있는 간과 통계 모델들 간의 가중 최소 제곱 근사 오차를 최소화하도록 형태 모드의 숫자를 증가시키면서 최

적의 모델을 탐색하였다. CT 영상에서 자동 또는 반자동으로 간을 분할하기 위하여 수행되었던 다양한 연구 결과 중에서 Lamecker 등의 연구 결과[7,8]를 발전시킨 통계 모델 기반 기법이 CT 영상에서 자동으로 간을 분할할 때, 수작업과 유사한 정확성을 보여준다는 사실이 보고되었다[9].

CT 영상에서 간 분할을 위하여 이와 같이 많은 연구가 수행되었지만, MR 영상에서 간 분할을 위한 연구는 CT 영상에 비하여 매우 적은 수의 연구가 수행되었다. Farrarher 등은 혼합 고속 스핀에코 펄스 시퀀스(Mixed fast spin-echo pulse sequence) MR 영상을 이용한 간 분할 기법을 제안하였다[10]. 이를 위하여 하나의 단면에 대하여 T1과 T2가 다른 비율로 가중치가 주어지는 4개의 영상인 혼합 고속 스핀에코 펄스 시퀀스 영상을 생성하였고, 간 영역의 T1, T2, 양성자 밀도에 대한 범위를 지정하여 간 분할을 수행하고, 결과가 만족스럽지 못할 경우 범위를 조정하여 분할하는 과정을 반복하였다. 이 기법은 MR 영상에서 간 분할을 위하여 추가적으로 혼합 고속 스핀에코 펄스 시퀀스 영상을 얻어야 하고, 한 환자당 간 분할 계산 과정에 6분에서 24분이 소요되고, 평균적으로 13.3분이라는 오랜 시간이 소요된다는 문제점이 있었다. 또한, 정확한 분할 결과를 얻기 위하여 3번에서 17번까지의 범위 조정과 재분할이 필요하고, 평균적으로 7번의 범위 조정과 재분할이 필요하다는 문제점이 있었다. Gloger 등은 다른 T1, T2 가중치를 갖는 다채널 MR 영상들에 간 영역의 밝기값과 위치의 확률 분포 프레임워크를 생성하여 분할을 수행하였다[11]. 이 기법은 다중 클래스 선형 분류자를 이용하여 인자들의 차원을 감소하였고, 확률 맵을 생성하여 영역 성장법과 임계값 기법으로 분할을 수행하였다. 이 기법도 한 환자당 간 분할 계산 과정에 평균적으로 11.22분이라는 오랜 시간이 소요된다는 문제점이 있었다.

본 논문에서는 MR 영상에서 자동 간 분할 기법을 제안한다. 제안 기법은 MR 영상을 정규화된 기울기 크기 영상을 바탕으로 효율적으로 객체와 경계로 구분한다. 다음으로 간 영역에 속하는 객체를 직전에 분할된 슬라이스의 간 영역에서 추출된 씨앗점들로 2차원 씨앗점 영역 성장법을 이용하여 검출한다. 마지막으로 롤링 볼 알고리즘과 연결 요소 분석 기법을 사용하여 간 경계 부근의 위양성 오차를 더욱 감소시킨다.

본 논문은 다음과 같은 순서로 구성되어 있다. 2장에서는 본 논문에서 제안한 MR 영상에서 간 분할 기법에 대하여 설명한다. 3장에서는 실험 결과를 기술하고, 4장에서는 결론을 맺는다.

2. MR 영상에서 간 분할 기법

본 논문에서 제안한 간 분할 기법은 크게 세 가지 단계로 구성된다. 먼저 변형된 곡률 확산 필터링으로 경계를 보존하면서 MR 영상을 평활화한다. 다음으로 전처리된 영상의 기울기 크기를 계산하고, 정규화된 영상을 임계값 T를 기준으로 객체와 배경으로 구분하여 이진 영상을 생성한다. 이전에 분할된 슬라이스에서 자동으로 추출된 씨앗점으로 이진 영상에서 간 영역을 검출한다. 마지막으로 롤링 볼 알고리즘과 잘못된 분할된 영역의 제거를 통하여 최종 간 분할 결과를 얻을 수 있다. 그림 1은 본 논문에서 제안한 기법의 전체적인 과정을 보여준다.

2.1. MR 영상 평활화

먼저 MR 영상의 촬영 시 발생하는 노이즈를 제거하여 밝기값 분포를 균일하게 만들기 위하여 평활화 과정을 수행한다. 하지만, 평활화 기법을 적용하면, 간 경계도 동시에 평활화가 되는 문제점이 있다. 본 논문에서는 원 영상을 평활화하면서도 경계를 보존하는 변형된 곡률 확산 필터링[12]을 적용한다. 변형된 곡률 확산 필터링은 원 영상 $f(x,y,0)$ 을 초기 조건으

로 하여 다음의 식 (1)의 시간에 따른 해를 구하여 구현할 수 있다.

$$\frac{\partial f(x,y,t)}{\partial t} = |\nabla f| \nabla \cdot c(|\nabla f|) \frac{\nabla f}{|\nabla f|}, \tag{1}$$

$$c(|\nabla f|) = \frac{k^2}{k^2 + |\nabla f|^2}.$$

이 식에서 전도 인자 k 는 평활화에 영향을 주는 경계의 대조 정도를 결정한다.

2.2. 정규화된 기울기 크기 영상 생성

원 영상을 평활화 처리한 영상에 가우시안 1차 미분을 컨볼루션(convolution)하면, 기울기 크기 영상을 생성할 수 있다. MR 영상의 복셀(voxel)들의 밝기값의 범위는 어느 정도 정해진 범위 안에 있지만, 기울기 크기의 범위는 영상에 따라서 매우 다양한 분포를 갖는다. 따라서 본 논문에서는 식 (2)를 사용하여 기울기 크기(GM)의 범위를 0에서 1 사이로 정규화한다.

$$NormalizedGM = 1 - e^{-GM/a}. \tag{2}$$

윗 식에서 a 는 기울기 크기를 매핑할 때, 기울기 크기를 스케일링하는 정도를 조절하는 상수이다. 그림 2(a)의 MR 영상을 평활화하고, 가우시안 1차 미분을 컨볼루션하여 기울기 크기 영상을 생성한 후에 식 (2)를 적용하면, 그림 2(b)와 같이 정규화된 기울기 크기 영상을 생성할 수 있다.

2.3. 간 분할 과정

그림 2(b)의 정규화된 기울기 크기 영상에서 임계값 T부터 1까지의 범위를 갖는 부분에는 간에 해당

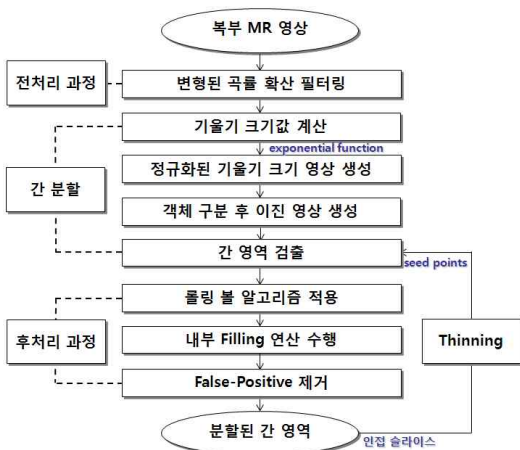
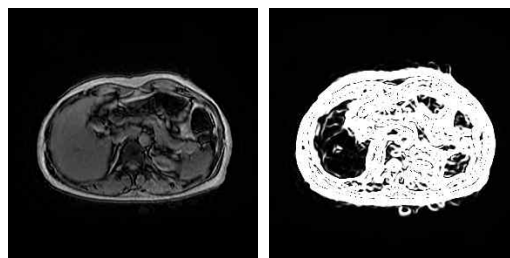


그림 1. 본 논문에서 제안한 기법



(a) (b)

그림 2. 정규화된 기울기 크기 영상
(a) MR 영상 (b) 정규화된 기울기 크기 영상

하는 영역과 다른 영역을 구분하는 경계가 포함된다 고 볼 수 있다. 따라서 정규화된 기울기 크기 영상을 임계값 T 를 기준으로 객체(밝기값: 0)와 경계(밝기값: 1)로 구분할 수 있다(그림 3). 결국 공간적으로 연속된 정보를 갖는 MR 영상을 기울기 정보와 연결 상태를 바탕으로 균일한 영역으로 이루어진 간 내부에 해당하는 영역을 포함하는 객체들의 집합으로 구분할 수 있다.

그림 3의 객체 구분 영상으로부터 간에 해당하는 영역을 2차원 씨앗점 영역 성장법을 이용하여 추출하기 위하여 인접 슬라이스에서 이미 분할된 간 영역으로부터 2차원 세션화 기법[13]을 이용하여 그림 4(a)와 같이 뼈대에 해당하는 씨앗점들을 추출한다. 이 씨앗점들로 그림 3의 객체 구분 영상에 2차원 씨앗점 영역 성장법을 적용하면, 그림 4(b)와 같이 간에 해당하는 영역을 검출할 수 있다. 객체 구분 영상은 이진 영상이므로, 2차원 영역 성장법을 위한 밝기값 범위는 0에 해당하는 영역이다.

각 슬라이스에 대한 간 분할은 그림 5에서와 같이 각 슬라이스에 간 영역의 넓이가 가장 위와 아래 슬라이스로부터 중간 슬라이스로 갈수록 증가하여 중간 슬라이스에서 최대가 되는 특성을 갖기 때문에 아랫부분과 윗부분으로 두 부분으로 나누어 수행한다[14]. 아랫부분에 대한 간 분할은 가장 아래 슬라이스에서 시작되어 중간 슬라이스까지 순차적으로 수행되며 이 과정에서 바로 전에 분할된 슬라이스의 간 영역에서 추출된 씨앗점들이 현재 슬라이스의 간 분할에 사용된다(그림 6). 중간 슬라이스는 아랫부분에 대한 간 분할 과정에서 면적 변화를 탐색하여 최대 간 넓이를 갖는 슬라이스로 결정된다. 윗부분에 대한 간 분할은 가장 위 슬라이스로부터 최대 면적을 갖는 슬라이스 직전까지 동일한 방식으로 수행된다. 본 논문에서 제안한 방법은 가장 아래 슬라이스와

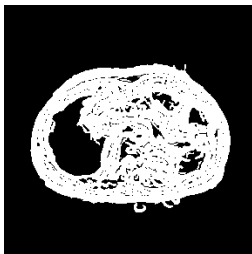


그림 3. 객체 구분 영상

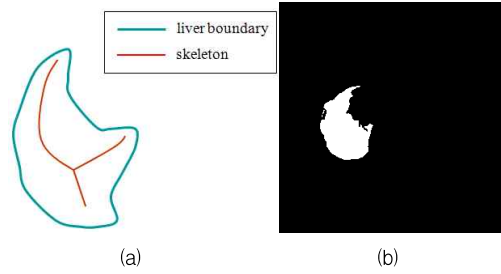


그림 4. 간 영역 추출
(a) 씨앗점 추출 (b) 추출된 간 영역

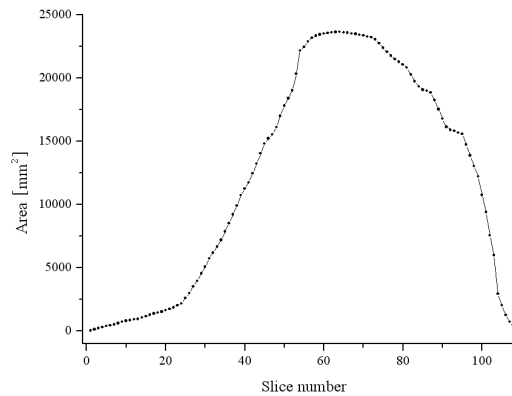


그림 5. 슬라이스에 따른 간 영역의 면적 분포[14]

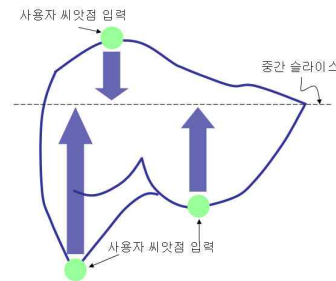


그림 6. 사용자 씨앗점 입력

가장 위 슬라이스의 분할의 경우 기존 분할 정보가 없기 때문에 씨앗점을 사용자가 입력해 주어야 한다. 또한, 이전 슬라이스와 연결되지 않은 새로운 객체가 나타나는 영역에 대해서는 사용자가 추가적으로 씨앗점을 입력해야 한다.

2.4. 추출된 간 경계 보정 과정

MR 영상에서 간 경계 근방의 주변에 비하여 밝거나 어두운 영역을 포함하기 위하여 다음과 같은 후처

리 과정이 필요하다. 먼저, 롤링 볼 알고리즘[15,16]을 간 경계를 따라서 적용한다. 2차원 원형 필터를 간 경계를 따라서 적용하면서 원형 필터와 간 경계가 두 점에서 만나는 위치를 탐색하여 두 점들을 있는 새로운 경계를 생성한다. 전체 간 경계에 대한 탐색을 마치면, 배경에 대하여 2차원 씨앗점 영역 성장법을 적용하여 새로운 경계 내부의 영역을 추출하여 최종 분할 결과를 얻을 수 있다. 하지만, 이 과정에서 간 외부의 구부러진 영역과 같은 것이 포함될 수 있다. 이 영역을 제거하기 위하여 다음의 두 단계 과정을 수행한다. 먼저, 롤링 볼 알고리즘에 의하여 새롭게 추가된 영역을 객체로 구분하기 위하여 고속의 연결 요소 분석 기법[17]을 적용한다. 각 객체들의 평균 밝기값을 계산하여 기존에 분할된 간 영역의 평균 밝기값과 비교하여 각 객체들의 평균 밝기값이 간 영역보다 크게 낮은 영역은 잘못 포함된 영역으로 제거한다.

3. 실험 결과

제안 기법에 대한 실험은 Intel Core i7 2.8GHz CPU와 4GB 메모리를 갖는 시스템에서 수행되었다. 제안 기법은 20명의 환자 데이터에 적용되었고, 각 MR 영상은 x축으로 288픽셀, y축으로 288픽셀의 크기를 갖고, 간을 포함하는 슬라이스 숫자는 21장에서 24장까지 분포하고 있었다. 픽셀 크기는 1.22mm, 슬라이스 간격은 7.0mm였다.

제안 기법으로 간 분할을 수행하기 위하여 몇 가지 인자 설정이 선행되어야 한다. 변형된 곡률 확산 필터링을 위하여 반복 횟수는 10, 시간 간격은 0.125, 전도 인자 k 는 3으로 설정하였다. 정규화된 기울기 크기 영상 생성을 위한 식 (2)의 인자 a 가 4, 경계 임계값 T 가 0.5일 때, 최적의 간 분할 결과를 얻을 수 있었다.

그림 7에서 제안 기법의 수행 과정을 단계별로 보여주었다. 그림 7(a)의 입력 MR 영상에 대하여 그림 7(b)와 같이 정규화된 기울기 크기 영상과 그림 7(c)의 객체 구분 영상을 순차적으로 생성하였다. 객체 구분 영상에서 직전에 분할된 슬라이스의 간 영역에서 추출된 씨앗점으로 2차원 씨앗점 영역 성장법을 이용하여 그림 7(d)와 같이 간 영역을 검출하였고, 간 경계 보정 과정을 수행하여 그림 7(e)의 최종 분할

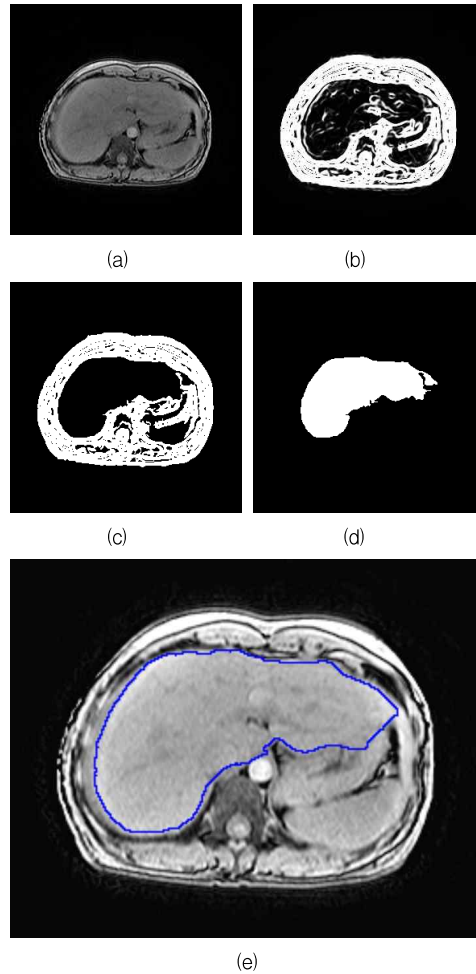


그림 7. 제안 기법의 수행 과정
(a) 입력 MR 영상 (b) 정규화된 기울기 크기 영상 (c) 객체 구분 영상 (d) 추출된 간 영상 (e) 간 경계 보정 과정 후 최종 분할 결과 영상

결과를 얻을 수 있었다. 그림 8은 다양한 MR 영상들에 대하여 제안 기법을 이용한 간 분할 결과를 보여주었다. 실험 결과 제안 기법으로 다양한 MR 영상에 대하여 정확한 간 분할이 가능함을 확인하였다.

제안 기법의 분할 정확성을 평가하기 위하여 영상 의학과 전문의가 MR 영상에서 수작업으로 분할한 간 A와 제안 기법으로 분할된 간 B를 비교하였다. 비교 척도로는 볼륨 오버랩 오차(Volumetric Overlap Error: VOE)와 절대값 볼륨 측정 오차(Absolute Volumetric Measurement Error: AVME)를 사용하였다. 볼륨 오버랩 오차는 아래 식 (3)으로 계산할 수 있다.

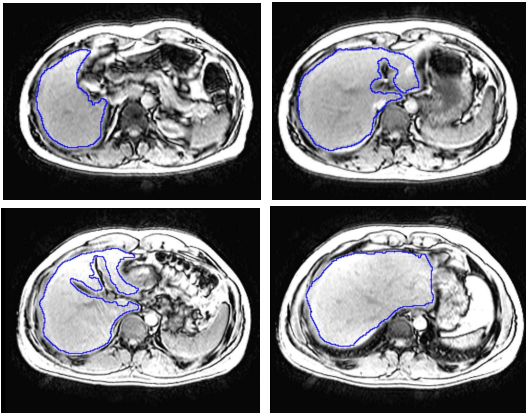


그림 8. 제안 기법을 이용한 간 분할 결과 영상

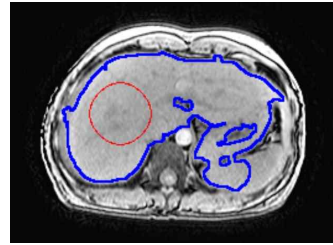
$$VOE = 100 \times \left(1 - \frac{n(A \cap B)}{n(A \cup B)} \right). \quad (3)$$

블름 측정 오차는 아래 식 (4)로 계산할 수 있다.

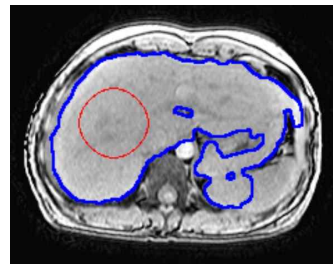
$$AVME = 100 \times \left| \frac{n(B) - n(A)}{n(A)} \right|. \quad (4)$$

20명의 환자 데이터에 대하여 제안 기법의 분할 결과와 수작업 분할 결과와의 정확성을 비교한 평균 VOE는 5.2%였고, 평균 AVME는 1.9%로 임상에서 사용되기에 충분한 정확성을 보여주었다. 또한, 20명의 환자 데이터에 대한 제안 기법의 한 환자의 MR 영상에서 간을 분할하기 위한 평균 수행 시간은 약 3초로 기존 기법들[10,11]과 비교하여 매우 빠른 처리 속도를 보여주었다.

본 논문에서 제안한 기법의 간 분할 결과인 그림 7(e)와 영상 분할에서 일반적으로 많이 사용되는 Malladi의 레벨 셋 기반 분할 기법[18]과 Malladi의 기법에 더블릿 항을 추가한 Casselles의 레벨 셋 기반 분할 기법[19]의 간 분할 결과를 그림 9에 비교하였다. 레벨 셋 전파를 위한 초기 곡선은 간 내부에 반지름 25인 원으로 수작업으로 설정되었다(그림 9



(a)



(b)

그림 9. 기존 기법과 분할 결과 비교

(a) 기존 기법[18]의 분할 결과 (b) 기존 기법[19]의 분할 결과

의 붉은색 원). 그림 9(b)의 Casselles의 기법의 분할 결과가 그림 9(a)의 Malladi의 기법의 분할 결과에 비하여 누손(leakage)이 더 적게 발생하지만, 두 결과 모두 그림 7(e)의 제안 기법의 분할 결과에 비하여 췌장과 비장으로 누손이 많이 생긴 것을 볼 수 있었다. 또한, 전체 간을 분할하기 위해서는 매 슬라이스마다 간 내부에 초기 곡선을 사용자가 설정해주어야 하는 문제점도 있었다. 결과적으로 제안 기법은 기존 기법들[18,19]에 비하여 고속으로 정확한 분할이 가능하였다.

본 논문에서 제안한 기법과 MR 영상을 이용한 대표적인 기존 분할 기법[10,11]들과의 비교 및 분석 결과를 표 1에 제시하였다. 먼저 Farragher 등의 기법[10]에서는 혼합 고속 스핀에코 펄스 시퀀스 MR 영상의 촬영이 필요하였고, Gloger 등의 기법[11]에서는 다른 T1, T2 가중치를 갖는 다채널 MR 영상들의

표 1. 기존 간 분할 기법과의 비교

	추가적인 MR 영상 촬영	평균 수행 시간 (한 환자)	사용자 입력
Farragher 등의 기법 [10]	혼합 고속 스핀에코 펄스 시퀀스 영상	약 13분	매우 많음 (임계값 조정)
Gloger 등의 기법 [11]	다채널 영상	약 11분	매우 많음 (수작업 분할)
제안 기법	필요 없음	약 3초	매우 적음

촬영이 필요하였지만, 제안 기법에서는 간 분할을 위한 추가적인 MR 영상의 촬영이 필요가 없다는 장점이 있다. 또한, 한 환자 당 평균 간 분할 계산 시간은 Farraher 등의 기법[10]에서는 약 13분이 소요되었고, Gloger 등의 기법[11]에서는 약 11분이 소요된 반면에 제안 기법에서는 약 3초 정도가 소요되어 기존 기법들에 비하여 매우 빠른 수행 속도를 보여주었다. 사용자 입력 측면에서도 Farraher 등의 기법[10]에서는 정확한 분할 결과를 얻기 위하여 3번에서 17번까지의 간 영역의 T1, T2, 양성자 밀도에 대한 범위 조정이 필요하였고, Gloger 등의 기법[11]에서는 훈련 단계에서 다수의 환자 데이터에 대한 의사의 수작업 분할 결과가 필요하였다. 이에 비하여 제안 기법은 사용자의 입력을 최소화하였다는 장점이 있다.

4. 결 론

본 논문에서는 MR 영상에서 자동 간 분할 기법을 제안하였다. 제안 기법은 MR 영상을 정규화된 기울기 크기 영상을 바탕으로 효율적으로 객체와 경계로 구분하였다. 다음으로 간 영역에 속하는 객체를 직전에 분할된 슬라이스의 간 영역에서 추출된 씨앗점으로 2차원 씨앗점 영역 성장법을 이용하여 검출하였다. 마지막으로 톨링 불 알고리즘과 연결 요소 분석 기법을 사용하여 간 경계 부근의 위양성 오차를 더욱 감소시켰다. 다양한 환자 데이터들에 대한 실험 결과 제안 기법으로 기존 기법들에 비하여 빠르고, 정확하게 간을 분할할 수 있음을 확인하였다. 제안 기법은 빠르고, 정확한 간 분할을 필요로 하는 컴퓨터 보조 간 진단 기법에 사용될 수 있다.

참 고 문 헌

- [1] Y. Masutani, K. Uozumi, M. Akahane, and K. Ohtomo, "Liver CT Image Processing: a Short Introduction of the Technical Elements," *European Journal of Radiology*, Vol. 58, No. 2, pp. 246-251, 2006.
- [2] K. W. Kim, J. Lee, H. Lee, W. K. Jeong, H. J. Won, Y. M. Shin, D. Jung, J. I. Park, G. Song, T. Ha, D. Moon, K. Kim, C. Ahn, S. Hwang, S. Lee, "Right Lobe Estimated Blood-free Weight for Living Donor Liver Transplantation: Accuracy of Automated Blood-free CT Volumetry - Preliminary Results 1," *Radiology*, Vol. 256, No. 2, pp. 433-440, 2010.
- [3] S. J. Lim, Y. Y. Jeong, and Y. S. Ho, "Automatic Liver Segmentation for Volume Measurement in CT Images," *Journal of Visual Communication and Image Representation*, Vol. 17, No. 4, pp. 860-875, 2006.
- [4] A. Schenk, G. Prause, and H. O. Peitgen, "Efficient Semiautomatic Segmentation of 3D Objects in Medical Images," *Proceedings of the 3rd International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pp. 186-195, 2000.
- [5] S. Pan and B. M. Dawant, "Automatic 3D Segmentation of the Liver from Abdominal CT Images: a Level-set Approach," *Proceedings of SPIE Medical Imaging*, Vol. 4322, pp. 128-138, 2001.
- [6] J. Gao, A. Kosaka, and A. Kak, "A Deformable Model for Automatic CT Liver Extraction," *Academic Radiology*, Vol. 12, No. 9, pp. 1178-1189, 2005.
- [7] H. Lamecker, T. Lange, and M. Seebass, "Automatic Segmentation of the Liver for Preoperative Planning of Resections," *Studies in Health Technology and Informatics*, Vol. 94, pp. 171-173, 2003.
- [8] H. Lamecker, T. Lange, and M. Seebass, "Segmentation of the Liver using a 3D Statistical Shape Model," *ZIB-Report*, Vol. 4, No. 9, pp. 1-25, 2004.
- [9] T. Heimann et al., "Comparison and Evaluation of Methods for Liver Segmentation from CT Datasets," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, Vol. 28, No. 8, pp. 1251-1265, 2009.
- [10] S. W. Farraher, H. Jara, K. J. Chang, A. Hou, and J. A. Soto, "Liver and Spleen Volumetry with Quantitative MR Imaging and Dual-space Clustering Segmentation," *Radiology*, Vol. 237, No. 1, pp. 322-328, 2005.

- [11] O. Gloger, J. Kühn, A. Stanski, H. Völzke, and R. Puls, "A Fully Automatic Three-step Liver Segmentation Method on LDA-based Probability Maps for Multiple Contrast MR Images," *Magnetic Resonance Imaging*, Vol. 28, No. 6, pp. 882-897, 2010.
- [12] R. T. Whitaker and X. Xue, "Variable-conductance, Level-set Curvature for Image Denoising," *IEEE Proceedings of International Conference on Image Processing*, Vol. 3, pp. 142-145, 2001.
- [13] W. K. Pratt, *Digital Image Processing*, John Wiley & Sons, Inc., pp. 414-417, 2001.
- [14] J. Lee, N. Kim, H. Lee, J. B. Seo, H. J. Won, Y. M. Shin, and Y. G. Shin, "Efficient Liver Segmentation Exploiting Level-set Speed Images with 2.5D Shape Propagation," *Proceedings of MICCAI Workshop on 3D Segmentation in the Clinic: a Gand Challenge*, pp. 189-196, 2007.
- [15] S. G. Armato, M. L. Giger, C. J. Moran, H. MacMahon, and K. Doi, "Automated Detection of Pulmonary Nodules in Helical Computed Tomography Images of the Thorax," *Proceedings of SPIE Medical Imaging*, Vol. 3338, pp. 916-919, 1998.
- [16] V. J. Tuominen, S. Ruotoistenmäki, A. Viitanen, M. Jumppanen, and J. Isola, "ImmunoRatio: a Publicly Available Web Application for Quantitative Image Analysis of Estrogen Receptor (ER), Progesterone Receptor (PR), and Ki-67," *Breast Cancer Research*, Vol. 12, No. 4, pp. 1-12, 2010.
- [17] F. Chang, C. J. Chen, and C. J. Lu, "A Linear-time Component-labeling Algorithm using Contour Tracing Technique," *Computer Vision and Image Understanding*, Vol. 93, No. 2, pp. 206-220, 2004.
- [18] R. Malladi, J. A. Sethian, and B. C. Vemuri, "Shape Modeling with Front Propagation: a Level Set Approach," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 17, No. 2, pp. 158-175, 1995.
- [19] V. Caselles, R. Kimmel, and G. Sapiro, "Geodesic Active Contours," *International Journal of Computer Vision*, Vol. 22, No. 1, pp. 61-97, 1997.



이 정 진

2000년 2월 서울대학교 기계항공
학부 학사
2002년 2월 서울대학교 컴퓨터공
학부 석사
2005년 3월 New York Institute
of Technology 경영학 석사

2008년 8월 서울대학교 컴퓨터공학부 박사
2007년 10월~2009년 2월 울산대학교 의과대학 영상의
학과 연구교수
2009년 3월~현재 가톨릭대학교 디지털미디어학부 전임
강사
관심분야: 영상 정합, 영상 분할, 컴퓨터 애니메이션, 가
상 내시경, 컴퓨터 보조 수술



김 경 원

1989년 3월~1996년 2월 서울대학
교 의과대학 의학과 학사
2002년 3월~2004년 2월 서울대학
교 의과대학 의학과 석사
2008년 3월~2010년 2월 울산대
학교 의과대학 의학과 박사

2004년 3월~2006년 2월 울산대학교 의과대학 영상의
학과 임상전임강사
2006년 3월~현재 울산대학교 의과대학 영상의학과 조
교수
관심분야: 간이식의 영상 진단, 간 MR/CT/Ultrasound
영상의 컴퓨터 보조기법 응용



이 호

2000년 8월 숭실대학교 전자전기
정보통신공학부 학사
2002년 8월 숭실대학교 정보통신
공학과 석사
2009년 2월 서울대학교 컴퓨터공
학부 박사

2009년 3월~2009년 8월 서울대학교 컴퓨터공학부 BK21
박사후연구원
2009년 9월~현재 스탠포드대학교 방사선종양학과 박사
후연구원
관심분야: 삼차원 재구성, 영상 정합, 의료 영상 처리,
컴퓨터 그래픽스