

연속 영상에서의 경계추출을 위한 유전자 알고리즘 기반의 B-spline 적합

(Genetic Algorithm based B-spline Fitting for Contour Extraction from a Sequence of Images)

허 훈[†] 이 정 현[†] 채 옥 삼^{**}
(Hoon Heo) · (JeongHeon Lee) (OkSam Chae)

요약 본 연구에서는 유사한 여러 물체들이 인접하여 나타나는 영상열로부터 물체들을 개별적으로 분리할 수 있는 B-spline 적합(fitting) 알고리즘을 제안한다. 기존의 스네이크(snake) 알고리즘들은 초기화의 어려움과 다수의 극점 존재로 인해서 이러한 영상자료에서 물체의 영역을 개별적으로 분리하는 데는 어려움이 있다. 본 연구에서는 이 문제를 극복하고 다양한 형태의 물체가 인접해 있는 유사한 물체들로부터 효과적으로 분할 할 수 있는 유전자(genetic) 알고리즘 기반 B-spline 적합방안을 제안한다. 실제 상황을 고려하여 생성된 영상자료와 실제 치아 CT 영상을 이용한 평가에서 제안된 방법은 서로 인접해 있는 유사한 형태와 밝기의 물체들을 개별적으로 정확하게 분할할 수 있음을 보였다. 제안된 알고리즘의 결과는 이상적으로 추출된 영역과의 일치성과 false positive 오류 그리고 false negative 오류가 계산되어 검증되었다.

키워드 : 경계 추출, B-spline 적합, 영상열, 유전자 알고리즘, 초기화 방법

Abstract We present a B-spline fitting method based on genetic algorithm for the extraction of object contours from the complex image sequence, where objects with similar shape and intensity are adjacent each other. The proposed algorithm solves common malfitting problem of the existing B-spline fitting methods including snakes. Classical snake algorithms have not been successful in such an image sequence due to the difficulty in initialization and existence of multiple extrema. We propose a B-spline fitting method using a genetic algorithm with a new initial population generation and fitting function, that are designed to take advantage of the contour of the previous slice. The test results show that the proposed method extracts contour of individual object successfully from the complex image sequence. We validate the algorithm by false-positive/negative errors and relative amounts of agreements.

Key words : contour extraction, B-spline fitting, sequence images, genetic algorithm, initialization method

1. 서론

활성 윤곽선(active contour) 또는 스네이크(snake) 모델은 영상열에서 물체의 경계를 추출하는데 적합한 방법이다[1]. 따라서 컴퓨터비전과 의료영상 분석 등을

위해서 여러 스네이크 알고리즘들이 제안되었으며 일부는 골조적이거나 심장과 같은 신체장기의 3차원 재구성에 활용되고 있다[2]. 그러나 치아 CT 영상과 같이 유사한 형태와 밝기를 갖는 물체들이 가까이 인접해 있는 경우 기존의 스네이크 알고리즘을 적용하여 물체의 경계를 분할하는 것은 어려움이 있다. 이러한 경우에는 많은 지역적 극값들(local extrema)이 존재하고 적합을 위한 효율적인 경계의 초기화에 있어서 어려움이 크다[3]. 따라서 대부분의 연구들은 적합을 위한 초기경계로써 수동으로 설정하거나 이전 영상의 결과를 전달받아 사용하고, 영상내 관심 물체 주위에 유사한 다른 물체가 존재하지 않는 경우를 대상으로 제안되었다[4,5].

· 본 논문은 산학협동재단(Korea Sanhak Foundation)에 의해 2004년 6월 1일부터 2005년 5월 31일의 기간동안 지원되어 연구되었습니다.

† 학생회원 : 경희대학교 컴퓨터공학과
hhoon@naver.com
opendori@paran.com

** 종신회원 : 경희대학교 컴퓨터공학과 교수
(Corresponding author 입)
oschae@khu.ac.kr

논문접수 : 2004년 8월 20일
심사완료 : 2005년 3월 21일

물체의 경계를 추출하는 활성 윤곽선 모델은 목적 함수(objective function)를 최소화하는 최적의 경계를 찾는다. 따라서 목적함수의 표현방법은 최적화된 경계의 정확성과 최적화 속도를 결정하는 중요한 인자이다. 기존의 연구에서 많이 사용되는 목적 함수는 찾는 물체의 경계의 매끄러움을 유지하기 위한 내부 에너지(internal energy)와 영상에서 물체의 밝기 특성을 나타내는 외부 에너지(external energy)로 구성이 된다. 그러나 이러한 목적함수는 경계에서 밝기 차이가 작아서 외부 에너지 성분이 상대적으로 작아지면 최적화된 경계가 작은 영역으로 축소되어 적합되는 경향이 있다[4]. 물체의 경계를 표현하는 방법도 알고리즘의 성능을 결정하는 중요한 역할을 한다. 표현방법에 따라서 알고리즘이 추출할 수 있는 경계의 형태에 제약을 받으며 최적화 과정에서 많은 미분연산이 필요하기도 하다[6].

B-spline snake[5]와 B-snake[6] 알고리즘은 최적화할 파라미터 수를 줄여서 최적화 속도를 향상시키고 곡선 표현에 있어서 기하학적 가변성(geometric flexibility)을 높이기 위해서 제안되었다. B-spline snake에서는 기저 함수(basis function)의 차수(order)와 제어점(control point)들, 경화(stiffening) 매개변수 그리고 매듭열(knot sequence)로써 경계를 나타내는 곡선의 형태를 제한한다. Cerrolaza[7]와 Ooi[8]은 최적화 과정에서 유전자 알고리즘을 사용하는 B-spline 적합 알고리즘을 제안하였다. 유전자알고리즘을 사용한 적합 방법은 곡선 적합시 고차수(high order)의 미분을 피할 수 있고, 임의의 규약(constraint)들을 수용하여 구현될 수 있다. 유전자 알고리즘을 사용한 스네이크인 GA-snake [2,9]는 적합할 물체의 형태에 제약이 없고 큰 탐색 영역을 다룰 수 있으며 지역적 극값으로부터 빠져나오는 능력이 뛰어난 장점을 갖는다. 이러한 성질은 CT 영상열에서 치아영역 분할과 같은 응용분야에 매우 유용하다. 그러나 유사한 형태와 밝기의 물체들이 서로 인접해 있는 CT 영상에서 기존의 연구들은 탐색영역내 이웃하거나 인접한 물체들로 인하여 경계가 이러한 물체의 경계에 잘못 적합되는 오류가 자주 발생한다.

본 연구에서는 위와같은 적합의 어려움을 갖는 CT 영상열에서 물체의 경계를 보다 정확하게 추출할 수 있는 유전자 알고리즘을 이용한 B-spline 적합방법을 제안한다. 빠르고 정확하게 해를 찾기 위하여 우리는 확률적 방법을 이용한 개체군(population) 초기화 방법과 교배(crossover)방법을 제안한다. 연속된 슬라이스들에서 정확한 물체경계를 자동으로 적합하기 위하여 이전 영상에서 추출된 경계를 바탕으로 현재 영상의 적합을 위한 초기 해를 생성하는 방안을 제안한다. 또한 근접해 있는 유사한 다른 물체의 경계들로부터 정확하게 원하

는 물체의 경계를 구분하기위한 적합함수(fitness function)도 함께 제안한다.

본 논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서 경계 적합을 위한 B-spline에 대해 기술하고, 3장에서 유전자 알고리즘을 기반으로 하는 제안된 적합방법을 기술한다. 4장에서 실제상황을 고려하여 생성된 인위적인 자료와 유사한 형태와 밝기를 갖는 여러 물체가 근접해 있는 치아 CT영상을 대상으로 수행된 제안된 알고리즘의 평가결과를 제시한다.

2. B-spline을 사용한 영상 경계 적합

B-spline곡선은 임의의 물체의 경계를 나타내기위한 많은 장점들이 있다[5,6]. 또 B-spline곡선은 경계의 적합에 있어서 다음과 같은 유용한 특징들을 갖고 있다.

- 부드러운 유지 및 국부 제어성(local controllability): 어떤 형태의 물체라도 부드러운 곡선형태의 경계로 나타낼 수 있고, 일부 제어점들을 변경함으로써 곡선의 형태를 부분적으로 제어할 수 있다.
- 전체적인 물체 경계 표현을 위한 적은 정보량: 매듭열이 고정인 경우 적은 수의 제어점들만으로 곡선의 형태를 결정할 수 있다.

B-spline으로 표현된 물체의 경계는 기저함수(basis function) $B(s)$ 와 제어점 $\mathbf{d} = (x, y)$ 에 의해서 결정된다. 기저함수는 매듭열(knot sequence)과 재귀 공식(recursion formula)을 이용하여 계산된다[10]. 특히 매듭점들의 배열이 균일(uniform)하게 배치될 경우에는 그레빌레 가로축(Greville abscissa)점[10]들이 곡선 단편(segment)들이 서로 만나는 곳의 매듭점들과 일치하기 때문에 물체의 경계를 보다 쉽게 표현할 수 있다. 또한 매듭점열이 균일하면 B-spline 기저함수들은 서로 모양이 같고 위치만 이동된 형태를 취하기 때문에 간단하게 계산될 수 있다. 이 경우 큐빅(cubic)차수의 폐(closed) B-spline을 이용한 곡선 경계는 다음 식으로 표현된다.

$$\mathbf{r}(s) = \begin{bmatrix} r_x(s) \\ r_y(s) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sum_{i=0}^{n-1} x_i B_0(s-i) \\ \sum_{i=0}^{n-1} y_i B_0(s-i) \end{bmatrix},$$

$$B_0(s) = \begin{cases} |s|^3/2 - s^2 + 2/3 & \text{if } t_0 \leq |s| < t_1 \\ (2 - |s|)^3/6 & \text{if } t_1 \leq |s| < t_2 \\ 0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (1)$$

위식에서 $\mathbf{r}(s) = (r_x(s), r_y(s))$ 는 인자 s 에 의해서 결정되는 경계상의 한 점의 좌표를 나타내고, (x_i, y_i) 는 i 번째 제어점 \mathbf{d}_i 을 나타낸다. $\{t_0, t_1, \dots, t_n\}$ 는 매듭열

을 나타내는데 간격이 일정한 매듭열을 가정할 경우 정수열 $\{0, 1, \dots, n\}$ 로 표시되며 물체의 윤곽은 폐곡선이므로 $t_0 = t_n$ 의 조건을 만족한다. 치아를 비롯한 많은 물체의 표현은 위 식에서 매듭열과 기저 함수를 고정시키고 제어점들을 조정함으로써 쉽게 얻을 수 있다. 그림 1은 이렇게하여 표현된 폐 B-spline곡선을 나타낸다.

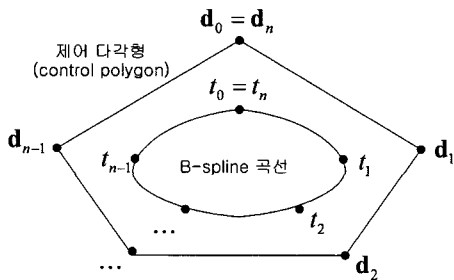


그림 1 적합을 위한 경계의 B-spline 표현

본 연구에서는 현재 슬라이스의 물체 형태를 가장 잘 나타내는 제어점들의 집합 즉 최적해를 찾기 위하여 유전자 알고리즘을 기반으로 하는 적합방법을 제안한다.

3. 유전자 알고리즘을 사용하는 적합방법

유전자 알고리즘은 최적의 해를 찾기 위한 확률적 방법이다. 최적의 해는 목적함수 $f(x)$ 의 해인 벡터 X 로 표현된다. 따라서 최적해 X 는 목적함수가 어떻게 설계되느냐에 따라 크게 영향을 받는다. 벡터 X 는 염색체(chromosome)라 하며, 이 염색체는 부분적인 유전인자(gene)들로 구성된다. 제안된 영상분할방법에서 유전인자는 B-spline 제어점을 나타내고 염색체는 찾는 물체의 전체 윤곽을 나타내는 제어점들로 구성된다.

현재 슬라이스에서 최적적인 제어점들을 찾는 시작점들은 이전 슬라이스에서 전달된 윤곽선 정보를 바탕으로 구해진다. 그림 2와 같이 예측된 윤곽선의 제어점을 현재 슬라이스에 중첩하고 제어점별로 탐색창을 설정하고 각 탐색창에서 후보 제어점들을 생성한다.

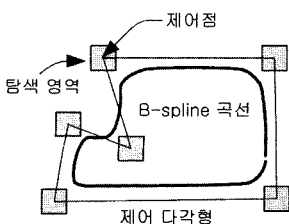


그림 2 제어점주위로 형성된 탐색영역들

유전자 알고리즘을 이용한 경계추출 과정은 먼저 각 탐색영역별로 가능성이 있는 초기제어점 생성으로 시작된다. 하나의 후보 해인 염색체는 각 탐색창에서 선정된 후보 제어점들을 그림 4와 같이 결합하여 생성된다. 즉 탐색영역별로 하나씩의 후보 제어점을 선정하고 이것을 유전인자로 하나의 염색체를 구성한다. 후보 제어점은 무작위로 선정된다. 본 연구에서는 곡선의 위치를 결정하는 데 모호함을 줄이기 위해서 실제 제어점의 위치를 유전인자로 사용하였다[11]. 또한 실제 위치의 사용으로 유전인자의 길이가 길어지는 것을 방지하기 위하여 제어점의 좌표를 사용하는 대신에 위치 인덱스(index)를 사용하였다. 예를 들어서 그림 2의 한 탐색영역의 크기가 5x5일 때, 이 탐색창의 각 화소의 좌표를 중앙에서 시작하여 나선형 형태로 순탐(lookup) 테이블에 저장하면 탐색창의 각 화소는 그림 3과 같이 정수 인덱스로 표현된다[8,9]. 이러한 인덱스를 이용하여 염색체를 표현할 경우 임의형태의 탐색 영역을 가질 수 있고 염색체 내 정보를 넓게 퍼지지 않게 하여 농축시킬 수 있다. 염색체의 길이가 짧아지면 같은 정보의 긴 염색체에 비해 해집합의 스키마[12]의 차수(order)와 길이(length)가 짧아져 빠른 수렴이 될 확률이 높아진다.

초기 개체군은 위와 같이 생성된 일정 수의 후보 염색체들의 집합이다. 초기 개체군이 생성되면 재생산(reproduction 또는 selection), 교배, 돌연변이(mutation)의 진화과정을 거쳐 새로운 세대(generation)가 만들어진다. 새로운 세대가 만들어지면 같은 방법으로 일정 조건을 만족하는 최적의 해에 도달할 때까지 진화를 계속한다. 이 진화과정에서 초기 개체군과 후보 염색체의 적합도(fitness)를 측정하는 적합함수 그리고 새로운 염색체를 생성하는 교배방법은 최적해의 결과 계산속도를 결정한다. 본 연구에서는 CT영상영역에서 정확하고 빠른

12	13	14	15	16
11	2	3	4	17
10	1	0	5	18
9	8	7	6	19
24	23	22	21	20

탐색 영역

그림 3 인덱스로 나타난 제어점의 탐색영역

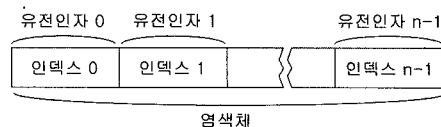


그림 4 염색체의 구성

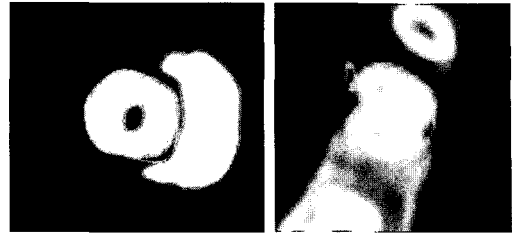
경계 추출을 위해서 고안된 교배방안과 초기 개체군 생성방안 그리고 가까이 인접한 다른 물체의 경계를 구분해내는 적합함수를 소개한다.

3.1 개체군 초기화 방안

초기 개체군은 탐색 영역으로부터 무작위로 선택된 염색체의 초기 집합(initial pool)이다. 실제 해에 근접한 염색체가 초기 개체군에 포함될 가능성을 높이기 위해서는 개체군 크기를 증가시킬 수 있다. 그러나 크기가 커지면 진화과정에서 고려될 염색체 수가 많아져 최적화과정의 계산량을 증가시킨다. 제안된 초기 개체군 생성방안은 이전 영상의 경계정보를 사용하여 한정된 크기의 개체군에 실제해에 근접한 염색체들이 포함될 가능성이 높도록 설계되었다. 기존의 유전자 적합 알고리즘에서는 탐색영역 내에서 균일한 분포(uniform distribution)로 무작위로 제어점을 선택하여 초기 개체군을 만들었다[2,7-9]. 제안된 초기화 방법에서는 탐색영역에서 무작위로 후보를 선택하되, 이전 슬라이스의 경계 정보를 근거로 형성된 탐색영역의 중앙을 중심으로 가우시안(Gaussian) 분포[13]를 갖도록 제어점을 선정한다. 이 방안은 균일분포의 난수 발생을 사용하는 기존의 유전자 알고리즘의 초기화방법보다 최적해에 근접할 확률이 높은 염색체를 선택한다. 초기 후보해가 최적해에 가까울 경우 보다 빠르게 최적해에 수렴할 가능성이 높아진다.

3.2 기울기(gradient) 크기와 방향 기반의 적합함수

적합함수(또는 목적함수)는 각 염색체가 나타내는 후보해가 찾는 물체의 경계에 얼마나 일치하는 지를 평가한다. 이 평가치는 진화 과정의 종결여부를 결정하고 각 세대에서 교배 집합(mating pool)을 결정할 때 우수한 엘리트(elite) 염색체를 선택하는 기준이 된다. 기존의 활성 윤곽선 모델에서 적합함수는 곡선의 부드러움을 제어하는 내부 에너지 부분과 영상내 물체경계의 밝기정보를 나타내는 외부 에너지 부분으로 구성이 된다[2,4] 이렇게 두 부분으로 구성된 적합함수의 단점은 두 에너지 성분의 기여 정도를 결정하는 가중치 결정의 어려움이다. Brigger[5]는 B-spline 자체가 가지고 있는 연속성을 사용하여 내부 에너지를 제거하고 후보경계에서 밝기 변화의 크기에 기반을 둔 외부 에너지만으로 구성된 적합함수를 제안하였다. 그러나 치아 CT 영상처럼 유사한 형태와 밝기를 갖는 물체가 가까이 존재하는 영상자료에서 이러한 적합함수는 어려움이 있다. 이 경우 기존의 적합함수는 그림 5에서 볼 수 있는 것처럼 인접한 물체의 경계에 적합된다. 이 방법은 또한 곡선이 꼬이는 것을 막기 위해서 적절한 경화 매개변수를 필요로 한다. 이러한 문제들을 피할 수 있는 방안으로 Liu[14]는 적합함수에 B-spline 곡선상의 점들과 가까운 물체



(a) 근접한 물체에 적합 (b) 꼬인 형태의 경계

그림 5 곡선 경계가 잘못 적합된 예

경계의 점들과의 거리들의 합을 사용하는 성분을 도입하였다. 이 방법은 경계가 꼬이거나 축소되는 문제는 어느 정도 방지할 수 있으나 그림 5(a)와 같이 근접한 이웃물체에 잘못 적합(malfitting)되는 문제는 해결하지 못하였다. 또한 이 방법은 적합함수를 계산하기 위해서 실제 물체의 정확한 경계점들을 필요로 하는 문제점도 가지고 있다.

본 논문에서는 치아와 같이 CT영상에서 한 물체의 내부영역과 외부 영역의 밝기차의 크기는 다를 수 있어도 부호는 대체적으로 유지된다는 사실을 근거로 전술한 문제를 극복하기 위한 적합함수를 제안한다. 이 조건하에서 B-spline 곡선이 다른 물체의 경계까지 확장되면 곡선 양쪽의 밝기값 차의 부호가 바뀌게 된다. 제안된 방법에서는 이 부호를 이용하여 인접한 다른 물체에 적합되는 곡선부분을 판별하고 누적된 적합치(fitness value)에서 이 부분의 밝기 차만큼 감하게 된다. 또한 적합과정에서 곡선 부분이 꼬이게 되면 꼬인 부분에 해당하는 곡선의 위치에서 누적된 적합치로부터 페널티(penalty) 값 만큼 차감한다.

주어진 후보 해(또는 후보염색체)의 적합도의 계산은 다음과 같이 이루어진다. 먼저 식 (1)을 이용하여 주어진 해가 나타내는 B-spline 곡선상의 점들을 계산하고 이 점들을 그림 6과 같이 추적한다. 곡선 상의 k번째 임의의 점 $r(s_k)$ 에서 단위법선벡터 $n(s_k)$ 를 계산하고 식 (2)를 이용하여 이 점에 대한 내부 영역과 외부 영

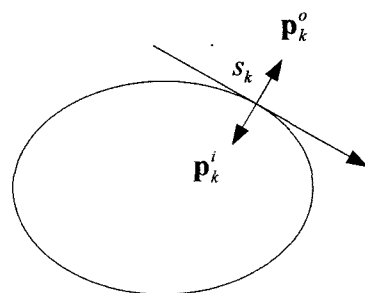


그림 6 곡선 내부와 외부 영역의 정의

역의 최소 \mathbf{p}_k^i 와 \mathbf{p}_k^o 을 계산한다.

$$\mathbf{p}_k^o = \mathbf{r}(s_k) + \mathbf{n}(s_k), \quad \mathbf{p}_k^i = \mathbf{r}(s_k) - \mathbf{n}(s_k) \quad (2)$$

이것을 다음 식에 적용하여 각 곡선상의 점에서 기울기 크기 정보를 기반으로 하는 적합치를 결정한다.

$$f(\mathbf{x}) = \sum_{k=0}^{M-1} (\text{grad}_k - \alpha_k)$$

$$\text{grad}_k = \begin{cases} |\nabla I(\mathbf{r}(s_k))| & \text{if } I(\mathbf{p}_k^i) - I(\mathbf{p}_k^o) > 0 \\ -|\nabla I(\mathbf{r}(s_k))| & \text{if } I(\mathbf{p}_k^i) - I(\mathbf{p}_k^o) \leq 0 \end{cases} \quad (3)$$

$$\alpha_k = \begin{cases} C & r(s_k) = r(s_j) \\ 0 & r(s_k) \neq r(s_j) \end{cases}$$

$$\forall j \in \{0, 1, \dots, M-1\} \wedge j \neq k \quad (4)$$

여기서 $I(\mathbf{p}_k^i)$ 와 $I(\mathbf{p}_k^o)$ 는 k번째 곡선상의 점에서의 곡선 내부와 외부의 밝기값이다. 곡선이 꼬였을 때 차감하는 페널티 값 C는 10으로 사용하였다. 페널티 값이 너무 크게 설정되면 기울기 크기값들의 합의 최대가 되는 지점의 탐색에 있어서 방해가 된다. 이 값은 차야 경계를 형성하는 폐곡선을 따라 추출된 기울기 크기값들의 합에 대한 상대적인 값으로써 실험적으로 0.1% 내외로 설정되었을 때 좋은 결과를 산출하였다. 제안된 적합함수는 그림 5와 같이 후보곡선이 잘못 적합되어 근접한 물체의 경계에 놓이게 되면 적합치로부터 해당 화소의 기울기 크기 값이 차감된다. 또한 곡선이 꼬이게 되면 페널티 값 만큼 누적되는 적합치에서 차감하여 곡선이 꼬이는 문제를 해결한다. 그리고 제안된 방법은 이전 영상에서 분할된 경계 정보를 사용하여 탐색 영역을 제한함으로써 곡선이 작은 영역으로 축소될 가능성을 줄인다.

3.3 교배와 돌연변이 방법

진화 과정은 재생산, 교배, 돌연변이 연산을 통해서 새로운 해집합인 개체군을 생성한다. 재생산을 위해서는 개체군에 속한 각 해에 대한 적합도가 계산되고 이를 바탕으로 교배집합이 생성된다. 본 연구에서는 교배집합 생성을 위해서 토너먼트(tournament) 재생산방법을 채택하였다[12]. 교배연산은 교배집합에서 무작위로 두 부모 염색체를 선택하고 각 부모의 유전인자들을 교환하여 한 쌍의 새로운 자식 염색체를 생성한다. 부모 염색체를 교환하여 새로운 자식 염색체를 생성할 때, 교환이 될 유전인자의 범위를 결정하기 위하여 한 점(one point) 방법을 사용하였다. 즉 염색체를 구성하는 비트들을 하나의 기준점을 중심으로 두 부분으로 나누어 교환을 수행한다. 단 유전인자의 내부가 절단되어 유전인자 자체가 바뀌는 것을 방지하기 위해서 유전인자와 유

전인자의 사이에 절단점이 위치할 수 있도록 한다. 이렇게 교배연산을 통해서 생성된 자식 염색체들은 오직 부모 염색체의 유전인자를 물려받게 된다.

만약 개체군에서 최적해 염색체를 구성하는 유전인자들이 존재하지 않으면, 교배동작만으로는 최적해를 만들지 못한다. 돌연변이 동작은 새로운 유전인자를 만들어 이러한 문제를 해결한다.

선택된 두 부모 염색체를 대상으로 교배 연산과 돌연변이 연산을 수행할 때 교배확률 p_c 와 돌연변이 확률 p_m 가 중요한 역할을 수행한다. 기존의 대부분의 유전자 알고리즘에서는 고정된 확률을 사용하고 있으나 본 연구에서는 부모 염색체의 적합치에 따라서 교배 확률과 돌연변이 확률을 적응적으로 결정하는 알고리즘을 채택한다[15]. 또한 교배시 두 부모 염색체를 동일 취급하지 않고 적합치에 따라서 차별적으로 유전자를 교환하는 방안을 제안한다. 적합치가 높은 염색체는 교배가 일어날 확률이 작은 값으로 결정되도록 하고 적합치가 작은 염색체는 큰 값으로 결정되도록 한다. 이때 현재 개체군의 평균 적합치보다 작은 경우 높은 확률로 교배가 일어나도록 한다. 제안된 유전자 교환 과정은 다음과 같이 요약될 수 있다.

1. 부모 염색체들의 교배 확률 p_{c1} 와 p_{c2} 을 다음 식을 사용하여 계산한다.

$$p_c = \begin{cases} k_1 \frac{f_{best} - f'}{f_{best} - f_{avg}} & f' \geq f_{avg} \\ k_2 & f' < f_{avg} \end{cases} \quad (5)$$

여기서 f_{best} 와 f_{avg} 는 교배집합내 염색체들 중에서 가장 높은 적합치와 평균 적합치를 나타내고, f' 는 고려 대상인 부모 염색체의 적합치이다. 상수 k_1 은 염색체의 적합치를 어느 정도 반영하여 교배 확률을 계산할지를 정하는 상수로써 1이면 적합치 모두가 반영이 되어진다. 상수 k_2 는 적합치가 현 세대의 평균 이하의 값일 때 교배를 일으킬 확률값이다. 본 연구에서는 적은 확률이나마 0.1확률의 예외를 허용하여 k_1 과 k_2 를 0.9로 설정하였다.

2. 구간[0, 1]내의 값을 갖는 균일 분포의 난수 p_r 을 발생시킨다. 만약 $p_r > p_{c1}$ 이고 $p_r > p_{c2}$ 이면, 부모 염색체의 어떠한 변화 없이 다시 집합(pool)에 넣는다.

3. 만약 p_r 이 p_{c1} 과 p_{c2} 사이의 값이면 높은 확률을 나타내는 부모만 상대편 부모의 유전인자의 값을 받아 변경되도록 한다. 낮은 확률을 나타내는 부모는 변경 없이 집합에 들어간다.

4. 만약 p_r 이 p_{c1} 과 p_{c2} 모두 보다 작으면, 다른 유전자 알고리즘처럼 교배를 하여 자식 염색체들을 만든다. 위 방법은 현 세대에서 적합치가 높은 염색체를 다음

세대의 개체군에 유지하는 장점이 있다.

돌연변이 연산도 식 (6)으로 적용적으로 계산되는 돌연변이 확률 p_m 을 기반으로 하고 있다.

$$p_m = \begin{cases} k_3 \frac{f_{best} - f'}{f_{best} - f_{avg}} & f' \geq f_{avg} \\ k_4 & f' < f_{avg} \end{cases} \quad (6)$$

식 (6)에서 k_3 와 k_4 는 상수로써 0.6으로 설정되었다. 즉 적합치가 평균이상인 돌연변이 확률을 작게 함으로써 현 세대의 해들이 너무 많이 변하는 것을 방지한다. 돌연변이 연산도 교배연산과 같은 방법으로 수행된다. 즉 높은 적합치를 갖는 후보 염색체는 상대적으로 적은 확률로 돌연변이가 일어나도록 한다. 따라서 제안된 교배와 돌연변이 방법에서는 교배집합내 가장 높은 적합치 f_{best} 을 갖는 염색체는 더 높은 적합치를 갖는 새로운 염색체가 생성될 때까지 살아남게 된다. 이러한 방법은 제안된 개체군 초기화방법과 함께 최적해에 보다 빠른 수렴을 돕는다.

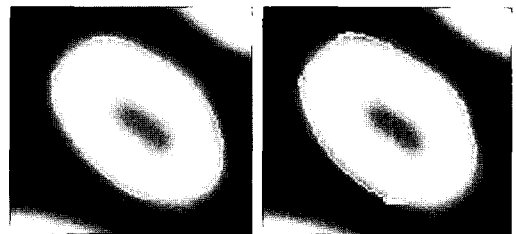
4. 실험 결과 및 응용

제안된 알고리즘을 실제 치아 CT 영상과 인위적으로 생성한 영상에서 물체의 경계추출에 적용하여 성능을 평가하였다. 평가에 사용된 실제 치아 CT자료는 슬라이스 간 간격이 0.67mm인 연속적인 영상열이고, 인위적인 자료는 유사한 밝기와 형태를 갖는 유사물체에 인접해 있는 상황을 고려하여 생성된 영상이다. 비교평가를 위해서 제안된 방법과 가장 유사한 경계표현 방법과 적합함수를 사용하는 B-spline snake 알고리즘[5]를 선택하였다. 이하의 결과에서 B-spline snake의 경화변수는 2로 설정하였다.

먼저 우리는 이 알고리즘들을 치조골속에 둘러싸인 치아와 유사한 형태의 인공 영상에 적용하였다. 그림 7은 적용 결과를 보여준다. 이 결과는 경계의 B-spline 표현을 위해서 8개의 제어점을, 탐색을 위해서 각 제어점 주위에 40*40 크기의 탐색창을, 진화연산을 위한 초

기 개체군 크기는 20을 사용하여 생성되었다. 그림 7의 결과는 이웃한 물체가 존재할 때 제안된 방법이 보다 정확하게 경계를 추출할 수 있음을 보여준다.

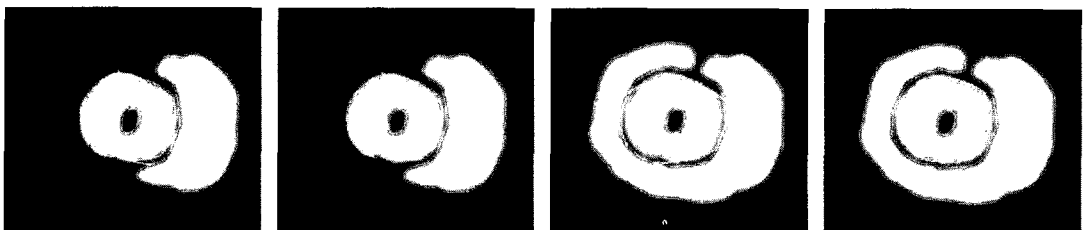
하나의 폐곡선을 나타내는 제어점이 많지 않으면 적합시 경계가 꼬일 가능성이 높아진다. 그림 8은 치아의 크기가 작으므로 탐색창의 크기를 10*10으로 줄이고 나머지는 그림 7과 동일한 조건하에서 제어점을 16개로 하였을 경우 B-spline snake와 제안된 방법의 결과를 비교하여 보여준다.



(a) 제안된 방법 (b) B-spline snake

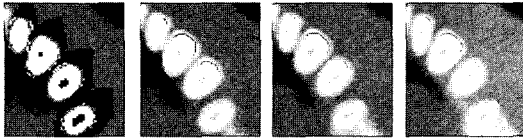
그림 8 제어점을 많이 한 경우 치아 CT영상에서 추출된 치아 경계

치아 CT영상에서 개별 치아는 종종 다른 치아들이나 치조골과 인접하여 나타난다. 그림 9는 이러한 CT영상들에 적용된 결과의 일부를 보여준다. 연속영상에서 초기 개체군 형성을 위해 표준편차 10을 사용하였으며 나머지 매개변수는 그림 8의 경우와 같다. 가장 왼쪽의 영상은 영상열내 최초의 치아 경계를 발생하기 위해 사용자 상호작용으로 개별 치아를 분할하는 임계치들을 입력하여 이진화된 영역의 경계를 B-spline으로 표현한 후 각 방법의 적합함수으로써 적합시켜 초기 경계를 발생한 것을 보여준다. 그림 9의 결과에서 볼 수 있듯이 제안된 알고리즘은 실제 영상열에서도 주변물체에 적합되지 않고 보다 정확하게 치아영역을 추출할 수 있음을 알 수 있다. 반면 기존의 방법에 의한 결과는 연속된 영상의 처리 횟수가 증가될수록 경계가 잘못 적합되어 나



(a) B-spline snake (b) 제안된 방법 (c) B-spline snake (d) 제안된 방법

그림 7 인접한 다른 물체에 둘러 쌓여있는 경우 추출된 경계를



(a) 제안된 방법



(b) B-spline snake 방법

그림 9 CT영상열에서 추출된 치아 경계들의 일부분

타나는 것을 볼 수 있다. 이러한 결과는 제안된 방법의 적합함수와 초기 개체군 발생 방법에서 기인한다고 판단된다. 개체군 초기화 과정은 전 영상의 분할 결과를 근거로 형성된 확률 분포 함수를 사용하여 최적 해에 근접한 초기 해들을 선택할 확률을 높였고, 적합함수는 다른 물체의 경계를 차별화함으로써 이웃한 물체의 경계에 적합되는 것을 방지하였다.

제안된 알고리즘의 정확성을 평가하기 위하여 각 영상마다 사용자 상호작용으로 결정된 이상적인 치아영역과 알고리즘을 적용하여 추출한 경계의 영역을 비교하여 false-positive 오류와 false-negative 오류, 유사 인덱스(similarity index)와 비유사 인덱스(dissimilarity index)를 계산하였다[3,16] false-positive 오류는 알고리즘으로 분할된 영역이 이상적인 영역에 포함되지 않는 영역의 오류이며 false-negative 오류는 이상적인 영역이 알고리즘으로 분할된 영역에 포함되지 않는 영역의 오류를 일컫는다. 유사 인덱스는 0과 1사이의 값을 가지며 두 영역이 유사할수록 1의 값을 나타내고 비유사 인덱스는 0과 2사이의 값을 가지며 0에 가까울수록 두 영역이 유사함을 나타낸다. 표 1은 개별 치아에 대해 해당 치아를 구성하는 슬라이스 갯수로써 각 오류와 인덱스값들의 평균을 구한 것을 보여준다. 이때 그림 9의 분할 조건을 유지하였다.

그림 10의 그래프는 주어진 한 치아에 대해 슬라이스별로 계산된 유사인덱스를 나타낸다. 그래프 가로축의 왼쪽 부분은 치관(tooth crown)을 포함하는 슬라이스에 해당하고 오른쪽 부분은 치근(tooth root)을 포함하는 슬라이스들이다. 슬라이스가 치관에서 치근으로 진행될수록 치아를 둘러싸는 치조골의 양이 많아진다. 그림 10에서 볼 수 있듯이 치아 주변에 치조골의 양이 증가하여도 제안된 알고리즘이 보다 정확하게 치아를 분리함을 보여주고 있다. 그림 10의 결과와 그림 7과 9의 결과 모두에서 제안된 알고리즘이 주변에 유사한 물체가

표 1 제안된 알고리즘의 개별 치아 분할 결과

치아 번호	슬라이스 갯수	FPE[%]	FNE[%]	S_{agr}	S_{dis}
1	20	12.60	3.53	0.92	0.15
2	25	4.50	5.60	0.95	0.10
3	22	5.55	9.59	0.93	0.15
4	27	10.22	8.76	0.91	0.19
5	23	3.02	6.68	0.95	0.09
6	25	2.0	12.6	0.92	0.16

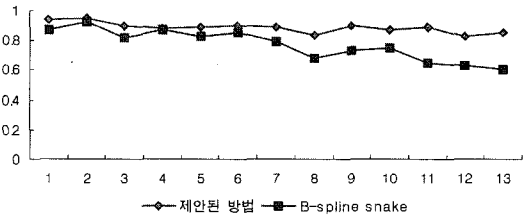
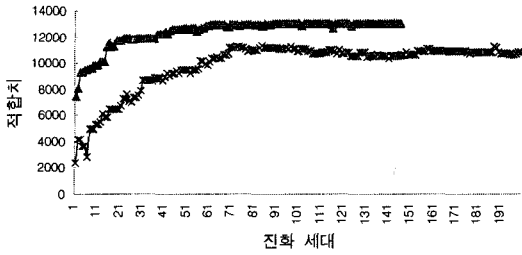


그림 10 주어진 치아에 대해서 슬라이스별로 계산된 유사인덱스

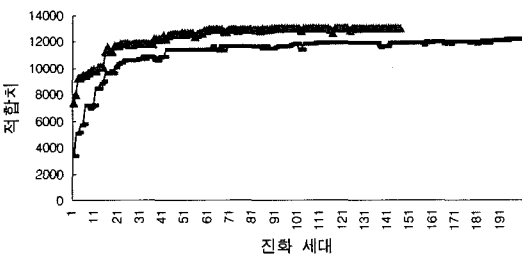
존재하는 경우 보다 효율적임을 보여주고 있다.

제안된 적합 방법은 전 영상의 분할 결과를 효과적으로 현재 영상에서 이용함으로써, 영상열에서 빠르게 경계를 추출할 수 있도록 고안되었다. 제안된 알고리즘의 수행속도를 분석하기 위하여 기존 연구에서 많이 채택하고 있는 두 가지 유전자 알고리즘을 구현하여 비교하였다. 초기 개체군 생성을 위해서는 두 방법 모두 균일분포의 무작위 수 발생 방법을 사용하고 교배연산을 위해서는 하나는 고정된 교배 확률($p_c = 0.75$)과 돌연변이 확률($p_m = 0.075$)을 사용하고 다른 하나는 적합도에 따라서 적응적으로 결정하는 방법(AGA)을 사용한다. 제안된 방안은 이전 영상에서 추출된 경계를 바탕으로 초기 개체군을 생성하고 교배와 돌연변이 연산을 위해서는 적응적으로 결정되는 확률들을 사용한다. 그림 11은 제안된 방법과 기존의 두 방법의 수행속도를 보여주고 있다. 그림에서 제안된 방법은 기존의 두 방법보다 빠르고 높은 수렴율(convergence rate)을 보여주고 있는데 그 원인은 제안된 개체군 생성에서 실제 해에 가까운 초기 염색체들을 생성하고, 제안된 진화과정에서 가능성이 높은 염색체를 유지하고 향상시키기 때문인 것으로 분석된다.

다음 표 2는 적합과정의 종결조건에 이를 때까지의 제안된 방법과 기존의 고정된 확률 방법 그리고 기존의 적응적으로 확률을 결정하는 방법의 계산 시간의 비교를 나타낸다. 종결조건으로써 이전 세대의 적합치와 현재 세대의 적합치가 20회 이상 변화가 없을 때 종결하였다. 다음 값은 주어진 한 치아에 대한 10회 테스트의



(a) 제안된 방법과 기존의 고정된 확률 방법과의 비교



(b) 제안된 방법과 기존의 AGA 방법과의 비교

그림 11 수렴률의 비교

표 2 제안된 알고리즘의 수행시간 비교

	제안된 방법	기존의 AGA 방법	기존의 고정된 확률 방법
수행 시간[sec]	5.8	7.15	7.9

평균값이다. 테스트 환경은 P4 CPU 1.4MHz, RAM 512Mbyte이다.

5. 결론

본 논문에서는 유사한 형태와 밝기 특성을 갖는 물체들이 근접해 있는 CT 영상열로부터 물체의 경계를 효율적으로 추출할 수 있는 유전자 알고리즘기반의 B-spline 적합 방법을 제안하였다. 이전 영상에서 추출된 경계정보를 사용하여 최적해에 보다 근접한 초기 해들이 선택될 수 있는 초기 개체군 생성 방안을 제안하였고, 적합시 인접한 물체의 경계를 구분하고 경계가 꼬이지 않도록 하는 적합함수 그리고 신속한 수렴을 지원하는 교배와 돌연변이 방안을 제안하였다. 인위적으로 생성된 자료와 실제 치아 CT 영상열을 대상으로 한 유전자 알고리즘을 사용하는 기존의 B-spline snake 알고리즘과의 비교평가에서 제안된 알고리즘은 물체의 경계를 보다 정확하게 검출할 수 있음을 보여주었다. 특히 치조골과 다른 치아들이 접해있는 실제 CT 영상에서 개별 치아를 성공적으로 분리함으로써 CT 영상으로부터 개

별치아를 독립적으로 조작할 수 있는 3차원 치아 모델의 재구성의 가능성을 보여주었다.

참고 문헌

- [1] Han, C., Kerwin, W. S., "Detecting objects in image sequences using rule-based control in an active contour model," IEEE Trans. on Biomedical Engineering, vol. 50, no. 6, pp.705-710, 2003.
- [2] Ballerini, L., Bocchi, L., "Multiple genetic snakes for bone segmentation," EvoWorkshops, vol. 2611 of LNCS., Springer, pp.346-356, 2003.
- [3] Klemencic, J., Valencic, V., Pecaric, N., "Deformable contour based algorithm for segmentation of the hippocampus from MRI," CAIP., vol. 2124 of LNCS., Springer, pp. 298-308, 2001.
- [4] Kass, M., Witkin, A., Terzopoulos, D., "Snakes: Active contour models," International Journal of Computer Vision, vol. 1, pp.321-331, 1998.
- [5] Brigger, P., Hoeg, J., Unser, M., "B-spline snakes: A flexible tool for parametric contour detection," IEEE Trans. on Image Processing, vol. 9, no. 9, pp.1484-1496, 2000.
- [6] Menet, S., Saint-Marc, P., Medioni, G., "Active contour models: Overview, implementation and applications," Systems, Man and Cybernetics, IEEE Conf., pp.194-199, 1990.
- [7] Cerrolaza, M., Annicchiarico, W., Martinez, M., "Optimization of 2D boundary element models using B-splines and genetic algorithms," Engineering analysis with boundary elements, pp.427-440, 2000.
- [8] Ooi, C., Liatsis, P., "Co-evolutionary-based active contour models in tracking of moving obstacles," ADAS., IEEE Conf., pp.58-62, 2001.
- [9] MacEachern, L. A., Manku, T., "Genetic algorithms for active contour optimization," IEEE Int. Sym. for Circuits and Systems, pp.229-232, 1998.
- [10] Farin, G., Curves and surfaces for CAGD., 4th Ed., pp.141-168, Academic Press, 1996.
- [11] Toet, A., Hajema, W. P., "Genetic contour matching," Pattern Recognition Letters 16, pp.849-856, 1995.
- [12] Chong, E. K. P., Zak, S. H., An introduction to optimization, 2nd Ed., pp.237-250, Wiley-Interscience, 2001.
- [13] Ahn, B., "A study on a high-speed Gaussian random number generator," IEEE Asia Pacific Conf. on Circuits and Systems, pp.30-32, 1996.
- [14] Liu, S., Ma, M., "Seed-growing segmentation of 3D surfaces from CT-contour data," Computer-Aided Design vol. 31, pp.517-536, 1999.
- [15] Srinivas, M., Patnaik, L. M., "Adaptive probabilities of crossover and mutation in genetic algorithms," IEEE Trans. Systems, Man and Cybernetics vol. 24 no. 4, pp.656-667, 1994.

- [16] Zijdenbos, A. P., Dawant, B. M., Margolin, R. A., Palmer, A. C., "Morphometric analysis of white matter lesions in MR images: Method and validation," IEEE Trans. Medical Imaging, vol. 13, pp.716-724, 1994.

허 훈

정보과학회논문지 : 소프트웨어 및 응용
제 32 권 제 1 호 참조

이 정 현

정보과학회논문지 : 소프트웨어 및 응용
제 32 권 제 1 호 참조

채 옥 삼

정보과학회논문지 : 소프트웨어 및 응용
제 32 권 제 1 호 참조