

대칭성 분석과 레벨셋을 이용한 자기공명 뇌영상의 자동 종양 영역 분할 방법

Automatic Tumor Segmentation Method using Symmetry Analysis and Level Set Algorithm in MR Brain Image

김 보 램*, 박 근 혜**, 김 옥 현***

Bo Ram Kim*, Keun Hye Park**, Wook Hyun Kim***

요 약

본 논문은 자기공명 뇌영상을 대상으로 뇌종양 영역을 자동으로 분할하기 위한 방법을 제안한다. 정상적인 뇌영상은 좌우로 대칭인 특징을 지니는 반면에 종양이 존재하는 뇌영상은 종양세포와 부종 및 괴사로 인해 비대칭적인 특징을 가진다. 본 논문에서는 이러한 대칭성을 뇌영상내에 종양영역의 존재 유무를 판별할 수 있는 기준으로 이용한다. 대칭성 분석을 위해서 뇌영역의 윤곽선 정보를 이용해 중심축을 생성하였으며 이는 사전정보를 이용하지 않고 영상의 자체 정보만을 해석해서 중심축을 추출할 수 있다는 점에서 기존의 영상 정합을 통해 해부학적 위치 정보를 추출하고 이를 이용하여 중심축을 찾는 방법과 구별된다. 자기공명 영상에서 정상뇌의 조직은 크게 3가지 클러스터로 분할되며 각 클러스터가 포함하는 영역은 백질과 회백질영역을 포함하는 뇌 실질영역, 뇌척수액(csf) 영역, 두개골, 지방 및 뇌막 영역 등으로 나뉜다. 종양이 포함된 영상은 종양과 부종 및 괴사 영역이 추가적으로 존재하며 이는 클러스터링을 이용한 분할을 통해서 구분될 수 있다. 분할된 종양 영역의 중심점은 다음 슬라이스의 종양 영역의 경계를 검출하기 위한 레벨셋 알고리즘에 적용되어 전체 볼륨의 종양 영역의 경계선을 추출하기 위한 초기 시드로 이용된다. 본 논문에서는 3차원 볼륨의 영상(슬라이스)중에서 종양 영역이 존재하는 슬라이스의 종양 영역을 분할하여 이후의 슬라이스에서는 분할작업을 수행하지 않고 영역의 경계선만 추출한다. 자카드 지수와 처리 시간의 비교 분석을 통해 기존의 방법과 비슷한 성능과 빠른 속도로 종양 영역을 분할할 수 있다는 것을 보인다.

Abstract

In this paper, we proposed the method to detect brain tumor region in MR images. Our method is composed of 3 parts, detection of tumor slice, detection of tumor region and tumor boundary detection. In the tumor slice detection step, a slice which contains tumor regions is distinguished using symmetric analysis in 3D brain volume. The tumor region detection step is the process to segment the tumor region in the slice distinguished as a tumor slice. And tumor region is finally detected, using spatial feature and symmetric analysis based on the cluster information. The process for detecting tumor slice and tumor region have advantages which are robust for noise and requires less computational time, using the knowledge of the brain tumor and cluster-based on symmetric analysis. And we use the level set method with fast marching algorithm to detect the tumor boundary. It is performed to find the tumor boundary for all other slices using the initial seeds derived from the previous or later slice until the tumor region is vanished. It requires less computational time because every procedure is not performed for all slices.

Keywords : Medical Image Processing, Image segmentation, Level set, Fast Marching, Clustering, Symmetric analysis

I. 서론

의료영상 취득기술의 발달과 네트워크 장비의 보급으로 인하여 병변을 진단하고 치료하거나 검진하는 작업이 보다 편리하게 수행되고 있다. 또한 기존의 아날로그로 처리되던 업무들이 디지털로 전환되어 최근에는 디지털 의료영상인 단순한 진단의 분야뿐만 아니라 수술 가상화, 수술전 정밀 검사, 방사능 치료, 수술 및 처방 후 연구, 수련의 훈련 등의 다양한 분야에 적용되고 있다. 이러한 다양한 필요성에

의해 매년 그 취득 영상의 수는 급증하고 있는 추세이다. 그 중에서 자기공명영상(MRI)은 컴퓨터 단층 영상(CT)와 더불어 뇌에서 발생하는 병변을 판단하기 위한 수단으로 이용된다. 본 논문에서는 다양한 뇌의 병변 중에서, 뇌종양을 검출하는 새로운 알고리즘을 제시하고자 한다. 뇌종양이란 뇌에서 발생하는 비정상적인 세포를 의미하며 두개골 내에서 발생하는 모든 종양을 일컫는다. 뇌종양의 진단에서 자기공명영상은 컴퓨터 단층촬영을 통해 얻은 영상보다 해상도가 높아 종양 및 주변의 부종 범위를 확인하기가 용이하다는 특징을 가지기 때문에 종양의 진단에 가장 적합하다[1]. 자기공명영상에 존재하는 뇌종양영역을 분할하기 위해서는 일반적으로 크게 전처리, 특징추출, 종양 영역의 검출, 후처리 등의 4가지 작업이 수행된다. 이는 응용분야의 목적이나 적용방법에 따라 2개 이상의 과정이 하나의 과정

* University of Texas at Dallas 박사후과정

** 영남대학교 *** 영남대학교(교신저자)

투고 일자 : 2011. 6. 16 수정완료일자 : 2011. 10. 24

계재확정일자 : 2011. 11. 1

으로 합쳐져 수행되기도 한다. 전처리 단계에서는 자기공명 영상을 획득하는 과정에서 발생할 수 있는 잡음을 제거하기 위한 과정을 수행하며, 가우시안이나 중간값을 이용한 필터 기반의 방법과 열림이나 닫힘 등의 형태학적 연산자를 많이 이용한다. 또한, 입의의 영상 데이터를 표준 공간으로 변환하기 위한 정합 과정 등을 수행한다. 특징추출 단계에서는 뇌종양을 검출하기 위한 영상 내 특징정보를 추출하며, 화소의 밝기값, 뇌의 조직적 분포 특성, 종양의 형태 및 밝기값 분포 등을 이용한다. 종양 영역의 검출단계에서는 추출된 특징들을 기반으로 뇌의 구조적 특성 분석, SVM(Support Vector Machine), 신경망, 베이지안 알고리즘, 기대치 최대화(EM : Expectation Maximization) 등의 통계적 방법, k-평균 알고리즘(K-means), FCM(Fuzzy C-Means), PCM(Possibilistic C-Mean 등의 군집화 알고리즘, 활성 외곽선 모델(active contour model), 영역 확장을 이용한다. 마지막으로, 후처리 단계에서는 검출한 종양 영역에 대해서 주변 화소들의 정보를 이용하여 좀 더 정확한 경계선을 검출하거나 불필요한 정보를 제거하는 과정을 수행한다. 본 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 기존의 뇌종양 검출을 위해 수행된 관련 연구를 소개한다. 3장에서 대칭성을 이용한 종양 슬라이스 및 종양 후보영역(시드)의 검출 및 이를 기반으로 3차원 전체 슬라이스에 존재하는 종양 영역의 경계선을 추출하는 방법에 대해 설명한다. 4장에서는 실험 수행과 그 결과에 대해 고찰한 후, 마지막으로 5장에서 본 논문의 결론을 맺는다.

II. 관련 연구

뇌종양은 뇌에서 발생하는 가장 대표적인 질병중에 하나이다. 자기공명 영상은 뇌종양을 관찰하기 위한 중요한 장치이며 그 진단과 치료에 도움이 되는 유용한 정보를 추출하기 위한 공학적인 연구는 지난 수년간 다양한 방법으로 지속되어오고 있다. 대표적인 분할방법으로는 퓨리에 상관관계 또는 상호정보(mutual information) 등의 영상정보를 이용한 방법, AIR(automated image registration) 등의 정합 정보를 이용하는 방법, 병변의 사전 정보를 이용하는 방법 등이 있다[2].

영상정보를 이용해서 뇌종양을 분할하기 위해서 이웃 화소와의 화소 밝기값을 이용하여 화소단위의 분류 알고리즘을 이용한 방법이 제안되었으며 Moonis et al.[3], Clark et al.[4], Karan Sikka et al.[5]등이 제시한 퍼지 알고리즘을 적용한 방법과 Prastawa et al.[6], Corso et al.[7], Dou et al.[8], Sikka et al.[9]등이 제안한 영역 기반의 방법이 있으며, 또한 Lefohn et al.[10], Zhu and Yang[11], Ho et al.[12], Khotanlou et al.[13]등이 제안한 윤곽선 기반의 방법이 있다. 영역 기반의 분할방법들은 초기에 설정한 화소를 기반으로 분할 과정이 진행되어지기 때문에 종양의 전반적인 형태나 윤곽선의 제약적 정보를 통합하지 않는다는 특징을 가진다. 윤곽선 기반의 방법은 뇌 영상에 존재하는 종양의 윤곽선을 대상으로 초기에 설정된 화소 또는 윤곽선을 반복적으로 확대 및 축소해 나아가는 분할방법으로

복잡한 연산 과정을 거친다는 특징을 가진다.

일반적으로 3차원 자기 공명 볼륨들은 정합작업을 거쳐 표준 공간인 정위법적 공간(stereotactic space)으로 매핑된다[14]. 이때, 정위법적 공간은 직각 좌표계를 기반으로 전교련(AC : Anterior Commissure)이라는 뇌 해부학적 위치를 기준으로 적용한 좌표 시스템을 의미한다. 그 중에서 대

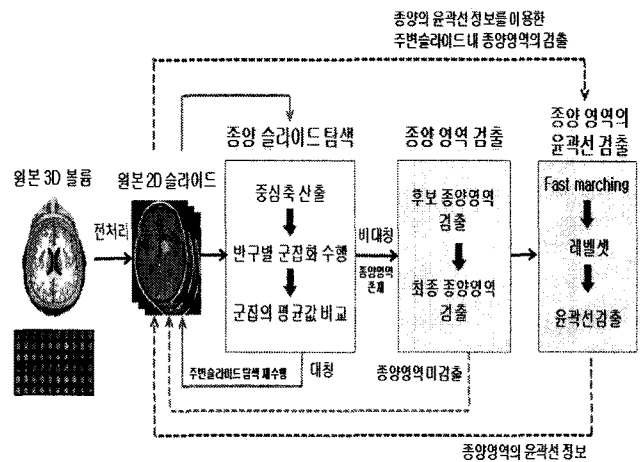


그림 1 제안하는 뇌종양 분할 방법의 전체 시스템 구성도
Figure 1. The system flow chart of proposed brain tumor segmentation method

표적인 아틀라스에는 Talirach의 아틀라스와 국제 컨소시엄(ICBM : International Consortium for Brain Mapping)에서 제공하는 ICBM452 아틀라스 등이 있다. 의료영상에서 뇌종양을 분할할 때 영상의 화소 밝기값 정보나 텍스처 등의 특징들, 뇌 조직 또는 영역의 공간적 확률과 화소 평균값 정보를 이용하며, 정합을 위한 사전정보로써 뇌 조직에 대한 표준 데이터인 아틀라스를 많이 활용한다. 예를 들어, 아틀라스의 백질, 회백질, 뇌 척수액에 대한 공간적 유사도는 각 조직에 대한 분석에 활용될 수 있으며, 주어진 템플릿과 정합한 여러 가지 정상 영상들과의 평균값을 통해서도 조직 분석이 가능하다.

본 논문에서는 3차원 자기공명영상에서 군집화 알고리즘을 이용한 뇌종양의 비대칭적인 특성 분석과 레벨셋 방법을 통해 종양영역의 경계를 분할하는 방법을 제안한다.

III. 종양 슬라이스 탐색 및 종양경계선 검출

제안하는 방법은 뇌종양 영역분할을 위해 크게 3단계로 구성된다. 먼저, 첫 번째 단계는 슬라이스에 종양이 존재하는지 판단하기 위한 과정이다. 좌뇌와 우뇌의 화소 데이터를 기반으로 대칭성을 분석하여 슬라이스 내에 종양영역이 존재하는지 판단하게 된다. 만약, 종양이 존재하지 않는다면 주변 슬라이스로 이동하여 다시 종양의 존재여부를 판단한다. 이 단계의 작업은 종양이 발견될 때까지 전체 슬라이스에 대해서 반복 수행된다. 첫 번째 단계에서 종양이 존재하는 슬라이스가 탐색되면, 해당 슬라이스를 대상으로 두 번째 단계로 이동하여 종양 영역을 분할한다. 종양 영역이 분할되면 그 영역의 시드 정보를 이용해 주변 슬라이스에 적용하여, 종양

슬라이스의 탐색 및 종양 영역의 분할 단계를 수행하지 않고 시드 정보를 이용하여 주변 슬라이스를 대상으로 종양 영역의 경계선을 검출한다. 이러한 과정은 전체 슬라이스에 대해서 더 이상 종양이 발견되지 않을 때까지 반복 수행됨으로서 전체 볼륨의 종양 영역을 분할한다.



(a) 정상적인 뇌영상의 중심축 (b) 비정상적인 뇌영상의 중심축

그림 2. 뇌영상의 중심축을 이용한 좌·우뇌의 구분

Figure 2. Bilateral brain images with central axis

그림 1은 본 논문에서 제안하는 뇌종양 영역분할 알고리즘의 전체적인 시스템 구성도를 나타낸다.

3.1 뇌의 대칭성 분석 및 중심축 생성

건강한 사람의 뇌는 좌우로 대칭성을 가지며 일반적으로 자기공명 영상에서 사람 뇌의 반구를 구별하기 위한 최상의 축은 정중 시상면 (mid-sagittal plane)으로 알려져 있다. 반면, 종양 등의 병변이 뇌에 존재할 경우 피사나 부종 등에 의해 다른 조직이 압박되며 이에 따라 뇌가 대칭성을 가지지 않게 되고, 그 축을 직선이나 특정한 면으로 정의하기 어려운 것이 현실이다[15]. 본 논문에서는 영상의 화소 정보를 이용해 뇌 영상의 중심축을 2차원 곡선의 형태로 추출한다. 이 때, 중심축을 계산하기 위한 특징정보로 영상의 윤곽선을 이용한다. 윤곽선을 검출하여 영상 내에서 화소의 변화가 심한 부분을 나타낼 수 있으며, 이를 뇌 영상에 적용하여 중심점을 계산한다. 윤곽선을 이용하여 영상의 행별로 중심점을 계산하며, 이는 식 (1)과 같다.

$$C_y = \frac{\sum_{x=1}^X I(x,y)}{X} \quad (1)$$

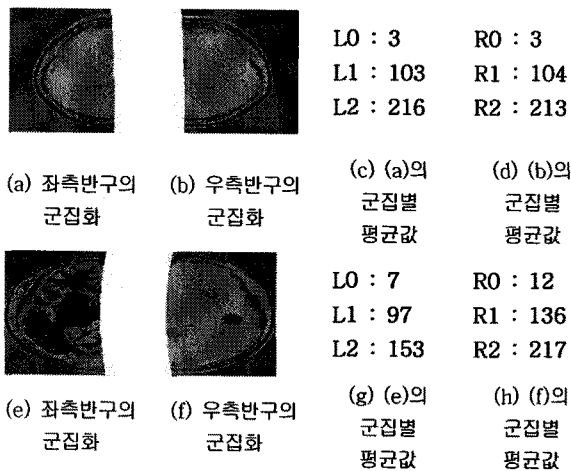


그림 3. 정상 및 비정상 뇌 영상의 군집화 결과와 군집별 평균값

Figure 3. Result images of clustering in normal and abnormal brain images

윤곽선이 검출된 결과영상을 $I(x,y)$ 라고 할 때 X 와 Y 는 각 영상의 최대 x 좌표와 y 좌표로, $x \in \{1, \dots, X\}$,

$y \in \{1, \dots, Y\}$ 로 정의된다. C_y 는 y 번째 행의 중심점이며, 중심점의 집합 C 는 $C = \{C_1, \dots, C_Y\}$ 로 정의된다. 중심축은 계산된 중심점들을 대상으로 계산되며, 이를 위해 최소자승법을 이용한다. 식 (2)는 n 개의 점이 주어졌을 때 최소자승법을 이용하여 오차를 최소화하는 함수를 구하기 위한 식을 나타낸다. 이 때, x_i 와 y_i 는 i 번째 점의 x 와 y 좌표를 각각 나타내며, 오차 E 를 최소화하는 2차 함수 $f(x)$ 를 계산하여 근사곡선을 구할 수 있다. 생성된 근사 곡선은 원본 슬라이스를 좌우로 나누기 위해서 사용된다.

$$E(f) = \sum_{i=1}^n (y_i - f(x_i))^2, (i=1, \dots, n) \quad (2)$$

그림 2의 (a)와 (b)는 각각 정상과 비정상적인 뇌 영상에 대해서 윤곽선 정보와 최소자승법을 이용해 계산된 중심축을 기반으로 좌뇌와 우뇌를 나눈 결과영상을 나타낸다.

3.2 종양 슬라이스 검출을 위한 대칭도 측정

전 단계에서 좌뇌와 우뇌로 나누어진 각 반구 영상에 대해 군집화 알고리즘과 유클리디언 디스턴스를 이용하여 대칭도를 측정하며 비대칭일 경우 종양이 존재하는 슬라이스로 분류하여 다음 단계에서 종양 영역의 검출을 수행한다. 이때, 군집은 3개로 분류하고 반구별로 같은 순서의 군집들에 대한 평균 거리값을 비교함으로써 대칭도를 측정한다. 종양을 포함하는 반구는 정상적인 반구와 비교하였을 때 회백질과 백질 영역이 상대적으로 감소하고 종양 영역이 존재하기 때문에 군집화를 수행하였을 경우에는 군집들의 평균값이 달라진다. 그림 3은 그림2에서 나타난 정상과 비정상적인 뇌 영상의 군집화 결과와 각 군집별 평균값을 보여준다. 그림 3의 (a)와 (e)는 좌측 반구를 (b)와 (f)는 우측 반구를 3개의 군집으로 분류한 결과를 나타낸다. 이 때, 빨간색, 초록색, 파란색의 순으로 평균 밝기값이 높은 군집을 나타낸다. 그림 3의 (c), (d), (g)와 (h)는 군집별 평균값으로, (c)와 (g)의 L0, L1, L2는 좌측반구 영상의 해당 군집 번호에 따른 평균값을 나타내며, (d)와 (f)의 R0, R1, R2는 우측반구 영상의 해당 군집번호에 따른 평균값을 나타낸다. 정상뇌의 결과 영상인 그림 3의 (c)와 (d)의 경우 양 반구의 군집간의 평균값 벡터의 분포가 유사한 반면, 종양이 있는 뇌의 군집화 결과 영상인 (g)와 (f)는 그 분포가 상이한 것을 확인할 수 있다. 유클리디언 디스턴스를 이용해 좌뇌와 우뇌의 반구별 군집 평균 벡터들간의 거리가 일정 기준의 값을 초과할 경우에는 종양을 포함하는 뇌 영상으로 판단하여 종양 영역을 분할하기 위한 단계로 진행된다. 만약 그렇지 않을 경우에는 정상적인 뇌 영상으로 판단하고, 주변 슬라이스를 대상으로 종양의 존재 유무를 판단하기 위한 대칭성 분석과정을 재수행한다. 만약에 모든 뇌 영상이 좌우 대칭성을 가진다면 정상적인 환자의 뇌 영상으로 판단하고 전체 과정을 종료한다.

3.3 종양 영역 시드의 검출

본 절에서는 앞 단계에서 탐색한 종양을 포함하는 뇌 영

상을 대상으로 종양 영역을 분할하는 방법에 대해서 설명한다. 종양 영역을 분할하기 위한 제안 알고리즘의 처리과정은 그림 4와 같다. 종양 영역은 뇌 영상에서 가장 밝은 값으로 나타나며, 백질과 회백질로 구성된 실질 영역은 중간 정도의 밝은 값으로 나타난다. 그러므로 본 논문에서는 가장 밝은 군집에 해당하는 화소들을 대상으로 연결성분 (connected component) 알고리즘을 이용하여 영역별 분할을 수행하여 1차 후보 종양 영역을 분할한다. 더불어 뇌실질 영역에 대해서도 동일한 처리과정을 수행한다. 종양 영역은 뇌실질 영역 내에 포함되는 특성을 가지기 때문에 중간 밝기값을 가지는 영역과 1차 후보 종양 영역들에 대한 위치적 상관관계를 고려하여 2차 후보 종양 영역을 분할한다. 마지막으로, 종양 슬라이스 탐색 단계에서 획득한 중심축을 기반으로 대칭축을 계산하고, 후보 종양 영역의 대칭성을 분석함으로써 최종적인 종양 영역의 시드를 검출한다. 그림 5의 (a)는 중간 평균 밝기값을 가지는 군집에 대해서 분할한 결과를 보여준다. 그리고 그림 5의 (b)는 불필요한 잡음 영역을 제거하기 위해서 열림 연산을 수행한 결과이며, (c)는 뇌 실질 영역을 검출한 결과이다. 이 때 회백질과 백질은 뇌에서 가장 큰 영역을 차지하고 있기 때문에 가장 큰 영역을 추출함으로써 획득할 수 있다. 그림 5의 (d)-(f)는 뇌 실질 영역과 종양 영역의 위치적 상관관계를 이용하여 후보 종양 영역을 검출하는 과정을 보여준다. 그림 5의 (d)는 가장 큰 뇌 실질 영역과 그 경계상자를 나타낸다. 그리고 그림 5의 (e)는 (d)의 경계 상자와 종양을 포함한 가장 밝은 평균값의 군집을 나타낸 것으로, 연결성분 알고리즘에 의해서 군집 내 영역들이 경계 상자 내에 95% 이상

과 위치정보는 다음 단계의 종양영역 경계 검출을 위한 시드로 이용된다.

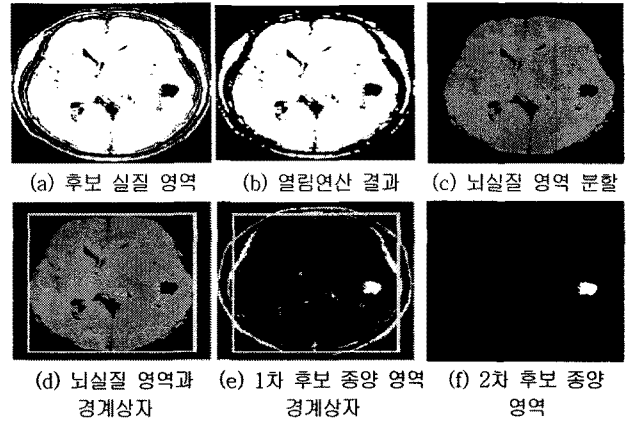


그림 5. 뇌 실질 영역 및 후보 종양 영역의 분할

Figure 5. Segmentation results of brain and tumor area

3.4. 레벨셋 진화 알고리즘을 이용한 종양경계 검출

본 절에서는 분할된 종양 영역의 경계선을 검출하는 방법을 설명한다. 그림 6은 종양 영역의 경계선 검출을 하기 위한 시스템 구성도를 나타낸다. 우선, 이전 단계에서 분할된 종양 영역을 이용해 경계선 검출을 위한 초기 위치를 결정한다. 초기값은 분할된 종양 영역의 중심점을 이용하였으며, 이 때 화소값의 밝기가 영상 실질영역의 평균 이상인 화소만 이용하고 종양이 발생하지 않는 어두운 영역은 종양 경계선 후보 위치에서 제외함으로써 보다 정확한 종양 영역 검출이 가능하다. 이렇게 생성한 초기 화소를 이용해 패스트 마칭 방법을 적용하여 개괄적인 초기 경계 정보를 자동으로 생성하며, 이는 보다 빠른 속도로 경계선을 검출하기 위해서 사용된다. 그리고 개괄적인 경계 정보를 레벨셋 방법에 적용함으로써 보다 정밀한 종양 영역의 경계선을 검출해낼 수 있다. 하나의 슬라이스에 대해서 종양의 경

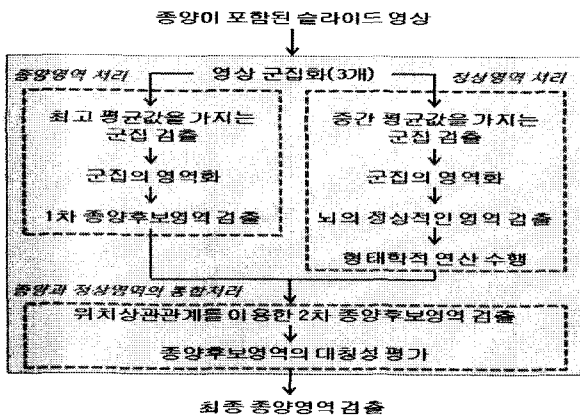


그림 4. 종양영역 분할 알고리즘 구성도

Figure 4. The system flow chart of tumor segmentation algorithm

이 포함되는지를 판단한다. 이러한 과정에 의해서 뇌 실질의 바깥부분에 해당하는 대부분의 영역들이 제거된다. 그리고 군집 내 각 영역들에 대해서 작은 영역들은 작은 혈관들 및 분할과정에서 발생한 잡음이기 때문에 50개 이하의 화소수로 구성된 영역의 경우 종양 후보 영역에서 제외한다. 그림 5의 (f)는 이러한 위치적 상관관계에 의해서 검출된 후보 종양 영역을 보여준다. 이 영역의 화소의 밝기값

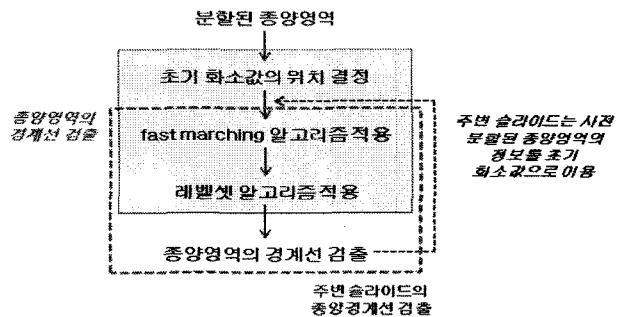


그림 6. 종양 영역 경계선 검출 방법의 구성도

Figure 6. The system flow chart of the tumor boundary extraction method

계선 정보가 검출되면, 해당 볼륨의 나머지 슬라이스들에 대해서는 더 이상 이전 단계들을 수행하지 않으며, 이전 슬라이스에서 검출된 최종 종양 영역의 경계선에 대한 중심점 정보를 이용하여 주변 슬라이스를 대상으로 종양의 경계선을 검출한다. 패스트 마칭 방법은 이전 단계에서 분

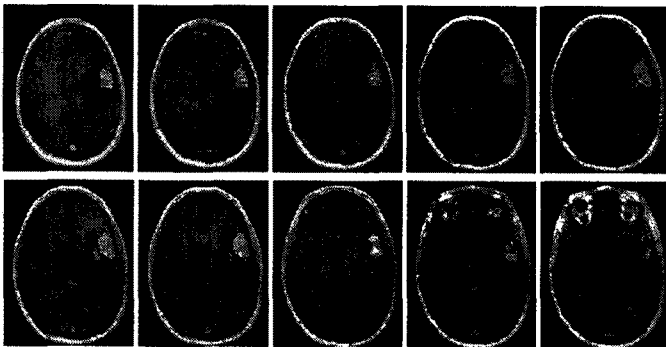


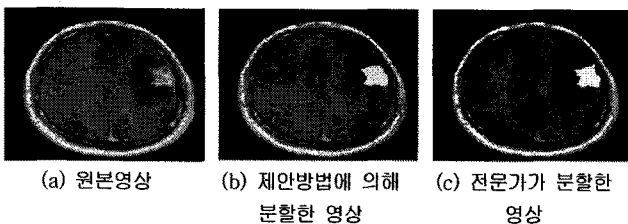
그림 7 종양 영역 경계선 검출의 예
Figure 7. Tumor boundary detection in a sample case

할한 종양 영역의 중심점을 이용하여 종양의 경계선에 대한 개괄적인 데이터 집합을 생성하기 위한 과정이며, 그 처리순서는 다음과 같다.

- 단계 1. 검출된 종양 영역의 중심점을 초기값인 시드 화소로 결정한 후 시드 집합에 포함하고, 시드 화소의 주변 화소들은 이웃화소 집합에 포함하도록 한다. 이 때 시드 집합과 이웃 화소 집합에 포함된 화소들은 화소의 밝기값이 아닌 기울기값을 가지도록 정의하며, 그 기울기값은 각 화소의 밝기값과 그 주변화소의 밝기값을 이용하여 측정한다.
- 단계 2. 시드 집합에 새로운 화소가 추가되면, 주변의 4개 화소를 이웃 화소의 집합에 포함한다. 이 때 추가되는 각 주변 화소의 값은 자신의 16 방향 주변 화소의 기울기 중에서 가장 큰 값으로 갱신한다.
- 단계 3. 이웃 화소 집합의 화소들 중 가장 큰 값을 가지는 화소를 가지는 화소를 시드 집합으로 이동한다.
- 단계 4. 단계 2와 단계 3을 반복한다.

이러한 과정을 수행하면, 시드 화소와 그 이웃 화소의 집합은 기울기가 큰 방향으로 확장하여 경계선 판단을 위한 개괄적인 영역을 결정한다. 이렇게 검출된 개괄적인 영역을 기반으로 레벨셋 방법을 적용하여 전체 슬라이스에 대한 경계선 검출을 수행한다.

레벨셋 방법은 1988년 S.J. Osher와 J.A. Sethian[16]에 의해 처음으로 소개된 이론으로써, 주어진 초기의 경계를 이용하여 곡률에 종속된 속도로 물체의 경계선까지 움직이



(a) 원본영상 (b) 제안방법에 의해 분할한 영상 (c) 전문가가 분할한 영상

그림 8 성능 평가에 사용된 영상

Figure 8. Ground truth image with automatic segmented image

는 모델을 생성하기 위해 사용되는 수치해석학 방법이며, 비정규적인 특성들로부터 영향을 극복할 수 있고 위상학적

변화가 가능하다. 일반적인 레벨셋 방법은 0 레벨의 셋을 포함한 모든 레벨셋들에 대해서 처리를 해야 하기 때문에 상당한 처리시간을 요구하는 문제점을 가진다. 이러한 문제점을 해결하기 위한 대안으로, 활성화된 이웃 정보만을 이용하여 점진적으로 과정을 수행하는 협대역(narrow banding) 접근방식을 많이 활용하고 있다. 본 논문에서는 모든 화소를 대상으로 검출된 시드 집합과 이웃 화소 집합의 화소들과 가장 가까운 거리를 측정하여 그 거리값이 3 이하인 화소만을 선택함으로써, 너비가 3인 협대역을 생성하여 대역에 속하는 화소들의 기울기값을 이용해 경계선을 검출한다. 그림 7은 이전단계에서 분할된 종양 영역의 중심 화소를 시드로 설정한 후 종양이 포함된 볼륨 내 주변 슬라이스에 대해서 종양 영역의 경계선을 검출한 예를 나타낸다.

IV. 실험 및 성능평가

본 논문에서 제안한 시스템은 인텔사의 Core2Duo 3.0GHz와 윈도우 XP 시스템 상에서 Visual Studio 2008 버전을 이용하여 구현하였다. 실험에 사용된 볼륨은 하버드의과대학 SPL에서 제공한 종양 영상 데이터베이스[17] 중에서 총 5가지 사례의 측면영상들을 대상으로 하였으며, 수막종 볼륨 2개, 성상세포종 볼륨 2개, 그리고 정상 뇌의 볼륨 1개로 구성된다. 그리고 조영제가 투입된 T1강조 자기공명영상을 이용하였으며, 슬라이스의 두께는 1.5mm이고, 화소의 크기는 0.9375mm×0.9375mm이다. 본 논문에서는 정량적인 평가를 수행하기 위해 그림 8과 같이 전문가가 직접 분할한 영상을 이용하였다. 그림 8의 (a)는 원본 영상이며, (b)는 제안한 방법으로 종양 영역을 검출한 영상을 나타낸다. 그리고 그림 8의 (c)는 종양 영역에 대해서 전문가가 수작업으로 분할한 영상을 보여준다. 본 논문에서는 성능평가를 위해 T_P (true positive) 지수, F_P (false positive) 지수, 자카드 스코어(Jaccard's score), 그리고 처리시간을 비교 평가하였다. T_P 는 종양 영역의 화소들이 얼마나 정확하게 검출되었는지를 나타내는 것으로, 식 (3)과 같이 정의된다.

$$T_P = \frac{N_{TP}}{N_M} \times 100 \quad (3)$$

M 은 전문가의 수작업에 의해 분할된 종양 영역이며, N_M 은 M 영역의 화소수를 의미한다. N_{TP} 는 종양 영역에 대해서 정확히 검출된 화소의 수를 나타낸다. F_P 는 검출된 화소들과 실제로는 종양 영역이 아니지만 종양으로 잘못 검출된 화소들에 대한 비율로, 식 (4)와 같이 정의된다.

$$F_P = \frac{N_{FP}}{N_A} \times 100 \quad (4)$$

A 는 시스템에 의해 자동으로 검출된 종양의 영역을 나타내며, N_A 는 A 영역의 화소수를 의미한다. N_{FP} 는 종양 영역의 화소가 아니지만 종양 영역으로 검출된 화소의 수를 나타낸다.

T_P 와 F_P 는 상호보완적인 성능평가 지수로 이용되었다.

표 1 T_p 와 F_p 지수 성능평가

Table 1. Performance evaluation of T_p & F_p

검출방법	T_p (%)	F_p (%)
FPCM	90	9.08
대칭성	93	7.58
제안한 방법	95.9	6.9

예를 들어, A 의 영역이 M 의 영역을 완전히 포함하면서 M 영역의 2배 크기로 검출되었다고 가정할 때 T_p 의 결과값을 계산하면 100%라는 결과가 나온다. 하지만 이 수치만으로 판단하여 검출율이 100%라고 정의하기에는 다소 어려움이 있기 때문에 정확한 성능평가를 수행하기 위해서 F_p 를 계산하게 된다. 앞서 언급한 경우와 같은 경우 F_p 의 정도를 계산해 보면, 50%의 수치로 나타나게 되어 자동으로 검출된 영역 중에서 50%의 영역이 잘못 검출된 결과임을 평가할 수 있다. 그러므로 T_p 와 F_p 를 함께 이용하여 성능평가를 수행하면, 보다 정확한 성능평가를 수행할 수 있다.

표 1은 5가지의 사례들을 대상으로 제안한 방법과 H. Khotanlou 등[13]의 방법간의 T_p 와 F_p 지수를 이용하여

표 2 자카드 스코어 성능평가

Table 2. Jaccard's score

검출방법	J (%)
퍼지 군집화 알고리즘	70
레벨셋 알고리즘	85 ~ 93
서포트 벡터 머신(SVM)	60 ~ 87
제안한 방법	85.7

성능을 비교 평가하였다. H. Khotanlou 등이 제안한 FPCM과 대칭성 분석에 대해서 수행하였으며, 표 4.1에 나타난 바와 같이 제안한 방법이 더 나은 결과를 보였다.

자카드 스코어(J)는 전문가에 의해 분할된 종양 영역과 시스템에 의해 자동 분할된 종양 영역과의 겹침 정도를 측정하는 것으로, 식 (5)와 같이 정의된다.

$$J = \frac{N_{TP}}{N_{TP} + N_{FP} + N_{FN}} = \frac{A \cap M}{A \cup M} \quad (5)$$

M 은 전문가의 수작업에 의해 분할된 종양 영역이며, A 는 시스템에 의해 자동으로 검출된 종양의 영역을 나타낸다. N_{TP} 는 정확히 검출된 종양 영역의 화소의 수이며, N_{FP} 는 종양 영역의 화소가 아니지만 종양으로 검출된 화소의 수이다. 그리고 N_{FN} 는 종양 영역의 화소이지만 검출되지 못한 화소의 수를 나타낸다.

표 2는 종양 영역을 검출하기 위해 이용된 다양한 기존 방법들과의 자카드 스코어 성능지수를 비교 평가하였다. 표 2에서 알 수 있듯이 제안한 방법은 5가지 실험 사례에 대해서 평균 85.7% 정도의 성능을 보였으며, 기존의 연구와 비교할 때 동등 이상의 결과를 보였다. 제안한 방법은 종양 영역의 경계선 검출을 위한 초기값의 정확한 결정에 의해

서 더 나은 성능을 보였으며, 패스트 마칭과 레벨셋 알고리즘을 이용함으로써 보다 정밀한 경계선 검출이 가능하였다.

표 3은 기존 방법들과의 종양 검출 처리시간에 따른 성능을 비교 평가하였다. 제안한 방법은 총 5개의 실험 사례에 대한 평균처리시간으로, 약 1분 미만의 소요시간을 보였으며, 기존의 방법들과 비교하였을 때 우수한 성능을 보였다. 이는 종양이 존재하는 슬라이스의 빠른 탐색, 종양 영역의 초기값 자동 설정, 그리고 볼륨 내 주변 슬라이스에 대한 빠른 경계선 검출 알고리즘에 의해서 가능하였다.

V. 결론

본 논문은 자기공명 뇌영상에 대상으로 군집화 알고리즘의 특성을 이용해 뇌의 대칭성을 분석하고, 종양 영역의 자동 경계선 검출 및 분할하는 방법을 제안하였다. 불필요한 연산과정을 제외한 종양 경계선 검출과정을 통하여 3차원 볼륨내에 존재하는 종양의 경계선 검출은 평균 1분이하의 시간이 소요될 수 있었다. 또한, 실험에서 약 95%의 T_p

표 3 처리시간에 따른 성능평가

Table 3. Processing time

종양 검출방법	실험 사례 수(개)	처리시간(분)
퍼지 군집화(반자동) 방법	5	16
사전정보를 이용한 비종양 영역 제외 방법	4	90
아틀라스를 이용한 통계적 방법	20	10
제안한 방법	5	1

지수, 약 7%의 F_p 지수, 그리고 약 85%의 자카드 스코어 등 우수한 성능 결과를 나타내어 종양 영역의 검출에 따른 적절한 초기 경계선의 결정에 의해 정밀한 경계선 검출이 가능한 것을 검증하였다.

참고 문헌

- [1]A.Robert, Noveline, *Squire's fundamentals of radiology*, Harvard University Press, 2004.
- [2]G.Moonis, J.Liu, J.K.Udupa and D.B.Hackney, "Estimation of tumor volume with fuzzy-connectedness segmentation of MR images," *American Journal of Neuroradiology*, vol.23, pp.352 - 363, 2002.
- [3]S.Dickson, B.Thomas, "Using neural networks to automatically detect brain tumours in MR images," *International Journal of Neural Systems*, vol.4, no.1, pp.91-99, 1997.
- [4]M.C.Clark, L.O.Lawrence, D.B.Golgot, R.Velthuisen, F.R.Murtagh and M.S.Silbiger, "Automatic tumor segmentation using knowledge-based techniques," *IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol.17, no.2, pp.187 - 201, 1998.
- [5]K.Sikka, N.Sinha, P.K.Sin and A.K.Mishra, "A fully

automated algorithm under modified FCM framework for improved brain MR image segmentation," *Magnetic Resonance Imaging*, vol.27, pp.994-1004, 2009.

[6] M.Prastawa, E.Bullitt, S.Ho and G.Gerig, "A brain tumor segmentation framework based on outlier detection," *Proceeding of the Medical image computing and computer-assisted intervention*, vol.8, no.3, pp.275 - 283, 2004.

[7] J.J.Corso, E.Sharon and A.Yuille, "Multilevel segmentation and integrated Bayesian model classification with an application to brain tumor segmentation," *Proceeding of the Medical image computing and computer-assisted intervention*, vol.4191, pp.790 - 798, 2006.

[8] W.Dou, S.Ruan, Y.Chen, D.Bloyet and J.M.Constans, "A framework of fuzzy information fusion for segmentation of brain tumor tissues on MR images," *Image and Vision Computing*, vol.25, pp.164 - 171, 2007.

[9] K.Sikka, N.Sinha, P.K.Sin and A.K.Mishra, "A fully automated algorithm under modified FCM framework for improved brain MR image segmentation," *Magnetic Resonance Imaging*, vol.27, pp.994-1004, 2009.

[10] A.Lefohn, J.Cates and R.Whitaker, "GPU-based level sets for 3D brain tumor segmentation," technical report, University of Utah, 2003.

[11] Y.Zhu and H.Yang, "Computerized tumor boundary detection using a Hopfield neural network," *IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol.16, no.1, pp.55 - 67, 1997.

[12] S.Ho, E.Bullitt and G.Gerig, "Level set evolution with region competition: automatic 3D segmentation of brain tumors," *Proceeding of 16th International Conference on Pattern Recognition*, pp.532 - 535, 2002.

[13] H.Khotanlou, O.Colliot, J.Atif and I.Bloch, "3D brain tumor segmentation in MRI using fuzzy classification, symmetry analysis and spatially constrained deformable models," *Fuzzy sets and systems*, vol.160, pp.1457-1473, 2009.

[14] J.Talairach and P.Tiurnoux, *Co-Planar stereotactic atlas of the human brain, 3-Dimensional Proportional System : An Approach to Cerebral Imaging*, New York, Theme Medical Publishers, 1988.

[15] A.Tuzikov, O.Colliot and I.Bloch, "Evaluation of the symmetry plane in 3D MR brain images," *Pattern Recognition Letters*, vol.24, no.14, pp.2219 - 2233, 2003.

[16] J.A.Setiyan and A.Wiegmann, "Structural boundary design via level set and immersed interface method,"

Journal of Computational Physics, vol.163, no.2, pp. 489 - 528, 2000.

[17] M.R.Kaus, S.K.Warfield, A.Nabavi, P.M.Black, F.A.Jolesz and R.Kikinis, *Automated Segmentation of MRI of Brain Tumors*, *Radiology*[online], vol.218, no.2, Available : [http://www.spl.harvard.edu/Special:PubDB_View?dspac eid=169\(August,2010\)](http://www.spl.harvard.edu/Special:PubDB_View?dspac eid=169(August,2010))

김 보 램(Bo Ram Kim)



2003년 경희대 컴퓨터공학과(공학사)
 2005년 영남대 컴퓨터공학과(공학석사)
 2010년 영남대 컴퓨터공학과(공학박사)
 2010년 9월~ 현재 : 미국 University of Texas
 at Dallas 전자공학과 박사후연구원

※주관심분야 : 영상처리, 영상분할, 의료영상처리

김 옥 현(Wook Hyun Kim)



正會員
 1981년 경북대 전자공학과(공학사)
 1983년 경북대 전자공학과(공학석사)
 1993년 일본 쓰쿠바대학 공학연구과(공학박사)
 1983년~1993년 한국전자통신연구원 선임연구원
 1994년~현재 영남대학교 컴퓨터공학과 교수

※주관심분야 : 시각정보처리, 영상처리

박 근 혜(Keun Hye Park)



2008년 영남대 컴퓨터공학과(공학사)
 2010년 영남대 컴퓨터공학과(공학석사)
 ※주관심분야 : 영상처리, 패턴인식