

Active Contour Model과 유전 알고리즘을 이용한 의료 영상 분할

이 성 기

경북대학교 컴퓨터과학과

(2000년 7월 8일 접수, 2000년 10월 11일 채택)

Segmentation of Medical Images Using Active Contour Models and Genetic Algorithms

S.K. Lee

Department of Computer Science, Kyungpook National University

(Received July 8, 2000, Accepted October 11, 2000)

요약 - 본 논문에서는 active contour model과 유전 알고리즘을 이용하여 의료영상에서 해부학적 객체의 경계선을 자동으로 추출하는 방법을 제안한다. active contour model의 성능은 active contour model의 에너지를 최소화 하는 방법에 크게 영향을 받는다. 본 논문에서는 유전 알고리즘을 이용하여 active contour model의 에너지를 최소화 하는 방법을 제안한다. 본 방법을 대퇴골두 의료영상에 적용하여 실험하였으며, active contour model의 초기화에 관계없이 성공적인 결과를 얻었음을 보였다.

Abstract : In this paper, we propose the method to extract the anatomical objects in medical images using active contour models and genetic algorithms. The performance of active contour models is mostly decided by the optimization of active contour model's energy. So, we propose to use genetic algorithms to optimize the energy of active contour models. We experimented our proposed method on the femoral head medical images and proved that our method provides very acceptable results from any initialization of active contour models.

서 론

의료영상 기기의 발달로 전산화 단층촬영(computed tomography, CT), 자기공명(magnetic resonance imaging, MRI), 양전자방사 단층촬영(positron emission tomography, PET), 광자방사 전산화 단층촬영(single photon emission computed tomography, SPECT), 초음파(ultrasound) 등과 같이 의료영상의 종류가 다양해지면서 의료진단 및 치료에서 의료영상의 차지하는 역할이 점점 더 중요해지고 있다. 아울러 의료영상들의 양이 많아지면서 컴퓨터를 이용한 의료영상의 자동처리에 대한 연구가 매우 활발하다. 특히 진단의 효율성을 높이기 위

해 의료영상 내의 해부학적 객체의 경계를 자동으로 추출하는 연구가 활발히 진행되고 있다.

영상에서 관심 있는 영역의 경계를 추출하는 방법[1]으로는 지금까지 주로 템플릿 정합(template matching), 에지(edge) 기반의 방법, 이진화(thresholding) 기반의 방법 등이 많이 사용되었으나, 최근에는 Kass[2] 등이 제안한 active contour model(snake)을 이용한 방법을 많이 사용하고 있다. 템플릿 정합 방법은 찾고자 하는 영역의 형태가 고정된 템플릿과 같거나 비슷하여야 하므로 영상에서 찾고자 하는 영역이 잡음 등의 영향으로 많이 변형된 경우에는 찾기 어려운 단점이 있다. 에지 기반의 방법과 이진화 기반의 방법은 영상의 특징인 화소 값에만 의존하여 영역을 추출하므로 관심 있는 영역의 형태를 고려하지 않는 단점이 있다. 반면에 active contour model은 관심 있는 영역의 형태와 영상의 특징을 동시에 고려하므로 정확하게 영역의 경계를 추출할 수 있는 장점을 가지고 있다[3].

active contour model을 이용하여 영역의 형태와 영상의 특

본 연구는 한국과학재단 특성기초연구(97-01-02-01-01-3) 지원으로 수행되었음

통신저자 · 이성기, 경북대학교 컴퓨터과학과

Tel. (053)950-6375

E-mail. sklee@knu.ac.kr

정을 동시에 고려한 영역의 경계를 추출하기 위해서는 효과적인 에너지 수식을 고안하여 그 에너지 수식을 최소화하여야만 한다. active contour model의 성능을 좌우하는 에너지를 최소화하기 위하여 지금까지 여러 가지 방법이 제안되었다. active contour model을 제안했던 Kass[2] 등은 Euler방정식의 해를 구하여 에너지 함수를 최소화하였다. 그러나, 이 방법은 에너지 수식이 미분 가능하여야 한다는 강한 제약조건이 있으며 초기화에 의해 결정적인 영향을 받는다[4-6]. 이러한 문제점을 극복하기 위하여 Amini[5] 등은 동적 프로그래밍(dynamic programming)을 이용하는 방법을 제안하였으며, Williams[6] 등은 탐욕 알고리즘(greedy algorithm)을 제안하였다. 그러나, 동적 프로그래밍(dynamic programming)은 상당히 높은 시간 복잡도(time complexity)와 공간 복잡도(space complexity)를 가지며, 탐욕 알고리즘(greedy algorithm)은 이전까지의 수행에서 얻어진 정보를 활용하지 못하여 지역적인 해에 빠지는 단점을 가지고 있다. Tsai[7]는 active contour model의 에너지를 최소화하기 위하여 Hopfield 신경망을 사용하는 방법을 제안하였다. 그러나, 탐색 영역을 넓게 설정하는 경우 많은 신경세포들을 안정화시켜야 하므로 수행시간이 오래 걸릴 뿐 아니라 요구되는 메모리 공간도 탐색 영역의 범위에 비례하여 커지게 된다.

Cohen[8,9]은 active contour model의 초기화에 대한 의존성 문제를 해결하기 위하여 풍선(balloon)모델을 제안하였다. 풍선(balloon)모델은 active contour model의 형태를 찾고자 하는 객체의 중심으로부터 팽창하도록 함으로써 초기화 문제를 크게 줄였으나, 경계가 뚜렷하지 않은 부분에서는 모델이 팽창을 계속하게 되는 단점이 있으며, 에너지가 최소화된 active contour model을 구하기 위하여 풍선(balloon)의 팽창정도를 제어하는 매개변수의 값을 정하기 어려운 문제점이 있다.

이와 같이 active contour model의 에너지를 최소화하기 위한 기존의 방법들은 대부분 초기화에 대한 의존성이 크거나, 지역적인 해에 빠지기 쉽거나 또는 수행시간이 지나치게 느리다는 단점을 가지고 있다. 그러나, 의료영상에서 해부학적 객체의 경계를 자동으로 추출하기 위해서는 active contour model의 에너지를 초기화에 관계없이 전역적으로 최소화하는 방법이 필요하다. 본 논문에서는 유전 알고리즘을 이용하여 active contour model의 에너지 수식을 최소화하는 방법을 제안하며, 제안한 방법을 의료 영상에 적용하여 해부학적 객체의 경계를 성공적으로 추출하였다. 유전 알고리즘은 다른 종류의 탐색 알고리즘과는 달리 탐색 영역이 넓고 복잡한 경우에도 전역적 최적해 또는 이에 근접한 해를 찾을 수 있는 정점 때문에 최근에 크게 주목을 받고 있으며 기존의 알고리즘으로 해결하기 힘든 여러 분야에 적용되고 있다[1,10-12].

Active Contour Model (Snake)의 설계

active contour model은 내부 에너지와 영상 에너지, 그리고 외부 제약 에너지에 따라 형태가 변화하는 스플라인(spline)

곡선이다[2] active contour model $v(s)$ 의 에너지 함수는 다음과 같이 나타낼 수 있다[2-4].

$$\begin{aligned} E_{snake} &= \int_0^1 E_{snk}(v(s))ds \\ &= \int_0^1 E_{int}(v(s)) + E_{img}(v(s)) + E_{ext}(v(s)) ds \end{aligned} \quad (1)$$

여기서, 내부 에너지 $E_{int}(v(s))$ 는 active contour model의 내적인 힘으로 연속성(continuity)과 부드러움(smoothness)에 의해 계산되는 값이고, 영상 에너지 $E_{img}(v(s))$ 는 active contour model의 영상 내에서 물체의 특징(feature)을 나타내는 값이며, 외부 제약 에너지 $E_{ext}(v(s))$ 는 물체의 형태에 따라 외부적으로 경해지는 값이다.

active contour model을 이용하여 객체의 경계를 추출하는 과정은 먼저 원하는 경계선 부근에 초기경계선을 설정한 후에 이 곡선의 모양과 위치를 변화시키면서 에너지가 최소가 되는 곡선을 찾는다. 따라서, 초기경계선의 설정에 따라 전체 성능이 영향을 받기 쉬우며, 또한 경계선의 특성을 잘 반영하는 에너지 수식을 고안하는 일과 에너지 수식에 근거하여 최소의 에너지를 가지는 곡선을 찾는 일이 중요하다.

본 논문에서는 active contour model을 이용하여 대퇴골두 MRI영상에서 대퇴골두 영역의 경계선을 찾는 실험을 통하여 본 논문에서 제안한 방법의 타당성을 검증하였다. 이 실험의 전체적인 과정은 MRI영상 내의 대퇴골두 영역 부근에 초기 경계선을 설정하고 초기 경계선을 기준으로 탐색 영역을 설정한 후에 에너지 수식의 값이 최소가 되는 곡선을 유전 알고리즘을 적용하여 찾았다.

1. 초기 경계선의 설정

active contour model의 초기화 방법은 수동 설정 방법과 자동 설정 방법으로 나눌 수 있다. 수동 설정은 사용자가 영역의 경계선 부근에 직접 초기 경계선을 그리는 방법이며, 자동 설정은 에지 검출, 이진화(thresholding) 등을 이용하여 자동으로 설정하는 방법이다. 본 논문에서는 초기화 방법에 대한 의존성을 실험하기 위하여 수동 설정과 자동 설정을 모두 사용하여 실험하였다.

본 논문에서는 초기 경계선을 자동으로 설정하기 위하여 MRI 영상에서 대퇴골두 영역을 포함하는 일정범위를 범위사각형(bounding box)으로 설정하였으며, 범위사각형내의 영상에 대하여 다음의 과정을 적용하여 초기 경계선을 설정하였다.

첫째, 평균값 필터링을 적용하여 입력영상의 히스토그램 모양이 부드러운 곡선에 가깝게 한 후에 스플라인 근사회(spline fitting)를 이용하여 히스토그램을 스플라인(spline) 곡선으로 근사화한다.

둘째, 히스토그램의 최대 값 다음의 극소 값을 가지는 화소 값(pixel value)을 이용하여 입력영상을 이진화(thresholding)하여 객체 영역으로 찾아진 영역 중에서 가장 큰 영역 이외의

영역들을 제거한다.

셋째, 구해진 영역의 경계선을 추출하여 경계선 위의 점들을 일정 간격으로 샘플링 한 후에 이 점들을 스플라인으로 근사화한 곡선을 초기 경계선으로 설정한다.

그림 1은 초기 경계선을 설정한 예이다. 스플라인 곡선으로 근사화된 히스토그램과 대퇴골두 영역을 포함하는 범위사각형, 그리고 초기 경계선이 나타나 있다.

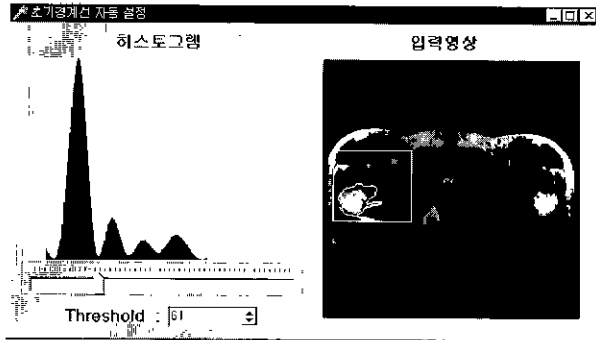


그림 1. 초기 경계선 자동 설정
Fig. 1. Automatic initialization of snakes

2. 탐색 영역의 설정

본 연구에서는 의료 영상에서 추출하고자 하는 객체의 경계선 주위에 active contour model의 초기 경계선을 설정하므로 탐색 영역을 초기 경계선 주위의 범위로 제한한다 객체의 경계선을 추출하기 위한 탐색 영역은 다음과 같이 설정하였다.

첫째, 초기 경계선 상의 점들을 일정한 간격으로 샘플링한다.

둘째, 샘플링된 각 점을 중심으로 초기 경계선에 수직인 그리드 선(grid line)을 구한다.

셋째, 그리드 선 위에서 등 간격으로 그리드 점(grid point)들을 설정한다. 각 그리드 선에서 샘플링 하는 그리드 점의 수는 2^l개로 정하며, 샘플링 된 그리드 점들은 0에서 2^l-1까지 색인을 붙인다 여기서 l은 그리드 점들의 색인을 부호화하기 위한 비트(bit)수이다.

그림 2는 실제 영상에서 원형 그리드 구조로 구성된 탐색 영역을 나타내며, 그림 3은 위의 과정에 의해 설정된 탐색 그

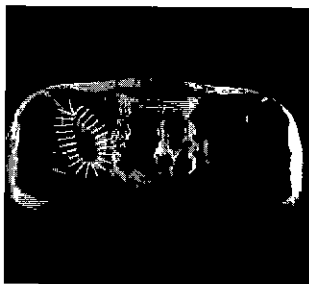


그림 2. 설정된 탐색 영역
Fig. 2. Search Area

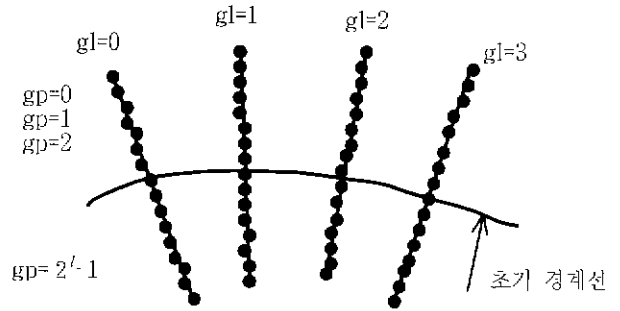


그림 3. 탐색 그리드
Fig. 3. Search Grid

리드의 일부분을 자세하게 나타낸다.

3. Active Contour Model (Snake)의 에너지 수식

active contour model의 탐색 영역을 그리드 구조로 구성하였으므로, 임의의 active contour model은 각 그리드 선에서 그리드 점을 하나씩 선택하여 연결한 곡선으로 나타낼 수 있다 그러나, 그리드 점 사이의 거리가 불규칙하기 때문에 그리드 점들을 연결한 곡선으로는 active contour model의 정확한 에너지를 구하기가 어렵다.

본 논문에서는 active contour model의 에너지를 정확히 구현하기 위하여 그리드 점들을 B-spline으로 근사화하여 B-spline 수식으로 나타낸 active contour model, 즉 B-snake의 에너지를 사용하였다.[13] 3차(cubic) B-spline으로 표현된 B-snake의 j번째 곡선성분(curve segment)은 다음과 같은 매개변수 수식으로 나타낼 수 있다.

$$Q_j(u) = \sum_{i=0}^3 P_i B_i(u)$$

여기서, P_i=(x_i, y_i)는 근사화된 B-spline의 제어점(control point)들이며 B_i(u)는 B-spline의 기저함수(basis function)이다.

첫째, active contour model의 내부에너지(internal energy)는 B-spline 수식을 미분하여 구하였다

$$E_{int} = \sum_{j=0}^M \left[\int_0^1 \left(\alpha \frac{\partial Q_j(u)}{\partial u} + \beta \frac{\partial^2 Q_j(u)}{\partial u^2} \right) \right]$$

여기서, M은 B-snake를 구성하는 곡선성분(curve segment)의 개수이며, Q_j는 j번째 곡선성분을 나타낸다.

둘째, active contour model의 영상에너지는 B-snake를 등 간격으로 조밀하게 샘플링하여 샘플링된 점들에 대해 아래의 수식을 이용하여 구하였다

$$E_{img} = -\gamma \sum_{k=1}^N n_k \cdot \nabla I(v_k)$$

여기서, N 은 B-snake상에서 샘플링된 점의 개수이며, v_k 는 k 번째 점을 나타낸다. n_k 는 점 v_k 에서 B-snake의 바깥 방향으로의 법선벡터이고, $\nabla I(v_k)$ 는 점 v_k 에서 영상의 밝기 값이 변하는 방향의 벡터이다. 위 식에 의하여 점 v_k 에서의 에너지는 active contour model의 방향과 영상의 밝기 값이 변하는 방향이 수직일 때 가장 작게 된다.

셋째, 본 연구에서는 영상에 충실한 경계선을 얻기 위하여 외부 제약 에너지를 0으로 하였다.

위와 같은 방법으로 본 논문에서 구현한 B-snake의 전체적인 에너지 수식은 아래와 같다.

$$E_{snake} = E_{int} + E_{img}$$

$$= \sum_{j=0}^M \left[\int_0^1 \left(\alpha \frac{\partial Q_j(u)}{\partial u} + \beta \frac{\partial^2 Q_j(u)}{\partial u^2} \right) \right]$$

$$- \gamma \sum_{k=1}^N n_k \cdot \nabla I(v_k)$$

B-snake의 내부에너지와 영상에너지의 중요도를 결정하는 매개변수들(α , β , γ)은 실험적으로 정하였으며, 내부에너지와 영상에너지의 중요도를 같게 하였을 때 ($\alpha=0.25$, $\beta=0.25$, $\gamma=0.5$) 좋은 실험 결과를 얻을 수 있었다

유전 알고리즘을 이용한 에너지 최적화

유전 알고리즘은 자연 유전학의 직자생존의 원리를 기초로 한 적응성 최적화 기법으로서 넓은 탐색공간에 존재하는 최적의 해를 찾는 데 매우 적합한 기법이다.[1,10,11] 일반적인 유전 알고리즘의 전체적인 흐름은 다음과 같다.

```

초기 개체 집단 생성
초기 개체들 평가
while not terminate do
    현재의 개체 집단에서 부모 개체들 선택
    부모 개체들로부터 후손 개체들 생성
    새로운 개체들 평가하여 현재의 개체 집단 대체
end
    
```

유전 알고리즘은 John Holland[10]에 의하여 제안되었으며, 매우 다양한 분야에 활용되고 있다 유전 알고리즘의 가장 큰 특징은 탐색 결과의 강건함(robustness)에 있는데, 탐색 결과의 강건함이란 지역적 최적해에 쉽게 빠지지 않고 효율적으로 전역적 최적해 찾을 수 있는 특성을 말한다 따라서, 유전 알고리즘은 의료 영상에서 객체의 경계선을 추출하는데 이용되는 active contour model의 에너지를 최적화 하기에는 매우 적합한

한 방법이다.

유전 알고리즘으로 특징된 문제를 해결하기 위해서는 다음의 다섯 가지 중요한 요소가 갖추어져 있어야 한다.[11]

첫째, 문제에 대한 해들을 유전 알고리즘에 적합한 자료구조 형태, 즉 개체(chromosome)로 표현하여야 한다.

둘째, 초기 해들의 집합, 즉 초기 개체 집단(initial population)을 생성할 적당한 방법이 마련되어야 한다.

셋째, 해들의 우수성을 평가하여 적합도(fitness)를 계산하는 평가 함수(evaluation function)가 고안되어야 한다.

넷째, 부모 개체들로부터 새로운 자손 개체들을 생산해 내기 위한 유전 연산자(genetic operators)들이 고안되어야 한다

다섯째, 유전 알고리즘에서 사용하는 여러 매개변수들의 값을 적절히 설정하여야 한다

본 논문에서 구현한 유전 알고리즘에 필요한 요소는 다음 각각의 절에서 자세히 설명한다

1 개체 표현(Individual Representation)

각각의 개체(individual)는 탐색 영역 내의 그리드 점들의 집합으로 표현되는 서로 다른 active contour model를 나타낸다 개체의 표현은 탐색 영역내의 각 그리드 선을 구성하는 그리드 점의 색인(index)을 Gray code로 부호화 하여 active contour model를 구성하는 점들의 Gray code를 연결하여 표현하였다. 탐색 영역이 n 개의 그리드 선으로 구성되어 있고, 각 그리드 선을 16개의 점으로 샘플링 하였다면, 즉 탐색 영역이 $n \times 16$ 이차원 배열의 그리드 점들로 구성되었다면 각각의 개체는 그림 4와 같은 자료구조로 표현된다.

Gray code[14]는 비슷한 값들에 대한 코드가 비슷한 비트 형태(bit-pattern)로 나타나는데, 이러한 특성으로 인해 여러 가지 장점을 가지고 있다. 특히, Gray code는 이진 부호 공간에 존재하는 Hamming 절벽(cliff)이 제거되므로, 탐색 영역의 그리드 점들 사이의 거리와 이진화된 개체들 사이의 Hamming 거리가 비례하게 되어 유사한 개체들은 비슷한 에너지 값을 가지게 된다 따라서, 이진 코드를 사용하면 Hamming 절벽으로 인한 지역적 최적해에 빠지기 쉬우나, Gray code를 사용하면 이러한 지역적 최적해에 빠지는 위험을 줄일 수 있게 된다.

2. 초기 개체집단(Initial Population) 생성

초기 집단은 각 그리드 선에 대하여 그리드 점의 색인 값의 범위($0 \sim 2^l - 1$)내의 임의의 값들을 할당하여 개체집단의 크기만큼의 개체를 생성한다.

이 방법에서는 탐색 영역이 설정된 후에는 초기 경계선은 더 이상 이용되지 않는다. 따라서, 탐색 영역 내에 전역적 최

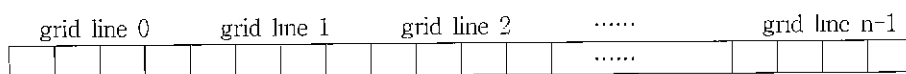


그림 4. 개체의 자료구조
Fig. 4. Data structure for individuals

적해가 있다는 가정 하에서 본 연구에서 제시하는 active contour model은 초기화에 영향을 받지 않고 전역적 최적해를 구할 수 있다.

3. 평가(Evaluation)

각각의 개체는 각각의 active contour model을 나타내므로 각각의 active contour model이 가지는 에너지를 2.3절에서 제시한 방법으로 구하여 각 개체의 적합도를 에너지와 반비례하게 계산하여 우수성 정도를 평가하였다

4. 유전 연산자

일반적으로 많이 사용하는 유전 연산자는 선택(selection), 교차변이(crossover), 돌연변이(mutation) 연산자들이다. 선택이란 새로운 후손을 만드는데 사용될 부모 개체들을 현재의 개체집단에서 선택하는 연산이고, 교차변이는 선택된 부모 개체들의 유전자(gene)들을 조합하여 새로운 후손을 만드는 연산이며, 돌연변이는 부모 개체의 유전자를 임의로 변형하여 새로운 후손을 만드는 연산이다

1) 선택(Selection)

현재의 개체 집단에서 선택되어 새로운 후손을 만드는데 사용되는 부모 개체들은 다음 세대에게 자신들의 유전자(gene)를 전달해주는 역할을 하므로 좋은 개체들이어야 한다.

대표적으로 사용되는 선택 방법들은 개체들의 적합도 값에 기반한 선택(proportionate selection)과 개체들의 적합도의 순서에 기반한 선택(ordinal-based selection)의 두 가지 유형으로 나눌 수가 있다[15] 순서에 기반한 선택 방법이 보통 적합도 값에 기반한 선택 방법보다 선호되는데, 그 이유는 적합도 값에 기반한 선택은 대부분 translation variant하기 때문이다. 즉, 각 개체의 적합도 값에 일정한 값을 더하거나 빼는 경우에 각 개체가 선택될 확률이 그전과 달라지는 단점이 있기 때문이다.

본 논문에서는 선택 방법으로 순서에 기반한 선택 방법에서 가까운 elitist recombination 방법을 사용하였다 elitist re-

combination은 선택(selection)과 교차변이(crossover)를 한 단계로 결합한 방법으로서 Thierens와 Goldberg에 의해 제안되었다[16].

elitist recombination 방법은 다음과 같이 요약할 수 있다 현재 세대의 개체집단을 임의의 순서대로 섞어서 중간 개체집단을 구성한다 중간 개체집단에서 인접한 n개의 개체에 대하여 교차변이 연산을 적용하여 후손을 생성한다 여기서 생성된 후손 개체와 부모 개체를 합하여 2n개의 개체들 중에서 적합도가 큰 n개의 개체를 선택하여 다음 세대의 개체집단에 포함시킨다 그림 5는 4-부모 교차변이 연산을 적용한 elitist recombination의 예를 나타낸다. 그림 5에서는 부모 개체 2개와 후손 개체 2개가 선택되어 다음 세대에 포함되었다.

elitist recombination의 가장 큰 특징은 교차변이에 의해서 생성된 후손 개체를 부모 개체와 경쟁을 시킨다는 점이다. 네 부분의 유전 알고리즘에서는 생성된 후손개체가 자동적으로 다음 세대에 포함되는데 반해 elitist recombination에서는 부모와의 경쟁에 이긴 후손개체만 다음 세대에 포함된다. 교차변이에 사용된 부모개체와 생성된 후손개체를 경쟁시켜서 적합도가 높은 개체들을 다음 세대의 개체집단에 포함시킴으로써 이미 발견된 우수한 개체들의 정보를 유지하면서 새로 생성된 우수한 개체들의 정보를 이용할 수 있는 장점이 있다.

2) 교차변이(Crossover)

교차변이 연산은 부모 개체들의 유전자(gene)들을 조합하여 새로운 후손 개체를 만드는 연산이다. 유전 알고리즘은 원래 자연계의 유전 매카니즘을 모델로 하였기 때문에 교차변이 연산을 위한 부모 개체의 수는 전통적으로 2개를 사용하였다. 그러나, 최근에는 2개 이상의 다수의 부모로부터 후손을 생성하는 여러 가지 교차변이 연산자가 제안되었으며, 실험을 통하여 여러 가지 장점이 발견되고 있다 [17]

본 논문에서는 13-부모 diagonal crossover를 사용하였다. diagonal crossover는 전통적인 n-point crossover를 다부모 연산자로 일반화한 것으로, p개의 부모 개체들을 n-1개의 점

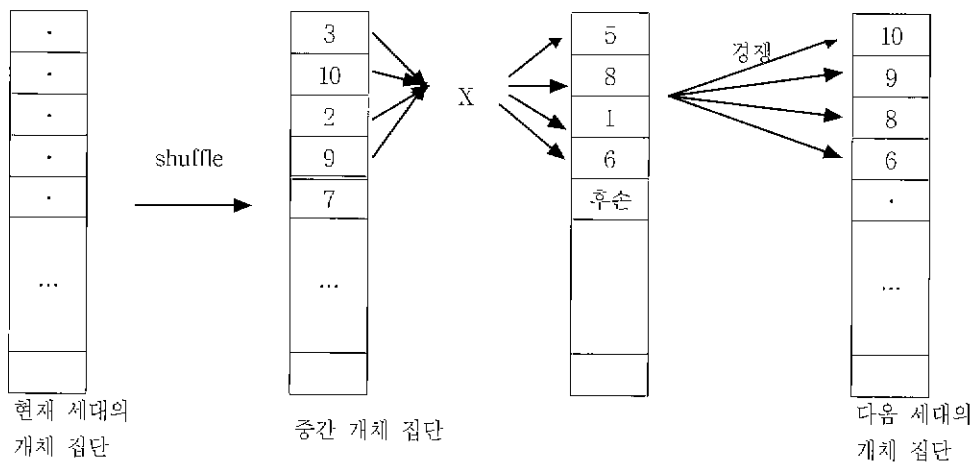


그림. 5. Elitist Recombination
Fig. 5. Elitist Recombination

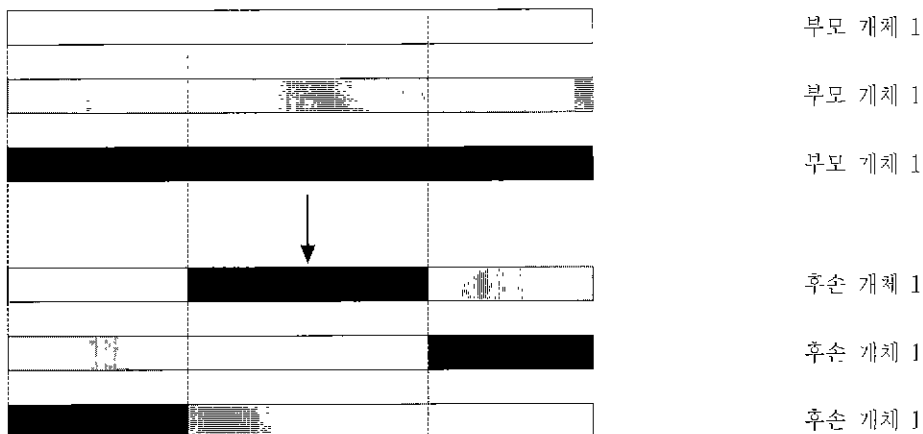


그림 6. 3-부모 diagonal crossover
Fig 6. 3-parent diagonal crossover

을 기준으로 각각 n 개의 부분으로 나눈 다음에 대각선 방향으로 각 부분들을 모아 후손개체를 만드는 연산자이다 그림 6은 3-부모 diagonal crossover를 나타낸다.

3) 돌연변이(mutation)

돌연변이 연산은 일반적인 방법으로 정해진 확률을 가지고 비트를 전환(Flip)시키는 방법을 사용하였다.

5. 매개변수 설정

유전 알고리즘의 매개변수는 개체집단의 크기를 100으로, 교차변이율(crossover rate)를 0.7로 설정하였고, 돌연변이율(mutation rate)은 개체 하나가 차지하는 비트 수의 역수로 정하여 한 개체당 평균 한 비트가 돌연변이 연산에 적용되도록 하였다. 교차변이율이나 돌연변이율은 Greffentstette가 제시한 [18] 일반적인 값보다는 높게 설정하였는데, 이것은 elitist recombination에서 사용하는 중간 개체집단의 크기가 크기 때문에 발생할 수 있는 미성숙 수렴의 위험을 감소시키기 위함이다. 종료조건(termination condition)에 대해서는 대부분의 경우 50번째 세대 이후에서는 더 이상 나아지지 않았으므로 50번째 세대까지로 제한하여 실험하였다

실험 및 고찰

본 연구에서는 대퇴골두 부분을 촬영한 MRI영상을 입력영상으로 사용하여 실험하였다 입력영상은 대퇴골두의 경계선 부분이 비교적 선명히 드러나고 모양이 부드러운 영상에서부터 경계선이 흐릿하거나 모양이 불규칙한 영상에 이르기까지 다양한 종류의 영상을 대상으로 실험하였다. 그림 7은 실험에 사용한 여러 영상들 중에서 대표적인 세 영상을 나타내며, 그림8은 대퇴 골두 영역을 의학 전문가가 수동으로 추출한 영상을 나타낸다. 그림 9에서 11은 본 연구에서 제안한 방법을 그림 7의 영상들에 적용하여 자동으로 초기화한 active contour model을 최적화 하는 과정을 나타낸다.

본 논문에서 제안한 방법의 타당성을 검증하기 위하여, 본 실험에서 추출한 대퇴 골두 영역과 전문가가 수동으로 추출한 영역간의 차이를 비교하여 다음과 같이 오차율을 계산하였다.

$$Error = \frac{n(R_M \oplus R_A)}{n(R_M)}$$

여기서, $n(R_M)$ 은 전문가가 수동으로 추출한 영역의 화소 수이며, $n(R_M \oplus R_A)$ 는 수동으로 추출한 영역과 본 실험에서 추출한 영역의 서로 겹치지 않는 부분의 화소 수를 나타낸다.

그림 9에서 11의 결과 영상들에 대한 오차율은 <표 1>과 같다. 오차율의 평균은 초기 경계선과 50세대 후의 최종 결과에 대해서만 계산하였다.

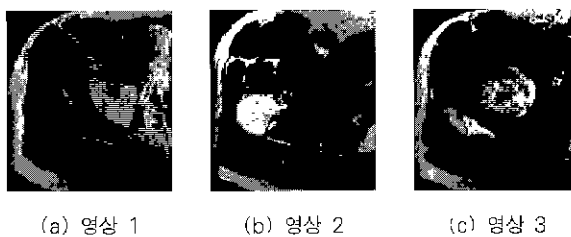


그림 7. 실험에 사용한 영상
Fig. 7. Images for the experiments

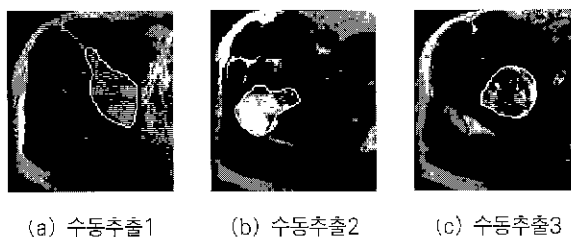


그림 8. 수동으로 추출한 대퇴 골두 영상
Fig. 8. Manually extracted femoral head images

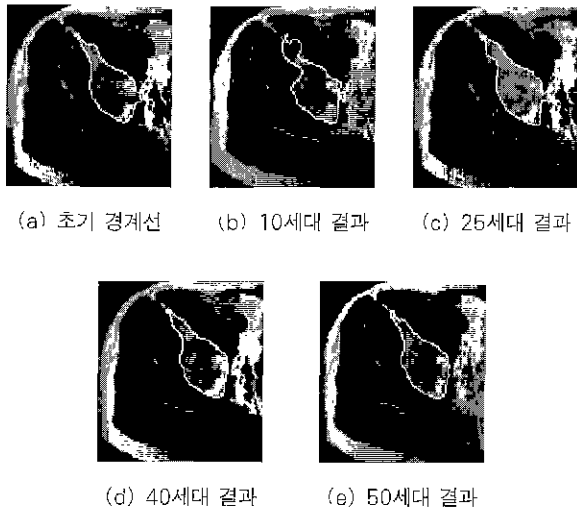


그림 9. 영상 1의 자동 초기화 결과
Fig. 9. Results of image 1 with automatic initialization

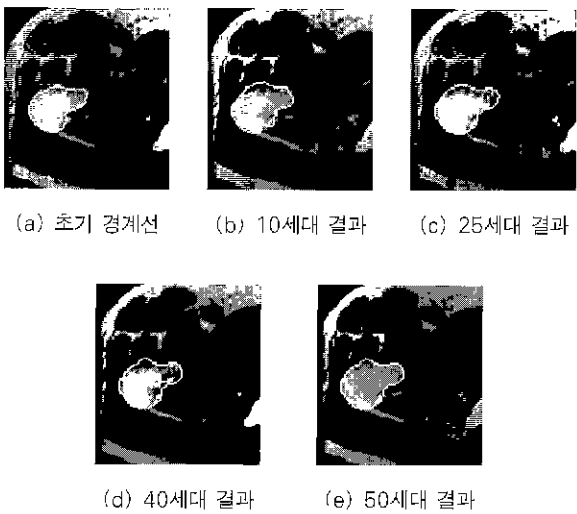


그림 10. 영상 2의 자동 초기화 결과
Fig. 10. Results of image 2 with automatic initialization

본 연구에서 제안한 방법에 의하여 경계선의 오차율이 평균적으로 12%에서 5% 정도로 줄었음을 알 수 있다.

active contour model을 사용하는데 어려운 문제 중의 하나는 active contour model의 결과가 초기화에 지나치게 민감한 것이다. active contour model의 에너지 최적화 기법으로 지역적 최적화 방법을 사용하는 경우에는 초기 경계선이 지역적 최적해보다 전역적 최적해에 더 가까이 있어야만 전역적 최적해를 구할 수 있다. 전역적 최적화 기법을 사용하면 이러한 어려움을 줄일 수 있지만 전역적 최적해를 찾기 위한 탐색 영역을 넓게 설정할 경우 수렴하는데 걸리는 시간이 그에 비례하여 급격히 증가하게 된다. 예를 들어 신경망을 사용하는 경우 탐색 영역의 넓이에 비례하여 노드의 수가 증가하므로 그만큼 수렴속도가 느려진다.

유전자 알고리즘은 전역적 최적해를 찾는 기법이면서도 수

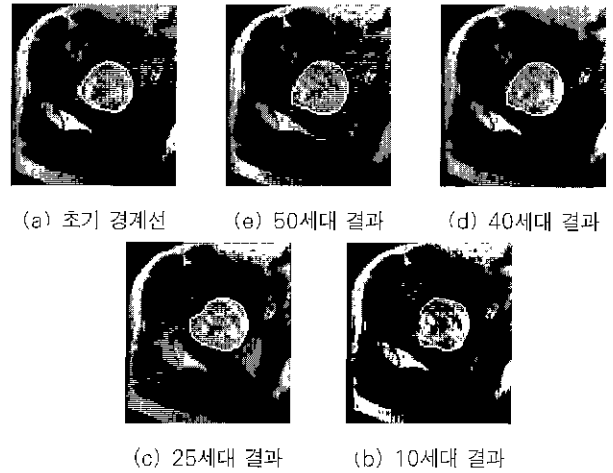


그림 11. 영상 3의 자동 초기화 결과
Fig. 11. Results of image 3 with automatic initialization

표 1. 자동 초기화에 대한 오차율 (%)

Table 1 Error Rates for the Automatic Initialization

	(a)초기	(b)10세대	(c)25세대	(d)40세대	(e)50세대
그림 9	11.5	21.4	12.3	10.3	5.9
그림 10	15.2	13.6	8.7	7.5	5.5
그림 11	10.1	14.6	6.8	6.3	6.3
평균	12.3				5.9

렴시간이 탐색 영역의 넓이에 완만하게 비례한다. 그러므로, active contour model의 에너지를 최적화하기 위하여 유전 알고리즘을 사용하면 좋지 않은 초기 경계선에 의해 탐색 영역이 설정되더라도 넓은 영역을 설정할 수 있으므로 최적해가 그 안에 존재할 가능성이 높다. 또한 초기 경계선은 탐색 영역을 설정하는 데에만 사용되고 실제 탐색을 수행할 때는 초기 경계선에 의존하지 않으므로 잘못된 초기 경계선으로 인한 탐색의 오류를 줄일 수 있다.

본 논문에서 제안한 방법의 초기화에 의존하는 정도를 평가하기 위하여 같은 영상에 대하여 여러 가지 방법으로 초기 경계선을 설정하여 최적화된 최종 결과가 얼마나 영향을 받는지를 평가하였다. 초기 경계선은 2.1절에서 제시한 사동으로 설정하는 방법과 수동으로 다양하게 설정하여 사용하였다.

그림 12에서 14는 그림 7의 영상 1에 대하여 수동으로 설정된 여러 가지 모양의 초기 경계선으로부터 본 논문에서 제시한 방법을 의하여 active contour model이 최적화 되는 과정을 나타낸다. 이 실험의 결과 영상들에 대한 오차율은 표 2와 같다. 자동으로 초기경계선을 설정한 실험과 비교하여 초기 경계선은 12.3% 대 37.8%로 차이가 많으나, 50세대 후의 결과는 5.9% 대 7.5%로 차이는 별로 없음을 알 수 있다. 그림에서 볼 수 있듯이 초기경계선에 의해 설정되는 탐색 영역이 실제 객체의 경계선을 포함하면 초기 경계선이 달라지더라도 active

contour model의 성능에는 큰 차이가 없음을 알 수 있다. 그 이유는 본 논문에서 제안한 방법이 초기 경계선 주위에서부터 탐색을 수행하거나 초기 경계선 부근에 가중치를 주는 등의 방법을 사용하지 않고 탐색 영역 전체에 대하여 균등한 확률로 탐색하기 때문이다

그림 15는 영상 1에 대하여 다양한 방법으로 초기 경계선을 설정하여 active contour model을 최적화 하는 실험에서 유전 알고리즘의 각 세대마다 적합도가 가장 높은 개체, 즉 에너지가 가장 낮은 active contour model의 적합도의 변화를 나타낸 그림이다. active contour model의 초기화 방법에 관계없이 세대가 지나면서 최고 적합도가 거의 비슷한 형태로 증가함을 알 수 있다.

본 논문에서 제안한 유전 알고리즘의 성능을 실험하기 위하여 기존의 다른 최적화 방법들과 비교하여 평가하였다. 비교

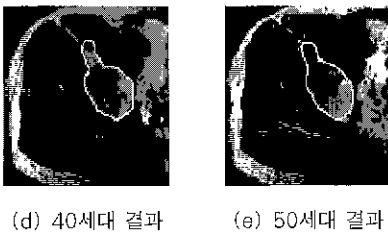
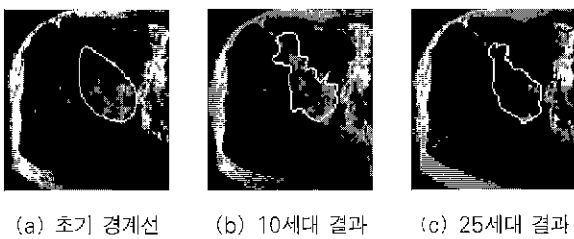


그림 12. 수동 초기화 (1)
Fig. 12. Manual Initialization (1)

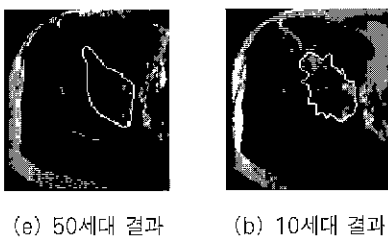
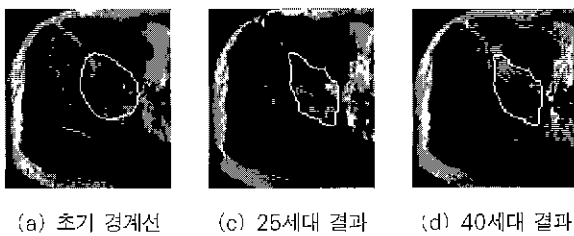


그림 14 수동 초기화 (3)
Fig. 14. Manual Initialization (3)

대상 최적화 방법으로는 hill climbing과 one-point hill climbing, 그리고 Gauss 무작위 탐색(random search)을 사용하였다

hill climbing에 의한 active contour model의 에너지 최적화는 다음과 같은 방법으로 실험하였다. 탐색 영역 내의 각 그리드 선에 대하여 현재의 active contour model이 지나는 그리드 점의 이웃한 마깁쪽 점과 안쪽 점을 지나는 active contour model의 에너지를 계산하여 현재의 active contour model의 에너지보다 작으면 active contour model의 모양을 변화시킨다. 지역적 최적해에 빠진 경우에는 현재의 active contour model이 지나는 그리드 점의 위치를 기준으로 Gauss 확률 분포 곡선에 비례하여 임의의 위치로 움직인다

one-point hill climbing에 의한 탐색은 active contour model을 이루는 n개의 그리드 점 중에서 active contour model의 에너지를 가장 낮게 줄일 수 있는 한 점만을 움직이며, 지역적 최적해에 빠진 경우에는 hill climbing과 같은 방법으로 active contour model의 모양을 변화시키면서 최적화 한다

Gauss 무작위 탐색(random search)에 의한 탐색은 active contour model이 지나는 각 그리드 점을 중심으로 가우스 확률 분포 곡선에 비례하여 active contour model을 임의의 위치로 이동하는 방법이다

본 실험에서는 위의 세 가지 방법을 사용하여 탐색을 5000

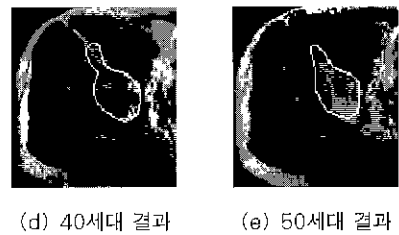


그림 13. 수동 초기화 (2)
Fig. 13. Manual Initialization (2)

표 2. 수동 초기화에 대한 오차율 (%)
Table 2. Error Rates for the Manual Initialization

	(a)초기	(b)10세대	(c)25세대	(d)40세대	(e)50세대
그림 12	31.3	39.0	13.9	9.7	7.7
그림 13	39.2	25.9	18.1	16.9	8.4
그림 14	42.9	23.6	11.1	10.2	6.7
평균	37.8				7.5

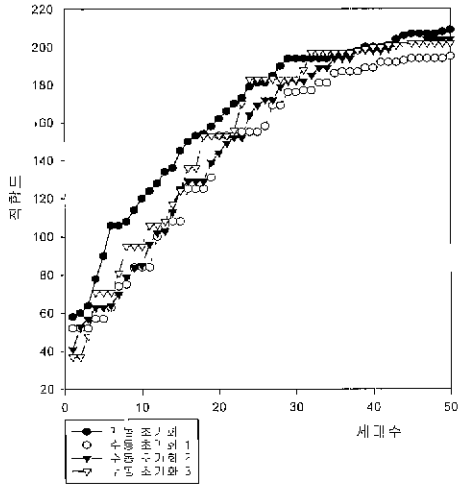


그림 15. 초기화에 따른 최고 적합도의 변화
Fig. 15. Plot of Best Fitness with Different Initialization

번 수행한 후에 유전자 알고리즘의 결과와 성능을 비교하였다. 본 실험에서 구현한 유전 알고리즘의 개체 집단 크기가 100이고 세대 횟수가 50번이므로 유전 알고리즘의 탐색 횟수와 같게 하기 위하여 탐색 횟수를 5000번으로 정하였다.

그림 16과 17은 그림 7의 영상 1에 대하여 자동과 수동으로 초기화한 active contour model을 여러 가지 최적화 방법으로 최적화 한 결과를 나타내며, 표 3은 이 결과 영상들에 대한 오차율을 나타낸다. 그림과 표에서 알 수 있듯이 다른 최적화 방법들의 결과는 초기 active contour model과 비슷하거나 약간 좋은데 비하여 유전 알고리즘의 결과는 매우 좋은 결과를 얻을 수 있었다.

그림 18과 19는 이러 가지 탐색 방법으로 초기 active contour model을 최적화 하는 과정에서 적합도가 가장 높은 개체, 즉 에너지가 가장 낮은 active contour model의 변화를 나타낸 그림이다. 유전 알고리즘을 제외한 다른 탐색 방법들은 탐색 초기에는 빠른 속도로 적합도가 높은 active contour model을 찾지만 쉽게 지역적 최적해에 빠지며 1000회 이상의 탐색에서는 더 이상 좋은 active contour model을 찾지 못하였다. 그러나, 본 논문에서 제시한 유전 알고리즘을 이용한 방법은 초기 수렴 속도는 느리지만 지역적 최적해에 빠지지 않고 계속해서 좋은 active contour model을 찾아낼 수 있었다.

결론 및 향후 연구 과제

본 논문에서는 active contour model (snake)과 유전 알

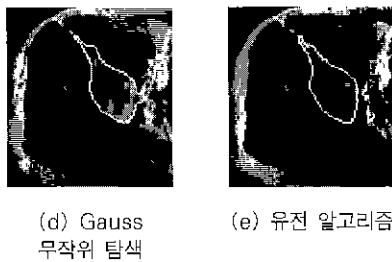
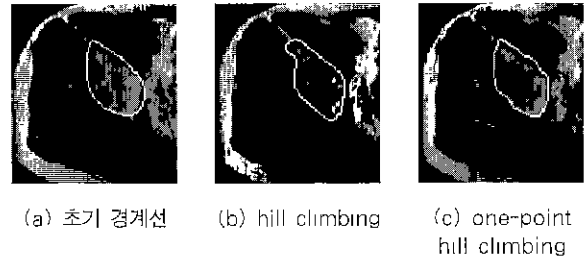
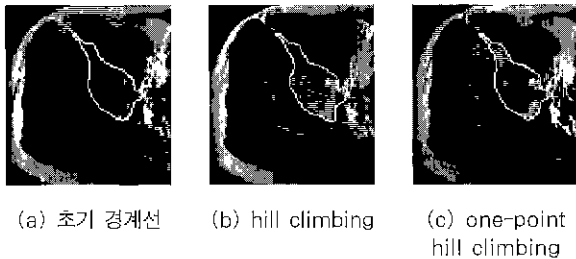


그림 16. 탐색 방법에 따른 결과 (자동 초기화)
Fig. 16. Results of Various Search Methods (Automatic Initialization)

그림 17. 탐색 방법에 따른 결과 (수동 초기화)
Fig. 17 Results of Various Search Methods (Manual Initialization)

표 3. 탐색 방법에 따른 오차율 (%)
Table 3. Error Rates for the Various Search Methods

	(a) 초기 경계선	(b) hill climbing	(c) one-point hill climbing	(d) Gauss 무작위 탐색	(e) 유전 알고리즘
그림 16	11.5	11.3	10.2	11.5	5.9
그림 17	31.3	18.5	24.8	28.3	7.7

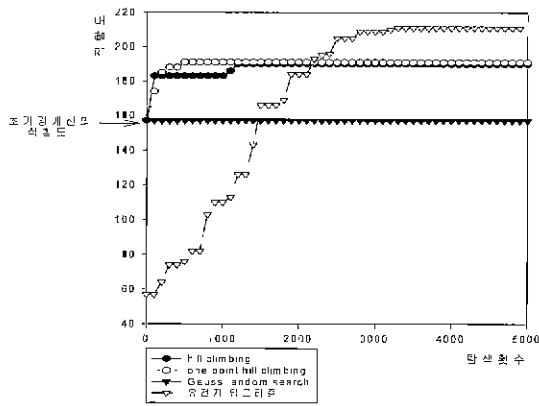


그림 18. 탐색 방법에 따른 최고 적합도의 변화 (자동 초기화)
 Fig. 18. Plot of Best Fitness with Various Search Methods(Automatic Initialization)

고리즘을 이용하여 의료영상에서 해부학적 객체의 경계선을 정확하게 추출하는 방법을 제안하고 실험하였다 active contour model을 최적화 하는데 주로 사용되던 기법들이 지나치게 초기화에 의존하거나 지역적 최적해에 빠지기 쉬운 단점을 개선하기 위하여 본 논문에서는 유전 알고리즘을 사용하는 방법을 제안하였다.

유전 알고리즘의 성능은 알고리즘을 이루는 요소들, 즉 유전 연산자, 초기 개체집단 생성 방법 등에 따라 크게 달라지는데, 본 실험에서는 부모 개체들의 선택 방법으로 elitist recombination 방법을 사용하였으며 교차변이 연산자는 13-부모 diagonal crossover를 사용하였다.

active contour model의 성능에 영향을 미치는 초기화에 대한 의존도를 평가하기 위하여 같은 영상에 대하여 자동 초기화와 수동 초기화 방법으로 여러 가지 초기경계선을 설정한 후 본 논문에서 제안한 방법으로 최적화를 수행한 결과, 본 논문에서 제안한 방법이 초기화에 대한 의존성 정도가 낮음을 알 수 있었다. 그리고, 논문에서 제안한 방법을 hill climbing, one-point hill climbing, Gauss 무작위 탐색(random search) 등의 다른 최적화 방법과 비교하여 제안한 방법의 우수성을 보였다.

유전 알고리즘을 이용한 active contour model의 에너지 최소화 기법은 지역적 최적화 기법의 한계를 극복한 전역적 최적화 방법이며, 다른 전역적 최적화 기법에 비해 보다 넓은 탐색 영역에 걸쳐 적당한 시간 내에 탐색을 수행할 수 있는 장점이 있다. 또한 초기 경계선이 실제 경계선과 유사하게 설정되지 않았더라도 성능이 크게 나빠지지 않는 장점이 있다. 그러나, 초기 경계선에 의해 설정된 탐색 영역 안에 전역적 최적해가 존재하지 않을 경우에는 전역적 최적해를 찾기가 불가능하므로, 탐색 영역을 어느 정도의 범위로 정해야 할지 결정하기 어려운 단점이 있다

본 논문에서 제안하는 방법은 의료영상에서의 해부학적 객

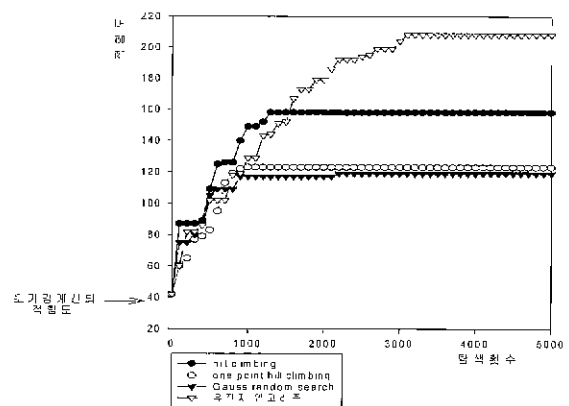


그림 19. 탐색 방법에 따른 최고 적합도의 변화 (수동 초기화)
 Fig 19 Plot of Best Fitness with Various Search Methods(Manual Initialization)

체들처럼 영상 내에서 단일 영역으로 나타나는 물체의 경계를 추출하는 데에는 매우 유용하나, 여러 영역으로 분리되어 있는 경우에는 적용할 수 없으므로 새로운 방법에 대한 연구가 필요하다.

참고 문헌

1. S. Lee. Adaptive Image Segmentation, Ph.D. Thesis, Department of Computer Science, University of Utah, 1990
2. M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, "Snake : Active contour models," International Journal of Computer Vision, pp. 321-331, 1988
3. A. Blake and M. Isard, Active Contours, Springer-Verlag 1998
4. M.O. Berger and R. Mohr, "Towards autonomy in active contour models," Proceedings of the 10th Intl. Conf. on Pattern Recognition, vol. 1, 1990
5. A.A. Amni, S. Tehrani, and T.E. Weymouth, "Using dynamic programming for minimizing the energy of active contours in the presence of hard constraints," IEEE International Conference on Computer Vision, 1988, pp 95-99
6. D.J. Williams and M. Shah. "A fast algorithm for active contours and curvature estimation," CVGIP: Image Understanding, 55(1):14-26, 1992
7. C.T. Tsai, Y.N. Sun, and P.C. Chung, "Minimising the energy of active contour model using Hopfield network," IEEE Proceedings-E, vol 140, no. 6, November 1993
8. L.D. Cohen. "On active contour models and balloons,"

- Computer Vision, Graphics, and Image Processing. Image Understanding, vol. 53, no. 2, pp. 211-218, Mar. 1991
9. L.D. Cohen and I. Cohen, "Finite-element methods for active contour models and balloons for 2-D and 3-D images," IEEE Trans on Pattern Analysis and Machine Intelligence, vol. 15, no. 11, 1993
 10. J.H. Holland, Adaptation in Natural and Artificial Systems, University of Michigan Press, 1975
 11. L. Davis and M. Steenstrup, "Genetic algorithms and simulated annealing: An overview," pp. 1-11., in Genetic Algorithms and Simulated Annealing, edited by L. Davis, 1987
 12. D. Karaboga and D.T. Pham, Intelligent Optimisation Techniques, Springer-Verlag 2000
 13. S. Menet, P. Saint-Marc, and G. Medioni, "B-Snakes: Implementation and application to stereo," Proceedings of DARPA Image Understanding Workshop, Pittsburgh, Pennsylvania, September 1990
 14. K.E. Mathias and D. Whitley, "Transforming the search space with Gray coding," Proceedings IEEE Conf on Evolutionary Computation, vol. 1, 1994
 15. B.L. Miller and D.E. Goldberg, "Genetic algorithms, selection schemes, and the varying effects of noise," Evolutionary Computation Journal vol 4, no. 2, pp. 113-131, 1996
 16. D. Thierens and D.E. Goldberg, "Elitist recombination: an integrated selection recombination genetic algorithm," Proceedings of the First IEEE Conf on Evolutionary Computation, pp. 508-512, 1994
 17. C.H.M. van Kemenade and A.E. Eiben, "Multi-parent recombination to overcome premature convergence in genetic algorithms," Dutch Conference on Artificial Intelligence, Rotterdam, 1995
 18. J.J. Greffensette, "Optimization of control parameters for genetic algorithms," IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics., vol SMC-16, no.1., pp 122-128., Jan/Feb 1986