

# 다중해상도 탐색을 이용한 반복 일반화 허프 변환 (Iterative Generalized Hough Transform using Multiresolution Search)

이 경 미 <sup>†</sup>      W. Nick Street <sup>\*\*</sup>  
(Kyoung-Mi Lee)

**요약** 이 논문은 주어진 영상에 존재하는 물체를 자동적으로 탐지하기 위한 시간과 공간 효율적인 방법을 소개한다. 일반화 허프 변환(Generalized Hough Transform: GHT)은 다양한 모양의 물체를 찾기 위해 자동 물체 탐지를 하는 강력한 템플릿(template) 매칭 알고리즘이다. 다양한 모양과 크기의 물체를 찾기 위해 서로 다른 많은 템플릿을 GHT에 적용해야 한다. GHT로 찾아진 모든 경계선은 보다 정교한 경계선을 찾기 위한 초기 외곽선으로 사용된다. 그러나, GHT의 주요 단점은 과도한 시간과 공간을 요구하는 것이다. 이런 단점을 극복하기 위해서, 제안된 알고리즘은 공간 효율적 방법인 반복적 GHT(iterative GHT: IGHT)를 사용한다. 또한, 원래 영상의 크기를 이분의 일 크기와 사분의 일 크기로 줄여서 다중 해상도 탐색을 이용한다. 사분의 일 영상에서 첫 번째 IGHT를 수행하여 획득한 정보를 이용하고, 세포 크기의 범위를 줄여 이분의 일 크기의 영상에서 탐색공간을 제한한다. 이분의 일 크기의 영상에서 두 번째 IGHT를 수행한 후, 세포핵은 세부 탐색에 의해 찾아지고, 정확한 경계선을 결정하기 위한 에지 정보에 의해 분할된다. 실험결과는 이 방법이 정확도의 손실이 없으면서, 수행시간과 메모리 사용을 줄이고 있음을 보여준다.

**키워드** : 자동 물체 탐지, 반복 일반화 허프 변환, 다중 해상도 탐색

**Abstract** This paper presents an efficient method for automatically detecting objects in a given image. The GHT is a robust template matching algorithm for automatic object detection in order to find objects of various shapes. Many different templates are applied by the GHT in order to find objects of various shapes and size. Every boundary detected by the GHT scan be used as an initial outline for more precise contour-finding techniques. The main weakness of the GHT is the excessive time and memory requirements. In order to overcome this drawback, the proposed algorithm uses a multiresolution search by scaling down the original image to half-sized and quarter-sized images. Using the information from the first iterative GHT on a quarter-sized image, the range of nuclear sizes is determined to limit the parameter space of the half-sized image. After the second iterative GHT on the half-sized image, nuclei are detected by the fine search and segmented with edge information which helps determine the exact boundary. The experimental results show that this method gives reduction in computation time and memory usage without loss of accuracy.

**Key words** : automatic object detection, iterative generalized Hough transform, multiresolution search

## 1. 개요

영상에서 자동적으로 물체를 찾아내는 것은 자동 분할의 첫 번째 단계이다. 물체를 자동 탐지 하기 위한 대표적인 알고리즘은 일반화 허프 변환 (Generalized

Hough Transform: GHT)이다[1]. GHT는 디지털 영상 내에서 임의의, 그러나 미리 알려진 형태를 찾을 수 있는 매우 강력하고 잘 알려진 템플릿 (template) 매칭 알고리즘이다. GHT는 잡음이 있거나, 다중 물체인 경우에 형태분석하기가 유용하다. 하지만, GHT의 주요 단점은 물체의 회전 방향과 크기를 고려해야할 때, 매우 급격하게 증가하는 시간과 공간의 부수적인 요구이다. 수행 속도와 공간 요구에 대한 상당한 개선을 위해서는 형태와 물체를 인지하기 위한 GHT를 효율적으로 사용하는 것이 필요하다. GHT의 매개변수 공간의 크기는 메모리를 절약하고 관련된 탐색시간을 줄이기 위해 반

<sup>†</sup> 경 회 원 : 덕성여자대학교 컴퓨터과학부 교수  
kmlee@duksung.ac.kr

<sup>\*\*</sup> 비 회 원 : Associate Professor in the Department of Management Sciences at the University of Iowa  
nick-street@uiowa.edu

논문접수 : 2003년 3월 17일  
심사완료 : 2003년 6월 23일

드시 현저하게 줄여야만 한다.

반복적 GHT(IGHT: iterative GHT)는 메모리 효율적인 자동 영상 분할 알고리즘이다[2]. 그러나 IGHT가 메모리 효율을 획득했음에도 불구하고, 과도한 수행 시간부담으로 어려움을 겪고 있다. 이 논문에서 제안된 알고리즘은 영상의 크기를 조절함으로써, GHT 매개변수의 범위를 줄여서 이 문제를 해결하는 것이다.

이 논문에서는 다중 해상도 탐색과 IGHT를 이용하여 시간과 메모리 효율적인 자동 분할 알고리즘을 제안한다. 2장은 연구의 동기가 된 유방암 연구에 대하여 간단히 설명하고, 대표적 자동 물체 탐지 방법인 GHT와 그 변형들을 살펴본다. 제안된 알고리즘의 설명은 3장과 4장에 주어진다: 타원 찾기와 세포핵 분할. 5장은 시스템의 성능을 평가하고, 6장은 제안된 알고리즘이 형태기반 영상 인텍싱에 적용되는 과정을 설명하였다. 결론은 7장에 주어진다.

## 2. 배경

### 2.1 유방암 진단 연구

유방암은 선진국의 여성들에게 발병하는 주요 질병이다. 2001년도에는 새로이 감염된 여성 유방암의 경우가 192,000 건으로 진단되었고, 40,200명의 여성이 이 질병으로 인하여 사망하게 된다고 추정하고 있다[3]. 유방암의 초기 발견은 성공적인 치료, 저비용의 치료비, 사망률 감소를 위한 매우 중요한 관건이다. 최근 몇 년 동안, 세포(cytological) 영상과 조직(histological) 영상을 해석함으로써 매우 위험한 환자를 구별하려는 연구가 소개되었다[4]. 세포/조직 영상 내 자동 세포 분할은 모양 특성(feature) 추출과 같은, 고전적인 영상 분석의 문제이다. 세포핵은 서로 다른 크기와 모양을 갖는다. 진단을 위한 세포핵의 특성은 크기와 모양에 근거하여 세포핵 내 그레이 스케일(gray-scale)과 함께 계산되어진다[5].

Xcyt[5-7]는 유방암을 진단하고 병의 진행과정을 예측하기 위한 컴퓨터 그래픽 프로그램이다. 이 시스템은 유방 미세침 흡입을 디지털 스캔한 영상에 근거하여 세포 특성을 분석하고, 종양의 예상 확률에 따른 영상의 정상 혹은 비정상 진단하며, 암이 독성 표본을 재발시킬 시기 예측 등을 수행한다. 현재 이 시스템은 인터넷 접근을 허용하므로, 스캔한 영상을 가지고 있으면, 누구든 유방암 진단 및 경과예상을 위해 사용할 수 있다[1].

### 2.2 일반화 허프 변환(GHT: Generalized Hough Transform)

일반화 허프 변환(GHT)[1]은 원하는 형태의 위치를

찾는 알고리즘이다. 일반적으로 GHT는 매개변수 공간이 필요한데, 이 매개 공간은  $(x, y)$ 로 표시된 영상 공간과 일치하는 누산기(accumulator)의 집합으로 나누어진다. 정의된 프리미티브(primitive)가 데이터 점을 통해 전달되는 것과 같이, 영상 내 각 에지 화소는 매개변수에 연결된 누산기 내 셀을 결정하는 사상(mapping)에 의해 변환된다. 선택된 셀의 값은 누적되고, 이후 영상 내 모든 화소가 처리되고, 누산기 내 국부 최대치가 특정 형태의 매개변수에 대응하게 된다.

GHT를 수행하기 위해서는, 템플릿 형태는 미리 정의되어야 하고, 사용자가 무슨 형태를 찾고자 하는지 정확히 알아야 한다.  $R$ -테이블로 불리는 템플릿의 검색(lookup) 테이블은 기울기 방향과 에지 화소로부터 치환(displacement)사이의 관계로 구성될 수 있다. 더욱이, 입력 형태의 크기와 방향이 다양하고 미리 알려지지 않은 경우에는, 주로 GHT과정에서 입력 형태의 가능한 모든 크기와 방향이 강제적으로 계산하게 된다. 이는 기존의 매개변수 공간에 2차원을 더하게 되고, 수행시간이 매우 급격하게 증가하게 되며, 누산기내 희소성(sparsity)을 야기하여, 매우 적합한 매칭을 선택하기 어렵게 한다.

이 연구의 배경이 된 유방암 세포핵 분석을 위해서는 타원형을 찾는 문제로 범위를 줄일 수 있다. 세포핵  $n$ 개의 매개변수를 가진 곡선이  $n$ 차원의 매개 공간을 요구하므로[8], 5차원의 타원은 5차원의 매개공간을 요구한다: 둘은 영상의 크기를 위해  $(w, h)$ , 둘은 템플릿의 모양을 위해  $(a, b)$ , 그리고 나머지 하나는 템플릿의 방향을 위해  $(\theta)$  쓰인다. 이런 방법으로 타원을 찾는 것은  $O(w \cdot h \cdot |a| |b| |\theta|)$ 의 누산기 배열을 필요로 한다. 여기서  $|c|$ 는 매개변수  $c$ 의 기수(cardinality)를 나타낸다.

GHT의 수행 복잡도는  $O(|a| |b| \theta \sum_i n_i \frac{n_i}{R})$ 이다. 여기서  $n_i$ 는 영상 내 에지 픽셀의 개수이고,  $n_i$ 는 템플릿 내 에지 픽셀의 개수로 형태  $(a, b)$ 에 따라 다르다.  $R$ 은  $R$ -테이블의 해상도이다. 결과적으로, 주어진 영상에서 임의의 타원을 찾기 위한 알고리즘은 매우 느리고 공간 집약적이다.

### 2.3 GHT의 변형

위에서 지적한 상황들을 극복하기 위해 여러 방법들이 검토되었다[9]. 그 방법들은 원래 4차원 공간을 이용하여 제안하고 있지만, 3장에 제안된 알고리즘과 비교하기 위해 이 논문에서는 그 방법들을 5차원 공간으로 변형시켰다.

Ma와 Chen은 임의의 형태를 찾기 위한 국부 특성으로써 기울기(slope)와 곡률(curvature)을 이용한 알고리즘을 제안하였다(SC-GHT)[10]. SC-GHT는  $\alpha$ 와  $\beta$ 가

1) <http://dollar.biz.uiowa.edu/~street/xcyt/xcyt.html>

각각 템플릿과 영상의 기울기 각도라고 가정하고,  $\tan(\alpha - \beta) = \tan(\theta)$ 은 템플릿에 대한 영상의 회전 각도  $\theta$ 를 의미한다. 회전각도  $\theta$ 를 찾은 후, 5차원의 매개 공간은 두 개의 작은 매개 공간, 4차원과 1차원으로 줄어 든다. 따라서, SC-GHT의 공간 복잡도는  $O(w \cdot h |a||b| + |\theta|)$ 이고, 수행 복잡도는  $O(n_i n_t)$ 이며, 영상 공간에서  $\theta$ 를 찾기 위한 부수적인 계산시간이 필요하다.

Jeng과 Tsai는 크기(scale)와 방향(orientation) 불변(invariant) GHT(SOIGHT)를 제안하였다[11]. 크기 불변 방법은 누산기 증가를 위한  $R$  테이블을 대치하기 위해 반직선과 곡선을 이용한다. 누산기내 각 셀은 각각의 증가를 위한 기표 위치를 저장하는 테이블을 가진다. 이 논문에서는 크기 요소를 사용하지 않으므로, SOIGHT는 매개변수 공간을 4차원으로 줄이고 셀 값 증가를 위한 처리 시간도 감소된다. SOIGHT의 공간 요구량은  $O(w \cdot h |a||b|)$ 인 반면, 수행 복잡도는  $O(|a||b| n_i n_r)$ 이다. 여기서  $n_r$ 는 템플릿 내 0이 아닌 기표의 개수를 나타내며, 템플릿의 크기보다 적다.

Kittler 등은 참조점(reference point)으로 에지를 사용하여 템플릿의 에지 경계점을 정의하였다(ER-GHT) [12]. ER-GHT는 참조점 (경계선)들이 템플릿의 중앙이외의 곳에서 선택되고, 매개변수 공간이 5차원이 아닌 2차원이라는 점을 제외하고는 GHT와 비슷하다. 통상적으로, 삼등분된 공간의 참조점들로 충분히 물체를 탐지할 수 있다. ER-GHT의 수행시간 복잡도는  $O(n_r |a||b||\theta| n_i \frac{n_t}{R})$ 이다. 여기서  $n_r$ 는 참조점의 복잡도이다. 메모리 요구량은 단지  $O(n_i)$ 이다.

GHT의 반복적(iterative) 방법 (IGHT)은 국부 누산기와 전역누산기를 사용하여 추가적인 공간의 요구를 제거하기 위해 제안되었다(알고리즘 1)[12,13]. 템플릿마다 대응되는 많은 누산기를 사용하는 대신, IGHT는 템플릿을 위한 3차원 매개 공간( $a, b, \theta$ )과 단지 두 개의 2차원 누산기(전역과 국부)만을 사용한다. GHT는 템플릿 모양 변수( $a, b$ )와 회전 변수( $\theta$ )에 의해 정의된 타원형의 템플릿과 함께 반복적으로 사용되어진다. 영상이 템플릿과 거의 매칭되는 특징(에지)을 포함할 때, 누산기는 최고값을 갖는다. 모든 누산기가 각각의 최고점을 갖지만, 값의 크기는 누산기마다 다르다. 가장 큰 최고점은 가장 근사하게 추정되는 템플릿에 대응되는 누산기내에 나타나야 하고, 다른 누산기들은 상대적으로 낮은 값이 나타난다. 이 논문의 관심사는 템플릿사이에 최적의 매칭만을 찾는 것이므로, 단지 가장 큰 최고치만 중요하며, 따라서 전역누산기에 이 값을 저장한다. 매번 반복한 후에는, 국부 누산기가 전역 누산기와 비교되어

진다. 국부 누산기 위치의 값이 전역 누산기 위치의 값보다 크다면, 현재의 템플릿이 전에 적용했던 템플릿들보다 더 좋은 매칭을 의미한다. 따라서, 전역 누산기가 항상 최적의 매칭만을 가지기 위하여, 국부 누산기에서의 값은 전역 누산기에 저장되어진다. 반복과정이 끝난 후에, 전역 누산기의 각 위치는 모든 국부 누산기 중에 가장 큰 값을 가지게 된다. IGHT의 시간 복잡도는 GHT와 똑같이  $O(|a||b||\theta| n_i \frac{n_t}{R})$ 이며, 메모리 요구량은 단지  $2wh$  이다. 테이블 I는 위에서 살펴 본 알고리즘의 시간과 메모리 복잡도를 보여주고 있다.

표 I 다양한 GHT알고리즘의 비교

알고리즘	수행시간 복잡도	메모리 요구량
GHT	$ a  b  \theta  n_i \frac{n_t}{R}$	$w h  a  b  \theta $
SC-GHT	$n_i n_r$	$w h  a  b  +  \theta $
SOIGHT	$ a  b  n_i n_r$	$w h  a  b $
ER-GHT	$n_r  a  b  \theta  n_i \frac{n_t}{R}$	$n_i$
IGHT	$ a  b  \theta  n_i \frac{n_t}{R}$	$2wh$

```

전역누산기 G를 초기화한다.
for a = 최소크기에서 최대크기까지
  for b = 최소크기에서 최대크기까지
    for  $\theta = 0$ 에서 360까지 r씩
      국부누산기 L로 Hough 변환(a, b,  $\theta$ )을 수행한다.
      for L의 각 점 (x,y)에 대해
        if  $L(x,y) > G(x,y)$ ,  $G(x,y) = L(x,y)$ 
    
```

알고리즘 1 타원형 템플릿을 이용한 IGHT

### 3. 타원형 찾기

제안된 방법의 첫 번째 단계는 주어진 영상에서 타원을 찾는 것이다. 이 부분에서는 두 개의 IGHT가 사용되었다. 하나는 영상 내 템플릿에 관한 정보를 얻기 위하여, 또 다른 하나는 세포핵을 찾기 위하여 사용된다. IGHT의 대부분의 수행시간은 영상 내 세포핵에 해당될 수 있는 각 템플릿으로 GHT를 수행하는데 쓰여진다. 그러나, 임의의 영상 내에 세포핵의 모양의 범위는 보통 적용되는 템플릿의 수보다 훨씬 적다. 그래서 영상 내 존재하지 않은 템플릿으로 영상을 탐색하는 데 드는 시간을 낭비하게 되는 것이다.

템플릿의 탐색공간을 줄이기 위해, 영상에 존재하는 세포핵의 모양을 알아야 한다. 이는 축소된 영상에서 IGHT를 수행함으로써 획득할 수 있다. 첫 번째 IGHT의 역할은 영상 내 모든 세포핵을 포함하는 적당한 범위  $a$ 와  $b$ 를 찾는 것이다. 세포핵의 정확한 모양과 크기

는 두 번째 IGHT에서 찾아진다. 그림 1은 타원 찾기의 개요를 보여주고 있다.

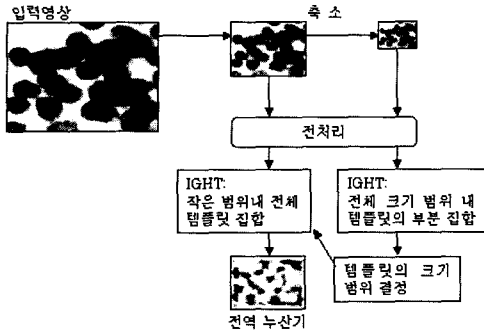


그림 1 타원 찾기의 개요

3.1 전처리

전처리 단계가 축소된 영상에 적용된다. 전처리 단계는 우선 잘못된 추출(sampling)로 디지털 영상에 존재할 수 있는 잘못된 결과를 줄이기 위해 영상에 대해 명암 값을 평활화한다. 3×3 중간값 필터를 사용하여, 각 픽셀의 그레이 스케일 값을 자신의 화소와 8개의 이웃 화소 중에 중간 값으로 대체하는 중간 값 필터 알고리즘을 사용하였다.

다음은 급격한 그레이 스케일 변화를 탐지하고 그 방향을 결정하기 위해 소벨(Sobel) 에지 탐색을 수행한다. 소벨 탐색기는 입력 그레이 스케일 영상 내 각 점에서 적절한 절대 변화량(magnitude)을 만들므로, IGHT내 누산기의 가중치 증가를 이루게 된다.

다음 단계는 변화량의 국부 최대치를 찾아내는 세션화가 수행된다. 세션화는 에지 요소의 개수를 줄이므로, 앞으로의 분석과정을 용이하게 한다. 참조 화소는 수직으로 위치한 이웃하는 인접 화소들과 비교된다. 참조 화

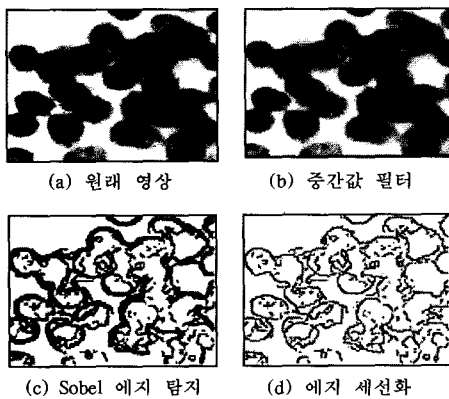


그림 2 전처리 단계

소의 값이 이웃 화소의 값보다 같거나 크면, 참조 화소는 에지 화소로 선택된다. 전처리 단계의 결과가 그림 2에 주어진다.

3.2 영상의 크기조정과 다중 해상도 탐색

영상의 크기조정은 영상( $w \times h$ )에 대응되는 매개변수의 공간을 줄이는데 사용되고, IGHT는 축소된 크기에 적용된다. 이 IGHT는 크기와 위치에 불변성을 지녀야만 한다. 불변의 정도는 크기조정의 개수와 적용되어야만 하는 위치를 결정한다[14]. 영상에 대한 대부분의 공통된 특성을 유지할 수 있는 간단한 요소는 크기조절 불변의 중요한 단서가 된다. 이 논문에서는 영상 내 각 에지의 위치에 IGHT를 적용하고, 영상의 크기를 2배의 비율로 두 번 줄였다.

또한, 영상의 크기 조정은 다중 해상도내 매개변수 공간을 나눌 수 있게 한다(그림 3). 최고치를 찾기 위해 매개변수의 다중 해상도 coarse-to-fine 탐색을 사용하는 것은 탐색공간을 잘라내는 일반적인 방법이다. 고밀도의 기표가 누산되는 곳에서만 고해상도의 탐색을 수행한다[15]. 통상적으로 기표과정은 축소된 영상에서 거친 매개변수공간을 이용하여 시작한다. 축소된 영상 내 특성이 원래 영상 내 특성보다 매개변수 공간에서는 더 큰 영역을 표시하므로, 거친 공간 내 대응되는 영역은 세부 탐색으로 더 나누어 질 수 있다. 예를 들어, 원래 영상에 반지름이 8에서 32 화소인 세포핵이 있다면, 사분의 일 크기의 영상에서는 반지름 2에서 8인 템플릿만을 사용하여 탐지할 수 있다. 마찬가지로, 사분의 일 크기의 영상에서 반지름 3화소인 세포핵은 전체 영상에서 반지름 10에서 14화소를 가진 세포핵에 해당된다. 사분의 일 영상에서 IGHT로부터 최적의 템플릿 매칭은 이분의 일 크기의 영상의 IGHT에서 탐색공간을 결정하는데 사용된다. 가령, 첫 번째 IGHT에서 가장 잘 매칭된 세포핵이 3에서 4 화소정도를 가진다면, 이분의 일 크기의 영상에서는 5에서 9의 크기 범위에서 완전 탐색을 하게 된다.

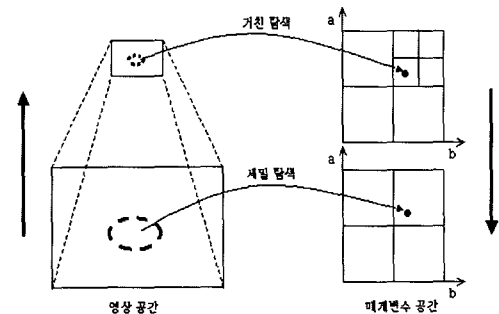


그림 3 다중 해상도에서 탐색을 위한 영상 공간과 매개변수 공간의 매핑

3.3 전역 누산기

전역 누산기는 IGHT의 가장 중요한 요소이다. 전역 누산기의 각 셀은 그 위치에서 모든 누산기 중에 가장 큰 값을 포함한다. 이런 방법은 각 템플릿에 대해 하나의 국부 누산기를 사용함으로써 누산기의 한 차원을 줄이게 한다. 전역 누산기는 모든 필요한 정보를 가져야만 한다. 가령, 전역 누산기가 사용되지 않을 때는, 각각 다른 누산기가 사용된 템플릿의 모양과 방향을 나타낸다. 제안된 시스템은 필요한 정보를 저장하기 위해 4 계층(layer) 전역누산기를 사용하였다. 첫 번째는 누산기의 값을, 두 번째와 세 번째는 타원의 두 매개변수를 저장함으로써 템플릿의 모양을, 네 번째는 템플릿의 회전각도를 저장한다. 그림 1은 전역 누산기 값의 역(reverse) 영상을 보여준다.

3.4 자세한 알고리즘과 복잡도

알고리즘 2는 탐색(그림 1)의 첫 번째 단계를 설명한다. 축소되고 전처리된 영상은 IGHT를 통해 처리된다. 사분의 일 크기의 영상( $\frac{w}{4} \times \frac{h}{4}$ )의 첫 번째 IGHT는  $\frac{1d}{4} \times \frac{1h}{4}$ 의 템플릿으로 수행된다. 이는 크기 범위 내 템플릿의 일부분만을 사용하는 것이다. 첫 번째 IGHT의 결과인 사분의 일 크기의 전역 누산기를 사용하여 사분의 일 크기의 영상에서 차원을 찾을 수 있다. 이 타원들은 전체 크기의 영상 내 세포핵을 찾기 위한 탐색 공간을 결정하는데 사용된다. 이 탐색범위를 확대한 후, 이분의 일 크기의 영상( $\frac{w}{2} \times \frac{h}{2}$ )에서 두 번째 IGHT를 수행한다. 이때, 탐색공간은 사분의 일 크기의 영상에 대한 처리 결과에 따라 다양하다. 그러나 이분의 일 크기의 영상에서 가능한 템플릿의 개수보다는 적다 ( $< \frac{1d}{2} \times \frac{1h}{2}$ ).

두 IGHT의 전체 추정 시간은

$$O(\frac{1d}{4} \frac{1h}{4} |a| \frac{n_i}{16} \frac{n_t}{R} + \frac{1d}{2} \frac{1h}{2} |a| \frac{n_i}{4} \frac{n_t}{R})$$

$$= O(\frac{17}{256} |a| |b| |a| n_i \frac{n_t}{R})$$

전체 추정 메모리는

$$2 \frac{w}{4} \frac{h}{4} + 2 \frac{w}{2} \frac{h}{2} = \frac{5}{8} wh$$

전체 알고리즘의 수행을 위해 필요한 시간과 메모리의 양은 IGHT의 수행시간과 메모리 요구량에 좌우된다.

4. 세포핵 분할

알고리즘의 두 번째 단계가 그림 4에서 보여진다. 두 번째 단계에서 IGHT는 이분의 일 크기의 영상에 적용되므로, 첫 번째 단계에서 구한 최적의 매칭 위치를 확대시켜야한다. snake는 세포핵의 경계선의 위치를 정확하게 찾기 위하여, 초기점들로 템플릿의 확대된 위치를 사용한다. 이는 초기점이 원하는 경계선 근처에 위치해야하고 이 외곽선의 위치가 민감하다는 snake의 단점을 해결한다[16].

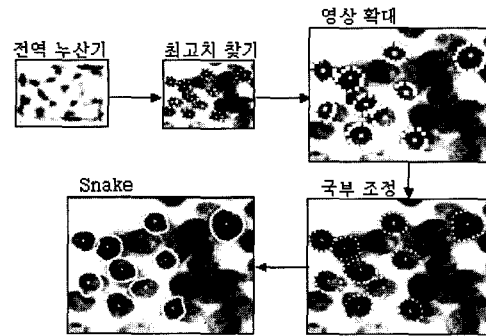


그림 4 세포핵 분할의 개요

4.1 최고치 찾기

타원형의 템플릿을 세포핵에 매칭시키려 하지만, 어떤

영상을 이분의 일 크기  $\frac{w}{2} \times \frac{h}{2}$ 와 사분의 일 크기  $\frac{w}{4} \times \frac{h}{4}$ 로 축소한다.

사분의 일 크기의 영상에 대해 :

에지 영상을 얻기 위해 전처리를 한다.

$\frac{1d}{2} \times \frac{1h}{2}$  템플릿으로 IGHT ( $\frac{1d}{4}, \frac{1h}{4}, \theta$ )를 수행한다.

탐색범위를 찾기 위해 전역 누산기내 최적의 매칭 템플릿을 찾는다.

이분의 일 크기의 영상에 대해 :

에지 영상을 얻기 위해 전처리를 한다.

사분의 일 크기의 영상에서 결정된 탐색범위를 확장한다.

결정된 탐색 범위 내 모든 템플릿으로 IGHT ( $\frac{1d}{2}, \frac{1h}{2}, \theta$ )를 수행한다.

알고리즘 2 첫 번째 단계의 알고리즘

세포핵도 타원형의 템플릿과 완벽하게 매칭되지 않는다. 따라서, 종종 고원이 잘못 매칭된 세포핵의 중앙 근처에 나타나곤 한다. 고원들로부터 가장 큰 최고치를 찾기 위해서는, 고원의 중앙에서 값을 증가시키면서 최고치 선명화(sharpening)를 수행해야 한다. 누산기 내 고원이 최고치 선명화 단계에서 지워진 후, 누산기 내 고원의 중심은 가장 큰 최고치가 된다.

이분의 일 크기의 영상에서 IGHT를 수행한 후, 최고치 찾기 단계는 세포핵의 위치와 그 세포핵과 가장 근접하게 매칭되는 템플릿의 모양을 정의한다. 이 과정에서는 전역 누산기내 가장 큰 값을 찾는다. 가장 큰 값을 찾았을 때, 그 값을 저장한 누산기 화소의 위치를 세포핵의 위치로 정의하고, 템플릿의 모양을 세포핵의 적당한 모양으로 정의한다. 선택된 템플릿을 적절히 맞춘 회전 각도로 영상 위에 덮어놓는다. 그리고 템플릿에 포함된 전역 누산기의 영역은 제거되어 진다. 최고치가 선택될 때, 일반적으로 고원의 최상위에 위치한다. 따라서, 큰 최고치의 이웃들 역시 큰 값을 갖는다. 이 큰 값들의 이웃들은 다음 선택 때, 최고치의 셀로 선택될 수 있으며, 하나의 세포핵에 대해 여러 개의 템플릿을 선택하게 되는 것이다. 이런 상황을 막기 위해서, 이웃하는 점들은 지워져야한다.

이 과정은 사용자가 정의한 물체의 개수만큼 찾을 때까지, 혹은 전역 누산기에서 임계치를 만족하는 값이 더 이상 존재하지 않을 때까지 반복된다. 실제로, 이런 반복과정은 사용자에게 의해 조절된다. 최적의 매칭이 가장 먼저 찾아지기 때문에, 사용자는 충분한 개수만큼의 물체를 찾은 후나 매칭의 질이 나빠지기 시작할 때 매칭을 중단할 수 있다.

#### 4.2 국부 조정과 Snake

세포핵의 정확한 경계선을 결정하기 위해서, Xcyt 시스템은 snake[17]라고 알려진 적응 spline 곡선 조정 기술을 사용한다. Kass와 그 연구자들이 제안한 snake는 활동적인(active) 윤곽선 모델로, “외부 통제력에 의해 움직여지고, 선과 에지와 같은 특성을 향해 끄는 영상의 힘에 의해 좌우되는 에너지 최소화된 스플라인(spline)”을 이용한다. Snake는 에지 탐지, 모서리 탐지, 움직인 추적, 입체 매칭과 같은 과제를 성공적으로 수행하였다. IGHT에 의해 탐지된 템플릿이 경계선을 초기화시킨다.

적절한 초기점을 찾기 위해, 정확한 경계선이 에지 위에 위치해야만 한다는 에지 정보를 이용하였다. 이 작업에서는 단순히 템플릿 위의 각 점으로부터 가장 가까운 에지 픽셀을 찾은 후, 이 에지 점들을 snake의 초기점으로 사용한다. snake를 국부 에지 기반 조정(tuning) 알고리즘과 결합시켜 정확도와 강건도(robustness)를 향상시켰다. 대부분의 세포핵이 snake에 의해 잘 분할되

지만, 잘못된 초기점에 의해 야기된 잘못된 경계선이 남아있을 수 있다(그림 5).

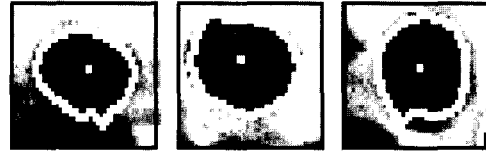
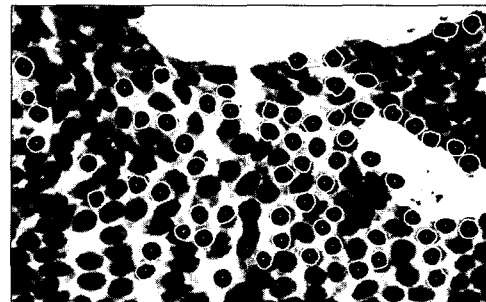


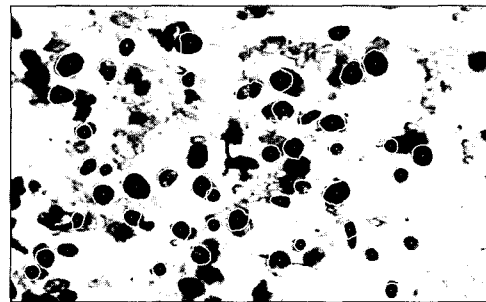
그림 5 잘못된 경계선의 예들

### 5. 실험 결과

제안된 알고리즘은 세포영상들에 의해 테스트되었다. 각 영상은 그레이 스케일로  $640 \times 400$ 의 공간 해상도를 가진다. 자바(Java)의 내장된(built-in) 기술을 이용하여, 영상은 이분의 일 크기인  $320 \times 200$ 으로, 사분의 일 크기인  $160 \times 100$ 으로 축소되었다. 이 영상들은 8에서 32 화소 범위의 반지름을 가진 세포핵을 다양한 개수로 포함하고 있다. 따라서 제안된 알고리즘은 이분의 일 영상을 위해 4에서 16크기의 템플릿을, 사분의 일 크기의 영상을 위해 2에서 8크기의 템플릿을 사용한다. 그림 6은 테스트된 두 개의 영상의 결과를 보여주고 있다.



(a)



(b)

그림 6 결과 영상: (a) 비슷한 크기(반지름 11에서 13)의 세포핵들을 가진 영상, (b) 다양한 크기(반지름 8에서 15)의 세포핵을 가진 영상

5.1 시간과 공간 복잡도

테스트에 사용된 영상의  $w$ 는 640이고,  $h$ 는 400이다. 시간 복잡도가 영상 내 에지의 수( $n_t$ )에 의해 영향을 받기 때문에,  $w$ 와  $h$ 는 각 영상의 시간 복잡도의 상위 경계를 만든다. 그림 6의 영상의  $n_t$  값은 각각 (a)이 25745, (b)가 13614이다. 템플릿 크기 요소인  $|a|$ 와  $|b|$ 는 25이고, 회전  $\theta$ 은 16이다.

그림 7(a)는 여러 GHT 알고리즘과 영상 크기조절을 이용한 제안된 알고리즘의 분할 과정에 대한 수행시간을 보여주고 있다. 그림 7(a)는 로그 크기로 표시되고 있다. 제안된 알고리즘이 사분의 일 크기의 영상에서 탐지된 템플릿의 개수를 이용하여 두 번째 IGHT를 수행하기 때문에, 전체 수행시간은 영상에 따라 다르다. 그래서, 반지름 11에서 13 화소로 비슷한 모양을 가진 세포핵을 포함한 그림 6(a)의 수행시간은 반지름 8에서 15 화소로 다양한 모양의 세포핵을 포함한 그림 6(b)의 수행시간보다 작다. SC-GHT는 가장 시간 효율적인 알고리즘이지만,  $\theta$ 를 찾기 위한 계산시간이 추가적으로 필요하다. SOIGHT의 수행시간 복잡도는 GHT보다 약간 크다 ( $n_T > \frac{n_t}{R}$ ). ER-GHT가 GHT와 비슷한 정확도를 만들기 위해서 참조점 반복( $n_r$ ) 3을 요구하므로, 시간 복잡도는 GHT의 세배가 된다. 앞에서 언급했듯이, IGHT는 GHT와 같은 시간 복잡도를 가진다. 식 (1)은 제안된 알고리즘이 GHT나 IGHT보다 15배 더 빠르다는 것을 보여주고 있다. 그러나 영상 크기조절과 전처리

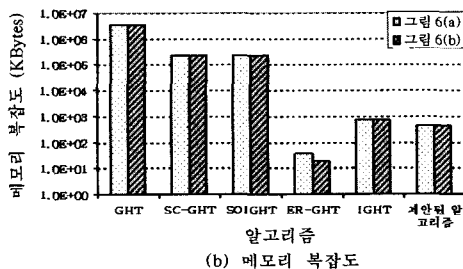
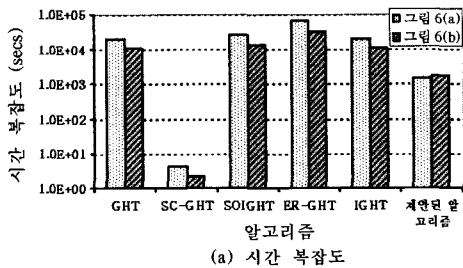


그림 7 그림 6의 영상들에 대한 다양한 GHT의 결과: 처음 5의 결과는 테이블 I에 근거하여 추정되었다.

를 위한 오버헤드 때문에, 실험적으로는 10개의 테스트 영상에 대해 6에서 14배의 시간 감소를 얻었다(그림 8(a)).

다양한 알고리즘의 추정된 메모리 요구량이 그림 7(b)에 로그 크기로 구성되었다. 영상 크기조절을 통해 얻은 전역 누산기는 그렇지 않은 누산기보다 크기가 작으므로, 역시 추가적으로 메모리를 절약할 수 있다. 원래 공식에서, SC-GHT와 SOIGHT는 4차원 공간을 사용하였다. 그러나, 여기서는 그들을 5차원으로 다루며, 크기 요소는 다루지 않으므로, SC-GHT는 4차원과 1차원 공간이 필요하고, SOIGHT는 하나의 4차원 공간이 필요하다. ER-GHT는 에지의 개수에 따라 복잡도가 달라지지만, 가장 공간 효율적인 알고리즘이다. 그러나, 누산기 공간의 해상도 ( $n_r$ )가 전체적으로 성능에 영향을 미치므로, 너무 거칠어서 탐지를 못하게 해서는 안되며, ER-GHT의 시간 복잡도가 GHT의 시간 복잡도보다 3배이다. 식 (2)은 제안된 알고리즘이 IGHT와 비교해서 1.6배정도의 메모리 사용 감소를 획득할 수 있음을 보여주고 있다. 같은 종류의 타원들을 사용한 전통적인 5차원 GHT의 메모리 사용량은 제안된 알고리즘에 의해 사용된 메모리 양보다 8000배 이상 크다는 것을 명시한다. SC-GHT와 SOIGHT사이의  $\theta$ 는 상대적으로 매우 적은 차이를 가진다.

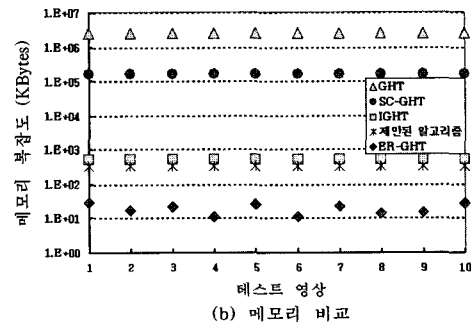
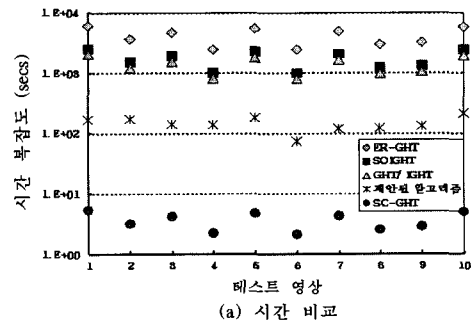


그림 8 10개의 테스트 영상에 대한 다양한 GHT 알고리즘의 결과

5.2 분할

알고리즘의 분할 성능을 평가하기 위해서 두 가지 단위를 사용하였다: 민감도(sensitivity)와 정확도. 민감도는 세포핵이 전문가에 의해 표시되어 탐지될 확률이다. 다음과 같이 정의된다:

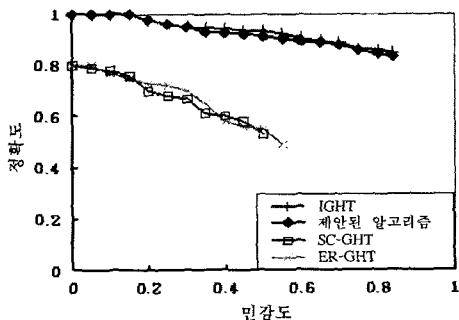
$$\text{민감도} = \frac{TP}{TP+FN}$$

여기서 TP(true positive)는 사용자에게 의해 분할되고 제안된 알고리즘에 의해 탐지된 세포핵의 개수를 나타내고, FN(false negative)은 시스템에 의해 탐지되지 않았지만 표시된 세포핵의 개수를 의미한다. 정확도는 세포핵의 분할이 실제로 사용자에게 의해 분할된 세포핵과 관계있을 확률이다:

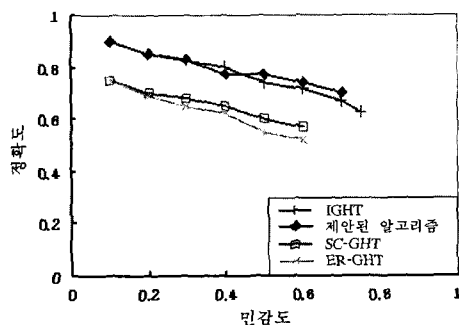
$$\text{정확도} = \frac{TP}{TP+FP}$$

여기서 FP(false positive)는 사용자에게 의해 분할되지 않았지만, 알고리즘에 의해 분할된 세포핵을 의미한다[7]. 전형적으로 진단과 예측을 위하여 수십 개의 세포핵을 분할하기를 요구하므로, 분할 방법에 대한 예상 정확도는 (정상 영상의 경우엔) 처음 50개의 분리된 세포핵이나, (비정상인 경우엔) 80%의 민감도를 사용하였다.

그림 9는 두 테스트 영상(그림 6(a)와 (b))에 대하여,



(a) 그림 6(a)의 영상



(b) 그림 6(b)의 영상

그림 9 그림 6의 영상들에 대한 제안된 알고리즘의 민감도와 정확도

제안된 알고리즘이 매우 적은 시간과 공간을 요구하면서, IGHT의 민감도와 정확도에 근접한 결과를 갖고 있음을 보여주고 있다. 다른 알고리즘과의 비교를 위하여, 시간 효율적인 알고리즘인 SC-GHT와 공간효율적인 알고리즘인 ER-GHT를 두 테스트 영상에 적용시켰다. SC-GHT는 기울기 연산자의 정확도에 의해 정확도의 영향을 받을 뿐만 아니라, 곡률이 0인 직선성분을 찾을 수 없기 때문에, 주어진 세포 또는 조직 영상에서 너무 크거나 작은 세포핵을 찾지 못하였다. ER-GHT는 누산기 공간의 해상도를 고려해야 할 뿐만 아니라, 부분만 보이는 물체를 잘 찾지 못하는 단점으로 인하여 겹쳐진 세포핵을 탐지, 분할하지 못하였다. 다시 말하면, SC-GHT와 ER-GHT는 시간과 공간 효율을 동시에 고려하고 있지 않을 뿐만 아니라, 그 알고리즘들 자체에 내재된 제약으로 인하여 정확도에 있어서도 제안된 알고리즘에 비해 성능이 좋지 않음을 그림 9가 보여주고 있다.

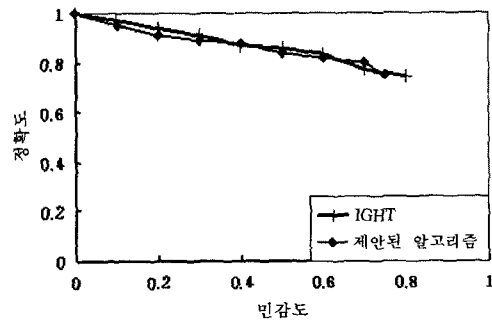


그림 10 10개의 테스트 영상에 대한 제안된 알고리즘의 평균 민감도와 정확도

6. 응용: 형태기반 자동영상 인덱싱

비록 이 연구가 유방암 진단과 예측을 위한 세포/조직 영상 분석을 위해 이루어졌지만, 제안된 방법은 일반 영상에서도 물체 탐지를 위해서 사용할 수 있다. 특히, 방대한 양의 영상 데이터베이스를 각 영상에 포함된 물체에 의해 인덱싱을 하는 경우에는, 영상으로부터 자동적으로 물체를 탐지하여 인덱싱하는 기술이 필요하다 [18]. 세포/조직 영상과는 달리 일반 영상은 그 영상 내 포함된 물체의 형태와 크기가 훨씬 다양하다. 따라서 자동 인덱싱을 위하여 모든 종류의 템플릿이 크기별로 준비되어야만 한다. 그러나 제안된 방법을 사용하면, 모든 종류의 템플릿 중 전체 크기의 범위 내 템플릿의 부분 집합만을 이용하여 축소된 영상에 IGHT를 수행하게 된다. IGHT의 결과물인 축소된 영상에 대한 전역 누산기를 통해 가장 적합한 템플릿이 선택되고 크기범위가



결정된다. 이 때, 전역 누산기가 최적의 매칭뿐만 아니라, 적합한 매칭들에 대한 정보도 보관함으로써, 몇 개의 후보 템플릿을 제공할 수 있다. 정해진 템플릿의 선택된 작은 크기 범위 내 전체 템플릿 집합이 원래 영상에 IGHT를 수행하기 위해 적용된다 (그림 11).

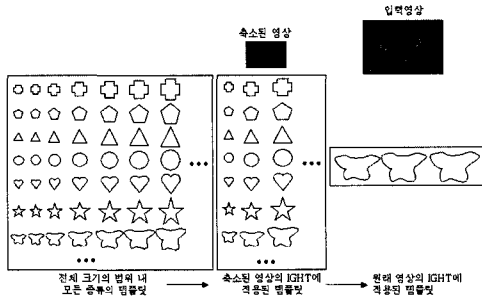


그림 11 제안된 방법을 이용한 효율적인 형태 기반 자동 영상 인텍싱

7. 결론

이 연구는 세포영상의 자동 분할을 위한 시간과 공간 효율 알고리즘을 설명하고 있다. 제안된 알고리즘은 IGHT의 메모리 요구량을 줄이면서, 영상의 크기조정을 이용하여 과도한 수행시간을 줄인다. IGHT를 원래의 영상에 적용하는 대신에, 제안된 알고리즘은 세포핵의 크기의 범위를 찾기 위하여 사분의 일 크기의 영상에 IGHT를 적용하여 두 번째 IGHT의 매개변수 공간을 제한한다. 두 번째 IGHT는 정확한 경계선을 결정하기 위하여 각 세포핵의 적절한 템플릿을 사용하여 이분의 일 크기의 영상에 적용한다.

본 연구를 이전의 연구들과 비교하기 위하여, 기존의 GHT, SC-GHT, SOIGHT, ER-GHT, IGHT 등을 검토하였다. 4차원이 아닌 5차원 공간에서의 그들의 시간 복잡도와 공간 복잡도를 보여주었다. SC-GHT가 가장 시간 효율적인 알고리즘이지만, 제안된 알고리즘에 비해 500이상의 메모리를 요구한다. 또한, ER-GHT는 가장 공간 효율적인 알고리즘이지만, 제안된 알고리즘보다 18에서 40배 이상의 수행시간이 필요하다. 우리의 이전 연구에 사용되었던 IGHT와 비교해서, 제안된 알고리즘은 6에서 14배의 속도 향상과 1.6배정도의 메모리 요구량 축소를 이루었다.

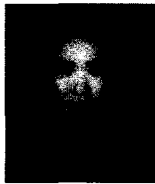
정확한 세포핵의 경계선을 분할하기 위하여, 제안된 알고리즘은 snake와 국부조정을 이용하였다. 제안된 알고리즘은 영역과 에지 정보 모두를 효율적으로 탐색한다. 실험 결과는 제안된 알고리즘이 세포 영상 내 세포 핵을 분할하고, 유방암을 진단하고 병의 진행과정을 예

측하기 위한 중요한 단계로서 관심 요소를 추출하는데 신뢰할 수 있는 방법임을 보여주고 있다.

참고 문헌

- [1] D. H. Ballard, "Generalizing the Hough transform to detect arbitrary shapes," *Pattern Recognition*, Vol. 13, No. 2, pp. 111-122, 1981.
- [2] K.-M. Lee and W. N. Street, "A fast and robust approach for automated segmentation of breast cancer nuclei," In *Proceedings of the IASTED International Conference on Computer Graphics and Imaging*, pp. 42-47, 1999.
- [3] National Alliance of Breast Cancer Organizations (NABCO). Facts about breast cancer in the USA. New York, NY, USA, February 2001. <http://www.nabco.org/resources/facts/usafacts.html>
- [4] T. Mouroutis, S. J. Roberts, and A. A. Bharath, "Robust cell nuclei segmentation using statistical modelling," *IOP Bioimaging*, Vol. 6, No. 2, pp. 79-91, 1998.
- [5] W. H. Wolberg, W. N. Street, and O. L. Mangasarian, "Machine learning techniques to diagnose breast cancer from image-processed nuclear features of fine needle aspirates," *Cancer Letters*, Vol. 77, pp. 163-171, 1994.
- [6] O. L. Mangasarian, W. N. Street, and W. H. Wolberg, "Breast cancer diagnosis and prognosis via linear programming," *Operations Research*, Vol. 43, No. 4, pp. 570-576, 1995.
- [7] W. N. Street, "Xcyt: A system for remote cytological diagnosis and prognosis of breast cancer," In L. C. Jain, editor, *Soft Computing Techniques in Breast Cancer Prognosis and Diagnosis*, pp. 297-322. *World Scientific Publishing*, 2000.
- [8] A. S. Aguado and M. S. Nixon. A new Hough transform mapping for ellipse detection. Technical report, University of Southampton, UK, 1995. 1995/6 *Research Journal Image, Speech and Intelligent Systems*.
- [9] A. A. Kassim, T. Tan, and K. H. Tan. "A comparative study of efficient generalised Hough transform techniques," *Image and Vision Computing*, Vol. 17, No. 10, pp. 737-748, 1999.
- [10] D. Ma and X. Chen, "Hough transform using slope and curvature as local properties to detect arbitrary 2D shapes," In *Proceedings of the 9th International Conference on Pattern Recognition*, pp. 511-513, 1988.
- [11] S.-C. Jeng and W.-H. Tsai. "Scale- and orientation-invariant generalized Hough transform - a new approach," *Pattern Recognition*, Vol. 24, No. 11, pp. 1037-1051, 1991.
- [12] M. Lee, J. Kittler, and K. C. Wong, "Generalized Hough transform in object recognition," In *Proceedings of the International Conference on Pat-*

- tern Recognition, Vol. 3, pp. 285-289, 1992.
- [13] K.-M. Lee and W. N. Street, "Model-based detection, segmentation and classification for image analysis using on-line shape learning," *Machine Vision and Applications*, Vol. 13, No. 4, 222-233, 2003.
- [14] H. A. Rowley, S. Baluja, and T. Kanade, "Neural network-based face detection," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol. 20, No. 1, pp. 23-38, 1998.
- [15] H. Li, M. A. Lavin, and R. J LeMaster, "Fast Hough transform: A hierarchical approach," *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, Vol. 36, No. 2-3, pp. 139-161, 1986.
- [16] V. Chalana, W. Costa, and Y. Kim, "Integrating region and edge information using regularization," In *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging*, Vol. 2434, pp. 262-271, 1995.
- [17] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, "Snakes: Active contour models," *International Journal of Computer Vision*, Vol. 1, No. 4, pp. 321-331, 1988.
- [18] K.-M. Lee and W. N. Street, "Incremental Feature Weight Learning and its application to Shape-based Query System," *Pattern Recognition Letters*, Vol. 23, No. 7, 865-874, 2002.



이 경 미

1993년 덕성여대 전산학과(학사). 1996년 연세대 전산학과(석사). 2001년 미국 Univ. of Iowa 전산학과(박사). 현재 덕성여대 컴퓨터과학부 전임강사. 관심분야는 멀티미디어처리 및 검색, 컴퓨터시각, 패턴인식, 기계학습



W. Nick Street

W. Nick Street is an Associate Professor in the Department of Management Sciences at the University of Iowa. His research interests include machine learning, data mining, computer vision, evolutionary systems, and bioinformatics. Street has a PhD in computer sciences from the University of Wisconsin-Madison. He is a member of IEEE, ACM SIGKDD, AAAI, and INFORMS