

개선된 퍼지 ART 알고리즘을 이용한 자궁 경부 세포진 핵 분할 및 인식

Nucleus Segmentation and Recognition of Uterine Cervical Pap-Smears using Enhanced Fuzzy ART Algorithm

김광백

Kwang-Baek Kim

신라대학교 컴퓨터공학과

요 약

자궁 경부암 세포진 영상의 영역 분할은 슬라이드의 상태나 정상 및 비정상에 따라 많은 차이를 보여 자궁 경부암 세포진 인식 시스템의 가장 어렵고도 중요한 분야로 알려져 있다. 본 논문에서는 자궁 경부 세포진 영상에서 퍼지 그레이 모폴로지 연산을 이용하여 핵을 추출하고, 추출된 세포진 핵 영역은 형태학적 정보와 명암 정보, 색상 정보 및 질감 정보를 분석하여 핵의 특징을 추출한다. 또한 Bethesda System에서의 분류 기준에 따라 핵의 분류 기준을 정하고 추출된 핵의 특징들을 개선된 퍼지 ART 알고리즘에 적용하여 실험한 결과, 제안된 방법이 자궁 세포진 핵의 추출과 인식에 있어서 효율적임을 확인하였다.

Abstract

Segmentation for the region of nucleus in the image of uterine cervical cytodiagnosis is known as the most difficult and important part in the automatic cervical cancer recognition system. In this paper, the region of nucleus is extracted from an image of uterine cervical cytodiagnosis using the fuzzy grey morphology operation. The characteristics of the nucleus are extracted from the analysis of morphometric features, densitometric features, colorimetric features, and textural features based on the detected region of nucleus area. The classification criterion of a nucleus is defined according to the standard categories of the Bethesda system. The enhanced fuzzy ART algorithm is used to the extracted nucleus and the results show that the proposed method is efficient in nucleus recognition and uterine cervical Pap-Smears extraction.

Key Words : 자궁 경부 세포진, 형태학적 정보, 명암 정보, 색상 정보, 질감 정보, Bethesda System, 개선된 퍼지 ART 알고리즘

1. 서 론

자궁경부암이란 자궁 경부의 상피에 발생한 악성 종양이다. 자궁경부암 검사를 위하여 피험자의 자궁 경부에서 세포를 채취한 뒤, 이를 염색한 표본을 해부병리학 분야의 전문가가 현미경을 통해 세포와 핵의 행태를 육안으로 관찰함으로써 자궁경부암 검사가 이루어진다[1]. 악성종양의 치료는 현대의학의 비약적인 발전에도 불구하고 아직은 조기발견과 조기치료가 으뜸인 것은 주지의 사실이다. 그러므로 자궁경부암으로의 이행을 차단하는 것이 자궁경부암을 완치하는 가장 확실한 방법이다. 그로인해 지난 40년 동안 세포진단 검사를 전체 혹은 부분적으로 자동화하는 많은 시스템이 개발되었다.

의료 영상에서 관심 있는 영역에 대한 진단은 크게 영상의 영역 분할, 특징 추출, 특징 분석으로 구성된다. 영역 분할은 전문가가 원하는 이상 부위를 전체 영상에서 분리해내는 것이고, 특징 추출은 분리된 이상 부위에서 조직적인 정보 특징을 추출하는 것이다. 특징 분석은 추출된 특징을 판

독하여 임상적인 정보와 비교 및 분석하여 전문가가 진단하는데 자료로 적용된다. 세포의 핵 영역 분할 방법은 대상이 되는 영상에 따라 달라지며, 크게 화소 중심 방법과 영역 중심 방법으로 구분된다[2][3]. 화소 중심 방법은 각 화소마다 독립적으로 특정 기준에 따라 의미를 부여하게 된다. 화소 중심 방법은 전역적 특징을 이용할 수 있다[4]. 영역 중심 방법은 주변 화소와의 관계를 분석하여 의미를 부여하게 된다. 또한 영역 중심 방법은 계산량이 많아 상대적으로 시간이 많이 소요되지만, 지역적인 특성을 이용할 수 있다[4].

본 논문에서는 획득된 자궁 세포진 영상의 밝기 값을 이용하여 상하의 화소수가 적은 레벨을 압축하고, 강조하고 싶은 부분의 밝기 값을 뽑아 농도를 변환함으로써 잡음을 제거한다. 잡음이 제거된 영상은 5*5 마스크 형태의 퍼지 그레이 연산자의 마스크 값을 밝기 값에 따라 할당해줌으로써, 기존의 영상에서 보다 쉽게 관심을 갖는 세포핵을 찾을 수 있게 한다. 그리고 반복 임계값 선정 기법을 이용하여 핵을 분할하고, 분할된 핵 영역에서 형태학적 정보 13개와 명암에 관한 조직 정보 8개, 색상에 관한 정보 18개, 질감에 관한 정보 1개의 특징 정보를 추출한다. 추출된 정보들은 퍼지 ART 알고리즘을 적용하여 각 핵의 비정상 정도를 4등급으로 분류하고 인식한다.

접수일자 : 2006년 4월 13일

완료일자 : 2006년 9월 16일

2. 자궁 경부 세포진 핵 영역 분할

본 논문에서 제안하는 자궁 세포진 핵 추출 과정은 그림 1과 같다.

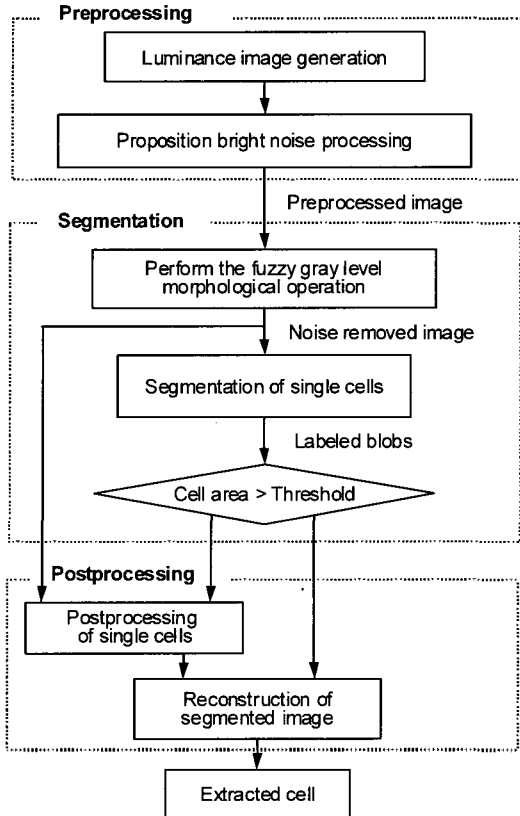


그림 1. 자궁 경부 세포 핵 영역 추출 과정
Fig. 1. Process to extract nucleus of cervix uteri cytodiagnosis

위 세포진 핵 영역 추출 과정을 통해 핵이 검출되면 핵의 변화 및 특징을 분석하기 위하여 핵의 형태학적 정보 13개와 명암에 관한 조직 정보 8개, 색상에 관한 정보 18개, 질감에 관한 정보 1개의 특징 정보를 추출한다. 추출된 핵의 특징에 대한 분류 기준은 Bethesda System에서 제안한 방법을 적용하고 정해진 기준에 따라 추출된 핵에 대해서 악성 정도를 분류하기 위하여 개선된 퍼지 ART 알고리즘을 적용한다.

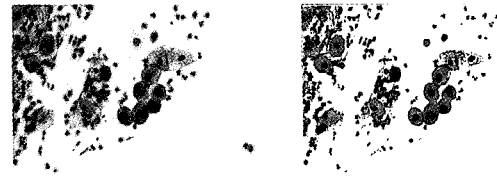
2.1 잡음 제거

전처리 과정에서는 칼라 영상을 명암 영상으로 변환하고 식(1)을 적용하여 잡음을 제거한다.

$$z' = \frac{b' - a'}{b - a} \times (z - a) + a' \quad (1)$$

식(1)에서 a는 최저 밝기 값 + (최고 밝기 값 * 30%)이고 b는 최고 밝기 값 * 80%, z는 $a \leq z \leq b$ 이다. a'와 b'는 각각 0과 255이다.

본 논문에 적용한 자궁 경부 세포진 영상은 그림 2(a)와 같고 제안된 전처리 과정에서 잡음이 제거된 그레이 영상은 그림 2(b)와 같다.



(a) 자궁 경부 세포진 영상 (b) 잡음이 제거된 영상
(a) Image of cervix uteri cytodiagnosis, (b) Image of cervix uteri cytodiagnosis which noise is removed

그림 2. 잡음이 제거된 자궁 경부 세포진 영상

Fig. 2. Image of cervix uteri cytodiagnosis with noise reduction

2.2 퍼지를 이용한 모폴로지 연산

제안된 전처리 과정에 의해 잡음이 제거되면 정상 세포의 핵과 암 세포 핵의 일부 정보가 손실되어 핵을 정확히 추출하기가 어렵다. 따라서 이러한 문제점을 개선하기 위하여 형태학적 연산인 5*5 마스크 형태의 퍼지 그레이 연산의 마스크 값을 밝기 값에 따라 달리 할당해줌으로써 정상 세포와 비정상 세포의 핵을 정확히 추출할 수 있도록 한다. 퍼지 모폴로지 연산은 식(2)와 식(3)과 같다.

$$A \ominus B = \{(x, \mu_{A \ominus B}(x)) | x \in E^N\}$$

$$\mu_{A \ominus B}(x) = \inf_{z \in E^N} \min [1, MRF(\mu_A(z), \mu_{(B:x)}(z))]$$

$$MRF(a, b) = \begin{cases} 0 & \text{if } b = 0 \\ \frac{a}{b} & \text{otherwise} \end{cases} \quad (2)$$

$$A \oplus B = (x, \mu_{A \oplus B}(x)) | x \in E^N$$

$$\mu_{A \oplus B}(x) = \sup_{z \in E^N} [\mu_A(z) \times \mu_{(B:x)}(z)] \quad (3)$$

여기서 a는 원 영상이고 b는 5*5 마스크이다. 밝기 값에 따른 마스크 값은 그림 3과 같고, 5*5 마스크 형태의 퍼지 그레이 모폴로지 연산을 적용한 결과 영상은 그림 4와 같다.

0.137	0.341	0.769	0.769	0.341	0.137
0.341	0.769	0.983	0.983	0.769	0.341
0.769	0.983	1	1	0.983	0.769
0.769	0.983	1	1	0.983	0.769
0.341	0.769	0.983	0.983	0.769	0.341
0.137	0.341	0.769	0.769	0.341	0.137

0.098	0.102	0.214	0.214	0.102	0.098
0.102	0.214	0.543	0.543	0.214	0.102
0.214	0.543	0.769	0.769	0.543	0.214
0.214	0.543	0.769	0.769	0.543	0.214
0.102	0.214	0.543	0.543	0.214	0.102
0.098	0.102	0.214	0.214	0.102	0.098

그림 3. 각각 밝기 값 200과 150에 따른 마스크 값
Fig. 3. The values of mask related to the brightness of 200 and 150, respectively



(a) Erosion (b) Dilation

그림 4. Closing 결과 영상

Fig. 4. Images of the closing result

2.3 반복 임계치 선정 기법을 이용한 세포핵의 영역 분할

제안된 전처리 방법에 의해서 단순화된 영상의 히스토그램 45%~100% 구간에 대해서 그림 5와 같은 반복 임계치 선정 기법을 이용하여 임계값을 선정한다. 그림 6은 반복 임계치 선정 알고리즘을 이용하여 세포핵 영역을 분할한 결과 영상이다.

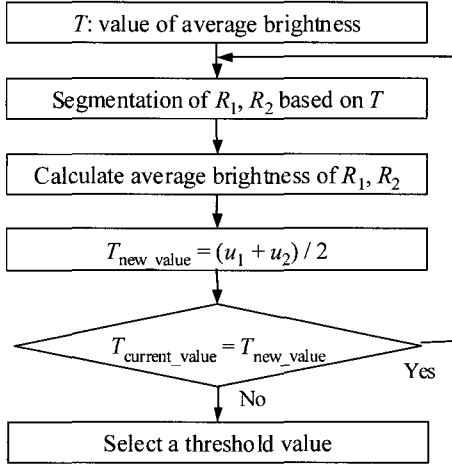


그림 5. 반복적 임계치 선정 알고리즘

Fig. 5. Algorithm for the selection of the threshold value

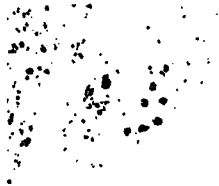


그림 6. 세포핵 영역 분할 영상

Fig. 6. Image of segmentation for the region of nucleus

3. 암세포 인식을 위한 핵 특징 추출

자궁경부암 세포진 검사에서 나타나는 정상 세포는 세포핵이 작고 진하지 않은 색상을 가지며, 핵과 세포질의 비율이 작다. 이에 반해 비정상 세포는 정상세포에 비하여 핵의 크기가 크거나 핵의 모양이 길쭉하거나 원형에서 벗어난 불규칙한 모양을 가지게 된다. 또한 비정상 세포핵은 염색되는 정도가 다르므로 핵이 어둡게 나타나며 세포핵 안의 염색질(chromatin)이 균일하게 분포하지 않고 거칠게 나타난다[5][6].

본 논문에서는 이러한 특징들을 분류하기 위하여 핵의 특징을 추출한다. 먼저 핵 특징은 형태에 관한 정보인 핵 면적, 핵 둘레, 핵 둘레와 사각 둘레와의 비율, 핵 모양의 둥근 정도, 핵 모양의 둥근 정도의 역수, 높이와 폭의 비율과 최소사각 영역에서의 log10(height/width), 수평·수직방향의 가장 긴 내선과 핵 면적과 사각영역의 면적 비율을 추출하고 convex 영역에서 핵을 감싸는 convex_hull의 면적, 핵 면적을 제외한 면적을 구한다. 명암에 관한 정보에서는 밝기의 평균, 표준편차, 분산, histogram의 최대 명암값, 중앙값, 최

소 명암값, 명암값이 60 이상인 픽셀 수 등을 추출한다. 색상에 관한 정보는 Red, Green, Blue, Hue, Saturation, Intensity 성분들의 평균, 표준 편차 등을 구한다. 질감에 관한 정보는 HVS로 나누어진 각 채널에서 에너지 백터와 에너지 편차를 구한다. 에너지를 사용한 질감 특징 백터는 다음과 같이 계산한다.

$$q_{mn} = C_{mn} \sum_w \sum_{\theta} [p_{\theta}(w)]^2 \tag{4}$$

$$e_{mn} = \log(1 + p_{mn}) \tag{5}$$

여기서 $P_{\theta}(w)$ 는 각 채널의 주파수 공간에서의 값을 의미한다. C_{mn} 은 정규화 값을 구하기 위한 상수이다. 그리고 에너지 편차를 이용한 질감 특징 백터를 계산하는 식은 다음과 같다[7].

$$q_{mn} = \sqrt{D_{mn} \sum_w \sum_{\theta} [(P_{\theta}(w))^2 - p_{mn}]^2} \tag{6}$$

$$d_{mn} = \log(1 + q_{mn}) \tag{7}$$

여기서 D_{mn} 은 정규화 값을 구하기 위한 상수이다. 식(4)에서부터 식(7)까지 구한 값과 한 영상의 평균값과 표준 표차를 이용하여 핵의 질감 정보를 나타내기 위한 질감 기술자는 식(8)로 표현된다.

$$Descriptor_{texture} = \begin{bmatrix} dc & std & e_{00} & e_{01} & \dots \\ e_{45} & d_{00} & d_{01} & \dots & d_{45} \end{bmatrix} \tag{8}$$

4. 퍼지 ART 알고리즘을 이용한 핵 분류 및 인식

Crossberg와 Capenter에 의해 제안된 ART 신경망 모델은 뉴런들 간에 경쟁 학습에 의하여 자율적으로 패턴들을 분류하는 네트워크 구조이다. ART1 알고리즘은 이진 입력 패턴과 클러스터의 대표 패턴간의 유사성 측정 방법과 경계 변수의 설정에 따라 인식률이 달라지고, ART2 알고리즘은 이진 입력 패턴과 아날로그 입력 패턴에 대해서도 학습이 가능한 신경망의 자율 학습 알고리즘이다[8]. ART2 알고리즘의 연결 가중치 조정은 모든 입력 패턴의 평균값을 취함으로써 클러스터 생성에 고르게 반응하게 된다. 그러나 ART2 알고리즘은 새로운 입력 패턴이 입력되면 서로 다른 유사한 기존의 클러스터가 생성되는 경우가 발생한다. 그 원인은 입력 패턴이 연결 가중치와의 평균에 의해 저장된 패턴의 특징을 감소시키기 때문이다[9]. 따라서 영상 인식 분야에 ART2 알고리즘을 적용할 경우에는 서로 다른 패턴들이 같은 클러스터로 분류되어 인식률이 저하된다. 이러한 문제점을 해결하기 위해 퍼지 논리 연산자를 이용한 퍼지 ART 알고리즘이 제안되었다[10]. 퍼지 ART 알고리즘은 퍼지 논리와 ART 학습 모델을 결합한 자율 학습 알고리즘이다. 퍼지 ART에서 유사성 측정은 퍼지 논리 교 연산자(fuzzy logic intersection operator) 중에서 Min 연산자를 적용하여 다음과 같이 계산된다.

$$\frac{\|X \wedge Y\|}{\|X\|} \tag{9}$$

여기서 \wedge 는 퍼지 논리 Min 연산자이다.

퍼지 ART 알고리즘에서 출력값(O_j)은 식(10)과 같이 계산되고 가장 큰 출력값을 가진 노드가 승자 노드가 된다.

$$O_j = \frac{\|X \wedge W\|}{\alpha + \|W\|} \quad (10)$$

$$O_j = \sqrt{O_j}$$

여기서 O_j 는 출력값이고 O_j 는 j번째 승자 노드의 출력 값이다. 그리고 α 는 0과 1사이의 선택 파라미터(choice parameter)이다.

퍼지 ART 알고리즘에서 경계 변수는 임의의 패턴과 저장된 패턴과의 불일치(mismatch) 허용도를 결정하는 파라미터이다. 이 경계 변수를 큰 값으로 설정하면, 입력 패턴과 저장 패턴 사이에 약간의 차이가 있어도 새로운 카테고리(category)로 분류하게 된다. 반대로 경계 변수를 작은 값으로 설정하면, 입력 패턴과 저장 패턴 사이에 많은 차이가 있더라도 유사성이 인정되어 입력 패턴을 저장된 패턴의 카테고리(category)로 분류한다. 따라서 영상 인식 문제에 기존의 퍼지 ART 알고리즘을 적용할 경우에는 경계 변수를 경험적으로 설정하므로 유사한 패턴들이 서로 다른 클러스터로 분류되거나 서로 다른 패턴들이 같은 클러스터로 분류되는 문제점이 있다[11]. 본 논문에서는 경계 변수를 퍼지 논리 교 접속 연산자를 이용하여 동적으로 조정하고 승자 빈도수에 따라 학습 파라미터를 조정하는 개선된 퍼지 ART 알고리즘을 제안하여 추출된 핵의 특징들을 분류 및 인식한다. 퍼지 교 접속 연산자는 총체화된 값이 모든 입력 중 가장 작은 값보다 크지 않은 성질을 갖는 연산자로서, Yager의 교 접속 연산자는 식(11)과 같이 정의되고, 파라미터 p 에 따라 단조 감소하는 함수이다[12]. 개선된 퍼지 ART 알고리즘에서 Yager의 교 접속 연산자를 적용하여 경계 변수(ρ)를 동적으로 조정하는 것은 식(12)와 같다.

$$\mu(x_j) = 1 - \text{Min}[1, ((1 - X_1)^p + \dots + (1 - X_n)^p)^{\frac{1}{p}}] \quad (11)$$

$$\rho(t+1) = 1 - \wedge [1, \sqrt{(1 - \rho(t))^2 + (1 - \rho(t-1))^2}] \quad (12)$$

기존의 퍼지 ART 알고리즘에서 가중치 W 를 조정하는 식은 다음과 같다.

$$W(n+1) = \beta(X \wedge W(n)) + (1 - \beta)W(n) \quad (13)$$

기존의 퍼지 ART 알고리즘에서는 가중치를 조정할 때 적용되는 학습 파라미터(learning parameter) β 를 0과 1사이의 경험적인 값으로 설정한다. 기존의 퍼지 ART에서 β 값을 크게 설정하면 인식이 낮아진다. 그 원인은 클러스터의 갱신된 횟수가 증가하게 될 경우에는 이전에 저장된 패턴의 정보가 손실되어 인식이 낮아진다. 반대로 β 값을 작게 설정하여 학습하게 되면 현재의 학습 패턴의 정보가 저장 패턴에 반영되는 정도가 낮아지게 되어 클러스터의 수가 증가하게 된다.

따라서 본 논문에서는 저장 패턴과 학습 패턴간의 실제적인 왜곡 정도를 충분히 고려하여 승자 노드로 선택된 빈도수를 β 값에 적용한다. 제안된 퍼지 ART 알고리즘에서 학습 파라미터 β 를 조정하는 식은 다음과 같다.

$$\beta = \frac{\|X \wedge W\|}{f_j} \times \frac{1}{N} \quad (14)$$

본 논문에서 추출된 핵의 정보들을 분류하고 인식할 제안

된 퍼지 ART 알고리즘은 그림 7과 같다.

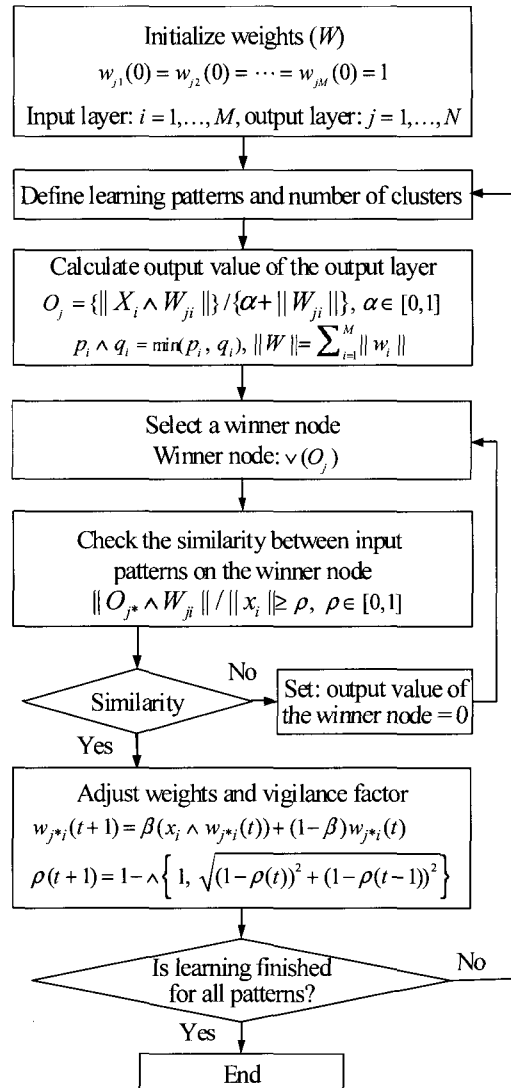


그림 7. 개선된 퍼지 ART 알고리즘
Fig. 7. The enhanced fuzzy ART algorithm

5. 실험 및 결과 분석

실험 환경은 IBM 호환 기종의 Pentium-IV PC상에서 Visual C++ 6.0으로 구현하였다. 실험 표본은 부산대학교 부속 병원에서 획득한 640*480 크기의 자궁 경부 세포 영상 20장을 대상으로 실험하였다. 자궁암 경부 세포진 핵 추출에 대한 결과 영상은 그림 8과 같다.

제안된 핵 영역 분할 방법의 성능을 평가하기 위해 전문가의 진단한 결과와 제안된 핵 추출 방법의 결과를 비교하였다. 20장의 자궁 경부 세포 영상에서 전문의가 추출한 자궁암 경부 세포진의 핵은 316개이고, 본 연구를 통해 추출된 핵은 284개이다. 표 1은 제안된 방법에 의해 추출된 핵의 수를 나타내었다.

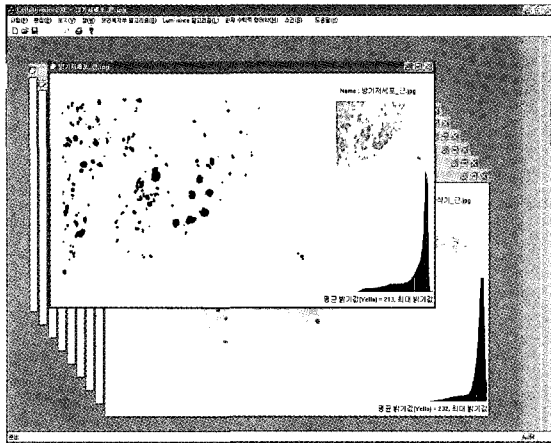


그림 8. 자궁암 경부 세포진 핵 추출 결과
Fig. 8. Nucleus extraction result of the cervix uteri cytodiagnosis

표 1. 핵 추출 결과
Table 1. Nucleus extraction result

	전문의	제안된 방법	제안된 방법의 추출률
핵 추출	316	284	89.8%

표 1에서 알 수 있듯이 본 연구를 통해 추출된 핵의 추출률은 89.8%의 정확도를 가졌다. 2개 이상 세포가 겹쳐져 있는 세포인 경우에는 정확히 추출되지 않았다.

전문의의 임상적인 실험 정보와 세포 진단학 정보를 기반으로 제안된 방법에 의해 추출된 핵에 대한 특징 정보 중에서 일부는 다음과 같다.

표 2. 추출된 핵의 일부 특징 정보
Table 2. A part of the characteristic information of the extracted nucleus

핵의 특징 정보	핵의 특징 값
핵 둘레와 사각둘레와의 비율	0.5791
핵 모양의 둥근 정도	0.8571
핵 면적과 사각 영역의 면적 비율	0.6457
핵을 감싸는 convex_hull의 면적	0.5424
밝기의 표준편차	0.8721
밝기의 분산	0.7452
wavelet LL2 평균	0.7611
wavelet LL2 분산	0.7562

표 2와 같은 핵의 특징을 이용하여 정상 세포의 핵과 비정상 세포의 핵 및 암세포 핵으로 분류한다. 따라서 본 논문에서는 핵의 분류를 Bethesda System에서 분류한 WNL, ACUS, LSIL, HSIL, SCC의 5 등급으로 분류하였다. 여기서 WNL은 정상세포이고 뒤로 갈수록 악성도가 높은 비정상 세포이고, SCC로 분류되는 세포는 암 세포를 의미한다. 그림 9은 핵의 특징 정보들을 분류할 Bethesda System의 기준을 보여준다.

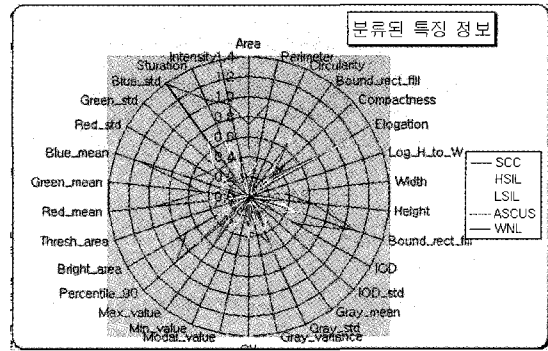


그림 9. Bethesda System에 의한 핵의 분류 기준 정보
Fig. 9. Information of the standard category in the Bethesda system

그림 9와 같이 핵의 분류 기준 정보를 통해 정상 세포와 비정상 세포의 등급 및 암세포를 판별할 수 있는 정보로 분류함으로써 영상에 나타나는 모든 핵을 분할하는 것보다 관심의 대상이 되는 세포핵을 분류하여 암세포 진단의 정확성을 향상시킬 수 있다.

추출된 284개의 핵 특징 정보들을 개선된 퍼지 ART 알고리즘에 적용하여 정상 세포와 비정상 세포 및 암세포를 분류 및 인식하였다. 개선된 퍼지 ART 알고리즘의 경계변수는 0.8로 설정하여 동적으로 조정하였다. 개선된 퍼지 ART 알고리즘으로 핵 특징 정보들을 학습한 결과, 152개의 클러스터의 수가 생성되었다. 표 3은 Bethesda System에서 핵의 상태를 분류한 기준을 기반으로 개선된 퍼지 ART 알고리즘에 의해 핵들을 분류한 결과이다.

표 3. 개선된 퍼지 ART 알고리즘에 의한 세포의 분류 및 인식 결과

Table 3. Classification and recognition results of cell by enhanced fuzzy ART algorithm

전문의		
정상 세포(WNL)		92
비정상 세포	ASCUS	82
	LSIL	34
	HSIL	56
암세포(SCC)		20
제안된 방법		
정상 세포(WNL)		72
비정상 세포	ASCUS	94
	LSIL	39
	HSIL	58
암세포(SCC)		21

표 3에서 알 수 있듯이 전문의가 진단한 결과보다 제안된 방법이 정상 세포를 비정상 세포로 분류한 경우가 발생하였다. 그 이유는 추출된 정상 세포핵의 검색 정도와 슬라이드 상태에 따라 비정상 세포로 분류된 경우이다. 그러나 제안된 방법이 비교적 비정상 세포와 암세포 인식에 있어서 효율적인 것을 확인할 수 있다.

6. 결 론

본 논문에서는 핵의 분류를 Bethesda System에서 분류한 WNL, ACUS, LSIL, HSIL, SCC의 5 등급 기준 정보를 이용하여 자궁 경부 세포진 핵 추출 및 인식 방법을 제안하였다. 제안된 방법은 획득된 자궁 세포진 영상을 그레이 스케일 영상으로 변환 후, 세포진 영상의 밝기 값을 이용하여 상하의 화소수가 적은 레벨을 압축하였고, 강조하고 싶은 부분의 밝기 값을 뽑아 농도를 변환함으로써 잡음을 제거하였다. 잡음이 제거된 영상은 5*5 마스크 형태의 퍼지 그레이 연산자 값을 밝기 값에 따라 할당하여 기존의 영상에서 보다 쉽게 관심을 갖는 세포핵을 검출하게 하였다. 그리고 반복 임계값 선정 기법을 이용하여 핵을 분할하였다. 분할된 핵 영역에서 형태학적 정보 13개와 명암에 관한 조직 정보 8개, 색상에 관한 정보 18개, 질감에 관한 정보 1개의 특징 정보를 추출하였다. 추출된 정보들은 개선된 퍼지 ART 알고리즘에 적용하여 각 핵의 정상 및 비정상 정도를 5 등급으로 분류하고 인식하였다.

자궁 경부 세포 영상 20장을 대상으로 실험한 결과, 제안된 방법이 핵 추출과 인식에 효율적인 것을 확인하였고 자궁 경부 세포진 진단 추정치에 오차가 적음을 확인하였다.

향후 과제로는 핵의 분류에 있어 추정치 편차를 줄이도록 여러 특징 정보를 추출하여 분류 기준을 설정할 것이고 핵의 특징 정보들을 보다 정확히 분류할 수 있는 퍼지 SVM에 대해 연구할 것이다.

참 고 문 헌

- [1] 은성경, 박찬모, 박화순, 윤소영, 조민선, 조수연, 김성숙, "영상처리를 이용한 자궁경부 세포진의 자동 탐색 방법에 관한 연구," *대한세포병리학회지*, 제5권, 제1호, pp. 15-22, 1994
- [2] Hugo Banda-Gamboa, Ian Ricketts, Alistair Cairns, Kudair Hussein, James H. Tucker and Nasseem Husain, "Automation in cervical cytology : an overview," *Analytical Cellular Pathology*, Vol.4, pp.25-48, 1992.
- [3] 남궁성은, 자궁경부 세포진 검사의 자동화 시스템에 대한 연구, *보건보지부*.
- [4] 김호영, 김선아, 최예찬, 김백섭, 김희숙, 남궁성은, "다단계 영역 분할 방법을 이용한 자궁 경부 세포진 핵 영역 분할에 관한 연구," *대한의료정보학회지*, 제5권, 제1호, pp.89-95, 1999.
- [5] 김광백, 윤홍원, "퍼지 신경망을 이용한 기관지 편평암 인식에 관한 연구," *대한의료정보학회지*, 제5권, 제1호, pp.77-87, 1999.
- [6] C.M. Bishop, *Neural Networks for Pattern Recognition*, Oxford University Press., 1995.

- [7] B. S. Manjunath, W. Y. Ma, "Texture Features for Browsing and Retrieval of Image Data," *IEEE Trans. on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, Vol.18, No.8, 1996.
- [8] G. A. Carpenter and S. Grossberg, "ART2: self-organization of stable category recognition code for analog input patterns." *OPTICS*, Vol. 26, No. 23, pp.4919-4930, 1987.
- [9] 김광백, "Recognition of Identifiers from shipping container Image by Using Fuzzy Binarization and ART2-based RBF Network," *한국지능정보시스템학회논문지*, 제9권, 2호, pp.1-18, 2003.
- [10] Shaun Mariott and Robert F. Harrison, "A Modified Fuzzy ART MAP architecture for the Approximation of Noisy Mappings," *Proceedings of 1995 International Joint Conference on Neural Networks*, Vol. 4, 1995.
- [11] 김광백, "효과적인 운송 컨테이너 영상의 식별자 인식을 위한 개선된 퍼지 ART 알고리즘," *한국통신학회논문지*, 제28권, 5C호, pp.486-492, 2003.
- [12] Yager, R. P., "On a General Class of Fuzzy Connective," *Fuzzy Sets Systems*, Vol.4, pp. 235-242, 1980.

저 자 소 개



김광백(Kwang-Baek Kim)

1999년 부산대학교 전자계산학과(이학박사)

1997년~현재 신라대학교 컴퓨터공학과 부교수

1999년~2000년 Biomedical Fuzzy Systems Association Associate Editors (Japan)

2003년~현재 한국퍼지 및 지능시스템학회 기획이사 및 논문지 편집위원

2005년~현재 한국멀티미디어학회 이사 및 논문지 편집위원

2005년~현재 한국지능정보시스템 이사 및 편집위원

2006년~현재 Asian Journal of Information Management (Academic Journals Inc., New York USA), 편집위원

관심분야: Fuzzy Neural Networks, Medical Image Processing, Support Vector Machines, Bioinformatics and Biomedical System.

E-mail : gbkim@silla.ac.kr