

# 바이어스필드에 의해 왜곡된 MRI 영상자료분할을 위한 EM 알고리즘 기반 접근법 \*

김승구 <sup>1)</sup>

## 요약

본 연구에서는 바이어스 필드에 의해 왜곡된 MRI 영상에 대한 분할을 위해 확장된 EM 알고리즘을 기반으로 한 통계적 접근법을 제시한다. 영상의 명암값을 자료로 하는 분할기법들은 고주파 성분의 잡음 뿐만 아니라 영상을 불균질하게 만드는 바이어스 필드라는 저주파 성분의 왜곡에 특히 취약하다. 이 문제를 해결하기 위해 본 논문에서는 잡음을 효과적으로 제어하기 위해 마코프랜덤필드가 적용된 정규혼합모형을 고려하며, 효과적인 바이어스 필드의 보정을 위해 페널티-우도를 도입하여 추정하는 방법으로 고안되었다.

주요용어: MRI, 영상분할, 바이어스 필드, 정규혼합모형, penalized EM 알고리즘, ECM 알고리즘

## 1. 서론 및 기본개념

### 1.1. 서론

영상분할(image segmentation)은 영상분석에서 가장 기초를 이루는 중요한 과정이다. 영상분할이란 간단히 말해 영상을 구성하는 화소값(pixel or voxel values)들을 몇 개의 동질적 성분(homogeneous components)으로 집락화(clustering)하는 작업이라 할 수 있다. 인공지능이나 형상화처리(morphological processing) 등 많은 응용분야에서는 올바른 영상분할이 보장되어야 한다. 특히 본 논문에서 다루게 될 자기공명영상(magnetic resonance imaging; MRI)에서의 분할작업은 질병의 진행과정을 파악하거나 해부학적 구조를 형상화하는 데 매우 중요한 역할을 한다. 두뇌를 조영한 자기공명영상에서는 3 가지 형태의 조직 백색질(white matter), 회색질(gray matter) 및 CSF(celebrospinal fluid)으로 분할하는 작업이 중요하다. 그러나 화소값으로서 명암값(intensity value)만을 자료로 하는 분할기법에서는 여러가지 왜곡에 의해 그릇된 분할 결과가 제공되기 쉽다. 이 경우 특히 고주파특성의 잡음(noise)과 저주파특성의 바이어스필드(bias field)가 주된 요인이 되는데, 영상의 마코프 랜덤필드(Markov random field)를 고려하는 근린관계형 기법(contextual method)이 도입됨으로써 잡음의 보정에 대해서는 많은 성과를 이루고 있다. 그러나 영상처리 분야에서

\* 본 연구는 2002년도 상지대학교 평가대비연구비 지원으로 수행되었음.

1) (220-702) 강원도 원주시 우산동, 상지대학교 응용통계학과

E-mail: sgukim@mail.sangji.ac.kr

그릇된 분할 결과는 잡음에 의해서 보다는 바이어스필드에 의한 오염에 기인하는 경우가 더 많다. 바이어스필드를 보정하는 분할기법은 기존에 많은 연구가 있었으나 대부분은 비통계적 기법들로서 약간의 잡음에 의해서도 매우 취약한 것으로 알려지고 있다. 또한 사전에 시험자료(training data)를 사용하여 바이어스필드를 추정해 두고 영상을 보정한 후 분할과정을 거치는 기법로서, 이들은 기기의 바이어스필드 생성구조가 항상 일정해야 한다는 가정을 전제로 하고 있기 때문에 현실적이지 못하다.

Wells 등(1996)의 기법은 통계적 모형을 기초로 하는 바이어스필드 추정 기법의 효시가 되었다. 본 연구 역시 바이어스필드 추정에 한해서는 이 방법을 부분적으로 차용하고 있다. 그러나 Wells 기법은 영상자료 즉 화소값에 대해 상호 독립성을 전제로 하고 있다. 이것은 영상처리 분야에서는 비현실적 가정이다. 그래서 다소 큰 잡음(특히 영상값에 이상치가 존재하는 경우)에 대해서 그릇된 분할 결과를 제공하게 된다. 더욱이 이 기법은 확률모형의 모수들이 기존에 올바르게 추정되어 있다는 가정을 두고 있다. Guillemaud와 Brady(1997)은 정규분포를 따르지 않는 잡음을 분할성분 중 하나인 예외성분(extra component)으로 하는 혼합모형(mixture model)을 기초로 영상분할을 시도하였다. 이들은 비정상적으로 큰 잡음이 있는 영상에서 바이어스필드를 효과적으로 추정할 수 있음을 보이고자 하였다. 그러나 이 기법은 Wells의 분할기법을 바탕으로 하고 있다. 그래서 역시 근린관계형 처리기법을 사용하고 있지 않으며, 사전에 올바른 모수 추정치를 전제로 하고 있어 비현실적이기는 마찬가지이다. Leemput 등(1999a, 1999b)은 혼합모형에 기저함수(basis function)들의 선형결합인 평활함수를 이식하여 바이어스필드 추정과 분할을 동시에 처리하고자 하는 근린관계형 기법을 제시하였으나 BF 추정을 위해 기저함수의 계수를 계산하는데 비현실적인 처리시간을 요하기 때문에 실용성 면에서 문제가 있다.

최근 Zhang 등(2001)의 HMRF-EM 알고리즘(hidden MRF-EM algorithm)은 베이지안 추정에 기초하여 비정상적 잡음과 바이어스필드가 존재하는 MRI 영상에서 바이어스필드를 만족스럽게 추정할 수 있음을 제시해 Guillemaud와 Brady의 예외성분의 도입이 불필요함을 보였다. 그리고 바이어스필드 보정(즉, 영상복원)과 모수추정(즉, 영상분할)을 반복적으로 처리함으로써 기존의 방법들의 단점을 동시에 보완할 수 있다고 하였다.

## 1.2. 기본개념과 정의

영상관측모형은

$$\mathbf{y} = \mathbf{y}^* + \mathbf{b} \quad (1.1)$$

과 같은 가법모형으로 주어진다. 실측 MR 관측영상은  $\mathbf{Y} = \mathbf{Y}^* \mathbf{B}$ 와 같은 승법모형으로 관측되는데, log를 취해 식 (1.1)의 가법모형으로 변환한다. 이 경우 식 (1.1)에 적용된 가정들이 충족된다고 가정한다. 여기서  $\mathbf{y}^* = [y_1^*, \dots, y_n^*]^T$ 는 벡터로 정렬한  $n$ 개의 화소를 갖는 영상으로서 바이어스필드  $\mathbf{b} = [b_1, \dots, b_n]^T$ 에 의해 가법적으로 왜곡되기 전의 원영상(original image)이다. 그리고  $\mathbf{y}^*$ 는 서로 배반인  $g$ 개의 그룹  $\mathcal{G}_1, \dots, \mathcal{G}_g$ 으로 이루어져 있다고 하고,  $\mathbf{b}$ 와는 독립이라 하자. 그리고 성분지시변수  $\mathbf{z} = \{z_{ij}; j = 1, \dots, n, i = 1, \dots, g\}$ 를 정의하자. 단,  $y_j^*$ 가  $i$ 번째 성분의 요소이면  $z_{ij} = 1$ , 그렇지 않으면  $z_{ij} = 0$ 을 나타낸다. 이때  $y_j^*$ 가

$i$  번째 그룹에 속할 확률 즉 혼합비율(mixture proportion)을

$$\Pr\{y_j^* \in G_i\} = \Pr\{z_{ij} = 1\} = \pi_i, \quad i = 1, \dots, g$$

라 하자. 그리고 이때  $y_j^* \sim \mathcal{N}(\mu_i, \sigma_i^2)$ 을 (확률  $\pi_i$ 로) 따른다고 가정한다. 결국 원영상은

$$f(y_j^*; \Psi) = \sum_{i=1}^g \pi_i \phi(y_j^*; \theta_i), \quad j = 1, \dots, n \quad (1.2)$$

과 같은 정규혼합모형(normal mixture model:NMM)을 따른다고 볼 수 있다. 여기서  $\phi(\cdot)$ 는 정규분포 밀도함수,  $\Psi = (\pi, \theta)$ ,  $\theta_i = (\mu_i, \sigma_i^2)$ 을 나타낸다.

그러나  $y^*$  내의 원소들은 공간적 종속관계(spatial dependence)를 갖게 되므로, 식 (1.2)에서  $\pi_i$ 는  $\pi_{ij}$ 가 되어야 할 것이다. 그러나  $z$ 를 은닉 마코프 랜덤필드(hidden MRF: HMRF)로 가정함으로써 추정해야할  $\pi_{ij}$ 의 수를 충분히 줄일 수 있다.

한편 Zhang 등(2001)이 제안한 HMRF-EM 알고리즘을 간략히 소개하면 다음과 같다. 먼저 E-step에서

$$b^{(t)} = \arg \max_b p(b|y, x^{(t-1)}, \theta^{(t)}): \text{Wells 기법} \quad (1.3)$$

$$x^{(t)} = \arg \max_x p(x|y, b^{(t)}, \theta^{(t)}): \text{ICM 알고리즘} \quad (1.4)$$

에 의해 바이어스필드  $b$ 와 성분변수  $x$ 를 구한 후, M-step에서 모수 추정치

$$\theta^{(t+1)} = \arg \max_{\theta} p(y|x^{(t)}, b^{(t)}, \theta^{(t)}). \quad (1.5)$$

를 얻는 EM 알고리즘으로 구성된다. 식 (1.1)에서 바이어스필드가 확률변수로서 모형에도 입되면, 추정의 해법이 베이지안 기법 외에는 대안이 없어 보인다. 이 때 식 (1.4)에서  $x$ 를 구할 때 Besag(1986)의 ICM(iterated conditional mode) 기법을 사용하고 있다. ICM 알고리즘은 영상 필드의 국소성(locality)에 대한 판단을 반복적인 0-1 의사결정에 의해 달성하는 기법이다. 이러한 이유로 국소 최대사후밀도추정치(local maximum a posteriori)로 매우 빠르게 수렴한다. 그러나 위상이 큰 바이어스필드에 의해 오염된 영상에서 이러한 의사결정법은 위험하다는 것이 저자의 판단이다. 왜냐하면 ICM 알고리즘과 같은 급속 냉각(fast annealing) 기법들은 알고리즘의 초기 상태에 크게 의존하게 된다. 그러나 HMRF-EM 알고리즘 초기에 위상차가 큰 바이어스필드가 만족스럽게 보정될 가능성은 거의 없다. 따라서 이를 바탕으로 빠르게 수렴된 분할결과는 그릇되기 마련이며, 그릇된 분할 결과는 그릇된 바이어스필드 추정을 하는 악순환의 결과를 제공할 수 있다.

본 논문에서는 베이지안 원리를 사용하지 않고 오직 정통통계적(frequentistic) 접근법을 제시하여 Zhang 등의 HMRF-EM 알고리즘과 비교하고자 한다. 이를 위해 다음 장에서는 제안된 알고리즘을 소개하되, 분할과정에서는 ICM 알고리즘 대신 Ng 등(1995) 및 McLachlan 등(1996)의 근사 조건부 기대값을 활용한 기법과, 바이어스필드를 얻는 과정에서는 Wells의 기법이 모순없이 활용될 수 있도록 설계한다. 3장에서는  $b$ 가 주어졌을 때 모수추정 방법을 제공하며, 4 장에서는 모수 추정치들이 주어졌을 때 바이어스필드 추정에 대해 다룬다. 그리고 5 장에서는 HMRF-EM 알고리즘과 제안된 알고리즘을 실험을 통해 비교한다. 마지막으로 6 장의 결론에서는 제안된 기법을 간략히 정리하였다.

## 2. 제안된 방법: Penalized EM 알고리즘

바이어스필드  $\mathbf{b}$ 를 확률변수로 간주할 경우 ICM 알고리즘이 요구되는 베이지안 기법만이 유일한 해법일 수 밖에 없어 보인다. 그렇지만 본 연구에서는 우선  $\mathbf{b}$ 를 확률변수가 아닌 상수로 취급하여,  $\beta$ 로 나타내기로 한다. 따라서 여기서 모수 공간을  $(\beta, \Psi)$ 로 확장한다.

식 (1.1)의 관측모형을

$$\mathbf{y} = \mathbf{y}^* + \beta \quad (2.1)$$

으로 나타내자. 단,  $\beta = [\beta_1, \dots, \beta_n]^T$ 은

$$\exp\left(-\frac{1}{2}\beta^T \Sigma_\beta^{-1} \beta\right) \stackrel{\text{def}}{=} J(\beta) \quad (2.2)$$

의 영역 내에서 제한되는 확률벡터라 하자. 단, 여기서  $\Sigma_\beta = LL^T$  이고, 정방행렬  $L$ 은 저주파통과 필터(lowpass filter)로서 실용성을 고려하여 실험자의 경험을 바탕으로 선택하게 되며, 따라서  $\Sigma_\beta$ 은 사전에 주어지는 상수로 취급한다.

이제 우리의 목적은  $t$  단계에서

$$\begin{aligned} Q_P(\beta, \Psi | \beta^{(t)}, \Psi^{(t)}) &= Q(\beta, \Psi | \beta^{(t)}, \Psi^{(t)}) + \log J(\beta) \\ &= E \left[ \log p(\mathbf{y} - \beta, \mathbf{z}; \Psi) \middle| \mathbf{y}, \beta^{(t)}, \Psi^{(t)} \right] - \frac{1}{2} \beta^T \Sigma_\beta^{-1} \beta \end{aligned} \quad (2.3)$$

을  $[\beta, \Psi]$ 에 관하여 최대화하는 EM 알고리즘을 수행하는 것이다. 이 과정은  $[\beta, \Psi]$ 를 추정하되,  $\beta$  추정치의 범위를 가능한 한  $\frac{1}{2}\beta^T \Sigma_\beta^{-1} \beta$  내에 두도록 페널티를 주는 EM 알고리즘(penalized EM)이 된다. 이것은 사후밀도를 최대화하는 HMRP-EM의 베이지안 기법과는 분명히 다르나, 모수 추정시  $\beta$ 를 다변량 정규분포 특성으로 제약하고 있다는 점은 비슷하다.

본 연구에서는  $Q_P(\beta, \Psi | \beta^{(t)}, \Psi^{(t)})$ 를  $[\beta, \Psi]$ 에 관하여 동시에 최대화하는 대신, E-단계를 단순화하기 위해  $\beta$ 와  $\Psi$  중 하나를 이전 반복 추정치로 고정해 놓고, 나머지 하나에 관하여 최대화하는 Meng과 Rubin(1993)의 ECM(expectation-conditional maximization) 알고리즘 기법을 사용할 것이다. 즉,

$$\beta^{(t+1)} = \arg \max_{\beta} Q_P(\beta, \Psi^{(t)} | \beta^{(t)}, \Psi^{(t)}) \quad (2.4)$$

$$\Psi^{(t+1)} = \arg \max_{\Psi} Q_P(\beta^{(t+1)}, \Psi | \beta^{(t+1)}, \Psi^{(t)}) \quad (2.5)$$

의 과정으로 부터  $[\beta^{(t+1)}, \Psi^{(t+1)}]$ 을 얻는다. 식 (2.3)의 페널티항  $\frac{1}{2}\beta^T \Sigma_\beta^{-1} \beta$ 는  $(\beta, \Psi^{(t)})$ 에 관하여 볼록(convex)이므로 이 ECM 과정은

$$Q_P(\beta^{(t+1)}, \Psi^{(t+1)} | \beta^{(t)}, \Psi^{(t)}) \geq Q_P(\beta^{(t)}, \Psi^{(t)} | \beta^{(t)}, \Psi^{(t)}) \quad (2.6)$$

을 만족한다. 그리고 이 알고리즘을 편의상 “PECM(penalized ECM) 알고리즘”이라 부르기로 한다. 결국 제안된 알고리즘은 (2.4)와 (2.5) 과정을 통해 페널티-로그 우도함수(penalized

log-likelihood function)

$$\mathcal{L}_P(\beta, \Psi; \mathbf{y}) = \mathcal{L}(\beta, \Psi; \mathbf{y}) - \frac{1}{2} \beta^T \Sigma_\beta^{-1} \beta \quad (2.7)$$

을 단조적으로 증가시키는 알고리즘이 된다.

### 3. 모수 추정

앞 장에서는 과정 (2.4)와 (2.5)를 통해,  $\beta$ 와 혼합모형의 모수  $\Psi$ 를 페널티-로그 우도함수의 최대값에 수렴하도록 하는 알고리즘의 틀을 만들었다. 이 장에서는 이들의 구현과정을 제시한다.

#### 3.1. $\Psi$ 에 대한 추정: 영상분할 과정

$\Psi$ 를 추정하기에 앞서, 식 (2.4)로 부터 주어진  $\hat{\beta} \stackrel{\text{def}}{=} \beta^{(t+1)}$  라 하자. 이때 식 (2.5)는

$$\begin{aligned} \Psi^{(t+1)} &= \arg \max_{\Psi} Q_P(\hat{\beta}, \Psi | \hat{\beta}, \Psi^{(t)}) = \arg \max_{\Psi} Q(\hat{\beta}, \Psi | \hat{\beta}, \Psi^{(t)}) \\ &= \arg \max_{\Psi} E \left[ \log p(\mathbf{y} - \hat{\beta}, \mathbf{z}; \Psi) | \mathbf{y}, \hat{\beta}, \Psi^{(t)} \right] \end{aligned} \quad (3.1)$$

$$= \arg \max_{\Psi} \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^n E \left[ Z_{ij} | \mathbf{y}, \Psi^{(t)} \right] \log f_i(y_j - \hat{\beta}_j; \theta_i) \quad (3.2)$$

식 (3.2)에서  $\mathbf{y}$ 에 대한  $\mathbf{z}$ 의 조건부 기대값을 구하는 것은 잘 알려진 바와 같이  $\mathbf{Z}$ 의 마코프 특성 때문에 결코 쉽지 않은 문제다. 그러나 이 문제는 Kay(1986), Kay와 Titterton(1986) 및 Qian과 Titterton(1991, 1992)에서 사용한 깃스분포(Gibbs distribution)의 근사 가정, 즉

$$P(\mathbf{z}) = \prod_{j=1}^n p(\mathbf{z} | \mathbf{z}_{\partial_j}^{(t)}; \lambda) \quad (3.3)$$

을 적용하면 해결된다. 여기서  $\lambda (> 0)$ 는 상수로서, 본 논문에서는 추정하는 대신 조율상수(tuning constant)로 사용할 것이다. 그 이유는  $\lambda$ 는 영상기기(주체)와 촬영대상(객체)이 갖는 고유의 해상도와 밀접한 관계가 있다. 따라서 정해진 영상 주체와 객체에 대해 해상도를 고려하여 수많은 실험으로부터 얻어져야하는 경험 상수이기 때문이다. 그리고  $\partial_j$ 는 화소  $j$ 의 근방(neighborhood)를 나타낸다. Ng 등(1995) 및 McLachlan 등(1996)은 이 가정을 이용하여  $\beta$ 가 포함 되지 않은 모형에서  $\Psi$ 를 추정한 바 있다. 본 연구에서도 이 방법을 이용하여 비슷한 방법으로 다음과 같은 추정치들을 얻었다.

$$\begin{aligned} \pi_{ij}^{(t+1)} &= \Pr_{\Psi^{(t)}} \{ Z_{ij} = 1 | \mathbf{z}_{\partial_j}^{(t)} \} \\ &= \exp \left( \lambda \sum_{m \in \partial_j} \tau_{im}^{(t)} \right) / \sum_{h=1}^g \exp \left( \lambda \sum_{m \in \partial_h} \tau_{hm}^{(t)} \right) \end{aligned} \quad (3.4)$$

그리고  $\theta_i = (\mu_i, \sigma_i^2)$ 의 평균과 분산 추정치는 각각

$$\mu_i^{(t)} = \sum_{j=1}^n \tau_{ij}^{(t)} (y_j - \hat{\beta}_j) / \sum_{j=1}^n \tau_{ij}^{(t)}, \quad i = 1, \dots, g \quad (3.5)$$

및

$$\sigma_i^{2(t)} = \sum_{j=1}^n \tau_{ij}^{(t)} (y_j - \mu_i^{(t)} - \hat{\beta}_j)^2 / \sum_{j=1}^n \tau_{ij}^{(t)}, \quad i = 1, \dots, g \quad (3.6)$$

과 같이 얻게된다. 여기서  $\tau_{ij}^{(t)}$ 는 추정 사후확률로서

$$\begin{aligned} \tau_{ij}^{(t)} &= E [Z_{ij} | \mathbf{y}, \Psi^{(t)}] = \Pr_{\Psi^{(t)}} \{Z_{ij} = 1 | \mathbf{y} - \hat{\beta}, \mathbf{z}_{\hat{\beta}}^{(t)}\} \\ &= \pi_{ij}^{(t)} \phi(y_j - \hat{\beta}_j; \theta_i^{(t)}) / \sum_{h=1}^g \pi_{hj}^{(t)} \phi(y_j - \hat{\beta}_j; \theta_h^{(t)}) \end{aligned} \quad (3.7)$$

과 같이 결정된다.

$t$  번째 반복에서 관측치  $j$ 가  $i$  번째 성분에 속할 확률인 혼합비율 추정치  $\pi_{ij}^{(t)}$ 를 계산함에 있어 식 (3.4)의 결과는 Zhang 등(2001)의 HMRF-EM 알고리즘과 큰 차이점이 있다. HMRF-EM 알고리즘은 식 (1.4)의 ICM에 의한 결과로부터 혼합비율 추정치를 0 혹은 1로 결정한다. 만약 관측된 집락들 사이에 뚜렷한 차이가 존재한다면, 0-1 의사결정법은 좋은 결과를 줄 수 있다. 그러나 바이어스필드의 오염에 의해 집락들 사이의 경계가 모호해질 경우 ICM 알고리즘은 그릇된 판단을 하기 쉽다. 반면 식 (3.4)의 결과는 [0,1] 사이의 값으로 결정되어 관측치가 갖는 모호성(fuzziness)의 정보를 반영하게 된다.

### 3.2. 바이어스필드 $\beta$ 에 대한 추정: 영상복원 과정

식 (3.2)와 (3.7)로부터, 식 (2.4)는 주어진  $\beta^{(t)}$ 와  $\Psi^{(t)}$ 에 대해

$$\begin{aligned} \beta^{(t+1)} &= \arg \max_{\beta} Q_P(\beta, \Psi^{(t)} | \beta^{(t)}, \Psi^{(t)}) \\ &= \arg \max_{\beta} \left\{ \sum_{i=1}^g \sum_{j=1}^n \tau_{ij}^{(t)} \log f_i(y_j - \beta_j; \theta_i^{(t)}) - \frac{1}{2} \beta^T \Sigma_{\beta}^{-1} \beta \right\} \\ &= \arg \max_{\beta} \left\{ \beta^T \mathbf{r} - \frac{1}{2} \beta^T \mathbf{D}^{(t)} \beta - \frac{1}{2} \beta^T \Sigma_{\beta}^{-1} \beta \right\} \end{aligned} \quad (3.8)$$

과 같이 함수  $Q_P(\beta)$ 는  $\beta$ 에 관하여 이차이며 연속함수임을 알 수 있다. 여기서

$$r_j^{(t)} = (\mathbf{r})_j = \sum_{i=1}^g \tau_{ij}^{(t)} \left( \frac{y_j - \mu_i^{(t)}}{\sigma_i^{2(t)}} \right), \quad j = 1, \dots, n \quad (3.9)$$

이며,  $\mathbf{D}^{(t)}$ 는

$$d_j^{(t)} = (\mathbf{d})_j = \sum_{i=1}^g \tau_{ij}^{(t)} \left( 1/\sigma_i^{2(t)} \right), \quad j = 1, \dots, n \quad (3.10)$$

- 
1. 초기치 :  $\beta^{(0)}, \theta^{(0)}, \tau^{(0)}$
  2.  $\tau^{(1:t)} = \tau^{(t)}$  및  $\theta^{(0:t)} = \theta^{(t)}$  으로 놓는다.
  3. Do  $k=1: K$ 
    - 3.1 E-step:  $\tau^{(k:t)}$  계산.
    - 3.2 M-step:  $\theta^{(k:t)}$  계산.
  4. end
  5.  $\tau^{(t+1)} = \tau^{(\infty:t)}, \theta^{(t+1)} = \theta^{(\infty:t)}$  로 치환.
  6. M-step:  $\beta^{(t+1)}$  추정.
  7. 모든 추정치가 수렴할 때까지 2-6 반복.
- 

표 4.1: 개선된 PECM 알고리즘의 루틴

을 대각원소로 하는 대각행렬이다. 따라서  $\delta Q_P / \delta \beta = 0$ 으로부터

$$\begin{aligned} \beta^{(t+1)} &= (\mathbf{D}^{(t)} + \Sigma_{\beta}^{-1})^{-1} \mathbf{r}^{(t)} = (\Sigma_{\beta} \mathbf{D}^{(t)} + \mathbf{I})^{-1} \Sigma_{\beta} \mathbf{r}^{(t)} \\ &= (\mathbf{L}\mathbf{L}^T \mathbf{D}^{(t)} + \mathbf{I})^{-1} \mathbf{L}\mathbf{L}^T \mathbf{r}^{(t)} \end{aligned} \quad (3.11)$$

의 유일해를 얻을 수 있다. 그리고 식 (3.11)의 해는

$$\beta^{(t+1)} = \frac{(\mathbf{L}\mathbf{r}^{(t)})_j}{(\mathbf{L}\mathbf{D}^{(t)}\mathbf{1})_j + 1} = \frac{(\mathbf{L}\mathbf{r}^{(t)})_j}{(\mathbf{L}\mathbf{d}^{(t)})_j + 1} \approx \frac{(\mathbf{L}\mathbf{r}^{(t)})_j}{(\mathbf{L}\mathbf{d}^{(t)})_j}, \quad j = 1, \dots, n \quad (3.12)$$

과 같은 효과적인 필터링으로 해결할 수 있다. 단,  $\mathbf{1} = [1, 1, \dots, 1]^T$ . 식 (3.11)의 결과는 유도 원리는 다르지만 Wells 등(1996)의 결과와 정확히 일치한다. 이 말은 관측 확률변수  $\{y_j\}$ 들의 종속성을 고려하여 마코프 랜덤필드를 적용한다하더라도 Wells의 바이어스필드 추정루틴을 그대로 사용할 수 있음을 의미한다. 한편, 식 (3.11)의 분모, 분자의 선형변환  $\mathbf{L}\mathbf{a}$ 는 주어진  $\mathbf{L}$ 에 대응하는 점확산함수(point spread function; psf)  $\ell$ 과 영상벡터  $\mathbf{a}$ 에 대응하는 영상행렬  $A$ 의 중첩(convolution)  $\ell \odot A$ 을 말한다. 본 연구의 실험에서는 저주파 효과를 증대시키기 위해 20-30회 정도의 반복된 중첩을 사용하였다.

#### 4. 수정된 PECM 알고리즘

주어진 영상의 종류나 상태에 따라 다르기는 하지만, 종종 PECM 알고리즘도 EM 알고리즘 특유의 느린 수렴속도를 보인다. 물론 수렴속도를 향상시키는 대안들은 EM 알고리즘 관련 저서(예를들면 McLachlan, 1997) 등에 많이 소개되어 있다. 그러나 여기서의 주된 관심은 루틴의 계산시간이다. PECM 알고리즘을 수행하는 동안 식 (2.4)와 (2.5)를 반복하게 되는데,  $\beta$ 를 추정하는 식 (2.4)의 루틴에는 반복 중첩연산을 포함하고 있어 수행하는 시간

이 (2.5)보다 훨씬 더 걸린다. 따라서 식 (2.5)의 루틴을 많이 반복하는 대신 루틴 (2.4)를 가능한 한 적은 회수로 수행하도록 하는 것이 계산시간의 효율을 높일 수 있을 것이다.

주어진  $\beta^{(t+1)} \stackrel{\text{def}}{=} \hat{\beta}$ 와  $\Psi^{(t)} \stackrel{\text{def}}{=} \Psi^{(0:t)}$  하에서 식 (2.5)를  $k$ 에 대해 반복하는 알고리즘

$$\Psi^{(k+1:t)} = \arg \max_{\Psi} Q_P(\hat{\beta}, \Psi | \hat{\beta}, \Psi^{(k:t)}) \quad (4.1)$$

을 식 (2.5) 대신 사용해 보자. 이때, 이 알고리즘은 주어진 상수  $\hat{\beta}$ 에 대한  $\Psi$ 만의 EM 알고리즘이기 때문에  $k$ 가 증가함에 따라  $\Psi^{(k:t)}$ 는 단조적으로  $Q_P(\hat{\beta}, \Psi | \dots)$ 를 증가시키며, 결국

$$\Psi^{(t+1)} \stackrel{\text{def}}{=} \Psi^{(\infty:t)} = \arg \max_{\Psi} \mathcal{L}_P(\hat{\beta}, \Psi) \quad (4.2)$$

이 될 것이다. 따라서,

$$Q_P(\hat{\beta}, \Psi^{(\infty:t)} | \dots) = \mathcal{L}_P(\hat{\beta}, \Psi^{(\infty:t)}) = \mathcal{L}_P(\hat{\beta}, \Psi^{(t+1)})$$

은  $Q_P(\hat{\beta}, \Psi^{(1:t)} | \dots)$ 보다  $\mathcal{L}_P(\hat{\beta}, \Psi)$ 에 가깝게 접근해 있다. 만약 모수공간 상에 우도의 정상점(stationary point)가 유일하다면, 식(2.5) 대신 반복루틴 (4.1)를 사용함으로써 식 (2.4)에서  $\beta^{(t)}$ 의 증분을 더욱 크게 할 수 있고 루틴 (2.4)의 사용 회수를 줄일 수이면서 MLE에 도달하게 된다. 물론  $K = 1$ 이면 PECM 알고리즘이 된다.

여기서 식 (4.1)에서 “ $k = \infty$ ”는 미리 규정된 수렴기준(stopping rule) 하에서  $\Psi^{(k:t)}$ 가 수렴할 때까지의 반복함을 나타낸다. 그런데 어떤 자연수  $K$ 에 대해  $k = K$  까지만 반복하는 방법을 고려해 볼 수 있다. 다음 장의 실험에서는 수렴속도와 처리시간을 고려하여  $K = 3$ 을 사용하였다. 이에 대한 설명은 다음장에서 다룬다.

## 5. 실험

이 장에서는 제안된 알고리즘과 Zhang 등(2001)의 HMRF-EM 알고리즘의 성능을 모의 영상자료와 실측 두뇌조영 MRI 자료를 사용하여 비교한다. 모의 영상자료는 가능한 한 두뇌 MRI(T1-weighted brain mri) 자료와 유사하도록 성분별 화소값과 잡음을 정하였다. 다만, 두 알고리즘의 보정능력을 비교하기 위해 바이어스필드의 오염도를 다양하게 설정하였다. 참고로, 본 실험은 MATLAB(R12)으로 프로그래밍하였고 Intel Pentium4-1.5GHz로 처리되었다.

### 5.1. 모의 예제

그림 5.1의 (a)는  $100 \times 100$  크기의 가상의 이미지로서 3 영역(A, B, C)으로 구성되어 있다. “어두운 영역(A)”, “회색 영역(B)” 및 “밝은 영역(C)”은 실측 MRI 두뇌 영상의 백색질(white matter), 회색질(gray matter) 및 CSF와 유사하도록 각각  $\mathcal{N}(40, 5^2)$ ,  $\mathcal{N}(120, 20^2)$  및  $\mathcal{N}(150, 10^2)$ 으로부터 생성되었다. 특히 B와 C 영역 사이의 분할을 어렵게 하기 위해, 평균치이를  $|\mu_B - \mu_C| = 30$ 으로 하여 256 명암레벨(graylevel) 대비 11.7% 정도의 레벨차이를



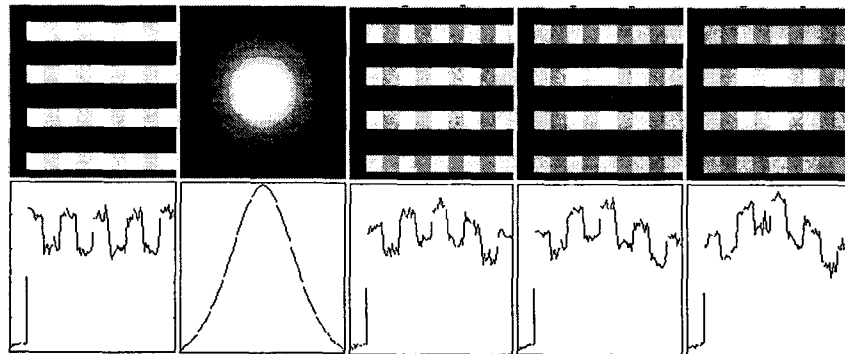


그림 5.1: 상단왼쪽부터: (a) 세가지 정규분포 성분으로 혼합된 원영상, (b) 바이어스 필드, (c)-(e) 바이어스 필드에 의해 10%, 15%, 20% 오염된 관측영상. 하단왼쪽부터: (f)-(k) 각 영상에 대응하는 40 번째 행 플롯.

갓게 한 반면 상대적으로 큰 분산을 주어 (확률적으로) B 영역의 95% 상한이 A 영역의 평균보다도 크도록 하였다. 그리고 그림 (b)는 평균이 0인 이변량 정규분포를 이용하여 인위적으로 만든 바이어스 필드이다. 그림 (c)-(e)는  $d = 0.1, 0.15, 0.2$ 에 대해

$$d(\text{원영상}) + (1 - d)(\text{바이어스필드})$$

와 같이 합성한 후 지수(exponential)를 취한 영상으로서, 합성에 앞서 원영상과 바이어스 필드의 화소값들을  $[0, 1]$  사이의 값으로 (선형)변환하였다.

그림 5.1의 (f)-(j)들은 각각 상단의 영상의 40 번째 행을 나타낸 것이다. 그림 5.1의 (h)-(j)로부터 바이어스필드의 오염이 심해짐에 따라 중심 부분이 주변부분에 비해 현저히 커지면서 각 영역의 영상자료의 불균질성이 심해짐을 알 수 있다. 특히 행 플롯을 보면  $d = 0.15$  수준에서도 B와 C영역의 구분이 어려워 보인다.

그림 5.2의 (a), (b), (c) 블록은 바이어스필드가 각각  $d = 0.1, 0.15, 0.2$ 의 비율로 오염되어 있을 때 제안된 PECM 알고리즘(위)과 HMRF-EM 알고리즘(아래)으로 구현한 결과들로서 각 블록의 첫 열에 추정된 바이어스필드, 두 짝 열에 복원영상 그리고 마지막 열에 분할결과를 나타내었다. 그리고 분할영상에서 분할된 영역은 서로다른 명암도로서 표현하였다.

그림 5.2의 (a) 블록과 표 5.1로부터 알 수 있듯이, 바이어스필드가 약하게 오염된 자료( $d = 0.1$ )의 경우는 PECM 기법과 HMRF-EM 기법 모두 거의 비슷하게 바이어스필드를 추정하고 있으며 이에 따른 복원 영상과 분할결과들도 거의 완전하게 처리되고 있고, 영상의 영역(A,B,C)에 잘못 분류된 화소수의 비율을 나타내는 오류율도 0 이다.

그렇지만 표 5.1로부터 알 수 있듯이 오염도가 커질수록 영상의 B, C 영역에서 잘못 분류되는 화소수들이 증가하게 되는데, HMRF-EM 기법은 오염도가  $d = 0.2$  일 때 B, C 영역에서의 오류율이 30% 이상을 보이고 있다. 이 결과는 그릇된 바이어스필드의 추정으로부터

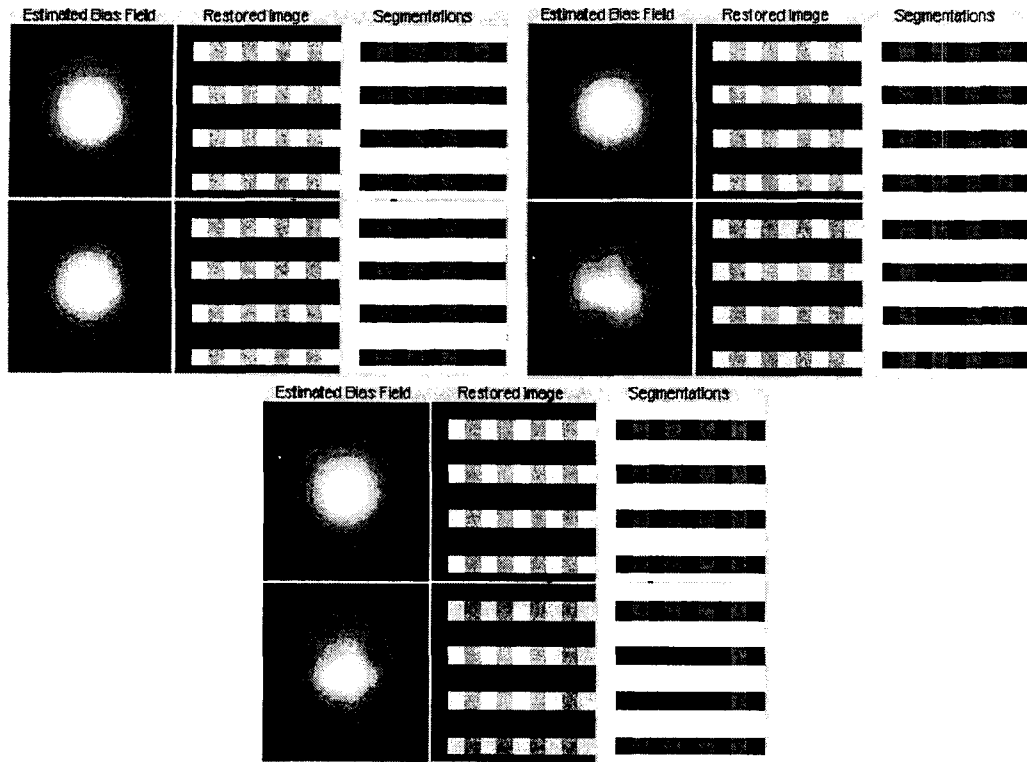


그림 5.2: 상단왼쪽 블록부터 하단오른쪽 블록으로: (a) 오염을  $d = 0.1$ 에 대응하는 관측영상에 대한 PECM(위)과 HMRF-EM(아래) 알고리즘의 결과: 추정된 바이어스필드, 복원영상 및 분할 결과, (b)  $d = 0.15$ 일 때의 결과. (c)  $d = 0.2$ 일 때의 결과.

터 비롯된다. 그림 5.2의 (b)와 (c)블록 하단에 나타난 HMRF-EM 기법의 바이어스필드 추정 영상(첫번째 그림)  $\hat{\beta}$ 은 중심부분이 왜곡되어 있음을 알 수 있다. 그래서 복원영상  $y - \hat{\beta}$ (두번째 그림)은 불균질성이 충분히 보정되지 못하게 되고, 이 복원영상으로부터의 분할(세번째 그림)은 그릇된 결과를 나타내게 되는 것이다.

한편, 그림 5.3은  $d = 0.15$  비율로 오염된 자료에서 두 알고리즘의 반복에 따른 페널티-로그 우도값을 보여주고 있다. 우선 PECM은 단조증가 알고리즘인 반면 HMRF-EM 알고리즘의 단조성이 다소 의심스러워 보이며, PECM의 우도값보다 낮은 곳에 수렴하고 있다. 수렴속도 면에서도 PECM 알고리즘이 HMRF-EM 알고리즘보다 우수함을 나타내고 있다. 특히 PECM 알고리즘은  $K$ 가 증가함에 따라 보다 빠르게 수렴한다는 사실을 확인할 수 있으며,  $K = 3$  이상인 경우 크게 향상되지 않는 성질을 보이고 있다.

한편,  $K = 1, 3, 20$ 일 때 PECM 알고리즘의 20회 반복까지의 처리시간은 각각 약 14, 17, 56초가 소요된 반면 HMRF-EM의 경우는 약 231초 가량 소요되었다. 물론 알고리즘의 처리시간은 프로그래밍 방법에 따라 달라질 수 있다. 그렇지만 HMRF-EM 기법은 ICM 알고

바이어스필드에 의해 왜곡된 MRI 영상자료분할을 위한 EM 알고리즘 기반 접근법 315

오염율		$d = 0.1$	$d = 0.15$	$d = 0.2$
PECM	A	0	0	0
	B	0	0	0.001
	C	0	0	0.001
HMRF-EM	A	0	0	0
	B	0	0.148	0.301
	C	0	0.020	0.380

표 5.1: PECM과 HMRF-EM 기법의 바이어스필드 오염도에 따른 A,B,C 영역별 오류율

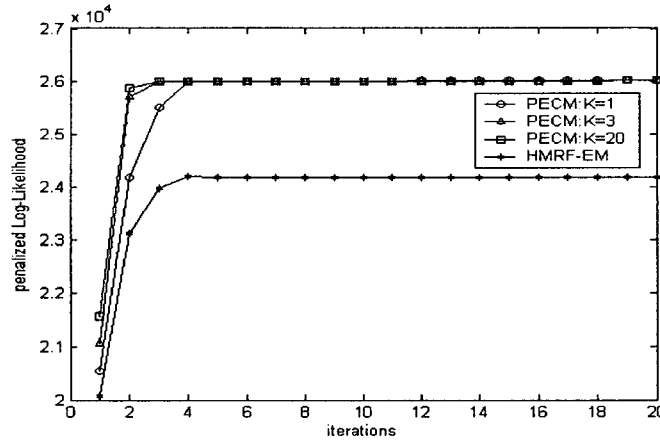


그림 5.3:  $d = 0.15$  일 때 PECM과 HMRF-EM 알고리즘의 수렴결과.

리즘을 포함하고 있기 때문에 큰 처리시간을 피할 수는 없을 것으로 사료된다.

## 5.2. 실측 두뇌 MRI 영상 예제

자기공명영상 기기는 노후됨에 따라 잡음과 RF-코일 효과(radio frequency coil effect)에 따른 바이어스필드를 수반하게 된다. 분할/복원 문제에 있어서 특히 바이어스필드 보정문제가 중요한 이슈로 대두되고 있다. 본 실험에서 알츠하이머 증후군을 앓고 있으나 아직은 비교적 건강한 백인 남성(나이 미상)의 두뇌영상으로서,  $256 \times 256 \times 256$  T1-weighted MRI로부터 두 방향의 단면 영상을 실험에 사용하였다. 한편, 자기공명영상은 바이어스필드에 관하여 승법적(mutuiplicative)으로 관측되므로, 식 (2.1)의 가법모형을 사용하기 위해 원영상에 log 변환 후 처리하였다.

그림 5.4에 관상면(coronal plane)과 축상면(axial plane) 원영상 및 바이어스필드를 보정하지 않았을 때의 PECM 알고리즘( $\lambda = 0.5, K = 1, 30$ 회 반복)에 의한 분할 결과를 나타내었다. 참고로 분할 영상에서 흰색은 CSF, 밝은회색은 회색질, 그리고 어두운 회색은 백

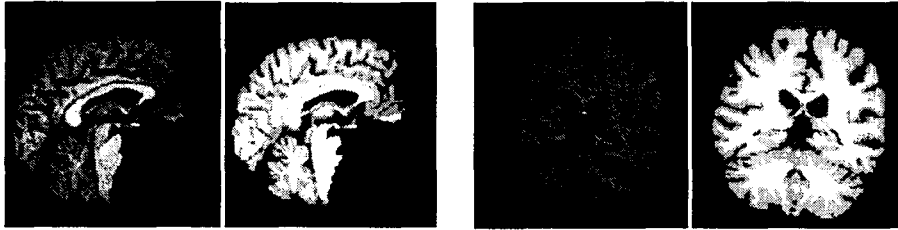


그림 5.4: (a) 왼쪽 블록: 관상면, (b) 오른쪽 블록: 축상면; 원영상과 바이어스필드 보정을 하지 않은 분할 결과.

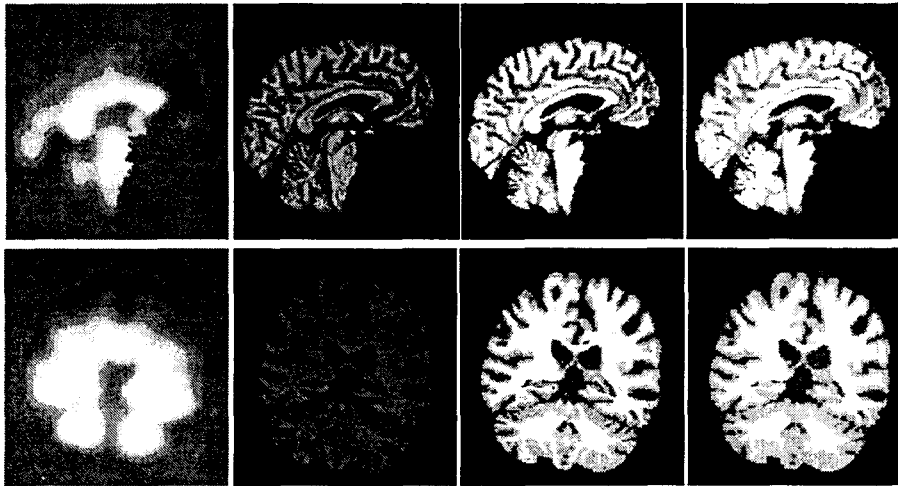


그림 5.5: PECM에 의한 추정된 바이어스필드(제1열), 복원영상(제2열), 분할결과(제3열) 및 HMRf-EM에 의한 분할결과(제4열)

색질의 3 성분을 나타낸다. 두 원영상은 바이어스필드에 의해 앞부분(이마 부위)는 어둡고, 나머지 부분은 비교적 밝은 불균질성을 보이고 있다. 그래서 바이어스필드 보정을 하지 않았을 때 3 가지 조직 성분이 왜곡되어 분할된다.

그림 5.5의 제 1열은 제안된 PECM 알고리즘( $\lambda = 0.3$ , 10회 반복;  $K=3$ )에 의해 추정된 바이어스필드이며, 제 2열은 복원 영상이다. 그림 5.4의 원영상과 비교해볼 때 비균질성이 효과적으로 제거되어 있음을 확인할 수 있다. 이 복원영상을 바탕으로한 분할결과 역시 제 4열의 HMRf-EM 알고리즘에 의한 분할결과보다 우수함을 보이고 있다. 특히 영상 하단의 소뇌 부분의 CSF가 HMRf-EM 알고리즘보다 세밀하게 분류되어 있다.

## 6. 결론 및 추가논의

본 연구에서는 정규혼합모형으로 설명되는 영상이 바이어스 필드라는 저주파 특성으

로 오염되었을 때 MRI 영상에 대한 분할/복원(segmentation/restoration)을 동시에 처리하는 penalized EM 알고리즘 기법을 제시하였다. 이를 위해 ECM 알고리즘을 활용한 PECM 알고리즘을 제시하였고, 실험을 통해 HMRF-EM 알고리즘보다 좋은 결과를 얻을 수 있었다.

본 연구에서 제시한 PECM 알고리즘은 안정적으로 페널티-로그우도를 단조적으로 증가시키며 국소 최대치에 수렴한다. 그리고 분할을 결정하는 과정에서 ICM 알고리즘의 0-1 의사결정법을 사용하는 대신 [0,1] 사이의 값을 취하는 조건부기대값을 사용함으로써 유연한 의사결정을 유도하며, 이 성질은 심한 바이어스필드를 보정하는데 효과임을 실험을 통해 확인하였다.

## 감사의 글

본 연구를 위해 실측 영상자료를 제공해 준 Queensland 대학 산하 Center for MRI의 Deming Wang 박사께 감사드린다.

## 참고문헌

- [1] Besag, J.(1986), On Statistical analysis of dirty picture(discusion) ,*Journal of the Royal Statistical Society*, B 48, pp 259-30.
- [2] Guillemaud,R. and M.Brady (1997), Estimating the Bias Field of MR Images,*IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol. 16, No. 3, pp 238-251.
- [3] Kay,J. (1986), Contribution to the discussion of paper by J. Besag.,*Journal of the Royal Statistical Society B*, 48, 293.
- [4] Kay,J. and D.M.Titterington(1986), Image labelling and the statistical analysis of incomplete data.*Proceedings of the Second International Conference on Image Processing and Applications*, London: Institute of Electrical Engineers, pp 44-48.
- [5] Lemput,K.V., F.M.Dirk and P.Stuetens (1999a), Automated Model-Based Bias Field Correction of MR Images of the Brain,*IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol. 18, No. 10, pp 885-896.
- [6] Lemput,K.V., F.M.Dirk and P.Stuetens (1999b), Automated Model-Based Tissue Classification of MR Images of the Brain,*IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol. 18, No. 10, pp 897-908.
- [7] McLachlan,G.J. and D.Peel (1996), An Algorithm for unsupervised learning via normal mixture model, In *ISIS Information, Statistics and Induction in Science*, D.L.Dowe, K.B.Korb, and J.J.Oliver(Eds.). Singapre: World Scientific Publishing, pp 345-363.

- [8] McLachlan, G.J. and T. Krishnan (1997), *The EM Algorithm and Extensions*, New York: Wiley.
- [9] Meng, X.L., and D.B. Rubin (1993), Maximum Likelihood estimation via the ECM algorithm: a general framework, *Biometrika* 80, pp 267-278.
- [10] Ng, S.K., G.J. McLachlan, G. Galloway and S.E. Rose (1995), A mixture model approach to segmentation of magnetic resonance images, In *Proceeding of DICTA 95, 3rd Conference of Digital Image Computing: Techniques and Applications*, Brisbane: Australian Pattern Recognition Society, pp 583-593.
- [11] Qian, W. and D.M. Titterton (1991), Estimation of parameters in hidden Markov models, *Philosophical Transaction of the Royal Society of London A*, 337, pp 407-428.
- [12] Qian, W. and D.M. Titterton (1992), Stochastic relaxations and EM algorithms for Markov random fields, *Journal of Statistical Computation and Simulation*, 40, pp 55-69.
- [13] Wells, W.M III, W.E. Grimson, R. Kikinis and F.A. Jolesz (1996), Adaptive Segmentation of MRI Data, *IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol. 15, No. 4, pp 429-442.
- [14] Zhang, Y., M. Brady and S. Smith (2001), Segmentation of Brain MR Images Through a Hidden Markov Random Field Model and the Expectation-Maximization Algorithm, *IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol. 20, No. 1, pp 45-57.

[ 2002년 10월 접수, 2003년 4월 채택 ]

## EM Algorithm-based Segmentation of Magnetic Resonance Image Corrupted by Bias Field\*

Seung Gu Kim <sup>1)</sup>

### ABSTRACT

This paper provides a non-Bayesian method based on the expanded EM algorithm for segmenting the magnetic resonance images degraded by bias field. For the images with the intensity as a pixel value, many segmentation methods often fail to segment it because of the bias field(with low frequency) as well as noise(with high frequency). Our contextual approach is appropriately designed by using normal mixture model incorporated with Markov random field for noise-corrective segmentation and by using the penalized likelihood to estimate bias field for efficient bias filed-correction.

*Keywords:* MRI; image segmentation; bias field; normal mixture model; penalized EM algorithm; ECM algorithm

---

\* This paper was supported by 2002 SangJi University special research grant.

1) Associate Professor, Dept. of Applied Statistics, Sang-Ji University

E-mail: sgukim@mail.sangji.ac.kr