J. Biomed. Eng. Res.
Vol. 22, No. 5, 377-383, 2001

뇌 구조 분석을 위한 연속적인 퍼지 분할법과 구획화 방법의 개선

윤의철 · 황진우 · 김재석 · 김재진* · 김인영 · 권준수** · 김선일

한양대학교 의과대학 의공학교실, 서울대학교 인간생명과학연구단*, 서울대학교 의과대학 정신과학교실**

(2000년 12월 7일 접수, 2001년 10월 6일 채택)

Successive Fuzzy Classification and Improved Parcellation Method for Brain Anlaysis

U.C. Yoon, J.W. Hwang, J.S. Kim, J.J. Kim*, I.Y. Kim, J.S. Kwon*, S.I. Kim

Dept. of Biomedical Engineering, College of Medicine, Hanyang University, BK life sciences*,
Seoul National University, Dept. of Psychiatry**, College of Medicine, Seoul National University

(Received December 7, 2000. Accepted October 6, 2001)

요 약 : 일반적으로 정신질환인 경우 뇌의 미세한 이상이 있는 것으로 알려져 있어 자기공명영상의 시각적 분석에서 뇌의 구조적 이상을 밝히는 데 한계가 있다. 따라서 특정 부위의 용적이나 모양의 이상을 통하여 정신질환의 뇌 구조적 이상을 연구하는 것이 일반적이다. 이러한 경우 뇌 자기공명영상은 조직간의 경계가 불분명하여 뇌 구조 분석의 신뢰도는 조직별 분할의 정확성이 좌우한다.
본 논문에서는 뇌 자기공명영상의 특성에 적합한 퍼지 분할법을 반복적으로 적용함으로써 분할 영상의 질을 개선하여 뇌 구조 분석의 신뢰도를 높이고, 사용자 편의성을 고려한 소프트웨어를 이용한 좌우 뇌섬엽 용적 측정을 통해 뇌 구조적 이상에 대한 보다 나은 분석 방법을 제시한다.

Abstract : Generally, there have been limitations to investigate structural brain abnormalities with MR images for psychiatric patients, such as schizophrenia, depression and autism, since the brain abnormalities of psychiatric patients are too small to be detected easily. It has been suggested to exploit the result of size-comparison or analysis of specified part in various brain tissues. Results of brain analysis highly depend on accuracy of the brain segmentation because it is hard to segment image that the boundary between tissues in the brain MRI is inherently vague.
In this paper, we improve the quality of brain segmentation so that we increase the credit of brain analysis. In addition, we provide the improved images for studying brain abnormalities through left-right insular volume measure using handy software tool.

Key words : Magnetic resonance Image, Fuzzy classification, Parcellation, Insular

서 론

사람의 뇌는 매우 복잡한 신경세포로 이루어져 신체 및 정신 기능을 통제하는 아주 중요한 부위이다. 임상적으로 신경학적 질환 뿐 아니라 정신 질환에서도 뇌 특정 부분의 구조적 혹은 기능적 이상이 발견되는 것으로 알려져 왔다. 예를 들면, 정신분열증(schizophrenia), 우울증(depression), 자폐 장애(autistic disorder)와 같은 정신 질환에서 대뇌 전두엽에 이상이 있다는 연구보고가 꾸준히 제기되어 왔다. 그러나, 이들 정신 질환에서의 구조적 이상은 대부분 아주 미세하여 전산화단층촬영(computerized tomography : CT) 혹은 자기공명영상(magnetic resonance image : MRI)과 같은 구조적 영상에서 눈으로 확인할 수 있는 병변이 없는 경우가 대부분이다. 이에 따라 지금까지 정신질환에서 뇌의 구조적 이상을 밝히고자 하는 영상 연구들은 특정 관심부위(region of interest : ROI)를 정의하고, 이를 손으로 그려 용적을 측정한 후, 이들 용적을 정상인의 것과 비교하는 방법을 이용하였다. 따라서 관심부위를 '어떻게 정의하였는가?' 와 '얼마나 객관적으로 경계를 그렸는가?'는 중요한 논점이 되어 왔다[1,2]. 최근 구조적 영상에 널리 사용되고 있는 자기공명영상은 인체 대부분을 차지하고 있는 물 성분 중 수소의 자기 모멘트 성질을 이용하여 주변

본 논문은 2001년도 보건복지부 선도기술 개발사업 • 의료공학기술개발사업(과제번호: HMP-98-G-1-002-B)의 지원으로 이루어졌음.
통신저자 : 김선일, (133-605) 서울 성동구 성동우체국 사서함 55호
Tel. (02)2290-8280, Fax. (02)2296-5943
E-mail. sunkim@email.hanyang.ac.kr

조직 상태에 따라 변화되는 물분자의 자기공명학적 성질과 그 농도를 반영하는 자기공명신호 크기의 공간적 분포를 영상화한 것이다.

자기공명영상을 이용한 뇌 구조 분석에 있어서 필수 과정은 조직별로 정확히 분할하는 것인데, 조직간의 경계가 모호한 자기공명영상의 특성으로 인해 분할에 상당한 어려움이 있다. 그러나 영상 분할의 중요성으로 인해 다양한 조직으로 구성된 뇌를 자동으로 분할하기 위한 시도가 계속 이어져 왔다. 그 중에서 자기공명영상의 특성에 가장 적합한 퍼지 분할법(fuzzy classifier)이 구현이 간단하며, 처리 시간이 짧고, 분할 영상의 질이 높아 최근 각광받고 있다. 퍼지 분할법은 1981년 James C. Bezdek에 의해 발전한 알고리듬(fuzzy c-means algorithm : FCM)으로 영상의 특질 즉 밝기나 밝기의 동질성 등을 매개로 하여 특정 부분으로 분할하는 것이다[3,4]. 일반적으로 뇌 자기공명영상을 이용한 퍼지 분할법에서는 시퀀스(sequence)에 따라 나타나는 T1, T2, PD 영상을 모두 입력으로 하여 조직별 분할을 하게 된다. 그러나, 분할 후 수행되는 뇌 구조 분석에 있어서 최적의 해상도를 만족하기 위해서, 또 비용에 따른 문제로 인해 대부분 T1 영상만을 사용하므로 분할에 필요한 정보의 부족으로 인해 단순한 퍼지 분할법으로는 정확한 결과를 얻기가 힘들다. 본 연구에서는 뇌 구조 분석의 전처리 과정으로 뇌 영상의 픽셀(pixel)이 각 클래스(class)에 속하는 정도를 나타내는 유사도(membership) 값을 활용하여 연속적으로 퍼지 분할법을 적용함으로써 개선된 분할 결과를 얻었다. 퍼지 분할법을 수행하기 위해 먼저 ROI를 설정하는데, 시작점(seed)을 중심으로 설정된 밝기 범위 내에 포함되는 영역으로 확장해나가는 영역 확장법(region growing method)을 사용하여 대뇌 영역을 제외한 지방질이나 두개골 부분 등을 뇌 영상에서 제거하였다[5,6].

지금까지 뇌 구조 분석 방법은 거의 수동적인 방법에 의존해왔다. 예를 들면, 뇌 영상에 대한 표준 아틀라스인 Talairach 공간에 선형변환을 통해 일치시켜서 분할하거나, 뇌 고랑(sulcus), 이랑(gyrus) 등 특정 부분의 표시를 이용하여 뇌의 영역을 나누거나 뇌 조직간의 경계를 구해서 영상에 존재하는 지역적인 특성(geometric features)을 이용하여 조직 내에서 구획 단위별로 그리거나, 뇌 조직별로 분할된 영상에 대해서 등가면(isosurface)을 생성하여 좀 더 편리한 구획화 작업을 하였다[7,8,9]. 그러나 뇌 조직 중에서 형태가 뚜렷하게 구별되는 뇌섬엽(insular)을 표시하는 경우에도 객관적인 판단기준이 없는 상황에서 오로지 사용자의 주관적인 판단에 의존하여 마우스로 직접 그리는 등 상당한 시간을 요하는 작업이었다.

본 연구의 목적은 조직별로 분할된 영상을 참고로 하고 일반적인 그래픽 소프트웨어의 인터페이스를 채용하여, 관심 영역을 설정하고 경계 검출법(edge detection method)으로 윤곽선을 표시함으로써 사용자가 보다 편리하게 뇌 구조 분석작업을 수행할 수 있도록 시스템을 구성하여 신경정신분야의 병태생리연구에 도움을 주고자 하는 데 있다.

뇌 영상의 조직별 분할과 구획화

1. 시스템 구성

서울대학교 병원 진단방사선과의 1.5-Tesla 장비(GE. USA ; Siemens, Germany)에서 회질과 백질의 대비가 좋은 것으로 알려진 spoiled gradient-recalled(SPGR) 방법을 이용하여 1.5mm 두께의 연속된 124장의 시상면(sagittal images)을 얻었다[10]. 사용된 SPGR 파라미터는 다음과 같다.

1) Time repetition 14.4ms, 2) Time echo 5.5ms, 3) 1 repetition, 4) Flip angle 20˚, 5) Acquisition matrix 256* 256, 6) FOV (field of view) 210-250 mm

정상인 남자 10명의 뇌 영상을 이용하여 실험하였으며, 알고리듬 구현은 펜티엄Ⅲ 450MHz 듀얼 프로세서(dual processor) PC에서 Visual C++ 6.0을 이용하였다.

2. 실험 방법

MRI 장비로부터 얻어진 뇌 영상에서 대뇌영역 이외의 부분을 영역 확장법으로 제거하고, 연속적인 퍼지 분할법을 사용하여 뇌유조직과 뇌척수액으로 구분하였다. 분할된 영상을 참고로 하여 특정 부분, 즉 뇌섬엽에 대한 분석을 통해 정상인과 환자의 뇌섬엽의 용적(volume)을 비교하였다. 그림 1은 전체 연구의 흐름도를 표시한 것이다.

3. 영역 확장법

뇌 영상에서 대뇌영역 이외의 부분을 제거하기 위해서 간편한 영역 확장법을 사용하였다. 이미지 상의 픽셀이나 특정 부분을 더 큰 영역으로 확장해나가는 방식으로 시작점으로부터 정해진 밝기 범위 내에 포함되는 주변 픽셀들을 병합해 나가게 된다.[5,6] 이 때 주변을 검색하는 방식은 영역에서 영역의

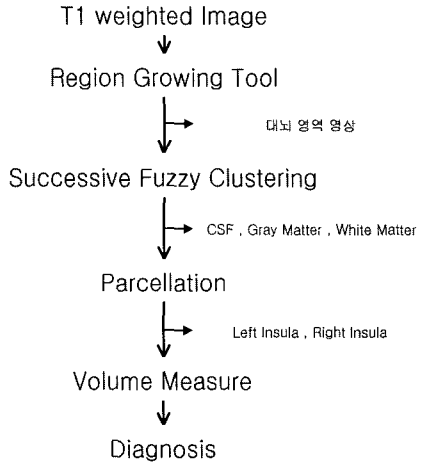
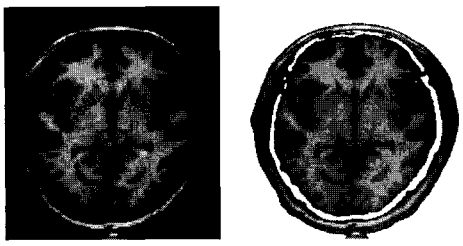
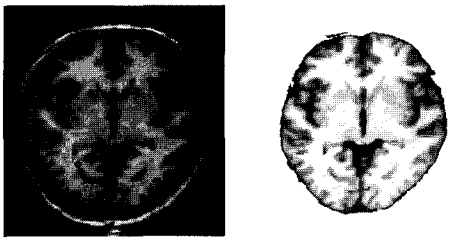


그림. 1. 연속적인 퍼지 분할법과 개선된 구획화 방법을 통한 뇌 구조 분석의 흐름도

Fig. 1. Flow chart of barin analysis using successive fuzzy classification and improved parcellation method



(a)



(b)

그림 2. 영역 확장법을 이용하여 대뇌 영역을 추출한 결과 : 시작점으로부터 확장되는 영역을 제한하도록 하는 인터페이스(제한선)를 구현하여 관심영역 설정이 용이하도록 하였다
(a) 제한선을 사용하기 전 (b) 제한선을 사용하고 난 후
Fig. 2. Result of cerebrum extraction using region growing method (a) Before applying limit lines (b) After applying limit lines

성분이나 개체의 경계를 설정하는 연결 알고리듬(connectivity algorithm)으로 검색과 처리에 걸리는 시간을 고려하여 4-연결(4-connectivity) 방식을 사용하였다. 뇌 자기공명영상의 조직간 경계가 모호한 특성으로 인해 기본적인 방법만으로는 대뇌 영역만을 선택하는 것이 거의 불가능하여 시작점으로부터 확장되는 영역을 제한하도록 하는 인터페이스를 구현하여 관심영역 설정이 용이하도록 하였다(그림 2).

4. Fuzzy c-means algorithm (FCM)

R을 실수들의 집합이라 하고, R^d를 실수에 대한 d차원의 벡터 공간으로, X를 R^d의 부분 집합, 즉 $X=\{x_1, x_2, x_3, \ldots, x_N\}$ 으로 정의한다면, 보통 X의 퍼지 분할(fuzzy partition)의 결과는 다음 세 가지 제한 조건을 만족하는 요소들로 구성된 분할 행렬(partition matrix) $U(U=[u_{ik}])$로 표현된다.

$$\sum_{i=0}^{C} U_{ik}=1 \qquad \text{for all } k, \tag{1-1}$$

$$\sum_{k=0}^{N} u_{ik} > 0 \qquad \text{for all } i \tag{1-2}$$

$$u_{ik} \in [0, 1] \qquad \text{for all } i, k \tag{1-3}$$

행렬 U의 각 열 j 는 X의 퍼지 분할 클래스에 대한 x_j의 유사도 값을 나타내고, 각 행 i는 X에 대한 유사도 함수 u_i의 값을 나타낸다. 즉, u_{ik}는 X의 i번째 퍼지 부분집합에서 x_k의 각 클래스에 속하는 정도를 나타내는 것이다. FCM 알고리듬은 다음에 주어져 있는 목적(objective) 함수를 최소화하는 방향으로 분할을 수행한다.

$$J_m(U, V) = \sum_{k=0}^{N}\sum_{i=0}^{C} u_{ik}^{m} d_{ik}^{2}$$
$$\text{subject to } \sum_{i=0}^{C} u_{ik} = 1 \qquad \text{for all } k \tag{2}$$

u_{ik} : membership value of sample x_k in class i
d_{ik}^2 : distance from a sample x_k to cluster center v_i
V : space of all possible cluster center v_i
m : weighting exponent(fuzzifier)

$m>1$ 인 경우에 대해서 주어진 목적함수가 최소화되는 것은 유사도 값과 클래스 중심값이 아래에 제시된 것과 같을 때이다.

$$u_{ik}=\frac{1}{\sum_{j=1}^{C}\left(\frac{d_{ik}^2}{d_{jk}^2}\right)^{1/(m-1)}} \qquad \text{for all } i,\ k \tag{3}$$

$$v_i=\frac{\sum_{k=1}^{N}(u_{ik})^m x_k}{\sum_{k=1}^{N}(u_{ik})^m} \qquad \text{for all } i \tag{4}$$

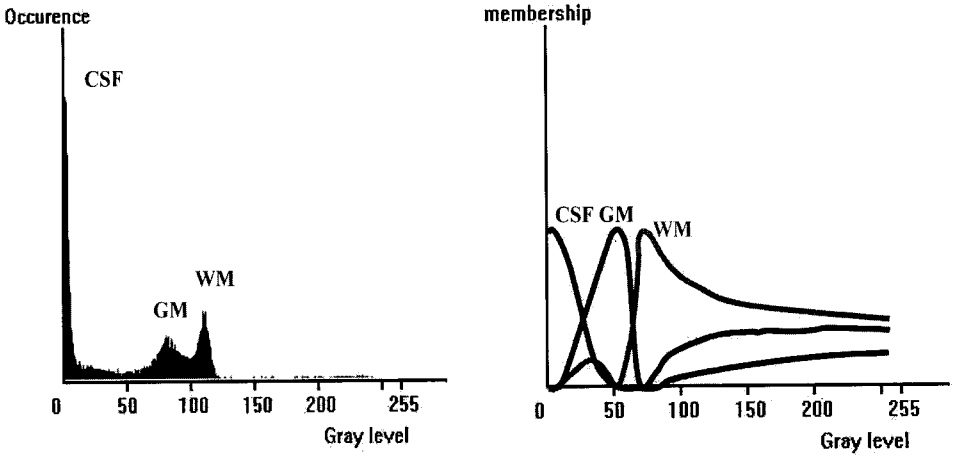
클래스 중심값을 초기화 한 후 그에 따른 유사도 값을 구하여 이전에 구해진 유사도 값과의 차이가 미리 정해진 범위내로 수렴할 때까지 반복적으로 수행하고 각 클래스에 대한 유사도 값 중 가장 큰 값에 해당하는 클래스로 각 픽셀을 할당하여 영상을 분할한다(defuzzification). [3.4]

5. 연속적인 퍼지 분할법 (successive fuzzy classification)

각 픽셀들은 각 클래스에 대한 유사도 값 중에서 가장 높은 값에 해당하는 클래스에 속할 가능성이 크기 때문에 FCM을 한 번 수행한 결과 백질로 분류된 픽셀 중에서 유사도 값이 미리 정해진 값(일반적으로 0.85-0.9 사이의 값을 사용) 이상인 경우는 백질 클래스로 할당을 하고, 나머지 픽셀에 대해서 다시 FCM을 적용하여 최종적인 백질 클래스와 회질 클래스를 결정한다. (그림 3)

6. 경계 검출법

물체에 대한 경계를 강화 및 추출하는 방법으로 특정영역의 윤곽선을 검출하기 위해 Chain-code 알고리듬을 사용하였다. 단면 영상을 아래쪽에서 위쪽으로 평행하게 검색하여 윤곽선의 어느 한 점을 초기점으로 잡고, 이 점을 기준으로 시계방향 혹은 반 시계방향으로 이웃하는 픽셀을 검출한다. 그림 4 에서 보인 것처럼 초기점에서 번호 순서대로 여덟 방향을 검색하여



(a) histogram (b) membership function

그림 3. SPGR T1 영상에 대한 히스토그램(a)과 각 클래스에 대한 유사도 값(b) : 회질과 백질의 경계값 결정하기가 힘들다.
Fig. 3. Histogram of SPGR T1-weighted image(a) and membership value of each class(b) : it is difficult to determine the threshold value between gray matter and white matter

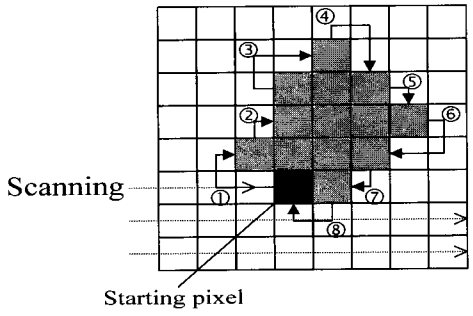


그림 4. Chain-code 알고리듬을 이용한 윤곽선 검출
Fig. 4. Boundary description with chain-code algorithm

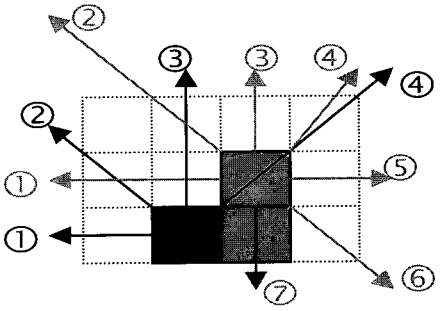


그림 5. 이웃 픽셀의 검출방법 : 짙은색의 초기점으로부터 번호대로 각 방향을 검색하여 이웃 픽셀 검출
Fig. 5. Detection of the neighbor pixel : Detect every direction from the initial point of dark gray

처음 만나는 픽셀이 이웃하는 점이 되고, 검출된 점에서는 자신이 검출된 방향의 다음 방향부터 이웃 픽셀을 검색한다(그림 5). 이 과정은 대상물을 한바퀴 돌아 초기 픽셀이 검출될 때까지 반복하여 윤곽선을 얻는다[11].

7. 구획화

뇌 조직별 크기에 대한 분석으로 정신 질환을 진단하거나, 종양 등의 정확한 위치나 특성을 해부학적인 분할을 통해 파악하는 목적으로 최근 많이 사용되고 있는 것이 구획화(parcellation)이다. 상당 부분 수동적인 작업이 요구되었던 구획화 방법이 사용자에게 보다 편리하게 자동적으로 처리할 수 있는 것으로 발전해 가고 있다. 본 연구에서는 뇌 조직별로 정확히 분할된 영상을 기반으로 일반적인 그래픽 기능에서 편집 기능의 장점을 최대한 살린 소프트웨어를 이용하여 사용자 편의성을 강조한 구획화 방법을 제안한다.

소프트웨어의 기본적인 화면은 뇌 영상의 세 단면(transaxial, coronal, sagittal)과 편집하고자 하는 단면에서 분석할 특정 부분이 속한 클래스 영상을 보여준다. 분할 영상에서 원하는 부위에 대해서 영역을 선택하고 윤곽선을 검출하여 각 세 단면 영상에 표시를 하게 된다. 원 영상에 표시된 윤곽선을 통해 구획화 결과를 분석하면서 선택된 영역의 수정이 가능하도록 구현하였다(그림 6).

8. 용적 측정

구획화 작업의 결과로 나온 영역에 대한 크기를 측정한다. 한 장의 단면 영상에 대해서는 영역에 해당하는 픽셀 수와 픽셀의 크기(mm)를 곱해서 실제 크기를 구하게 되고, 해당 부위의 용적을 측정하기 위해서는 각 단면에서의 픽셀 수를 다 더해서 복셀(voxel)의 넓이(mm)와 높이(mm)와 단면의 두께(mm)를 곱함으로써 실제 용적 크기를 측정한다.

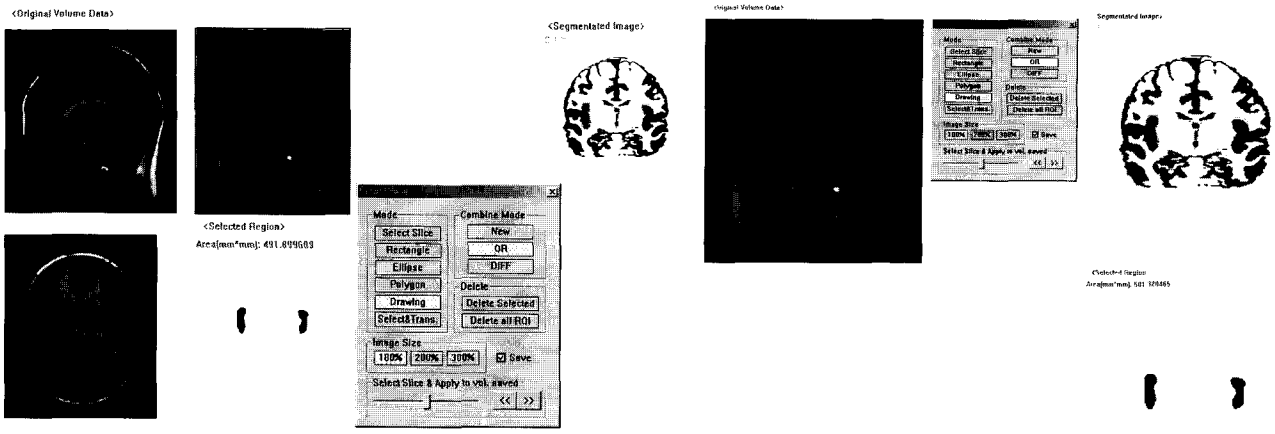


그림 6. 개발한 구획화 소프트웨어 (a) 원래 크기 (b) 2배 확대
Fig. 6. Developed Parcellation Software (a) original mode (b) double mode

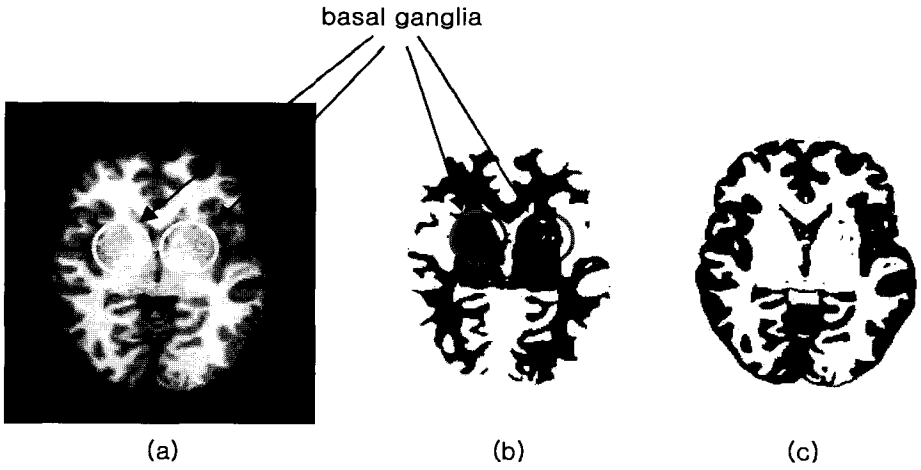


그림 7. 단순한 퍼지 분할법으로 잘못 분할한 결과 : 회질인 기저핵(원으로 표시된 부분)이 백질로 분류되어 있다. (a) 원영상 (b) 백질 (c) 회질
Fig. 7. Result of misclassification using conventional FCM : basal ganglia (part described by circle) is originally the part of gray matter but misclassified into white matter. (a) original image (b) white matter image (c) gray matter image

실험 결과 및 고찰

1. 연속적인 퍼지 분할과 구획화

일반적으로 자기공명영상의 시퀀스에 따라 나타나는 T1, T2, PD 영상 각각의 밝기 정보의 상호 연관성을 특질로 이용하여 퍼지 분할법을 수행하지만 뇌 구조 분석에서는 최적의 해상도와 비용 문제로 인해 특별한 경우를 제외하고는 한 환자에 대해 T1 강조 영상만을 활용하게 된다. 주어진 특질 수가 제한되어 있어서 단순한 FCM만으로는 좋은 분할 결과를 기대하기 어렵다. 실제로, T1 강조 영상에 대해 FCM을 적용한 결과 회질의 일부분이 백질로 분류되는 오류가 발생하였다. 예를 들면, 그림 7에서 보여지는 것처럼 대뇌 기저핵(basal ganglia)의 밝기가 백질에 가까워 원래는 회질이지만 분할 결과 백질로 분류되어 있다. 그림 8은 연속적인 퍼지 분할법을 이용하여 회질의 일부가 백질로 분류되던 단순한 FCM의 결과를 개선한 것을 보여주고 있다. 표 1은 실험 대상에서 정상인 그룹의 남성 데이터들로부터 측정하였는데 회질과 백질의 전체 용적 크기를 통해서 개선된 결과를 알 수 있다. 표 1에서 보는 것처럼 백질로 잘못 분류된 회질 성분들이 정확하게 분류가 된다. 각 조직별로 분할된 영상에서 뇌섬엽 부분을 사각형이나 타원 등으로 선택하여 그 부분에 대해 검출된 윤곽선이 원 영상에 표시된 것을 보면서 선택영역을 수정한다. 각 단면 영상에서 뇌섬엽 부분이 정확히 표시되면 용적을 계산하여 분석을 하게 된다.

2. 뇌의 구조적인 분석

정상인과 정신분열증 환자, 강박장애 환자 각 25명(남자 : 20명,여자:5명)에 대해서 ANALYZE 3.0(Mayo Clinic)[11]을 이

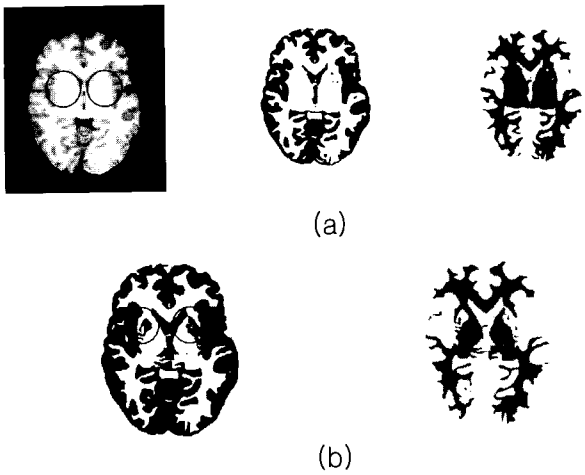


그림 8. 연속적인 퍼지 분할법의 결과 : 단순한 퍼지 분할법의 결과에서 잘못 분류되었던 기저핵이 회질로 분류되었다
(a) 단순 퍼지 분할법 (b) 연속적인 퍼지 분할법
Fig. 8. Result of successive fuzzy classification : basal ganglia that is misclassified into white matter using conventional FCM is classified into gray matter. (a) conventional FCM (b) successive FCM

표 1. 단순한 퍼지 분할법과 연속적인 퍼지 분할법의 처리 결과 : 백질로 잘못 분류된 회질 성분들이 정확하게 분류가 된다.
Table 1. Result of conventional FCM and successive FCM(GM/WM Ratio : Vaidyanathan et al. [13]-1.48±0.20, Narayana et al. [14] - 1.3±0.1)

Volume Size(mm^3)	Conventional FCM	Successive FCM
Brain	1277.9 ± 0.62	
Gray Matter(GM)	630.8 ± 0.53	753.5 ± 0.74
White Matter	632.4 ± 0.63	517.4 ± 0.43
GM/WM ratio	0.997 ± 0.001	1.456 ± 0.001

표 2. 좌우 뇌섬엽의 용적 크기 측정 결과 [12] : 좌측 뇌섬엽의 기는 거의 차이가 없으나, 우측 뇌섬엽의 크기에서 정상인과 정신분열증 그룹의 차이가 발견되었다
Table 2. Result of volume measure of left-right insula [12]

	Right Insula Volume (mm^3)	Left Insula Volume (mm^3)
정상인 그룹	5.6 ± 0.66	6.2 ± 0.64
OCD 그룹	5.7 ± 0.72	6.0 ± 0.81
Schizophrenia 그룹	5.2 ± 0.47	5.8 ± 0.69

용하여 좌우 뇌섬엽 용적 크기를 구한 표 2를 통해 알 수 있듯이 좌측 뇌섬엽의 크기는 거의 차이가 없으나, 우측 뇌섬엽의 크기에서 정상인과 정신분열증 그룹의 차이가 발견되었다 ($F=3.24$, $p < 0.05$). 따라서, 정신분열증의 경우 병의 병태생리학(pathophysiology)적으로 판단했을 때 특정 뇌섬엽의 변화를 확인함으로써 진단의 근거로 활용할 수 있음을 알 수 있다

표 3. 실험 대상에 대한 좌우 뇌섬엽의 용적 크기 측정 비교 : ANALYZE 3.0과 제안한 소프트웨어의 결과가 거의 차이가 없음을 알 수 있다.
Table 3. Comparison of volume measures of left-right insula about exprimental objects : ANALYZE 3.0 vs. Proposed Software

	Right Insula Volume (mm^3)	Left Insula Volume (mm^3)
ANALYZE 3.0	6.3 ± 0.33	6.6 ± 0.49
Proposed Software	6.5 ± 0.57	6.7 ± 0.43
Paired T-Test (95% Confidence)	T=1.444 Sig.=0.199	T=1.549 Sig.=0.172

[12]. 그러나, ANALYZE 3.0을 이용한 구획화의 경우 마우스를 이용하여 일일이 뇌섬엽의 형태를 따라 그려야 함으로 데이터당 평균 3시간 정도 소요되는 등 상당히 힘든 작업이다. 본 논문에서 제안한 영역 검출법을 이용한 소프트웨어의 경우 완전히 자동화된 작업이 아니지만 데이터당 평균 1시간 정도만 소요되어 구획화 작업에 필요한 시간과 노력을 줄일 수 있는 장점이 있다. 표 3은 10개의 데이터를 이용하여 ANALYZE 3.0을 사용한 구획화 결과와 본 논문에서 제안하는 소프트웨어의 결과를 비교하고 있다. 표3에서 보는 것처럼 거의 차이가 없음을 알 수 있다.

3. 고찰

뇌의 구조적 분석에 있어서 가장 중요한 것이 전처리과정인 영상 분할 결과의 정확성이다. 퍼지 분할법의 경우 분할의 매개가 되는 인자가 많을수록 정확도가 높아지게 되므로, 자기공명영상의 다양한 특성들을 활용하는 방안에 대한 연구가 필요하다. 예를 들면, 각 조직 간이나 조직 내에서 밝기의 차이를 이용하거나, 또는 전처리 과정에서 명확하게 분류가 가능한 일부 데이터에 대해 가중치를 부여하여 분할의 기준으로 활용할 수 있을 것이다. 그러나, 보다 정확한 분할을 하기 위해서는 확률적인 그리고, 통계적인 방법과 연계되어야 한다. 본 논문에서 제안한 퍼지 분할법으로 개략적인 클래스 분류를 마치고, EM(expectation maximization) 알고리듬을 활용하여 정확한 뇌 조직별 분할을 수행하는 방법에 대해 추후 연구가 있어야 할 것이다.

퍼지 분할법의 입력으로 활용하고 있는 영역 확장법을 이용한 대뇌 추출영상의 경우 회질 바깥에 있는, 대뇌를 둘러싸고 있는 뇌척수액이 제외되어 있다. T1 영상의 경우 뇌척수액의 밝기 정보가 배경의 밝기와 같기 때문에 눈으로 확인이 불가능하다. 또한, 두개골과 대뇌영역 사이 부분이 전부 뇌척수액이 아니라 다른 지방질이 있기 때문에 사용자가 직접 대뇌 영역을 설정한다 하더라도 객관적이고 정확한 분류가 불가능한 실정이다. 실제로 이 뇌척수액을 제외한 대뇌영역의 크기를 측정하는 것은 진단에 있어서 의미를 잃어버릴 수 있어 큰 문제를 야기할 수 있다. 이러한 뇌척수액을 근사적으로 구하기 위해 대뇌 추출영상을 이진 영상으로 만들어 형태학적 연산(mor-

phological operation)중에서 확장(dilation)연산을 적용하는 방법이 연구되어야 할 것이다[5].

구획화의 경우 이전까지의 방법은 영상에서 직접 원하는 부분의 윤곽을 그려왔었는데, 본 논문에서 제안하는 방법은 보다 편리하고 간편하게 작업을 수행할 수 있다. 또, 용적의 각 단면에 대한 영상을 한꺼번에 보여줌으로써 구획화 되는 부분의 위치를 입체적으로 파악할 수 있어서 정확한 분류가 가능하다는 장점이 있다. 사용자가 이전에 선택한 영역을 수정하는 경우에도 쉽게 편집이 가능하기 때문에 임상에서의 활용도가 높아 질 것이다. 또한, 이전에는 직접 그렸었기 때문에 뇌 영상에서 형태가 분명하고 그리기 쉬운 부분에 대한 진단만 해왔었는데, 간편한 영역 선택과 경계 검출법으로 어느 부분이나 구획화가 가능하게 되어 현재 신경 정신 분야에서 활발히 연구가 진행 중인 질병에 관한 병태생리연구에 큰 도움이 될 것으로 판단된다.

결 론

본 연구에서는 뇌 자기공명영상을 각 조직별로 자동적으로 분할하는 방법에 대하여 제안하였다. 관심영역인 대뇌영역 이외의 부분에 대해서 영역 확장법을 응용한 방법으로 제거한 후 연속적인 퍼지 분할법으로 뇌유조직과 뇌척수액으로 대뇌영역을 분할하였다. 단순한 퍼지 분할법에서 문제가 되었던 백질과 회질의 잘못된 분류를 반복적인 적용으로 해결하였다. 분할된 뇌 영상을 이용하여 정신 질환 진단의 객관적인 판단 기준으로 활용하기 위한 구획화 작업을 수행하였다. 편리하게 사용할 수 있는 인터페이스를 구성하여 보다 정확한 구획화가 이루어질 수 있도록 시스템을 구현하였다.

참 고 문 헌

1. B. Crespo-Facorro, J.J. Kim, N.C. Andreasen, D.S. O'Leary, A.K. Wiser, J.M. Bailey, G. Harris, and V.A. Magnotta, "*Human Frontal Cortex : An MRI- Based Parcellation Mehthod*", NeuroImage 10, pp. 500-519, 1999
2. J.J. Kim, B. Crespo-Facorro, N.C. Andreasen, D.S. O'Leary, B. Zhang, G. Harris, and V.A. Magnotta, "*An MRI-Based Parcellation Method for the Temporal Lobe*", NeuroImage 11, pp. 271-288, 2000
3. J.C. Bezdek, J. Keller , R. Krisnapuram, N.R. Pal, Fuzzy Models And Algorithms For Pattern Recognition And Image Processing, Kluwer Academic Publishers, 1999
4. J.C. Bezdek, Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms, Plenum Press, 1981
5. R.C. Gonzalez and R.E. Woods, Digital Image Processing, Addison Wesley, 1993
6. R. Adams and L. Bischof, "*Seeded Region Growing*", IEEE Trans. PAMI, Vol. 16, No. 6, pp. 641-647, 1994
7. H. Steinmetz and R.J. Seitz, "*Functional anatomy of language processing : neuroimaging and the problem of individual variability*", Neuropsychologia 29, pp. 1149-1161, 1991
8. M.L. Jouandet, M.J. Tramo, D.M. Herron, A. Hermann, W.C. Loftus, J. Bazell, and M.S. Gazzaiga, "*Brainprints : Computer-generated two-dimensional maps of the human cerebral cortex in vivo*", J. Cogn. Neurosci. 1, pp. 88-117, 1989
9. J.W. Meyer, N. Makris, J.F. Bates, V.S. Caviness, Jr., and D.N. Kennedy, "*MRI-Based Topographic Parcellation of Human Cerebral White Matter*", NeuroImage 9, pp. 1-17, 1999
10. M. Sonka, V. Hlavac, and R. Boyle, Image Processing, Analysis and Machine Vision, Chapman & Hall Computing, pp. 200-224
11. R.A. Robb, Three-Dimensional Biomedical Imaging, VCH, 1995
12. J.J. Kim, S.I. Kim, J.S. Kim, J.S. Kwon, "*Morphometric abnormality of the insular cortex measured by magnetic resonance imaging in schizophrenia and obsessive compulsive disorder*", International Congress of Schizophrenia Research 2000
13. M. Vaidyanathan, L.P. Clarke, C. Heidtman, R.P. Velthuizen, L.O. Hall, "*Normal brain volume measurements using multispectral MRI segmentation*", Magnetic Resonance Imaging 15, pp. 87-97, 1997
14. P.A. Narayana, A. Borthakur, "*Effect of radio frequency inhomogenity correction on the reproducibility of intracranial volumes using MR image data*", Magnetic Resonance Materials in Biology, Physics, and Medicine 33, pp. 396-400, 1995