

독립 속도 상태를 이용한 HP-ChainMail 연조직 시뮬레이션

권상민¹

김규원¹⁰

계희원^{2*}

한성대학교

¹{rnjstkdals01, dear.adore5}@gmail.com, ²kuei@hansung.ac.kr

Soft Tissue Simulation for HP-ChainMail Using an Independent Velocity State

Sangmin Kwon¹

Gyuwon Kim¹⁰

Heewon Kye^{2*}

Division of Computer Engineering, Hansung University

요약

의료 볼륨 데이터의 실시간 변형 시뮬레이션은 수술 훈련 환경의 사실감과 관련하여 오랫동안 논의되어 온 주제이다. 기존 3D ChainMail 기법은 대규모 데이터에 대해 빠른 제약 해소를 제공하지만, 기하학적 제약 투영 과정에서 물리적 운동과는 성격이 다르다. 이로 인해 입력 종료 시 변형이 즉각 정지하고, 조직별 동적 반응을 표현하기 어렵다는 한계가 있다. 본 연구에서는 이 점에 착안하여, 입자별 속도를 위치로부터 재계산하지 않고 독립 상태 변수로 분리 유지하는 구조를 시험적으로 구현하였다. 속도 갱신에는 위치 차이 대신, 동일 프레임 내 체인메일 전과 시작 직전과 완전 안정화 직후의 위치 차이를 제약 위반 해소량으로 사용하며, 변형량에 비례하는 비선형 점탄성 감쇠를 단순한 형태로 근사하였다. 본 기법은 기존 HP-ChainMail 솔버를 수정하지 않는 외부 모듈로 구현되며, 간단한 실험을 통해 관성 잔진동, 조직별 차등 반응, 프레임 간 연속적 거동이 어느 정도 재현됨을 관찰하였다.

Abstract

Real-time deformation of medical volume data has long been discussed in the context of surgical training simulation. Traditional 3D ChainMail methods offer fast constraint satisfaction for large datasets, but their propagation process is fundamentally geometric constraint projection rather than physically driven motion. As a result, deformation stops immediately upon input release, and tissue-specific dynamic responses are difficult to represent. Motivated by this observation, we explore a structure in which per-particle velocity is maintained as an independent state variable rather than being re-derived from positions. Instead of using inter-frame positional differences, the velocity is updated using the intra-frame displacement between the position just before ChainMail propagation and the position after full relaxation within the same frame. A simple non-linear viscoelastic damping approximation, proportional to deformation magnitude, is also incorporated. The approach is implemented as a non-intrusive outer module that leaves the underlying HP-ChainMail solver unmodified. In preliminary experiments, we observed that viscoelastic residual oscillations, tissue-specific differential responses, and temporally continuous dynamic behavior could be reproduced to a reasonable degree.

키워드: 연조직 동역학, 체인메일, 점탄성 감쇠, GPU 병렬 처리

Keywords: Soft Tissue Dynamics, 3DChainMail, Viscoelastic Damping, GPU Parallel Processing

*corresponding author: Heewon Kye / Division of Computer Engineering, Hansung University (kuei@hansung.ac.kr)

1. 서론

수술 시뮬레이션, 의료 교육, 환자별 수술 사전 검토 등의 임상 응용에서는 인체 조직의 변형 거동을 가상 환경에서 어느 정도 사실적으로 재현할 수 있는 시스템이 필요하다 [1]. 집도의가 화면 속 조직을 당겼을 때 피부가 먼저 늘어나고 그 아래의 근육이 뒤따라 변형되며, 손을 떼는 순간 조직이 점진적으로 원래 위치를 향해 복귀하는 일련의 동적 거동은 사용자가 가상 조직의 물리적 특성을 인지하는 데 중요한 요소로 여겨진다. 특히 환자 개인의 CT 또는 MRI 볼륨 데이터를 입력으로 활용하면 개인별 해부학적 이질성을 어느 정도 보존할 수 있어 [2], 볼륨 데이터 기반 변형 시뮬레이션은 임상적 관심을 받아 왔다 [3].

변형 시뮬레이션에서 물리적 정확성과 실시간 처리는 서로 상충하는 요구이다 [4]. 유한요소법(FEM) 기반 방법들은 연속체 역학 방정식을 이산화하여 비교적 정밀한 변형을 계산할 수 있으나 [5, 6], 수백만 복셀 규모의 볼륨 데이터에 대해 매 프레임 선형계를 구성하고 풀어야 하므로 실시간 처리에는 상당한 계산 비용이 따른다 [7]. 위치 기반 동역학(Position-Based Dynamics, PBD) [8] 및 그 확장인 XPBD [9]는 제약 조건을 직접 위치 보정으로 처리하여 연산 비용을 줄이면서도 속도 상태를 명시적으로 유지하여 관성 거동을 표현할 수 있다. 다만 볼륨 전체의 제약을 처리할 때 반복 연산 횟수가 늘어나는 경향이 있다. 체인메일(ChainMail) [10, 11, 12] 계열 방법은 격자 요소 간 국소적 거리 제약만을 순차적으로 검사하여 변형을 전파하는 구조로, 대규모 볼륨에 대해서도 비교적 가벼운 연산으로 변형을 처리할 수 있다.

다만 체인메일의 전파 과정은 물리적 힘을 적분하는 것이 아니라 인접 요소 간 거리 제약을 국소적으로 만족시키는 기하학적 투영(geometric constraint projection)에 가깝다. 따라서 프레임 간 위치 차이에는 제약 보정에 의한 이동이 포함되어 있어, 이를 물리적 속도로 취급하면 실제 운동과 무관한 성분이 운동량으로 오인될 수 있다 [13]. 이로 인해 체인메일은 속도나 관성 같은 동역학적 상태를 내부적으로 보존하지 않으며, 입력 종료 시 격자가 즉각 평형에 도달하여 점탄성 잔진동이나 동적 복귀 거동을 표현하기 어렵다.

이에 본 연구에서는 속도를 독립 상태 변수로 분리 유지하는 외피 구조를 제안한다. 속도 갱신에는 프레임 간 위치 차이 대신, 동일 프레임 내 체인메일 시작 직전 위치와 안정화 완료 직후 위치의 차이, 즉 순수한 기하학적 보정량을 사용한다. 또한 CT 밀도값에서 유도한 역질량을 도입하여 조직별 관성 응답을 차등화하고, 변위 크기에 비례하는 비선형 점탄성 감쇠를 결합한다 [14]. 이 구조는 기반 HP-ChainMail 솔버를 수정하지 않는 외부 모듈로 기존 GPU 파이프라인에 부착되는 형태로 동작한다.

본 연구의 주요 기여는 다음과 같다.

- 1) 독립 속도 기반 시간 적분 결합 구조: 동일 프레임 내 체인메일 보정량으로부터 독립적인 속도 상태를 갱신하여, 기반 모듈을 수정하지 않고 관성 연속성을 부여하는 구조를 구현하였다.
- 2) 역질량 기반 조직별 동적 차등: CT 밀도값을 역질량으로 해석하여, 공간적 제약 전파에 더해 시간에 따른 동적 응답의 조직별 차이를 표현한다.
- 3) 단계적 감쇠 구조 적용 및 분석: 단순 속도 유지 계수 방식과 변위 의존 비선형 점탄성 감쇠 방식을 단계적으로 적용하여, 의료 볼륨 환경에서 각 방식이 갖는 물리적 특성과 한계를 비교 분석한다.
- 4) 유휴 단계 시간적 연속성 확보: 기반 시스템의 변형 단계와 유휴 단계 처리 구조를 일관되게 연결하여, 사용자 입력이 종료된 후에도 시간 적분이 지속되어 잔진동이 자연스럽게 이어지도록 구현한다.

2. 관련연구

2.1 체인메일 계열 변형 알고리즘

체인메일은 Gibson [10]이 제안한 격자 단위 변형 알고리즘으로, 볼륨 데이터의 각 복셀을 독립된 입자로 취급하고 인접 입자 간 거리 및 전단 제약을 단계적으로 전파하여 변형을 결정한다. 각 입자가 하나의 기준 이웃에 대해서만 제약을 만족하도록 위치를 보정하더라도 격자 전체의 일관성이 유지된다는 점이 이 방법의 특징이며, 처리 비용이 영향받는 입자 수에 선형 비례하므로 요소 수가 많은 의료 볼륨에서도 실시간 처리가 가능하다.

Frisken-Gibson [15]은 이를 연결 볼륨 모델로 확장하여 충돌, 절단, 결합 기능을 추가하고, 전파 이후 잔여 제약 위반을 줄이기 위한 안정화(relaxation) 단계를 결합하여 변형의 안정성을 높였다. GPU 병렬화 측면에서는 Rodríguez et al.이 타임스텝 기반 전파를 GPU 환경에서 구현한 SP-ChainMail [11]을 제안하여 대형 의료 볼륨의 대화형 변형을 처리하였다. 이후 동일 연구팀은 각 요소의 밀도에 따라 전파 속도와 거리 및 전단 허용량을 다르게 부여하는 HP-ChainMail을 제시하였다 [12]. HP-ChainMail은 뼈, 근육, 피부, 공기 등 이질적인 조직이 공존하는 의료 볼륨에서 수백만 요소 규모의 실시간 변형을 처리할 수 있음을 보였다.

이상의 체인메일 계열 연구들은 대규모 볼륨에 대한 실시간 제약 처리 측면에서 발전을 이루어 왔으며 [16], 본 연구는 이 중 HP-ChainMail을 기반으로 삼아 그 위에 시간 적분 구조를 외피 형태로 결합한다.

2.2 위치 기반 동역학과 시간 적분

위치 기반 동역학(Position-Based Dynamics, PBD)은 Müller et al. [8]이 제안한 방법으로, 전통적인 힘 기반 적분 대신

제약 조건을 만족하도록 입자의 위치를 직접 보정하는 방식으로 변형을 표현한다. PBD의 시간 적분 구조는 외력에 의한 위치 예측, 제약 만족을 위한 위치 투영, 그리고 보정 전후 위치 차이로부터의 속도 역산이라는 세 단계로 구성된다. 이 구조는 명시적 적분에서 발생하기 쉬운 수치 불안정성을 회피하면서도 실시간 처리에 적합한 계산 비용을 가지며, 위치 보정을 수행하는 제약 해소 메커니즘의 종류와 무관하게 성립하는 일반성을 띤다[17, 18].

Macklin et al.[9]은 XPBD를 제안하여 PBD의 한계인 시간 스텝 의존적 강성 문제를 보완하였다. 라그랑주 승수와 유연성 매개변수를 도입함으로써 제약 강성을 반복 횟수 및 시간 스텝으로부터 분리하였으며, 예측-보정-속도 갱신의 시간 진화 골격은 PBD와 동일하게 유지된다. PBD 및 XPBD 구조는 수술 시뮬레이션 분야에서도 활용되어 왔으며[19], GPU 기반 대규모 입자 병렬 처리와 결합된 형태로도 발전하였다[20].

본 연구에서 주목하는 부분은 XPBD의 라그랑주 승수 기법 자체가 아니라, 제약 보정 단계와 시간 진화 단계를 분리하여 관리하는 구조적 골격이다. 본 연구에서는 이 골격에서 제약 투영 단계를 HP-ChainMail의 전과 및 안정화 과정으로 대체하였다. 단, 투영 후 위치 차이로 속도를 종속적으로 재계산하는 일반적인 PBD 방식과 달리, 단일 프레임 내에서 체인메일 연산 전후의 순수한 기하학적 위치 변화만을 추출하여 이를 독립적인 속도 상태에 누적하는 방식을 취한다. 이는 기하학적 제약 투영으로 인한 인위적 위치 이동이 물리적 속도로 오인되는 것을 방지하기 위함이며, 이러한 구분이 본 연구 설계의 출발점이 된다.

2.3 점탄성 감쇠 모델

인체 연조직은 순수 탄성체도 순수 점성체도 아닌 점탄성 특성을 가진다. 탄성은 변형 후 원래 형태로 복원하려는 성질이며, 점성은 변형 속도에 저항하는 성질이다. 점탄성 거동을 모델링하는 고전적 방법으로 Kelvin-Voigt 모델이 널리 활용된다[21]. 이 모델은 스프링과 댐퍼를 병렬 연결하여 탄성 복원력과 속도 비례 감쇠력을 동시에 표현하며, 외력 제거 후 지수적으로 원래 위치로 복원되는 거동을 모사한다.

Xu et al.[14]은 질량-스프링 댐퍼(Mass-Spring Damper, MSD) 모델과 PBD를 결합하여 연조직의 점탄성 거동을 실시간으로 모사하는 방법을 제안하였다. 이 연구에서 각 질량점에 작용하는 감쇠력(f_{damper})은 다음과 같이 정의된다.

$$f_{damper} = (b_0 + b_1 \| \dot{X}^t - X_0 \|) \dot{x}_i$$

여기서 b_0 는 속도에 비례하는 기본 감쇠계수, b_1 은 초기 위치 X_0 로부터의 변위 크기에 비례하는 변위 의존 감쇠계수, $\dot{x}_i$ 는 현재 속도이다. 이 수식의 핵심 특성은 변위가 클수록 감쇠가 강해지는 비선형성이다. 조직을 많이 늘릴수록

복원 저항이 강해지는 실제 연조직의 거동과 부합하며, 단순한 속도 비례 감쇠로는 표현할 수 없는 특성이다[14].

본 연구는 이 감쇠 수식을 체인메일 기반 시간 적분 구조에 통합하되, b_0 , b_1 은 전역 매개변수로 적용하고 조직별 차등은 역질량 기반 반응 계수를 통해 표현한다.

3. 기반 시스템 개요

본 연구의 기반 시스템인 HP-ChainMail은 볼륨 격자를 블록 단위(예: $8 \times 8 \times 8$)로 분할하고, 타임스텝 기반 전과와 이질적 재질 구조를 GPU 환경에서 병렬 처리하는 변형 시스템이다[12]. 각 격자 요소는 3차원 위치, 영상 기반 밀도, 그리고 도달 시각을 상태 변수로 가진다.

변형 전과 단계에서는 인접 요소 간 상대 변위가 재질별 거리 및 전단 허용량을 벗어나지 않도록 제한되며, 위반 시 최소한의 위치 보정만 수행한다. 각 요소의 도달 시각은 주변 요소의 도달 시각에 전과 시간 페널티를 더해 갱신되며, 페널티는 두 요소의 밀도 평균으로 계산된다. 단단한 조직일수록 작은 페널티를 가지므로 빠처럼 강성이 높은 영역에서는 변형이 빠르게 전달되고, 공기처럼 유연한 영역에서는 느리게 전달된다.

전과 완료 후에는 안정화 과정을 수행한다. 각 요소는 주변 6방향 인접 요소가 제안하는 위치를 가중 평균하여 최종 위치를 결정하며, 가중치는 각 이웃의 제약 허용량에 반비례한다. 이를 통해 단단한 조직은 형태를 강하게 유지하고 유연한 조직은 상대적으로 자유롭게 변형되는 조직별 특성이 유지된다.

본 연구에서는 HP-ChainMail의 내부 알고리즘을 수정하지 않고 블랙박스 형태로 취급하며, 동일 프레임 내 체인메일 연산 전후 위치 차이에서 순수한 기하학적 변위만을 추출하여 4장의 시간 적분 구조에 연계한다.

4. 외피 기반 속도 적분 및 점탄성 감쇠 구조

4.1 시스템 구조

제안하는 방법의 전체 구조는 Figure 1과 같다. 기반 시스템인 HP-ChainMail의 전과 및 안정화 전후로 동적 상태를 관리하기 위한 세 가지 외피 처리 과정이 추가된다. 구체적으로는 (1) 단일 프레임 내 체인메일 연산 전후의 순수 기하학적 보정량 추출, (2) 독립 상태 변수인 속도에 보정량 누적 및 점탄성 감쇠 적용, (3) 갱신된 속도를 통한 최종 위치 반영 및 다음 프레임을 위한 스냅샷 갱신으로 구성된다.

본 결합 구조의 시간 진화 흐름은 XPBD [9]의 예측-보정 골격을 참조하였으나, 속도를 처리하는 물리적 관점과 방식에서는 뚜렷한 차이를 둔다. 일반적으로 위치 투

영 이후의 위치 차이를 시간으로 나누어 속도를 역산하는 표준 방식과 달리, 본 구조에서는 HP-ChainMail이 제약 보정을 전달하도록 둔 뒤, 체인메일이 해당 프레임 내에서 유발한 기하학적 변위만을 추출하여 이를 별도로 분리 유지되는 속도 상태에 누적한다.

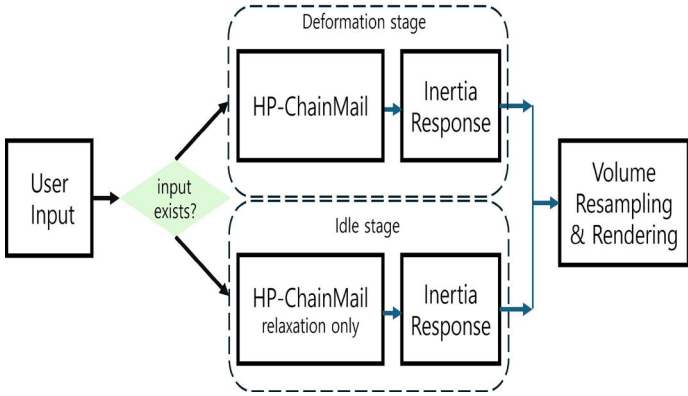


Figure 1. Flowchart of outer layer over the pipeline.

4.2 독립 속도 상태 누적

본 연구에서 속도 갱신의 입력으로 사용하는 위치 변화량 ΔX 는 프레임 간 위치 차이가 아니라, 동일 프레임 내에서 체인메일 전과가 시작되기 직전 위치 X^- 와 전과 및 안정화가 완전히 완료된 직후 위치 X^+ 의 차이로 정의된다.

$$\Delta X = X^+ - X^-$$

여기서 X^- 는 해당 프레임에서 체인메일 연산이 수행되기 전, 즉 이전 프레임의 관성 적용까지 마친 직후의 위치이며, X^+ 는 전과와 안정화 단계가 모두 종료된 이후의 위치이다. 따라서 ΔX 는 해당 프레임에서 체인메일이 수행한 순수한 기하학적 보정량만을 담는다. 이 방식을 선택한 이유는 서론에서 언급한 체인메일의 특성과 직접 연결된다. 체인메일의 전과 과정은 기하학적 제약 투영에 해당하므로, 프레임 간 위치 차이를 그대로 속도 입력으로 사용하면 제약 보정에 의한 이동과 실제 운동에 의한 이동이 구분되지 않는다. 반면 동일 프레임 내 전후 위치 차이는 해당 프레임의 보정량만을 분리하여 추출하므로, 이를 속도 상태에 누적하는 것이 물리적으로 더 일관된 처리 방식이다.

다만 안정화 이후에도 미세한 수치 오차가 ΔX 에 남을 수 있다. 이러한 오차가 유효한 보정량으로 해석되어 속도에 누적되면, 외부 입력이 없는 상황에서도 조직이 특정 방향으로 천천히 이동하는 표류 현상이 발생할 수 있다. 이를 방지하기 위해 ΔX 의 크기가 임계값(1×10^{-3}) 미만인 경우에는 해당 값을 0으로 처리하는 불감대(dead zone)를 적용한다.

이렇게 도출된 ΔX 는 속도 상태를 덮어쓰는 것이 아니라, 이전까지 누적된 속도 상태에 더해지는 방식으로 처리된다.

$$V_t = V_{t-1} + s \Delta X_t$$

이 누적 구조가 갖는 의미는 다음과 같다. 체인메일은 위치 수렴 기반 구조이므로 외력이 제거되면 요소들이 빠르게 평형으로 복귀하는 경향이 있으며, 만약 ΔX 로 속도를 매 프레임 재설정한다면 외력 제거 직후 보정량이 급격히 줄어들면서 속도도 함께 소실되어 잔진동 없이 즉각 정지하게 된다. 반면 누적 구조에서는 이전 프레임까지 쌓인 속도 상태가 유지되므로, 체인메일의 강한 수렴 특성 아래에서도 관성에 의한 오버슈트와 잔진동이 표현될 수 있다.

s 는 각 요소의 역질량을 정규화한 조직별 반응 계수로, 일정 범위 내로 제한하여 사용한다.

또한 CT 영상의 하운즈필드 단위(HU) 기반 밀도 임계값으로 분류된 조직군에 따라 차등 부여되며, 동일한 ΔX 가 발생하더라도 조직 유형에 따라 서로 다른 크기의 속도가 누적되도록 한다. 즉 역질량이 0인 요소, 즉 뼈 조직으로 분류된 요소에 대해서는 속도를 0으로 강제하고 이후 동역학 계산을 수행하지 않음으로써, 변형 과정에서 골격 구조의 강체 특성을 유지한다.

4.3 속도 감쇠 적용 단계 - 단순 속도 유지 방식

4.2절에서 설명한 바와 같이 관성을 부여하기 위해 생성된 속도 에너지가 소산 과정 없이 누적될 경우, 시간이 지남에 따라 시뮬레이션이 점차 불안정해지며 속도가 불안정하게 증폭한다. 이를 해결하기 위해 가장 단순한 방법은 속도 유지 계수 $\alpha \in [0, 1]$ 를 이용하여 이전 프레임의 속도를 일정 비율만큼 보존하는 것이다. 단순 감쇠가 적용된 속도 V_t 갱신은 다음과 같이 정의된다.

$$V_t = \alpha V_{t-1} + s \Delta X_t$$

여기서 V_{t-1} 은 이전 프레임의 속도이며, ΔX_t 는 현재 프레임에서 계산된 위치 변화량을 의미한다. 이 구조는 관성 구현을 위해 이전 프레임의 속도를 현재의 보정량에 계속 더하는 형태를 띠지만, 매 프레임 이전 속도의 α 배만을 유지하고 나머지는 소산 시킴으로써, 오래된 과거의 위치 변화량일수록 0에 수렴한다.

예를 들어 $\alpha = 0.85$ 로 설정할 경우, 외부 입력이 없는 상황에서 속도는 매 프레임 약 15%씩 감소하게 되며, 변형 입력 종료 이후 수 프레임 내에 자연스럽게 감쇠된다. 이 방식은 구현이 매우 단순하며, 단일 매개변수 α 만으로 전체 시스템의 감쇠 특성을 제어할 수 있다.

그러나 이러한 단순 감쇠 방식은 감쇠가 오직 시간에만 의존한다. 즉, 조직이 매우 작은 변형을 받았는지 혹은 큰 변형을 받았는지와 관계없이 동일한 비율의 감쇠가 적용되므로, 실제 연조직에서 관찰되는 강하게 변형될수록 더 빠르게 복원되는 비선형적 복원 특성을 표현하기 어렵다. 이를 개선하기 위해 본 연구에서는 변위 크기에 따라 감쇠 강도가 동적으로 변화하는 점탄성 감쇠 구조를 추가적으로 도입하였다.

4.4 점탄성 감쇠 단계 - 변위 의존 비선형 감쇠

본 연구에서는 단순 선형 감쇠의 한계를 해결하고 실제 연조직의 비선형 복원 특성을 반영하기 위해 변위 의존형 점탄성 감쇠 모델을 적용하였다. 일반적으로 감쇠를 명시적 형태로 적용할 경우, 감쇠계수가 커지는 상황에서 속도의 부호가 반전되거나 값이 발산하는 수치적 불안정성이 발생할 수 있다. 본 연구에서는 이러한 문제를 방지하기 위해 감쇠 연산을 나눗셈 기반의 암묵적인 형태로 재구성하였으며, 전체 과정은 예측 속도 계산, 동적 감쇠계수 산출, 그리고 암묵적 감쇠 적용의 세 단계로 수행된다. 먼저 감쇠가 적용되기 전의 예측 속도($\tilde{V}_t$)를 산출한다. 이는 직전 프레임의 속도(V_{t-1})를 그대로 유지한 상태에서 현재 프레임의 조직별 속도($s \Delta X_t$)를 누적하는 방식으로 정의된다.

$$\tilde{V}_t = V_{t-1} + s \Delta X_t$$

다음 단계에서는 현재 위치와 휴지 위치 사이의 변위를 이용하여 동적 감쇠계수를 계산한다. 기존 MSD 기반 점탄성 모델에서는 감쇠계수를 속도와 곱하여 감쇠력 형태로 구성한 뒤 이를 시간 적분을 통해 속도에 반영한다[14]. 그러나 본 연구에서는 감쇠력을 명시적으로 적분하는 대신, 속도 상태 자체를 직접 안정화하는 암묵적 속도 감쇠 구조를 적용하였다. 휴지 위치 X_0 는 초기화 시점에서 한 번 저장되는 기준 위치이며, 감쇠계수는 기본 감쇠계수 b_0 와 변위 의존 감쇠계수 b_1 으로 구성된다. 두 계수는 전체 조직에 공통으로 적용되는 전역 매개변수이며, 조직별 동적 응답의 차등은 감쇠계수가 아니라 역질량 기반 반응 계수 s 를 통해 이루어진다. 공기 영역은 변위에 따른 복원 저항이 없으므로 b_1 을 0으로 설정한다. 산출된 감쇠계수를 기반으로 속도는 암묵적 감쇠 형태를 통해 계산된다.

$$V_t = \frac{\tilde{V}_t}{1 + b_0 + b_1 \|X_t - X_0\|}$$

이와 같은 암묵적 감쇠 구조는 여러 가지 수치적 안정성을 제공한다. 우선 $b_0, b_1 \in [0, 1]$ 이며 변위 크기 또한 항상 양수이므로 분모 $(1 + d_i)$ 는 항상 1보다 크게 유지되어, 누적된 임시 속도($\tilde{V}_t$)가 무한히 발산하는 현상이 발생하지 않는다. 또한 분모가 항상 양수이므로 감쇠 이후의 속도 방향이 예측 속도의 방향과 일치하게 되어, 감쇠 과정에서 속도의 방향이 반전되는 현상 또한 방지한다.

조직이 휴지 위치에서 멀어질수록 변위 항이 증가하여 감쇠계수도 함께 증가하므로, 큰 변형이 발생할수록 더 강한 복원 저항이 작용한다. 감쇠 이후 계산된 속도는 과도한 수치 반응을 방지하기 위해 방향은 유지한 채 크기만 제한하는 상한을 적용하였으며, GPU 환경에서는 제공된 연산 대신 하드웨어 기반 역제곱근 연산을 활용하여 연산 비용을 줄였다.

4.5 조직별 차등 반응 구조

제안 기법에서 각 조직의 동적 반응은 서로 독립적인 두 가지 차등 메커니즘의 결합을 통해 결정된다. 첫 번째 축은 기반 시스템의 전파 단계에서 발생하는 도달 시각의 차등이다. 단단한 매질에서 충격이 더 빠르게 전달되는 물리적 직관에 따라, 뼈나 근육과 같은 단단한 조직은 전파가 빠르게 진행되어 기하학적 제약 보정이 우선적으로 이루어지며, 피부나 공기와 같은 유연한 영역은 전파가 상대적으로 느리게 도달한다. 이러한 구조를 통해 변형의 공간적 전달 순서 자체가 조직 특성에 따라 차등화된다[12].

두 번째 축은 본 연구가 제안하는 시간 적분 단계에서의 조직별 관성 응답 차등이다. 동일한 위치 변화가 발생하더라도 조직의 역질량 기반 반응 계수에 따라 생성되는 속도의 크기가 달라지며, 가벼운 조직은 더 큰 운동 응답을, 무거운 조직은 상대적으로 작은 운동 응답을 갖도록 구성하였다. 또한 속도 기반 동적 응답이 실제 위치 변화에 반영되는 정도는 전역 관성 반응 계수를 통해 조절된다.

이러한 두 축이 결합하면 단단한 내부 골격이 변형의 공간적 구조를 신속히 확정하는 동안, 그 위의 유연한 외피가 더 큰 진폭으로 출렁이는 의도 볼륨 특유의 자연스러운 계층적 거동이 도출된다. 첫 번째 축만으로는 공간적 전달 순서의 차이만 표현되며, 두 번째 축만으로는 전파 시점 차이 없이 운동 응답의 크기만 달라지므로, 두 축을 독립적으로 결합함으로써 공간적 전달 순서와 운동 응답 크기를 함께 조직 특성에 따라 다르게 표현할 수 있다.

또한 안정화 단계에서도 조직별 제약 허용량의 역수가 가중치로 사용되어 추가적인 공간적 차등을 유도한다. 즉, 변형 허용량이 매우 작은 뼈 조직은 이웃 요소의 위치 결정 과정에 강한 영향을 미치는 반면, 변형이 자유로운 공기 영역은 상대적으로 작은 영향만을 가지게 된다. 이로 인해 전체 전파 과정에서도 조직별 공간적 계층 구조가 자연스럽게 유지된다.

차등 반응을 시스템에 구현하기 위해, 각 격자 요소의 CT 밀도(HU)를 기준으로 전체 영역을 공기, 피부 및 지방, 근육 및 장기, 뼈 네 가지 조직군으로 분류하였다. 각 조직군의 밀도 임계값과 역질량 계수는 사용자 조절이 가능하도록 구성하였으며, 이를 통해 서로 다른 의료 영상 데이터와 원하는 조직 반응 특성에 따라 동적 응답을 유연하게 제어할 수 있도록 하였다.

본 연구의 최종 동적 구조에서 조직별 차등은 주로 역질량 기반 관성 응답 계수를 통해 형성되며, 점탄성 감쇠는 전체 조직에 공통적으로 적용되는 변형 기반 안정화 메커니즘으로 작동한다. 즉, 많이 변형된 영역일수록 더 강한 감쇠가 적용되어 과도한 진동과 수치적 불안정을 억제하며, 동시에 조직 간 상대적인 운동 응답 차이는 유지되도록 구성하였다.

예를 들어, 피부 및 지방 조직은 상대적으로 큰 역질량 기반 반응 계수를 가지므로 외부 입력에 대해 더 쉽게 가속되며, 변형 이후에도 유연한 출력임이 오래 유지된다. 근육 및 장기는 이보다 작은 역질량 값을 가지므로 속도 생성이 억제되어 변형 이후 비교적 빠르게 안정적인 형상으로 복귀한다. 뼈 조직으로 분류된 요소는 4.2절에서 설명한 바와 같이 역질량이 0으로 설정되어 동역학 계산 자체가 수행되지 않으며, 변형 과정에서 형태가 고정된 상태로 유지된다.

5. 구현

본 절은 4장 알고리즘의 병렬 연산 구현을 기술한다. 기반 시스템의 전파·안정화 연산은 수정 없이 사용하며, 본 연구에서 새로 추가한 GPU 구조만을 설명한다.

5.1 추가 GPU 자료구조

본 연구의 외피 기반 시간 적분 및 비선형 점탄성 감쇠를 구현하기 위해 세 가지 핵심 데이터를 전체 격자 요소 수만큼 GPU 전역 메모리에 추가 할당하여 관리한다. 첫째, 체인 메일 전 위치 버퍼는 해당 프레임에서 전파 및 안정화 연산이 시작되기 직전 위치 X^- 를 보관한다. 변형 단계와 유틸 단계 모두에서, 체인메일 연산이 호출되기 직전에 현재 요소 위치를 이 버퍼에 기록한다. 관성 커널에서 프레임 내 보정량 $\Delta X = X^+ - X^-$ 를 계산할 때 기준점으로 읽힌다. 둘째, 프레임 종료 위치 버퍼는 매 프레임의 모든 처리, 즉 전파, 안정화, 관성 적용, 경계 클램프가 완료된 직후 최종 위치를 기록한다. 이 버퍼는 프레임 종료 시점에 갱신되며, 다음 프레임의 시작 위치 X_{t+1} 로 사용된다. 셋째, 휴지 위치 버퍼는 시뮬레이션 초기화 시점에 단 한 번 기록되며 이후 갱신되지 않는 각 요소의 초기 위치를 보관한다. 점탄성 감쇠 계산에서 현재 위치와 초기 위치 사이의 변위 크기 $X_t - X_0$ 를 산출할 때 참조되며, 속도 상태 V_t 는 별도로 버퍼가 아니라 각 격자 요소 속성의 일부로 저장되어 프레임 간에 유지된다.

5.2 프레임 처리 파이프라인

<Table 1> 과 같이 변형 단계와 유틸 단계는 동일한 외피 구조 안에서 처리되며, 두 단계 모두 아래의 순서를 따른다. 변형 단계에서는 먼저 체인메일 연산 직전 위치를 체인메일 전 위치 버퍼에 기록한다. 이어서 사용자 입력에 따라 초기 변형점 요소에 변형 그래디언트를 적용한 뒤, 체인메일 전파 및 안정화를 수행한다. 안정화가 완료된 시점의 요소 위치가 X^+ 에 해당한다. 이후 관성 커널을 통해 ΔX 를 계산하고 속도를 갱신하여 위치에 반영한다. 다음으로 경계 클램프를 적용하고, 마지막으로 최종 위치를 프레임 종료 위치 버퍼에 기록한다.

<Table 1> Proposed Algorithm.

Algorithm 1. simulation loop

Input: $G = \{X_t, V_{t-1}, X_0, m^{-1}\}$

Output: $G' = \{X_{t+1}, V_t\}$

```

1:  $X^- \leftarrow X_t$   $\triangleright$  pre-chainmail position
2: Deformation Stage
3: if deformation input exists then
4:   propagate, relax ChainMail constraints
5: else
6:   relax only
7: end if
8:  $X^+ \leftarrow X_t$   $\triangleright$  post-ChainMail position
9: Inertia Response Stage
10: for each element  $i$  do
11:   if  $m_i^{-1} \leq 0$  then  $V_t = 0$  continue end if
12:    $\Delta X_t = X^+ - X^-$ 
13:   compute normalized tissue response scale  $s$  from  $m^{-1}$ 
14:   if viscoelastic damping is enabled then
15:      $\tilde{V}_t = V_{t-1} + s \Delta X_t$ 
16:      $V_t = \frac{\tilde{V}_t}{1 + b_0 + b_1 \|X_t - X_0\|}$ 
17:   else
18:      $V_t = \alpha V_{t-1} + s \Delta X_t$ 
19:   end if
20:   clamp velocity magnitude
21: end for
22: Position Update Stage
23: for each element  $i$  do
24:    $X_{t+1} = X_t + \beta_\rho V_t$ 
25: end for
26: update previous-position buffer
27: return  $G'$ 

```

유틸 단계에서는 체인메일 보정 전 위치를 먼저 기록한 뒤, 전파 없이 안정화만 수행하고 이후 관성 커널, 경계 클램프, 프레임 종료 위치 기록 순으로 처리한다. 전파를 생략하는 것은 잔진동 형성과 직접 관련된 설계 선택이다. 관성 커널에 의해 위치가 미세하게 갱신된 상태에서 전파가 수행되면 해당 이동이 새로운 제약 위반으로 인식되어 즉각 상쇄되며, 이 상쇄가 반복되면 변형 단계에서 축적된 속도가 매 프레임 소거되어 잔진동이 형성되지 않는다. 전파를 생략함으로써 축적된 속도가 자연 감쇠하면서 점차 소멸하는 잔진동이 유틸 단계에서도 시간적으로 연속되어 이어진다.

5.3 추가 연산 모듈 구성

제안 기법은 실시간 성능을 극대화하기 위해 전체 격자

요소를 1차원 인덱스 기반으로 일괄 병렬 처리하는 네 가지 주요 연산 모듈로 구성된다. 먼저 위치 스냅샷 모듈은 각 요소의 현재 위치를 앞서 언급한 직전 위치 또는 초기 위치 보관 공간에 복사하는 역할을 수행한다. 다음으로 동역학 결합 모듈은 속도 생성, 점탄성 감쇠, 위치 반영 연산을 단일 병렬 모듈로 통합 처리하며, 각 병렬 연산 단위가 자신이 담당하는 격자의 밀도값을 평가하여 조직을 분류한 뒤 알맞은 매개변수를 적용한다.

이와 함께 구동되는 경계 제한 모듈은 산출된 속도가 위치에 반영되는 과정에서 강한 관성으로 인해 일부 요소가 3차원 격자의 유효 공간 범위를 이탈하는 것을 방지하고자 사용자 정의 여유값을 포함한 지정 범위 내로 위치를 제한한다. 마지막으로 조직별 역질량 초기화 모듈은 의료 영상의 밀도 필드를 기준으로 전체 요소를 여러 조직군으로 분류하고 각 요소 속성에 대응하는 역질량 값을 기록하며, 이는 초기화 시점이나 사용자 설정 변경 시에만 제한적으로 수행된다.

6. 실험 및 결과

6.1 실험 환경

본 실험은 Intel Core i7 프로세서, 64GB 시스템 메모리, 그리고 NVIDIA RTX 4070 (12GB VRAM) 그래픽 처리 장치가 탑재된 운영체제(Windows 11) 환경에서 수행되었으며, 병렬 처리 알고리즘 구현을 위해 CUDA 11.8 및 Microsoft Visual Studio 2019 (MSVC v142) 컴파일러를 사용하였다.

실험에 사용된 데이터는 익명화된 복부 CT 볼륨이며, 체인메일 입자의 수는 원본 해상도(512×512×300)의 각 축을 4배 다운샘플링하여 약 120만 개(128×128×75, 총 1,228,800개)의 격자 요소로 구성하였다. 병렬 처리 블록 크기는 8×8×8로 설정하였다. 공기, 피부, 근육, 뼈 영역에 대한 조직 분류를 위한 밀도 임계값은 Hounsfield Unit [-1000, 25, 375]로 설정하였다. 해당 임계값은 사용자 조절이 가능하도록 구현되었으며, 본 실험에서는 위 기준을 공통적으로 적용하였다.

6.2 정성 평가

Figure 2는 세 조건(A: ChainMail only, B: Inertia + Normal damping, C: Inertia + Viscoelastic damping)에 대해 동일한 입력 조건에서의 시뮬레이션 거동을 비교한 결과를 보여준다. 조건 A는 동역학 연산이 배제된 기반 시스템 체인메일 거동 환경으로, 사용자 변형 입력 중에는 격자가 입력을 따라 즉각적으로 변형되지만 입력 종료와 동시에 체인메일 안정화가 완료되면 모든 요소가 평형 상태에 도달하여 거동이 정지하였다. 따라서 관성에 의한 잔진동이나 조직 간 동적 반응 차이는 거의 관찰되지 않았으며, 외력 제거 이후에도 변형 상태가 즉시 안정화되는 특성을 보였다.

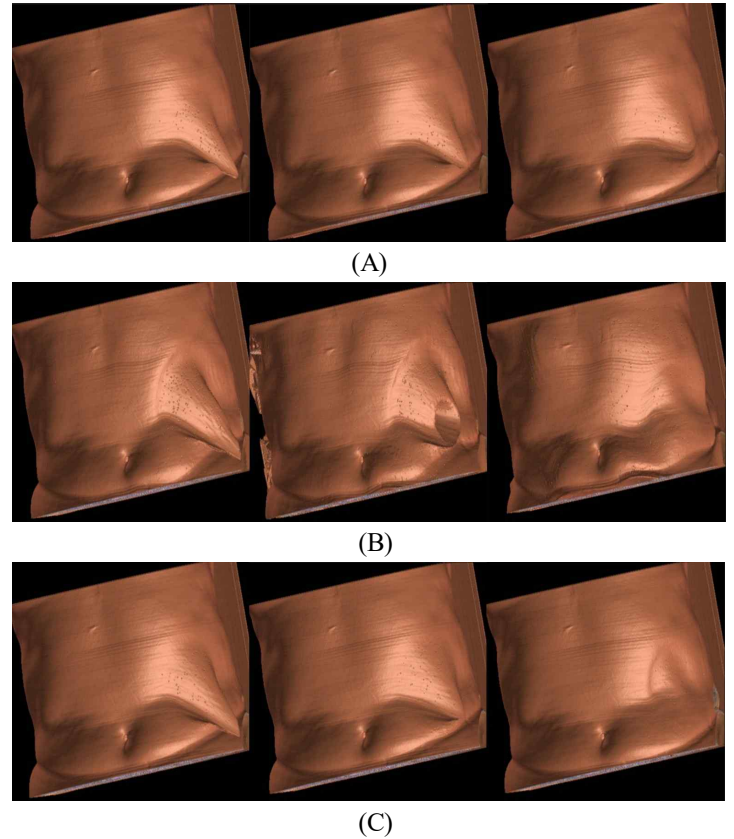


Figure 2. Qualitative comparison of deformation behavior under different dynamic conditions.

반면 조건 B에서는 외피 기반 속도 적분과 상수 기반의 단순 선형 감쇠가 적용되어 변형 종료 이후 수 프레임 동안 잔진동이 발생하였다. 특히 공기 및 피부 영역은 근육 및 뼈 영역보다 상대적으로 큰 진폭을 보였으며, 이는 조직별 역질량 및 관성 이득 차등 적용에 따른 결과로 해석된다. 그러나 감쇠 강도가 변위 크기와 무관하게 일정하게 유지되기 때문에 큰 변형 이후에도 전역적인 출렁임이 장시간 지속되는 경향이 나타났으며, 피부 및 연조직 영역에서는 비교적 큰 진폭의 반복 진동이 유지되어 실제 연조직의 국소 감쇠 특성과 차이가 관찰되었다.

조건 C에서는 속도 적분과 함께 본 연구에서 제안하는 비선형 점탄성 감쇠 모델을 적용하였다. 그 결과 조건 B에서 나타난 과도한 전역 진동이 유의하게 감소하였으며, 큰 변형 직후에는 조건 B 대비 진폭이 억제되는 경향이 나타났다. 조직별 역질량 차등 적용에 따라 공기 및 피부 영역은 상대적으로 부드럽고 지속적인 운동을 유지하는 반면, 뼈 영역은 외력 제거 직후 거의 즉각적으로 정지하는 계층적 동적 거동이 확인되었다. 이러한 결과는 제안하는 점탄성 감쇠 모델이 단순 선형 감쇠 대비 과도한 전역 진동을 억제하면서도 조직별 차등 반응과 국소적인 연조직 운동 특성을 보다 안정적으로 표현할 수 있음을 보인다.

6.3 정량 평가

6.3.1 속도 감쇠 특성 분석

세 조건 간 동역학적 응답의 차이를 정량적으로 확인하기 위해, 단일 변형 입력을 적용한 후 외력 제거 이후 120프레임 동안의 자유 감쇠 응답을 측정하여 조건별 속도 변화를 비교하였다.

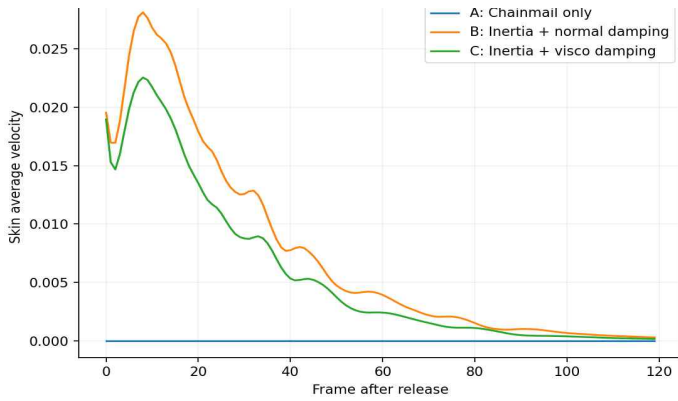


Figure 3. Average velocity decay of the skin region after external force release for each condition (A: ChainMail only, B: Inertia + Normal damping, C: Inertia + Viscoelastic damping).

Figure 3은 세 조건에서 외력 제거 이후 피부 영역의 평균 속도 감쇠 곡선을 비교한 결과이다. 속도는 매 프레임별로 각 체인메일 입자들이 몇 격자 크기만큼 이동한 것인지를 평균을 측정한 것이다. 초기 몇 프레임에서는 조직 전반으로 이동이 확산되어 입자들의 평균 속도가 증가하다가 이후 안정화 되는 그래프를 확인할 수 있다.

조건 A는 관성 연산이 수행되지 않으므로 외력 제거 직후 속도 응답이 발생하지 않아 전 구간에 걸쳐 0에 근접한 값을 유지하였다. 조건 B의 감쇠 곡선은 120프레임 관측 구간 전반에 걸쳐 비교적 높은 진폭이 유지되며 뚜렷한 수렴 경향을 보이지 않았으며, 조건 B와 조건 C는 동일한 입력을 받으므로 시간적 패턴은 유사하게 나타났으나, 조건 C는 피부 영역 최대 속도 기준으로 약 0.023로 측정되어 조건 B의 약 0.028 대비 낮게 나타났다.

Figure 4는 조건 C에서 외력 제거 이후 조직별 평균 속도 감쇠 곡선을 비교한 결과이다. 피부 영역은 관측 구간 전반에 걸쳐 가장 높은 속도를 유지하였으며, 초기 최고점 이후에도 진동이 지속되는 경향을 보였다. 근육 영역은 피부 대비 현저히 낮은 속도 수준에서 시작하여 완만하게 감쇠되었다. 뼈 영역은 전 구간에 걸쳐 속도가 0에 근접하여 동적 응답이 거의 발생하지 않았으며, 이러한 피부, 근육, 뼈 순의 계층적 응답 차이는 밀도 기반 조직 분류와 조직별 역질량 차등 설정이 동적 응답에 반영된 결과로 볼 수 있다.

종합적으로, 단순 선형 감쇠 기반의 조건 B는 과도한 전역 진동과 긴 잔진동을 유발하는 반면, 점탄성 감쇠 기반 조건 C는 초기 진폭과 누적 운동 에너지를 억제하면서도 조직별 차등 동적 반응이 유지되는 경향을 관찰하였다.

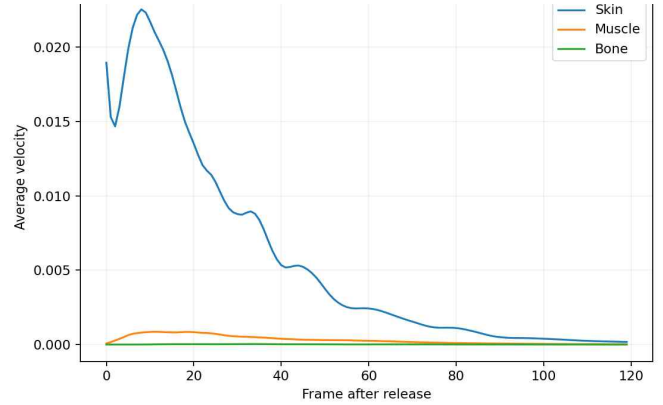


Figure 4. Tissue-wise average velocity decay curves after external force release under condition C (Inertia + Viscoelastic damping).

6.3.2 조직별 차등 반응 분석

본 연구에서 제안하는 구조는 CT 밀도 기반으로 조직을 분류하고 조직별로 역질량 값을 차등 부여하여, 동일한 체인메일 보정량이 발생하더라도 조직에 따라 서로 다른 크기의 속도가 생성되도록 설계되어 있다. 본 절에서는 이 설계가 실제 동역학 응답에 반영되는지를 확인하기 위해, 조건 C에서 외력 제거 이후 조직별 속도 응답을 측정하였다.

측정 항목은 세 가지이다. 초기 속도(Initial Velocity)는 외력 제거 직후 첫 프레임에서의 평균 속도로, 각 조직이 관성 구조로부터 얼마나 즉각적인 운동 응답을 받는지를 나타낸다. 최대 속도(Peak Velocity)는 관측 구간 내 최대 평균 속도로, 각 조직이 도달하는 운동 응답의 상한을 나타낸다. 누적 운동량(AUC)은 120프레임 관측 구간 동안의 평균 속도를 프레임 수에 대해 적분한 값으로, 각 조직이 외력 제거 이후 얼마나 오랫동안 얼마나 큰 운동을 유지하는지를 종합적으로 나타낸다.

단, 뼈 영역은 실제 운용 조건에서 역질량이 0으로 설정되어 동역학 계산에서 제외되나, 본 실험에서는 조직 간 응답 차등을 정량적으로 비교하기 위해 0에 근사하는 매우 작은 역질량 값을 부여하여 측정을 수행하였다.

세 항목 모두에서 피부, 근육, 뼈 순으로 응답이 감소하는 계층 관계가 일관되게 나타났다. 피부는 초기 속도 0.018949, 최대 속도 0.022538, AUC 0.692066로 가장 큰 운동 응답을 보였으며, Figure 4에서 확인할 수 있듯이 관측 구간 전반에 걸쳐 진동이 지속되었다. 근육 및 장기는 초기 속도 0.000069로 피부 대비 현저히 낮은 응답을 보였으나, 최대 속

도 0.000856에서 확인되듯 일정 수준의 운동이 발생하였다가 빠르게 감소되었다. 뼈는 초기 속도와 AUC 모두 0에 근접하여 관측 구간 전반에 걸쳐 동적 응답이 거의 발생하지 않았다. 이는 뼈 조직으로 분류된 요소의 역질량이 0으로 설정되어 동역학 계산에서 제외되는 설계와 일치하는 결과이다.

Table 2. Tissue-wise differential response under Condition C.

Tissue	Initial Velocity	Peak Velocity	AUC
Skin	0.018949	0.022538	0.692066
Muscle & Organ	0.000069	0.000856	0.037053
Bone	0.000000	0.000030	0.001233

이러한 결과는 CT 밀도 기반 조직 분류와 역질량 차등 설정이 조직별 운동 응답 크기를 실제로 다르게 형성함을 보여준다. 다만 본 결과는 시뮬레이션 내부의 상대 비교이며, 실제 생체 조직의 역학 데이터와 직접 대조한 검증은 수행되지 않았다.

6.4 성능 및 민감도 분석

6.4.1 성능 평가

Table 3. Average kernel execution time per condition.

Condition	ChainMail (ms)	Inertia (ms)	Snapshot (ms)	SimTotal (ms)
A	2.03	0.00	0.611	2.64
B	2.03	0.59	0.607	3.23
C	1.93	0.62	0.602	3.15

제안한 외피 구조가 실시간 처리 성능에 미치는 영향을 확인하기 위해, 세 조건에서 프레임별 단계별 처리 시간을 측정하였다. 체인메일 단계(전파 및 안정화), 관성 연산 단계, 위치 스냅샷 단계의 평균 처리 시간과 시뮬레이션 단계 합계(SimTotal)를 Table 3에 정리하였다.

체인메일 단계는 세 조건에서 1.93~2.03 ms로 유사한 수준을 유지하였으며, 위치 스냅샷 단계 역시 약 0.6 ms로 조건 간 차이가 거의 없었다. 관성 커널이 추가되는 조건 B와 C에서는 조건 A 대비 시뮬레이션 단계 합계가 약 0.5 ms 증가하였으며, 이는 관성 커널 처리 시간에 해당한다. 조건 B와 C의 시뮬레이션 단계 합계는 유사한 수준으로, 점탄성

감쇠 연산이 추가됨에도 전체 처리 비용에 미치는 영향은 미미하였다.

관성 및 점탄성 감쇠 연산은 전체 격자 요소를 1차원 인덱스 기반으로 처리하는 단순한 병렬 구조로 구현되어 있어, 블록 단위 공유 메모리 접근이 수반되는 체인메일 단계에 비해 상대적으로 낮은 연산 비용을 유지한다. 이러한 구조적 특성이 추가 연산에도 불구하고 전체 성능 저하가 제한적으로 나타나는 주된 이유로 볼 수 있다.

이상의 결과로부터, 제안한 외피 기반 관성 및 점탄성 감쇠 구조는 기반 시스템의 실시간 처리 성능을 크게 저하시키지 않으면서 동역학적 응답을 추가할 수 있음을 확인하였다.

7. 결론 및 향후 연구

본 연구에서는 HP-ChainMail 기반 의료 볼륨 변형 시스템에 외피 형태의 시간 적분 구조를 추가하여, 입력 종료 이후의 잔진동과 조직별 동적 반응을 표현하고자 하였다. 이를 위해 속도를 독립 상태 변수로 유지하고, 체인메일의 프레임별 위치 보정량을 속도에 누적하는 방식을 적용하였다. 또한 변위 의존 점탄성 감쇠를 도입하여 큰 변형 이후의 과도한 전역 진동을 줄이고 보다 자연스러운 감쇠 거동을 관찰할 수 있었다.

제안 구조는 기존 HP-ChainMail의 내부 전파 알고리즘을 수정하지 않고 GPU 기반 파이프라인 외부에 결합되므로, 기존 실시간 처리 성능을 크게 저하시키지 않으면서 동적 거동을 추가할 수 있었다. 다만 현재 사용된 조직별 매개변수는 경험적으로 설정되었으며, 실제 생체 조직 물성을 직접 반영하지는 못하였다. 또한 CT 밀도 기반의 이산적 조직 분류 방식으로 인해 조직 경계에서 반응 차이가 급격하게 나타날 수 있다. 향후에는 실제 조직 물성 데이터 기반 매개변수 보정과 연속적인 조직 보간 구조를 적용하여 보다 자연스러운 연조직 거동을 구현할 계획이다.

감사의 글

본 연구는 한성대학교 교내학술연구비 지원과제임

References

- [1] U. Meier, O. López, C. Monserrat, M. C. Juan, and M. Alcañiz, "Real-time deformable models for surgery simulation: a survey," *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 77, no. 3, pp. 183-197, 2005.
- [2] D. Fortmeier, A. Mastmeyer, J. Schröder, and H. Handels, "A virtual reality system for PTCD simulation using direct visuo-haptic rendering of partially segmented image data," *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, vol. 20, no. 1, p

p. 355-366, 2014.

- [3] T.-N. Nguyen, M.-C. Ho Ba Tho, and T.-T. Dao, "A systematic review of real-time medical simulations with soft-tissue deformation: computational approaches, interaction devices, system architectures, and clinical validations," *Applied Bionics and Biomechanics*, vol. 2020, p. 5039329, 2020.
- [4] J. Zhang, Y. Zhong, and C. Gu, "Deformable models for surgical simulation: a survey," *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*, vol. 11, pp. 143-164, 2018.
- [5] A. Nealen, M. Müller, R. Keiser, E. Boxerman, and M. Carlson, "Physically based deformable models in computer graphics," *Computer Graphics Forum*, vol. 25, no. 4, pp. 809-836, 2006.
- [6] O. C. Zienkiewicz, R. L. Taylor, and J. Z. Zhu, *The Finite Element Method: Its Basis and Fundamentals*, 7th ed., Elsevier, 2013.
- [7] E. Sifakis and J. Barbič, "FEM simulation of 3D deformable solids: a practitioner's guide to theory, discretization and model reduction," in *ACM SIGGRAPH 2012 Courses*, pp. 1-50, 2012.
- [8] M. Müller, B. Heidelberger, M. Hennix, and J. Ratcliff, "Position based dynamics," *Journal of Visual Communication and Image Representation*, vol. 18, no. 2, pp. 109-118, 2007.
- [9] M. Macklin, M. Müller, and N. Chentanez, "XPBD: Position-based simulation of compliant constrained dynamics," in *Proceedings of the 9th International Conference on Motion in Games (MIG)*, pp. 49-54, 2016.
- [10] S. F. Gibson, "3D ChainMail: A Fast Algorithm for Deforming Volumetric Objects," in *Proceedings of the 1997 Symposium on Interactive 3D Graphics (SI3D)*, pp. 149-154, 1997.
- [11] A. Rodríguez, A. León, G. Arroyo, and J. M. Mantas, "SP-ChainMail: a GPU-based sparse parallel ChainMail algorithm for deforming medical volumes," *The Journal of Supercomputing*, vol. 71, no. 9, pp. 3482-3499, 2015.
- [12] A. Rodríguez, A. León, G. Arroyo, and J. M. Mantas, "Parallel deformation of heterogeneous ChainMail models: application to interactive deformation of large medical volumes," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 79, pp. 222-232, 2016.
- [13] A. Dahl and A. W. Bargteil, "Global Momentum Preservation for Position-based Dynamics," in *Proceedings of the 12th ACM SIGGRAPH Conference on Motion, Interaction and Games (MIG)*, pp. 1-5, 2019.
- [14] L. Xu, Y. Lu, and Q. Liu, "Integrating viscoelastic mass spring dampers into position-based dynamics to simulate soft tissue deformation in real time," *Royal Society Open Science*, vol. 5, no. 2, p. 171587, 2018.
- [15] S. F. Frisken-Gibson, "Using Linked Volumes to Model Object Collisions, Deformation, Cutting, Carving, and Joining," *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, vol. 5, no. 4, pp. 333-348, 1999.
- [16] S. Lee and H. Kye, "A Study on the GPU Optimization of Deformation Using 3D Chainmail," *Journal of Korea Multimedia Society*, vol. 26, no. 2, pp. 131-139, 2023.
- [17] J. Bender, M. Müller, M. A. Otaduy, M. Teschner, and M. Macklin, "A survey on position-based simulation methods in computer graphics," *Computer Graphics Forum*, vol. 33, no. 6, pp. 228-251, 2014.
- [18] J. Bender, M. Müller, and M. Macklin, "A survey on position-based dynamics," in *Proceedings of the European Association for Computer Graphics: Tutorials*, pp. 1-31, 2017.
- [19] M. Camara, E. Mayer, A. Darzi, and P. Pratt, "Soft tissue deformation for surgical simulation: a position-based dynamics approach," *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, vol. 11, no. 6, pp. 919-928, 2016.
- [20] M. Macklin, M. Müller, N. Chentanez, and T.-Y. Kim, "Unified particle physics for real-time applications," *ACM Transactions on Graphics*, vol. 33, no. 4, pp. 1-12, 2014.
- [21] E. Basafa and F. Farahmand, "Real-time simulation of the nonlinear visco-elastic deformations of soft tissues," *International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery*, vol. 6, no. 3, pp. 297-307, 2011.

〈 저 자 소 개 〉



권 상 민

- 0009-0005-8648-7386
- 2025 2월 한성대학교 컴퓨터공학부 학사
- 2024 9월~현재 한성대학교 컴퓨터공학부 석사 과정
- 관심분야: 3차원 장면 재구성, 병렬처리
- <https://orcid.org/0009-0005-8648-7386>



김 규 원

- 0009-0007-8990-7379
- 2023 3월~현재 한성대학교 컴퓨터공학부 학사 과정
- 관심분야: 데이터처리, 병렬처리, 볼륨렌더링
- <https://orcid.org/0009-0007-8990-7379>



계 희 원

- 0000-0001-7951-3228
- 1999 2월 서울대학교 전산학사
- 2005 8월 서울대학교 컴퓨터공학 박사
- 2007년 9월~현재 한성대학교 컴퓨터공학부 교수
- 관심분야: 의료영상처리, 실시간 변형체 가시화
- <https://orcid.org/0000-0001-7951-3228>