
공초점 단층 이미지에서 수준별 잡음제거와 클러스터 경계선 추출

조미경* · 김진석** · 심재술***

Graded Noise Elimination and Cluster Boundary Extraction in Confocal Sliced Images

Migyung Cho* · Jinseok Kim** · Jaesool Shim***

본 연구는 지식경제부 및 정보통신산업진흥원의 대학 IT연구센터 지원사업 (NIPA-2011-(C-1090-1121-0006))과 2011년도 정부(교육과학기술부)의 재원으로 한국연구재단-미래기반기술개발사업(나노분야)의 연구결과로 수행되었음(No.2011-0019135)

요 약

조직 공학에서는 하이드로 젤 내 3차원 세포 배양 과정에서 세포와 세포간의 공생관계를 관찰하게 되는데, 시간이 경과함에 따라 세포들의 증가나 상호작용, 분화, 사멸되는 과정들을 고배율 공초점 현미경을 이용하여 단층 촬영하고, 촬영된 이미지들로부터 세포의 공생 메커니즘이나 변화 과정을 관찰 및 분석하기 위한 연구가 진행되고 있다. 본 연구에서는 하이드로 젤 내 3차원 세포 배양 과정에서 단층 촬영된 세포 이미지로부터 클러스터 경계선 정보를 추출하기 위한 수준별 잡음 제거 방법과 클러스터 경계선 추출 방법을 제안하였다. 실험을 통해 제안된 방법은 하이드로젤로 인한 좁쌀 모양의 잡음에 뛰어난 잡음 제거 성능을 보여 줄 뿐만 아니라 복잡한 클러스터들에 대해서도 정확한 클러스터 경계선을 추출함을 보여 주었다.

ABSTRACT

In tissue engineering area, many researchers observe symbiotic relationship such as proliferation, interaction, division apoptosis with time between cells in process of the 3D cell culture in hydrogels. The 3D cell culture process can be taken photographs into sliced images using confocal microscope. Symbiotic mechanism and changes of cell behaviors can be observed and analyzed from the images acquired by confocal microscope. In this paper, we proposed and developed graded noise elimination method and cluster boundary extraction method to extract boundaries information from sliced confocal images acquired in process of the 3D cell culture in hydrogels. The experiment based algorithm showed excellent performance for eliminating noises that have very small millet-shaped size. It is also showed to extract exact boundaries information for even complex clusters.

키워드

공초점 이미지, 세포 이미지 분석, 잡음 제거, 경계선 추출, 바이오 나노

Key word

Confocal Image, Analysis of cell image, Noise elimination, Boundary extraction, Bio-nano

* 정회원 : 동명대학교(주저자)
** 정회원 : 한국과학기술연구원(제2저자)
*** 정회원 : 영남대학교(교신저자, jshim@ynu.ac.kr)

접수일자 : 2011. 09. 26
심사완료일자 : 2011. 10. 17

I. 서 론

조직 공학(Tissue engineering)의 최근 연구 주제 가운데 세포의 배양조건을 인간의 인체와 똑같이 구성하여 3차원 배양을 하는 것이 주요한 주제중 하나이다. 특히 공생배양(co-culture)의 경우 서로 다른 종류의 세포들을 동시에 3차원으로 조직 배양시키면서 세포와 세포간의 공생관계를 관찰하게 되는데, 이렇게 시간이 경과함에 따라 세포들의 증가(proliferation)나 상호작용(interaction), 분화(division), 사멸(apoptosis)되는 과정들을 광학 현미경 이미지로 저장한다. 저장된 이미지들은 세포의 공생 메커니즘이나 변화 과정을 관찰 및 분석하는 데에 이용된다.

일정한 시간 간격으로 광학 현미경을 통해 얻은 세포 이미지들로부터 세포의 증분 수를 관찰하는 것을 세포 계수(cell counting)라 하며[1], 변화 과정을 관찰하여 어떻게 변화되어 가는지 자동적으로 추적하고 세포의 행동들을 분석하는 것을 세포 트래킹(cell tracking)이라고 한다[2-4]. 최근 들어 자동화된 세포 트래킹에 대한 연구가 활발하게 진행되고 있고, 줄기 세포의 경우 환경과 외부 자극에 따라 특정한 기능을 지닌 조직으로 분화하게 되는데 줄기 세포의 성장 인자의 작용 메커니즘이나 유도 과정을 자동화된 세포 트래킹 시스템으로 관찰할 수 있다.

세포가 분화될 때에는 세포가 반드시 복잡하게 엉키고, 겹쳐서(overlapping), 뭉치는 과정을 겪게 되는데 이것을 클러스터(cluster)라고 부른다. 클러스터는 다시 여러 개의 세포로 분리되기도 한다. 세포 트래킹에서 중요한 것 중의 하나는 광학 현미경으로 획득한 세포 이미지들을 자동으로 단일 세포인지 세포가 뭉쳐서 만들어진 클러스터인지 자동으로 식별하는 것이다. 지금까지의 경우는 세포 클러스터의 판별 방식이 2차원에서 이루어져 왔으나, 3차원 조직 공학의 발달로 3차원 하이드로젤(hydrogel) 내에서 공생 배양을 시키면서, 단순한 2차원 광학 이미지를 얻는 것이 아니라 공초점 현미경(confocal microscope)을 이용하여 하이드로젤 내의 세포 덩어리들을 3차원으로 획득하는 것이 더 중요해졌다.

본 논문에서는 3차원 조직 배양에서 많이 사용되는 PEG 하이드로젤 (Polyethylene glycol acrylate-based

hydrogels)내에서 공초점 현미경을 이용하여 단층 촬영한 세포 이미지들로부터 클러스터 정보를 추출하기 위한 방법을 제안한다. 단일 세포들의 크기는 보통 직경이 10 μm 정도이고, 초기 클러스터의 크기가 수십 마이크로 정도인 매우 작은 세포들에 대한 정확한 이미지를 얻기 위해서는 고배율 광학렌즈를 이용한 공초점 현미경을 요구하게 된다. 고배율 광학렌즈의 사용은 고 해상도의 이미지를 제공하지만 하이드로젤 내 형광 색상을 띤 세포가 하이드로젤로 인해 매우 작은 좁쌀 모양의 잡음과 함께 나타난다.

그림 1은 단층 촬영된 공초점 이미지 중 하나를 보여준다. 그림에서 보는 것처럼 고배율 광학렌즈를 이용한 공초점 현미경으로 촬영한 이미지는 매우 심한 잡음이 존재하며 세포가 겹쳐져 생성된 클러스터 정보와 함께 있는 것을 볼 수 있다. 이러한 공초점 이미지로부터 세포의 배양 과정 중 발생한 행동 정보를 분석하고 3D 세포로 복원을 하기 위해서는 잡음 제거와 함께 정확한 클러스터 정보를 추출하는 것이 필수적이다.

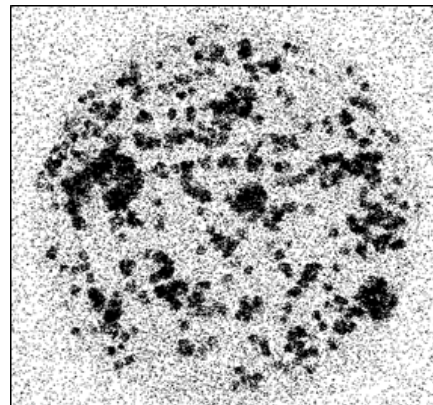


그림 1. 공초점 단층 세포 이미지
Fig. 1 Confocal sliced cell image

본 논문에서는 그림 1과 같이 무수한 좁쌀 모양 잡음들을 제거하기 위한 방법으로 세 가지 요소를 수준별로 지정하여 잡음을 제거하는 방법과 클러스터 경계선 정보를 추출하기 위한 방법을 제안한다. 추출된 경계선 정보는 세포 트래킹 시스템에서 세포의 행동 과정을 분석하거나 3D 세포로 복원하기 위한 기본 데이터로 사용된다.

본 논문은 다음과 같이 구성된다. 2장에서는 공초점 세포이미지에 적용할 수준별 잡음 제거 방법을 설명하고 3장에서는 클러스터 경계선을 추출하기 위해 본 논문에서 제안한 방법을 살펴 볼 것이다. 그리고 4장에서는 본 논문에서 제안한 방식을 3차원 배양 과정에서 단층 촬영된 세포 이미지들에 적용한 결과를 살펴보고 5장에서는 결론을 맺는다.

II. 수준별 잡음 제거

세포 이외의 잡음들을 어떻게 처리하는가에 따라 세포와 클러스터의 모양과 정보가 달라질 수도 있기 때문에 잡음 제거는 매우 중요하다. 정확한 클러스터 분석을 위해서는 세포 이미지로부터 클러스터 영역을 정확히 분리하는 것이 필수적이다. 본 논문에서 사용한 세포 이미지는 전체적으로 아주 작은 좁쌀 모양의 잡음이 무수히 존재할 뿐만 아니라 세포와 클러스터들을 나타내는 영역의 화소 강도(intensity)가 일정하지 않아 잡음과 클러스터의 영역을 구분하는 것이 쉽지 않다.

영상 처리에서 잡음 제거는 잡음의 형태에 따라 다양한 알고리즘들이 개발되어 있다[5]. 잡음 처리를 위한 방법들 중 좁쌀 모양의 잡음 처리에 우수한 효과를 보여주는 것은 중앙값 필터(median filter)로 알려져 있다. 중앙값 필터를 그림 1의 세포 이미지에 적용하여 잡음을 제거한 결과 생성된 이미지는 그림 2와 같다.

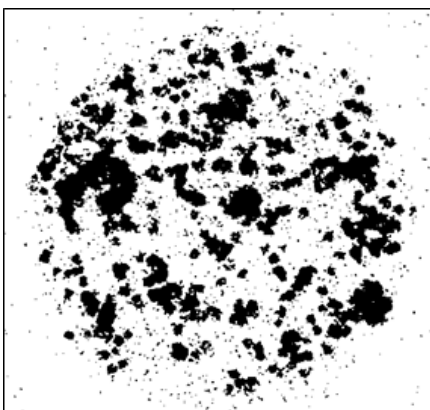


그림 2. 중앙값 필터에 의한 잡음제거 결과
Fig. 2 Noise elimination result by median filter

그림 1에 비해 많은 잡음이 제거되었지만 실제 클러스터들을 나타내는 영역들 사이로 아직까지 제거되지 않은 잡음이 보인다. 따라서 중앙값 필터로는 정확한 클러스터 추출을 위한 잡음 제거가 어려움을 알 수 있다. 따라서 본 연구에서는 고해상도 공초점 세포 이미지에 나타날 수 있는 그림 1과 같은 잡음을 제거하기 위한 새로운 방법을 제시하고자 한다.

본 논문에서 제안하는 수준별 잡음 제거는 세 가지 요소에 의해 지정된 수준별로 잡음을 제거한다. 첫째 요소는 마스크의 크기 $sizeMask$ 이다. 둘째 요소는 픽셀 밝기의 강도(intensity)에 대한 임계값 $threshIntensity$ 이다. 공초점 현미경으로 세포 이미지를 촬영할 때 세포가 있는 영역은 형광 물질이 강하게 반사되어 강한 강도 값을 가지게 되고 그렇지 않은 곳은 상대적으로 약한 값을 가지게 된다. 밝기의 강도 임계값 $threshIntensity$ 의 지정은 임계값 이상의 값을 가지는 픽셀을 세포 영역으로 인식하기 위해 사용된다. 마지막 요소로 마스크 크기에 해당되는 영역에서 $threshIntensity$ 이상의 값을 가지는 픽셀 수를 마스크 크기에 대한 비율로 나타낸 필터 임계값 $threshFilter$ 이다. 마스크 크기에 해당되는 영역에서 $threshIntensity$ 이상의 값을 가지는 픽셀 영역의 비율이 $threshFilter$ 이하이면 마스크 영역 내의 모든 픽셀을 잡음으로 처리하여 배경색으로 변환한다.

수준별 잡음 제거는 세 가지 요소의 값을 변화시키며 세포 이미지의 잡음 상태에 따라 잡음 제거 작업을 수행하는 것이다. 세 가지 요소들에 대해 지정된 값이 잡음 제거의 수준이 된다. 잡음 제거의 수준에 따라 클러스터의 모양에도 변화가 생기게 되며 이는 클러스터 분석에도 영향을 미친다. 제안된 방법은 사용자의 입력에 의해 지정된 값들의 범위 내에서 잡음 제거가 이루어지므로 지정된 값에 따른 클러스터의 변화 정도를 분석할 수 있도록 개발되었다. 잡음 제거를 위한 알고리즘은 아래와 같다.

알고리즘 1: 수준별 잡음 제거

[단계 1] 세포 이미지 CI 를 불러오고 동시에 마스크 크기 $sizeMask$, 픽셀 밝기 임계값 $threshIntensity$, 필터 임계값 $threshFilter$ 를 지정한다.

[단계2] For all pixels $p_{i,j}$ ($i, j = 1, \dots, n$) $\in CI$, $i, j = 1$ 부터 n 까지 i, j 값을 각각 1 증가시키면서 단계 3과 단계 4를 수행한다.

[단계 3] $p_{i,j} \in CI$ 에 sizeMask의 마스크를 적용한다. 마스크 내의 모든 픽셀 값을 조사하여 마스크 전체 크기에서 밝기가 threshIntensity보다 큰 픽셀의 비율 ratioIntensity를 구한다.

[단계 4] 단계 3에서 구한 ratioIntensity의 값이 thresh Filter보다 적으면 마스크 내의 모든 픽셀 값을 배경색으로 바꾼다.

세 가지 요소에 대한 잡음 제거 효과는 실험결과 및 분석에서 자세히 다룰 것이다. 다양한 실험을 통해 세 가지 요소들이 잡음 제거 성능에 미치는 영향을 살펴보았으며 가장 적합한 수준을 도출하였다. 잡음이 제거된 이미지는 클러스터 경계선 추출 단계에서 수행할 모폴로지 연산과 flood fill 알고리즘을 효율적으로 수행하기 위해 이진 이미지(binary image)로 변환한다.

III. 클러스터 경계선 추출

세포 이미지로부터 클러스터 경계선을 추출하기 위해 세 가지 작업을 순차적으로 거치는 방법은 제안한다. 첫째, 이진 이미지에 대해 모폴로지(morphology) 닫힘 연산을 수행한 후 둘째, flood fill 알고리즘으로 클러스터 영역 내 존재하는 작은 구멍들을 메우는 작업을 수행한다. 작은 구멍들은 형광 물질이 골고루 퍼지지 않아 생성되며 세포 이미지에서 일반적으로 나타나는 현상이다. 세 번째로 여덟 방향 정보를 이용한 터틀(turtle) 알고리즘으로 클러스터 경계선을 추출한다.

모폴로지 연산의 필요성은 세포이미지의 특수성과 클러스터의 거친 경계면을 부드럽게 하기 위해서이다. 세포 이미지 촬영 시 살아있는 세포 영역은 형광 물질로 인해 모두 강한 강도를 가지게 된다. 하지만 이것은 이상적인 경우이며 대부분의 세포 이미지는 세포 영역일지라도 형광물질이 부족한 아주 작은 영역들이 부분적으로 발생하는데 이런 부분은 밝기의 강도가 상대적으로 낮다. 따라서 세포 이미지를 세심하게 살펴보면 클러스터 영역 내부에 매우 작은 좁쌀 모양의 구멍이 무수히 많이 존재하는 것을 볼 수 있다. 정확한 클러스터 정보를 얻기 위해 이러한 구멍들을 완전히 메우는 작업이 수행되어야 한다.

이진 세포 이미지를 CI라고 하고 모폴로지 연산을 위한 구성요소를 m라고 하면 모폴로지 닫힘 연산은 식 (1)과 같다.

$$CI \cdot m = (CI \oplus m) \ominus m \quad (1)$$

여기서 팽창(dilation) 연산 \oplus 과 침식(erosion) \ominus 은 식 2와 같이 정의된다. 구성 요소 m은 3X3 크기의 정사각형을 사용하였다.

$$\begin{aligned} CI \oplus m &= \{x | [(\hat{m})_x \cap CI] \subseteq CI\} \\ CI \ominus m &= \{x | (m)_x \subset CI\} \end{aligned} \quad (2)$$

식 (1)은 비어있는 공간을 채워주는 기능도 수행하지만 클러스터의 경계선을 부드럽게 해 주는 역할도 한다. 첫 번째 작업을 거치면 좁쌀 모양의 작은 구멍들은 메웠지만 상대적으로 큰 구멍들은 식 (1)에 의해서도 메워지지 않는다.

두 번째 단계는 flood fill 알고리즘을 적용하여 상대적으로 큰 구멍들을 메우는 작업을 수행한다. 모폴로지 연산에 비해 flood fill 알고리즘의 수행 시간이 많이 소모되므로 먼저 모폴로지 연산을 수행하는 것이 전체적인 효율을 높일 수 있다. Flood fill 알고리즘 적용하기 위해 세포 이미지에서 존재하는 닫힌 영역들을 모두 추출한다. 닫힌 영역 추출은 네 방향 터틀(turtle) 알고리즘을 사용하였다. 세포 이미지의 모든 픽셀들을 스캔하면서 닫힌 영역에 있는 구멍을 flood fill 알고리즘으로 메우는 작업을 수행한다. 클러스터의 경계선을 추출하기 위한 알고리즘을 정리하면 다음과 같다.

알고리즘 2: 클러스터 경계선 추출

[단계 1] 이진 세포 이미지 CI, 3X3 구성요소 m에 대해 식 (1)에 정의된 $CI \cdot m$ 연산을 수행한다.

[단계 2] 각 픽셀 $p_{i,j} (i, j = 1, \dots, n) \in CI$ 에 대해 네 방향 터틀 알고리즘 수행하여 닫힌 영역에 대한 정보 $CR_k (k = 1, \dots, r)$ 을 구한다. 값 r은 닫힌 영역의 개수를 의미한다.

[단계 3] 모든 $CR_k (k = 1, \dots, r)$ 에 대해 임의의 픽셀 $p_{i,j} \in CR_k (k = 1, \dots, r)$ 을 선택하여 flood fill 알고리즘을 적용한다.

[단계 4] 각 픽셀 $p_{i,j}$ ($i, j = 1, \dots, n$)에 대해 여덟 방향 터틀 알고리즘을 이용하여 클러스터의 경계선 정보를 추출한다.

IV. 실험 결과 및 분석

실험 데이터를 얻기 위해 사용된 3차원 세포 배양용 하이드로젤의 크기는 직경 400 μm 원형구조에 높이 400 μm 인 원기둥이며 각 높이에 대해 20 μm 마다 높이 방향으로 단층 촬영한 20개의 이미지들을 실험에 사용하였다.

제안된 방법의 잡음 제거 성능을 살펴보기 위해 마스크 크기, 픽셀 밝기 임계값, 필터 임계값을 단계적으로 변화시키며 실험을 수행하였다. 그림 3-5는 세 가지 요소들에 대해 잡음 제거 결과가 어떻게 나타났는지 보여준다. 그림 3은 마스크 크기가 잡음 제거에 미치는 영향을 그림 4는 픽셀 밝기 임계값이 잡음 제거에 미치는 영향을 그림 5는 필터 임계값이 잡음 제거에 미치는 영향을 보여준다.

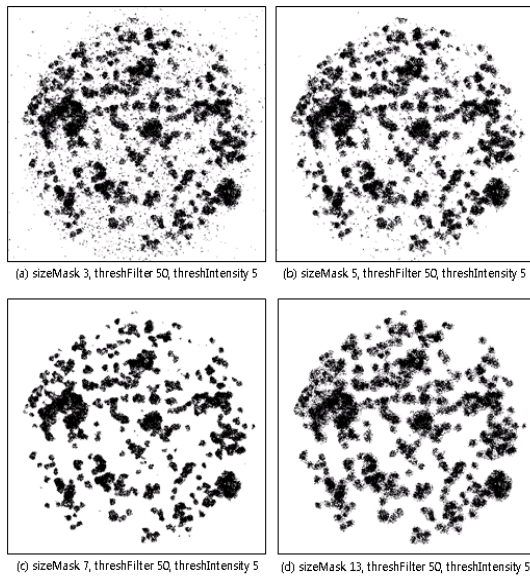


그림 3. 마스크의 크기에 따른 잡음 제거 결과
Fig. 3 Noise elimination results by mask sizes

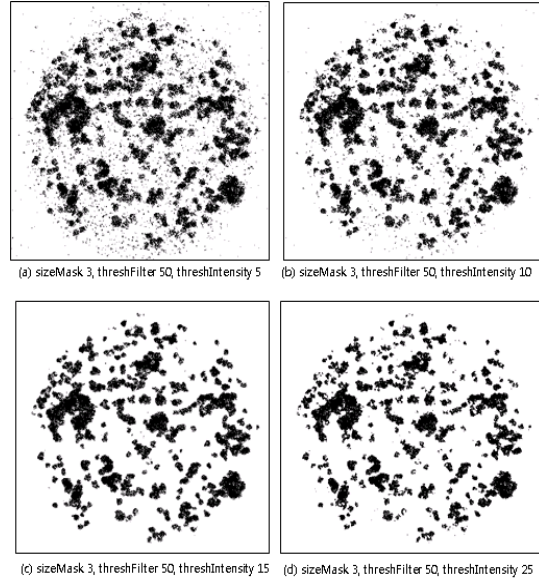


그림 4. 밝기 강도 임계값에 따른 잡음 제거 결과
Fig. 4 Noise elimination results by Intensity threshold values

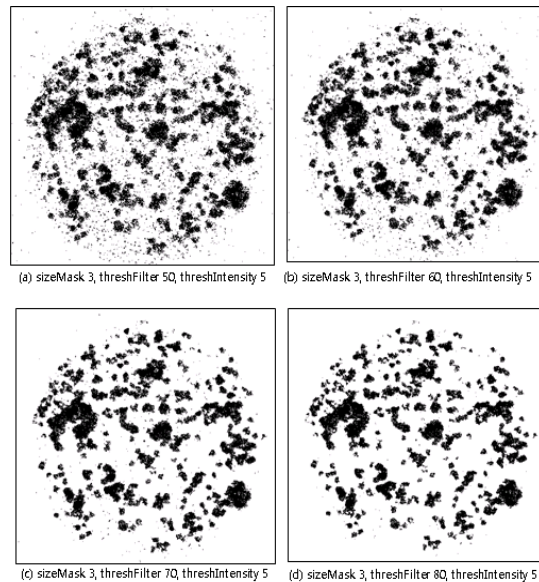


그림 5. 필터 임계값에 따른 잡음 제거 결과
Fig. 5 Noise elimination results by filter threshold values

마스크 크기, 픽셀의 밝기 임계값, 필터 임계값 모두가 잡음 제거 성능에 영향을 미침을 알 수 있다. 마스크 크기는 적정 크기까지는 커질수록 잡음 제거의 성능이 증가하였지만 크기가 8이상부터 클러스터 경계선 영역에서 블러링(bluring)이 발생하기 시작하였다. 그림 3의 (c)와 (d)를 비교해보면 이러한 블러링 현상을 확인할 수 있다. 블러링 현상은 정확한 클러스터의 경계선 추출에 방해가 됨으로 마스크 크기는 7이 가장 적합한 것으로 나타났다.

픽셀의 밝기 강도 임계값은 10일 때 가장 좋은 결과를 보여주었다. 10이상의 값일 경우 그림 4 (c), (d)에서 보는 것처럼 클러스터 영역이 가늘어지는(thin) 결과를 초래하여 실제 클러스터 영역보다 적은 영역을 추출하게 하였다. 필터 임계값의 경우 작은 물체를 걸러내는 체(sieve)와 같은 역할을 하였다. 즉 필터 임계값은 체의 구멍과 같은 역할로 값이 적으면 걸러내지 못한 잡음이 남아 있는 반면 값이 커지면 잡음은 모두 걸러내지만 클러스터의 정보도 함께 손실되었다. 그림 5 (a),(b)는 전자의 실험 결과를 (c),(d)는 후자의 결과를 보여준다.

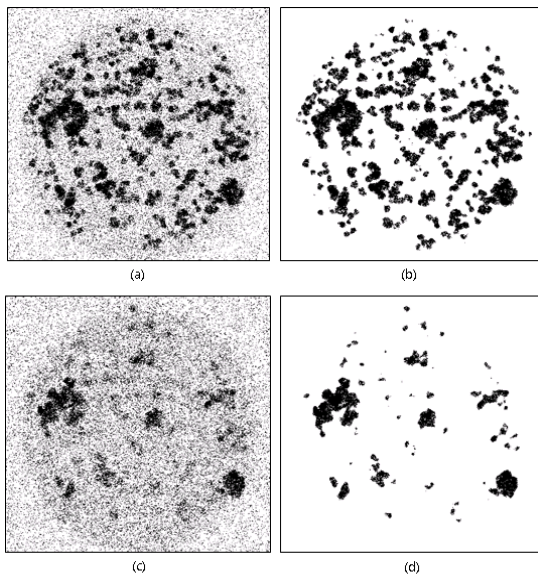


그림 6. (a),(c): 원 세포이미지, (b):(a)의 잡음제거 결과, (d):(c)의 잡음제거 결과

Fig. 6 (a),(c) Original Image, (b):Noise elimination result of (a), (d):Noise elimination result of (c)

실험 결과 본 논문에서 사용한 세포 이미지의 경우 마스크 크기 7, 밝기 강도 임계값은 10, 필터 임계값은 60일 때 가장 좋은 결과를 보여 주었다. 그림 6은 실험에 사용한 이미지들에 대해 이러한 최적의 요소 값들을 적용하여 잡음을 제거한 결과를 보여준다.

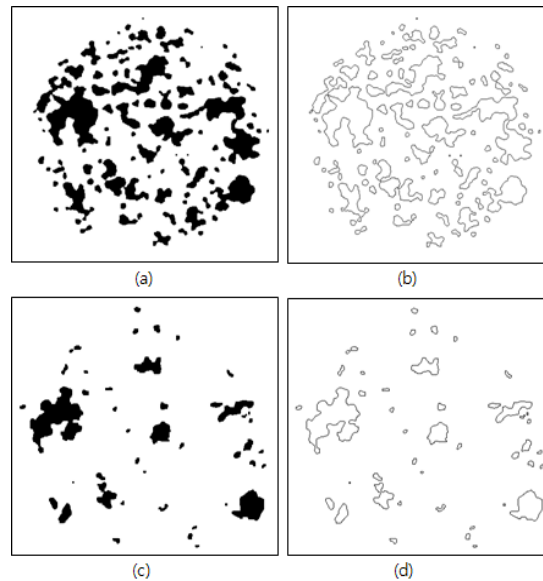


그림 7. (a),(c): 그림 6 (b),(d) 이미지에 모폴로지 닫힘 연산 및 flood fill 알고리즘을 적용한 결과, (b):그림 6 (a) 이미지에 대한 클러스터 경계선 추출 정보, (d):그림 6 (c) 이미지에 대한 클러스터 경계선 추출 정보

Fig. 7 (a),(c): Results that applied morphology close operation and flood fill algorithm in Fig. 6 (b),(d) images, (b): Boundary information extracted from Fig. 6 (a) image, (d): Boundary information extracted from Fig. 6 (c) image

그림 7의 (a)와 (c)는 잡음이 제거된 세포 이미지인 그림 6의 (b)와 (d)에 모폴로지 닫힘 연산과 flood fill 알고리즘을 차례대로 적용한 결과를 보여준다. 클러스터 내부의 크고 작은 구멍들이 모두 메워지고 경계선도 부드러워진 것을 확인할 수 있다. 그림 7의 (b)와 (d)는 최종적인 클러스터 경계선 추출 결과이다. 그림 6의 원시 세포 이미지 (a), (c)와 비교해 볼 때 정확하게 클러스터 정보를 추출한 것을 볼 수 있다. 클러스터 경계선 추출에 대한 결과는 전문가에 의해서도 그 정확성을 입증하였다.

3차원 배양과정에서 단층 촬영된 이미지에서 추출된 클러스터 경계선 정보는 세포 배양 과정에서 발생하는 세포들의 행동 변화를 분석하는 필수적인 자료로 사용될 것이다. 또한 조직 공학에서 다양한 실험과 분석을 위해 요구되는 3차원 세포의 3D 복원에도 유용하게 사용될 수 있다.

V. 결 론

본 논문에서는 하이드로젤 내 3차원 조직 배양과정에서 공초점 현미경을 이용하여 단층 촬영한 세포 이미지들로부터 클러스터 정보를 추출하기 위한 방법을 제안하고 개발하였다.

고배율 촬영으로 인해 하이드로젤이 무수히 많은 좁쌀 모양의 잡음으로 나타나는 이미지의 특성으로 인해 본 논문에서는 세 가지 요소에 대해 수준별로 잡음을 제거하는 방법을 제안하였다. 그리고 실험 결과를 통해 세 가지 요소인 마스크의 크기, 밝기 강도 임계값, 필터 임계값을 단계적으로 조정하면서 우수하게 잡음을 제거함을 보였다. 또한 모폴로지 닫힘 연산, flood fill 알고리즘, 터틀 알고리즘 등 세 단계를 거치는 클러스터 경계선 추출 방법도 정확한 클러스터 경계선 정보를 추출해 줌을 실험 결과를 통해 보였다. 제안된 방법의 문제점은 모폴로지 연산으로 인해 분리되어 있던 클러스터가 겹쳐지는 문제가 간혹 발생하였다. 앞으로 이러한 문제점을 보완하기 위한 연구를 계속 수행하고자 한다.

감사의 글

본 연구는 지식경제부 및 정보통신산업진흥원의 대학 IT연구센터 지원사업(NIPA-2011-(C-10 90-1121-0006))과 2011년도 정부(교육과학기술부)의 재원으로 한국연구재단의 기초연구사업(No. 2011-0019135)의 연구결과로 수행되었음

참고문헌

- [1] H. Refai et al. "Automatic count of hepatocytes in microscopic images", ICIP, IEEE, Vol. 2, pp. 1101~1104, 2003
- [2] Ryoma Bise et al., "Reliable Tracking Partially Overlapping Neural Stem Cells in DIC Microscopy Image Sequences," MICCAI Workshop on Optical Tissue Image analysis in Microscopy, Histopathology and Endoscopy Imperial College London, September 24, pp. 67-77, 2009.
- [3] Li, K., Miller, E.D., Chen, M., Kanade, T., Weiss, L.E., Campbell, P.G.: Cell population tracking and lineage construction with spatiotemporal context. Med. Image Anal. 12(5) pp.546-566, 2008.
- [4] Al-Kofahi, O., Radke, R.J., Goderie, S.K., Shen, Q., Temple, S., Roysam, B.: Automated cell lineage construction: A rapid method to analyze clonal development established with murine neural progenitor cells. Cell Cycle 5(3) pp.327-335, 2006.
- [5] Gonzalez and Woods, Digital Image Processing, Prentice Hall, 2008.

저자소개



조미경(Migyung Cho)

1990년 2월 부산대학교
전자계산학과(이학사)
1992년 2월 부산대학교
전자계산학과(이학석사)

1998년 2월 부산대학교 전자계산학과(이학박사)
2000년 9월~2002년 8월 부산대학교 연구교수
2005년 9월~2006년 8월 워싱턴주립대학교 방문교수
2002년 9월~ 현재 동명대학교 미디어공학과 부교수
※관심분야: 알고리즘, 패턴인식, 바이오칩시뮬레이션



김진석(Kim, Jinseok)

1994년 2월 광운대학교
전자재료(공학사)
1997년 University of Southern
California, Materials Eng.(석사)

2007년 2월 서울대학교 전기전자(공학박사)
2001년 1월 - 현재 한국학기술연구원 선임연구원
2008년 2월~ 2009년 2월 워싱턴주립대학교 방문교수
1997년 12월~ 2000년 12월 Honeywell Korea 연구원
※관심분야: 영상, 생체의공학, 바이오/나노, 생물정보학



심재술(Jaesool, Shim)

1995년 2월 부산대학교
생산기계공학부(공학사)
1997년 2월 포항공과대학교
기계공학부(공학석사)

2007년 12월 워싱턴 주립대 기계공학부(공학박사)
1997년 2월~ 2003년 4월 LG 전자 연구소
2008년 1월~ 2008년 8월 Harvard-MIT/Harvard
Medical School 박사후 연수
2008년 9월~ 현재 영남대학교 기계공학부 조교수
※관심분야: 에너지 및 물질 전달, 나노바이오,
마이크로 칩