

다중 축 슬라이싱 및 3차원 재구성을 통한 갈비뼈 세그멘테이션

김현성¹, 변규린², 고성현², 범정현³, 리덕타이¹ 추현승^{1,2,3}

¹성균관대학교 소프트웨어학과

²성균관대학교 AI 시스템공학과

³성균관대학교 전자전기컴퓨터공학과

{khs02040, byungyurin21, shko0215, ldtai84, bumjh, choo}@skku.edu

Rib Segmentation via Biaxial Slicing and 3D Reconstruction

Hyunsung Kim¹, Gyurin Byun², Seonghyeon Ko², Junghyun Bum³, Duc-Tai Le¹, Hyunseung Choo^{1,2,3}

¹College of Computing and Informatics, Sungkyunkwan University

²Dept. of AI Systems Engineering, Sungkyunkwan University

³Dept. of Electrical and Computer Engineering, Sungkyunkwan University

요 약

갈비뼈 병변 진단 과정은 방사선 전문의가 CT 스캐너를 통해 생성된 2차원 CT 이미지들을 해석하며 진행된다. 병변의 위치를 파악하고 정확한 진단을 내리기 위해 수백장의 2차원 CT 이미지들이 세밀하게 검토되며 갈비뼈를 분류한다. 본 연구는 이런 노동 집약적 작업의 문제점을 개선시키기 위해 Biaxial Rib Segmentation(BARS)을 제안한다. BARS는 흉부 CT 볼륨의 관상면과 수평면으로 구성된 2차원 이미지들을 U-Net 모델에 학습한다. 모델이 산출한 세그멘테이션 마스크들의 조합은 서로 다른 평면의 공간 정보를 보완하며 3차원 갈비뼈 볼륨을 재건한다. BARS의 성능은 DSC, Recall, Precision 지표를 사용해 평가하며, DSC 90.29%, Recall 89.74%, Precision 90.72%를 보인다. 향후에는 이를 기반으로 순차적 갈비뼈 레이블링 연구를 진행할 계획이다.

1. 서론

갈비뼈 병변 진단은 X-ray, Computed Tomography (CT), Magnetic Resonance Imaging (MRI)과 같은 다양한 영상을 이용해 이루어지며, 그 중에서도 X-ray와 CT를 사용한 진단이 일반적이다. 특히 CT는 X-ray에 비해 대조 해상도가 높아 영상 내에서 서로 다른 물체나 조직 간의 미세한 밀도 차이를 구분한다. 이러한 CT의 특성은 갈비뼈의 미세골절을 탐지하는 데 효과적이다 [1]. 병변의 위치를 파악하고 정확한 진단을 내리기 위해 방사선 전문의들은 CT 볼륨 내 갈비뼈를 나타내는 수백장의 2차원 이미지들을 세밀하게 검토한다.

이러한 노동집약적인 진단 과정은 많은 시간을 필요로 한다. 딥러닝 기반의 갈비뼈 병변 진단 자동화는 병변의 존재와 그 영역을 신속하게 파악한다 [2]. 병변 진단 모델이 효과적으로 동작하기 위해서는, CT 볼륨에서 갈비뼈만을 분할해 모델이 불필요한 정보를 학습하는 것을 최소화할 필요가 있다. 기존 갈비뼈 세그멘테이션 연구들은 CT 볼륨의 3개 평면 중 1개만을 사용하

거나 3차원 패치들을 이용하므로 3차원 공간 정보를 충분히 학습하지 못한다. 따라서 우리는 CT 볼륨 내 관상면과 수평면을 이용해 공간 정보를 보완하는 새로운 갈비뼈 세그멘테이션 기법을 제안한다.

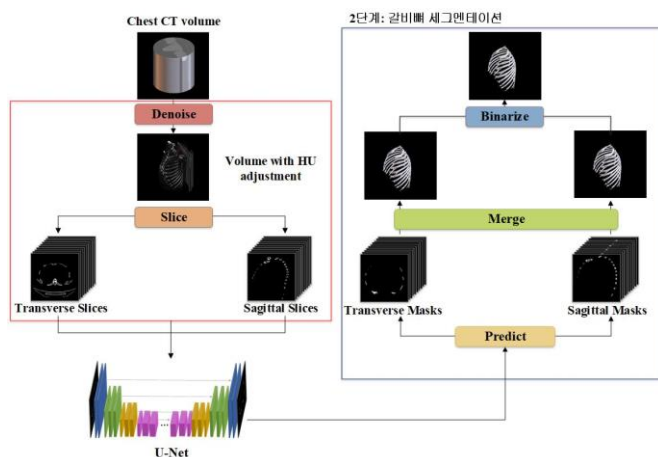
2. 관련 연구

갈비뼈 세그멘테이션은 3차원 데이터를 처리하는 방법과, 2차원 데이터 처리 후 3차원 데이터를 재건하는 방법으로 나뉜다. 3차원 데이터를 사용한 연구로 3D U-Net을 통해 CT 볼륨 상 갈비뼈를 세그멘테이션하는 방법이 있다[3]. 3차원 필터가 이미지를 스캔하며 인접한 복셀값들을 통합 처리하기 때문에 큰 스케일의 특징들이 잘 추출되어 각 갈비뼈의 위치와 형태를 파악하기 쉽다. 하지만 3D U-Net의 다운 샘플링과정에서 세부적인 이미지 정보가 손실되어 세밀한 세그멘테이션이 어렵다. 3차원 딥러닝 네트워크에서 발생하는 문제점은, 2D U-Net[5]을 사용해 수백장의 2차원 수평면에 대해 세그멘테이션을 진행하여 해결한다[4]. 그러나 이 접근법에서는 수평면기반의 세그멘테이션만을 사용

하기 때문에 관상면과 정면의 정보가 반영되지 않아, 갈비뼈의 정확한 위치나 형태관련 중요정보가 누락될 가능성이 있다. 최근 국내 연구에서는 한 평면만을 고려한 세그멘테이션의 한계를 극복하기 위해 시상면과 관상면의 두 평면을 동시에 활용하여 세그멘테이션을 수행했다. 이 방식은 세그멘테이션의 정확도를 향상시키긴 했으나, 두 평면의 조합이 최적의 성능을 보장한다는 것은 입증하지 못했다[6].

3.1 제안 기법

우리는 3 차원 갈비뼈 세그멘테이션을 수행하는 BiAxial Rib Segmentation(BARS) 기법을 제안한다. 이는 3D 딥러닝 네트워크가 야기하는 문제점과 2 차원 이미지 상에서 한 가지 평면만 이용한 세그멘테이션 과정의 문제점들을 개선한다. 또한 두 평면을 활용한 세그멘테이션 기법의 전처리 과정 문제점을 보완하고 기존 U-Net 아키텍처에 변형을 주어 성능을 높였다. BARS는 그림 1 과 같이 전처리 단계, 갈비뼈 세그멘테이션 단계로 나뉜다. 전처리 단계에서는 CT 볼륨의 노이즈를 제거하고 해당 볼륨을 슬라이싱하여 모델 학습에 적합한 형태로 변환한다. 노이즈 제거 과정은 Hounsfield Units(HU)을 사용한 복셀값 조정으로 이루어진다. 이는 갈비뼈 위치와 구조를 파악하는 데 필요한 갈비뼈, 조직 기관들 외 CT 볼륨에 포함된 다른 신체구조들을 제거한다. 노이즈 제거 후에는 Y, Z 두가지 축을 기준으로 CT 볼륨을 슬라이싱해 2 차원 이미지들을 생성한다. 갈비뼈 세그멘테이션 단계는 전처리 단계에서 생성한 두 가지 평면 구성의 2 차원 이미지들을 U-Net 모델에 학습시켜 세그멘테이션 마스크를 생성한다. 산출된 세그멘테이션 마스크들은 3 차원 볼륨으로 병합되며, 개별 복셀값이 임계값($\theta = 0.5$)을 초과하면 해당 복셀을 뼈로 간주한다.



(그림 1) 제안 기법 개요

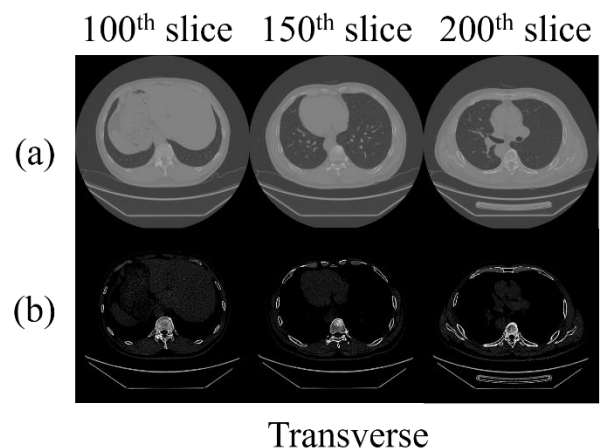
3.2 데이터셋

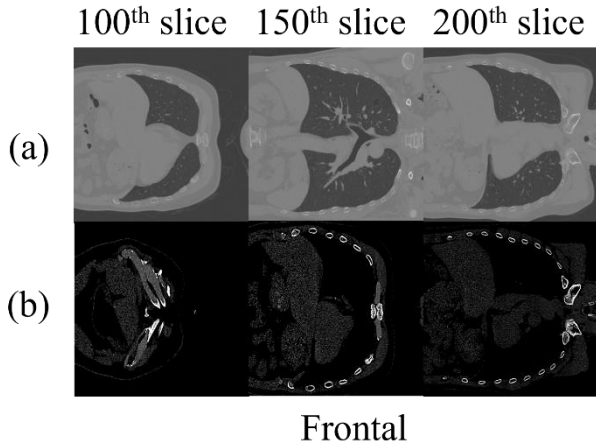
본 연구는 MICCAI 2020 RibFrac Challenge 에서 제공된 RibFrac 데이터셋과, 해당 데이터셋 기반의 갈비뼈 세그멘테이션 태스크 벤치마크인 RibSeg 데이터셋을

사용한다[7]. RibFrac 은 흉-복부 CT 볼륨 데이터로, 파일 포맷은 3 차원의 Neuroimaging Informatics Technology Initiative(NIFTI)이다. 각 CT 볼륨의 크기는 $512 \times 512 \times N$ 이며, N 은 개인마다 다른 수평면 개수를 나타낸다. 총 490 개 CT 볼륨 중 20 개 볼륨을 Y, Z 축을 기준으로 슬라이싱한다. 슬라이싱된 이미지의 총 개수는 17,666 개이며 이들로 U-Net 모델을 학습한다. 학습 후에는 모델 검증에 위해 10 개 CT 볼륨을 사용한다. 학습 후에는 모델 검증에 위해 10 개 CT 볼륨을 사용한다. 남은 CT 볼륨은 테스트 셋으로 사용한다.

3.3 데이터 전처리

본 연구 전처리 단계는 HU 조정과 볼륨 슬라이싱으로 나뉜다. HU 는 CT 스캔 이미지의 픽셀 강도를 측정하는 척도로, HU 최소값과 최대값을 설정하는 픽셀값 조정은 갈비뼈 세그멘테이션에 불필요한 노이즈를 제거한다. 갈비뼈는 700 ~ 2000 사이의 HU 범위를 가지는데, 이 범위를 기준으로 노이즈를 제거해 갈비뼈 세그멘테이션을 진행하면 갈비뼈 외부의 다른 조직이나 기관들이 무시된다. 이는 갈비뼈의 윤곽과 구조를 더욱 정밀하게 파악하는 것이 어렵게 하므로, 갈비뼈에 인접한 조직과 기관들의 정보를 보존해야 한다. 따라서, 우리는 데이터 손실을 최소화하고자 최적의 성능을 가지는 0 ~ 2000 사이의 값으로 노이즈를 제거한다. HU 범위를 지정하여 노이즈를 제거한 후에는 3D 흉부 CT 볼륨을 각각 Y, Z 축을 기준으로 슬라이싱한다. 인간 상체는 다양한 기관과 조직으로 구성되어 있어 각 평면마다 고유한 해부학적 특성을 가진다. 흉부 CT 볼륨은 X, Y, Z 축을 기준으로 나눌 수 있다. X 축에 따라 슬라이싱된 시상면 평면은 갈비뼈의 전후 구조를 파악할 수 있으며, Y 축에 따라 슬라이싱된 관상면 평면은 갈비뼈 사의 간격변화와 흉부를 감싸는 부분의 정보들을 제공한다. 그리고 Z 축에 따라 슬라이싱된 수평면은 갈비뼈의 배열과 위치 정보들을 제공한다. 우리는 이 중 갈비뼈의 구조를 더 잘 파악할 수 있는 두 가지 평면을 사용해 세그멘테이션 과정을 수행한다. 이는 기존 연구[3]에 사용되었던 3D U-Net 을 통한 세그멘테이션과정에서 발생하는 이미지 특징의 손실 문제를 개선시킬 수 있다. 그림 2 은 HU 범위를 사용하여 노이즈를 제거 후 두 평면으로 슬라이싱한 이미지이다.





(그림 2) 원본 데이터(a)와 전처리된 데이터(b)

3.4 BiAxialRib Segmentation

그림 1 과 같이 2 단계 세그멘테이션 과정에서는 U-Net 을 통해 모델을 학습한다. U-Net[5] 아키텍처는 크게 인코더-디코더 구조로 나눌 수 있다. 인코더 부분에서는 두 평면으로 슬라이싱된 이미지를 입력 값으로 사용하여 입력 이미지는 각 단계마다 연속적인 합성곱 층을 거친다. 기존 U-Net 층은 5 단계로 이루어져 있지만 CT 같은 경우 세부적인 특징들도 파악해야 하기 때문에 층을 하나 추가해 총 6 단계로 구성했다. 이 과정에서는 이미지에 필터를 적용하여 입력 이미지에서 다양한 특징을 인식한다. 그 후에는 최대 풀링 층을 거쳐 특징 맵의 크기를 점차 줄인다. 이는 이미지의 전반적인 특징을 인식한다. 디코더 부분에서는 인코더를 통해 추출된 특징을 바탕으로 이미지를 재구성한다. 업샘플링 과정을 통해 특징 맵의 크기를 점차 확장하며, 확장된 특징 맵은 인코더의 대응되는 레이어와 연결되어 고해상도의 세그멘테이션 마스크를 생성한다. 그림 3 와 같이 전처리된 이미지를 U-Net 을 통해 모델 학습 후 세그멘테이션 마스크가 생성된 걸 볼 수 있다.

3.5 3D Reconstruction

이 프로세스에서는 3 가지 평면의 예측된 세그멘테이션 마스크를 각 평면끼리 볼륨으로 변환한다. 이 과정에서는 특정 공간에 위치한 픽셀이 뼈일 경우 1 의 값을, 뼈가 아닐 경우 0 의 값을 갖는 이진화 과정을 수행한다. 3 가지 유형의 볼륨 정보를 종합하여 개별 3 차원 좌표에 위치한 픽셀의 이진 값을 평균 계산하고, 이를 기반으로 각 복셀이 뼈를 나타내는지 아닌지 판별한다. 특정 복셀값이 임계 값을 초과하면 그 위치에 뼈가 있다고 판단하고 임계 값 이하인 경우에는 그 위치에 뼈가 없다고 판단한다. 이런 방식으로 모든 공간 좌표를 스캔하며 뼈의 유무를 판별한다. 임계값은 여러 임계값을 설정하여 성능 평가한 것 중 가장 좋은 성능을 가지는 0.5 을 택했다. 이 방법은 2 가지 갈비뼈 볼륨을 종합해 얻은 결과값이기 때문에 단일 평면만 고려한 3D 변환 과정보다 오차

를 줄이고 갈비뼈의 구조와 위치를 보다 정확하게 시각화 할 수 있다.

3. 실험 결과

3.1 정량적 성능 평가 지표

우리는 갈비뼈 세그멘테이션 성능을 평가하기 위해 DSC, Recall, Precision 지표를 사용하여 정량적으로 평가 하였습니다. 이들 지표는 True-Positive(TP), False-Positive(FP), True-Negative(TN), False-Negative(FN)을 기반으로 계산되며, 이들은 예측한 결과와 실제 예측값을 비교함으로써 도출된 값이다. 각 지표의 식은 다음과 같다.

$$DSC = \frac{2TP}{(TP + FP) + (TP + FN)}$$

$$Recall = \frac{TP}{(TP + FN)}$$

$$Precision = \frac{TP}{(TP + FP)}$$

True 는 갈비뼈 영역에 포함된 복셀을 의미하고, False 는 갈비뼈 이외 영역의 픽셀을 의미한다.

TP 는 실제 뼈를 뼈라고 예측하는 경우를 말한다.

FP 는 실제 뼈가 아닌 부분을 뼈라고 예측한 경우를 말한다.

FN 은 실제 뼈를 뼈가 아니라고 예측한 경우를 말한다.

TN 은 실제 뼈가 아닌 부분을 뼈가 아니라고 예측한 경우를 말한다.

3.2 결과

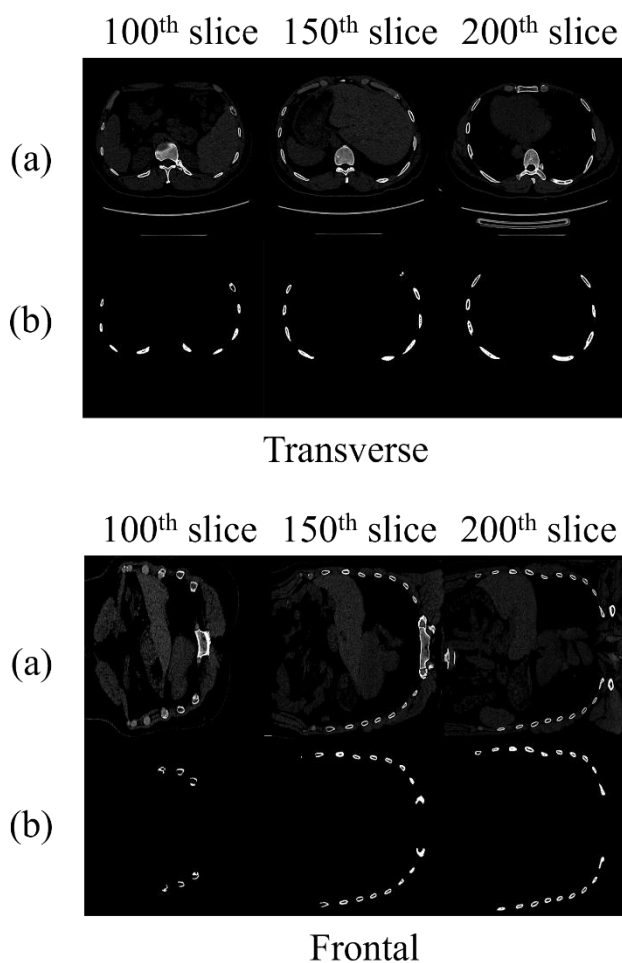
표 1 의 결과는 평면 별 성능 결과를 보여주는 표로 3D 볼륨 평면 X, Y, Z 축 중 Y, Z 축 평면을 기준으로 세그멘테이션을 수행했을 때 가장 성능이 뛰어났음을 보여준다. 그리고 이에 따른 성능을 표 2 처럼 평균값, 최소값, 최대값으로 나눠 결과를 도출했다.

<표 1> 기존 연구와 성능 결과 비교

	Multi-axial slicing and 3D Reconstruction		
	DSC	Recall(%)	Precision(%)
Sagittal+Frontal	89.09	88.72	89.60
Frontal+Transverse	90.29	89.74	90.72
Sagittal+Transverse	89.56	89.09	89.94

<표 2> 제안 기법의 성능 결과

	Multi-axial slicing and 3D Reconstruction		
	DSC	Recall(%)	Precision(%)
Average	90.29	89.74	90.72
Min	88.71	87.56	88.42
Max	93.26	92.23	92.34



(그림 3) 전처리 데이터(a)와 세그멘테이션 마스크(b)

4. 결론

우리는 MICCAI 2020 RibFrac Challenge 에서 제공하는 공공 데이터셋을 활용하여 딥러닝 기반의 갈비뼈 세그멘테이션 기법을 개발했다. 특히 두 가지 평면을 종합적으로 분석하여 적용한 BARS 기법은 이전의 연구 방식과 차별화된 새로운 접근법을 제시한다. 향후에는 외부 데이터셋에 대한 실험을 통해 일반화 및 임상적 검증을 통해 제시한 기법이 일반화 능력과 임상적 효용성을 평가하고, 세그멘테이션 과정뿐만 아니라 Sequential labeling, 병변 진단 등의 세그멘테이션 기법을 연구를 확장할 계획이다.

ACKNOWLEDGEMENT

본 연구는 과학기술정보통신부 및 정보통신기획평가원의 ICT 명품인재양성사업(IITP-2023-2020-0-01821), 인공지능대학원 지원(성균관대학교, No.2019-0-00421), 인공지능 혁신 허브 연구 개발(No.2021-0-02068)의 지원을 받아 수행된 연구임.

참고문헌

[1] Cho SH, Sung YM, Kim MS. Missed rib fractures on evaluation of initial chest CT for trauma patients: pattern analysis and

diagnostic value of coronal multiplanar reconstruction images with multidetector row CT. Br J Radiol 2012;85(1018): e845–e850.

[2] Qing-Qing Zhou., JiashuoWang., Wen Tang. (2020). Automatic Detection and Classification of Rib Fractures on Thoracic CT Using Convolutional Neural Network: Accuracy and Feasibility 2020, 21(7); doi:10.3348/kjr.2019.0651

[3] Mingxiang Wu., Zhizhong Chai., Guangwu Qian., Huangjing Lin., Qiong Wang., Liansheng Wang., Hao Chen. (2021).

Development and Evaluation of a Deep Learning Algorithm for Rib Segmentation and Fracture Detection from Multicenter Chest CT Images 2021, 21(6); <https://doi.org/10.1148/ryai.2021200248>

[4] Yu Jin Seol., So Hyun Park., Young Jae Kim., Young-Taek Park., Hee Young Lee., Kwang Gi Kim. The Development of an automatic Rib Sequence Labeling System on Axial Computed Tomography Images with 3-Dimensional Region Growing. Sensors 2022, 22(12), 4530; <https://doi.org/10.3390/s22124530>

[5] Ronneberger, O.; Fischer, P.; Brox, T. U-net:

Convolutional networks for biomedical image segmentation.

In Proceedings of the International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Munich, Germany, 5–9 October 2015; Springer: Cham, Switzerland; pp. 234–241.

[6] Hyunsung Kim, Seonghyun Ko.,(2023) CT 영상을 통한 U-Net 기반 늑골 분할 및 3D 재구성, 한국컴퓨터종합학술대회, ISSN 2635-5868

[7] Jiancheng Yang, Shixuan Gu, Donglai Wei, Hanspeter Pfister, Bingbing NI. (2021) Ribseg dataset and strong point cloud baselines for rib segmentation from ct scans. In Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, pages 611-621. Springer, 2021.