

하지기형 교정 수술을 위한 2D-3D 영상 정합기술

Development of 2D-3D Image Registration Techniques for Corrective Osteotomy for Lower Limbs

라인찬¹, 봉재환¹, 박신석^{1,✉}

In Chan Rha¹, Jae hwan Bong¹, and Shin Suk Park^{1,✉}

¹ 고려대학교 기계공학과 (Department of Mechanical Engineering, Korea Univ.)

✉ Corresponding author: drsspark@korea.ac.kr, Tel: +82-2-3290-3373

Manuscript received: 2013.2.18 / Revised: Accepted: 2013.7.29

Lower limbs deformity is a congenital disease and can also be occurred by an acquired factor. This paper suggests a new technique for surgical planning of Corrective Osteotomy for Lower Limbs (COLL) using 2D-3D medical image registration. Converting to a 3D modeling data of lower limb based on CT (computed tomography) scan, and divide it into femur, tibia and fibula; which composing the lower limb. By rearranging the model based on the biplane 2D images of X-ray data, a 3D upright bone structure was acquired. There are two ways to array the 3D data on the 2D image: Intensity-based registration and feature-based registration. Even though registering Intensity-based method takes more time, this method will provide more precise results, and will improve the accuracy of surgical planning.

Key Words: 2D-3D Registration (2D-3D 영상정합), Digitally Reconstructed Radiograph (디지털화 재구성 사진), Intensity-based Registration (세기바탕 영상정합)

1. 서론

하지 기형은 내반슬, 외반슬이라고 하며 내반슬은 Femur(넙다리뼈)와 Tibia(정강이뼈)가 바깥 쪽으로 구부러져 O 자형으로 휨 형태, 외반슬은 반대로 안쪽으로 구부러져 X 자형으로 휨 형태를 말한다.

발생요인은 선천적일 수 있으며 후천적인 구루병, Blount병, 외상 및 성장판의 감염등으로 인한 변형상태일 수도 있다.¹ 이러한 하지 기형을 그대로 방치한다면 슬관절의 내측 구획으로 하중이 집중돼 관절 연골의 파괴가 일어나고 이러한 퇴행성 변화는 내반 변형을 더 악화시키는 악순환이 일어나기 때문에 빠른 치료가 필요하다.^{2,3}

하지 기형을 교정하는 방법으로는 크게 반성장

판 스테이플(Hemiepiphyseal stapling), 반성장판 유합술(Hemiepiphyseodesis), 절골술(Osteotomy) 등이 있다.⁴ 가벼운 증상의 경우 교정으로 치료할 수 있지만 심한 경우 직접 뼈를 자르는 절골술이 필요하다. 절골술을 시행하기 이전에는 환자에 대한 정확한 분석이 필요하며 수술을 어떻게 진행할 것인지, 뼈의 어느 부위를 어떻게, 얼마나 잘라내고 어떻게 처리하여 최종적으로 어떤 모양으로 다리를 교정할 것인지에 대한 계획이 필요하다. 이러한 계획을 수립하기 위하여 X-ray와 CT 촬영을 하게 된다. 현재 절골술은 대부분 X-ray를 기반으로 계획을 세우고 있다. X-ray 기반의 수술 계획은 X-ray를 촬영한 결과를 보고 그 위에 직접 선을 긋고 현재 뼈의 각도를 측정하거나 수술 계획을 위한 수술 후 뼈의 각도를 정하게 된다. 이렇게 공

간상에 존재하는 뼈를 평면상에서 계획을 세운다면 부정확 할 수밖에 없다. 뼈에 보조선을 어떻게 그을 것인가, 어떤 각도를 측정해야 하는가와 관련된 연구들이 있지만⁵ 사람 뼈는 모두 다르게 생겼고 X-ray를 촬영할 때에 정확히 정면을 바라보고 서 있었는지, X-ray 사진에 선을 어떻게 그었는지에 따라 수술 前 계획이 바뀌게 되며 그만큼 수술의 정확도가 떨어질 것이다. 그리고 교정되어야 할 각도를 찾는 것도 힘들기 때문에 수술 결과를 예측하기가 쉽지 않다.⁶ 이러한 부정확성을 보완하기 위하여 CT를 촬영하여 3D데이터를 사용한다. 하지만 CT는 누워서 촬영하며 X-ray는 서서 촬영하기 때문에 다리의 배열이 달라진다. 따라서 X-ray와 CT 촬영의 결과를 완전히 동일한 대상에 대한 2D, 3D자료라고 볼 수는 없으며 결과적으로 CT결과를 참고로 하여 X-ray 기반의 수술 계획을 세우게 된다. 이러한 단점을 보완하기 위하여 CT 촬영을 통해 획득한 3D model을 X-ray 촬영 결과인 2D image에 정렬시키는 방법을 생각할 수 있다.

3D model을 2D image에 정렬시킨다는 뜻은 다음과 같다. CT 촬영을 통해 생성된 뼈의 3D model을 한 방향으로 projection 시키면 2D 데이터를 얻을 수 있다. 이렇게 얻은 projected 2D data는 X-ray를 촬영한 것과 비슷한 효과를 갖는다. 이 projected 2D data와 실제 X-ray의 촬영 결과가 같아지도록 projection 방향을 바꾸거나 방향은 그대로 하되 3D model을 이동 및 회전시키게 되면 3D model이 2D image에 정렬되었다고 볼 수 있다.

의료영상뿐 아니라 전반적으로 3D data를 2D image에 정렬시키는 연구는 1980년대부터 진행했으며⁷ 크게 Intensity-based registration과 Feature-based registration으로 나뉜다.⁸⁻¹⁰

Feature-based registration은 영상간의 점, 선, 윤곽선 등의 관련성을 찾아서 대응시키는 방법이다.^{11,12} 각각의 영상에서 중요한 특이점을 찾아내는 segmentation과정을 거치고 2D와 2D에 projection시킨 3D의 특이점간의 거리를 최소화 시킨다. 특이점을 찾아내기만 하면 적은 양의 데이터만을 사용하여 대응시킬 수 있기 때문에 알고리즘이 빠른 장점이 있다. 하지만 특이점을 찾아내는 과정은 자동화시키기 어려우며 특이점 추출과정에 오차가 발생하면 결과에도 영향을 미치게 된다.

Intensity-based registration은 두 영상의 voxel과 pixel을 직접 비교하는 방법이다.^{13,14} 3D dataset으로

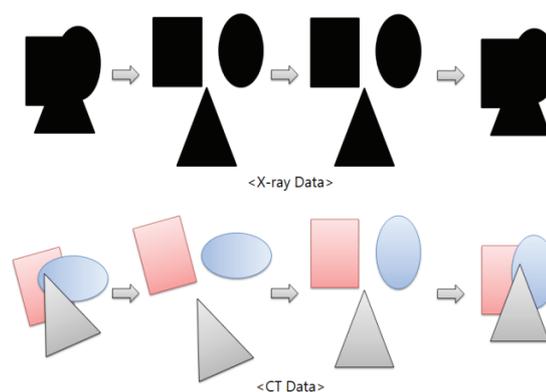


Fig. 1 2D-3D Registration

부터 Digitally reconstructed radiograph(DRR)를 생성하여 2D image와 직접 비교한다. 두 영상을 직접 비교하기 때문에 전체 과정이 Feature-based registration에 비하여 오래 걸리지만 segmentation이 거의 필요하지 않거나 전혀 없을 수도 있으며 상대적으로 정확하다는 장점이 있다. 본 논문에서는 CT 촬영 결과를 X-ray image에 맞게 재정렬시켜서 있는 상태의 하지 3D 데이터를 획득하여 X-ray와 CT의 단점을 보완하고 서로의 장점을 살린 보다 정확한 수술 전 계획을 세울 수 있도록 한다.

2. 재료 및 방법

그 방법으로써 3D model을 2D image에 정렬하는 새로운 방법을 제시한다. 수순은 다음과 같다. 먼저 X-ray를 정면과 측면에서 촬영하여 서 있는 상태의 하지 배열에 관한 데이터를 확보한다. 다음으로 CT 촬영을 하여 누운 상태의 하지 3D model을 획득한다. 그림으로 나타내면 Fig. 1과 같으며 윗줄의 검정 데이터는 X-ray 촬영 결과로 획득한 2D image를 나타내고 아랫줄의 컬러 데이터는 3D model을 나타낸다. 2D, 3D 데이터 모두 Femur, Tibia, Fibula별로 분리하여 저장하는 첫 번째 단계를 거친다. 다음 단계로 3D model을 각 부위별로 2D image와 비교하여 서 있는 상태와 orientation이 일치하도록 적절히 회전시킨다. 마지막으로 첫 단계에서의 2D image와 위치가 일치하도록 3D model을 이동시킨다. 회전, 이동이 적용된 각 3D model을 다시 하나의 데이터로 합치면 최종적으로 서 있는 상태의 3D 데이터를 획득할 수 있다. 자세한 순서도는 Fig. 2와 같다.

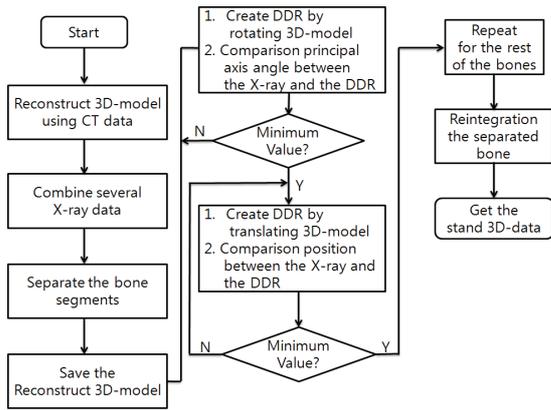


Fig. 2 Flowchart of the Process

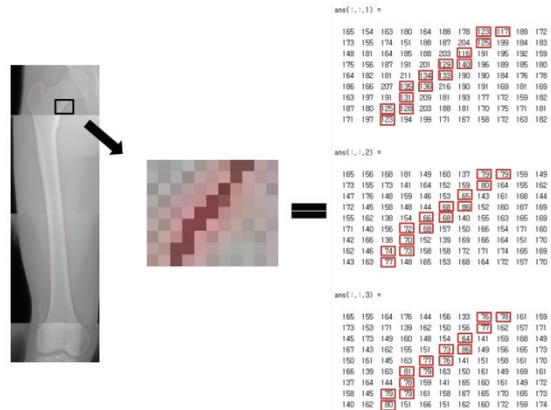


Fig. 3 Deciding Threshold Values

3. X-ray 데이터와 CT 데이터 정리

3.1 X-ray DATA

3D model을 2D image에 정렬시키는 기존 방법들을 살펴보면 대상이 되는 2D image가 한 장이며 필연적으로 algorithm이 복잡해진다. 또한 정확도가 떨어지거나 local minimum에 빠져 global minimum을 찾지 못 하는 경우가 있다. 수술 계획과정에서 X-ray를 여러 방향에서 촬영하는 것은 자연스러운 준비 과정이며 수술 계획의 정확도도 높아진다. 따라서 본 연구에서는 동일한 피실험자에 대하여 두 방향에서 X-ray 촬영을 하여 두 장의 2D image에 맞도록 3D model을 정렬시키도록 한다. 두 장의 2D image를 준비함으로써 algorithm을 단순화시킬 수 있고 정확도를 높일 수 있다.

2장의 2D image를 준비하기 위해 X-ray는 정면과 측면에서 촬영한다. 각 방향마다 서 있는 자세가 바뀌면 안되기 때문에 회전판 위에 서서 정면 촬영을 하고 서 있는 자세를 고정시킨 상태로 회전판을 회전시켜 측면 촬영을 한다. 정면으로부터 90° 회전하여 측면촬영을 하는 경우 좌측 하지와 우측 하지가 서로 겹쳐서 전문의조차 좌우의 뼈를 구분하기 쉽지 않다. 여러 번의 촬영 끝에 좌측, 우측 하지가 겹치지 않으면서 측면의 정보를 가질 수 있는 최대 회전 값으로 65°(CW)의 회전 값이 적합하다고 판단되어 이 값을 실험에 사용하였다.

X-ray 장비의 특성상 한 번에 하지 전체를 촬영하기가 어렵기 때문에 X-ray 장비의 높이조절을 통해 각 방향당 5회씩 총 10장의 분할 데이터를 얻는다. 뼈의 두께를 참조하여 각 방향 별로 X-ray 데이터를 통합해 두 장의 통합 X-ray image를 얻는다.

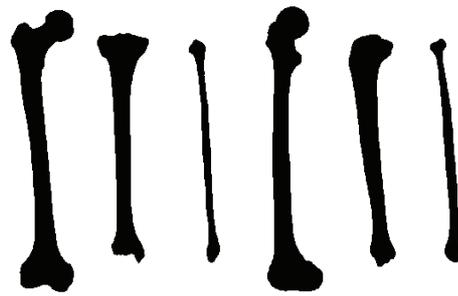


Fig. 4 Separated X-ray Data (X-ray target)

정면 X-ray 데이터에서 Femur를 분리시키는 과정은 다음과 같다. 우선 Femur의 테두리를 표시해야 하는데 뼈가 겹치는 부분이나 흐릿한 부분은 쉽게 구분이 가지 않는다. 따라서 다음 3장에서 소개할 CT 촬영 데이터(3D model, stl format)와 비교하며 작업한다. 3D model 참고하여Femur의 윤곽선을 빨간색으로 표시한다. 윤곽선을 표시한 이미지파일을 Matlab(Mathworks社)에서 불러들인다. Matlab에서는 M×N 크기의 이미지파일인 경우 M×N×3 Matrix로 이루어진 RGB scale information을 확인할 수 있다. Fig. 3과 같이 일부분을 잘라내어 Matlab에서 해당 파일을 불러들이고 RGB 값을 확인한 후에 빨간색에 해당하는 threshold값을 설정할 수 있다. 본 논문에서는 빨간색 선의 경우 RGB color의 Red는 110~175, Green과 Blue는 55~90사이의 값을 택하였다. 해당 범위 내의 숫자를 0으로, 범위 밖의 숫자를 255로 치환하면 빨간색 선은 검정색으로, 그 밖의 부분은 흰색으로 바뀌어 Femur의 테두리만을 얻을 수 있다. 흑백으로 이루어진 데이터를 획득하는 것이 목적이므로 변환된 matrix

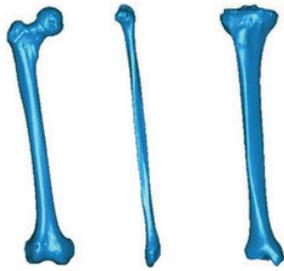


Fig. 5 Separated 3D Objects

는 처음 이미지파일과는 다르게 $M \times N \times 1$ 으로 구성한다. 마지막으로 테두리 내부를 검정으로 채우면 내부가 채워진 Femur 데이터를 획득할 수 있다.

Tibia는 초록색, Fibula는 파란색을 사용하여 같은 과정을 거치면 Fig. 4와 같이 분리된 뼈 데이터를 얻는다. 측면 촬영으로 획득한 통합 X-ray image도 같은 방법으로 뼈를 분리시킨다. 분리된 데이터는 X-ray target이라 부르기로 한다.

3.2 CT DATA

CT 촬영 결과는 DICOM 파일로 되어있으며 Mimics (Materialise社)에서 불러들여 기본 threshold 값인 226을 사용해 피부와 같은 연조직을 제외한 뼈만을 stl 파일로 저장한다.

저장된 stl 파일은 Geomagic Studio (Geomagic社)를 통해 편집할 수 있다. 즉, 앞서 통합 X-ray image를 편집하였듯이 Femur만을 남기고 Tibia, Fibula를 지우고 저장할 수 있으며 다른 부위에 대해서도 마찬가지이다. 편집 과정을 통해 Mimics에서의 threshold 값으로 걸러지지 않은 필요 없는 부분을 삭제한다. 저장된 3D model은 Fig. 5와 같다.

따로 저장된 뼈는 각각 Matlab에서 불러들인다. Matlab의 3D 공간에서 Femur를 불러들인 모습은 Fig. 6(a)와 같다. 이 상태에서 3D model을 제외한 axes, grid 등을 제거하고 view vector를 $[0, -1, 0]$ 으로 변경한 뒤에 Matlab의 print함수를 사용하면 마치 zx 평면상에 projection된 Femur의 그림자와 같은 그림을 얻을 수 있다(Fig. 6(b)). 다시 view vector를 z 축을 중심으로 시계방향으로 65° 회전시킨 후에 image를 저장하면 65° 회전된 방향에서 바라본 Femur의 projection 결과를 볼 수 있다(Fig. 6(c)). Tibia, Fibula에 대해서도 동일한 과정을 거쳐 두 방향에서의 projection결과를 얻을 수 있다. 이렇게 CT 촬영 결과로부터 획득한 projected image를 DRR이라 한다.

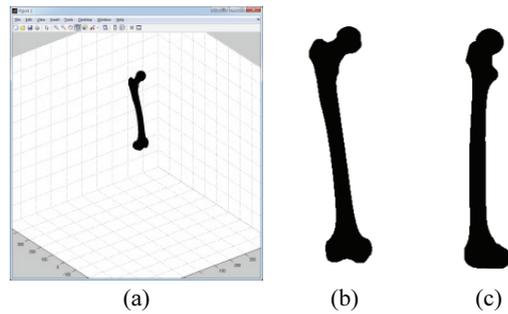


Fig. 6 Femur seen from the (a) Default View Angle, (b) Front View, (c) Side View using MATLAB

4. CT 데이터의 정렬 방법

4.1 Vertex 이동 및 회전

X-ray 데이터는 촬영한 그대로 변하지 않는 정보를 가지고 있다. CT 촬영 결과로 생성된 3D model도 그 본질은 변하지 않지만 3D model을 어떤 한 고정된 곳에서 관측하는 경우 가상공간 내에 3D model이 어느 위치에 어떻게 놓여있는지에 따라서 DRR결과가 달라진다. CT 촬영 결과를 X-ray 촬영 결과와 비교하여 재정렬시킨다는 뜻은 Matlab의 3D 공간에 stl 파일을 불러오고 view vector를 고정시킨 상태에서 stl 파일을 어떤 방향으로 얼마만큼 이동 및 회전시켜야만 출력된 DRR의 그림이 분리된 X-ray target의 그림과 일치하는가를 확인하는 작업이 된다. CT 촬영 결과를 X-ray 촬영 결과에 맞게 재배열 시키기 위해서는 CT 촬영 결과를 공간 좌표상에서 원하는 만큼 이동, 회전시킬 수 있어야 한다.

3D 공간에서 사면체를 하나 표현하고자 하면 사면체를 이루는 네 꼭지점 A, B, C, D의 공간 좌표가 필요하다. 그리고 어떤 부분이 표면이 되는지에 대한 정보가 추가로 필요하다. 네 꼭지점의 좌표 A, B, C, D를 순서대로 1, 2, 3, 4번째 좌표라고 번호를 지정하고 $[1, 2, 3], [1, 3, 4], [1, 2, 4], [2, 3, 4]$ 와 같이 몇 번째 좌표를 사용하여 polygon을 이룰 것인지에 대한 순서쌍이 필요하다.

Matlab에서 stl 파일을 불러들이면 해당 파일의 모든 vertex의 좌표들과 그 좌표들로 삼각형의 polygon을 이루는 데에 필요한 순서쌍 정보를 들려준다. 본 논문에서는 stl 파일을 구성하는 모든 좌표 값에 대하여 transform matrix를 곱함으로써 이동 및 회전을 시켰으며 변환 후에도 3D model의 외관은 변하지 않기 때문에 면을 이루는 꼭지점의

개수나 순서에는 변함이 없으므로 좌표 값의 순서쌍 정보는 초기값을 그대로 사용하였다. 이렇게 stl 파일을 이동, 회전 시키게 되면 DRR이 다르게 나타나며 stl 파일을 적절히 이동, 회전시켜 DRR과 X-ray의 모습이 같아지는 transform matrix를 찾아야 한다.

4.2 정렬 기준

DRR을 통해 보이는 뼈의 모습과 분리된 X-ray target으로 확인할 수 있는 뼈의 모습이 같은지 정량적으로 판단할 수 있어야 한다. 2D 데이터의 정량적 판단에는 Geometric Feature Parameter를 사용할 수 있다. 픽셀들이 모여서 표현되는 형상을 몇몇 특징들로 구분할 수 있으며 그 특징들을 수치화한 것을 Geometric Feature Parameter라고 부른다. 대표적인 것에는 center of gravity, bounding box, area, perimeter, roundness, Euler number 등이 있다. 이러한 geometric feature를 얻는 과정에서 각 pixel의 위치에 가중치를 부여하여 합계를 계산하는 moment feature를 계산할 수 있으며 다시 이로부터 principal axis를 얻을 수 있다.¹⁵ 이러한 parameter를 근거로 하여 3D model을 회전시켜 X-ray target과 모양을 맞추는 1차 정렬, 그리고 3D model을 평행 이동하여 X-ray target과의 위치를 맞추는 2차 정렬을 시행한다. 6개의 변수를 동시에 고려하는 경우보다 3개의 변수씩 두 번에 걸쳐 계산하여 시간을 단축할 수 있다.

4.2.1 1차 정렬

1차 정렬은 회전 값에 대하여 고려한다. DRR과 X-ray 데이터를 각각 정면끼리, 혹은 측면끼리 비교할 경우 좌표평면을 검정색으로 차지하는 pixel들을 사용하여 평면에서의 뼈의 주축(principal axis)을 찾을 수 있다. 두 데이터의 주축을 찾아내고 각각의 각도를 계산하여 서로 비교해 본다. 만약 각도가 일치하지 않는다면 3D model을 몇 도 회전시켜야 DRR과 X-ray target의 주축 각도가 일치하는지 찾아낸다. 또한 보조지표로써 면적을 사용할 수 있다. 3D model은 어떤 방향에서 바라보느냐에 따라서 면적이 바뀌게 되므로 DRR을 구성하는 면적과 2D target의 면적을 각각 비교하여 최적의 회전 값을 찾아낸다. 이렇게 주축의 각도와 면적을 이용하여 뼈의 모양을 맞추는 과정을 '1차 정렬'이라 부르기로 한다. principal axis는 다음과 같이 구한다.

그림파일을 Matlab에서 읽어오면 검정색을 이루는 pixel들의 좌표를 알아낼 수 있다. 각 좌표들의 x축 성분들의 집합을 X, y축 성분들의 집합을 Y라 한다. X, Y의 분산 V_x, V_y 를 구하고 식(1)을 통해 X와 Y의 공분산 $C(X, Y)$ 를 계산한다.

$$C(X, Y) = E[(X - E[X]) \cdot (Y - E[Y])] \quad (1)$$

분산과 공분산을 이용해 식(2)와 같은 행렬을 만든다.

$$C = \begin{bmatrix} V_x & C(X, Y) \\ C(X, Y) & V_y \end{bmatrix} \quad (2)$$

행렬 C에 대하여 eigenvalue와 eigenvector를 계산한다. 행렬 C는 2x2 행렬이므로 두 개의 eigenvalue를 구할 수 있다. 둘 중 큰 값을 택하여 eigenvector를 계산하면 다시 두 개의 값을 구할 수 있으며 첫 번째 값을 X축 성분, 두 번째 값을 Y축 성분으로 하는 좌표를 얻을 수 있다. 이 좌표가 장축의 unit vector이며 이 vector의 기울기를 구하면 principal axis의 기울기를 얻을 수 있다. eigenvalue의 작은 값을 택하여 같은 계산을 하면 단축의 기울기를 구할 수 있다. 본 논문에서는 장축의 각도를 사용하였다.

또한 보조지표로 사용되는 면적도 pixel을 사용하여 비교한다. 그림 파일을 확대해 보면 앞에서도 확인했듯이 작은 사각형들의 모임으로 이루어져 있다. 사각형의 면적은 동일하며 한 개의 면적과 사각형의 개수를 곱하면 면적을 구할 수 있다. 하지만 면적은 실제 면적이 필요한 것이 아니라 두 그림의 면적간의 상대적인 크기만 알면 되기 때문에 한 개의 면적 값을 1로 놓을 수 있다. 따라서 pixel의 개수만을 세어 비교하면 쉽게 면적을 비교할 수 있다.

4.2.2 2차 정렬

다음으로 뼈의 위치를 비교한다. X-ray target과 DRR을 비교하기 위해서 Geometric Feature Parameter 중에서 bounding box를 사용한다. 각 데이터에서 이미지를 이루는 pixel들의 좌표 값을 찾은 후에 X축 최소값, 그리고 Y축 최소값 또는 최대값을 비교한다.

회전 값을 적절히 찾아낸 이상적인 경우 DRR과 분리된 X-ray target의 x, y축의 최소값이 정확히 일치하도록 평행 이동을 시킬 수 있으며 이 경우

오차는 존재하지 않는다. 이렇게 pixel의 위치에 기반해 CT데이터를 평행이동 시켜서 DRR을 얻는 '2차 정렬' 과정을 거친다. 무릎 부근의 뼈 사이 간격을 정확히 맞추기 위해서 Femur의 경우는 y축 방향의 최소값을 경계값으로 택하고 Tibia와 Fibula의 경우 y축 방향의 최대값을 택하여 비교한다. x축 방향에 대해서는 모두 동일하게 최소값을 택한다.

4.3 Optimization Algorithm

위 내용을 토대로 하여 자동정렬 프로그램을 제작한다. 우선 목표가 되는 X-ray 데이터의 주축의 각도, 면적, 가장 왼쪽 픽셀 위치와 가장 아래쪽 또는 위쪽 픽셀 위치를 찾는다. 그 다음 CT 데이터의 stl 파일을 이용하여 DRR을 만든다. X-ray에서 찾은 지표의 값들을 현재 DRR에서 찾아낸 후 서로 비교하여 오차를 계산한다. Stl 파일을 이루는 각 vertex에 transform matrix를 곱한다. 처음에는 1차 정렬을 위해 transform matrix내에 회전에 관한 변수만을 임의의 값으로 바꿔 3D model을 임의의 방향으로 회전시킨다. 회전시킨 후에 다시 지표 값들을 찾아 X-ray 데이터와의 오차를 계산하고 이전 단계보다 오차가 작으면 회전 값과 오차 값을 저장하고 오차가 커지면 데이터를 버린다. 설정한 오차범위 내로 수렴할 때까지 실험을 반복한다. 수렴하였다면 3D model을 수렴한 회전 값만큼 회전시키고 저장한다. 다시 2차 정렬을 위해 3D model의 vertex에 이동 값만을 임의의 값으로 대체한 transform matrix를 곱하고 1차 정렬과 같은 작업을 반복한다.

위와 같은 작업을 한 번에 하나씩 하기에는 시간이 너무 오래 걸리기 때문에 다양한 경우의 수를 고려하기 위한 genetic algorithm을 사용한다. 1차 정렬에 관한 구체적인 방법은 다음과 같다.

임의의 방향으로 회전시키기 위해서 한 세대당 200개의 개체를 생성한다. 각각의 개체는 각 축 방향으로의 이동에 관련된 값 세 개를 0으로, 각 축에 대한 회전 값을 random하게 세 개, 총 6개의 변수를 갖고 있다. random하게 발생시키는 난수는 처음에는 범위를 넓게 잡고 값의 interval을 크게 잡는다. 모든 개체에 대하여 DRR을 생성하고 지표 값을 찾아낸다. 지표를 X-ray 데이터의 지표와 비교하고 오차가 작은 순서대로 재배열한다. 200개의 개체 중에 오차가 작은 상위 10개의 개체는 그대로 회전 값을 보존하여 다음세대 200개 중에 10

개의 칸을 채운다. 값을 보존한 10개의 개체를 포함한 상위 50개의 데이터는 1위와 50위가 z축에 대한 변형 값을 교환하는 교배 과정을 거친다. 다시 2위와 49위가 데이터를 교환하여 저장하고 같은 방법으로 계속 진행하여 마지막에는 25위와 26위가 데이터를 교환하게 된다. 이 교환된 50개의 개체는 다음 세대로 전달되어 11번부터 60번째 칸을 채운다. 다시 상위 1~30위의 데이터에 돌연변이를 발생시키고 다음 세대의 61~90번째 칸에 전달한다. 돌연변이란 x, y, z축의 회전 값에 각각 O, X를 random하게 발생시켜 O가 나온다면 그 값을 임의의 값으로 대체시키고 X가 나오면 그대로 둔다. 가장 오차가 작았던 상위 1위의 데이터에 대해서는 더욱 세밀하게 변형을 주기 위하여 각 축에 대한 회전 값에 $\pm A$ 를 한 6개의 개체를 생성한다. 여기서 A는 난수의 interval에 해당하는 값이다. x축 값에 대하여 +A를 하고 y, z축에 대한 값은 그대로 놔둔다. 다시 x축 값에 대하여 -A를 하고 y, z축에 대한 값은 그대로 놔둔다. y, z축에 대해서도 $\pm A$ 를 하고 나머지 회전 값은 그대로 놔두어 총 6개의 개체를 저장하고 다음 세대로 넘긴다. 지금까지 총 96개의 개체를 다음 세대로 넘겼으며 104개의 완전한 random 객체를 생성하여 다음 세대로 넘겨 총 200개의 개체를 준비한다. 2세대의 200개 객체에 대하여 DRR을 생성하고 오차를 계산하는 과정부터 반복한다. 200개의 객체 중에서 오차가 가장 작은 상위 1위 객체의 오차가 원하는 값만큼 줄어들 때까지 반복한다. 혹은 1위 객체가 10세대동안 바뀌지 않을 때까지 지속한다.

같은 방법으로 2차 정렬을 할 수 있으며 2차 정렬 시에는 각각의 개체에 이동에 관한 세 개의 random 변수를 부여하고 회전에 관한 세 개의 칸에는 1차 정렬에서 최종적으로 획득한 회전 값을 고정 값으로 넣는다.

5. 실험 및 결과

5.1 DRR-DRR 비교

실제 적용에 앞서 Matlab으로 작성한 프로그램 실행 결과가 어느 정도 타당한지 확인하기 위한 실험을 준비한다.

Femur의 X-ray 데이터를 사용하는 대신에, Femur의 CT데이터를 이용하여 임의로 이동, 회전시킨 후에 DRR데이터를 하나 생성한다. 그 DRR 데이터를 X-ray target이라 가정하고 원래의 CT 데

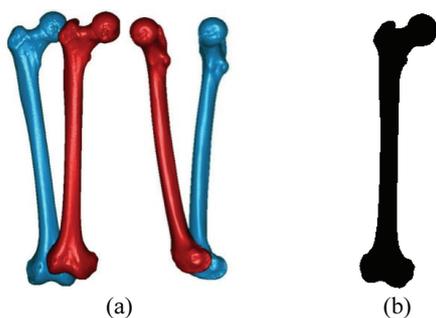


Fig. 7 Process of the getting DRR target

Table 1 Angles, Areas and Locations from the DRR Target

	Front	Side
Angle	85.9548°	98.5818°
Area	10790	9712
Boundary(x)	608	539
Boundary(y)	489	489



Fig. 8 After Rotation and Translation

이더가 프로그램을 통해 임의의 이동, 회전 값을 찾아 똑같이 움직일 수 있는지 찾아보는 과정이다.

Fig. 7(a)에서 Femur를 [24, -15, 18, 14, 8, -10]만큼 이동, 회전시켰다. 파란색이 움직이기 전이며 빨간색이 움직인 이후의 모습이다. 숫자는 차례대로 x, y, z축으로의 이동, x, y, z축에 대한 회전을 나타낸다. (b)에서는 빨간 Femur를 사용하여 X-ray 데이터를 대체할 DRR target을 만들었다. 좌측이 정면, 우측이 측면에서 바라본 Femur다. 각 방향에서 바라본 DRR target에 대한 지표들을 Table 1에 나타내었다.

이 값을 토대로 프로그램을 실행시켜 지표 값과 정확히 일치하는 지점으로 회전 및 이동을 시킬 수 있었으며 그 결과는 Fig. 8과 같다.

파란색 Femur를 회전, 이동 시킨 후에 빨간색

Table 2 Optimal Values for Each Bones

Transform		Femur	Tibia	Fibula
Rotation	X	2.82	0.249	0.009
	Y	2.642	1.919	1.954
	Z	-1.563	5.674	4.058
Translation	X	-39	-37	-35
	Y	-47	-49	-45
	Z	-14	-16	-20

Table 3 Errors between Target and DRR

	View	Angle	Boundary	
			X	Y
Femur Target	Front	91.6505	550	469
	Side	91.3503	535	471
Femur DRR	Front	91.6505	550	470
	Side	91.3505	535	470
Error		0.0001937		2
Tibia Target	Front	91.4669	557	474
	Side	93.9341	544	474
Tibia DRR	Front	91.4658	557	474
	Side	93.934	544	474
Error		0.001059		0
Fibula Target	Front	94.0366	548	460
	Side	94.1458	559	459
Fibula DRR	Front	94.0373	548	459
	Side	94.1455	559	459
Error		0.0007862		1

Femur와 완전히 겹쳐진 모습을 확인할 수 있었다. 프로그램을 통해 DRR target의 지표와 완벽히 일치하는 지점을 찾을 수 있었고 오차가 0이었기 때문에 두 Femur가 정확히 포개졌다. 임의의 이동, 회전 값을 바꾸어 추가로 4회 같은 실험을 반복해 총 5회 모두 완벽히 목표 값과 일치하였다.

5.2 X-ray-DRR 비교

프로그램의 타당성이 검증됐기 때문에 실제 X-ray 데이터를 사용해 적용하도록 한다. 실제 X-ray 데이터의 경우 테두리를 정확하게 찾는 것이 거의 불가능하기 때문에 오차가 발생할 가능성을 예측할 수 있다. 축의 각도는 픽셀 하나하나에 그렇게 큰 영향을 받지 않지만 면적의 경우 꽤 큰 차이가 발생할 수 있다. 따라서 면적은 1차 정렬의 지표에서 제외한 채 실험을 진행하였다.

Femur, Tibia, Fibula 각각에 대하여 Table 2와 같이 최적 값을 찾았으며 각 뼈의 DRR과 X-ray target의 비교결과를 Table 3에 나타냈다. 각 데이터

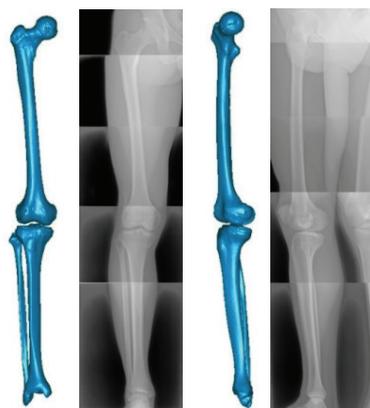


Fig. 9 Comparing Results with X-ray Data

의 정량적인 수치는 Table 3에 나타났다. 위쪽의 그림이 DRR이며 아래쪽이 X-ray target이다. 각 데이터는 Femur, Tibia, Fibula 순으로 나열되어 있고 좌측이 정면, 우측이 측면에서의 데이터를 나타낸다. 분리된 뼈를 Table 2의 값을 참고하여 이동 및 회전시킨 후에 원래대로 하나의 뼈로 합치면 모든 과정이 마무리 된다. 프로그램 적용 후의 CT데이터와 X-ray 데이터간의 비교를 Fig. 9에 나타냈다. y 축 방향으로의 경계 값은 1픽셀만큼 차이가 있는 경우가 있는데 Femur를 예로 들면 상하 전체 길이가 355픽셀이고 1픽셀차면 0.28%로 그 차이가 미미하다고 볼 수 있다.

6. 결론

본 논문에서는 CT 촬영 결과를 X-ray 촬영 결과에 맞도록 정렬시키는 프로그램을 개발하였다. 2D 데이터밖에 획득할 수 없는 X-ray의 단점과 누워서 촬영해야 하는 CT의 단점을 보완하는 방법, 또는 서서 촬영할 수 있는 X-ray의 장점, 3D 데이터를 획득할 수 있는 CT의 장점을 갖춘 직립 상태의 3D 데이터 획득과정을 보여주었다.

5.1장을 통해 X-ray 데이터를 정확히 분석할 수 있다면 CT 데이터를 X-ray 데이터에 정확히 정렬시킬 수 있다는 점을 확인하였다. 5.2장에서는 비록 하지 기형환자가 아닌 일반인의 데이터를 사용하였기에 예상보다 큰 각도 차이는 없었지만 정렬을 시킬 수 있다는 것을 보였다. 하지 기형환자의 경우 누워있는 상태와 서 있는 상태의 하지 배열에 명확한 차이가 있기 때문에 본 연구를 적용한다면 더욱 가치적인 결과를 얻을 수 있을 것으로

예상한다.

현재 보완되어야 할 부분이 몇 가지 있다. 첫째로 X-ray 촬영으로 얻은 결과물은 orthographic view로 가정했다. 하지만 촬영 시점에 따라 원근감이 발생할 수 밖에 없으며 DRR제작 시에 X-ray의 제원에 대해 조사하여 view를 조절할 필요가 있다. 둘째로 데이터 간의 scale 문제가 있다. X-ray 데이터와 DRR데이터가 완전히 일치되도록 scale조절이 되지 않았을 것이며 데이터를 얻기 위한 촬영 시에 marker부착 등으로 scale을 맞출 수 있어야 한다. 마지막으로 X-ray의 테두리에 관한 문제점이 있다. 의사라면 X-ray 사진을 보고 뼈의 테두리를 비슷하게 판단하겠지만 모든 의사가 똑같은 결론을 내지는 않을 것이며 같은 경계를 테두리로 파악한다 치더라도 선을 그을 때에 사람마다 다른 결과를 얻을 것이다. 따라서 X-ray의 음영에 따른 threshold값 조절로 자동화하여 누구나 같은 결과를 얻을 수 있도록 추가적인 연구가 필요하다. 현재 추가적인 연구를 진행하고 있으나 뼈가 겹치는 부분이나 골밀도 등에 의해 음영이 정확하지 않은 부분에 대한 연구가 더욱 진행되어야 한다.

후 기

이 논문은 2010년도 정부(교육과학기술부)의 재원으로 한국연구재단의 지원을 받아 수행된 연구임(No. 2010-0027294).

참고문헌

1. Kliegman, R. M., Behrman, R. E., Jenson, H. B., Stanton, B. F., Zitelli, B. J., and Davis, H. W., "Nelson Textbook of Pediatrics," Elsevier Science Health Science Division, 18th Edition, pp. 253-262, 2007.
2. Kettelkamp, D. B., Leach, R. E., and Nasca, R., "Pitfalls of proximal tibial osteotomy," Clinical Orthopaedics & Related Research, Vol. 106, pp. 232-241, 1975.
3. Mankin, H. J., "The response of articular cartilage to mechanical injury," J. Bone Joint Surg Am, Vol. 64, No. 3, pp. 460-466, 1982.
4. Kim, S. S., Kim, C. H., Kim, K. H., Ko, M. S., and Liu, H. C., "Treatment of Idiopathic Genu Varum Using Tibiofibular Osteotomy and External

- Fixation,” *J. Korean Orthop Assoc.*, Vol. 41, No. 3, pp. 527-532, 2006.
5. Paley, D., “Principles of Deformity Correction,” Springer, 2003.
 6. Ellis, R. E., Tso, C. Y., Rudan, J. F., and Harrison, M. M., “A surgical planning and guidance system for high tibial osteotomy,” *Comput Aided Surg*, Vol. 4, No. 5, pp. 264-274, 1999.
 7. Faugeras, O. D. and Hebert, M., “The representation, recognition, and locating of 3-D objects,” *Int. J. of Robot Res.*, Vol. 5, No. 3, pp. 27-52, 1986.
 8. McLaughlin, R., Hipwell, J., Hawkes, D., Noble, J. A., Byrne, J., and Cox, T., “A Comparison of 2D-3D Intensity-Based Registration and Feature-Based Registration for Neurointerventions,” in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2002*, Dohi, T. and Kikinis, R. (Eds.), Springer Berlin Heidelberg, Vol. 2489, pp. 517-524, 2002.
 9. Penney, G. P., Weese, J., Little, J. A., Desmedt, P., Hill, D. L., and Hawkes, D. J., “A comparison of similarity measures for use in 2-D-3-D medical image registration,” *IEEE Trans. Med. Imaging*, Vol. 17, No. 4, pp. 586-595, 1998.
 10. Vermandel, M., Betrouni, N., Palos, G., Gauvrit, J.-Y., Vasseur, C., and Rousseau, J., “Registration, Matching, and Data Fusion in 2D/3D Medical Imaging: Application to DSA and MRA,” in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2003*, Ellis, R. and Peters, T. (Eds.), Springer Berlin Heidelberg, Vol. 2878, pp. 778-785, 2003.
 11. Hamadeh, A. and Cinquin, P., “Kinematic study of lumbar spine using functional radiographies and 3D / 2D registration,” in *CVRMed-MRCAS'97*, Troccaz, J., Grimson, E., and Mösges, R. (Eds.), Springer Berlin Heidelberg, Vol. 1205, pp. 109-118, 1997.
 12. Feldmar, J., Malandain, G., Ayache, N., Fernández-Vidal, S., Maurincombe, E., and Troussset, Y., “Matching 3D MR angiography data and 2D X-ray angiograms,” in *CVRMed-MRCAS'97*, Troccaz, J., Grimson, E., and Mösges, R. (Eds.), Springer Berlin Heidelberg, Vol. 1205, pp. 129-138, 1997.
 13. Weese, J., Buzug, T., Lorenz, C., and Fassnacht, C., “An approach to 2D/3D registration of a vertebra in 2D x-ray fluoroscopies with 3D CT images,” in *CVRMed-MRCAS'97*, Troccaz, J., Grimson, E., and Mösges, R. (Eds.), Springer Berlin Heidelberg, Vol. 1205, pp. 119-128, 1997.
 14. Hipwell, J., Penney, G., Cox, T., Byrne, J., and Hawkes, D., “2D-3D Intensity Based Registration of DSA and MRA - A Comparison of Similarity Measures,” in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2002*, Dohi, T. and Kikinis, R. (Eds.), Springer Berlin Heidelberg, Vol. 2489, pp. 501-508, 2002.
 15. CG-ARTS, “Digital Image Processing,” pp. 182-183, 2006.