

유전자 알고리즘과 시뮬레이티드 어닐링을 이용한 활성외곽선모델의 에너지 최소화 기법 비교

Comparison of Genetic Algorithm and Simulated Annealing Optimization Technique to Minimize the Energy of Active Contour Model

박선영, 박주영, 김명희

Sun-Young Park, Joo-Young Park, Myoung-Hee Kim

이화여자대학교 컴퓨터학과

요약

활성외곽선모델(active contour model)은 물체의 경계를 분할하기 위한 효과적인 방법으로 사용되고 있다. 그런데, 기존 활성외곽선모델에서는 초기곡선을 분할하고자하는 물체의 경계면에 위치시키고 지역적으로 에너지를 최소화 함에 따라 결과가 초기곡선의 위치와 형태에 따라 달라지는 단점이 있었다. 본 논문에서는 활성외곽선모델을 B-Spline 곡선에 의해 표현하고, 에너지 최소화 과정에 유전자 알고리즘(Genetic Algorithm : GA)과 시뮬레이티드 어닐링(Simulated Annealing : SA)을 적용함으로써 기존 활성외곽선모델이 갖는 초기곡선에 대한 제약성을 개선하고자 했으며, 두가지 방법에 따른 분할 결과와 문제점을 비교하고자 하였다. 제안한 방법의 성능비교를 위하여 이진 합성 영상과 CT영상, MR 영상을 대상으로 실험을 수행하였다.

Abstract

Active Contour Model(ACM) is an efficient method for segmenting an object. The main shortcoming of ACM is that its result is very dependent on the shape and location of an initial contour. To overcome this shortcoming, a new segmentation algorithm is proposed in this paper. The proposed algorithm uses B-splines to describe the active contour and applies Simulated Annealing(SA) and Genetic Algorithm(GA) as energy minimization techniques. We tried to overcome the initialization problem of traditional ACM and compared the result of ACM using GA and that using SA with 2D synthetic binary images, CT and MR images.

1. 서론

영상에서 물체의 분할은 물체를 인식하는 문제에 있어서 매우 중요하며 원하는 물체의 영역을 분할해내기 위하여 적당한 분할 방법을 채택하는 것 또한 어려운 일이다. 분할은 물체

와 배경 혹은 물체와 물체 사이의 경계를 검출하는 경계선 기반 방법과 물체 내의 화소값의 유사성을 이용하는 영역 기반 방법으로 구분할 수 있다. 이러한 분할 방법에서 물체의 형태를 나타내는 윤곽선은 물체 인식을 위하여 중요한

특정으로 사용되고 있다. 그러나, 기존의 윤곽선을 찾는 방법에 관한 연구는 영상에서 윤곽선을 찾고 그들을 연결하는 방법을 사용하였다. 이와 같은 방법은 지정된 물체의 둘레를 찾아내기 위하여 한단계 더 높은 레벨의 처리가 요구된다[1]. Kass[2]등에 의해 처음 "Snake"라고 소개된 활성외곽선모델은 불규칙적이고 노이즈가 많은 영상에 견고하며 물체의 외곽선을 추출함과 동시에 하나의 곡선 모델로 적합시킬 수 있는 장점 때문에 물체의 윤곽선 분할 방법으로 널리 사용되고 있다. 활성외곽선모델은 초기 곡선을 물체의 경계 근처에 위치시키고 에너지 최소화 방법을 사용하여 경계선 쪽으로 곡선을 움직여 가며 물체의 윤곽선을 분할한다 [2]. 이 때 반복적인 에너지의 최소화 과정이 지역적으로 제한됨에 따라 생기는 초기화 문제와 이에 따른 파라미터의 결정의 어려움이 알려져 있으며, 이러한 과정이 얼마나 잘 이루어지느냐에 의해 분할 결과가 달라질 수 있다. 또한 "Snake"는 non-convex 형태를 추출하기 어렵다는 문제점이 있다[3][5][6].

Menet[3]등은 "Snake"모델의 불안정성과 코너부분 표현의 문제를 해결하기 위하여 새로운 활성외곽선모델로 "Bsnake"를 제시하여 코너 표현의 문제를 해결하였지만, 지역적으로 에너지를 최소화하는 방법을 사용하였으므로 여전히 초기화 문제는 해결되지 않았다. Cohen[4] 등은 모델 곡선에서의 법선 벡터를 이용하여 물체의 경계를 움직이는 "Ballon" 모델을 제안하여 기존의 활성외곽선모델의 초기화 문제를 해결하고자 시도했으나 코너 표현의 문제가 해결되지 않아 모델의 정확도가 떨어지는 단점이 지적됐다. Peter Burger[5]등은 adaptive spline으로 활성외곽선모델을 표현하고 시뮬레이티드 어닐링(SA)과 ICM(Iterative Conditional Modes)을 결합하여 활성외곽선의 에너지를 최소화하는 방법을 제안하였지만, SA와 ICM의 에너지 최소화 결합단계가 분명하지 않아 여전히 초기곡선의 영향을 배제할 수 없다.

본 논문에서는 활성외곽선모델의 초기 곡선에 대한 의존성을 해결하기 위하여 새로운 활성외곽선모델을 제안하고 전역적으로 에너지를 최소화하는 방법으로 유전자 알고리즘(GA)과 시뮬레이티드 어닐링(SA)에 의한 에너지 최소화 방법을 각각 적용하여 두 방법의 결과를 비교하고자 한다.

2. 연구내용

2.1 B-spline으로 표현된 활성외곽선모델

본 논문에서는 Kass[2]가 제시한 기본적인 "Snake" 모델의 에너지 함수를 사용하였으며, 의학 영상으로부터 대상 객체를 보다 정확하게 표현하기 위해 Menet[3]이 제시한 "Bsnake" 모델에서와 같이 B-spline으로 활성외곽선모델을 정의하였다.

● 에너지 함수

에너지 함수는 식 (1)과 같이 내부 에너지 (E_{int})와 외부 에너지 (E_{ext})의 합으로 나타내며, 내부에너지는 곡선이 완만하게 유지하도록 하는 제약조건이고 외부에너지는 곡선이 분할하고자 하는 대상 물체를 향해 이동하도록 하는 힘이다. 내부에너지는 식 (2)에서와 같이 1차, 2차 미분의 크기에 가중치를 주는 함수로 곡선의 탄성과 강성을 조절한다. 외부에너지는 선, 경계선, 밀단과 같은 영상의 특성을 표현하는 세가지 에너지 함수의 합으로 식 (3)과 같이 표현된다[2][3][5].

$$E = \int_0^1 [E_{int}(v(s)) + E_{ext}(v(s))] ds \quad (1)$$

$$E_{int} = (\alpha(s)|v_s(s)|^2 + \beta(s)|v_{ss}(s)|^2)/2 \quad (2)$$

$$E_{ext} = w_{line}E_{line} + w_{edge}E_{edge} + w_{term}E_{term} \quad (3)$$

● B-spline에 의한 모델 표현

B-Spline으로 표현된 활성모델의 곡선은 물체의 코너 부분을 포함하여 찾을 수 있는 잇점이 있으며, 지역적으로 곡선의 형태를 제어할 수 있다. 또한 기본 Kass의 활성모델(snake)보다 빠르게 수렴할 수 있다는 장점이 있다. B-Spline에 의한 각각의 곡선은 segment 단위로 나뉘어 에너지가 계산된다. u 를 근사화된 segment curve를 표현하기 위한 매개변수라고 하면 $Q(u) = (x(u), y(u))$ 로 표현할 수 있다. 곡선 사이의 접합점은 노트(knot)라고 불린다. curve segment($Q(u)$)단위는 basis 함수와 control vertices의 선형적인 결합에 의하여 식 (4)로 표

Comparison of Genetic Algorithm and Simulated Annealing Optimization Technique to Minimize the Energy of Active Control Model

현된다[3].

$$Q(u) = \sum_{i=0}^{m-1} V_i B_i(u) \quad (4)$$

where m : B-spline을 제어하는 제어점의 개수

V_i : 제어점

$B_i(u)$: B-spline의 기본 함수

제어점의 수 m 을 늘리게 되면 보다 정교하게 모델을 표현할 수 있고 concave부분이 많은 영상에서 정확하게 물체를 분할하기 위해서는 적당한 m 의 값을 택하는 것이 중요하다. 또한 curve segment를 균사화하는 다각형(polygon)의 수 또한 모델의 정확성을 조절하게 된다.

2.2 유전자 알고리즘에 의한 에너지 최소화

유전자 알고리즘(GA)은 생물집단이 자연선택과 유전자 교환을 통해 번식하는 과정을 모형화한 알고리즘이다. 이 알고리즘의 주요 요소는 (1)개체군과 (2)기존의 개체들로부터 새로운 개체를 만드는 개체 연산자와 선택 과정, 그리고 (3)개체를 평가하는 목적함수이다. 개체는 환경에 잘 적응하는 생물이 살아남아 자손을 번식할 확률이 높듯이 목적함수의 값이 큰 개체들이 다음 단계에 그 유전형을 자손에게 전달된다[7][8].

본 논문에서는 유전자 알고리즘을 이용하여 활성외곽선모델의 에너지를 전역적으로 최소화하는 방법을 제안했으며, 제안된 모델을 GASnake로 명명한다.

● 유전자 개체 자료구조

B-spline에 의해 표현되는 GASnake의 유전자 개체의 자료구조는 [그림 1]과 같다. 256 × 256 영상을 가정하였을 때, x좌표계와 y좌표계에 따라 이진 코드화하여 2차원 배열로 표현했다. 개체의 크기는 식 (5)로 표현할 수 있다.

$$L = 2^m \times 2^n \times N \quad (5)$$

with 2^m =영상의 xsize, 2^n =영상의 ysize,

N = 제어점의 수

	x좌표	y좌표
vertex 1	0 1 0 1 1 1 0 1 1 0 0 1 0 1 0	
vertex 2	1 1 1 0 1 0 1 0 1 1 1 0 0 1 1 1	
vertex 3	0 1 1 1 0 0 1 0 1 0 1 0 1 0 1 1	
vertex 4	1 1 0 1 1 0 0 1 0 0 0 1 0 0 0 0	
:	:	
vertex n	1 0 1 1 0 1 0 1 0 0 0 1 1 1 0 0	

[그림 1] 활성외곽선모델을 위한 유전자 개체 자료구조

● 개체 연산자

본 연구에서는 GA의 탐색 연산자에 새로운 연산자를 제안하여 영상의 경계선 분할을 위한 효율을 높이고자 하였다. 제안한 연산자는 활성외곽선모델에서 영상의 특징면을 찾아가도록 하는 외부에너지 함수와 같은 기능을 가지며 영상의 gradient를 특징적으로 찾아가므로 본 논문에서 gradient descending 연산자라고 명명했다. gradient descending 연산자는 활성외곽선모델이 정확하게 분할 물체의 경계면으로 이동하게 하는데 도움을 준다.

사용되는 연산자는 단순 1점 이전 연산자, 단순 돌연변이 연산자, 그리고 gradient descending 연산자이다. 단순 1점 이전 연산자는 code size $m + n$ 의 위치에서 random하게 선택된 한 position을 기준으로 부모가 교배하여 자식을 생성해낸다. 자손의 생성 연산 과정은 [그림 2]에서와 같다. 단순 돌연변이 연산자는 아주 작은 확률로 개체를 선택하여 개체의 한 bit를 임의로 바꾸는 연산자이다. [그림 3]에서는 gradient descending 연산자에 의한 곡선의 변형을 보여준다.

초기 곡선을 주는 대신 해당 영상의 평균 그레이 값과 그 분산을 이용하여 GA의 연산과정을 통해서 물체의 경계선에 곡선을 근사화하도록 하였다.

```

procedure Genetic_Algorithm;
begin
    initialize individual;
repeat
repeat
fitness-calculation;
select bi, bj E p;
child0 := bi;
child1 := bj;
elitism-operator;
crossover child0, child1;
mutate child0, child1;
gradient descending child0, child1;
until population number;
until stop_criteria;
choose best individual;
end

```

[그림 2] 1점 이전 연산자에 의한 자손의 생성연산 과정

[그림 3] Gradient descending 연산자에 의한 곡선의 변형

● 개체 선택 과정

본 연구에서는 개체의 재생산을 위해서 Steady-state 알고리즘[7]을 사용하여 적합도(fitness value)가 높은 개체들이 다음 세대에 증식할 확률을 조절하도록 하였다.

다음 세대의 선택을 위해서 초기 각 개체에 대하여 적합도(fitness value)가 계산된다. 적합도가 높은 소수의 elite들이 다음 세대의 자손으로 채택되며, 그외의 개체에 대해서는 선택할 수가 룰렛 원리에 따라 식 (6)의 확률로 개체를 생성해 나간다.

$$p_i = f_i / \sum_{j=0}^n f_j \quad (6)$$

각 세대마다 선택과 생성의 연산자에 의해 성능이 좋지 않은 개체들을 교체해 나간다.

● 에너지 최소화 알고리즘

활성외곽선모델의 에너지 최소화를 위한 유전자 알고리즘은 [그림 4]와 같으며 적합도를 계산하기 위한 목적함수는 [그림 5]와 같다. 본 연구에서는 분할하고자 하는 대상 물체에 대한

[그림 4] 활성외곽선모델의 에너지 최소화를 위한 유전자 알고리즘

```

procedure Objective(individual genome)
begin
    val= internal_energy(genome)+external_energy(genome);
    retval = 1/var + regional_approach(genome);
    return retval;
end

```

[그림 5] 적합도 계산을 위한 목적함수

2.3 시뮬레이티드 어닐링에 의한 에너지 최소화

시뮬레이티드 어닐링은 금속의 열처리 중 하나인 어닐링(풀립) 과정을 그대로 모사한 알고리즘이다. 이 알고리즘은 Kirkpatrick et al.에 의하여 travelling salesman problem 등의 combinational problem에 적용되기 시작하면서 다양한 문제에 비교적 간단하게 적용되고 특히

Comparison of Genetic Algorithm and Simulated Annealing Optimization Technique to Minimize the Energy of Active Control Model

전역 최적값을 찾아준다는 특성으로 많은 분야에 응용되고 있다[9]. 활성외곽선모델의 분할 결과 초기곡선에 민감하지 않기 위해서는 전역적으로 에너지를 최소화해주는 알고리즘에 의한 곡선의 변형이 필요하다. 본절에서는 시뮬레이티드 어닐링을 이용하여 활성외곽선모델의 에너지를 전역적으로 최소화 시킴으로써 제시한 문제점을 해결하는 방법을 설명하고, 시뮬레이티드 어닐링을 에너지 최소화 과정에 이용하는 활성외곽선모델을 SAsnake라고 명명한다.

● 시뮬레이티드 어닐링

시뮬레이티드 어닐링은 온도를 낮추어가는 어닐링 과정을 확률분포에 따라 허용하게 하는데 잘 알려진 확률분포인 Gibbs분포는 식 (7)과 같다[8][11].

$$P(X=\omega) = \frac{1}{Z(T)} \exp^{-\frac{E(\omega)}{T}} \quad (7)$$

where $Z(T)$: normalization factor

T : temperature

에너지 상태 E_k 가 새로운 에너지 상태 E_{k+1} 로 전이될 수 있는 확률의 허용 분포는 식 (8)과 같이 표현할 수 있다[8][11].

$$H(T) = \exp^{-\frac{\Delta E}{T}} \quad (8)$$

시뮬레이티드 어닐링 알고리즘의 적용시 중요한 요소가 되는 것 중의 하나가 Cooling Schedule인데 온도 T 가 적당히 느리게 낮춰져야만 전역 최소값을 얻을 수 있다. 시뮬레이티드 어닐링 수행계획에 있어 알고리즘이 전역적인 에너지 최소값에 이르기 위한 k단계의 온도 $T(k)$ 는 식(9)의 조건을 만족해야 한다고 알려져 있다[8].

$$T(k) = \frac{T_0}{\ln(k+1)} \quad (9)$$

where T_0 = initial temperature

● 에너지 최소화 알고리즘

활성외곽선모델의 에너지 최소화를 위한 시뮬레이티드 어닐링 알고리즘은 [그림 6]과 같으

며 에너지를 계산하기 위한 에너지함수는 [그림 7]과 같다.

앞절에서 기술한 바와 같이 본 논문에서 제시한 활성외곽선모델은 B-Spline으로 표현되어 있어, 곡선에 대한 제어점의 움직임에 따라 에너지를 계산하게 된다. 제어점의 움직임에 따라 새롭게 변형된 활성외곽선모델의 에너지를 계산해 내고, 변형된 모델을 인정할 것인지를 Gibbs분포에 의하여 결정하게 된다. 주어진 초기 온도를 점점 낮추어 가는 Cooling schedule의 초기 단계에서는 변형된 모델의 에너지가 이전의 에너지보다 높다고 할지라도 Gibbs분포에 의해 채택될 확률이 상대적으로 높지만, Cooling schedule이 계속되면 변형된 모델의 에너지가 이전의 에너지보다 반드시 낮아야만 그 모델의 변형을 허용하게 된다. 온도를 낮추어나가면서 지역 최소값(local minimum)을 벗어나 전역적 최소값(global minimum)을 찾게 되므로 분할하고자 하는 영상의 경계면을 따라 모델이 변형하게 된다.

```

procedure SimulatedAnnealing_Algorithm
begin
    y = E(x) // 활성외곽선모델의 에너지 함수
    initial_temperature = T;
repeat
    for every control vertex of snake model
        Generate new vertex V';
        delta_E = Energy(Vi) - Energy(V');
        if delta_E > 0
            Vnew = V';
        else if exp(-delta_E/T) > random[0,1]
            Vnew = V';
        else
            Vnew = Vi;
    end for;
    decrease T;
until ( T > 0 )
end

```

[그림 6] 활성외곽선모델의 에너지 최소화를 위한 시뮬레이티드 어닐링 알고리즘

```

procedure Energy(vertex *Vset )
begin
    val = internal_energy(Vset)+external_energy(Vset);

```

```

retval = 1/var + region_oriented_approach(Vset);
return retval;
end

```

[그림 7] 에너지 함수

2.4 영상 분할을 위한 영역적 접근

유전자 알고리즘과 시뮬레이티드 어닐링을 이용한 전역적인 에너지 최적화 알고리즘의 사용은 복잡한 물체가 포함되어 있는 영상의 경우 분할하고자 하는 대상 물체를 정확히 분할하기 위하여 해당 영상에 대한 정보를 필요로 한다. 본 논문에서 사용한 영상의 정보는 분할하고자 하는 물체의 그레이값의 평균과 편차이다. 다수의 물체를 포함하고 있는 영상의 경우 에너지 최소화 과정을 반복적으로 수행하게 되면 분할하고자 하는 물체의 경계면 대신 다른 인접한 물체의 경계면으로 접근할 수 있다. 이렇게 특정 영상의 경계면으로 제어점들이 움직여감에 따라 잘못된 분할 결과를 얻을 수 있으므로 분할하고자 하는 영상에 대한 그레이 정보는 견고한 분할 결과와 활성외곽선 모델의 초기화 문제를 해결하는데 도움이 된다. 본 연구에서는 분할 물체에 대한 그레이값의 평균과 분산 정보를 이용하여 스코어 함수를 계산하고 분할하고자 하는 물체와 곡선의 적합도를 계산하였다.

● 스코어 함수

활성외곽선모델에 의해 변형되는 각 곡선 내부 영역의 픽셀(pixel)들에 대해 가우시안 분포에 따라 식 (10)과 같이 스코어를 계산한다.

$$Sc = \exp((pixel[i][j] - avg^2) / var^2) - \exp(-var/k) \quad (10)$$

with avg : 분할 물체의 평균 그레이값

var : 분할 물체 영역의 그레이값 분산

● 적합도 계산

활성외곽선모델이 에너지 최소화 단계별로 생성한 곡선에 대하여 분할 물체와의 적합 정도를 계산하였다. 분할 영상에 대한 스코어 정보와 단계별로 생성되는 활성외곽선의 스코어 정보를 비교하여 그 정도를 에너지 최소화 함수에 추가하였다. [그림 8]은 영상과 곡선의 스

코어 정보를 나타낸다. 활성외곽선이 물체의 영역을 얼마나 포함하고 있는지에 따라서 각 곡선별로 스코어 함수가 계산되어 있는 것을 확인할 수 있다.

[그림 8] 곡선과 분할 영상(원)의 적합 정도에 따른 Score

3. 실험 및 결과

본 논문에서 제안한 방법은 Ultra Sparc 워크스테이션에서 C++/C언어로 구현되었고, 이진 합성 영상과 MR 영상에 대해서 각각 경계선 분할을 수행하였다. MR영상과 CT영상은 Visible human dataset에서 획득하였으며 두 개골, 복부 영상에 대하여 분할 실험을 했다. GAsnake와 SAsnake가 초기 곡선에 대한 제약 없이 전역적으로 에너지 최소화가 가능함을 보이기 위해, 초기 곡선 없이 GAsnake를 적용한 경우와 간단한 초기 곡선을 사용하는 SAsnake를 적용한 경우에 대해 각각 경계선 분할 실험을 수행하고 그 결과를 비교하였다. 또한 제안한 방법과 기존의 활성외곽선모델(Bsnake)과의 수행 시간도 함께 제시하였다.

3.1 이진 합성 영상에서의 경계선 분할

실험에 사용된 합성 영상은 내부가 채워진 원, concave가 있는 십자 모형의 256 x 256 이진 영상이다. [그림 9]는 5개의 제어점을 사용하는 4차 B-spline을 사용하여 GAsnake과 SAsnake로 단순한 원의 경계선을 분할한 결과이다. 4차 B-spline의 경우 최소 5개의 제어점을 필요로 하며, 제어 점의 수를 늘릴수록 코너 표현이 정확해진다. [그림 10]은 concave가 있는 십자 모형 영상에 대하여 4차 B-spline 곡선을 사용하여 20개의 제어점을 사용하여 실험한 결과이다.

Comparison of Genetic Algorithm and Simulated Annealing Optimization Technique to Minimize the Energy of Active Control Model

[그림 9]에서 보면 자체 생성된 초기곡선에 의해 분할을 수행한 GAsnake의 결과[그림 9(b)]와 초기 곡선을 사용하여 분할을 수행한 SAsnake의 결과[그림 9(d)]가 유안으로 크게 다르지 않으며 비교적 영상의 경계면을 정확하게 분할한 것을 확인할 수 있다. 활성외곽선모델의 에너지 최소화 과정에 GA를 적용한 경우 기존 활성외곽선모델에서 지적되었던 초기 곡선에 대한 의존성 없이 분할을 수행했으며, SA를 적용한 경우에도 영상면에서 비교적 멀리 떨어져있는 초기 곡선이 전역적으로 영상의 경계면을 찾아 분할을 한다.

단순한 형태의 물체인 경우 적은 제어점을 가진 B-spline으로도 적절하게 경계선 분할이 이루어지지만, concave 부분이 있는 물체의 경우는 많은 제어점을 가진 곡선이 요구된다. 그러나, 많은 제어점을 사용할 경우 GAsnake는 [그림 10(b)]에서와 같이 꼬인 곡선을 만들며 물체의 경계선을 제대로 분할하지 못하였다. SAsnake는 초기 곡선에서부터 제어점을 변형시켜나가므로 꼬인 곡선을 만들지 않고 경계선에 바르게 수렴하는 것을 확인할 수 있었다. 반면에 초기 곡선의 위치에 따라서 수렴속도와 실험결과가 영향을 받는 문제점이 남아있다.

[그림 9] 이진 원 영상에 대한 경계선 분할 :

- (a) GAsnake에 의해 생성된 초기 곡선
(population number:20)
- (b) GA를 이용한 활성외곽선모델의 분할 결과
(population number:20, generation number:100)
- (c) SA를 위해 주어진 초기 곡선
- (d) SAsnake를 이용한 활성외곽선모델의 분할 결과
(cooling steps : 100)

[그림 10] 이진 십자 영상에 대한 경계선 분할

- (a) GAsnake에 의해 생성된 초기 곡선
(population number:100)

- (b) GAsnake의 분할 결과
(population number : 100, generation number : 60)
- (c) SAsnake를 위해 주어진 초기 곡선
- (d) SAsnake의 분할 결과 (cooling steps:100)

3.2 CT영상과 MR 영상에서의 경계선 분할

[그림 11]은 실험에 사용된 두 개골 MR영상[그림 11(a)]과 복부 CT영상[그림 11(b)]이다. 두 개골 MR영상에 대해서는 뇌를 분할하는 실험을 복부 CT영상에서는 뼈부위를 분할해내는 실험을 수행하였다.

[그림 11] (a) 두개골 MR영상 (b) 복부 CT영상

[그림 12]는 두개골 MR 영상에서 5개의 제어점을 갖는 B-spline곡선을 사용하여 GAsnake로 실험한 결과이다. [그림 13]은 5개의 제어점을 갖는 B-spline곡선을 사용하여 SAsnake에 의하여 실험한 결과이다. 제어점의 수를 5개로 제한했기 때문에 분할 결과가 정확하지 않았다.

[그림 14]는 20개의 제어점을 갖는 B-spline 곡선을 사용하여 SA로 에너지를 최소화한 실험 결과이다. [그림 13]보다 정확한 분할 결과를 얻었음을 확인할 수 있다. GAsnake를 이용하는 실험에서는 제어점을 늘렸을 경우 이진 영상에서의 분할결과와 같이 꼬인 곡선을 만들며 분할을 제대로 해내지 못하는 문제점을 나타냈으며 결과는 본 논문에 제시하지 않았다.

[그림 15]는 제안한 활성외곽선모델의 분할 결과를 비교하기 위하여 지역적으로 에너지를 최소화한 Bsnaake의 분할결과와 같이 제시하였다. [그림 15]의 (a-1)과 (a-2)는 사용자에 의해서 다르게 주어진 초기 곡선이며 (b-1)와 (b-2)는 Bsnaake에 의한 분할결과이다. 초기 곡선에 민감하게 영향을 받아 경계선 분할 결과가 달라진 것을 확인할 수 있다. GAsnake를 이용한 실험은 초기 100개의 개체를 생성하여 60세대 후에 (a-3)과 (b-3)의 결과를 얻었다. 앞에서 지적한 바와 같이 제어 점 수를 5개로 제한함에

따라 물체의 경계면을 정확히 표현하는데 한계가 있었다. SAsnake를 이용한 실험에서는 초기 곡선를 변형시키면서 정확하게 뼈 부위를 분할해낸 결과를 확인할 수 있다. (a-1)와 (a-2)에서 사용한 초기 곡선에 비하여 비교적 넓은 범위에 대략적으로 주어진 초기 곡선 (a-4)를 사용한 SAsnake가 기존의 활성외곽선모델보다 정확하게 영상의 경계면을 분할한 결과를 [그림 15]의 (b-4)에서 확인할 수 있다. 20개의 제어점을 사용하여 모델의 정확도를 높였다.

[그림 12] GAsnake를 이용한 두개골 MR 영상
경계선 분할 (제어점 5개)
(a) 뇌 경계선에 접근한 개체군들
(generation number:100,
population number:100)
(b) 분할 결과
(generation number:100,
population number:100)

[그림 13] SAsnake를 이용한 두개골 MR 영상 경계선 분할
(제어점 5개)
(a) 초기 곡선
(b) 분할결과1
(cooling steps:40, average:53, variance:9)
(c) 분할결과2
(cooling steps:100, average:53, variance:9)

[그림 14] SAsnake를 이용한 두개골 MR 영상 경계선 분할
(제어점 20개)
(a) 초기 곡선

그림 15. 복부 CT 영상에서 뼈의 분할
(영역정보 average:235, variance:15)

[표 1]과 [표 2]는 본논문에서 제안한 SAsnake와 GAsnake의 수행시간을 Bsnake와 비교한 실험결과이다. 각 알고리즘이 수렴하여 의미있는 분할결과를 생성한 시점을 기준으로 하여 이전 원영상과, 두 개골 MR영상, 복부 CT영상에 대하여 5개의 제어점과 20개의 제어점에 대하여 실험시간을 측정하였다. 각 영상에

Comparison of Genetic Algorithm and Simulated Annealing Optimization Technique to Minimize the Energy of Active Control Model

대하여 5회 반복 실험한 후 평균을 구하였으며, 20개의 제어 점을 사용하였을 경우 GAsnake로는 의미있는 분할결과를 생성하는데 실패하였으므로, 실험 수행시간 비교에서 제외하였다. 초기 곡선을 생성하는 등의 사용자 개입 시간도 포함하여 수행시간을 측정하였다. 제어점의 수를 증가시키면 일반적으로 수행연산량이 증가하므로 수행시간이 길어지며, Bsnake의 경우 두 개꼴 MR영상에서 뇌의 분할시에 분할영상의 복잡도에 따라 사용자 개입시간이 많이 추가된다. GAsnake의 경우에는 초기곡선을 자동생성하지만 수렴하는데 오랜 시간이 걸리며, SAsnake도 기존의 Bsnake에 비하여 수렴시간이 길다는 단점이 있다. 하지만 기존의 Bsnake 경우에 복잡한 객체를 분할하려고 할 경우 사용자에 의해 주어지는 초기 곡선에 따라 지속적으로 사용자의 개입을 요구하므로, 의미있는 분할 영상을 얻기까지 오랜 시간이 걸리며, 분할을 수행할 때마다 사용자가 초기 곡선을 계속 주어야 한다는 단점이 있다.

[표 1] 5개의 제어점에 대한 수행시간 비교

단위 : 초(‘’)

	제어점 : 5개		
	이진 원영상	두 개꼴 MR	복부 CT
GAsnake	252''	326''	211''
SAsnake	55''	54''	57''
Bsnake	8''	142''	29''

[표 2] 20개의 제어점에 대한 수행시간 비교

단위 : 초(‘’)

	제어점 : 20개		
	이진 원영상	두 개꼴 MR	복부 CT
SAsnake	182''	192''	190''
Bsnake	22''	189''	62''

4. 결론

본 논문에서는 물체의 경계선을 분할하기 위해서 유전자 알고리즘(GA)과 시뮬레이터드

어닐링(SA) 알고리즘을 활성외곽선모델의 에너지 최소화 과정에 사용하였다. GAsnake는 초기 곡선을 자체적으로 생성하여 자동적으로 분할하는 방법을 시도하였고, SAsnake는 간단한 초기곡선을 사용하여 초기곡선의 영향을 최소화하며 분할을 수행한다. 제안 방법에서는 활성외곽선모델의 초기화 문제를 해결하기 위하여 영상의 영역적 정보를 이용하면서 전역적으로 에너지를 최소화하였고 기존의 방법에 비해 초기곡선에 민감하지 않으며, 정확한 분할결과를 생성한다는 장점이 있다. 그러나, GAsnake는 제어점의 수와 순서의 변형에 민감하여 복잡한 영상의 경계를 찾고자 할 때 적절한 분할 결과를 얻지 못하고 꼬인 곡선을 만드는 단점이 있으며, SAsnake는 초기곡선의 영향을 완전히 배제할 수 없다는 문제점이 남아있다. 제안한 활성외곽선모델은 전역적 최소화 알고리즘을 사용하므로 기존의 활성외곽선모델에 비하여 수렴시간이 오래걸리는 단점이 있지만, 사용자의 개입을 최소화하고, 재수행에 있어서도 부가적인 시간을 요구하지 않으므로 분할하기 힘든 영상에 대하여 반복 실험 수행시 기존의 활성외곽선모델에 비하여 정확하고 빠르게 물체의 경계선을 분할할 수 있다.

향후과제로는 두 가지를 제안할 수 있다. 첫 번째로는 전역적 에너지 최소화 과정에 지역적 에너지 최소화 과정을 결합하여 모델의 정확성을 개선하는 것이며 둘째로는 에너지 최소화 과정을 반복하는 동안 점차적으로 제어점의 수를 늘려가면서 활성외곽선모델의 움직임을 조절함으로써, 정확한 분할결과를 얻을 수 있도록 하고자 한다.

* 본 논문은 한국과학재단 핵심전문연구과제 연구비 지원에 의한 결과임 (과제번호: 971-0916-100-1)

참고 문헌

- [1] D. H. Ballard and C. M. Brown. Computer Vision. pp. 116. Prentice-Hall. Inc., Englewood Cliffs. NJ. 1982
- [2] M. Kass, A. Witkin, and D. Terzopoulos, "Snakes: Active contour models," Int. J. Computer. Vision. pp. 321-331, 1988

- [3] S. Menet, P. Saint-Marc. and G. Medioni, "B-Snakes : Implementation and Application to Stereo," Proc. of Image Understanding Workshop, pp. 720-726, 1990
- [4] L. D. Cohen and I. Cohen. Finite-element methods for active contour models and balloons for 2-D and 3-D images. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 15(11):1131-1147, November 1993.
- [5] D. Rueckert and P. Burger. Contour fitting using an adaptive spline model. In editor, British Machine Vision Conference, pages 207-216, Birmingham, UK, 11-14 1995. BMVA.
- [6] D. Terzopoulos and K. Fleischer, "Deformable models", The Visual Computer, vol.4, pp.306-331, 1988
- [7] D. E. Goldberg, Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. Addison-Wesley, 1989
- [8] L. Ingber and B. Rosen, "Genetic Algorithms and very fast Simulated Annealing: A comparison", Mathematical and Computer Modelling, 87-100, 16(11) 1992
- [9] S. Kirkpatrick, C. D. Gelatt Jr., and M. P. Vecchi. Optimization by Simulated Annealing. Science, 220:671-680, May 1983. 6:721-741, 1984.
- [10] S. Lobregt and M. A. Viergever, "A Discret Dynamic Contour Model," IEEE Trans. on Medical Imaging, 14:1, 12-24, 1995
- [11] S. Geman and D. Geman. Stochastic relaxation, Gibbs distribution, and the Bayesian restoration of images. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence,