

컬러 정보를 이용한 지능형 결핵균 검출 자동화 시스템

조성만*, 주원종#, 김기범**, 임충혁**

Intelligent Automated Detection System of Tuberculosis Bacilli by Using Their Color Information

Sung Man Cho*, Won Jong Joo#, Gi Bom Kim** and Choong Hyuk Lim**

ABSTRACT

Tuberculosis (TB) is a chronic or acute infectious disease which damages more people than any other infectious diseases according to WHO estimates. In this paper, a new automatic detection system of tuberculosis bacilli by using their color information is proposed. Through the deep investigation of color and intensity compositions of tuberculosis images, new pre-processing and segmentation algorithms are suggested. Specific features of bacilli are extracted from the processed images and number counting is done by using domain-specific knowledge rules.

Key Words : Tuberculosis bacilli (결핵균), Color code (컬러 모형), Image processing (영상처리), Feature extractor (특징추출), Domain-specific knowledge rule (특정영역 지식 룰)

1. 서론

질병관리본부가 분석한 우리나라 결핵현황에 따르면 타인에게 결핵균을 전염시키는 활동성 결핵 환자는 17 만 명 정도인 것으로 추정된다. 이는 국민 287 명당 1 명에 해당하는 수치이며 매년 3 만 명이 넘는 신규 결핵환자가 발생하고 3000 명 이상이 결핵으로 숨지는 등 결핵은 이미 질병 사망순위 11 위를 기록하고 있다. 또한 전 세계적으로는 단일 감염성 질환 중 사망률 1 위를 차지하고 있다. 결핵 판정기법 중 하나인 객담 도말 검사법에서 이제까지는 검사자의 시각에 의존하여 현미경으로 결핵균을 검출하고 개수를 세었으나¹ 본 연구에서

는 다양한 컬러 정보를 이용한 영상처리 기법을 도입하여 도말 검사법 시편에서 보이는 결핵균을 자동으로 검출하고 개수를 산출하는 프로그램을 개발하였다.

기존의 영상 처리를 이용한 검출 방법들은 이미지를 흑백(gray level)으로 표현하여 최적의 임계값(threshold)을 찾아 결핵균 영상을 분리하여 라벨링(labeling) 하는 방법으로 시도해 왔다. 또한 컬러를 이용한 기존의 검출 방법은 1 차적인 RGB 정보를 가지고 결핵균의 특성을 벡터화 시켜 분리하는 방법을 사용하였다. 이는 매번 다른 이미지마다 최적의 임계값을 찾아야 하며 실제에 있어서 이미지 속에 포함된 노이즈로 인하여 결핵균만을

☞ 접수일: 2006 년 8 월 31 일; 게재승인일: 2007 년 8 월 9 일

* 서울산업대학교 대학원 메카트로닉스 공학과

교신저자: 서울산업대학교 기계설계자동화공학과

E-mail: joo@snut.ac.kr Tel. (02) 937-5064

** 서울산업대학교 기계설계자동화공학과

분리해 내는 것은 거의 불가능하였다. 또한 기존의 RGB 정보를 이용한 검출 방법에는 결핵균과 배경의 컬러 특성이 매 이미지마다 비슷하여야 하나 실제에 있어서는 염색시약의 양과 현미경의 배율, 주위조명 상태 등에 따라 RGB 구성이 달라 결핵균을 분리하는 일정한 기준을 정하기 어려우며 또한 영상 분리 시 추가적인 노이즈가 많이 생긴다는 단점이 있다.²

본 논문에서는 결핵균 영상의 RGB와 HIS 컬러 정보를 분석하여 결핵균과 노이즈의 색상, 명도 특성을 찾아내고 이를 바탕으로 노이즈를 순차적으로 제거한 후 결핵균만의 이미지에서 이진화 작업과 침식-확장 알고리즘을 통한 복원 작업을 수행한다. 복원된 이미지에서 결핵균의 특징 값들을 추출하여 지식 룰(knowledge rule)과의 매칭을 통해 결핵균의 개수를 선출하는 과정을 보여준다.

2. 결핵균 이미지의 컬러 정보 분석

대부분의 결핵균 이미지는 한 이미지 내에서도 매우 다양한 색상, 명암 분포를 가지고 있다. 따라서 단일 색상 기준으로는 결핵균을 분리하는 것이 거의 불가능하다. 본 장에서는 결핵균 이미지의 RGB와 HIS 분포를 연구한다.

2.1 결핵균 이미지의 RGB 상황

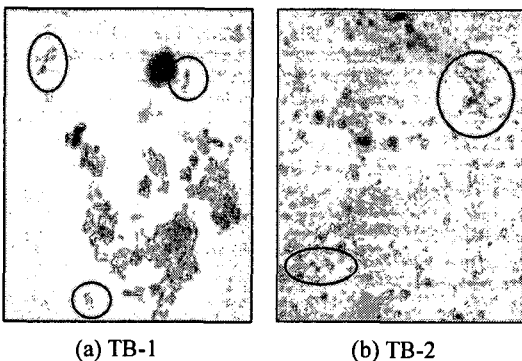
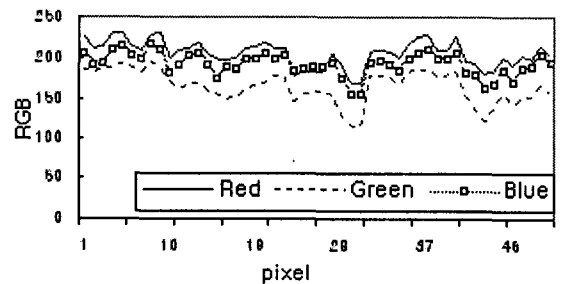


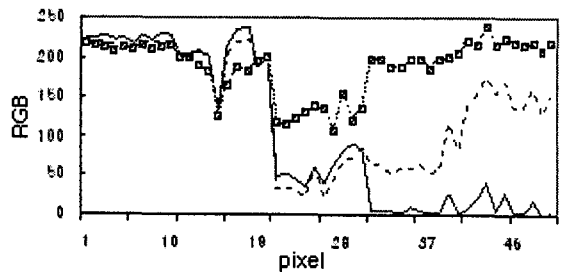
Fig. 1 Tuberculosis bacilli images

Fig. 1 (a)와 (b)는 하나의 시편 내에서 현미경으로 촬영된 결핵균 이미지들이지만 색상분포는 확연히 다르다. 이미지 상에서 붉은색 계통의 색상을 가지며 원으로 표시된 객체가 결핵균이며 나머지

는 배경 노이즈에 해당한다. 배경 노이즈는 매우 복잡한 형태를 띠고 있는데 대체로 푸른색(Blue)이 매우 강하고 구름(cloud)형태를 띤 영역과 약한 푸른색이면서 대체로 균일한 바탕색을 나타내는 영역으로 나눌 수 있다. Fig. 2는 Fig. 1 (a)의 결핵균 영역과 배경 영역에서 각각 50개의 샘플 픽셀을 선정하여 RGB 각각의 명암 값(intensity 값) 분포를 보여주고 Fig. 3은 Fig. 1 (b)의 RGB의 명암 값(intensity 값) 분포를 보여준다. 먼저 결핵균 영역을 보면 Fig. 2 (a)의 결핵균은 Blue의 명암 값이 Red의 명암 값보다 아래에 위치하나 Fig. 3 (a)의 결핵균은 이와 반대로 나타난다. 또한 Fig. 2 (a)의 Red의 명암 값은 200 이상인 반면 Fig. 3 (a)의 Red의 명암 값은 200 이하에 분포한다. 배경영역에서는 50개의 샘플 픽셀 중 처음 20개는 Blue level이 약한 영역에서 추출하였다. Fig. 2 (b)에서는 Blue 명암분포가 Red와 Green의 명암 분포와 교차하고 있으나 Fig. 3 (b)에서는 Blue의 명암분포가 다른 색상보다 위에 있으며 이는 Fig. 3 (a) 박테리아 특성과 유사하다. 이상에서 살펴 보듯이 RGB 컬러 정보만을 가지고는 결핵균과 배경 노이즈를 분리하는 기준치를 제시 할 수 없다.²

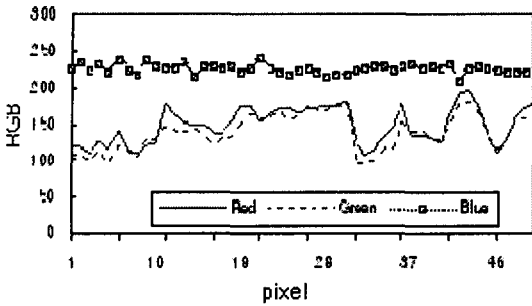


(a) RGB of Tuberculosis bacilli in TB-1

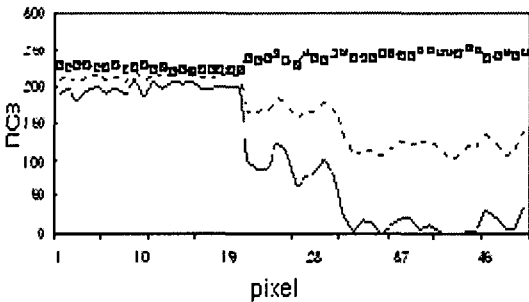


(b) RGB of background in TB-1

Fig. 2 RGB of TB-1



(a) RGB of tuberculosis bacilli in TB-2



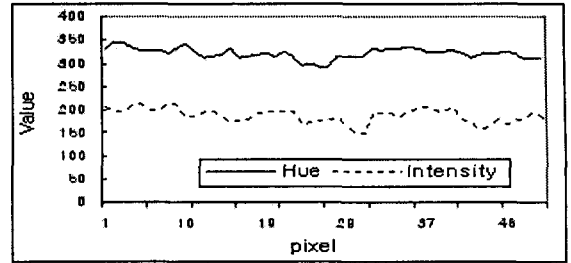
(b) RGB of background in TB-2

Fig. 3 RGB of TB-2

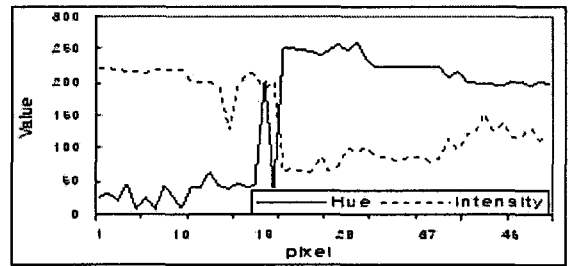
2.2 결핵균 이미지의 HIS 상황

Hue 는 컬러를 0~360 도로 표현 하게 된다. Fig. 4 와 Fig. 5 는 각각 Fig. 1 (a) 와 Fig. 1 (b) 의 결핵균 과 배경 노이즈에 대한 Hue (색상) 과 Intensity (명암도) 분포를 보여준다.

Fig. 4 (a)와 Fig. 5 (a)에서 보는 바와 같이 결핵균의 Hue 값이 Intensity 값보다 위에 위치한다. 이는 결핵균의 색상은 대체로 Red 이므로 명암값이 250 이상인 반면에 명암도는 대체로 200 이하 이기 때문이다. 배경 노이즈 영역에 대해서는 두 개의 영역이 확연히 다르다. 즉 Blue level 이 약한 영역(처음 20 개 샘플 픽셀)에서는 Intensity 값이 Hue 값 보다 매우 위에 있거나(Fig. 4 (b)) 약간 위에 있다(Fig. 5(b)). 그러나 Blue level 이 강한 영역(다음 30 개 샘플 픽셀)에서는 반대로 Hue 값이 Intensity 보다 위에 있다. 특히 이 영역에서는 Fig. 2 (b)와 Fig. 3 (b) 에서 보는 바와 같이 Red 명암값이 매우 작으며 따라서 Intensity 도 작게 나오고 있다. 이와 같은 컬러, 명암도 정보들은 배경 노이즈를 제거하거나 결핵균을 검출 하는데 매우 중요한 특성들이다. 예를 들면 Blue level 이 강한 영역을 제거하기 위해

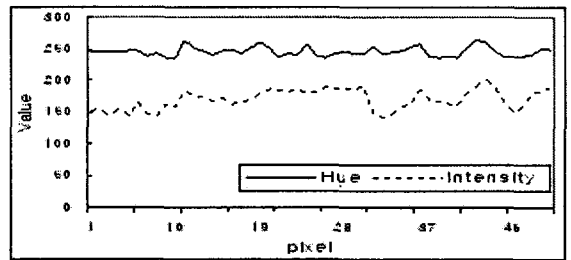


(a) H&I of tuberculosis bacilli in TB-1

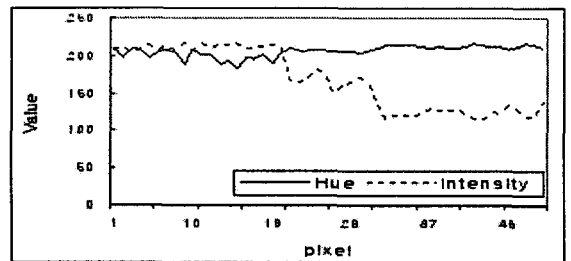


(b) H&I of background in TB-1

Fig. 4 H & I of TB-1



(a) H&I of tuberculosis bacilli in TB-2



(b) H&I of background in TB-2

Fig. 5 H & I of TB-2

서는 Red 명암값이 특정 임계 값보다 작은 값을 갖는 영역을 찾으려면 된다. 또한 Hue 는 영상의 명

압도를 조절하여도 값에 영향을 받지 않는다는 점을 이용하여 명도가 너무 낮은 영상은 원하는 밝기까지 명암도를 올려도 Hue 값은 변함이 없기 때문에 결핵균과 배경 노이즈를 분리하는데 유용적으로 쓰일 수 있다.

Table 1 과 Table 2 는 Fig. 4 와 Fig. 5 에서 Hue 와 Intensity 의 최대, 최소값을 보여준다. 각 이미지 별로는 결핵균의 Hue 값이 배경 노이즈 Hue 값이나 Intensity 값보다 크게 나와 이 특성만 가지고도 결핵균 검출이 용이하다. 그러나 두 이미지가 한 시편 내에 같이 있을 경우 배경 노이즈의 Hue 값(TB-1: 최대값 261)이 결핵균의 Hue 값 (TB-2: 최소값 236) 보다 크기 때문에 일정한 기준 값을 정할 수 없다. 또한 Intensity 값은 결핵균이나 배경 노이즈 값이 서로 섞여 있어 기준점이 없다.

Table 1 Min & Max of hue, intensity in TB-1

TB-1	Hue (결핵균)	Intensity (결핵균)	Hue (노이즈)	Intensity (노이즈)
최대 값	345	213	261	220
최소 값	290	146	8	63

Table 2 Min & Max of hue, intensity in TB-2

TB-2	Hue (결핵균)	Intensity (결핵균)	Hue (노이즈)	Intensity (노이즈)
최대 값	265	201	215	219
최소 값	236	142	183	115

이상에서 살펴본 바와 같이 결핵균과 배경 노이즈 사이에는 색상이나 명암도 관계가 단순하지 않으며 RGB 와 HIS 상의 내재돼있는 특성을 적절히 이용하지 않으면 분리하기가 쉽지 않다. 3 장에서는 본 장에서 관찰한 특징들을 순차적으로 적용하여 배경 노이즈로부터 결핵균을 분리하는 과정을 보여준다.

3. 검출 및 산출

3.1 검출

결핵균 이미지는 크게 결핵균, Blue 가 강한 파란색 계열의 배경 노이즈 그리고 Blue 가 약한 부분의 배경 노이즈 부분으로 나눌 수 있다.

3.1.1 파란색 계열이 강한 배경 노이즈 제거

Fig. 2 (b), Fig. 3 (b)를 보면 Red 수치가 급격히 감소 되어 있는 부분이 있다. 이 부분은 이미지 상에서 파란색이 분포하고 있는 부분으로 짙은 파란색일수록 Red 값은 0 에 가까워 진다. 또한 결핵균의 Red 값은 100 이상의 값을 갖는다. 이에 근거 하여 다음과 같은 벡터를 생성한다.

$$Pixel_{(i,j)} \Leftarrow Red_{(i,j)} \leq 100 \quad (1)$$

식 (1) 에 의해 파란색 계열의 배경 노이즈를 일차적으로 제거한다.

3.1.2 파란색 계열이 약한 배경 노이즈 제거

일차적으로 파란색 계열의 배경 노이즈가 제거 된다면 Fig. 4 (b), Fig. 5 (b)에서 최초 20 개의 화소 샘플의 값이 분포하는 배경 노이즈가 남게 된다. 이 부분의 배경 노이즈들의 Hue 와 Intensity 의 값을 살펴보면 Hue 의 값이 배경 노이즈에서 Intensity 의 값보다 낮다. 이에 근거 하여 다음과 같은 벡터를 생성한다.

$$Pixel_{(i,j)} \Leftarrow (Hue_{(i,j)} / Intensity_{(i,j)}) < 1 \quad (2)$$

식 (2) 에 의해 파란색 이외의 배경 노이즈가 제거된다.

3.1.3 기타 배경 노이즈 제거

식 (1)과 식 (2)를 거치면서 대부분의 배경 노이즈는 제거되며 결핵균과 기타 노이즈가 약간 남게 된다. 그러나 대부분의 결핵균의 Hue 값은 230 이상이므로 식 (3)을 통해 배경 노이즈도 제거되며 최종적으로 결핵균만 남는다.

$$Pixel_{(i,j)} \Leftarrow Hue_{(i,j)} > 230 \quad (3)$$

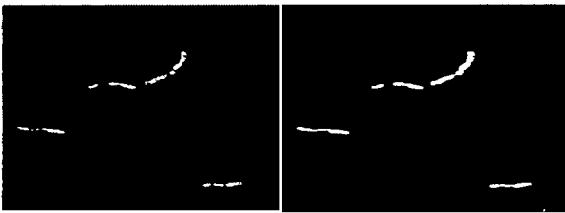
3.2 침식-확장에 의한 끊어진 결핵균 복원

그러나 실제에 있어서는 검출시약의 농도 차에 따라 상기의 조건을 만족하지 못하는 경우가 있다. 이럴 경우 검출된 결핵균의 이미지에선 결핵균이 끊어져서 1 개의 결핵균이 2~3 개의 부분으로 분리 되어 나타나는 경우가 있다. 이는 추후 산출 과정에서 정확도를 떨어뜨리게 된다. 이러한 끊어진 결핵균에 대한 복원작업은 침식-확장의 방법을 사

용하여 이루어진다.³

$$f(i, j) = \{ \text{Min} \{ \text{Max}_r^n, \{ \text{Max}_c^n \{ g(i, j) \} \} \} \} \quad (4)$$

식 (4)에서 $g(i, j)$ 은 끊어진 영상이다. $f(i, j)$ 은 복원된 영상이다 Min은 침식연산이며 전방향연산이다. Max는 확장 연산이며 r, c는 각각 가로, 세로 별 연산을 뜻하며 n은 횡수(n=3)이다.



(a) Separated image (b) Restore image

Fig. 6 Tuberculosis bacilli image restoration

3.3 특징추출

결핵균은 이미지 상에서 단일객체로 존재하기도 하지만 군집화 된 경우도 많아서 결핵균 개수 산출(counting)에 어려움이 있다. 산출은 이진화 영상에서 수행되며 5 가지 특징 값에 의해 구축된 룰에 의해 최적의 산출 결과를 가져온다.⁴

1) Area (면적)

Area는 결핵균에 속하는 픽셀 수를 계산한다.

$$\text{Area} = \sum_{x=0}^M \sum_{y=0}^N B(x, y) \quad (5)$$

Table 3은 Area의 임계치에 따른 결핵균 산출 결과를 나타낸다. 3개의 시편에서 각각 10장씩 총 30장의 이미지에 대한 산출 결과이며 5회 반복하여 수행하였고 5회 평균값으로 표시하였다.

2) Sudden Turning Point (STP : 급전환점)

검출된 엣지를 스캐닝 할 때 각 픽셀의 방향성을 나타내는 수치를 차례로 연결한 것을 Chain code라고 하는데 결핵균 양 끝 단에서는 방향성이 급격히 바뀌는 것을 이용한다. (수치적으로 4 정도의 차이가 난다.) Fig. 7(a)는 인접한 픽셀 사이의 방향성을 숫자로 나타내는 것을 보여주며 (b)는 결

핵균 끝 단에서 Chain code가 어떻게 변화되는지 보여 준다. 본 논문에서는 20 × 1 마스크를 가지고 엣지를 스캐닝 하면서 전환점을 찾는다.⁵

Table 3 Representative area selection of a single tuberculosis bacillus

객체군 Area	시편1	시편2	시편3	총합 (평균)	오차 율(%)	표준 편차
육안검사	72	108	135	315	0.0	2.08
200	110	143	187	440	39.7	0.71
250	95	123	165	383	21.6	0.83
300	61	93	125	279	11.4	0.79
350	51	78	110	239	24.1	0.91
400	38	62	78	178	44.1	0.68

256 × 256 사이즈의 이미지에서 Area = 300 일 때 육안검사 대비 평균 오차율이 11.4%로 가장 낮다.

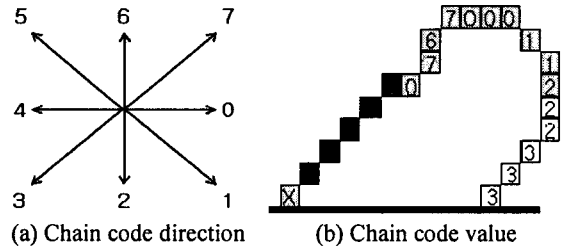


Fig. 7 Chain code

77777 / 07670 / 00112 / 22333
(a)

7 / 4 / 0.9 / 2.6
(b)

Fig. 8 Sudden turning point detection

Fig. 8(a)는 20개의 숫자로 구성된 Chain code를 보여주며 (b)는 5 자리마다의 평균값을 보여준다. (b)의 값에서 맨 처음 값과 마지막 값의 차이는 7-2.6=4.4로 두 부분의 방향성의 차이는 4 이상의 값을 갖는다. 스캐닝 중에 차이가 3.7 이상일 경우 급전환점(Sudden turning point)으로 지정하고 1개의 결핵균에는 2개의 급전환점이 있다.

3) Perimeter (둘레)

검출된 결핵균의 영상에서 Chain Code 를 이용하여 검출된 엣지의 총 픽셀 수를 뜻한다. 256 × 256 크기의 영상에서 픽셀의 수가 100 일 때 한 개의 결핵균으로 선정 한다.^{4,6}

4) End point (끝 단)

End point 는 Zhang Suen 세선화를 이용하여 얻어진 결핵균 골격들을 STP(sudden turning point)와 마찬가지로 양 끝단의 개수 산출 하는데 사용한다. 한 픽셀로 이루어진 선들의 끝점을 찾아서 끝점이 2 개일 경우 한 개의 결핵균으로 인정한다.⁶

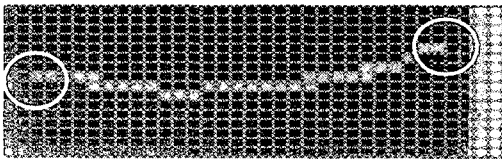


Fig. 9 Tuberculosis bacilli by end point

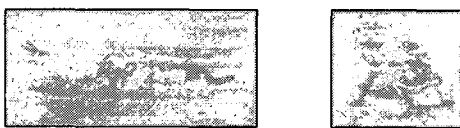
Fig. 9 는 결핵균 단일 객체를 확대한 모습이다. 이미지 상의 한칸이 한 픽셀을 나타낸다. 양 끝단이 End point 로 설정된다.

5) Circularity(원형성)

원형성은 객체가 얼마나 원형에 가까이 있느냐를 판별하는 것으로서 결핵균의 군집 형태를 알 수 있다.⁴

$$C = \frac{4\pi A}{P^2} \quad (6)$$

P 는 Perimeter 를 나타내며 A 는 Area 를 나타낸다. 값이 1 에 가까울수록 원형에 가까운 형태를 나타내며 그 값은 1 을 넘지 않는다.



(a) C < 0.2 (b) C > 0.2
Fig. 10 Tuberculosis bacilli's circularity

Fig. 10 은 결핵균의 원형성을 나타낸 것이다.

(a)의 경우 결핵균이 길게 군집화 되어 있기 때문에 원형성 C 의 값이 0.2 보다 낮게 나타난다. 즉 원에 근접하지 않는다는 것을 나타낸다. (b)의 경우는 결핵균의 군집형태가 전체적으로 (a)에 비하여 원에 근접한 값을 나타내므로 그 값이 0.2 보다 크게 나타난다.

3.4 룰에 의한 결핵균 개수 산출

검출된 결핵균의 형태는 단일 객체로 있을 경우, 2, 3 개가 서로 연결된 경우, 여러 개가 서로 엉켜있는 경우 등 매우 다양하여 단순 계산으로는 되지 않는다. 따라서 많은 관찰과 테스트를 통하여 사람이 시각에 의해 판정하는 것과 같이 지식을 만들어야 한다. 룰은 IF-Then 형식을 사용하며 몇 가지 주요 룰은 다음과 같다.^{2,6,8,9}

5 개의 특징 중 4 개의 특징 즉 Area, Perimeter, STP, End point 를 가지고 단독으로 계산된 결핵균의 개수를 각각 A, P, S, E 라고 한다.

$$A = Area / 300$$

$$P = perimeter / 100$$

$$S = STP / 2$$

$$E = Endpoint / 2$$

IF 0.7 < A < 1.3 & S=1 & C < 0.2 Then the Number is one

IF A=S=E Then the number is A

IF S > A & S=E & C > 0.2 Then the number is S

IF A ≠ S ≠ E ≠ P & C < 0.2 Then the number is (A+P) / 2

IF A ≠ S ≠ E ≠ P & C > 0.2 Then the number is (S+E) / 2

4. 실험 및 고찰

Fig. 11 은 Fig.1 (a) 영상의 결핵균 검출 과정을 순차적으로 보여주는 이미지다. (a)는 현미경에서 얻은 영상이며 (b)는 Blue 가 강한 영역의 배경 노이즈를 식 (1)에 의해 제거한 영상이다. 구름 (cloud)형태로 모여있던 부분의 배경이 제거되었다. (c)는 (b)의 영상에서 Blue 가 약한 영역의 배경 노이즈를 식 (2)를 이용하여 제거한 것이다. 결핵균과 기타 노이즈만 약간 존재하고 거의 대부분의 노이즈가 제거되었다. (d)는 최종적으로 기타 배경 노이즈와 결핵균을 식 (3)에 의해 분류한 것이다.

기타 노이즈가 제거 되고 결핵균만 검출되었다.

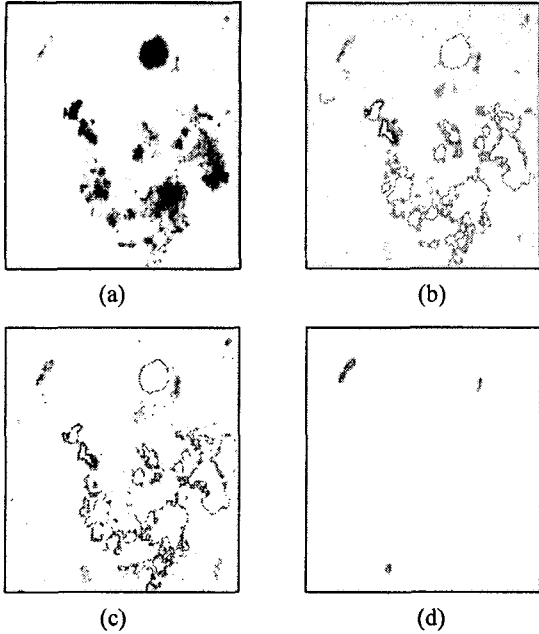


Fig. 11 TB-1 Tuberculosis bacilli detection

Fig. 12 은 결핵균 검출 자동화 시스템의 GUI 다. 이를 통해 Fig. 1 (b)의 영상을 검출 및 산출하는 과정을 보여주는 이미지다. 결핵균을 검출하고 이진화 후 끊어진 결핵균을 복원하고 Chain Code 와 세선화를 수행 후 최종적으로 산출한다. Fig. 12 에서는 A=4, S=5.5, P=3, E=5, C=2.02 가 나왔으며 최종 산출 값은 룰 베이스에 의해 5 로 정해졌다.

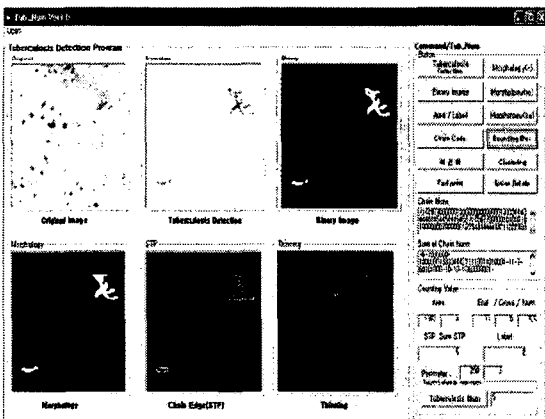


Fig. 12 TB-2 Tuberculosis bacilli detection & counting

Table 4 Tuberculosis counting result

결핵균 Area	시편1	시편2	시편3	총합 (평균)	산출 율(%)	표준 편차
육안검사	72	108	135	315	100.0	2.08
특징 데이터	56	82	99	237	75.24	1.08
지식론 (IF-Then)	68	104	128	383	95.24	0.98

Table 4 는 본 연구에서 제안한 지식 룰 검사 방법의 우수성을 나타낸다. 3 개의 시편에서 각각 10 장의 이미지를 선정 총 30 장의 이미지를 산출한 결과 표이며 총 5 회 반복 수행하였다. 지식 룰을 사용하여 산출한 결과 육안 검사 대비 95.24% 정확도를 나타낸다. 일반적으로 특징 데이터들의 평균 값을 가지고 검사한 방법에서는 산출 율이 75.24%로 크게 떨어지는 것을 볼 수 있다.

5. 결론

본 연구는 도말 검사법에서 현미경으로 획득된 컬러영상을 RGB 와 HIS 컬러정보를 분석하여 복잡하게 얽혀 있는 배경 노이즈를 순차적으로 제거 하는 것을 보여준다. 배경 노이즈를 제거하는 과정에 발생하는 결핵균의 끊김은 침식확장기법으로 복원한 후 결핵균의 특징을 추출하여 최적의 결핵균 개수 산출 룰 베이스를 구축하였다. 본 연구는 결핵균 검사 장비의 자동화를 위한 기초작업으로 보다 많은 테스트를 거쳐 프로그램의 완숙도를 높이면 병원, 보건소의 수동 검사 장비를 대체할 수 있을 것이다.

후 기

본 논문은 한국산업기술재단 (KOTEF)의 지역 혁신인력양성사업과 산학협동재단 학술 연구비 지원 과제에 의해 지원되어 수행되었습니다.

참고문헌

1. Choi, S. C., Jung, C. H., Kim, H., Kim, S. T. and Lee, W. J., "A Comparative Analysis on The efficiency of

- Various Clinical Methods for Diagnosis of Tuberculosis,” The Korean Journal of Biomedical Laboratory Sciences, Vol. 5, No. 2, pp. 193-197, 1999.
2. Forero-Vargas, M., Sierra-Ballen, E. L., Alvarez-Borrego, J., Pech-Pacheco, J. L., Cristobal-Perez, G., Alcalá, L. and Desco, M., “Automatic sputum color image segmentation for tuberculosis diagnosis,” Proceedings of SPIE—the international society for optical engineering, Vol. 4471, pp. 252-258, 2001.
 3. Umbaugh, S. E., “Computer Imaging Digital Image Analysis and Processing,” A CRC PRESS BOOK, pp. 417-428, 2005.
 4. Kim, C. H., Choi, S. H., Joo, W. J. and Kim, G. B., “Classification of Surface Defect on Steel Strip by KNN Classifier,” J. KSPE, Vol. 23, No. 8, pp. 80-88, 2006.
 5. Choi, H. S., Choi, H. S. and Choi, K. H., “Content-based Image Retrieval System by using Chain Codes,” Journal of Information Science & Engineering, Vol. 2, pp. 19-38, 1994.
 6. Veropoulos, K., Campbell, C. and Learmonth, G., “Image processing and neural computing used in the diagnosis of tuberculosis,” IEE Colloquium on, Issue 20, pp. 2/8-3/8, 1998.
 7. Zhang, T. Y. and Suen, C. Y., “A fast parallel algorithm for thinning digital patterns,” Communications of the ACM, Vol. 27, Issue 3, pp. 236-239, 1984.
 8. Kwon, Y. H., “Image Analysis for Real-Time Monitoring of Microbes,” Korea Advanced Institute of Science and Technology, pp. 12-23, 2002.
 9. Galushkin, A. I., Zlobin, V. S., Korobkova, S. V., Rjabtsev, E. I., Tomashevich, N. S. and Tumoian, E. P., “Neurocomputer processing of the images in the task of tuberculosis contagions identification,” Proceedings of the 9th International Conference on Neural Information Processing (ICONIP’02), Vol. 4, Issue 8-22, pp. 2029-2031, 2002.