

신경 회로망을 이용한 자궁 경부 세포진 영상의 영역 분할에 관한 연구

김선아 · 김백섭

한림대학교 컴퓨터공학과
(2000년 8월 7일 접수, 2001년 5월 14일 채택)

A Study on Segmentation of Uterine Cervical Pap-Smears Images Using Neural Networks

S.A Kim, B.S. Kim

Dept. of Computer Engineering, Hallym University
(Received August 7, 2000. Accepted May 14, 2001)

요약: 본 논문은 신경 회로망을 이용한 자궁 경부 세포진 영상의 영역 분할 방법을 제안한다. 영역 분할 방법은 전처리, 특징추출, 화소별 인식, 후처리의 네 단계로 이루어진다. 전처리 단계에서는 YCbCr 칼라 공간에서 Y band에 대해 히스토그램 스트레칭을 한다. 그런 후 다시 RGB 칼라 영상으로 복원하여 화소마다 3×3 또는 5×5 의 창을 씌워 36개의 특징을 추출한 후 추출된 특징들을 가지로 backpropagation 알고리즘으로 구성된 신경 회로망을 통하여 각 화소마다 배경, 세포질, 핵 중 하나로 분류한다. 후처리 단계에서는 인식 단계에서 기각된 화소에 대해 relaxation 알고리즘을 통해 재분류하였다. 추가적으로 좋은 특징을 가려내기 위한 특징 선택 실험을 하였다.

본 논문에서 제안된 방법은 다른 영역 분할 방법보다 더욱 정확한 핵영역을 찾을 수 있으며 세포질 영역까지 분할할 수 있다는 장점이 있다. 이와 같이 보다 정확한 영역 분할은 분할된 영역으로부터 세포의 올바른 특징들을 얻게 하여 최종적인 암 판정 시 더욱 정확한 판정을 유도한다.

Abstract: This paper proposes a region segmenting method for the Pap-smear image. The proposed method uses a pixel classifier based on neural network, which consists of four stages: preprocessing, feature extraction, region segmentation and postprocessing.

In the preprocessing stage, brightness value is normalized by histogram stretching. In the feature extraction stage, total 36 features are extracted from 3×3 or 5×5 window. In the region segmentation stage, each pixel which is associated with 36 features, is classified into 3 groups: nucleus, cytoplasm and background. The backpropagation network is used for classification. In the postprocessing stage, the pixels, which have been rejected by the above classifier, are re-classified by the relaxation algorithm.

It has been shown experimentally that the proposed method finds the nucleus region accurately and it can find the cytoplasm region too.

Key words: Pap-smear image(자궁 경부 세포진 영상), region segmentation(영역 분할), neural networks(신경 회로망), classification-based segmentation(인식 기반 분할)

서 론

인간의 생활이 점점 디지털화되고 자동화되어 가는 오늘날

이 연구는 선도기술·의료공학기술개발사업의 연구비 지원을 받아 이루어진 것임.(HMP-98-G-1-013)

통신저자: 김백섭, (200-702) 강원도 춘천시 옥천동
한림대학교 컴퓨터공학과 컴퓨터 비전 및 패턴 인식 연구실
Tel. (033)240-1456, Fax. (033)256-3421
E-mail. bskim@sun.hallym.ac.kr

에는 시각 정보를 대신 제공할 수 있는 영상 처리 및 영상 인식 분야의 필요성과 중요성이 증가하고 있다. 많이 연구되어지고 있는 영상 처리 및 인식 분야로는 자동차 번호판이나 얼굴 인식, 인증을 위한 지문 인식, 인공위성에서 관측된 사진 인식 등 폭넓은 분야에 적용되고 있으며, 또한 현재는 하드웨어의 급속한 발달로 용량과 속도의 제한으로 처리할 수 없었던 분야에서도 많은 연구가 이루어지고 있는데 그 대표적인 것으로 X-ray나 MRI 영상과 같은 의료 영상 분야를 들 수 있다.

본 논문은 의료 영상 중 자궁경부암 세포진 영상의 영역 분할에 대한 연구이다[1-2]. 자궁 경부 세포진 영상은 슬라이드로부터 현미경을 통해 디지털 카메라로 얻어지는데 자궁 경부 세포 자체가 추출된 부위나 세포의 종류에 따라 형태나 크기 등의 특징들이 많이 다르며 각각이 따로 추출되는 것이 아니라 한 영상에 같이 나타나므로 이러한 일정한 특징들을 보이지 않는 영상에서 영역을 분할하기란 무척 어려운 일이다. 이외에도 염색약의 종류와 농도, 환자의 나이와 호르몬의 영향, 건강 상태, 심지어는 도말한 병리학자의 습관이나 병원에 따라서도 영상이 많이 달라진다[3]. 또한 디지털 카메라로 얻어진 자궁 경부 세포진 영상은 핵, 세포질, 배경, 백혈구, 염증 세포(박테리아) 등의 기본적인 분포 이외에 슬라이드를 만들 때 생긴 기포나 현미경 자체의 먼지 등이 같이 얻어지는 경우도 있어 영상의 처리를 더욱 어렵게 한다.

이러한 복잡한 특징 때문에 자궁 경부 세포진 영상의 영역 분할은 영상 처리 분야에서도 특히 더욱 어려운 분야에 속하며, 이런 상황에서 영상 처리를 위한 기존의 연구 방향은 주로 암 판정을 위한 인식에 필요 없는 염증 세포를 비롯하여 기포나 먼지 등의 잡음을 제거하는 부분과 병리기사들이 가장 관심 있게 보는 핵의 영역을 추출하는데 집중되었다. 반면, 배경과 세포질의 경계가 뚜렷하지 않아 세포질 영역을 분할하기가 어려워 병리기사들이 암을 판별하는데 유용하게 쓰이는 핵과 세포질의 면적 비(N/C ratio)의 값을 얻을 수 없었다.

기존의 상용화된 시스템의 영역 분할 방법으로는 자궁 경부암 세포 영상을 single cell 영역과 cluster cell 영역으로 나누어 thresholding이나 morphology와 같은 방법을 사용하여 각각 다른 알고리즘을 적용하거나, 간단한 방법으로 영역을 나눈 후 영역별로 신경회로망을 이용하여 핵 영역을 추출하는 방법을 사용하고 있다[4-7]. 대부분의 방법들이 복잡한 알고리즘을 적용하기 보다는 기존의 잘 알려진 영상처리 및 인식을 위한 알고리즘들을 자궁 경부암 세포의 분석을 통하여 얼마나 잘 적용할 것인가에 중점을 둔다. 더불어 최근에는 하드웨어의 발달로 인하여 gray 또는 color morphology와 같이 계산량이 많아 기피하였던 방법들과 color clustering 등의 새로운 적용이 실험되어지고 있다[8-11].

본 논문에서는 신경회로망을 이용하여 100배 배율로 얻어진 자궁 경부 세포진 영상(그림1)의 영역 분할을 시도하였다. 핵은 물론 세포질의 영역까지 분할하는 것을 목적으로 하며 염증 세포나 기포와 같은 관심 없는 영역의 제거는 본 연구의 영역 분할 단계에서는 하지 않고 최후 암 판정을 위한 인식 부분으로 넘긴다.

이 후, 2장에서는 본 연구의 실험 방법을 단계별로 설명하며, 3장에서는 실험 결과와 다른 방법과의 영역 분할 결과를 비교하고, 마지막 4장에서는 본 연구의 결론을 말한다.

영역 분할

본 실험에서 제안된 방법은 전처리, 특징 추출, 영역 분할, 후처리의 네 단계로 이루어지며, 추가적으로 특징 추출 후에 좋은 특징을 가리기 위한 특징 선택 실험을 하였다.

입력 영상은 현미경으로부터 읽어들이 한 화소의 값이 RGB 3band의 24bit로 표현된 칼라 영상이며, 최종 결과 영상은 핵, 세포질, 배경 세 부분으로 영역 분할된 1band의 gray level 영상이다.

1. 전처리

실험에 사용되는 영상은 각 병원에서 채취된 슬라이드를 현미경을 통해 디지털 카메라로 입력받아 얻은 영상이다. 따라서 서론에서 말한 것과 같이 염색약에 따라 염색하는 사람(병리기자)의 염색 스타일에 따라 환자의 호르몬에 따라 현미경의 조도에 따라 색이 다양하게 염색되어질 수 있다. 이것은 영상의 일정한 특성을 찾기 힘들게 하여 영상 분할에 있어서 악조건으로 작용한다. 이런 악조건을 완화시키기 위한 방법으로 본 처리에 들어가기에 앞서 전처리 과정으로 영상의 정규화 작업을 한다.

정규화해주기 위한 방법으로 본 실험에서는 각 영상의 RGB 공간에서 YCbCr 공간의 영상을 얻어 그 중 Y 값에 대해 히스토그램 스트레칭(histogram stretching)을 해 준 후 다시 YCbCr 공간으로부터 RGB 공간의 영상을 만든다[12].

본 실험에서는 히스토그램 스트레칭 방법으로 얻어진 탐색

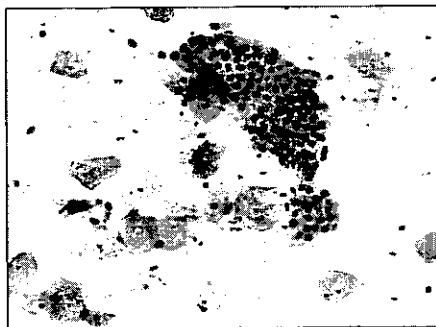


그림 1. 자궁 경부 세포진 영상 예

Fig. 1. Examples of Uterine Cervical Pap-Smear images

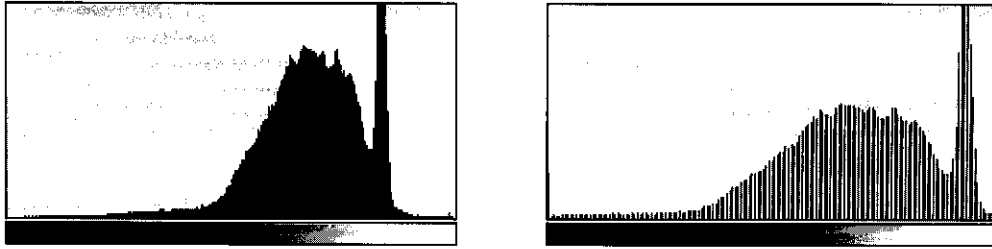


그림 2. 스트레칭 전(a), 후(b)의 히스토그램
 Fig. 2. Histograms : (a) before stretching and (b) after stretching

방법을 사용하였는데 영상의 잡음을 감안하여 히스토그램 양 끝부분의 0.5%를 버리고 나머지 부분에 대하여 스트레칭을 하였다[12]. 그림 2는 스트레칭 전과 후의 히스토그램의 변화를 보여준다.

이렇게 함으로써 한쪽으로 치우친 화소의 분포를 전체적으로 분포하도록 퍼주므로 현미경의 조도에 따라 어둡게 얻어지거나 혹은 밝게 얻어지는 영상의 명암을 어느 정도 평균화할 수 있으며, 더불어 배경이나 세포질, 핵이 아닌 영상의 잡음에 해당하는 아주 밝은 부분과 검은 부분도 제거되어진다.

스트레칭 후엔 다음 단계인 특징 추출에서 세포의 종류마다 염색되어지는 세포질의 칼라가 유용한 정보로 사용되므로 YCbCr 공간에서 다시 RGB 공간으로 변환한다.

2. 특징 추출

영역 분할을 인식기를 돌리기 위해서는 입력층으로 들어갈 입력값들이 필요하다. 본 실험에서는 입력값으로 각 화소의 특징들을 사용하였다.

세포 영상 검사시 주된 관심이 되는 특징들에는 분할된 영역의 크기나 모양을 나타내는 morphometric 특징, 영상의 밝기에 영향을 받는 densitometric 특징, 컬러 속성을 나타내는 colorimetric 특징, 영역 내의 크로마틴 농도 변화를 나타내는 textual 특징, 그리고 세포와 세포 혹은 세포와 주위의 영역 간의 관계를 나타내는 contextual 특징 부류로 모두 약 100가지의 특징들이 있다[3].

Contextual 특징은 각 독립된 화소나 영역별로 추출되는 것이 아니라 주변의 값들을 같이 고려하므로 병리학자들이 특징을 살피는 방법과 가장 유사하나 주변의 영역들의 분포나 크기 차이 등의 값을 고려하기 때문에 본 논문에서는 사용할 수가 없으며, morphometric 특징 또한 화소 단위에서 추출되는 것이 아니라 독립된 영역의 크기, 모양으로서 영역 단위에서 추출되는 특징이므로 사용할 수 없다.

36개의 특징들은 100여가지의 특징들 중 수치적으로 표현하기 곤란한 것들과 중복되는 의미의 것들은 제외하고 뽑은 특징들이다.

특징 추출은 위의 진처리 과정을 마친 영상에서 각 화소마다 그 화소를 중심으로 3×3 크기의 창을 띄워 그 창에서 36개의 특징을 추출한다. 특징 추출의 과정에서 영상의 가장자리 화소들은 무시된다.

사용된 특징들은 다음과 같다.

(1) Colorimetric 특징

컬러 정보는 RGB 공간과 HSI 공간 영상에서 얻을 수 있다.

RGB 공간은 삼원색으로 R은 빨간색 색상 정보, G는 녹색 색상 정보, B는 파란색 색상 정보이다. 영상 자체가 RGB 컬러 모델로 이루어져 있기 때문에 RGB 값은 영상에서 곧바로 얻을 수 있다.

특징은 RGB 각각의 창 내의 화소들의(3×3 창일 경우 9개의 화소들) 평균과 표준편차이다.

HSI 공간은 색상(Hue), 채도(Saturation) 그리고 명도(Intensity)를 표현하는 값으로 각 화소의 RGB 값을 이용하여 얻을 수 있다[12].

Colorimetric 특징에서는 총 9개의 특징을 추출한다.

(2) Textual 특징

텍스처 특징들은 모두 임의의 화소와 근접하거나 이웃해 있는 화소들의 값들의 변화정도를 분석하여 얻을 수 있으며 일반적으로 명암 영상에서 GLCM(Gray-Level Co-occurrence Matrix)을 계산하여 얻는다[13].

본 논문에서는 명암영상에서가 아닌 R, G, B 각각의 영상에 대해 계산한 Co-occurrence matrix로부터 7개의 textual 특징을 추출하여 총 21개의 특징을 얻는다.

Co-occurrence Matrix는 유사한 값을 가지는 화소들의 위치에 관한 정보를 가지는 것으로 화소간의 방향은 주로 수평, 수직, 두 대각선으로 4가지 경우가 사용되는데 본 실험에서는 수직, 수평 두 방향으로 거리 1만큼 떨어진 경우만 고려하여 Co-occurrence Matrix를 계산하였다. 값의 범위는 16 level로 양자화하여 사용하였으며 따라서 Co-occurrence Matrix M의 크기는 16×16이다. 이렇게 계산되어진 Co-occurrence Matrix를 이용하여 다음의 7가지 Textual 특징을 구한다[14].

- Textual 특징 : Energy, Entropy, Maximum Probability, Correlation, Inverse Difference moment, Contrast, Homogeneity

(3) Densitometric 특징

Densitometric 특징들은 영상의 밝기에 의해 유도되는 특징

들로 텍스처 특징들과 중복되거나 영역별로 얻을 수 있는 특징들이므로 대부분 생략하고 Skewness, Kurtosis 두 특징만을 각 컬러 영상에서 추출하여 총 6개의 특징을 얻는다[14].

실험에서는 3×3 창을 사용하여 값을 계산하였다.

3. 특징 선택

특징선택(feature selection)은 추출된 특징들 중에서 가장 정보량이 많은 의미 있는 특징을 선택하기 위한 방법으로, 특징들을 평가하여 가장 최적의 특징집합을 결정(optimal feature subset selection)하기 위한 것이다[15].

추출된 특징들은 인식기에 입력되어 각 class를 분류하는 기준으로 사용되어진다. 그러나 추출된 특징들 모두가 각각의 class를 분류하는데 유용한 것은 아니며 오히려 각 class의 분류를 혼동시킬 수 있다. 따라서 특징들 중 각 class를 분류하는데 혼동되는 특징들은 제거하고 좋은 식별자로서의 특징만을 뽑기 위하여 특징 선택 알고리즘을 수행한다.

각각의 개별 특징들의 중요성을 측정하여 특징을 평가하는 방법으로 엔트로피(Entropy)를 이용한 정보 내용 측정(Information content measure)에 의한 평가방법을 실험에 적용한다[16].

엔트로피를 이용한 Information content measure는 추출된 각 개별 특징들의 중요성을 측정하여 특징을 평가하는 방법으로 주어진 데이터를 통하여 각 특징들에 대한 확률적 증거를 조합하여 해당 특징을 이용한 식별가능성 정도를 추론하는 방법이다.

엔트로피란 불확실성 또는 애매도에 대한 통계적 측정값을 나타내며, 불확실성이란 신뢰성이 적은 지식이나 불완전하거나 일관성이 적은 지식으로부터 생성되는 결과라 할 수 있다[17]. 엔트로피 H(c)는 각 사건이 나타날 확률의 합으로 표현된다.

$$H(c) = - \sum_{i=1}^m p(c_i) \log p(c_i) \quad (1)$$

확률이 균등할수록 엔트로피는 최대 값을 나타내며 정보량은 적다고 할 수 있으며, 확률의 차이가 클수록 엔트로피는 0

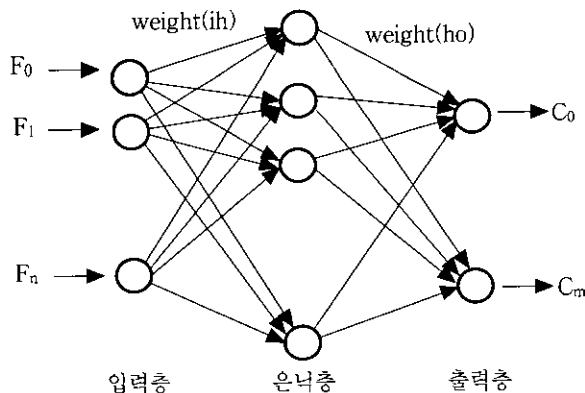


그림 3. 다층 퍼셉트론 구조
Fig. 3. Multilayer perceptron

에 가까워 많은 정보량을 가지고 있다고 할 수 있다. 그러므로 주어진 상황의 불확실성을 줄이는 특징, 엔트로피를 최소가 되게 하는 특징을 선택한다.

이러한 엔트로피의 특성을 특징을 평가하는 함수로 적용시킨 것이 Shannon's Information content measure이다[18]. 이것은 전체 학습데이터로부터 각각의 특징에 대한 Information content를 구하여 특징을 평가하는 것으로 앞에서 추출한 36개의 특징 각각에 대한 엔트로피를 계산한 결과는 3장에 보인다.

4. 영역 분할

세포 영상에서의 영역 분할은 각 화소가 핵, 세포질, 배경 중 어느 class에 속하는가를 판별하는 것이라고 할 수 있다. 본 논문에서는 인식기를 구성하여 각 화소의 class를 판별하였다. 인식기 구성하는 데는 신경회로망 기법을 사용한다.

제안된 방법에서 사용한 신경 회로망은 입력층과 출력층 사이에 하나의 은닉층을 둔 다층퍼셉트론을 사용하며 다층퍼셉트론 신경망의 학습을 위해서는 오류역전파(backpropagation) 알고리즘을 사용하였다.

오류 역전파 학습 알고리즘은 그림 3과 같이 입력층에 입력 패턴이 들어오면 각 노드마다 연결 강도(weight)가 계산되어 은닉층에 전달되고 최후에 출력층에서 입력 패턴에 따른 값을 출력한다. 이 출력값과 기댓값을 비교하여 차이를 줄여나가는 방향으로 연결 강도(weight)를 조절하면서 학습을 반복하며 출력값과 기댓값의 차이가 임계값 이하가 되면 종료한다[19].

신경회로망을 사용한 본 실험에서의 입력 노드의 개수는 입력값이 각각의 화소를 분류하기 위한 특징 추출 과정에서 얻은 36개의 특징들이므로 36개이며, 출력 노드의 개수는 3개와 5개 두 가지로 실험하였다. 출력 노드의 개수가 3인 경우에는 최종 분할 영역인 각 노드가 핵, 세포질, 배경을 의미하며, 5개의 경우에는 2개의 노드가 핵, 2개의 노드가 세포질, 나머지 1개의 노드가 배경을 의미한다. 이렇게 한 이유는 실제로 분할하고자 하는 영역은 3 class이지만 핵이나 세포질은 각각의 한 class의 내의 특징이 뚜렷이 두 분류로 나누어지기 때문이다. 핵의 경우에는 표층 세포의 핵일 경우 염색세포와 같이 작고 아주 검은 반면, 중간세포나 원추세포의 핵일 경우에는 크기가 더욱 크고 방기저세포의 진한 세포질과 비슷한 색을 띠며, 세포질의 경우에는 크게 붉은 계통과 푸른 계통 2가지가 있다. 이 점을 고려하여 출력 노드의 개수를 5개로 하되, 최후의 분할된 영상을 만들 때 핵을 나타내는 2개의 class를 핵으로 표현하고, 붉은 계통의 세포질과 푸른 계통의 세포질 두 class를 모두 세포질로 표현하도록 한다.

화소의 특징들이 입력 노드로 들어와서 학습된 신경 회로망을 거쳐 나온 출력노드의 값이 일정 임계값 이상이면 그 출력 노드에 해당하는 class가 그 화소의 class로 결정되어지는데, 만약 임계값 이상인 화소가 하나도 없거나 2개 이상이 되면 그 화소는 기각된다.

두 경우를 비교하여 실험한 결과를 3장에 보인다.

5. 후처리

신경회로망을 이용하여 영역 분할을 하면 각 화소들은 핵, 세포질, 배경의 3 class 중 하나로 할당되어진다. 그러나 인식기를 거친 출력값이 임의의 값을 만족하지 못하면 어떠한 class에도 속하지 못하고 기각되게 되는데 이런 기각된 화소들에 대해서는 3개의 class 중 하나로 할당하기 위해 후처리 과정이 행해진다.

후처리 방법으로는 relaxation 방법을 사용하였다.

사용된 relaxation 방법은 우선 기각된 화소를 중심으로 8방향의 주변 8개의 화소들을 관찰하여 한 class가 5개 이상의 화소를 가지게되면 그 class를 기각된 화소의 class로 결정한다. 이 방법은 기각된 화소가 없을 때까지 반복되어진다.

예를 들어, 그림 4와 같이 기각된 화소 X 주변 8개 화소들을 관찰하여 6개의 화소가 배경(Cb)이고 2개의 화소가 세포질(Cc)이면 화소 X는 배경으로 분류된다.

그림 5는 후처리 전과 후의 결과를 보여주고 있다. 그림 5의 (a)에서 인식기에 의해 흰색은 배경, 옅은 회색은 세포질, 짙은 회색은 기각된 화소, 검은 색은 핵으로 분류된 것을 나타내는데, 짙은 회색으로 표현되었던 기각된 화소가 후처리 후의 결과 영상인 그림 5의 (b)에서 핵이나 배경 또는 세포질로 다시 분류되어 있음을 볼 수 있다.

실험 결과

1. 실험 환경

실험에 사용된 영상은 삼성제일병원에서 제공하였으며, 앞서 설명한 바와 같이 환자의 자궁에서 솜방망이로 채취한 세포를 슬라이드에 얻어 현미경으로 통해 디지털 카메라로 찍은 100배 배율의 영상으로, 640×480 해상도의 24bit RGB 컬러 영상이다.

실험은 Intel Pentium II 400Mhz Processor, 128M RAM에서 수행하였고, 프로그램은 Windows NT Server 환경에서 Visual C++ 6.0을 이용하여 작성되었다.

슬라이드 내에는 핵과 세포질, 배경 이외에 백혈구, 박테리

Cb	Cb	Cc
Cb	X	Cc
Cb	Cb	Cb

Cb : 배경, Cc : 세포질
X → Cb (배경)

그림 4. Relaxation 방법으로 후처리 한 예
Fig. 4. Relaxation algorithm

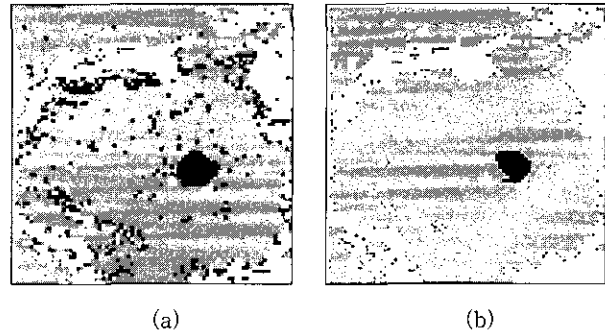


그림 5. 후처리 전 영상(a)과 후처리 후 영상(b)
Fig. 5. Postprocessing result : (a) before relaxation and (b) after relaxation

아나 염중세포 등이 같이 존재한다. 여기서는 이런 염중세포도 핵으로 영역 분할되는 것을 정상으로 하며, 핵과 염중세포의 구별은 최종 임의 악성도의 판정은 인식부분으로 넘긴다.

2. 수행 시간

인식하는데 걸린 시간 중 인식기를 만드는 training 시간을 제외하고, 한 영상 당 걸리는 시간은 모두 6분 정도이다.

영상을 읽고, 디스플레이하며, 저장하는 시간 등의 여분의 수행시간을 제외하고, 영상에서 특징을 추출하는 시간은 3분 정도가 소요되었으며, 추출한 정보로 신경 회로망을 돌려 인식하는데는 1초도 걸리지 않았다.

Region Growing 방법으로 영역 분할을 할 경우에는 약 20초, Split and Merge 방법으로 영역 분할을 할 경우에는 약 1분 정도의 시간이 소요되는데, 이렇게 다른 영역 분할 방법에 비해 전체적인 시간은 훨씬 많이 소요된다.

640×480개의 화소에서 3×3 창 크기를 고려하여 가장자리 화소를 제외한 304964개의 화소마다 36개의 특징을 추출하는데, 각 화소마다 주변에 대해 GLCM(Gray-Level Co-occurrence Matrix)을 계산해야 하므로 이 과정에서 대부분의 수행 시간이 소요된다.

3. 특징 선택 결과

특징 추출 결과로 나온 36개의 특징에 대하여 information content measure 평가함수를 사용하여 특징 선택 실험을 한 결과이다.

표 1은 각 화소마다 3×3과 5×5 크기의 창을 씌워 추출한 36개의 특징에 대한 각각의 엔트로피 값을 보인다.

대부분의 특징에서 3×3 크기의 창보다 더 큰 5×5 크기의 창을 씌워 추출한 특징들의 엔트로피 값이 적은 것을 볼 수 있다. 이것은 3×3 크기의 창보다 5×5 크기의 창에서 추출한 특징이 각각의 class를 분류하는데 더 유용한 식별자 역할을 한다고 볼 수 있다. 대부분의 특징이 크기가 작은 것보다 어느 정도 클수록 유리한 textual 특징이며 또한 창의 크기가 클수록 참조할 수 있는 정보량이 더 많으므로 당연한 결과가 아닌

표 1. 창 크기에 따른 각 특징의 엔트로피 값

Table 1. Entropy value of each features for 3×3 and 5×5 windows

특징	3×3	5×5
Hue	1.410545	1.204431
Saturation	2.09351	1.397821
Intensity	1.240379	0.475464
Mean(R)	1.464477	0.856428
Standard Derivation(R)	2.06371	1.329214
Skewness(R)	2.246562	1.531254
Kurtosis(R)	2.258432	1.565805
Entropy(R)	1.946177	1.177244
Energy(R)	1.942862	1.159736
Maximum Probability(R)	1.96334	1.20019
Inverse Difference Moment(R)	1.960849	1.222491
Contrast(R)	2.203838	1.451966
Homogeneity(R)	1.984132	1.229706
Correlation(R)	2.134661	1.353585
Mean(G)	1.394679	0.807025
Standard Derivation(G)	2.028562	1.335438
Skewness(G)	2.245345	1.526612
Kurtosis(G)	2.258667	1.5633

특징	3×3	5×5
Entropy(G)	1.94436	1.149865
Energy(G)	1.938381	1.130534
Maximum Probability(G)	1.96275	1.183266
Inverse Difference Moment(G)	1.954154	1.198167
Contrast(G)	2.167069	1.447152
Homogeneity(G)	1.97664	1.230187
Correlation(G)	2.160919	1.349359
Mean(B)	1.739444	1.200483
Standard Derivation(B)	1.953784	1.246921
Skewness(B)	2.257629	1.563082
Kurtosis(B)	2.259374	1.560478
Entropy(B)	1.948342	1.159772
Energy(B)	1.93731	1.146794
Maximum Probability(B)	1.96026	1.18467
Inverse Difference Moment(B)	1.962148	1.215098
Contrast(B)	2.144429	1.432927
Homogeneity(B)	1.981153	1.227115
Correlation(B)	2.134292	1.342188

가 한다.

반면, 좋은 특징들로서의 우선 순위는 같음을 볼 수 있다. 따라서 이 후 실험에서는 계산량을 줄이기 위해 3×3 크기의 창을 씌워 추출한 특징만을 사용하였다.

가장 좋은 특징으로는 intensity와 green의 평균이며, 창 크기에 따라 좀 다르긴 하지만 대체로 Red의 평균, 각 RGB 값의 에너지와 엔트로피 특징 등이 좋은 특징으로 선택되었다. 칼라 정보는 blue보다는 red와 green 값이 식별자로서 더 중요한 역할을 함을 알 수 있었다.

그림 6은 위 결과에서 3×3 크기의 창으로 추출한 특징들 중 엔트로피가 2.0 이하인 특징들 23개와 36개의 모든 특징을 사용하여 배경과 세포질이 뚜렷하지 않은 대표적인 1개의 세포 영상에 대하여 인식기를 돌린 결과 영상이다.

23개의 특징을 사용한 것보다 36개의 특징을 사용한 결과가 더 좋음을 볼 수 있는데 이것으로 36개의 특징 모두가 각각의 화소를 분류하는데 중요한 식별자 역할을 함을 알 수 있다.

36개의 특징 중 유용한 특징들만을 뽑을 수 없었던 것은 100 ~ 500여 개의 특징을 사용하는 다른 인식기들에 비해 추

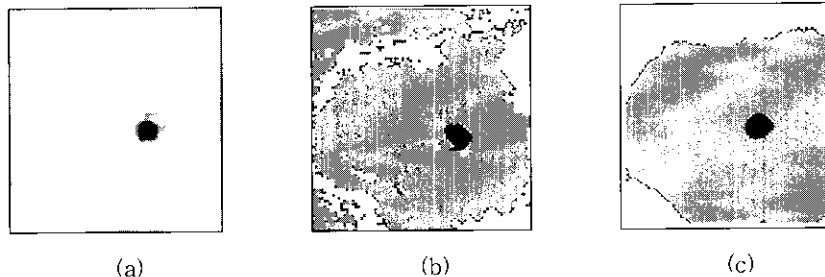


그림 6. 원 영상 (a)를 제안된 방법으로 분할한 예. (b)는 23개의 특징을 사용한 경우. (c)는 36개의 특징을 사용한 경우
Fig. 6. Recognition results : (a) original image, (b) using 23 features, and (c) using 36 features

출한 특징 집합 자체가 워낙 작기 때문이라 생각한다.

4. 실험 결과

영역 분할 방법의 성능을 객관적으로 평가하기 위해서는 정확하게 영역이 분할된 참조 영상이 필요하다. 이 참조 영상과 제안된 방법에 의해 분할된 영상을 비교해야하기 때문이다. 그러나 본 실험에서 사용된 세포 영상은 영상 자체가 세포질과 배경의 경계가 뚜렷하지 않고 겹쳐진 세포질이 많아 결과를 평가하기 위해 필요로 되는 정확한 참조 영상을 만들 수가 없으므로 영상의 영역 분할을 객관적으로 평가하기란 매우 어렵다. 따라서, 본 논문에서는 두 가지 방법으로 실험 평가하였다.

첫 번째 방법은 화소 단위로 인식률을 계산하는 것이다. 영상 전체를 정확하게 영역 분할하는 것은 어려우나 영상에서 확실하게 핵이나 세포질, 혹은 배경에 해당하는 화소를 뽑아내는 것은 가능하므로 사람이 영상을 보면서 화소의 RGB 값과 레이블로 된 데이터베이스를 구성하였다. 영역 분할의 정확성을 시험하기 위해 이 데이터베이스를 사용해서 제안된 방법의 인식율을 계산한다. 이 방법은 전체 영상의 모든 화소에 대해 시험하는 것이 아니므로 정확한 결과라고는 할 수 없지만 성능을 측정할 수는 있다.

다른 하나의 방법은 기존의 다른 영역 분할 방법과 비교하는 것이다. 기존 방법으로, 히스토그램 분석에 의한 multi-thresholding 방법의 결과 영상과 제안된 방법의 결과 영상을 비교하였다.

(1) 인식률 계산에 의한 성능 비교

제공된 영상 중 정상은 물론 악성도가 미비한 것에서부터 심한 것까지 모든 종류의 다양한 영상 418개에서 학습 데이터(training data)와 시험 데이터(testing data) 14000개 화소를 뽑아 데이터베이스를 구성하여 이를 학습(training)과 시험(testing)에 이용하였다.

표 2는 각각 학습 데이터 수와 시험 데이터 수, output class 수를 다르게 하고 실험한 인식률 결과이다. 인식률은 시험 데이터에서 각각된 화소 수를 제외한 나머지 화소 수를 전체 화소수로 하여 계산된 것이다.

실험 1은 14000개의 전체 데이터 중 2831개의 데이터를 임의로 뽑아 1825개는 학습 데이터로 1006개는 시험 데이터로 하였으며, output class의 수는 핵, 세포질, 배경 3개이다.

실험 2는 실험 1에서 사용한 학습 데이터와 시험 데이터를 그대로 사용하되 output class 수만 핵의 형태에 따라 핵 class 2개, 세포질의 형태에 따라 세포질 class 2개 배경 class 1개로 모두 5개의 class하여 실험하였다.

실험 1과 실험 2의 차이점은 인식기의 출력 노드의 수이다. 실험 2의 인식률이 실험 1의 인식률보다 약 10% 향상했는데 이것은 출력 노드의 수를 단지 분할하기 위한 영역의 수와 같게 하는 것보다 영상의 특징을 파악하여 특징별로 그룹되어지는 영역의 개수로 놓았을 때 인식기의 성능이 좋아짐을 알 수

표 2. 실험에 따른 인식률

Table 2. Recognition rates

	학 습 데이터 수	시 험 데이터 수	output class 수	인식률	기각율
실험 1	1825	1006	3	83.33	10.54
실험 2	1825	1006	5	93.19	10.14
실험 3	2446	2446	5	98.56	11.07
실험 4	10187	2446	5	94.56	6.64

있다.

실험 3은 학습 데이터를 그대로 시험 데이터로 사용하였으며, 실험 4에서는 학습 데이터 수를 10187개로 늘려 실험하되 시험 데이터와 학습 데이터는 독립적이다. output class는 두 실험 모두 5개로 하였다.

실험 4의 결과를 보면 학습 데이터의 수를 크게 하였을 때 인식률도 좋으면서 기각율도 줄었음을 볼 수 있다. 이것은 자궁 경부 세포진 영상이 아주 다양한 형태를 보이는 만큼 많은 데이터를 학습시킴으로써 데이터를 분류 능력이 향상된 좋은 인식기가 구축되었음을 보여준다.

(2) Multi-thresholding 방법과의 비교

Thresholding 방법은 방법 자체가 간단하며 시간도 가장 적게 걸리는 방법 중에 하나이기 때문에 전처리나 기본적인 방법으로 가장 널리 쓰인다. 여기서는 15여가지의 기본적인 thresholding 방법 중 세포 영상의 핵과 배경을 가장 잘 분할하는 방법으로 생각되어지는 두 thresholding, Yager 함수와 Minimum error 함수를 사용하였다[1-2].

우선 본 연구에서 사용된 방법과 마찬가지로 $YCbCr$ 의 Y 공간에 대하여 histogram stretching으로 전처리를 한 칼라 영상에서 명암 영상을 얻는다. 명암 영상에서 Yager 함수를 사용하여 핵을 분할하기 위한 임계값을 얻고[14, 20], Minimum error 함수를 사용하여 배경을 분할하기 위한 임계값(threshold value)을 얻는다[14, 21].

그림 7은 600여 개의 test 영상 중 가장 대표적인 2개의 영상을 보인 것이다.

영상 인식에서 핵의 정보가 아주 중요한 만큼 핵 영역을 찾지 못하는 경우가 없어야 하는데 Multi-thresholding 방법보다 신경 회로망을 사용하여 영역 분할을 한 경우 대부분의 핵을 모두 찾으며, 세포질 영역 역시 더욱 확실하게 분할됨을 볼 수 있다.

고찰 및 결론

자궁 경부암 세포의 영역 분할을 위하여 다양한 방법과 여러 방법들을 조합한 실험을 하였는데 본 논문은 그 중에 가장 좋은 결과를 나타내는 방법들의 조합을 보이고 있다. 이것은 새로운 방법을 고안하지는 않았지만 자궁 경부암 세포 영상의 심도있는 분석을 통하여 영상에 적용하기에 적합한 방법을 찾

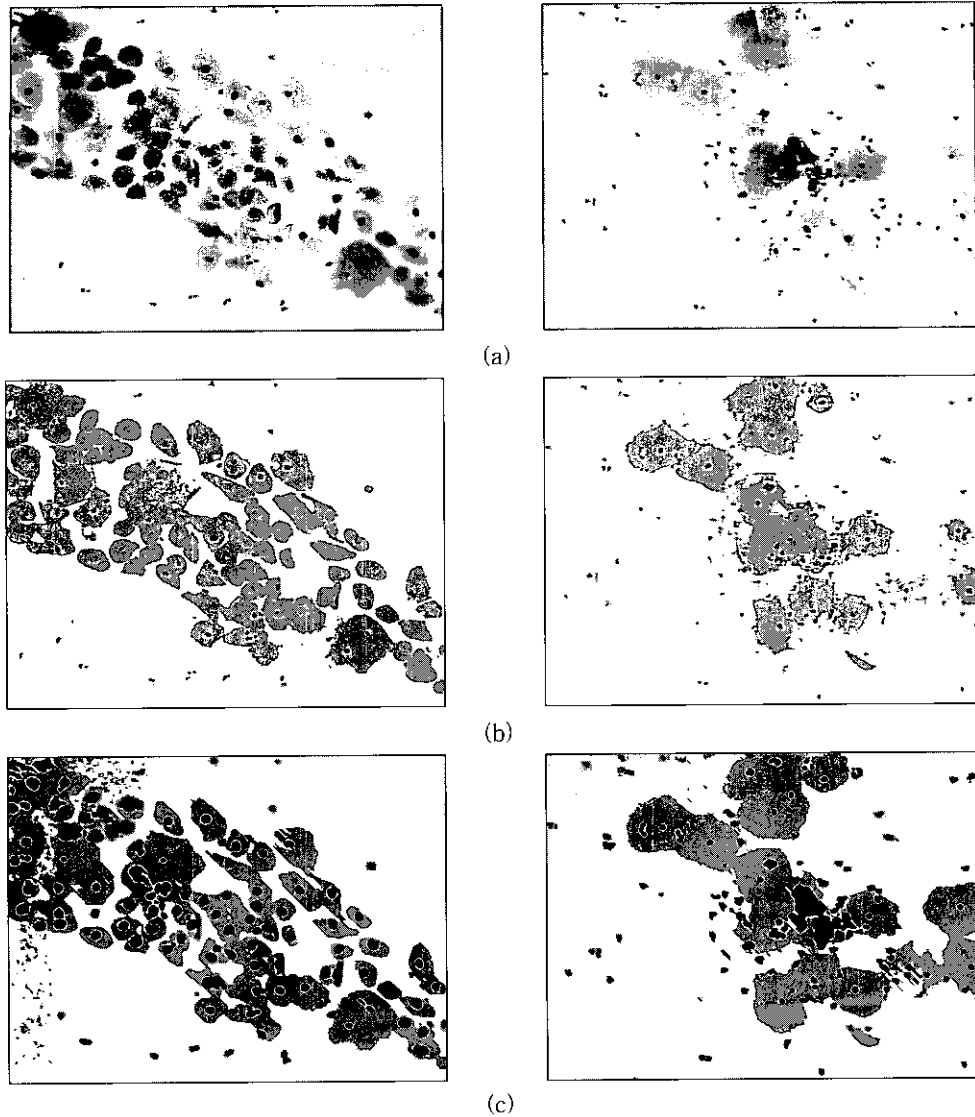


그림 7. 원 영상 (a)를 기존의 multi-thresholding으로 분할한 결과 영상 (b)와 제안된 방법으로 분할한 결과 영상 (c)
 Fig. 7. Comparison of results : (a) original image, (b) by conventional multi-thresholding, and (c) by the proposed method

있는데 이의를 둔다.

자궁 경부 세포진 영상의 암 판정 시에 핵 영역의 정보를 가장 많이 필요로 하므로 영상 내의 핵 영역에 대해서는 충분한 크기의 모든 영역이 분할되어야 한다. 결과 비교에서도 알 수 있듯이 오류역전과 알고리즘을 이용한 신경회로망을 사용하여 자궁 경부 세포진 영상의 영역 분할을 시도했을 경우 다른 영역 분할 방법에 비해 잃어버리는 영역 없이 거의 모든 핵 영역을 분할함을 볼 수 있다.

또한, 세포질 영역을 분할하는데 있어서도 배경과 세포질의 경계가 불분명함에 의해 다른 방법에서는 찾을 수 없었던 세포질 영역을 보다 정확한 형태로서 분할함을 볼 수 있다. 보다 정확한 세포질 영역을 얻음으로써 N/C ratio(핵과 세포질의 비율)와 같은 중요한 정보를 암 판정 시에 사용할 수 있게 된

다.

이와 같이 보다 정확한 영역 분할은 분할된 영역으로부터 더욱 올바른 특징들을 얻게 하여 최종적으로 시스템의 정확성을 높이는데 중요한 영향을 미친다.

앞으로의 향후 연구과제로 크게 두 가지를 제시한다.

우선, 첫 번째는 실행시간의 단축이다. 신경회로망을 이용한 영역 분할 방법은 다른 영역 분할 방법에 비해 많게는 15배에서 적게는 3배 정도의 많은 시간을 요구한다. 이것은 주로 특징을 추출하는데 필요한 계산량이 무척 많기 때문이다. 따라서 계산량을 줄임으로써 실행 시간을 단축시킬 수 방법이 연구되어야 할 것이다.

다른 또 하나는 후처리 방법의 보완이다. 신경회로망을 거쳐 각 화소는 핵, 세포질, 배경으로 분할되어진다. 여기서 세

영역 중 어디에도 속하지 않는 기각된 화소가 나타나는데 이런 기각된 화소들의 class를 결정하기 위한 후처리 과정 연구가 이루어져야 할 것이다.

참 고 문 헌

1. 은성경, 박찬모, 박화순, 윤소영, 조민선, 조수연, 김성숙, "영상처리를 이용한 자궁경부 세포진의 자동탐색 방법에 관한 연구", 대한 세포병리학회지, 제 5권. 제 1호, pp. 15-22, 1994
2. Sadakazu Watanabe and The CYBEST Group, "An Automated apparatus for Cancer Prescreening : CYBEST", Computer Graphics and Image Processing, vol. 3, pp. 350-358, 1974
3. Heinz K. Grohs and O. A. Nasseem Husain, Automated Cervical Cancer Screening, Igaku-Shoin. Ch. 1, Ch. 3, 1994
4. Shih-Jong J. Lee, Chih-Chau I. Kuan, Wendy R. Bannister, Paul S. Wilhelm and Michael G. Meyer, "Apparatus for identification and integration of multiple cell patterns", United States Patent, Patent Number 5,828,776, Oct. 27, 1998
5. Paul S. Wilhelm and Shih-Jong J. Lee, "cell-groupings", United States Patent, Patent Number 5,978,498, Nov. 2, 1999
6. Randall L. Luck and Richard Scott, "Morphological classification system and method", United States Patent, Patent Number 5,257,182, Oct. 26, 1993
7. Mark R. Rutenberg, "Neural network based automated cytological specimen classification system and method", United States Patent, Patent Number 4,965,725, Oct. 23, 1990
8. A. Nedzved, S. Ablameyko and I. Pitas, "Morphological segmentation of histology cell images", IEEE, pp. 500-503, 2000
9. 최현주, 허민권, 최홍국, 김상균, 최항목, 박세명, "칼라 유방암조직영상에서 질감 특징과 신경회로망을 이용한 양성 세포핵과 음성세포핵의 자동 분할", 한국정보과학회 가을

학술발표논문집 Vol. 26. No. 2., pp. 422-424, 1999

10. Toyohisa Kaneko, Lixu Gu and Hideyuki Fujimoto, "Abdominal Organ REcognition using 3D Mathematical Morphology", IEEE, pp. 263-266, 2000
11. L. Lucchese and S. K. Mitra, "Unsupervised Segmentation of Color Images Based on k-means Clustering in the Chromaticity Plane", IEEE, pp. 74-78, 1999
12. Randy Crane, A Simplified Approach to Image Processing, Prentice-Hall, Ch. 1, 1997
13. Haralick RM, shamugam K and Dinstein I "Textural features for image classification", IEEE Trans Man Cybernet 3, pp. 610-621, 1973
14. J. R. Parker, Algorithms for Image Processing and Computer Vision, John Wiley & Sons, Ch. 3-4, 1997
15. Douglas Zongker, Anil Jain, "Algorithms for Feature Selection: An Evaluation", Proceedings of ICPR '96, Vol II, pp.18-22, 1996
16. Singleton, H.R. "Automatic image segmentation using edge detection by tissue classification in local neighborhoods", Southeastcon '92, Proceedings., IEEE, vol.1, pp. 286 -290, 1992
17. Zheru Chi, Hong Yan, "Feature evaluation and selection based on an entropy measure with data clustering", Optical Engineering, vol. 34, No. 12, pp. 3514-3519, December 1995
18. H. F. Ryan, "The information content measure as a performance criterion for feature selection", in proc. 7th IEEE symp. Adaptive Processes, pp. 2-c-1-2-c-11.
19. B. D. Ripley, Pattern Recognition and Neural Networks, Cambridge Univ. Press, Ch. 10, 1996
20. Liang-Kai Huang and Mao-Jiun J. Wang, "Image Thresholding by Minimizing The Measures of Fuzziness", Pattern Recognition, vol. 28, no. 1, pp. 41-51, 1998
21. J. Kittler and J. Illingworth, "Minimum error thresholding", Pattern Recognition, vol. 19, no. 1, pp. 41-47, 1986