



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2010-0116404
(43) 공개일자 2010년11월01일

(51) Int. Cl.

G06T 7/40 (2006.01) G06T 7/00 (2006.01)

(21) 출원번호 10-2009-0035088

(22) 출원일자 2009년04월22일

심사청구일자 2009년04월22일

(71) 출원인

계명대학교 산학협력단

대구 달서구 신당동 1000번지

(72) 발명자

정미라

대구광역시 수성구 시지동 328-7번지

고병철

대구광역시 달서구 호산동 374번지 현대하이츠 빌
302호

남재열

대구 수성구 범물동 서한화성 103동 1401호

(74) 대리인

김일환

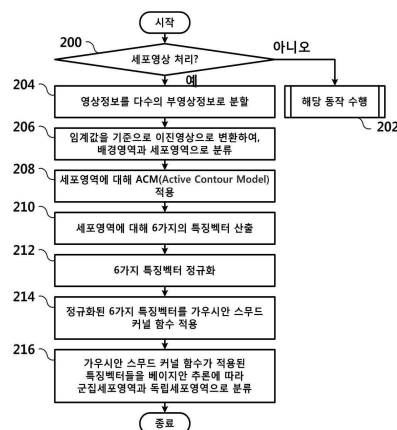
전체 청구항 수 : 총 6 항

(54) 영상정보로부터 독립세포와 군집세포를 분류하는 방법 및 장치

(57) 요약

본 발명의 영상정보로부터 독립세포와 군집세포를 분류하는 방법 및 장치에 관한 것이다. 상기 본 발명에 따른 방법은, 영상정보를 입력받아 다수의 부영역으로 분할하는 단계; 상기 다수의 부영역 각각에 대해 세포영상정보의 분포에 따라 적응적으로 설정되는 임계값을 이용하여 이진화하고 그에 따라 영상정보를 다수의 세포영역과 배경영역으로 분리하는 단계; 상기 다수의 세포영역 각각에 대해 세포 모양이 둥근 정도를 나타내는 제1특징벡터, 세포의 중심에서 가장자리까지의 거리가 일정한지를 기술하는 제2특징벡터, 세포의 모양을 기술하는 제3특징벡터들을 산출하는 단계; 상기 다수의 세포영역 각각에 대한 특징벡터들을 가우시안 스무드 커널 함수에 적용하고, 상기 가우시안 스무드 커널 함수에 적용된 특징벡터들에 대해 베이지안 네트워크 추론을 이행하여 다수의 세포영역에 대해 군집세포영역과 독립세포영역으로 분류하는 단계;를 포함하는 것을 특징으로 한다.

대표도 - 도2



특허청구의 범위

청구항 1

영상정보로부터 독립세포영역과 군집세포영역을 분류하는 방법에 있어서,

영상정보를 입력받아 다수의 부영역으로 분할하는 단계;

상기 다수의 부영역 각각에 대해 세포영상정보의 분포에 따라 적응적으로 설정되는 임계값을 이용하여 이진화하고 그에 따라 영상정보를 다수의 세포영역과 배경영역으로 분리하는 단계;

상기 다수의 세포영역 각각에 대해 세포 모양이 둥근 정도를 나타내는 제1특징벡터, 세포의 중심에서 가장자리까지의 거리가 일정한지를 기술하는 제2특징벡터, 세포의 모양을 기술하는 제3특징벡터들을 산출하는 단계;

상기 다수의 세포영역 각각에 대한 특징벡터들을 가우시안 스무드 커널 함수에 적용하고, 상기 가우시안 스무드 커널 함수에 적용된 특징벡터들에 대해 베이지안 네트워크 추론을 이행하여 다수의 세포영역에 대해 군집세포영역과 독립세포영역으로 분류하는 단계;

를 포함하는 것을 특징으로 하는 방법.

청구항 2

제1항에 있어서,

상기 다수의 세포영역에 대해 ACM(Active Contour Model)을 이행하여 세포영역의 윤곽을 추출하는 단계;

를 더 구비함을 특징으로 하는 방법.

청구항 3

제1항에 있어서,

상기 다수의 세포영역 각각에 대한 특징벡터들에 대한 가우시안 스무드 커널 적용 전에 정규화하는 단계;

를 더 구비함을 특징으로 하는 방법.

청구항 4

영상정보로부터 독립세포영역과 군집세포영역을 분류하는 장치에 있어서,

영상정보를 입력받는 영상정보 입력모듈;

상기 영상정보 입력부를 통해 영상정보를 입력받아 다수의 부영역으로 분할하고,

상기 다수의 부영역 각각에 대해 세포영상정보의 분포에 따라 적응적으로 설정되는 임계값을 이용하여 이진화하고 그에 따라 영상정보를 다수의 세포영역과 배경영역으로 분리하고,

상기 다수의 세포영역 각각에 대해 세포 모양이 둥근 정도를 나타내는 제1특징벡터, 세포의 중심에서 가장자리까지의 거리가 일정한지를 기술하는 제2특징벡터, 세포의 모양을 기술하는 제3특징벡터들을 산출하고,

상기 다수의 세포영역 각각에 대한 특징벡터들을 가우시안 스무드 커널 함수에 적용하고, 상기 가우시안 스무드 커널 함수에 적용된 특징벡터들에 대해 베이지안 네트워크 추론을 이행하여 다수의 세포영역에 대해 군집세포영역과 독립세포영역으로 분류하는 영상정보 처리모듈;

을 포함하는 것을 특징으로 하는 장치.

청구항 5

제4항에 있어서,

상기 영상정보 처리모듈이,

상기 다수의 세포영역에 대해 ACM(Active Contour Model)을 이행하여 세포영역의 윤곽을 추출함을 특징으로 하는 장치.

청구항 6

제4항에 있어서,

상기 영상정보 처리모듈이,

상기 다수의 세포영역 각각에 대한 특징벡터들에 대한 가우시안 스무드 커널 적용 전에 정규화함을 특징으로 하는 장치.

명세서

발명의 상세한 설명

기술 분야

[0001] 본 발명은 영상정보 처리방법에 관한 것으로, 더욱 상세하게는 영상정보로부터 독립세포와 군집세포를 분류하는 방법 및 장치에 관한 것이다.

배경 기술

[0002] 최근 대용량의 의료 영상들이 디지털화되고 하나의 데이터베이스에서 통합 관리되면서 디지털 영상 관리 및 전송 시스템인 PACS(Picture Archiving Communication System)에 대한 관심이 증대되고 있다. 특히, PACS에서 관리되는 다양한 의료영상 중에서, 세포 및 분자 영상을 자동 분석하여 의사 결정에 도움을 줄 수 있는 진단 보조 시스템의 중요성이 병리학자들에 의해 강조되고 있다.

[0003] 일반적으로 병리학자들은 현미경으로 입력된 세포 영상을 자신의 주관에 의해 판단하지만, 이러한 주관성은 개인마다 달라질 수 있으므로 병리학자들이 객관적으로 영상을 분석하고 진단할 수 있도록 도와줄 수 있는 시스템의 개발이 필요하다.

[0004] 그러나 이러한 세포병리학 영상에는 여러 세포가 겹쳐져 있는 군집세포와 독립 세포가 혼재되어 있으므로 보다 신뢰있는 세포 진단을 위해서는 군집세포와 독립세포에 대한 정밀한 분류가 필수적이다.

[0005] 상기한 세포 분할 및 분류와 관련된 기존 연구들을 살펴보면 다음과 같다. 먼저 세포 분할을 위해 Otsu는 주어지는 영상의 픽셀 값들로부터 조건부 확률의 최대값을 찾고 이를 이용해 최적의 전역적 임계값(Global Threshold)을 구한 다음 이를 이용하여 전경과 배경을 분할하였다. Martinez 등은 로그 결합 확률(log joint probability)을 통해 임계값을 찾아내는 방법을 제안하였다. 임계값 결정을 위한 확률함수는 평균값과 분산 값들로 이루어진 두 개 이상의 확률 밀도 함수의 합으로 구성된 모집단 혼합 모델(population model)을 통해 만들어진다.

[0006] 기존에 제안된 방법들은 배경으로부터 세포를 분할함에 있어서 간편하고 기본적인 방법들을 적용하기 때문에 독립 세포와 군집세포를 구분하지 못하고 동일한 알고리즘을 가져오는 문제점이 있다. 따라서, 좀 더 정확한 세포 진단을 위해서는 군집 세포들에 대한 정밀한 분류가 필요하다.

발명의 내용

해결 하고자하는 과제

[0007] 따라서 본 발명은 적응적 임계값과 ACM(Active Contour Model)을 사용하여 세포핵과 세포질을 포함하는 세포영역을 분할하고, 상기 세포영역에 대해 형태학적 특성들에 따른 특징벡터들을 산출하고, 상기 특징벡터들에 대해 베이저안 네트워크를 이용하여 영상정보로부터 독립세포영역과 군집세포영역을 분류하는 방법 및 장치를 제공하는 것을 목적으로 한다.

과제 해결수단

[0008] 상기한 목적을 달성하기 위한 본 발명의 영상정보로부터 독립세포와 군집세포를 분류하는 방법은, 영상정보를 입력받아 다수의 부영역으로 분할하는 단계; 상기 다수의 부영역 각각에 대해 세포영상정보의 분포에 따라 적응적으로 설정되는 임계값에 따라 이진화하여 영상정보를 다수의 세포영역과 배경영역으로 분리하는 단계; 상기 다수의 세포영역 각각에 대해 세포 모양이 둥근 정도를 나타내는 제1특징벡터, 세포의 중심에서 가장자리까지의

거리가 일정한지를 기술하는 제2특징벡터, 세포의 모양을 기술하는 제3특징벡터들을 산출하는 단계; 상기 다수의 세포영역 각각에 대한 특징벡터들을 가우시안 스무드 커널 함수에 적용하고, 상기 가우시안 스무드 커널 함수에 적용된 특징벡터들에 대해 베이지안 네트워크 추론을 이행하여 다수의 세포영역에 대해 군집세포영역과 독립세포영역으로 분류하는 단계;를 포함하는 것을 특징으로 한다.

효과

[0009] 상기한 본 발명은 세포 영상정보에 대해 전처리 과정을 통하여 세포영역과 배경영역을 정확하게 분할하고, 상기 세포영역들을 독립세포영역과 군집세포영역으로 분류함으로써, 세포진단에 대한 신뢰도를 높일 수 있는 효과가 있다.

[0010] 또한, 본 발명은 세포의 형태학적 특징벡터들을 추출하고, 그 특징벡터들에 대해 스무드 커널을 적용하며 확률밀도를 생성하고, 상기 확률밀도를 베이지안 네트워크에 적용하여 군집 또는 독립세포영역으로 분류함으로써, 알고리즘 실행 시간과 성능을 향상시키는 효과가 있다.

발명의 실시를 위한 구체적인 내용

[0011] 본 발명의 바람직한 실시예에 따라 영상정보로부터 독립세포영역과 군집세포영역을 분류하는 장치의 구성을 도 1을 참조하여 설명한다.

[0012] 상기 도 1을 참조하면, 상기 영상정보로부터 독립세포영역과 군집세포영역을 분류하는 장치는 영상정보 처리모듈(100), 영상정보 입력장치(102), 메모리부(104), 출력장치(106)로 구성된다.

[0013] 상기 영상정보 처리모듈(100)은 영상정보 입력장치(102)로부터 제공되는 영상정보를 입력받아 세포영상영역을 추출하고, 상기 세포영상영역을 군집세포영역과 독립세포영역으로 분할하여 그 결과를 출력장치(106)로 제공한다.

[0014] 상기 영상정보 입력장치(102)는 외부로부터 제공되는 영상정보를 상기 영상정보 처리모듈(100)로 제공한다.

[0015] 상기 메모리부(104)는 상기 영상정보 처리모듈(100)의 영상정보 처리를 위한 저장영역을 제공한다.

[0016] 상기 출력장치(106)는 상기 영상정보 처리모듈(100)이 제공하는 세포영상 분류결과정보를 출력한다.

[0017] 상기한 장치에 적용 가능한 영상정보로부터 독립세포영역과 군집세포영역을 분류하는 과정을 도 2의 흐름도를 참조하여 설명한다.

[0018] 상기 영상정보 처리모듈(100)은 세포영상에 대한 처리가 요청되면, 상기 영상정보 입력장치(102)를 통해 입력되는 영상정보를 다수의 부영상정보로 분할한다(200, 204단계).

[0019] 상기 영상정보 처리모듈(100)은 다수의 부영상정보에 각각 최적의 적응적 임계값(Adaptive Local Thresholding)을 기준으로 상기 다수의 부영상정보를 이진 영상으로 변환하여 배경영역과 세포영역으로 분류한다(206단계).

[0020] 상기 적응적 임계값은 가우시안 혼합모델(Gaussian Mixture Model)과 최대우도함수(Maximum Likelihood Function)를 통해 산출된다. 상기 가우시안 혼합모델은 2개 이상의 확률밀도함수(Probability Density Function)의 결합으로 이루어지며, 가우시안 혼합 모델(Gaussian Mixture Model)을 통해 세포영상정보의 분포를 모델링하며, 이때 가우시안 혼합 모델의 우도(Likelihood)로서 수학식 1의 우도함수 $L(k)$ 를 이용하고 이를 최대화시키는 k 를 구한다.

수학식 1

$$L(k) = -\frac{N}{2} \log(2\pi) - \frac{N}{2} \log(\sigma_w^2(k)) - \frac{N}{2}$$

$$\sigma_w^2(k) = c_1(k) \sigma_1^2(k) + c_2(k) \sigma_2^2(k)$$

[0023] 상기 수학식 1에서 가중치 값 c_1 및 c_2 , 표준편차 값 σ_1^2 과 σ_2^2 를 통해 σ_w^2 이 구해지며, k 는 0에서 N -

1까지의 값을 가지게 된다. 이를 통해 구해진 L 값들 중 그 값이 최대인 k값을 최적의 임계값으로 결정하여 이진영상정보를 생성한다.

[0024] 상기 영상정보 처리모듈(100)은 세포영역에 대해 ACM(ACTIVE CONTOUR MODEL)을 적용한다(208단계). 상기한 ACM은 상기 추출된 세포영상영역에 포함된 세포영상에 대해 정확한 윤곽을 추출하기 위한 것으로 기존 RANSAC(RANdom SAmple Consensus)을 이용하는 것이 비해 간단하면서도 효과적이다.

[0025] 도 3은 상기 영상정보와, 상기 적응적 지역 임계값에 따라 이진화된 후에 ACM을 적용한 결과를 나타낸 것이다.

[0026] 이후 상기 영상정보 처리모듈(100)은 상기 세포영역에 대해 6가지의 특징벡터를 산출하여 정규화한다(210,212단계).

[0027] 상기 6가지 특징벡터는 학습 데이터 군집으로 구성된 세포영상정보에서 군집세포영역과 독립세포영역의 형태학적 특징을 추출하기 위한 것으로, 조밀도(Compactness), 평탄도(Smoothness), 모멘트(Moment) 1, 2, 3, 4를 사용한다. 이러한 6가지 특징벡터는 확률 모델을 만들기 위한 실험에서 독립 및 군집세포영역을 분리할 수 있도록 모델링된 특징만을 선택한 것이다. 이러한 특징벡터는 학습 데이터 군집으로부터 군집세포영역과 독립세포영역으로 분류하여 각 영역의 특징벡터를 추출하고, 그 추출 방법은 다음과 같다.

[0028] 첫 번째 세포의 형태학 특징벡터인 조밀도(Compactness)는 세포 모양이 둥근 정도를 나타내는 특징으로써, 하기 수학식 2로 구한다.

수학식 2

$$C = \frac{P^2}{4\pi \times A}$$

[0029]

[0030] 상기 수학식 2에서 C는 조밀도를 나타내고, P는 세포영역의 둘레, A는 세포영역의 면적을 나타낸다. 세포의 모양이 원이면, C는 1의 값을 가지고, 세포의 모양이 원에서 많이 벗어날수록 C의 값은 증가한다.

[0031] 두 번째 세포의 형태학 특징벡터인 평탄도(Smoothness)는 레이블링된 세포의 가장자리로 N개의 점을 설정하고, 세포의 중심에서 N개의 가장자리 점들까지의 거리들이 일정한지를 측정한다. 상기 평탄도(Smoothness)가 0에 가까울수록 중심에서 가장자리까지의 거리가 일정하고, 이는 세포의 모양이 원에 가까운 것을 의미하며, 수학식 3으로 나타낸다.

수학식 3

$$S = \overline{Q} - \frac{\sum_{i=1}^N [(x_c, y_c) - (x_i, y_i)]^2}{N}$$

[0032]

[0033] 상기 수학식 3에서 S는 평탄도이고, $\overline{Q}$ 는 세포의 중심좌표에서 N개의 가장자리 좌표까지 거리의 평균값이다. (x_c, y_c) 는 중심좌표이고, (x_i, y_i) 는 N개의 가장자리 좌표이다.

[0034] 상기 모멘트는 세포의 모양을 기술하는 특징으로써, 모멘트 1,2,3,4를 사용하며, 수학식 4로 구한다.

수학식 4

$$\mu_{pq} = \sum_R (x - x_c)^p (y - y_c)^q, \eta_{pq} = \mu_0^\gamma$$

$$\gamma = (p + q)/2 + 1$$

Moment Invariants

$$\phi_1 = \eta_{20} + \eta_{02},$$

$$\phi_2 = (\eta_{20} - \eta_{02})^2 + 4\eta_{11}^2,$$

$$\phi_3 = (\eta_{30} - 3\eta_{12})^2 + (3\eta_{21} - \eta_{03})^2,$$

$$\phi_4 = (\eta_{03} + \eta_{12})^2 + (\eta_{21} + \eta_{03})^2$$

[0035]

[0036] 상기 수학식 4에서 $\phi_1, \phi_2, \phi_3, \phi_4$ 는 각각 모멘트 1,2,3,4에 해당하며, x 및 y는 세포 영상의 좌표 값이다.

[0037] 이렇게 수집된 각 특징벡터는 데이터의 분포 형태가 일정하지 않고 일반적으로 많이 사용되는 가우시안 분포 형태를 보인다고 할 수 없으므로, 본 발명은 각 특징벡터로부터 추출된 다수의 특징벡터에서 확률분포를 추정하기 위해 비모수(non-parametric) 방법인 히스토그램을 구성하고, 파젠 윈도우(Parzen window) 중 가우시안 스무드 커널(Gaussian Smooth-Kernel)을 적용한다.

[0038] 즉, 상기 정규화된 6가지의 특징벡터를 산출한 후에 상기 영상정보 처리모듈(100)은 상기 세포영역에 대해 6가지 특징벡터를 정규화한 후에 가우시안 스무드 커널 함수에 적용한다(214단계). 상기 가우시안 스무드 커널 함수는 수학식 5에 따른다.

수학식 5

$$P(x) = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N \frac{1}{(2\pi h^2)^{1/2}} \exp \left\{ -\frac{\|x - x_n\|^2}{2h^2} \right\}$$

[0039]

[0040] 여기서, N은 학습데이터 군집의 특징벡터 개수이고, x는 추정 특징벡터, x_n 는 모든 특징벡터이다. h는 스무드 커널의 대역폭으로 h가 너무 커지면 밀도가 과도하게 스무드해져서 데이터의 구조를 잃어버리게 되고 너무 적으면 분석하기 어려울 정도로 침해한 밀도 추정이 이루어진다.

[0041] 도 4는 가우시안 스무드 커널을 이용해 얻어진 조밀도(Compactness), 평탄도(Smoothness), 모멘트(Moment) 1, 2, 3, 4의 확률 밀도 추정 결과를 도시한 것이다.

[0042] 상기한 추출된 특징벡터들을 바탕으로 영상정보 처리모듈(100)은 군집세포영역에 대해 불확실성에 강인한 확률 모델인 베이시안 추론(Bayesian inference)에 따라 군집세포영역과 독립세포영역을 분류한다(216단계).

[0043] 도 5는 군집세포영역과 독립세포영역에 대해서 최상위 부모 노드 0(Overlapped nuclei)는 3개의 하부 추론 근거 E_1 (조밀도), E_2 (평탄도), E_3 (모멘트)의 결합확률로 결정되며, 추론 근거 E_3 (모멘트)의 확률은 하부 추론 근거 E_{3-1} (모멘트 1), E_{3-2} (모멘트 2), E_{3-3} (모멘트 3), E_{3-4} (모멘트 4)의 결합확률로 결정되어 진다. 추론 근거 E_3 에 대한 확률값이 결정되고 나서 군집세포영역을 분류하기 위해서 수학식 6, 7을 이용한다.

수학식 6

$$P(E_2|E_{3-1}, E_{3-2}, E_{3-3}, E_{3-4}) = \frac{\prod_{i=1}^4 P(E_{3-i}|E_3) P(E_3)}{\prod_{i=1}^4 P(E_{3-i}|E_3) P(E_3) + \prod_{i=1}^4 P(E_{3-i}|\neg E_3) P(\neg E_3)}$$

수학식 7

$$P(O|E_1, E_2, E_3) = \frac{\prod_{i=1}^3 P(E_i|C) P(C)}{\prod_{i=1}^3 P(E_i|O) P(O) + \prod_{i=1}^3 P(E_i|\neg O) P(\neg O)}$$

상기한 수학식 7에서 파라미터 $P(E_1|O), P(E_2|O), P(E_3|O)$ 는 훈련 데이터로부터 학습된 비모수적 확률 밀도 추정 모델에서 구해질 수 있으며, 사전확률 $P(O)$ 와 $P(\neg O)$ 는 각각 0.2와 0.8로 설정한다. 중간노드 E_1 (조밀도), E_2 (평균도), E_3 (모멘트)의 조건부 확률로부터 군집 세포 영역에 대한 사후 확률이 추측된다. 최종적으로 입력된 세포영역으로부터 6가지의 특징벡터를 추출하고 확률 모델로부터 각 특징벡터의 확률밀도를 추정하여 수학식 7을 통해 군집 혹은 독립세포를 구분한다.

도 5는 본 발명에 따른 베이지안 네트워크의 추론근거를 나타낸 기술표이다.

상기한 본 발명에 따른 세포영상 분류 알고리즘의 성능과 효율성을 확인하기 위해 첸(Chen)의 알고리즘과 비교하였다. 여기서, 상기 첸(Chen)이 제안한 알고리즘은 세포 영역을 분류할 때, 세포의 조밀도(Compactness) 특징과 경험적 규칙을 사용해서 세포를 분류한다.

영상 분류의 성능 비교는, 다음과 같이 4가지의 분류성능 측정방법을 이용하여 테스트하였다.

* True Positive(TP) : 실제 군집 세포영역을 실험에서도 군집 세포영역으로 분류하는 경우

* False Positive(FP) : 실제 독립 세포영역을 실험에서는 군집 세포영역으로 분류하는 경우

* True Negative(TN) : 실제 독립 세포영역을 실험에서도 독립 세포영역으로 분류하는 경우

* False Negative(FN) : 실제 군집 세포영역을 실험에서는 독립 세포영역으로 분류하는 경우

도 7은 첸(Chen)이 제안한 알고리즘과 본 발명에서 제안한 시스템을 비교한 결과로서, true positive(TP)는 각각 78%, 41%, false positive(FP)는 22%, 59%, true negative(TN)는 각각 97%, 그리고 false negative(FN)는 각각 3%의 성능을 보이므로, TP와 FP에서 본 발명은 전체적으로 우수한 수행 결과를 나타냄을 확인할 수 있다. 특히 본 발명에 따른 방식은 베이지안 추론을 사용하여 효과적으로 false positive(FP)를 줄일 수 있다. 또한 두 방식은 TN의 결과에서 보듯이 독립세포영역을 분류하는 성능은 좋은 결과를 보여주지만, 군집세포영역을 정확하게 분류하는 성능(TP)은 본 발명에 따른 방식이 훨씬 정확한 결과를 보여준다는 것을 알 수 있다. 결과적으로, 독립세포영역보다는 군집세포영역의 추출이 더욱 중요시 되므로 본 발명에 따른 결과는 그 성능이 우수하다.

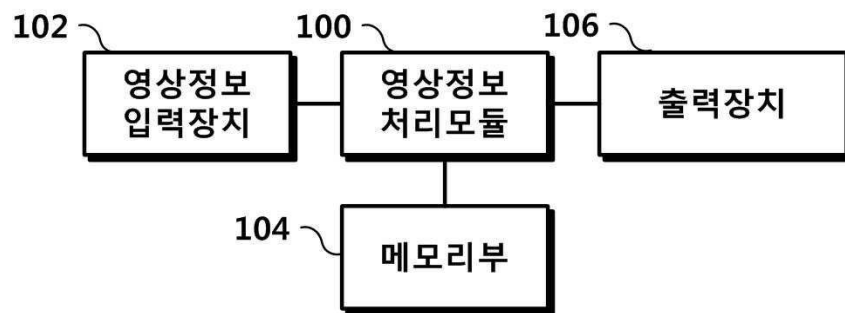
도 8은 베이지안 네트워크를 이용하여 군집세포영역이 분류된 결과를 보여준다.

도면의 간단한 설명

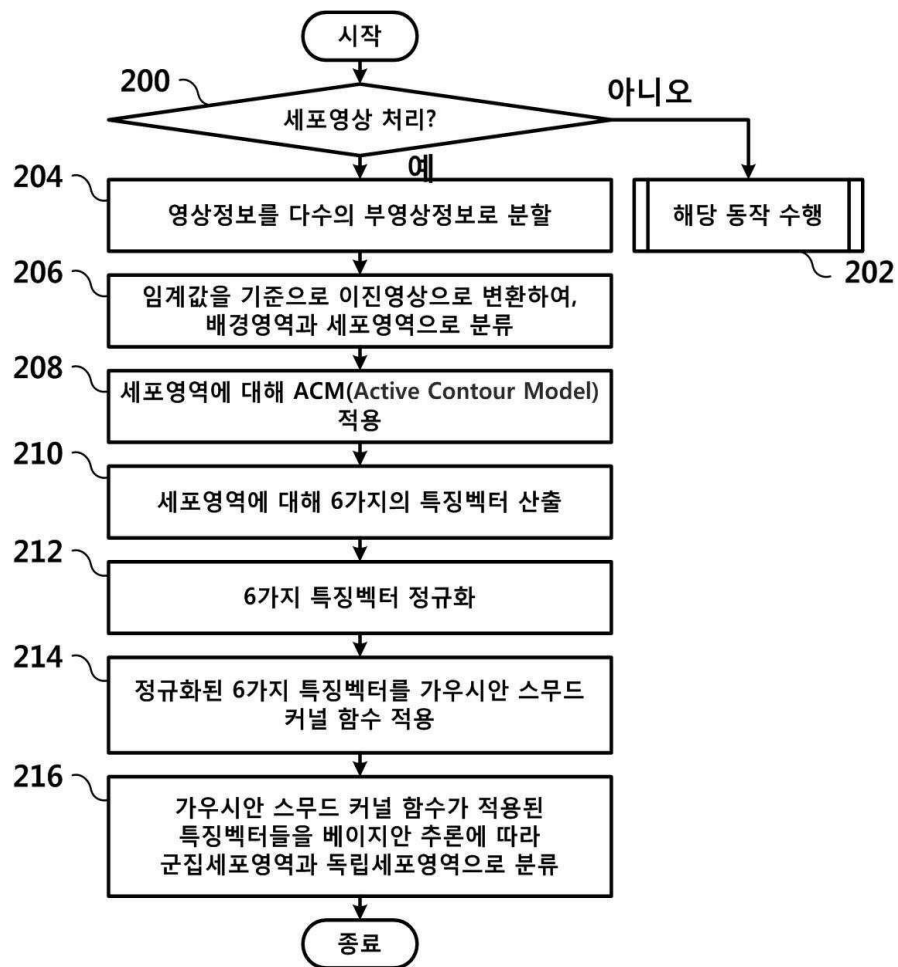
- [0056] 도 1은 본 발명의 바람직한 실시예에 따른 영상정보 처리장치의 구성도.
- [0057] 도 2는 본 발명의 바람직한 실시예에 따른 영상정보 처리방법의 흐름도.
- [0058] 도 3은 본 발명에 따른 영상정보 처리예를 도시한 도면.
- [0059] 도 4는 본 발명에 따른 특징벡터를 도시한 도면.
- [0060] 도 5는 본 발명에 따른 베이지안 네트워크 구성예를 도시한 도면.
- [0061] 도 6은 본 발명에 따른 베이지안 네트워크 상세예를 도시한 도면.
- [0062] 도 7은 본 발명에 따른 성능을 예시한 도면.
- [0063] 도 8은 본 발명에 따른 단일세포영역 및 군집세포영역 분류예를 도시한 도면.

도면

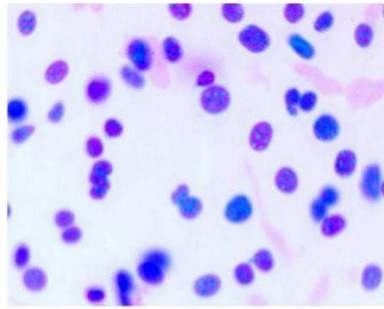
도면1



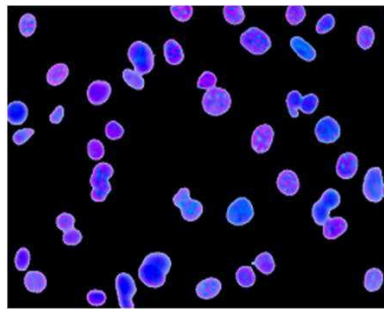
도면2



도면3

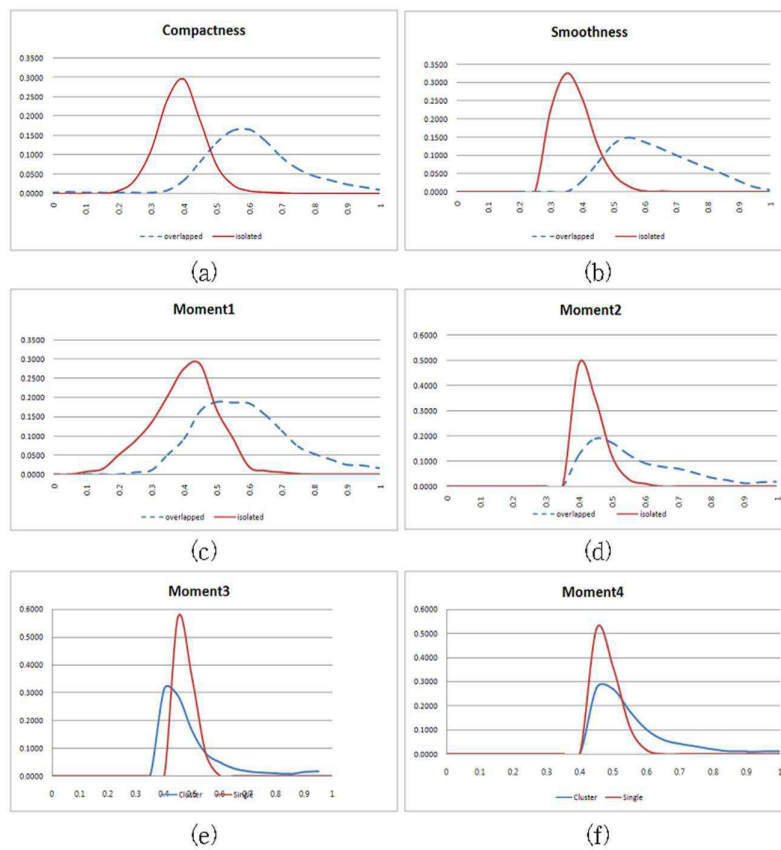


원 영상정보

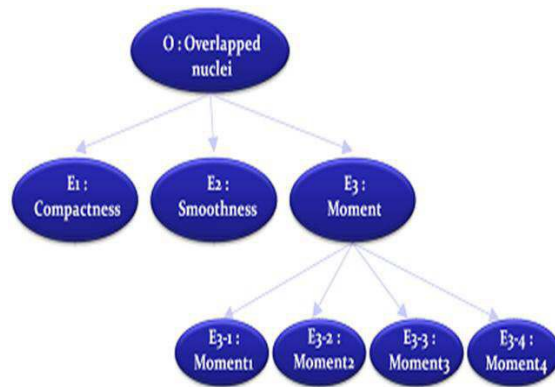


이진화후 ACM 적용된 영상정보

도면4



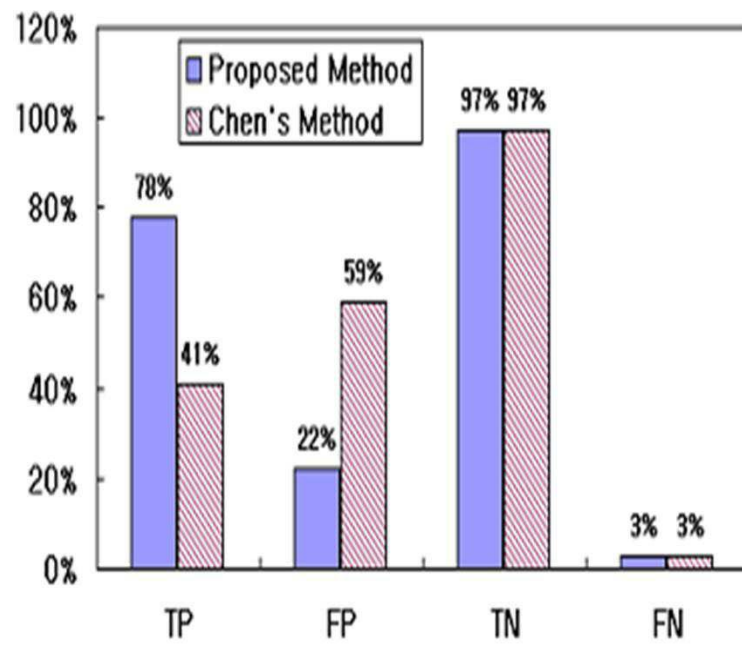
도면5



도면6

Node		Description
O		Overlapped nuclei
$\neg O$		Isolated nuclei
E_1		Compactness
E_2		Smoothness
E_3	Moment for overlapped nuclei	
	E_{3-1}	Moment1
	E_{3-2}	Moment2
	E_{3-3}	Moment3
	E_{3-4}	Moment4
$\neg E_3$		Moments for isolated nuclei

도면7



도면8

