

개선된 세포 외곽선 추출 알고리즘의 병렬화

유숙현[†], 조우현^{**}, 권희용^{***}

Improved Parallelization of Cell Contour Extraction Algorithm

Suk Hyun Yu[†], Woo Hyun Cho^{**}, Hee Yong Kwon^{***}

ABSTRACT

A fast cell contour extraction method using CUDA parallel processing technique is presented. The cell contour extraction is one of important processes to analyze cell information in pathology. However, conventional sequential contour extraction methods are slow for a huge high-resolution medical image, so they are not adequate to use in the field. We developed a parallel morphology operation algorithm to extract cell contour more quickly. The algorithm can create an inner contour and fail to extract the contour from the concave part of the cell. We solved these problems by subdividing the contour extraction process into four steps: morphology operation, labeling, positioning and contour extraction. Experimental results show that the proposed method is four times faster than the conventional one.

Key words: Image Processing, Cell Image, Contour Extraction, CUDA

1. 서 론

최근 들어 다양한 의료 영상 기기들의 발전으로 방대한 의료영상이 생산되고 있고, 이렇게 생산된 의료영상들은 의사들의 진단 근거로 사용되기 때문에 주어진 의료영상을 빠른 시간 내에 정확히 분석하는 영상처리 기술의 필요성은 점점 커지고 있다. 이 중 세포 영상에서는 조직 내 세포의 수, 세포의 크기 등으로 대표되는 정보를 분석하는 것이 필요한데, 이를 위해서는 세포의 외곽선을 검출하는 것이 필수적이며, 이것은 외곽선 추적 알고리즘(contour tracing algorithm)에 의해 가능하다.

외곽선 추적 알고리즘은 경계선 추적 알고리즘(boundary following algorithm)이라고도 하며, 영상에서 특정한 물체의 외곽선을 추적하는 알고리즘이

다. 외곽선을 검출하게 되면, 배경으로부터 물체를 분리할 수 있으며, 물체의 외곽선 길이를 알 수 있으므로 그 크기와 모양을 추정할 수 있다. 또한 외곽선을 구성하는 픽셀들의 방향 정보에 따라 물체의 선분 정보와 방향 변화 정보를 알 수 있으므로 물체의 특징 점을 찾아내는 경우에도 매우 유용하고, 물체를 영상에 표현하거나 묘사할 경우에도 이용된다[1].

외곽선 추적 알고리즘으로는 대상 영상을 관심영역과 비관심 영역으로 분류하고, 체인코드를 생성하여 경계선을 추출하는 방식의 간단한 경계선 추적자 알고리즘(SBF: simple boundary follower)[2]과 SBF의 비일관성 문제를 개선한 수정된 간단한 경계선 추적자 알고리즘(MSBF: modified simple boundary follower)[3], 8-방향성을 이용하여 외곽선을 추적해 나가는 방사형 탐색 알고리즘(radial sweep al-

* Corresponding Author: Hee Yong Kwon, Address: (430-714) 22, Samdeok-ro 37 beon-gil, Manan-gu, Anyang-si, Gyeonggi-do, Korea, TEL: +82-31-467-0878, FAX: +82-31-463-1249, E-mail: hykwon@anyang.ac.kr

Receipt date: Feb. 24, 2017, Revision date: Apr. 19, 2017
Approval date: Apr. 20, 2017

[†] Dept of Computer Engineering, Anyang University (E-mail: shy@anyang.ac.kr)

^{**} Dept of Computer Engineering, Anyang University (E-mail: whdngus1207@nate.com)

^{***} Dept of Computer Engineering, Anyang University

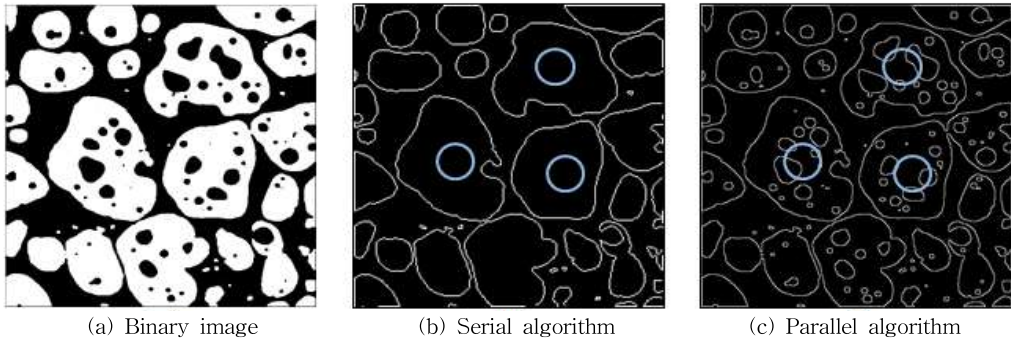


Fig. 1. Comparison of serial and parallel algorithms.

gorithm)[4]과 Theo Pavlidis 알고리즘[5] 등이 있다. 이와 관련된 의료영상처리 분야의 연구로는 내벽 외곽선을 검출하거나[6], 외곽선 추적 및 해부학적 전문지식과 형태학을 이용한 폐 영역의 추출[7-8]과 심장 영역의 추출[9], 외곽선 정보를 이용해 세포의 수와 면적을 측정하는 연구[10] 등이 있다.

이 알고리즘들은 매우 간단하여 적용이 용이한 장점이 있으나, 응용 영역에 따라 유효하지 않은 경우가 존재하며, 순차적으로 알고리즘이 수행되기 때문에 영상의 크기가 증가하거나, 세포나 조직의 수가 증가하면, 실행속도가 느려질 수 있다. 의료영상은 대부분 고용량의 데이터로 순차적으로 알고리즘을 수행할 경우 실행속도 저하로 인해 현업에 활용하기 어렵다. 이러한 문제를 해결하기 위해서는 기존 알고리즘을 병렬로 구현하면 된다. 하지만, 병렬처리 방식으로 외곽선을 추출하면 세포 내부에 빈공간이 존재할 경우, 그것을 내부 외곽선 형태로 추출하게 된다. 내부 외곽선이란 객체에서 추출되는 외곽선 중 가장 바깥쪽에 위치한 외곽선을 제외한 모든 외곽선을 의미한다. 이것은 외곽선 정보를 손실시켜 정확한 세포의 정보 분석을 어렵게 만드는 원인으로 작용한다. Fig. 1에 이와 같은 외곽선 추출 결과를 나타내었다.

Fig. 1(a)는 원 영상에 대한 이진영상이고, Fig. 1(b)는 순차처리로 외곽선을 추출한 결과이고, Fig. 1(c)는 병렬처리로 외곽선을 추출한 결과이다. 대표적으로 Fig. 1(b)와 Fig. 1(c)의 중앙에 파란색 원으로 표기한 세포를 보면, 순차처리 방식에서는 나타나지 않았던 내부 외곽선이 병렬처리 방식에서는 나타난 것을 확인할 수 있다.

Fig. 2는 Fig. 1(c)와 같이 추출된 외곽선 정보를

이용한 세포 분석 작업들 중에서 세포의 장, 단축 추출 결과를 나타낸 그림이다. Fig. 2의 A, B를 보면 단축의 끝이 최 외곽 픽셀이 아닌 것을 볼 수 있는데, 이는 내부 외곽선이 존재함으로서 세포의 정보 분석이 정확하게 이루어지지 않은 경우이다.

이러한 문제를 선행 연구인 세포 외곽선 추출 알고리즘의 병렬화[11]에서 해결하였다. 제안했던 선행 연구의 수행 절차를 Fig. 3에 나타내었고, Fig. 4에 내부 외곽선이 제거된 외곽선 추출 결과를 나타내었다. 알고리즘은 크게 전처리 과정과 내부 외곽선 제

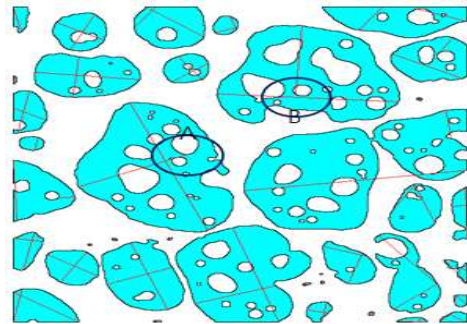


Fig. 2. Long and short axis of cell.

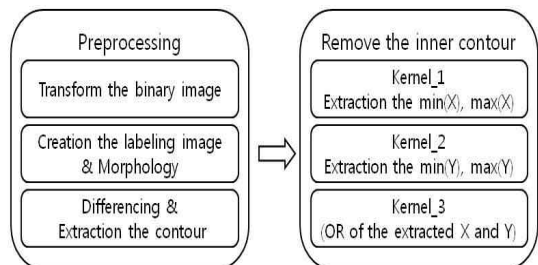
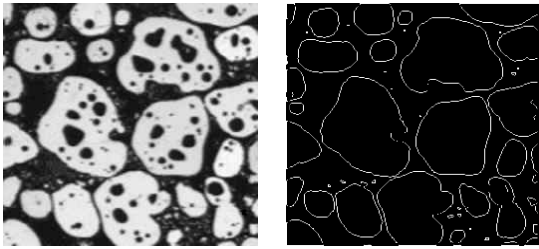


Fig. 3. Parallel contour extraction procedure.



(a) Original image (b) Result image

Fig. 4. Result by previous study.

거 과정으로 나누어지며, 전처리 작업에서는 입력 영상을 이진 영상으로 변환한 다음, 이진 영상에 대하여 레이블링(labeling) 작업을 수행한다. 잡음 제거를 위해 모폴로지 연산인 열림 연산을 수행 한 후, 레이블링 영상과의 차를 통해 레이블링된 외곽선을 추출한다. 내부 외곽선 제거 단계는 객체별로 추출된 외곽선의 좌표를 비교하여 각 객체의 내부 외곽선을 제거하는 과정이다.

Fig. 4에 보이듯이 선행 연구에 의해 추출된 세포 외곽선은 병렬로 외곽선을 추출할 경우에 문제가 되었던 내부 외곽선을 완벽하게 제거하였으나, 오목한 구간을 포함하는 세포에 대해서는 정확하게 외곽선을 추출하지 못하는 문제점을 가지고 있다. Fig. 5는 이러한 경우의 대표적인 형태로서, 최대, 최소 좌표만을 이용하기 때문에 노란색 좌표를 내부로 인식하여 지우는 현상이 발생한다.

본 논문에서는 이러한 문제들을 해결하고, 현업에 적용 가능하도록 고용량의 의료영상 데이터에 대해서 병렬로 빠르게 외곽선을 검출하는 방법을 제안한다.

이어지는 2절에서는 제안한 외곽선 추출 방법을 설명하고, 3절에서는 실험 결과 및 고찰, 4절에서는 결론 및 향후계획을 설명하는 순으로 기술한다.

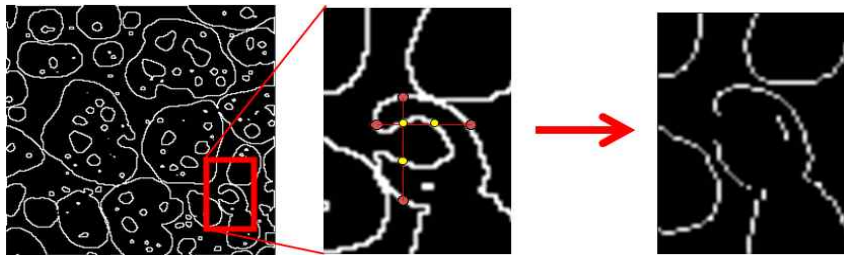


Fig. 5. Invalid contour extraction for concave sections.

2. 개선된 병렬 세포 외곽선 추출

2.1 제안한 알고리즘의 개요

제안한 병렬 세포 외곽선 추출 방법은 주어진 원 영상을 이진 영상으로 변환하고, 모폴로지 침식(erosion) 연산을 적용하여 원 영상과의 차이를 통해 외곽선을 추출한다. 추출된 외곽선은 내부와 외부의 외곽선으로 나뉘게 되며, 레이블링 과정을 통해 내, 외부 외곽선에 레이블을 부여한다. 부여한 레이블을 기준으로 내, 외부 각각의 위치를 찾으며, 이 과정에서 최상단 지점을 찾게 된다. 검출된 최상단 지점을 토대로 모폴로지 침식 연산의 특성을 이용하여 내, 외부 외곽선 여부를 판별한 후, 내부 외곽선은 삭제한다. 이러한 과정을 Fig. 6에 나타내었고, 이어지는 2.2 절부터는 상세한 외곽선 추출 과정을 설명한다.

제안한 방법은 내부 외곽선 삭제를 통해 정확한 외곽선 추출이 가능하고, 레이블링을 제외한 전처리 및 외곽선 추출의 모든 과정을 병렬화하여 수행시간을 크게 단축시켰다. 병렬화의 개념은 Fig. 7에 나타내었다.

2.2 전처리 과정

전처리는 주어진 세포영상을 단순화하기 위해 세포영역과 배경영역으로 구분하는 작업으로 원 영상을 식 1에 의해서 그레이 영상으로 변환하여 색을 축소시킨 뒤, 다시 식 2에 의하여 이진 영상으로 변환한다. Fig. 8에 전처리 결과를 나타내었다.

$$Gray_{(x,y)} = (R_{(x,y)} * 0.299) + (G_{(x,y)} * 0.587) + (B_{(x,y)} * 0.114) \tag{1}$$

$$Binary_{(x,y)} = \begin{cases} 0 & \text{if } Gray_{(x,y)} \leq T \\ 255 & \text{if } Gray_{(x,y)} > T \end{cases} \quad (T \text{ is threshold}) \tag{2}$$

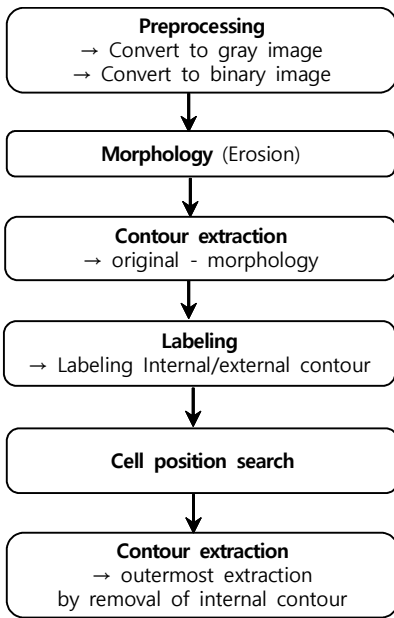


Fig. 6. Outline of the proposed method.

2.3 외곽선 추출

제안한 방법에서 외곽선 추출 과정은 네 단계로 나누어진다. 첫째, 모폴로지 연산을 이용한 외곽선의

추출, 둘째, 추출된 외곽선에 대한 레이블의 부여, 셋째, 부여된 레이블을 통해 세포의 위치를 검색, 넷째, 내, 외부 외곽선의 판별과 내부 외곽선을 삭제함으로써 최종 외곽선을 추출하는 단계이다. 각 단계에 대한 상세 설명은 이어지는 세부 절에 기술한다.

2.3.1 모폴리지를 이용한 외곽선의 추출

모폴로지 기법은 영상에서 잡음의 영향을 제거하는 용도로 사용되기도 하고, 조금 복잡한 형태의 모폴로지 기법은 영상에서 객체의 모양을 기술하는 용도로 사용되기도 한다[12]. 모폴로지 침식 연산의 개념을 Fig. 9에 나타내었다. 본 연구에서는 침식 연산을 통해 획득한 침식 영상과 원영상과의 차이를 구하는 방법으로 외곽선을 추출하였으며, 그 결과를 Fig. 10에 제시하였다.

2.3.2 레이블링

레이블링은 일반적으로 이진 영상에서 동일한 객체를 구분하기 위한 방법으로 각각의 객체에 고유의 레이블을 부여하는 기법이다. 이진 영상에서는 모든 객체를 흰색(255)으로 표현하기 때문에 객체별로 구분하는데 어려움이 있다. 이 경우, 레이블링을 사용

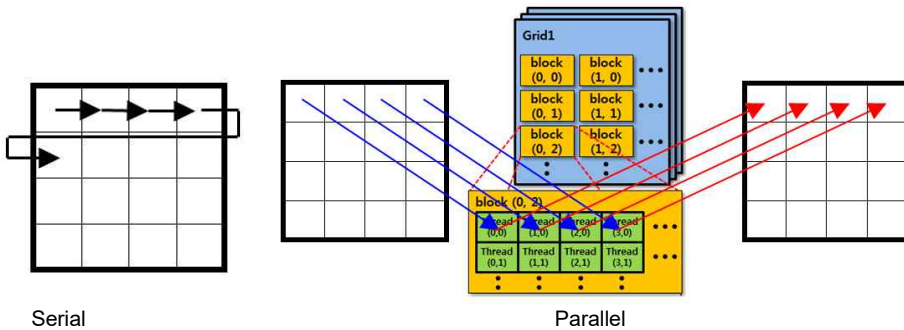
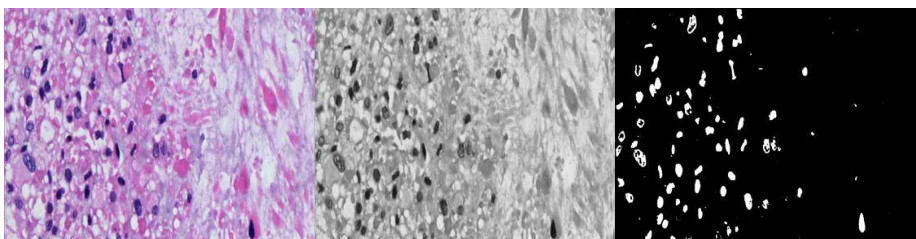


Fig. 7. Parallelization of contour extraction.



(a) Original image (b) Gray image (c) Binary image

Fig. 8. Preprocessed results.

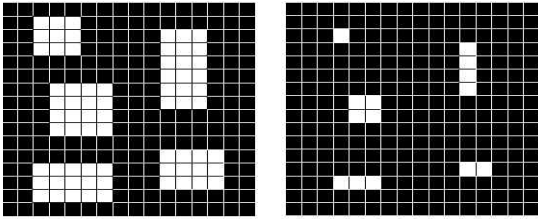


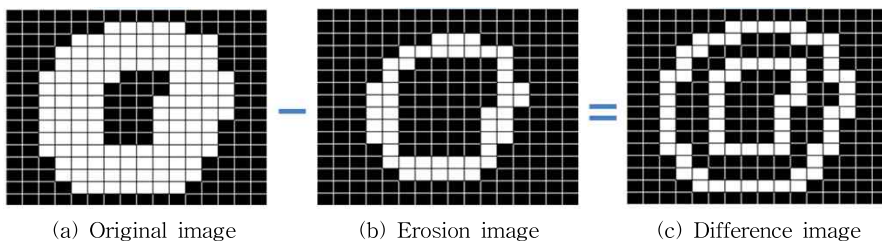
Fig. 9. Concept of morphology(erosion).

하면 객체를 구분하거나 객체의 수를 알 수 있으며, 각 객체의 고유한 레이블을 이용해 정보를 분석하는데 효과적이다. 본 연구에서는 3 스텝으로 진행되는 전통적 레이블링 기법을 사용하였으며[13], 그 결과는 Fig. 11에 나타내었다. 단, 레이블링 알고리즘의 특성상 순차적인 절차가 필수로 요구되기 때문에 병렬로 구현 시 오히려 처리시간이 더 오래 걸리는 문제가 발생하므로 외곽선 추출의 다른 과정과는 달리 병렬화를 배제하였다.

2.3.3 세포의 위치 부여

세포의 정보를 분석하기 위해서는 레이블이 부여된 상태의 객체에 대한 위치를 측정하는 과정이 필요하다. 각 객체는 시작점(Min Point)과 끝점(Max point)으로 구성되어 있으며, 시작점은 객체의 최소 좌표, 끝점은 객체의 최대 좌표이다. 식 3에 의해 현 픽셀(P)에 대한 시작점과 끝점을 추출하였고, 이 결과를 Fig. 11에 나타내었다. 또한, 시작점과 끝점이 세포 영역이 아닌 세포 바깥 부분에 위치할 수 있기 때문에 세포 내부에서 최상단 점을 찾는 과정을 추가해야 하는데, 이것을 Fig. 11에 흰 픽셀로 나타내었고, 최상단 점(Top Point)으로 표기하였다.

$$\begin{aligned} & \text{if}(Min_x > P_x) Min_x = P_x, \text{ if}(Min_y > P_y) Min_y = P_y \\ & \text{if}(Max_x > P_x) Max_x = P_x, \text{ if}(Max_y > P_y) Max_y = P_y \end{aligned} \quad (3)$$



(a) Original image (b) Erosion image (c) Difference image

Fig. 10. Contour extraction.

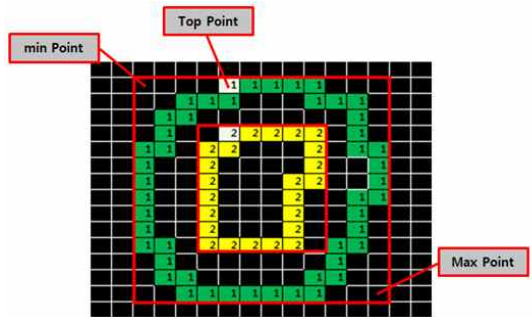
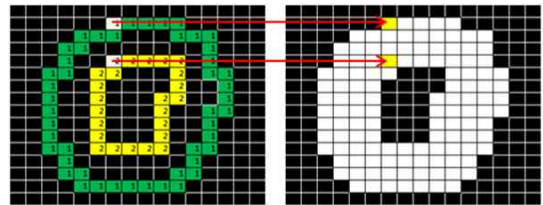


Fig. 11. Cell position search.



(a) Labeling image (b) Original image

Fig. 12 Determination of internal contour.

2.3.4 내부외곽선 제거를 통한 최 외곽선의 추출

최종 외곽선을 획득하기 위해서는 세포 내에 존재하는 내부 외곽선들을 제거해야 한다. 이는 외곽선의 내, 외부 판별이 필요함을 뜻하며, 모폴로지 연산의 특성을 고려하면 간단하게 해결할 수 있다.

Fig. 12(a)의 최상단 점을 Fig. 12(b)의 원본 영상의 해당 위치와 비교해보면, 최상단 점을 기준으로 바로 위의 픽셀이 배경(0)과 객체(255)로 나누는 것을 알 수 있다. 즉, 최상단 점의 위 픽셀이 배경(0)이면 외부, 반대로 객체(255)이면 내부 외곽선임을 판별할 수 있으며, 이 개념은 식 4에 나타내었다. 또한, 이것은 최상단 점을 기준으로 상하좌우 어느 방향으로든 적용 가능하며, 선행 연구에서 정확한 외곽선 추출에 실패하였던 오목한 구간이 존재하는 세포

(Fig. 5)라 할지라도 해당 외곽선이 내부인지 외부인지 식별 가능하여 정확하게 외곽선을 추출할 수 있다.

$$Result_{(x,y)} = \begin{cases} 0 & \text{if } Current_{(x,y-1)} = 255 \\ 255 & \text{if } Current_{(x,y-1)} = 0 \end{cases} \quad (4)$$

3. 실험 결과 및 고찰

3.1 실험 환경

제안한 병렬 세포 외곽선 추출은 Table 1에 제시한 환경 하에서 개발 및 실험하였고, 동일한 환경 내에서는 비슷한 성능을 보일 것으로 예상된다. 다만, 그래픽 카드의 버전에 따라 CUDA 프로세서가 다르므로 이에 따른 성능의 차이는 다소 존재 할 수 있다.

Table 1. Experiment environment

Kinds	Specifications
O/S	Windows 7 Professional
Graphic	NVIDIA Geforce GTX 650
Tools	Visual Studio 2010 Professional
Language	C, C++, MFC, CUDA C

3.2 실험 결과

세포 영상에 대한 외곽선 추출 실험은 기존의 순차처리 방식과 제안한 병렬처리 방식으로 진행하였다. Fig. 13은 제안한 방법의 성능을 확인하기 위해서 개발한 프로그램의 실행 화면으로 좌측에는 원 영상, 중앙에는 모폴로지 연산을 통한 외곽선 추출 결과,

우측에는 내부 외곽선을 제거한 최종 외곽선 추출 결과를 나타내었다. 하단에는 방법 간 상호 비교를 위해서 순차 혹은 병렬 방식을 선택할 수 있고, 영상의 정보나 세부 과정에 소요되는 시간을 확인할 수 있도록 하였다.

우측의 최종 외곽선 추출 결과를 보면, 내부 외곽선을 완벽하게 제거하여, 정확히 세포의 외곽선을 추출한 모습을 볼 수 있으며, 특히, 세 개의 빨간색 원으로 표기한 부분을 살펴보면, 선행 연구에서 해결하지 못한 오목한 구간이 존재하는 세포에 대해서도 정확하게 외곽선을 추출해 내는 것을 볼 수 있다. 좀 더 상세한 분석 결과는 Fig. 14와 Table 2에 나타내었다. Fig. 14의 그래프에서 x축은 수행시간을, y축은 수행 방법을 나타내고, 범례는 외곽선 추출의 단계를 나타낸다. Table 2에는 Fig. 14에서 보인 방법별, 단계별 수행시간을 자세히 나타내었다. 기존의 순차처리 방식에 비해 제안한 병렬 처리방식이 총 수행시간 기준으로 볼 때, 4배 이상 단축되었음을 알 수 있다. 이러한 성능은 동일한 크기의 영상이라도 객체의 수가 증가할수록 더욱 향상되는 것을 확인할 수 있었다.

5. 결론 및 향후 계획

본 논문에서는 세포 영상에 대해 병렬로 빠르게 외곽선을 추출하는 방법을 제안하였다. 병렬로 외곽선을 추출할 시 문제가 되는 내부 외곽선을 제거하고, 선행 연구에서 해결하지 못했던 오목 구간의 외곽선을 추출하여 정확도를 높이고, 전 과정을 병렬화

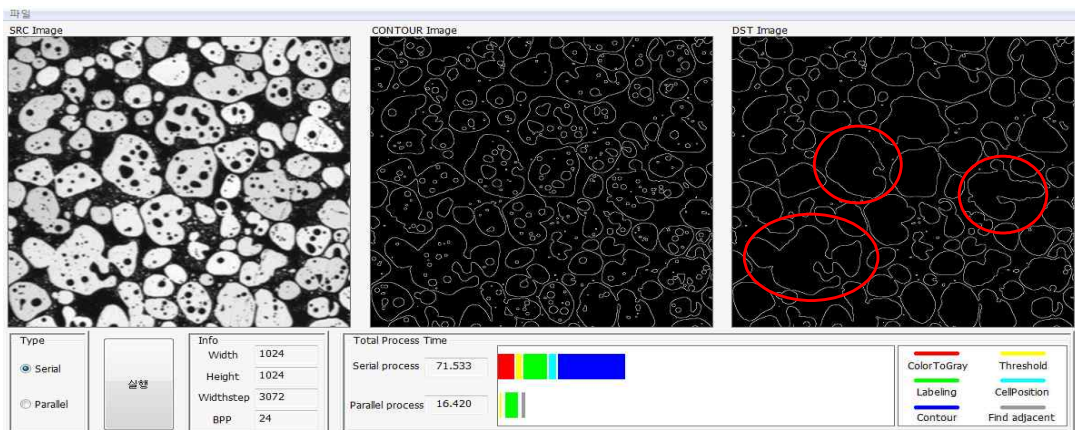


Fig. 13. Performance of the proposed parallel cell contour extraction.

Table 2. Comparison of execution time (unit : ms)

step	512 by 512		1024 by 1024		2048 by 2048	
	Serial	Parallel	Serial	Parallel	Serial	Parallel
ColorToGray	2.874	1.048	10.598	2.250	41.720	6.864
Threshold	1.160	0.508	3.912	1.238	14.750	3.026
Labeling	3.624	2.480	12.836	7.674	50.250	28.838
CellPosition	1.564	0.474	5.018	1.296	18.886	4.340
Contour	18.594	0.588	37.866	1.546	79.798	4.178
Find Adjacent	0.000	1.204	0.000	2.674	0.000	7.780
total	27.816	6.302	70.230	16.678	205.404	55.026

함으로써 기존보다 4배 이상의 속도를 향상시켰다. 이는 의사의 진단 근거로 사용되기 때문에 정확하고

빠른 처리속도를 요구하는 의료 영상처리 분야에 필수적인 기술로 현업에 적용 가능성이 높은 연구로 사료된다. 향후 계획으로는 외곽선 추출 과정에 사용되는 레이블링 알고리즘에 대한 병렬화 연구를 진행하여 수행시간을 더욱 단축시킬 예정이다.

REFERENCE

[1] C.H. Cheng and T.D. Han, "Improved Simple Boundary Following Algorithm," *Journal of Korean Institute of Information Scientists and Engineers : Software and Applications*, Vol. 33, No. 4, pp. 427-439, 2006.

[2] R.O. Duda and P.E. Hart, *Pattern Recognition and Scene Analysis*, John Wiley and Sons, New York, 1973.

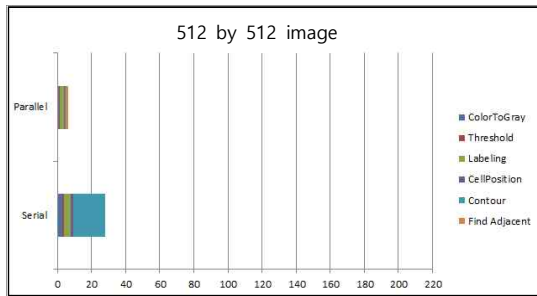
[3] E. Gose, R. Johnson, and S. Jost, *Pattern Recognition and Image Analysis*, Prentice Hall, New Jersey, 1996.

[4] A. Mirante and N. Weingarten, "The Radial Sweep Algorithm for Constructing Triangular Irregular Networks," *IEEE Computer Graphics and Applications*, Vol. 2, No. 3, pp. 11-21, 1982.

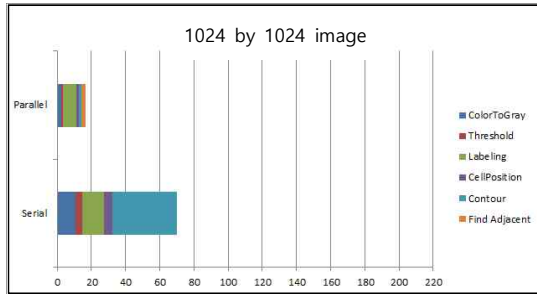
[5] T. Pavlidis, *Algorithms for Graphics and Image Processing*, Computer Science Press, Rockville, Maryland, 1982.

[6] M.N. Kim and J.H. Cho, "The Automatic Detection of Inner Boundary on EBCT Images for Airway," *Journal of Korea Multimedia Society*, Vol. 6, No. 6, pp. 991-999, 2003.

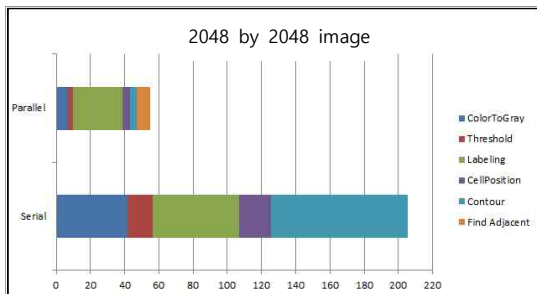
[7] W.G. Jeon, T.Y. Kim, S.J. Kim, H.K. Choi, and



(a) 512 by 512 image(unit: ms)



(b) 1024 by 1024 image(unit: ms)



(c) 2048 by 2048 image(unit: ms)

Fig. 14 Comparison of execution time.

K.G. Kim, "Lung Segmentation Considering Global and Local Properties in Chest X-ray Images," *Journal of Korea Multimedia Society*, Vol. 16, No. 7, pp. 829-840, 2013.

[8] Y.H. Kim and S.K. Lee, "Segmentation of Lung and Lung Lobes in EBT Medical Images," *Journal of Korean Institute of Information Scientists and Engineers : Software and Applications*, Vol. 31, No. 3, pp. 276-292, 2004.

[9] H.S. Kim and S.K. Lee, "Extraction of Heart Region in EBT Images," *Journal of Korean Institute of Information Scientists and Engineers: Software and Applications*, Vol. 27, No. 6, pp. 651-659, 2000.

[10] S.W. Choi and S.H. Yu, "Area Measurement of Organism Image using Super Sampling and Interpolation," *Journal of Korea Multimedia Society*, Vol. 17, No. 10, pp. 1150-1159, 2014.

[11] H.S. Lee, S.H. Yu, and H.Y. Kwon, "Parallelization of Cell Contour Line Extraction Algorithm," *Journal of Korea Multimedia Society*, Vol. 18, No. 10, pp. 1180-1188, 2015.

[12] R.C. Gonzalez and R.E. Woods, *Digital Image Processing-3/E*, Prentice Hall, New Jersey, 2007.

[13] D. Ballard and C. Brown, *Computer Vision*, Prentice Hall, New Jersey, 1982.



유 숙 현

1999년 안양대학교 컴퓨터공학과 학사
 2002년 안양대학교 컴퓨터공학과 석사
 2011년 안양대학교 컴퓨터공학과 박사

2012년~현재 안양대학교 정보통신공학과 조교수
 관심분야: 패턴인식, 신경망, 영상처리, 병렬처리응용, 딥러닝



조 우 현

2017년 안양대학교 컴퓨터공학과 학사
 2017년~현재 (주)제이스텍 제어 기술개발부 연구원
 관심분야: 패턴인식, 영상처리, 병렬처리응용, 머신비전



권 희 응

1983년 서울대학교 전자계산기공학과 학사
 1985년 서울대학교 전자계산기공학과 석사
 1993년 서울대학교 컴퓨터공학과 박사

1986년~1995년 한국통신 연구개발단 선임연구원
 1995년~현재 안양대학교 컴퓨터공학과 교수
 관심분야: 패턴인식, 신경망, 영상처리, 병렬처리응용