

말초혈액영상에서 신경망 모델을 이용한 적혈구의 형태학적 변이 분류

김 경 수[†] · 김 판 구^{†*}

요 약

최근에 컴퓨터를 이용한 영상처리기술 및 고속통신망기술의 발달과 더불어 하드웨어의 고성능화로 의학분야에서 대량으로 발생하는 의학영상들을 효율적으로 처리하려는 많은 연구가 진행되고 있다. 본 논문에서는 병원의 임상병리과에서 수행하고 있는 혈액병리진단에 도움을 주기 위해 영상처리기술을 이용하여 말초혈액영상으로부터 적혈구의 형태학적 변이를 분석할 수 있는 시스템을 구축하였다. 이를 위해 CCD 카메라가 부착된 현미경으로부터 입력된 영상에서 적혈구를 분리하고 15부류의 형태학적 변이를 구별하기 위해 UNL푸리에 특징을 사용하였다. 그리고, PCA를 적용해 다차원의 특징을 저차원으로 줄여 분류기의 훈련과 인식 시간을 단축함으로써 보다 효율적인 분류기 시스템을 구축하였다. 그리고, 2단계 다층 신경망을 이용하여 구축한 시스템과 LVQ3, K-NN분류 방법을 비교한 결과 평균인식률이 약 91%로서 가장 좋은 성능을 보였다. 이는 본 논문에서 구축한 시스템을 실제 임상 병리진단 가이드 시스템 구축시 활용 가능함을 보이고 있다.

Morphological Variation Classification of Red Blood Cells using Neural Network Model in the Peripheral Blood Images

Kyung-Su Kim[†] · Pan-Koo Kim^{†*}

ABSTRACT

Recently, there have been many researches to automate processing and analysing images in the medical field using image processing technique, a fast communication network, and high performance hardware. In this paper, we propose a system to be able to analyze morphological abnormality of red-blood cells for peripheral blood image using image processing techniques. To do this, we segment red-blood cells in the blood image acquired from microscope with CCD camera and then extract UNL Fourier features to classify them into 15 classes. We reduce the number of multi-variate features using PCA to construct a more efficient classifier. Our system has the best performance in recognition rate, compared with two other algorithms, LVQ3 and k-NN. So, we show that it can be applied to a pathological guided system.

1. 서 론

최근 외국은 물론 국내에서도 정보통신망의 빠른 확

산과 함께 고속화되는 추세에 맞추어 영상처리기술 및 컴퓨터 그래픽기술을 이용하여 각종 의료기관에서 생성되는 화상들을 디지털화 하여 관리 및 처리하려는 노력들이 활발히 진행되고 있다[2][9][18][5][19]. 이의 결과에 따라 HIS(Hospital Information System), PACS(Picture Archiving Communication System), LIS(Laboratory Informa-

* 본 논문은 1998학년도 조선대학교 학술연구비의 지원을 받아 연구되었음.

† 준 회 원 : 조선대학교 전자계산학과 교수

†† 정 회 원 : 조선대학교 컴퓨터공학부 교수

논문접수 : 1999년 3월 16일, 심사완료 : 1999년 9월 27일

tion System)등의 용어들은 우리에게 익숙한 용어가 되고 있다.

본 논문은 병원에서 혈액영상 자동병리진단에 사용될 수 있도록 현미경에서 획득된 혈구영상으로부터 적혈구세포를 정상과 비정상세포를 분류하기 위해 영상처리기법을 적용한다. 적혈구 세포의 패턴분류를 위해 통계적 방법중 근간을 이루는 베이스 판별규칙[13]과 현재 패턴인식에서 많이 이용되는 신경망 모델[10]에 대해 비교하고 본 논문에서 구축한 신경망 모델을 소개한다. 그리고, 특징 벡터의 차원을 줄임으로서 분류시 비교횟수를 줄이고 특히, 신경망의 경우 네트워크의 크기를 줄일 수 있을 뿐만 아니라 훈련 데이터의 오류(overfitting)을 줄임으로써 패턴분류 성능을 높일 수 있다. 본 논문에서는 통계적 기법인 PCA(Principal Component Analysis)[10] 방법을 적용하여 특징 벡터의 차원을 줄인 후의 분류성능을 비교·분석하였다.

논문의 구성은 다음과 같다. 2장에서 인식대상이 되는 말초혈액에 대한 소개를 하였고, 3장에서는 혈구세포의 분류를 위한 전처리와 특징 추출방법을, 4장에서는 패턴 분류방법, 5장에서는 특징선택방법, 마지막으로 6장과 7장에서는 실험 결과를 보이고 결론을 맺는다.

2. 말초 혈액에 대한 소개

본 논문에서는 혈액학 문헌에서 적혈구에 대해 일반적으로 나누고 있는 23부류 중에서 영상처리를 이용한 형태분석을 통해 인식할 수 없는 일부 비정상세포는 자동인식 기각을 통해 사용자에게 일임하는 방법을 취했고 아래 그림과 같이 15부류로 분류하였다[15]. 15부류에 대한 적혈구 세포는 정상적혈구를 포함하여 병적요인으로 인해 형태학적 변화가 일어난 비정상 세포로 아래 (그림 1)에 나타나 있다.



(그림 1) 적혈구의 형태

본 논문에서는 적혈구를 인식하기 위해 윤곽선 특징을 추출한 후 두 단계의 인식과정을 거친다. (그림 1)에서 정상, 표적, 구상, 유구 적혈구의 4부류는 같은 형태의 윤곽선을 가지고 있기 때문에 4부류 전체를 원형적 혈구라 명하고 첫 번째 단계에서는 이들 4부류와 다른 형태의 적혈구를 구별하고 두 번째 단계에서는 4부류에 대해 구별하도록 하는 과정을 거친다.

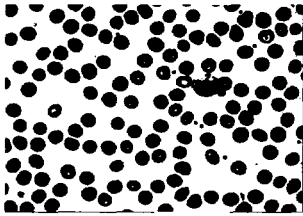
3. 혈구인식을 위한 전처리

3.1 전처리

혈액영상은 현미경이 부착된 컬러 CCD카메라로부터 400배 확대된 640×480 해상도의 입력영상을 프레임그래버를 통해 획득한 컬러영상을 사용한다. 일반적으로 현미경을 통해 보이는 혈구세포들은 검사를 위해 샘플 슬라이드를 만드는 중에 서로 눌러서 겹쳐지게 되는데 검사자들이, 대상으로 하는 부분은 되도록 겹쳐진 부분이 작은 이상지역(ideal zone)을 선택하게 된다[15]. 따라서, 실험을 위해 사용한 영상은 이상지역에서 입력된 영상으로서 가장 먼저 처리하는 것은 혈구를 개별적으로 분리하기 위한 전처리이다. 전처리의 첫 번째 단계는 임계치를 자동으로 결정하며 입력영상을 이진화 영상으로 변환시킨다. 이때 적용한 알고리즘은 기존의 여러 이진화 알고리즘 중 혈액 영상에 가장 좋은 성능을 보인 퍼지 척도를 이용한다. 이 방법은 각 화소가 물체와 배경 중 어디에 속하는 가에 대한 퍼지의 정도를 척도로 하여 결정하는 방법이다[6].

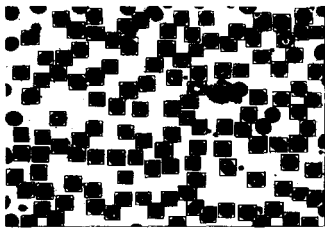


(그림 2) 입력영상



(그림 3) 이진화된 영상

다음 단계에서는 세그먼트된 혈구세포들에 대해 레이블링을 하게 된다. (그림 4)는 각각의 혈구세포들이 레이블링되어 최소경계사각형으로 표시된 결과를 나타내고 있다. 이 때 영상 내에서 경계선에 붙어있는 세포들과 백혈구세포들은 레이블링 단계에서 자동으로 제외시켰다. 레이블링 단계를 거친 후 각각 분리된 혈구세포들 중에서 적혈구, 백혈구, 혈소판, 혈장 등으로 분리하는 단계가 필요하다. 인식할 대상이 적혈구이기 때문에 적혈구를 분리해야 하는데, 일반적으로 400배 확대된 영상 시야 내에서는 백혈구가 가장 큰 용적을 차지하고 있고 핵의 색깔로 백혈구를 분리해낼 수 있고, 혈장은 말초혈액에서는 볼 수 없고 혈소판의 경우도 특수한 경우를 제외하고 적혈구나 백혈구에 비해 아주 작은 크기의 형태를 가지는 것을 볼 수 있다(그림 2) 참조).



(그림 4) 레이블링된 세포

3.2 특징 추출

전처리가 끝난 후 다음 단계에서는 혈구세포의 분류를 위해 각각의 혈구세포들에 대한 특징을 추출하게 된다. 첫 번째 단계에서 외부 형태가 정상과 같고 내부 형태가 다른 정상적혈구, 구상 적혈구, 표적적혈구, 유구 적혈구들을 한 부류로 인식하고, 그 외 적혈구들을 다른 하나의 부류로 분류한다. 두 번째 단계에서는 이들 4부류의 혈구를 외부 뿐만 아니라 내부의 윤곽선 특징을 추출하게 된다.

적혈구 세포의 분류를 위해 기존의 형태 기술자중 회전에

불변(rotation invariant), 이동에 불변(translation invariant), 확대/축소에 불변(scaling invariant) 성질을 잘 만족시켜주는 UNL푸리에 방법을 사용하였다[8]. UNL(Universidade Nova de Lisboa) 푸리에 방법은 푸리에 서술자(Fourier descriptor)의 확장 개선된 알고리즘으로 객체로부터 특징을 추출하기 위해 크게 두 단계로 실행된다[1][14]. 첫 번째 단계에서는 이진 곡선 패턴의 객체를 가지고 있는 영상이 직교 좌표계(Cartesian coordinate system)에서 극 좌표계(polar coordinate system)로 변환된다. 이를 위해 이상데이터인 영상에 대해 해석적 곡선 방정식을 구하고 UNL 변환을 거친 후 극 좌표계 상에 곡선 방정식이 놓이게 된다. 따라서, UNL 변환은 원래의 패턴에 대해 이동 및 회전연산에 대해 불변인 특성을 갖게 된다. 또한, UNL변환의 순환 이동(cyclic shift)은 원래 영상을 회전한 결과를 얻을 수 있다. 이러한 과정은 두 번째 단계에서 이차원 푸리에 변환을 통해 생략할 수 있다. 즉, 푸리에 변환의 스펙트럼은 원래 인식할 객체 패턴에 대한 회전에 영향을 받지 않는다. 결과적으로 이러한 UNL 푸리에 특징은 인식 객체에 대한 회전, 이동, 축소 및 증가에 영향을 받지 않는다. $\Omega(t)$ 를 n개의 화소 $z_i = (x_i, y_i)$ 로 구성된 이산 객체, $O = (O_x, O_y)$ 를 객체의 중심, M을 중심좌표 Ω 로부터 모든 화소 z_i 로의 유클리디언 거리라고 가정하자. 객체를 구성하는 두 인접화소 $z_i = (x_i, y_i)$ 와 $z_j = (x_j, y_j)$ 사이의 라인 세그먼트 $z_{ij}(t)$ 로 구성된 이산 객체 $U(\Omega(t))$ 의 UNL 변환은 다음과 같은 식에 의해 직교 좌표계로부터 극 좌표계로의 매핑하는 결과가 된다.

$$U : ((0, 1) \rightarrow R^2) \rightarrow ((0, 1) \rightarrow R^2)$$

여기서, $\forall 1 \dots n \ t \in [0, 1]$

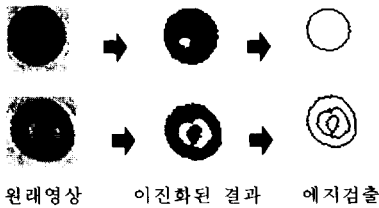
$$U(z_{ij}(t)) = \zeta_{ij} = (E_{ij}(t), \theta_{ij}(t)) = \left(\frac{\|z_i + \kappa(z_j - z_i) - O\|}{M}, \text{atan} \left(\frac{y_i + \kappa(y_j - y_i) - O_y}{x_i + \kappa(x_j - x_i) - O_x} \right) \right)$$

$i(x, y)$ 를 이산 객체 $\Omega(t)$ 를 나타내는 2차원 영상, $f(R, \theta)$ 를 $\Omega(t)$ 의 UNL 변환을 나타내는 2차원 영상이라고 가정하면 영상 $f(R, \theta)$ 의 정규화된 이산 푸리에 스펙트럼은 다음과 같다.

$$UFF(u', v') \equiv \frac{\|F(f(R, \theta))\|}{F(0,0)} = \frac{\|F(u, v)\|}{F(0,0)}$$

UNL 푸리에 특징을 추출하기 위해 세그먼트된 적

혈구 세포의 경계선을 구하고 64×64 크기로 스케일링을 행한 후 각각에 대해 모두 76개의 UNL 푸리에 특징을 추출하였다. 이 때 추출된 특징값들은 0과 1사이의 실수들로 구성된다. (그림 5)에서 위의 세포는 정상 세포로서 윤곽선 정보를 추출하는 과정이고 아래 세포는 표적 적혈구로서 윤곽선 정보뿐만 아니라 내부 에지 정보까지 추출하여 UNL 푸리에 변환을 수행하였다.



(그림 5) 혈구세포의 특징추출과정

4. 패턴 분류 모델

본 장에서는 최근 많이 사용되고 있는 신경망 모델에 대해 논하고 적혈구 인식을 위한 2단계 계층적신경망 구조를 구축하였다. 또한 실험에서 구축한 모델과의 분류성능 비교를 위해 통계적 패턴분류방법 중 가장 최적화된 알고리즘으로 베이스 판별규칙을 사용하는 k-NN[13]과 군집화에 의한 클러스터링 방법중 LVQ3[17] 알고리즘을 비교·분석하였다.

4.1 k-NN 알고리즘

비모수적 방법에서 직접 분포밀도를 추정하기 위해 일정크기의 공간안에 얼마나 많은 패턴이 존재하는가를 헤아려보는 Parzen 방법과 함께 최근접 이웃 분류방법(k-Nearest Neighbor)은 일정한 개수의 패턴을 포함하도록 측정공간을 조정하여 분포밀도를 추정하는 방법이다. 대상패턴의 집합을 V라하고 클래스의 집합을 $(\omega_1, \omega_2, \dots, \omega_K)$ 라하며, 각 클래스 ω_i 에 대한 표준패턴의 집합을 $T_i \subseteq V$ 라 할 때 k-NN 분류규칙은 다음과 같이 식별함수를 결정하게 된다. 전체 표준패턴 중에서 패턴 x로부터 가장 가까운 거리에 있는 k개의 패턴 $\{x_1, x_2, \dots, x_k\}$ 를 x의 k-최근접 이웃의 각 요소가 어느 클래스에 가장 많이 속하는가를 조사하여 최대 요소수의 클래스를 x의 클래스로 결정하는 규칙이다. 즉, 패턴 k-NN중에서 클래스 ω_j 에 속하는 요소 수

$n(i) = |\{x \in \{x_1, x_2, \dots, x_k\} \cap T_i\}|$ 를 계산하여 $n(j) = \max\{n(1), n(2), \dots, n(K)\}$ 라고 하면 인식함수 $\delta(x)$ 의 출력을 $\delta(x) = \omega_j$ 로 결정하는 식별방법이다.

4.2. LVQ3 알고리즘

LVQ3는 초기 LVQ 알고리즘이 개선된 것으로 초기의 참조벡터와 학습용 패턴집합이 각각 $\{z_i(0) | i=1, \dots, K\}$ 와 $\{x_j | j=1, \dots, M\}$ 일 때, 알고리즘은 다음과 같다.

$$z_i(k+1) = z_i(k) + \alpha(k)(x_k - z_i(k)) (\omega_i \neq \omega_j)$$

$$z_i(k+1) = z_i(k) - \alpha(k)(x_k - z_i(k)) (\omega_i = \omega_j)$$

여기서, α 는 0과 1사이의 값을 갖는 학습율을 나타내고, 시점 k에서 입력패턴 $x(k)$ 와 같은 부류에 속하는 참조패턴 $z_i(k)$ 에 대해 만약 참조패턴 $z_i(k)$ 가 입력패턴 $x(k)$ 보다 작으면 $z_i(k+1)$ 에 작은 만큼의 비를 증가시키고 만약 참조패턴 $z_i(k)$ 가 입력패턴 $x(k)$ 보다 크면 $z_i(k+1)$ 에 큰 만큼의 비를 감소시킨다. 마찬가지로 시점 k에서 입력패턴 $x(k)$ 와 다른 부류에 속하는 참조패턴 $z_j(k)$ 에 대해 위와 같은 작업을 수행하게 된다. 반복해서 참조패턴을 갱신하다보면 두 참조패턴 모두가 입력패턴과 같은 부류에 속하는 경우가 발생하게 된다. 이 경우 아래 식을 통해 참조패턴을 갱신하게 된다.

$$z_m(k+1) = z_m(k) + \epsilon \alpha(k)(x_k - z_m(k))$$

$$(\omega_i = \omega_j, m \in \{i, j\})$$

여기서, ϵ 은 입력패턴 x가 속해있는 윈도우 크기에 비례한다.

4.3 계층적 2단계 신경망 구축

신경망 모델은 최근 많은 응용분야에서 사용되고 있는 방법으로 상호 연결된 뉴런에 의해 임의의 입력과 출력사이에 비선형사상을 하며 이러한 사상 특성에 의해 기능중의 하나인 분류를 행할 수 있다. 또한 은닉층과 임·출력층의 입력력 특성을 비선형화 함으로서 회로망의 사상을 향상시키며 사상은 학습방법을 이용하게 된다. 본 연구에서 구축한 다층 신경망은 적혈구의 최종 분류를 위해 (그림 6)과 같이 두 개의 다층 신경망이 연결되어 있고, 각각의 신경망의 입력층과 출력층 사이의 은닉층은 1 혹은 2개 층으로 구성되어 있다. 학습알고리즘으로는 지도학습인 오류 역전파 학

습알고리즘을 사용하였다. 오류역전파 학습알고리즘은 일반화된 델타규칙으로 다음과 같은 식 (1)에 의해 연결가중치를 조절하게 된다.

$$W_{ij}(new) = W_{ij}(old) + \alpha \delta_j a_i \quad (1)$$

여기서, $\delta_j = a_j(1 - a_j)e_j$, $e_j = t_j - a_j$ (출력층 신경세포 에러)

$$e_j = \sum_k W_{jk} \delta_k \text{ (은닉층 신경세포의 에러)}$$

$W_{ij}(new)$: 신경세포 i와 j사이의 수정된 연결가중치

$W_{ij}(old)$: 신경세포 i와 j사이의 수정되기 전의 연결가중치

α : 학습률, δ_j : 신경세포 j의 델타

a_i : 신경세포 i의 활성화값

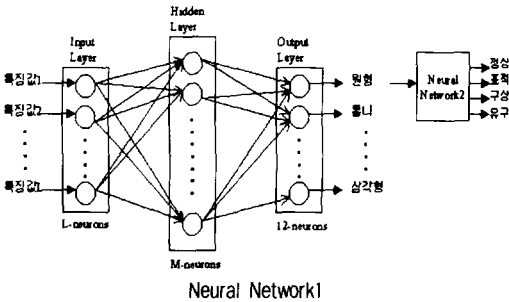
a_j : 신경 세포 j의 활성화값

e_j : 신경세포 j의 에러

t_j : 신경세포 j가 출력층일 때 해당 목적 패턴의 성분값

W_{jk} : 신경 세포 j가 은닉층인 경우 위층 신경 세포 k에 달린 연결가중치

δ_k : 신경세포 j가 은닉층인 경우 위층 신경세포 k의 델타



(그림 6) 신경망 구조

학습요소들의 적절한 값과 중간층 뉴런의 적합한 수를 선정하기 위해 여러 번의 실험을 수행하여 적당한 은닉층의 수와 뉴우런의 수를 결정하였다. 첫 번째와 두 번째 단계에서의 최적 신경망 분류기의 구조와 이때 사용한 파라미터들은 <표 1>과 같다. 특히, 본 논문에서 첫 번째 단계에서 사용한 신경망의 은닉층은 2개층을 사용하였다.

두 단계의 적혈구 분류 단계 중 첫 번째 단계에서는 인식하려는 15부류의 혈구세포들 중에 윤곽선 모양이 비슷한 정상, 표적, 구상, 유구 적혈구를 같은 부류로

포함하여 인식한다. 다음 단계에서 이들 4부류의 혈구를 분류하도록 하였다. 본 연구에서는 구축된 신경망과의 비교를 위해 실험한 k-NN과 LVQ3를 사용한 실험에서도 마찬가지로 두 단계로 나누어 인식하도록 하였다. 이 때 학습시간을 단축하고 신경망이 국부적인 극소점에 빠지지 않도록 모멘텀법과 적응 학습법을 사용하였다. 즉, 현재의 연결 가중치를 $W_{ij}(old)$ 로 나타내고 이전의 연결 가중치를 $W_{ij}(older)$ 라 하면 델타 규칙에 의해 연결가중치는 현재의 모멘텀은 $\Delta W_{ij}(old) = W_{ij}(old) - W_{ij}(older)$ 와 같이 표현된다. 이러한 모멘텀을 추가함으로써 일반화된 델타규칙에 의한 연결가중치를 조절하는 위의 식 (1)은 다음과 같은 식으로 변환된다.

$$W_{ij}(new) = W_{ij}(old) + \alpha \delta_j a_i + \beta \Delta W_{ij}(old) \quad (2)$$

여기서, β 는 모멘텀의 크기를 제어하기 위한 상수이다.

<표 1> 신경망의 파라미터

| 파라미터 신경망 | 활성화함수의 기울기 | 학습 상수 | 은닉층 의 갯수 | 은닉층 노드의 수 | 모멘텀 상수 |
|-----------------|---------------|----------|----------------|-----------------|-----------|
| Neural Network1 | 0.1 | 0.5 | 2 | 125 | 0.9 |
| Neural Network2 | 0.1 | 0.5 | 1 | 120 | 0.9 |

5. 특징 선택 방법

특징 데이터들 중 분류기 구성에 가장 적합한 특징을 추출하는 작업은 크게 Filtering 방법과 Wrapper 방법으로 나눌 수 있다[11]. 전자는 계산상의 학습방법과 독립적으로 수행되는 방법이고 반면에 후자는 최적화된 특징을 선택하기 위해 선택결과를 다시 피드백하는 작업이 필요하므로 계산상의 오버헤드가 있으나 빠른 학습알고리즘을 사용하면 효율적인 특징을 선택할 수 있는 방법이다. 본 연구에서는 기존에 통계적인 분석방법으로 많이 사용되고 있는 PCA 방법을 사용하여 특징을 선택하였다. PCA(Principal Component Analysis)는 Karhunen Loeve 변환, 혹은 고유값(eigen value) 변환이라고 부르는 것으로 다차원 특징들을 단순히 줄이기 위한 특징 선택방법이 아니라 다차원 특징들의 분석을 통한 보다 높은 분류 능력을 지닌 저차원의 새로운 특징을 추출하기 위한 것이다[10]. PCA의 목적은 직교 좌표계 기반 특징 벡터인 $x_1 = (1, 0, 0, \dots)^T, \dots$,

$x_D = (0, 0, 0, \dots, 0, 1)^T$ 을 새로운 직교 좌표계 기반인 $e_1 = (e_{11}, \dots, e_{1D})^T, \dots, e_d = (e_{1d}, \dots, e_{dD})^T$ 로 사상하는 선형 변환 행렬을 찾아내는 과정이라 할 수 있다.

PCA 적용후에 첫 번째 12부류를 분류하기 위한 76차원의 특징값을 38차원의 값으로 줄였고, 또한 두 번째 단계에서의 4부류에 대한 특징값은 67차원 값으로 줄일 수 있었다. 훈련데이터에 대한 적용 순서는 다음과 같다.

첫 번째, 특징 벡터를 $[m \times n]$ 행렬 P로 나타내 보자. 여기서, m은 특징 벡터의 수 즉, 좌표계상에서 점을 나타내고 n은 차원을 의미한다.

$$\text{즉, } P = \begin{bmatrix} P_{1,1} & P_{1,2} & \dots & P_{1,n} \\ P_{2,1} & P_{2,2} & \dots & P_{2,n} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ P_{m,1} & P_{m,2} & \dots & P_{m,n} \end{bmatrix} \text{로 나타낼 수 있다.}$$

다음으로 행렬 P를 평균점이 원점에 오도록 평행이동한다. 이를 위해 평균점을 구해 행렬 P에서 평균점을 뺀다.

$$\mu = [\mu_1 \mu_2 \dots \mu_n] \text{ 여기서, } \mu_j = \frac{1}{m} \sum_{k=1}^m P_{k,j}$$

$$P' = \begin{bmatrix} P_{1,1} - \mu_1 & P_{1,2} - \mu_2 & \dots & P_{1,n} - \mu_n \\ P_{2,1} - \mu_1 & P_{2,2} - \mu_2 & \dots & P_{2,n} - \mu_n \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ P_{m,1} - \mu_1 & P_{m,2} - \mu_2 & \dots & P_{m,n} - \mu_n \end{bmatrix}$$

행렬 P'의 두 열 사이의 공분산 행렬은 다음과 같이 구할 수 있다.

$$C_{ij} = \frac{1}{m-1} \sum_{k=1}^m (P_{k,i} - \mu_i)(P_{k,j} - \mu_j) \text{ 을 간단히 적}$$

으면 $C = \frac{1}{m-1} P'^T P'$ 이 된다.

두 번째로 구해진 공분산 행렬의 고유값과 고유벡터들을 구한다. 다음으로는 내림차순으로 고유값을 소트하고 대응하는 고유벡터 x_1, x_2, \dots, x_n 을 $n \times n$ 행렬 T를 생성한다.

$$T = \begin{bmatrix} x_{1,1} & x_{2,1} & \dots & x_{n,1} \\ x_{1,2} & x_{2,2} & \dots & x_{n,2} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ x_{1,n} & x_{2,n} & \dots & x_{n,n} \end{bmatrix}$$

마지막으로 원래의 행렬 P와 T를 곱해 새로운 행렬 P_{PCA} 을 얻고 0과 1사이의 값을 갖도록 정규화하는 과정을 다시 한번 거치게 된다.

6. 실험 및 결과

실험에서 사용한 혈액영상은 병원의 임상병리과에서 환자 500명의 혈액 샘플에 대해 Wright 염색한 슬라이드로부터 획득하였다. 분류기 구축을 위한 훈련 데이터는 비교적 혈구세포의 변형이 자유로운 부류를 제외하고 15부류의 혈구들로 데이터 수는 <표 2>와 같다. 그런데, 다른 세포에 비해 상대적으로 귀리, 검상, 수포, 모자, 죄인형태, 사상체, 삼각형 등의 혈구세포는 실제로 임상환자의 혈액샘플에서 자주 볼 수 없기 때문에 많은 수의 훈련데이터를 획득하지 못해 일부 데이터는 같은 조건하에서 혈액학 도감을 통해 획득하였다.

<표 2> 훈련데이터 개수

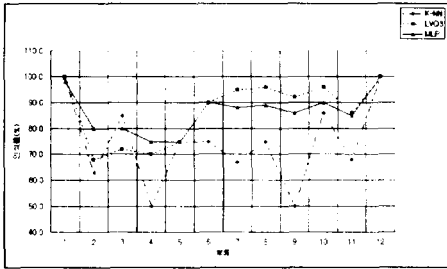
| 혈구 형태 | 정상 | 표적 | 구상 | 유구 | 통돌 | 귀리 | 검상 | 난형 | 수포 | 모자 | 죄인 | 눈물 | 사상체 | 삼각형 |
|--------|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|----|-----|-----|
| 데이터 개수 | 60 | 60 | 60 | 60 | 60 | 30 | 30 | 60 | 30 | 30 | 30 | 60 | 30 | 20 |

본 연구에서는 혈구세포를 두 단계로 나누어 인식하도록 하였다. 첫 번째 단계에서는 세그먼트된 각각의 혈구세포들로부터 UNL푸리에 방법을 사용하여 외곽선 특징을 추출한 다음 정상 적혈구, 표적 적혈구, 구상 적혈구 그리고 유구 적혈구를 같은 부류로 분류하고 원형이라고 명한다. 그 외에 나머지 혈구세포들은 그림1에서 좌에서 우, 위에서 아래 순으로 분류번호를 부여하였다. 첫 번째 단계에서 분류가 끝나면 다음 단계에서는 4부류의 혈구세포를 분류한다.

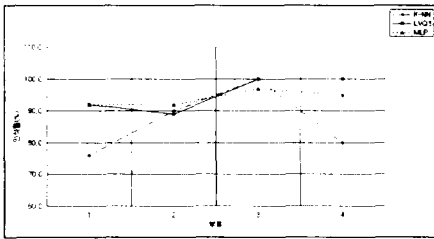
분류기의 성능을 비교하기 위한 테스트 방법으로는 훈련 데이터중 자신을 제외한 나머지 데이터들로 분류기를 구성한 후 자신을 테스트하는 leave-one-out[15] 방법을 사용하였고, 아래 (그림 7)과 (그림 8)은 추출된 76개로 이루어진 특징데이터 전체를 훈련시킨 결과 인식률, (그림 9)와 10는 PCA 적용후 추출된 특징데이터 집합을 이용하여 얻은 인식률을 나타내고 있다. 본 논문에서 구축된 신경망 분류기는 그림에서 MLP로 표시하였다.

성능비교를 위해 실험에서 적용한 분류 알고리즘들에 대한 초기조건 및 상수 할당은 다음과 같다. k-NN의 경우 훈련데이터가 그다지 크지 않기 때문에 가장 성능이 좋았던 k=1의 조건을 사용하였다. LVQ3 알고리즘에서는 codebook의 초기화가 성능에 많은 영향을 미치는데[13], 본 실험에서는 각 부류들에 동등한 codevector들을 할당하였다. 그리고, 신경망의 구조 및

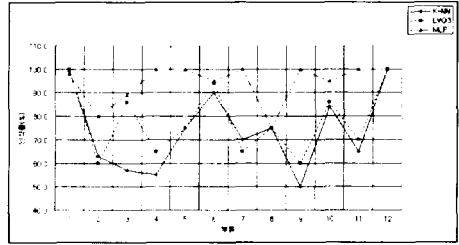
조건상수들은 <표 1>과 같다. 아래 <표 3>과 <표 4>는 첫 번째 단계와 두 번째 단계 각각의 평균인식률을 나타내고 있다. 특히, 두 번째 단계의 인식결과는 첫 번째 단계와는 독립적으로 두 번째 단계에서의 분류결과를 표시하였다.



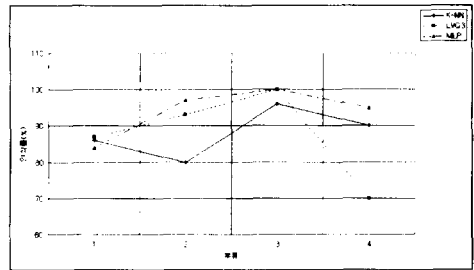
(그림 7) 12부류에 대한 인식률



(그림 8) 4부류에 대한 인식률



(그림 9) PCA 적용후의 12부류에 대한 인식률



(그림 10) PCA 적용후의 4부류에 대한 인식률

<표 3> 평균 인식률 (%)

| 분류단계 | 분류기 | k-NN | LVQ3 | MLP |
|------------|-----|------|------|-----|
| 1 단계(12부류) | | 75 | 87 | 87 |
| 2 단계(4부류) | | 90 | 91 | 94 |

<표 4> PCA 적용 후 평균 인식률 (%)

| 분류단계 | 분류기 | k-NN | LVQ3 | MLP |
|------------|-----|------|------|-----|
| 1 단계(12부류) | | 73 | 78 | 87 |
| 2 단계(4부류) | | 88 | 87 | 94 |

인식결과를 살펴보면 전체 평균인식률이 PCA를 적용한 후에 k-NN과 LVQ3에서는 저하됐고 상대적으로 본 시스템은 인식률이 변함이 없음을 보이고 있다. 따라서, 보다 저차원의 특징으로도 분류가 가능하고 특징추출방법으로 사용한 UNL 푸리에 방법외에 다른 특징의 추출 알고리즘의 혼합적용이 가능함을 알 수 있다. 그리고, 첫 번째 분류단계에서의 인식율이 그다지 높지 않은 이유는 아래 (그림 7)과 (그림 9)에서처럼 12부류 중에 윤곽선의 형태는 다르지만 전체적인 혈구의 형태가 원형에 가까운 세포 부류들(뜸니, 돌기, 난형, 눈물 모양)의 세포들에 대한 인식률이 상대적으로 낮았기 때문이다. 특히, 뜸니모양과 돌기모양은 매우 유사하기 때문에 서로 오인식이 되는데 이는 특징추출에 앞서 하게되는 전처리의 문제로 보다 시간이 소요되지만 각 세포별로 지역적인 세그멘테이션 기법을 통한 보다 정확한 윤곽선 추출을 하게 되면 개선되리라 생각된다.

7. 결론 및 향후 연구과제

현재 패턴인식분야에서 많이 사용되고 있는 신경망 모델을 사용하여 말초혈액영상에서 영상처리기법을 이용하여 적혈구 세포들의 형태학적 변이를 분석 및 분류하였다. 적혈구의 인식은 두 단계로 나누어 수행하였다. 첫 번째 단계에서는 혈구세포들로부터 분류를 위한 특징을 추출하기 위해 가장 적절한 전처리를 수행하여 4부류의 원형 형태의 혈구세포들과 나머지 11부류의 혈구들을 윤곽선 정보를 사용하여 분류하고, 두 번째 단계에서는 원형 형태의 4부류의 혈구세포들을 윤곽선 정보와 함께 내부의 에지 정보를 사용하여

본 연구에서 구축된 신경망 구조를 사용하여 자동분류하였다. 또한 다차원 특징 값들의 차원의 줄이기 위해 PCA를 적용함으로써 효율적이고 빠른 분류기의 생성이 가능했고 또한 비슷한 성능의 인식률을 얻을 수 있었다.

본 논문에서 수행한 적혈구의 형태학적 변이 인식의 결과는 평균 약 91%의 인식률을 가지고 있어 검사자와의 피드백 또는 전처리의 개선 등으로 성능이 개선이 이루어지면 임상병리실에서 충분히 참조 가능한 시스템을 확인하였다. 그러나, 현재 본 연구에서는 입력영상에서 일부 겹쳐져 있는 혈구들에 대한 분리 및 인식을 수행하지 않고 있기 때문에 보다 정확한 시스템 구축을 위한 노력이 필요하다. 또한 혈구세포의 변이를 인식하여 보다 정확한 병리진단을 위해서는 적혈구뿐만 아니라 보다 다양한 부류의 변이 형태(특히, 백혈구 변이)에 대한 분석이 필요하다. 따라서, 향후 백혈구에 대해 검사자가 참조 가능하도록 백혈구 종류의 분류와 현재의 영상인식 기술로 가능한 백혈구의 변이 인식에 가능성에 대한 연구가 필요하다. 그리고, CCD를 통해 획득한 영상은 실제 검사자가 현미경을 통해 보는 혈액영상과 색상이 다를 수 있는데 이러한 영상 획득장치와 무관한 색보정에 대한 연구가 추가로 이루어져야 될 것이다.

참 고 문 헌

[1] Babu M. Mehtre, Mohan S. Kankanhalli and Wing F. Lee, "Shape Measures For Content Based Image Retrieval : A Comparison," Technical Report 95-195-0, Institute Of Systems Science, National University of Singapore, 1995.

[2] Brent K. Stewart and Steve G. Langer, "Medical Image Databases and Informatics," IEEE International Conf. on image processing, Oct. 4-7, Chicago, Illinois, pp.29-33, 1998.

[3] C.C. Chen, "Improved Moment Invariants for Shape Discrimination," Pattern recognition, Vol.26, No.5, pp.683-686, 1993.

[4] G. John, R. Kohavi, K. Pflieger, "Irrelevant features and the subset selection problem," In proceedings of 11th Int'l Conf. on Machine Learning, pp.121-129, 1994.

[5] H. Nagata, H. Mizushima, "World Wide Microscope :

New Concept of Internet Telepathology Microscope and Implementation of the Prototype," MEDINFO98, pp.286-289, 1998.

[6] Huang L-K and M-J. J. Wang, "Image thresholding by minimizing the measures of fuzziness," Pattern Recognition, Vol.28, 1:41-51, 1995.

[7] Ioannis Pitas, Digital Image Processing Algorithms, Prentice Hall, 1993.

[8] James A. Freeman and David M. Skapura, Neural Networks : Algorithms, Applications and programming Techniques, Addison-Wesley Publishing, 1991.

[9] Michael W. Vannier and John W. Haller, "Biomedical Image Segmentation," IEEE International Conf. on image processing, Oct. 4-7, Chicago, Illinois, pp.20-24, 1998.

[10] S. Haykin, Neural Networks : A Comprehensive Foundation, Macmillan College Publishing Comp., New York, 1992.

[11] S. Seker, M. Bagriyanik, F.G. Gabgriyanik, "An application of shannon's entropy for Neural Network Architecture," proc. of the 15th IASTED, pp.33-36, Innsbruck, 1997.

[12] W. Rauber, A.S. Garcao, "2-D Form Descriptors based on a Normalized Parametric Polar Transform," MVA'92 IAPR Workshop on Machine Vision Applications, 7-9. Dec. 1992.

[13] T.W. Rauber, Pattern Recognition Short Course, <http://www.inf.ufes.br/~thomas>.

[14] T.W. Rauber, "Two-Dimensional Shape description," Technical Report GRUNINOVA-RT-10-94, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal, 1994.

[15] 고려의학 출판부편, 혈액학 도감, 고려의학, 1995.

[16] 조한익 편역, 실용 혈액학, 고려의학, 1995.

[17] 김상운 편저, 패턴인식입문, 홍릉과학출판사, 1995.

[18] 장용훈 외 3인, "신경망을 이용한 염색체 영상의 최적 패턴 분류기 구현에 관한 연구", 한국전기학회 논문집, Vol.46, No.7, Jul, pp.1129-1134, 1997.

[19] 최홍국, "해부병리조직에 대한 칼라영상분석", 한국정보처리학회 논문지, 제6권, 제1호, pp.23-259, 1999.



김 경 수

e-mail : kskim@infoman.chosun.ac.kr
1992년 조선대학교 컴퓨터공학과
졸업(학사)
1994년 중앙대학교 컴퓨터공학과
(석사)
1996년~현재 조선대학교 전자계
산학과 박사과정 재학중

1998년~현재 메디정보 대표

1995년~현재 조선대학교 시간강사

관심분야 : 영상처리, 컴퓨터비전, 컴퓨터그 래픽스



김 판 구

e-mail : pkkim@mina.chosun.ac.kr
1988년 조선대학교 컴퓨터공학과 졸업
(학사)
1990년 서울대학교 컴퓨터공학과
(석사)
1994년 서울대학교 컴퓨터공학과
(박사)

1995년~현재 조선대학교 컴퓨터공학부 조교수

관심분야 : 정보검색, 영상처리, 시스템보안