

## 단순흉부영상의 Template-Matching을 이용한 폐 결절 자동 추출

류지연, 이경일, 오명진, 장정란, 이배호

전남대학교 컴퓨터공학과

전화 : 062-530-0719 / 핸드폰 : 011-9612-7916

### Automated Detection of Pulmonary Nodules in Chest Radiography Using Template Matching

Ji-Youn Ryu, Kyung-Il Lee, Myoung-Jin Oh, Jeong-Ran Jang, Bae-Ho Lee  
Dept. of Computer Engineering, Chonnam National University  
E-mail : multiji@hanmail.net

#### Abstract

This paper proposes some technical approaches for automatic detection of pulmonary nodules in chest X-ray images. We applied threshold technique for the lung field segmentation and extended the lung field by using morphological methods. A template matching technique was employed for automatic detecting nodules in lung area. Genetic algorithm(GA) was used in template matching(TM) to select a matched image from various reference patterns(simulated typical nodules). We eliminated the false-positive candidates by using histograms and contrasts. We used standard databases published by Japanese Society of Radiological Technology(JSRT) for correct results. Also we employ two-dimensional Gaussian distribution for some reference images because the shadow of lung nodules in radiogram generally shows the distributions. Nodules of about 89% were correctly detected by our scheme. The simulation results show that it is an effective method to indicate lesions on chest radiograms.

#### I. 서론

단순흉부영상은 폐암 진단을 위한 집단검진검사에서 가장 널리 사용하는 방사선 검사방법이다. 폐암의 조

기 발견은 환자 생존율을 개선할 수 있는 것으로 알려져 있는데 일반적으로 의사의 폐암 발견 오진율은 30%로 알려져 있다.[6] 컴퓨터지원진단(Computer Aided Diagnosis: CAD)은 디지털화된 흉부영상정보에서 폐 결절이 존재하는 폐야에 컴퓨터가 검출 표시하여 의사가 폐 결절을 간과하지 않도록 하여 오진을 감소시키고 진단율을 개선시킬 수 있으며 이에 대한 연구가 활발하게 이루어지고 있다.[7]

본 논문에서는 단순흉부영상의 폐 결절을 추출하는데 유사한 특징을 갖는 주위 뼈와 혈관 등과 종양을 감별하여 False-positive 감소 방법[1]과 결절 자동 추출 방법을 제안하였다. 첫 번째 단계는 디지털화된 gray scale 영상에서 임계치를 자동 추출하여 폐야로 고려될 수 없었던 흉부영상의 가장자리 경계영역들을 제거함으로써 X-ray 영상을 좀 더 판독하기 용이한 상태로 바꿔주는 역할을 하게 된다. 두 번째 단계는 흉부영상에서 결절이 존재하는 위치를 자동으로 추출해내기 위한 방법으로 템플릿 매칭(Template Matching)을 사용하였으며, 여러 표준 패턴에서 일치된 흉부영상을 선택하고 흉부영상에서 가장 정확한 위치의 결절을 보여주기 위한 방법으로 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm)을 사용하였다. 세 번째 단계로 추출된 결절후보에서 False-positive의 수를 줄여주기 위해 히스토그램과 명도 대비를 사용 하였다. 본 논문에서 사용된 흉부 X-ray 영상은 일본방사선학회 의사들의 진단에 의해 만들어진 표준 데이터베이스 영상을 사용하였다. 각각의 X-ray 영상은 1024\*1024 크기를

가지며, 픽셀당 256개의 명암값을 가진다.

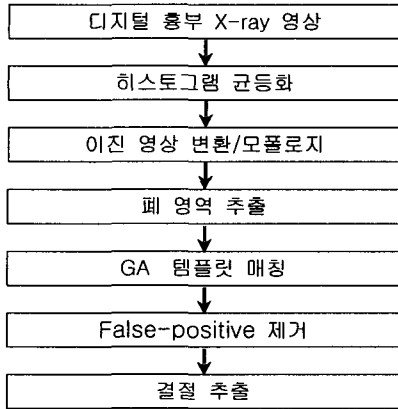


그림 1. 폐 결절 자동 추출 시스템

## II. 폐 영역 분리

### 2.1 히스토그램 균등화(Histogram equalization) 및 임계치(Threshold)

본 논문에서는 흉부 X-ray 영상을 개선하기 위한 방법으로 많이 사용되는 히스토그램 균등화방법을 사용하였다. 히스토그램 균등화를 통해 개선된 영상으로부터 임계치값을 자동 추출 한다. 흉부 X-ray 영상은 방사선 투과량과 촬영자의 위치, 촬영환경 등에 따라 흉부영상의 명암값이 매우 다양하게 나타나기 때문에 흉부영상이 너무 어둡거나 또는 너무 밝은 영상의 판독처리에 있어 매우 어려운 문제점을 가지고 있다. 이러한 문제점을 개선하기 위해 히스토그램 균등화기법을 사용하였다. 히스토그램 균등화는 일정한 분포를 가진 히스토그램을 생성하는 것이다. 즉 히스토그램 명암값을 재분배하기 위해 원 영상의 히스토그램을 생성하여 히스토그램의 정규화된 값을 연산하여 명암값의 분포를 재분배하는 것이다. 이 방법은 흉부 X-ray 영상의 명도 대비를 기준하기 때문에 촬영시 각 X-ray 영상의 명암값이 다르다는 것을 결절을 추출하는데 있어서 뼈, 혈관과 결절의 명암값이 더 높게 나타나는 것을 알 수가 있었다. 우리는 영상의 명암값의 문제점을 해결하기 위해 각 영상의 임계치를 추출하는 방법으로 흉부 X-ray 영상의 각 행의 Peak 값의 평균값과 전체 영상에서 가장 낮은 값 사이의 2/3 지점을 임계치값으로 자동 추출 하였다.[5] 추출된 임계치값은 좀 더 정확한 폐 경계부분을 Segmentation 하기 위해 사용되었다.

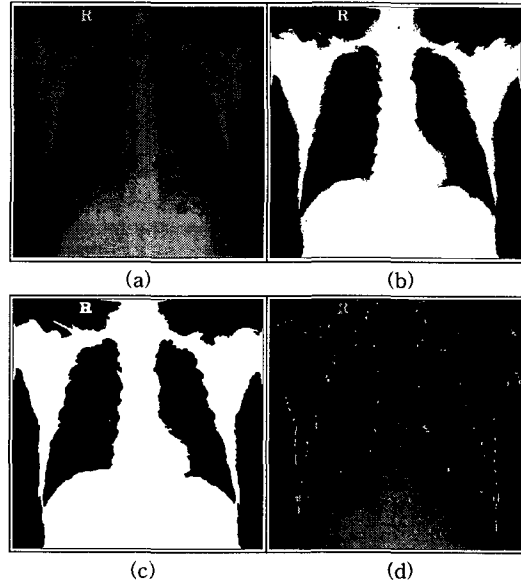


그림 2. (a) 원 영상, (b) 임계치 결과, (c) 형태학(Morphology)기법 적용결과, (d) 에지 추출 결과

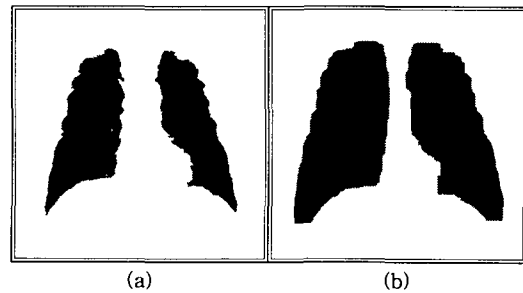


그림 3. (a) 폐 영역 추출 결과, (b) 폐 영역 확장 결과

### 2.2 이진영상 변환 및 폐 영역 추출

히스토그램 균등화를 통해 얻어진 영상의 임계치값으로 그림 2.(b)의 원 영상을 폐 영역 형태의 이진영상으로 추출할 수 있었다. 폐 영역을 좀 더 뚜렷하게 해주기 위해 모폴로지(Morphological)기법의 팽창(Dilation)연산과 침식(Erosion)연산을 사용하였다. 이진화된 영상의 폐 영역 주변에는 작은 픽셀조각들이 남아 있게 된다. 이 작은 픽셀조각들을 제거하기 위해 팽창(Dilation) 연산이 사용되었고, 이 연산으로 축소된 폐 영역을 침식(Erosion)연산을 사용하여 다시 확장하였으며, 영상에 남아있는 1000픽셀 이하의 작은 조각들이 제거되었다. 그림 2.(d)는 이진영상으로부터 얻어

진 에지 외곽선 정보이다. 폐 영역의 정확도를 측정하기 위한 방법으로 라플라시안 필터를 사용하였다. 그림 3.(a)은 앞에서 구한 에지정보를 이용하여 원 영상에서 폐 영역만을 추출한 결과이다. 폐 경계부분에도 노들이 많이 발견되므로 추출된 폐 영역을 다시 이진화한 후, 이를 모폴로지 기법의 침식(Erosion)연산을 사용하여 확장시켰다. 앞으로 우리는 이 마스크와 원 영상을 더한 결과인 그림 3.(b) 을 통해 결절을 추출하는 과정을 진행할 것이다.

### III. 폐 결절 추출

#### 3.1 유전자 알고리즘 적용 템플릿 매칭

결절을 자동 추출하기 위한 방법으로 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm)을 이용한 템플릿 매칭(Template Matching)기술을 사용하였다.[3,4] 유전자 알고리즘은 시간이 흐를수록 생물체가 변화한다는 사실에 기초한 탐색 알고리즘(Search Algorithms)으로 Generation을 거듭함에 따라 최적화 결과를 찾는 Computational 모델의 한 종류이다. 본 논문에서는 참조흉부영상(Reference image)을 템플릿으로 하여 흉부 X-ray에 GA를 사용함으로써 최적의 해인 노들을 찾는다.

유전자 알고리즘은 염색체(Chromosome)를 선택(selection), 교차(crossover), 돌연변이(mutation)로 구성된 Generation을 반복 함으로써 최적의 해에 도달하는 알고리즘이다.[3] 여기서 염색체는 생물체에서 가장 중요한 정보를 담고 있는 부분으로써, GA 구현을 위해 우리는 염색체를 Binary digit로 나타내었다. 이 Binary digit는 흉부 X-ray에서 결절의 위치와 적절한 가상노들의 선택을 위한 정보를 가지고 있다. 가상노들은 이제까지 흉부 X-ray영상에서 검출된 결절 모양을 바탕으로 인위로 만들어낸 노들영상이다. 본 논문에서는 이 가상노들을 참조흉부영상(Reference image)으로써 사용하였다. 흉부 X-ray 영상에 존재하는 결절은 2차원 가우시안 분포를 가지고 있으므로 우리는 가상노들이 2차원 가우시안 분포를 갖도록 만들었다.[1]

##### 1) 적합도(Fitness)

적합도는 참조흉부영상과 Observed image 사이의 유사성의 차이를 나타내는 정도이다. 여기서 참조흉부영상은 가상노들을, Observed image는 환자의 X-ray 영상을 가르킨다. 식(1)에서 보여주고 있는 것은 폐 영역에 존재하는 결

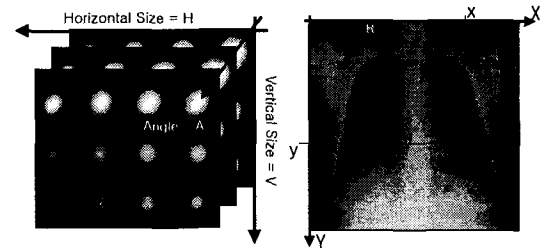
$$S = \frac{1}{mn} \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n \{f(i, j) - g(i, j)\}^2 - \left[ \frac{1}{mn} \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n \{f(i, j) - g(i, j)\} \right]^2 \quad (1)$$

$f(i, j), g(i, j)$  : Reference image and observed image  
 $m, n$  : Pixel size of the image

절과 가상노들이 얼마나 유사성을 가지고 있는가를 나타내는 식이다.

##### 2) GA Process

본 시스템에서는 먼저, Binary digit로 초기 모집단을 랜덤하게 구함으로써, 위 식(1)을 이용하여 각 개체들을 적합도값을 계산하였다.[3,4] 적합도값을 높여주기 위해 값이 낮은 개체들을 선택하고 교차와 변형을 해 주었다. 가장 높은 적합도값을 갖는 10%이내의 개체들은 돌연변이를 피했다. 각 Generation에서 가장 높은 적합도를 갖는 개체는 어떠한 조건 없이 다음 세대에서 연속적으로 적합도 계산을 처리한다. 이와 같은 Genetic Operation이 한 Generation을 구성하게 된다. 아래의 그림은 가상노들과 흉부 X-ray 영상과 매칭시키는 방법을 보여주고 있다.



(a) 가상노들 (b) 단순흉부영상  
 그림 4. GA 템플릿 매칭을 이용한 결절 추출

##### 3.2 False-positive

False-positive는 잘못된 해석으로 노들이라고 오인되어 검출된 노들 후보를 뜻한다. 우리는 먼저 흉부 X-ray 영상을 해석하여, False-positive가 폐 가장자리, 뼈, 혈관과 같은 다른 신체 조직들로 분류될 수 있다.[1] 우리는 선택적으로 이 False-positive를 제거하는 알고리즘을 개발하였다. 첫 번째 단계로 노들 후보들의 히스토그램을 해석해서 낮은 픽셀값을 갖는 영역을 제거함으로써 확장된 폐 가장자리 영역에서의 많은 False-positive가 제거되었다. 두 번째 단계는 노들 후보들의 벡터 이미지의 히스토그램 해석에 기반하여 뼈

를 제거하였다. 마지막 단계는 노들 후보들과 이것을 둘러싼 주변의 픽셀값의 차이를 계산하여 그 대비가 높은 값을 혈관이라고 단정하고 이를 제거하였다.

#### IV. 실험 결과

본 실험에서는 앞에서 제안한 방법을 통해 잘못 선택된 False-positive 수와 결절을 자동 추출하기 위해 히스토그램 균등화, 이진영상변환, 모폴로지, 폐 영역 분리 및 GA, 템플릿 매칭등의 작업을 수행하였다. 기존 논문에서 또한 어떻게 False-positive를 줄일 수 있는지가 문제시 되고 있다. 본 실험에서는 히스토그램과 명도 대비를 통해 False-positive로 의심되는 수를 줄이고, 이를 통해 좀더 정확한 결절의 수를 자동 추출 하였다.

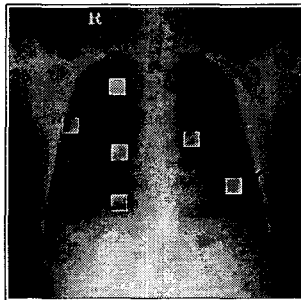


그림 5. 결절로 추출된 영상

그림 5는 결절이 추출된 X-ray 영상을 보여준다. 실험 결과 X-ray 영상의 오른쪽 아랫부분에 화살표로 표시한 부분이 실제 결절이 위치한 곳이고, 나머지 5개의 사각형 모양은 비결절로 선택 되었다.

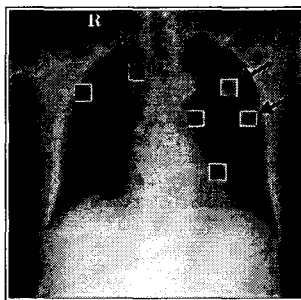


그림 6. 결절로 추출된 영상

그림 6은 오른쪽 윗부분이 화살표로 표시한 두 부분이 실제 결절이 위치한 곳이며, 나머지 4개의 사각형 모양은 비결절로 나타났다. (그림 5, 6)는 방사선 의사의 확인을 통해 화살표로 나타낸 곳이 결절이 존재하

는 것으로 나타났으며, 자동 추출을 통하여 결절은 좀더 효율적으로 찾았다. 그리고 False-positive로 나타난 노들을 육안으로 구별하는데 더 효과적 있었음을 확인할 수 가 있었다.

#### V. 결론

본 시스템에서는 X-ray 영상에 팽창(Dilation)연산과 침식(Erosion)연산을 행하므로써 결절 추출이 어려운 폐 경계부분을 좀더 확장함으로써 False-positive 수를 줄일 수 있었으며, 이것을 통해 정확한 판독이 어려운 폐 경계부분의 결절을 효과적으로 탐지 할 수 있었다. 그리고 GA을 이용한 템플릿 매칭으로 단순흉부 X-ray 영상에서 찾고자 하는 폐 결절을 좀더 효율적으로 찾을 수 있었다.

본 논문에서는 결절 60개, 비결절 30개와 단순흉부 영상에서 육안으로 판별이 가능한 결절 X-ray 영상을 20개를 포함하여 총 110개 영상을 사용하였다. 본 시스템에서 실험한 결과 89%의 결절을 자동 추출 할 수 있었다.

#### 참고문헌

- [1] T. Hara, H. Fujita and J. Xu, "Development of Automated Detection System for Lung Nodules in Chest Radiograms," in Proc. *IASTED Intelligent Information System(IEEE computer Society)*, pp. 71-74, 1997.
- [2] K. Doi, H. MacMahon, M. L. Giger and K. R. Hoffmann, "Computer-Aided Diagnosis in Medical Imaging," Elsevier Science B.V., pp. 57-59, 1999.
- [3] Y. Lee, T. Hara, H. Fujita, S. Itoh and T. Ishigaki, "Nodule Detection on Chest Helical CT Scans by Using A Genetic Algorithm," in Proc. *IASTED Intelligent Information System(IEEE computer Society)*, pp. 67-70, 1997.
- [4] Y. Lee, T. Hara, H. Fujita, S. Itoh and T. Ishigaki, "Automated Detection of Pulmonary Nodules in Helical CT Images Based on an Improved Template-Matching Technique," *IEEE Trans. Med. Image.*, vol. 20, no.7, pp. 595-599, 2001.
- [5] F. Hoare and G. D. Jager, "Model based Segmentation of Medical X-ray Images," Department of Electrical Engineering, University of Cape Town, South Africa.