

論文99-36C-12-10

영상분석을 통한 혈구자동분류 시스템의 설계 및 구현

(Design and Implementation of the System for Automatic Classification of Blood Cell By Image Analysis)

金冥洙 * , 金判九 **

(Kyungsu Kim and Pankoo Kim)

요약

최근에 컴퓨터를 이용한 영상처리기술 및 고속통신망의 발달과 더불어 하드웨어의 고성능화로 의학분야에서 발생되는 영상들에 대해 분석 및 처리를 자동화하려는 많은 연구가 진행되고 있다. 본 논문에서는 말초혈액영상에서 혈구세포들을 자동으로 분석, 분류 및 카운트하기 위해 다중신경망에 기반한 시스템을 설계 및 구현하였다. 이를 위해 먼저 CCD 카메라가 부착된 현미경으로부터 영상을 입력받아 적혈구와 백혈구 분류를 위한 다양한 특징추출 알고리즘을 적용하였다. 또한, PCA를 적용해 다차원의 특징을 저차원으로 줄여 분류기의 훈련과 인식 시간을 단축시킴으로서 보다 효율적인 분류기 시스템을 구축하였다. 따라서, 본 논문에서는 제안된 시스템이 실제 임상 병리진단 가이드 시스템에 적용 가능함을 보일 수 있었다.

Abstract

Recently, there have been many researches to automate processing and analysing image data in medical field, due to the advance of image processing techniques, the fast communication network and high performance hardware. In this paper, we design and implement the system based on the multi-layer neural network model to be able to analyze, differentiate and count blood cells in the peripheral blood image. To do these, we segment red and white-blood cell in blood image acquired from microscope with CCD(Charge coupled device) camera and then apply the various feature extraction algorithms to classify them. In addition to, we reduce multi-variate feature number using PCA(Principal Component Analysis) to construct more efficient classifier. So, in this paper, we are sure that the proposed system can be applied to a pathological guided system.

I. 서 론

최근 정보통신망의 빠른 확산과 함께 인공지능, 영상처리기술 및 컴퓨터 그래픽기술의 발달로 각종 의료기관에서 생성되는 각종 화상들을 디지털화하여 처리할

뿐만 아니라 전문적인 지식을 가진 의사들이 병을 진단하는데 도움을 줄 수 있는 진단가이드 시스템들이 개발되고 있다.^{[2][5][22]}

본 논문은 병원의 임상병리과에서 주로 수행하고 있는 혈액검사를 자동화하기 위한 것으로 혈액영상의 분석을 통해 혈구의 분류 및 혈구세포들로부터 비정상 세포를 자동으로 구분할 수 있는 시스템을 설계 구현하였다. 혈액에서 적혈구와 백혈구는 임상병리학자가 환자의 병을 진단하는데 많은 정보를 제공해주며 다양한 형태의 정상 및 비정상 세포들로 구성되어 있다. 이러한 다양한 부류의 혈구세포들을 현미경을 통해 찾고

* 正會員, 朝鮮大學校 電子計算學科

(Dept. of Computer Science, Chosun University)

** 正會員, 朝鮮大學校 컴퓨터工學部

(School of Computer Engineering, Chosun Univ.)

接受日字: 1999年7月19日, 수정완료일: 1999年10月21日

구별하는 일은 고도의 전문지식과 시간을 요하는 작업으로 자동화도입이 필요하다. 그리고 이러한 작업의 자동화 도입은 보다 많은 세포들을 검사할 수 있고, 보다 객관적인 통계 정보를 제공할 수 있는 장점을 제공한다. 이를 위해 현미경에서 획득된 혈구영상으로부터 적혈구와 백혈구 세포를 각각 분리하여 측정한다. 혈구세포들의 자동분석에서 가장 어려운 점은 무엇보다도 현미경 영상에서 혈구세포들의 분리이다. 현미경 영상에서 혈구세포들은 종종 서로 겹쳐있고, 염색방법과 조명의 불일치, 특히, 백혈구의 경우에는 핵과 세포질의 다양한 형태와 모양등으로 인해 자동분석은 매우 어려운 문제이다. 최근 본 논문에서 연구된 내용과 유사한 외국의 연구 내용으로는 다음과 같다^{[7][8]}. [7]에서는 수리형태학, Snake, watershed 그리고 퍼지 레이블링 기법 등을 이용하여 골수영상으로부터 몇가지 부류의 미성숙 백혈구를 분류하는 연구를 수행하였다. 그리고, [8]에서는 제안된 컬러 세그멘테이션 기법과 특징 추출기법을 이용하여 정상 백혈구와 여러 종류의 백혈병증 세 종류의 백혈병이 걸린 백혈구를 분류할 수 있는 시스템을 연구하였다.

그러나, 본 논문에서는 골수 영상내의 임의의 지역에서 미성숙 백혈구 인식은 매우 어려운 문제이기 때문에 비교적 미성숙 세포를 볼 수 없는 말초혈액에서 적혈구, 성숙 적혈구 그리고 미성숙 백혈구를 인식하고 병리진단 시스템으로의 가능성을 타진하는데 연구의 목적을 두었다. 따라서, 위에 열거된 특징들을 갖는 혈구영상들에 대해 적절한 세그멘테이션 방법을 적용해 적혈구 세포와 백혈구세포를 분리하고 현재 패턴인식에서 많이 이용되는 신경망 모델을 적용하여 혈구세포들을 분류 및 카운트하는 시스템을 설계 구현하였다.

논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서는 인식대상이 되는 말초혈액에 대한 소개를 하고, 3장에서는 혈구세포의 분류를 위한 전처리와 특징추출방법을, 4장에서는 패턴 분류방법, 마지막으로 5장과 6장에서는 실험 결과를 보이고 결론을 맺는다.

II. 말초혈액에 형태적 분류

일반인의 말초혈액을 Wright 염색하여 현미경을 통해 보면 적색을 띠는 적혈구, 핵을 가지고 있는 백혈구, 혈장, 그리고 혈소판으로 구성되어 있다. 특히, 백혈구의 경우 핵과 세포질의 형태에 따라 단핵구, 림프구, 호산성, 호중성, 호염기성 분혈핵구로 나눌 수 있다.

본 논문에서는 백혈구의 경우 성숙된 세포들중에서 단핵구, 호염기성 분혈핵구, 호중성 분엽핵구, 호산성 분엽핵구 및 림프구를 분류 및 카운트한다. 적혈구의 경우에는 혈액학 문헌에서 일반적으로 나누고 있는 23 부류 중에서 영상처리를 이용한 형태분석을 통해 인식할 수 없는 일부 비정상세포는 기각처리를 통해 사용자에게 일임하는 방법을 취했고 15가지로 분류하였다^[17]. 15 부류에 대한 적혈구 세포는 정상적혈구를 포함하여 형태학적 변이가 일어난 비정상 세포가 아래 그림 1에 나타나 있다.



그림 1. 적혈구 세포의 형태

Fig. 1. Morphology of Red Blood Cells.

III. 혈구세포의 분리

본 논문에서는 주로 말초혈액에서 보이는 성숙 적혈구 영상을 대상으로 적혈구의 병적 상태를 분류하고자 한다. 이를 위해 적혈구, 백혈구, 혈소판이 보이는 혈구 영상으로부터 적혈구와 백혈구를 분리하는 작업이 선 행되어야 하고 특히, 백혈구의 경우에는 핵과 세포질을 정밀하게 분리하는 작업이 필수적이다.

1. 전처리(Preprocessing)

자동분류를 위해 사용한 혈구영상은 현미경에 부착된 컬러 CCD카메라로부터 400배 확대된 640×480 해상도로 프레임그래버를 통해 획득한 컬러영상으로 그림 2가 그 예이다. 일반적으로 현미경을 통해 보이는 혈구세포들은 검사를 위해 샘플 슬라이드를 만드는 중에 서로 눌려서 겹쳐지게 되는데 검사자들이 대상으로 하는 부분은 되도록 겹쳐진 부분이 적은 이상지역(ideal zone)을 선택하게 된다^[17]. 따라서, 실험을 위해 사용한 영상은 이상지역에서 획득한 것으로, 가장 먼저 혈구를 개별적으로 분리하기 위한 전처리작업을 수행해야 한다. 이 때 다양한 전처리 기법을 사용하여 혈구세포들을 분리할 수 있는데 본 논문에서는 획득한 영상이 잡음이 거의 없고 배경과 혈구세포들이 비교적 뚜렷하게 구분되기 때문에 별도의 영상 개선 방법(평활화, 비균일 비선형 확산(Anisotropic nonlinear diffusion))등의 처리를 수행하지 않았다. 전처리의 첫 번째 단계에서는 입력영상을 이진화(binary) 영상으로 변환시킨다. 이진화 과정에서 사용하게 되는 임계치 값의 결정은 퍼지 척도를 이용한 방법을 이용한다^[6].

다음 단계에서는 세그먼트된 혈구세포들에 대해 레이블링을 하게 된다. 그림 3은 각각의 혈구세포들이 레이블링되어 최소경계사각형으로 표시된 결과를 나타내고 있다. 레이블링 단계를 거친 후 각각 분리된 혈구세포들 중에서 적혈구, 백혈구, 혈소판, 혈장 등으로 분리하는 단계가 필요하다. 일반적으로 400배 확대된 영상 시야 내에서는 백혈구가 가장 큰 용적을 차지하고 있고 핵의 색깔로 백혈구를 분리해낼 수 있고 혈장은 말초혈액에서는 볼 수 없고 혈소판의 경우도 특수한 경우를 제외하고 적혈구나 백혈구에 비해 아주 작은 크기의 형태를 가지는 것을 볼 수 있다(그림 2 참조).

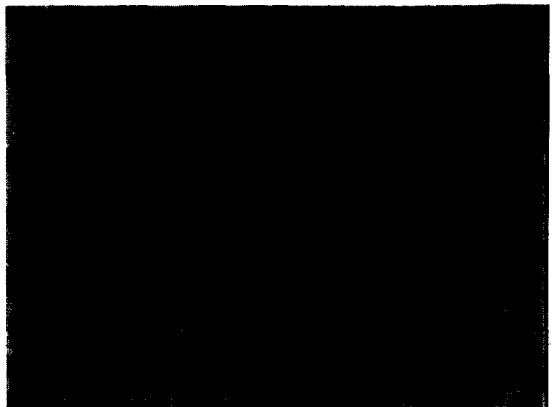


그림 2. 입력영상

Fig. 2. Input Image.

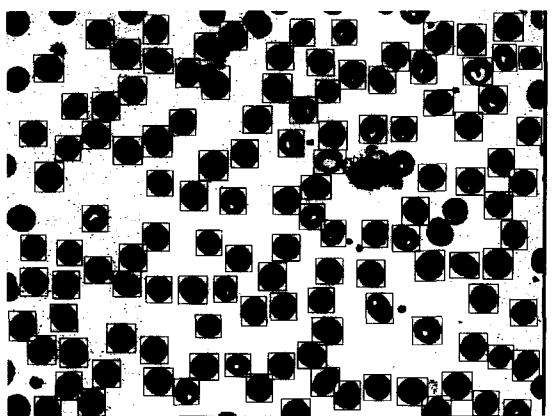


그림 3. 레이블링된 세포

Fig. 3. Labeled Cells.

백혈구의 경우에는 핵과 세포질을 분리하는 작업이 매우 중요하고 또한 어려운 작업이다. 본 논문에서는 다음과 같은 순서에 의해 핵과 세포질을 분리하였다(그림 4 참조). 첫 단계에서는 적혈구 혹은 백혈구가 붙어 있는 것을 비선형 anisotropic diffusion 과정을 통해 에지를 강화시키며 아울러 에지내의 잡음을 제거해주는 과정을 수행하였다^[17]. 그 후에 watershed 알고리즘을 적용하여 세그멘테이션을 수행하였다^{[10][11]}. 그 결과는 그림 4의 두 번째 그림에 나와있다. 그런데 watershed 알고리즘을 수행하고 난 후 분리된 영역의 수가 너무 많기 때문에 다음 단계에서는 관련된 영역을 합치는 과정이 수행되어야 한다. 두 번째 단계에서는 C-means 클러스터링 방법을 이용하여 첫 번째 단계에서 나누어진 영역들을 핵과 세포질 부분들로 나누어 분리한다. 세 번째 단계에서는 Snake를 이용하여 핵과 세포질의

윤곽선을 찾아 최종적으로 백혈구의 핵과 세포질 부분으로 세그멘테이션을 수행한다^{[10][18]}. 그림4의 마지막 그림은 최종적으로 백혈구가 핵과 세포질로 나누어진 것을 나타내고 있다.

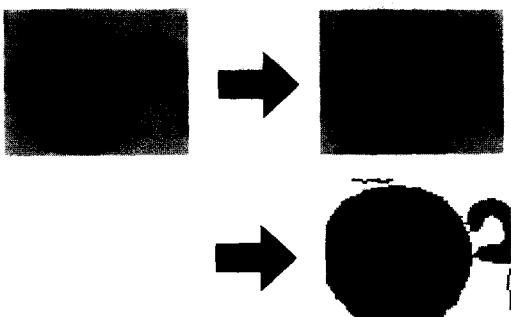


그림 4. 백혈구의 세그멘테이션
Fig. 4. Segmentation of White Blood.

2. 특징 추출(Feature Extraction)

전처리가 끝난 후 다음 단계에서는 혈구세포의 분류 및 카운트를 위해 각각의 혈구세포들에 대한 특징을 추출하게 된다. 적혈구의 경우, 첫 번째 단계에서 외부 형태가 정상과 같고 내부 형태가 다른 정상적혈구, 구상 적혈구, 표적적혈구, 유구 적혈구들을 한 부류로 인식하고 그 외 적혈구들을 다른 하나의 부류로 분류한다. 두 번째 단계에서는 이들 4부류의 혈구를 외부뿐만 아니라 내부의 윤곽선 특징을 추출하게 된다. 적혈구 세포의 분류를 위해 기준의 형태 기술자중 회전에 불변(rotation invariant), 이동 불변(translation invariant), 확대/축소에 불변(scaling invariant) 성질을 잘 만족시켜주는 UNL 푸리에 방법을 사용한다^[17]. UNL (Universidade Nova de Lisboa) 푸리에 방법은 푸리에 서술자(Fourier descriptor)의 확장 개선된 알고리즘으로, 자체로부터 특징을 추출하기 위해 크게 두 단계로 실

행된다^{[1][17]}. UNL 푸리에 특징을 추출하기 위해 세그먼트된 적혈구 세포의 경계선을 구하고 64×64 크기로 스케일링을 행한 후 각각에 대해 모두 76개의 UNL 푸리에 특징을 추출한다. 그림 5에서 그 예로서 표적 적혈구의 윤곽선 정보뿐만 아니라 내부 애지 정보까지 추출하는 과정이다.

백혈구의 경우에는 다양한 특징 추출알고리즘들이 테스트되고 그 중 가장 분별력있는 특징들을 최종적으로 사용하였다. 적용 가능한 특징들은 크게 3가지로 나눌 수 있다. 기본적인 특징은 핵의 크기, 핵의 주변길이와 크기의 비, 핵과 세포질의 색 분포, 명도 분포, 핵과 세포질의 크기 등이 사용된다. 두 번째 특징은 핵의 텍스처 특징을 사용하는 것이다. 텍스처 분석을 위한 알고리즘은 지금까지 많은 연구가 진행되어 왔는데 본 논문에서는 텍스처 특징을 추출하기 위해 [3]에서 제안된 Gabor decomposition에 기반한 알고리즘을 사용하였다. 세 번째 특징은 핵의 모양에 관한 특징을 추출한다. 모양을 기술해주는 방법은 핵의 원형성, 이심률, 신장도, 불록성, 푸리에 기술자, 그리고, [16]에서 제안된 방법 등을 사용할 수 있다. 이 중에서 분류률이 가장 좋은 최적화된 특징들을 추출하여 60차원의 특징데이터를 구성하였다.

IV. 패턴분류모델

본 장에서는 최근 많이 사용되고 있는 신경망 모델에 대해 논하고 적혈구와 백혈구 인식을 위한 신경망 구조를 제안한다. 신경망 모델은 최근 많은 응용분야에서 사용되고 있는 방법으로 상호 연결된 뉴런에 의해 임의의 입력과 출력사이에 비선형사상을 하며 이러한 사상 특성에 의해 기능중의 하나인 분류를 행할 수 있다. 또한 은닉층과 입·출력층의 입출력 특성을 비선형화 함으로서 회로망의 사상을 향상시키며 사상을 학습 방법을 이용하게 된다. 본 연구에서 구축한 다층 신경망은 적혈구의 최종 분류를 위해 그림6과 같이 두 개의 다층 신경망이 연결되어 있고, 각각의 신경망의 입력층과 출력층 사이의 은닉층은 1 혹은 2개 층으로 구성되어 있다. 학습알고리즘으로는 지도학습인 오류 역전파 학습알고리즘을 사용하였다^{[14][16]}. 오류역전파 학습 알고리즘은 일반화된 델타규칙으로 다음과 같은 식1에 의해 연결가중치를 조절하게 된다.

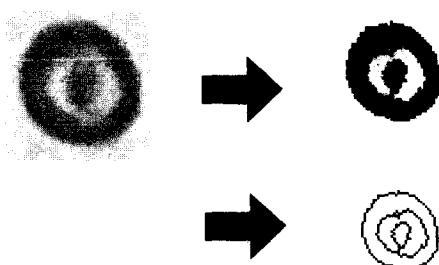


그림 5. 혈구세포의 특징추출 단계
Fig. 5. Feature Extraction Process of Blood Cell.

$$W_{(new)ij} = W_{(old)ij} + \alpha \delta_{,ai}$$

(1) 여기서, β 는 모멘텀의 크기를 제어하기 위한 상수이다.

$$\text{여기서, } \delta_j = a_i(1 - a_i)e_j,$$

$$e_j = t_j - a_j \text{ (출력총 신경세포 에러)}$$

$$e_j = \sum_k W_{jk} \delta_k \text{ (은닉총 신경세포의 에러)}$$

$W_{(new)ij}$: 신경세포 i와 j사이의 수정된 연결가중치

$W_{(old)ij}$: 신경세포 i와 j 사이의 수정되기 전의 연결가중치

a_i : 학습률, δ_j : 신경세포 j의 델타,

a_i : 신경세포 i의 활성값,

a_j : 신경 세포 j의 활성값,

e_j : 신경세포 j의 에러

t_j : 신경세포 j가 출력총일 때 해당 목적 패턴의 성분값

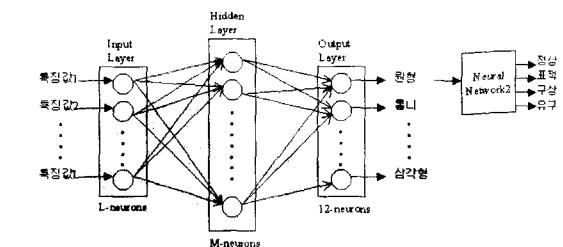
W_{jk} : 신경 세포 j가 은닉총인 경우 위층 신경 세포 k에 달린 연결가중치

δ_k : 신경세포 j가 은닉총인 경우 위층 신경 세포 k의 델타

학습요소들의 적절한 값과 중간층 뉴런의 적합한 수를 설정하기 위해 여러 번의 실험을 수행하여 적당한 은닉총의 수와 뉴우런의 수를 결정하였다. 첫 번째와 두 번째 단계에서의 최적 신경망 분류기의 구조와 이 때 사용한 파라미터들은 표 1과 같다.

두 단계의 적혈구 분류 단계 중 첫 번째 단계에서는 인식하려는 15부류의 혈구세포들 중에 유판선 모양이 비슷한 정상, 표적, 구상, 유구 적혈구를 같은 부류로 포함하여 인식한다. 다음 단계에서는 이들 4부류의 혈구를 분류하도록 하였다. 이 때 학습시간을 단축하고 신경망이 국부적인 극소점에 빠지지 않도록 모멘트법과 적응 학습법을 사용하였다^[12]. 즉, 현재의 연결 가중치를 $W_{ij}(old)$ 로 나타내고 이전의 연결 가중치를 $W_{ij}(older)$ 라 하면 델타 규칙에 의해 연결가중치는 현재의 모멘텀 $\Delta W_{ij}(old)$ 는 $\Delta W_{ij}(old) = W_{ij}(old) - W_{ij}(older)$ 와 같이 표현된다. 이러한 모멘텀을 추가함으로서 일반화된 델타규칙에 의한 연결가중치를 조절하는 위의 식은 다음과 같은 식으로 변환된다.

$$W_{(new)ij} = W_{(old)ij} + \alpha \delta_{,ai} + \beta \Delta W_{ij}(old)$$



Neural Network1

그림 6. 적혈구분류를 위한 신경망 구조

Fig. 6. Architecture of Neural Network for Red-Blood cell Classification.

아래 표1에서 Neural Network1은 적혈구 분류의 첫 번째 단계에 적용된 신경망이고, Neural Network2는 두 번째 단계, 그리고 Neural Network3은 백혈구 인식을 위해 적용한 신경망으로 적혈구 인식에 사용한 신경망과 같은 역전파 학습 신경망을 사용한다.

표 1. 신경망의 파라미터

Table 1. Parameters of Neural Network.

파라미터	활성화 함수의 기울기	학습 상수	입력 층 노드의 수	은닉 층의 개수	은닉 층 노드의 수	출력 층 노드의 수	모멘텀 상수
신경망							
Neural Network1	0.1	0.5	76	2	125	12	0.9
Neural Network2	0.1	0.5	76	1	120	4	0.9
Neural Network3	0.1	0.5	60	1	80	5	0.9

V. 실험결과

실험에서 사용한 혈액영상은 병원의 임상병리과에서 환자 200명의 혈액 샘플에 대해 Wright 염색한 슬라이드로부터 획득하였다. 분류기 구축을 위한 훈련 데이터는 비교적 적혈구 혈구세포의 변형이 자유로운 부류를 제외하고 15부류의 혈구들로 데이터 수는 표2와 같다. 그런데, 다른 세포에 비해 상대적으로 커리, 겹상, 수포, 모자, 죄인형태, 사상체, 삼각형 등의 혈구세포는 실제로 임상환자의 혈액샘플에서 자주 볼 수 없기 때문에 많은 수의 훈련데이터를 획득하지 못해 일부 데이터는 같은 조건하에서 혈액학 도감의 컬러영상을 사용하였다.

표 2. 학습 데이터의 수
Table 2. Number of Training Data.

혈구 형태	성상	표적	구상	유구	톱니	돌기	귀리	겹상	난형	수포	보자	좌인형태	눈풀	사상체	삽삭형
데이터갯수	60	60	60	60	60	60	30	30	60	30	30	30	60	30	20

본 연구에서 적혈구세포는 두 단계로 나누어 인식하도록 하였다. 첫 번째 단계에서는 세그먼트된 각각의 혈구세포들로부터 UNL 푸리에 방법을 사용하여 외곽선 특징을 추출한 다음 정상 적혈구, 표적 적혈구, 구상 적혈구 그리고 유구 적혈구를 같은 부류로 분류한다. 그리고 이를 원형이라고 명한다. 그 외에 나머지 혈구세포들은 그림1에서 좌에서 우, 위에서 아래순으로 분류 번호를 부여하였다. 첫 번째 단계에서 분류가 끝나면 다음 단계에서는 4부류의 혈구세포를 분류한다. 분류기의 성능을 비교하기 위한 테스트 방법으로는 훈련 데이터중 자신을 제외한 나머지 데이터들로 분류기를 구성한 후 자신을 테스트하는 leave-one-out^[17] 방법을 사용하였고, 또한 훈련데이터의 양을 줄이기 위해 PCA(Principal Component Analysis)을 적용하여 훈련집합을 줄였다. 표3의 인식결과를 살펴보면 전체 평균 인식률이 PCA를 적용한 후에 제안된 시스템은 인식률의 변화가 없음을 보이고 있다. 따라서, 보다 저차원의 특징으로도 분류가 가능하고 특징추출방법으로 사용한 UNL 푸리에 방법외에 다른 특징의 추출 알고리즘의 혼합적용이 가능함을 알 수 있다. 그리고, 적혈구의 경우 첫 번째 분류단계에서는 인식률이 그다지 높지 않은 이유는 12부류 중에 유판선의 형태는 다르지만 전체적인 혈구의 형태가 원형에 가까운 세포 부류들(톱니, 돌기, 난형, 눈풀 모양)의 세포들에 대한 인식률이

상대적으로 낮았기 때문이다. 특히, 톱니모양과 돌기모양은 매우 유사하기 때문에 서로 오인식이 되는데 이는 특징추출에 앞서 하게되는 전처리의 문제로 보다 시간이 소요되지만 각 세포별로 지역적인 세그멘테이션 기법을 통한 보다 정확한 유판선 추출을 하게 되면 개선되리라 생각된다.

백혈구의 경우에는 프레임그래비를 통해 획득된 영상에 일반적으로 1~3개 정도 나타나 있다. 백혈구 인식 결과는 아래 표4의 Confusion 행렬을 통해 나타내었다. 실험에 사용한 혈구는 환자의 혈액샘플에서 무작위로 추출한 단핵구, 호염기성 분협핵구, 호중성 분협핵구, 호산성 분협핵구, 림프구 각각 70, 50, 120, 50, 120 개씩을 대상으로 하였다. 인식의 오류는 주로 전체 모양과 색 분포 면에서 비슷한 단핵구와 림프구분류에서 발생하였고, 또한 호중성 분협핵구의 분류에서 오류가 생긴 것을 볼 수 있다. 보다 정확한 세그멘테이션과 핵과 세포질의 텍스처를 구분할 수 있는 특징을 추출 알고리즘을 개선하면 매우 만족할 만한 결과를 얻을 수 있을 것이다.

표 4. 혼돈 행렬
Table 4. Confusion Matrix.

분류 결과	단핵구	호염기성 분협핵구	호중성 분협핵구	호산성 분협핵구	림프구
혈구 종류					
단핵구	55	0	2	0	13
호염기성 분협핵구	0	38	2	10	0
호중성 분협핵구	11	0	97	8	4
호산성 분협핵구	0	2	6	42	0
림프구	18	0	4	0	98

표 3. 평균인식률(%)
Table 3. Average recognition rate(%).

분류기 분류단계	전체 데이터 훈련	PCA 적용 후 훈련데이터 적용
1 단계 (12부류)	87	87
2 단계 (4부류)	94	94
평균인식률	91	91

VI. 결 론

현재 패턴인식분야에서 많이 사용되고 있는 신경망 모델을 사용하여 말초혈액영상에서 영상처리기법을 이용하여 적혈구와 세포들의 형태학적 변이를 분석 및 분류하고 또한 백혈구를 분류하였다. 적혈구의 인식은 두 단계로 나누어 수행하였다. 첫 번째 단계에서는 4부류의 원형 형태의 혈구세포들과 나머지 12부류의 혈구

률에 대해 유팍선 정보를 사용하여 분류하고 두 번째 단계에서는 원형 형태의 4부류의 혈구세포들에 대해 유팍선 정보와 함께 내부의 에지 정보를 사용하여 본 연구에서 제안한 신경망 구조를 사용하여 자동분류하였다. 또한 나차원 특징 값들의 차원을 줄이기 위해 PCA를 적용함으로서 효율적이고 빠른 분류기의 생성이 가능했고 또한 비슷한 성능의 인식률을 얻을 수 있었다.^{[14][15]}

본 논문에서 수행한 적혈구의 형태학적 변이 인식률은 약 91%로 검사자와의 피드백 또는 전처리의 개선 등으로 성능이 개선이 이루어지면 임상병리실에서 충분히 참조 가능함을 보여준다. 그러나, 현재 본 연구에서는 입력영상에서 일부 겹쳐져 있는 혈구들에 대한 분리 및 인식을 수행하지 않기 때문에 보다 정확한 시스템 구축을 위한 노력이 필요하다. 또한 백혈구의 경우 실용화된 시스템을 구축하기 위해서는 핵과 세포질의 정확한 분류가 무엇보다도 중요한데 이를 위한 알고리즘의 개선이 이루어져야 한다. 따라서, 향후 혈구에 대한 자동인식 방법이 개선되면 임상병리실에서 자주 수행하게되는 골수영상에서 미성숙 백혈구 인식과 미성숙 적혈구의 분류 또한 가능해 질 것이다. 그리고 CCD를 통해 획득한 영상을 실제 검사자가 현미경을 통해 보는 혈액영상과 색상이 다를 수 있는데 이러한 영상획득장치에 무관한 색보정에 대한 연구가 추가로 이루어져야 될 것으로 본다.

참 고 문 헌

- [1] Babu M. Mehtre, M.S. Kankanhalli and Wing F. Lee, "Shape Measures For Content Based Image Retrieval : A Comparison", Technical Report95-195-0, Institute Of Systems Science, National University of Singapore, 1995.
- [2] Brent K. Stewart and Steve G.Langer "Medical Image Databases and informatics", IEEE International Conf. on image processing, Oct, 4-7, Chicago, Illinois, pp.29-33, 1998.
- [3] B. S. manjunath, W. Y. Ma, "Texture features for Browsing and Retrieval of Image Data", IEEE trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol.18, No.8, pp.837-842, 1996.
- [4] G. John, R. Kohavi, K. Pfleger,"Irrelevant features and the subset selection problem", In proceedings of 11th Int'lC-onf. on Machine Learning, pp.121-129, 1994.
- [5] H. Nagata, H. Mizushima, "World Wide Microscope : New Concept of Internet Telepathology Microscope and Implementation of the Prototype", MEDIIINFO 98, pp.286-289, 1998.
- [6] Huang L.K and M.J.Wang, "Image thresholding by minimizing the measures of Fuzziness", Pattern Recognition, Vol.28, 1:41-51, 1995.
- [7] <http://sun16.cecs.missouri.edu/jpark/introduction.html>.
- [8] <http://vizlab.rutgers.edu/~comanici/demos.html>.
- [9] James A. Freeman and David M. Skapura, Neural Networks: Algorithms, Applications and programming Techniques, Addison-Wesley Publishing, 1991.
- [10] Kass, M, Witkin, A. and Terzopoulos, D.(1987). Snakes : Active Contour Models. Proceedings of First International Conference on Computer Vision, London, pp.259-269.
- [11] L. Najman, M. Schmitt, "Geodesic Saliency of Watershed Contours and Hierarchical Segmentatin", IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol.18, No. 12, pp. 1163-1173, Dec.1996.
- [12] N. A. Moga, M. Gabbouj, "Parallel Image Component Labeling with Watershed Transformation", IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol.19, No.5, pp.441-450, 1997.
- [13] P.Perona, M.Malik, "Scale-Space and Edge detection Using Anisotropic Diffusion", IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence, Vol.12, No.7, pp.629-639, 1990.
- [14] S.Haykin, Neural Networks : A Comprehensive Foundation, Macmillan College Publishing Comp., New York, 1992.
- [15] S.Seker, M.Bagriyanik, F.G.Gabgriyanik, "An application of shannon's entropy for Neural Network Architecture", proc. of the 15th

- IASTED, pp.33-36, Innsbruck, 1997.
- [16] T.W.Rauber, Pattern Recognition Short Course, <http://www.inf.ufes.br/~thomas>.
- [17] T.W.Rauber, "Two-Dimensional Shape description", Technical Report GRUNINOVA-RT-10-94, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal, 1994.
- [18] Williams, D.J. and Shah, M. (1991). A Fast Algorithm for Active Contours and Curvature Estimation. CVGIP:Image Understanding Vol. 55, No.1, 14-26.
- [19] 고려의학 출판부편, 혈액학 도감, 고려의학, 1995
- [20] 김경수외 4인, "이산 코사인 변환을 이용한 형태특징 추출 기법", 한국정보처리학회 논문지, 5권 5호, 1998
- [21] 조한익 편역, 실용 혈액학, 고려의학, 1995.
- [22] 장용훈 외 3인, "신경망을 이용한 염색체 영상의 최적 패턴 분류기 구현에 관한 연구", 한국전기학회 논문집, Vol.46, No.7, Jul, pp.1129-1134, 1997

저자소개



金 灵 淚(正會員)

1992년 조선대학교 컴퓨터공학과 졸업(학사), 1994년 중앙대학교 컴퓨터공학과(석사), 1996년~현재 조선대학교 전자계산학과 박사과정 재학중. 1998년~현재 매디정보 대표 1995년~현재 조선대학교 시간강사. 관심분야: 영상처리, 컴퓨터비전, 컴퓨터그래픽스



金 判 九(正會員)

1988년 조선대학교 컴퓨터공학과 졸업(학사), 1990년 서울대학교 컴퓨터공학과(석사), 1994년 서울대학교 컴퓨터공학과(박사). 1995년~현재 조선대학교 컴퓨터공학부 조교수. 관심분야: 정보검색, 영상처리, 시스템보안