
MeVisLab을 이용한 간 영역 분할 및 3차원 재구성

신민준* · 김도연**

Segmentation and 3-Dimensional Reconstruction of Liver using MeVisLab

Min-Jun Shin* · Do-Yeon Kim**

이 논문은 2011년도 순천대학교 학술연구비 공모과제로 연구되었음

요 약

의료기기 및 진단 기술의 발달로 신체 장기의 이식에 대한 성공률이 향상되었으며 특히 간 기능 장애에 의한 간 이식이 늘어나는 추세이다. 영상처리 및 분석의 발달로 간 이식을 위한 간의 체적을 구하는 방법들이 정확성과 효율성이 높아졌다. 본 논문은 각 알고리즘들의 신속한 비교 및 분석, 빠른 프로토타입 개발에 효과적인 MeVisLab을 사용하여 간 영역을 분할하고 재구성하였다. 원본 영상에 문턱치 값 적용과 영역 확장법을 적용하여 간 영역을 분할하고 Morphology와 구멍 채우기, 관심영역 설정으로 노이즈 및 불필요한 객체를 제거하여 간을 분할하였다. MeVisLab의 사용으로 높은 시간적 효율과 다양한 비교 및 분석 모듈 사용 방법을 제시하여 의료영상처리 연구의 저변 확대에 기여하리라 판단된다.

ABSTRACT

Success rate of transplantation of body organs improved due to development of medical equipment and diagnostic technology. In particular, a liver transplant due to liver dysfunction has increased. With the development of image processing and analysis to obtain the volume for liver transplantation have increased the accuracy and efficiency. In this thesis, we try to reconstruct the regions of the liver within three dimensional images using the mevislab tool, which is effective in quick comparison and analysis of various algorithms, and in expedient development of prototypes. Liver is divided by applying threshold values and region growing method to the original image, and by removing noise and unnecessary entities through morphology and region filling, and setting of areas of interest. It is deemed that high temporal efficiency, and presentation of diverse range of comparison and analysis module application methods through usage of MeVisLab would make contribution towards expanding of baseline of medical image processing researches.

키워드

영상 분할, MeVisLab, 간, 3차원 재구성

Key word

Image Segmentation, MeVisLab, Liver, 3D reconstruction

* 준회원 : 순천대학교 컴퓨터학과

접수일자 : 2012. 03. 19

** 정회원 : 순천대학교 컴퓨터공학과(교신저자, dykim@sunchon.ac.kr)

심사완료일자 : 2012. 06. 18

I. 서 론

의료 영상 처리 및 분석을 위한 각종 라이브러리의 등장으로 신뢰성과 빠른 수행이 가능하였고 새로운 알고리즘들이 연구되고 있으며 이러한 일련의 과정들과 기술 발전 및 평균 수명의 연장으로 각 의료 분야에서 의료 영상에 대한 수요가 증가하고 있는 실정이다. 이러한 의료 영상 수요에 대처하고자 처리 및 분석을 위한 ITK, VTK, OpenCV, CxImage, OpenGL 등의 검증된 알고리즘에 기반한 라이브러리들로 각종 의료 영상에 대한 연구가 진행중이다.

근래에 의료기기와 진단 기술의 발달로 부위별 신체 장기의 이식에 대한 성공률이 향상되어 가고 있으며 특히 신체 장기중 간은 간경화, 간염, 간암 등의 간질환 등의 간 기능 장애로 이식이 많이 늘어나는 추세에 있다. 간은 인체의 독소를 해독하는 중요한 장기로 한번 기능을 잃으면 회복하기 어려워 이식이 필수적이며, 이식은 좌엽과 우엽으로 나뉜 부분에서 한곳을 적출하여 이식하는 것으로서 이식을 위한 간의 정확한 전체적인 체적을 구하는게 우선되어야 한다.

영상처리 및 분석 기술의 발달 전에는 의료진들이 직접 간 모양을 그려서 적출할 부분에 대해 수술 계획을 세웠지만 요즘은 CT로 획득된 영상을 3차원 재구성으로 정확성을 높이고 효과적인 간 이식 수술 계획을 수립할 수 있게 되었다.

이 같은 분석 및 처리 기술은 다양한 S/W 및 라이브러리 등으로 개발되어 보급되고 있으며 본 논문은 MeVisLab을 사용하고자 한다.

II. 관련연구

MeVisLab은 의료영상의 처리, 분석을 위한 연구 및 신속한 프로토타입 제공을 위해 개발되었으며 일반적인 영상처리 알고리즘과 시각화 및 분할, 일치화, 형태학적 알고리즘 등 분석을 위한 진보된 의료 영상 모듈을 포함하고 있다[1].

특징으로 시간, 공간, 색상 등의 개념을 영상처리에 적용하여 다양한 처리 결과를 얻을 수 있으며 새로운 알고리즘 개발을 간단하게 접근할 수 있고 빠른 프로토타입 개발에 적용할 수 있다.

MeVisLab에 구현된 라이브러리 기술로서 OpenGL, ITK, VTK, OpenInventor 등 약 1300 모듈을 사용 가능하며 C++, Python, JavaScript등을 지원하여 신속한 개발을 지원한다. 개발 방법으로 Visual, Script, C++의 3가지 방법으로 Visual Level은 그래픽 프로그래밍 방식으로 모듈화된 알고리즘을 네트워크로 조합하여 개발하는 방법이고, Scripting Level은 Python과 JavaScript를 사용하여 개발하며, C++ Level은 새 알고리즘을 쉽게 적용가능한 통합 모듈 플랫폼으로 개발 가능하다.

간 분할의 기존 연구를 살펴보면 명암 값을 이용한 방법들이 주를 이루고 있으며 대표적으로 Chen Zhaoxue[2]의 자동 간 분할은 히스토그램 분석으로 간 영상을 처리하고 임의의 분할선을 사용하여 분할되어 야할 간 부분을 획득한다. 획득된 간 부분에서 부족한 정확성을 높이기 위하여 흐리게 하고 이진화 및 구멍 제거로 간 분할을 수행하였다. 강정현[3]은 조영증강제가 투여된 CT 영상을 사용하여 명암 값 극대화하는 방법으로 분할 연구를 수행하였다. 다른 방법으로 Region Growing(영역 성장법)을 기반으로 한 분할 방법으로 Yufei Chen[4]은 전처리 과정을 수행한 CT 영상에서 씨앗점을 부여하고 그것으로 영역 성장법을 사용하여 간을 분할하였다. Suhuai Luo[5]은 Wavelet과 Machine Learning에 기반한 분할 방법으로 CT 영상을 SVM(픽셀 단위 분류기)로 처리하고 처리된 영상에 Morphological 연산을 수행하여 간 영상을 분할하였다. 이외에도 GGVF (Generalized gradient vector flow)-Snake를 사용하여 간을 분할한 Tianyi Gui[6]와 Chan-Vese Model을 사용한 Yufei Chen[7]의 분할 방법등이 있다. 이러한 각종 분할 방법들을 모두 사용하여 새로운 알고리즘과 비교 분석하기엔 많은 시간과 노력이 필요하고, 높은 채널의 CT 기기가 도입되며 영상의 질이 높아짐에 따라 획득되는 영상이 급격하게 늘어나서 영상 분석 및 처리에 신속함이 떨어지게 된다. 위와 같은 제한 사항을 본 논문에서는 다양한 알고리즘에 대한 비교 분석을 신속하게 처리하고, 각종 시점에서의 분석을 용이하게 하는 MeVisLab을 사용하여 의료진이나 의료 영상을 연구하는 연구자들을 위한 진단 및 프로토타입 개발에 도움이 되는 방법을 간 분할 및 영상 재구성으로 통해 보이고자 한다[8].

본 논문은 3장에서 영상 분석을 수행하고, 4장에서 간 영역을 분할, 5장은 영상 재구성, 6,7장에서 실험 결과 및 결론을 제시하고자 한다.

III. 영상 분석

CT 영상은 여러 투영 각도에서 얻어진 데이터의 결합으로 생성되어 해부학적 구조를 명확히 구분할 수 있는 영상으로 의료기기의 발전으로 다중채널 영상이 주를 이루고 있으며 근래에는 128 채널 MDCT가 도입되고 있다. 간의 CT 영상을 보면 우엽과 좌엽으로 구분되며, 두 엽 사이에 네모엽과 꼬리엽이 있다. 간을 둘러싸고 있는 주위의 뼈를 비롯한 각종 장기, 지방 등의 조직 등이 명암 값 처리시 간과 유사한 밝기 값을 나타내어 함께 분할되어 간 이식을 위한 신속한 체적 계산에 어려움이 발생한다.

이에 본 논문은 간 이식을 위한 체적을 구하고 3차원 재구성을 통한 수술 계획 수립을 위한 신속한 알고리즘 연구에 대한 프로토타입 개발을 위해 MeVisLab의 Visual Level 개발방법으로 간을 분할하고 재구성하고자 한다. 분할 과정으로 첫 번째로 영역 성장법을 적용하여 간 영역을 분할하고 불필요한 객체와 노이즈 제거를 위해 Morphological 알고리즘을 적용하였다.

그림 1은 본 논문이 제안하는 방법을 MeVisLab의 Visual Level 개발 방법으로 네트워크 조합을 수행한 과정을 나타낸다.

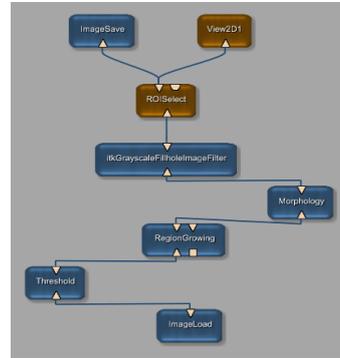


그림 1. 간 분할과정
Fig. 1 Liver segmentation process

MeVisLab에서는 그림 1에서와 같이 기본으로 지원하는 Threshold 모듈외에도 ITK 및 VTK에서 지원하는 모듈을 사용할 수 있다. 원본 영상에서 외부층에 포함된 갈비뼈, 지방 및 단백질로 구성된 표피 등과 내부의 간 영역 및 폐 영역으로 구성됨을 볼 수 있다. 이러한 구성에서 간 영역을 분할하기 위해 그림 2의 오른쪽 영상은 문턱치 값 87 ~ 165을 적용하여 획득한 영상이다. 획득된 영상은 문턱치 값 적용으로 뼈와 간 및 일부 폐 영역에 속한 혈관들이 흰색 영역으로 분할되었음을 볼 수 있었고, 간 영역만 획득하기 위해 다음 단계를 수행한다.

IV. 간 영역 분할

CT 영상에서 간의 분할을 위해 문턱치 값(Threshold)을 적용하고 영역 성장법(Region Growing)을 수행하여 간 영역을 분할한다. 분할된 간 영역에 형태학(Morphology) 알고리즘에 속하는 침식 연산을 수행하고, FillholeImageFilter를 적용으로 획득한 영상에서 관심 영역 설정을 통한 불필요한 객체 제거로 간 분할을 완료한다.

간 분할과정 그림은 언급된 툴을 적용한 절차를 표현한 것으로 각 단계를 통한 프로토타입 개발에 대한 기본적인 방법을 예로 보여준다. 그림 1의 첫 번째 과정으로 본 논문에 쓰인 영상의 간은 조영증강제로 인하여 다른 장기보다 높은 명암도를 가지고 있기에 이를 이용한 문턱치 값을 적용하였다.

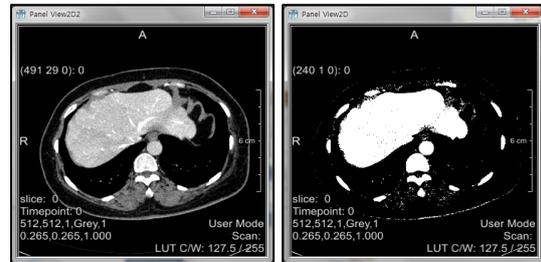


그림 2. 문턱치 값 설정
Fig. 2 Threshold value set

두 번째 단계는 문턱치 값 적용으로 획득된 이진 영상에서 간 주위에 분포한 필요없는 객체를 제외한 간 영상만을 사용하기 위해 Pixel 비교로 영역을 확장하는 방법이다. 영역 확장법은 영상에서 인접한 두 영역이 동질성이 있다는 것에 초점을 맞춰 두 영역을 합병하는 알고리즘이다. 첫 번째로 영상을 비교할 크기에 맞춰 나누고 각 영역이 갖는 특정한 동질성을 기준으로 확립한다. 두 번

제로 조건을 만족한 영역들을 합병하고 만족하지 않으면 표시를 한다. 영상의 모든 영역을 비교하여 영역 확장법을 완료한다.

그림 3의 왼쪽은 영역 확장법이 적용된 모듈의 옵션을 나타내고 이를 이용하여 다양한 효과로 효율성을 높일 수 있으며, 오른쪽은 영역 확장 모듈로 분할한 간 영상을 나타낸다. 영역 확장법은 씨앗점을 부여하여 조건에 부합하는 영역을 찾아내고, 해당 픽셀의 값을 변경하는 방법을 지속적으로 수행함으로 해당 영역을 주어진 영상에서 찾아내어 분할하는 방법이다.

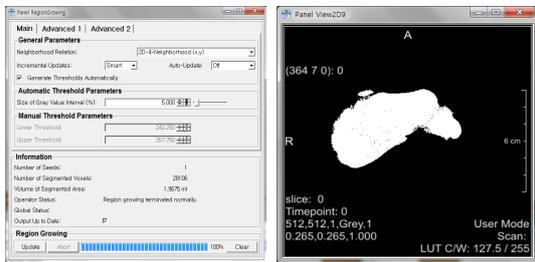


그림 3. 영역 확장법 적용
Fig. 3 Region Growing

그림 4는 비교 분석을 위해 영역 확장법 수행으로 획득된 영상과 원본 영상을 사용하여 획득된 영상으로 `itkInvertIntensityImageFilter`와 `Arithmetic21` 모듈로 결과 영상을 획득하였다.

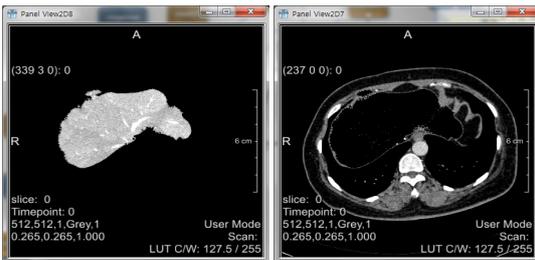


그림 4. 분할된 간
Fig. 4 Divided Liver

왼쪽은 CT 영상에서 간 영역만을 분할한 영상으로 혈관 등의 조직을 살펴볼 수 있으며, 오른쪽은 원본에서 간 영역만을 제거한 영상이다. 이 영상으로 간 영역이 잘 분할되었음을 볼 수 있다. 본 논문에서는 간 영상의 3차원

재구성에 초점을 맞추어 진행하기에 그림 3과 같은 방법으로 단순하게 표현된 영상을 사용한다. 왼쪽 영상은 차후 간 영상에서 혈관을 찾는 연구 진행시 유용하게 사용될 것으로 기대된다.

세 번째 과정은 획득된 간 영상에 존재하는 노이즈 및 불필요한 객체의 제거를 위해 `Morphology` 모듈을 사용한다. 그림 5의 간 영상에서 가장자리가 매끄럽지 못한 부분들과 간 영상에 밀접하여 존재하는 불필요한 객체 제거를 위해 `Morphology`의 침식연산을 수행하였다. 가늘게 연결되어 영역 확장법 수행시 함께 분할된 객체는 침식연산의 수행으로 간 객체와 분리된다. 그림 5의 왼쪽은 옵션 창으로 팽창/침식연산 및 다양한 `Filter Mode`를 사용 가능하며 오른쪽은 옵션 적용을 통한 획득된 영상을 나타낸다.

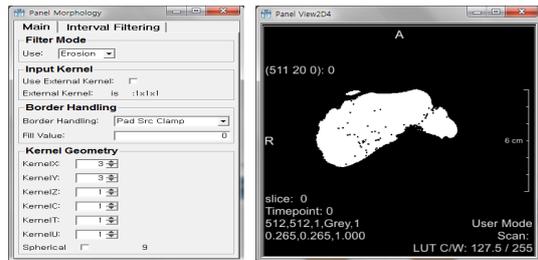


그림 5. Morphology 연산
Fig. 5 Morphology arithmetic operation

네 번째 단계는 그림 5의 오른쪽 영상과 같이 침식 연산 수행으로 나타난 간 내부의 구멍을 채우기 위해 `FillholeImageFilter` 모듈을 사용하였다. 앞선 단계에서 획득된 영상을 쌓아서 3차원 영상을 만들면 내부의 구멍이 보이지 않겠지만, 픽셀 개수 및 체적에 대한 온전한 데이터를 얻을 수 없기에 이 모듈을 사용한다.

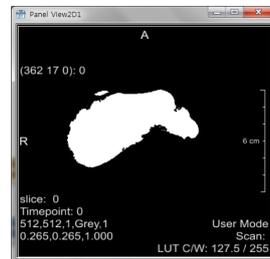


그림 6. 구멍 채우기
Fig. 6 Fill holes

MeVisLab의 장점에 하나인 다양한 영상처리 및 분석 라이브러리에서 제공하는 알고리즘들을 즉석에서 비교/분석하며 적용 가능한 장점의 활용을 위해 본 과정에서는 ITK에서 제공하는 itkGrayscale Fillhole Image Filter 모듈을 사용하였다.

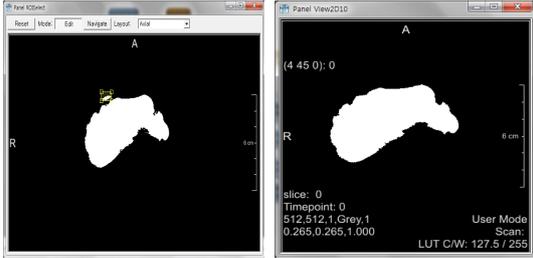


그림 7. ROI 설정
Fig. 7 ROI Set

다섯 번째는 남아있는 불필요한 객체를 제거하기 위하여 ROISelect 모듈로 관심 영역을 설정한다. 그림 7의 왼쪽은 관심 영역을 설정하는 옵션 창으로 Sagittal, Coronal 등 다양한 관점에서 관심 영역을 설정할 수 있는 장점이 있으며, 오른쪽은 불필요한 객체를 관심 영역으로 설정하여 제거한 영상이다.

V. 영상 재구성

분할 결과 영상에 대한 영상 재구성은 영상의 최종 사용자에게 영상 분석의 측면에서 중요하며 CT 영상의 단계별 분할로 재구성에 의한 분석 효과를 높이기도 한다[9]. CT 영상은 여러 투영 각도에서 얻어진 데이터의 결합으로 생성되어 영상 재구성의 관점에서 효율성이 크다. 영상 재구성은 3차원으로 구성된 영상에 좀 더 의미 있는 분석을 위하여 각 부분별로 나누어 표현한다. 종류로는 시상면(Sagittal), 관상면(Coronal), 곡선면(Curved) 등이 있다. 영상 재구성의 시상면은 3차원 영상에서 신체를 오른쪽과 왼쪽이 대칭이 되도록 나누는 절단면을 말한다. 정면에서 본 영상을 y축을 기준으로 양쪽으로 나누어 표현한다. 관상면은 정면에서 바라본 상태에서 x축을 기준으로 수직 방향으로 영상을 잘라서 표현한다. 곡선면은 구강 구조와 같은 구부러졌거나 복잡한 곡선면의 구조를 가지는 장기에 대해 분석의 용

이함을 위해 사용한다. 곡선을 따라 3차원 영상을 잘라서 나타낸다. 이점을 획득된 간 영상에 적용하여 다양한 관점에서 간의 해부학적 영상의 연구에 활용하기 위해 그림 8과 같이 모듈을 네트워크화 하였다.

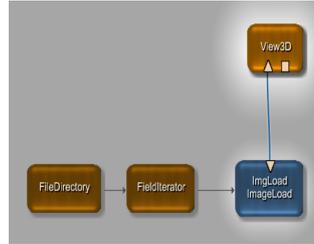


그림 8. 영상 재구성
Fig. 8 Image reconstruction

첫 번째 단계로 FileDirectory 모듈로 해당 폴더에 포함된 모든 간 영상 파일을 적재시킨다. 이때 파일 확장자 및 패턴을 일치시켜 다른 파일이 끼어들지 못하게 한다. 두 번째 단계는 FieldIterator 모듈을 연결하여 각 영상 파일의 반복적인 수행에 대한 옵션을 지정한다. 세 번째 단계는 ImageLoad 모듈을 View3D 모듈에 연결한다. 앞선 FieldIterator 모듈에서 자동으로 파일명을 ImageLoad 모듈로 연결하기 때문에 반복적인 파일 연결 작업이 필요 없다. 네 번째 View3D는 그림 9와 같이 축 방향(Axial), 시상면(Sagittal), 관상면(Coronal), 옆모습(Profile)의 재구성 영상을 표현한다.

그림 9는 View3D의 구성도로서 왼쪽 화면에 재구성된 영상을 나타내며 오른쪽은 각각의 옵션 설정창으로 방향각과 높이 및 각 방향과 동영상 저장 등의 관련 옵션으로 구성되어 있다.

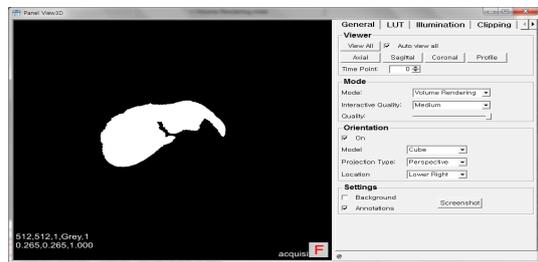


그림 9. View3D 모듈
Fig. 9 View3D Module

VI. 실험결과

수행된 방법은 MeVisLab 2.0에 포함된 ITK, VTK, Open Inventor 등의 모듈을 적용하였고 512×512의 해상도로 촬영된 159장의 영상을 사용하여 모듈 테스트 및 각 단계를 완료하였다.

다음 표와 그림은 각 처리 결과에 따르는 픽셀 개수와 체적량을 수치화하여 나타낸 결과이다.

표 1. 픽셀 개수 비교
Table. 1 no.of pixel comparison

영상 번호	원본	이진화	영역 확장
1	72903	36476	143
2	73183	36100	490
(중략)			
69	111401	68746	25122
70	111375	68515	24209
(중략)			
158	101499	48290	0
159	101422	48123	0

간 분할 과정을 수행하면서 획득한 각 영상들에 픽셀 수를 비교한다. 원본에서부터 영상을 처리하면서 픽셀 수가 점점 줄어들음을 알 수 있으며, 마지막 10여장의 영상에서는 영역 확장 부분에서 획득된 영상이 없기에 픽셀 개수가 0이 된다.

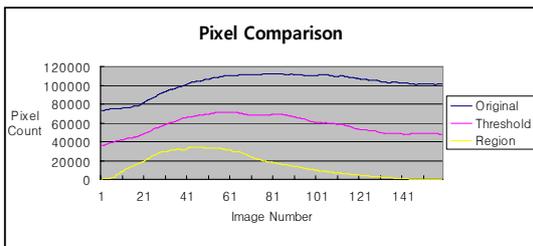


그림 10. 픽셀 비교
Fig. 10 Pixel Comparison

위 표의 수치를 그림 10과 같이 차트로 나타내어 분석에 용이하게 된다. 차트에서 파란색 선은 원본 영상의 픽셀 수를 나타내고 값이 대체로 높게 나타난다. 분홍색 선은 문턱치 값 적용 후에 획득된 영상으로 픽셀 수를 나타낸 것으로 원본 영상에 비해 줄어든 픽셀 수를 가진다. 이것은 다음 단계의 영상처리 수행시에 처리해야 할 픽

셀 수 감소로 시간 및 메모리 등에 대한 효율성을 가질 수 있게 한다. 또한 마지막 노란선도 본 논문에서 의미 있는 영상인 온전한 간 영상을 얻기 위해 분홍색 선과 비슷한 효율성을 가진다.

표 2. 체적 비교
Table. 2 volume comparison

단위 : (ml)

영상 번호	이진화	영역 확장
1	2.55348	0.0100106
2	2.52716	0.0343021
(중략)		
69	4.81252	1.7586500
70	4.79635	1.6947400
(중략)		
158	3.38051	0.0000000
159	3.38002	0.0000000

각 단계별 수치화된 체적을 위 표 2와 같이 얻을 수 있다. 원본 영상의 체적은 본 논문이 지향하는 간 영상 획득 수행 과정에서는 의미 없는 사항이기 구하지 않는다. 개별 영상에 대한 체적은 특정 부위나 3차원 재구성된 상태의 체적에 대한 데이터를 획득하는데 기반 자료로 사용된다.

그림 11의 체적에 대한 데이터는 어떠한 효율성을 기대할 수 없지만 다양한 주요 수치들을 쉽게 획득하여 분석에 대한 다양한 수단을 제공한다. 이와 같은 간단한 수치 데이터의 획득은 다양한 MeVisLab의 장점 중에 하나이다.

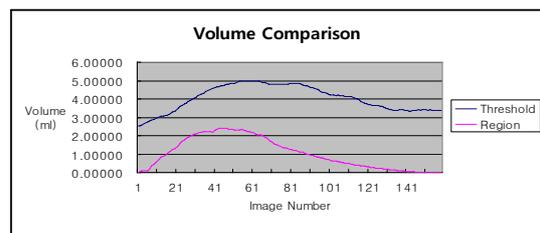


그림 11. 체적 비교
Fig. 11 Volume Comparison

그림 12, 13, 14는 참고한 논문에서 사용된 알고리즘과 MeVisLab을 사용한 알고리즘 수행 시간 결과이다. 단위는 ms 이며 Chen Zhaoxue 와 Yufei Chen이 적용한 알고리즘으로 수행한 결과와 MeVisLab을 사용한 결

과의 차이가 많이 남을 알 수 있다. 각 수행 결과에서 비슷한 알고리즘을 수행하였음에도 서로 차이가 많은 것은 다양한 환경(컴퓨터, 프로그램 언어 등)의 영향과 개별적인 코딩의 최적화에 따른 문제점을 들 수 있다. 이러한 객관적인 데이터의 확보에 있어서 다양한 환경 및 제반 문제를 고려했을 때, 어떠한 방법론의 구상에서 시각화된 결과물을 획득하기까지 시간적 및 물리적인 효과성은 MeVisLab을 사용한 방법을 따라가기 힘들다.

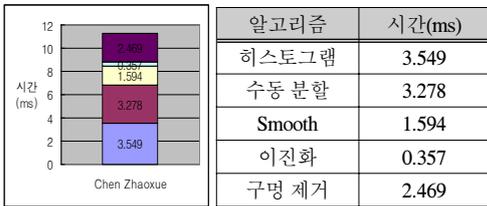


그림 12. 알고리즘 비교(1)-Chen Zhaoxue
Fig. 12 Algorithm Comparison(1)



그림 13. 알고리즘 비교(2)-Yufei Chen
Fig. 13 Algorithm Comparison(2)

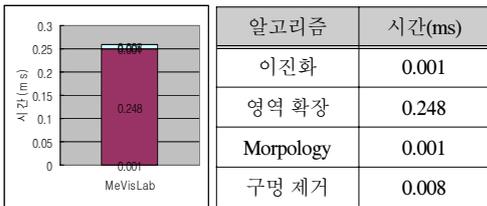
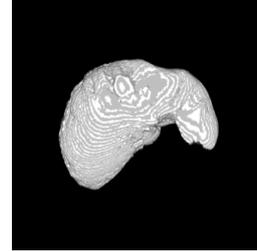
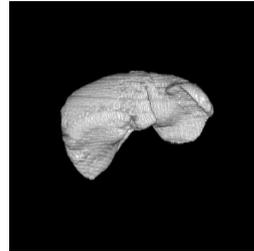


그림 14. 알고리즘 비교(3)-MeVisLab
Fig. 14 Algorithm Comparison(3)

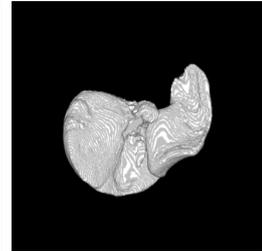
그림 15 그림 1의 모듈 네트워크화로 획득된 간 분할 영상을 3차원으로 재구성한 결과로서 문턱치 값 수행으로 이진 영상을 얻었다. 획득된 이진 영상에 영역 확장 모듈을 사용하여 간 영역을 분할하였다.



(a)



(b)



(c)

그림 15. 3차원 재구성 (a) 상단 (b) 정면 (c) 하단
Fig. 15 3D Reconstruction
(a) top view (b) front view (c) bottom view

분할된 간 영역은 노이즈 및 불필요한 객체를 포함하고 있기에 Morphology 모듈의 침식 연산을 수행하고, 침식 연산으로 인한 내부의 구멍 제거를 위해 ITK에 속하는 FillholeImageFilter를 적용하였다. 남아있는 불필요한 객체 제거를 위해 ROISelect 모듈 사용으로 관심 영역을 설정하여 제거하였다. 그림 (a)는 분할된 간 영상을 3차원 재구성한 영상으로 상단에서 본 영상이며, (b)는 정면에서 획득한 영상이고 (c)는 하단에서 획득한 영상이다. 기존 연구들이 가지는 처리 방법론의 비교 및 분석의 시간적 제약에서 본 논문에서 사용된 모듈화된 알고리즘 사용으로 높은 시간적 효율을 얻을 수 있었다. 본 논문에서 제시된 MeVisLab의 사용은 영상처리와 분석 능력을 증가시키고 다양한 의료영상의 진단 및 프로토타입 개발에 효과적으로 사용될 것으로 판단된다.

VII. 결 론

본 논문은 MeVisLab을 이용한 의료영상처리에 높은 시간적 효율과 다양한 비교 및 분석 모듈 사용 방법을 제

시하여 의료영상처리 연구의 저변 확대에 기여하리라 판단된다. ITK 및 VTK, OpenInventor 등의 라이브러리 기술로 구성된 모듈을 사용하여 CT 영상에서 간을 분할하는 방법을 단계별로 수행하여 각 모듈의 사용법 및 활용법을 제시하였다.

2차원 영상처리 및 분석은 모듈의 사용이 단순하였지만 3차원적인 처리 및 분석에는 각종 옵션 처리 및 MeVisLab의 인터페이스적 문제로 용이하지 않았다. 영상 재구성 및 재사용성 부분에서 활용도는 갈수록 높아 지리라 생각되며, 향후 MeVisLab의 활용도를 극대화시킬 수 있는 스크립트 언어 사용 등을 통해 다양한 의료영상 연구를 수행하고자 한다.

참고문헌

[1] MEVIS Medical Solutions, "First Steps with MeVisLab", MeVis Medical Solutions, 2011

[2] Chen Zhaoxue, Qian Lijun, "Automatic Liver Segmentation Method Based on a Gaussian Blurring Technique For CT Images", Bio informatics and Biomedical Engineering, ICBBE 2008, pp. 2516-2518, 2008

[3] 강정현, "MDCT 영상에서 간 추출 및 분할", 충남대학교, 2005

[4] Yufei Chen, Zhicheng Wang, Weidong Zhao, Xiaochun Yang, "Liver Segmentation from CT Images Based on Region Growing Method", Bioinformatics and Biomedical Engineering, ICBBE 2009, pp. 1-4, 2009

[5] Suhuai Luo, Jesse S. Jin, Stephan K. Chalup, Guoyu Qian, "A Liver Segmentation Algorithm Based on Wavelets and Machine Learning", Computational Intelligence and Natural Computing, CINC 2009, pp 122-125 2009

[6] Tianyi Gui, Lin-Lin Huang, Akinobu Shimizu, "Liver Segmentation for CT Images using an Improved GGVF-Snake", SICE, pp. 676-681, 2007

[7] Yufei Chen, Zhicheng Wang, Weidong Zhao, "Liver segmentation in CT images using Chan-Vese Model", Information Science and Engineering (ICISE), pp 3669-3672, 2009

[8] Samuel Silva, Beatriz Sousa Santos, Joaquim Madeira, Augusto Silva, "Processing Visualization and Analysis of Medical Images of the Heart: An Example of Fast Prototyping using MeVisLab", Visualisation, VIZ '09, pp 165-170, 2009

[9] 신민준, 김도연, "흉부 MDCT 영상을 이용한 신체 장치의 단계별 분할", 멀티미디어학 회논문지, 제14권 제11호, 2011

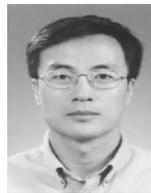
저자소개



신민준(Min-Jun Shin)

2010년 순천대학교
컴퓨터공학과 공학사
2012년 순천대학교
컴퓨터과학과 이학석사

※관심분야: 영상처리, 의료영상, 시뮬레이션, 임베디드



김도연(Do-Yeon Kim)

1986년 충남대학교
계산통계학과 이학사
2000년 충남대학교
정보통신공학과 공학석사

2003년 충남대학교 컴퓨터공학과 공학박사
1986년~1996년 한국원자력연구원
1997년~2008년 한국전력기술(주)
2008년~현재 순천대학교 컴퓨터공학과 교수
※관심분야: 영상처리, 컴퓨터비전, 의료영상, 열영상