한국컴퓨터그래픽스학회
Korea Computer Graphics Society Vol. 32, No. 4, P. 23~32

GNN을 이용한 CT 영상 기반 폐혈관의 위상학적 복원 연구

박재현° 유리*

아주대학교 소프트웨어학과

{jaehyun03, riyu}@ajou.ac.kr

Topological Restoration of Pulmonary Vasculature from CT Images using Graph Neural Networks

Jaehyun Park° Ri Yu*

Department of Software and Computer Engineering, Ajou University

요 약

폐혈관은 폐색전증, 폐고혈압, 간질성 폐질환 등 폐혈관 및 호흡기 질환의 진단과 예후 평가에 중요한 구조적 정보이며, 혈류 해석과 병변 탐지 등 후속 분석의 기반이 된다. 특히 분지 구조와 연결성으로 대표되는 위상학적 정보는 임상적으로 중요한 의미를 갖는다. 최근 합성곱 신경망(CNN) 기반 방법은 CT 영상에서 폐혈관을 정밀하게 분할하지만, voxel 단위 예측의 한계로 말단 혈관 단절, 미세 분지 유실, 잘못된 연결 등의 위상학적 오류가 발생한다. 이러한 오류는 중심선 추출, 혈관 그래프 분석, 혈류 시뮬레이션 등 후속 단계의 신뢰도를 저하시킨다. 본 연구에서는 CNN 기반 분할 결과를 그래프 표현으로 변환한 뒤 단절 가능성이 높은 말단점 후보 쌍을 중심으로 희소 그래프를 구성하고, 그래프 신경망(GNN) 기반 연결성 예측을 통해 혈관 연결성을 정제하는 폐혈관 복원 프레임워크를 제안한다. 제안 방법은 구조적 정보를 활용해 단절된 연결을 복원하고 잘못된 연결을 억제하여 일관된 혈관 트리를 재구성한다. HiPaS CTPA 데이터셋 실험에서 제안 방법은 CNN 단독 결과 대비 말단점을 1024개에서 324개로, 단절 구간을 299개에서 7개로, 연결 요소를 134개에서 39개로 감소시켰다. 이는 제안 방법이 CNN 기반 분할의 구조적 한계를 효과적으로 보완함을 보여준다.

Abstract

Pulmonary vasculature provides important structural information for diagnosing and assessing respiratory diseases such as pulmonary embolism, pulmonary hypertension, and interstitial lung disease. In particular, topological properties, including branching patterns and connectivity, are essential for downstream tasks such as centerline extraction, vascular analysis, and blood flow simulation. Recent convolutional neural network (CNN)-based methods achieve accurate pulmonary vessel segmentation from CT images, but their voxel-wise prediction nature often causes topological errors such as disconnected branches, missing fine vessels, and false connections. These errors can propagate to subsequent analysis stages and reduce the reliability of clinical applications. To address this limitation, we propose a topology-preserving pulmonary vessel reconstruction framework that converts CNN-based segmentation results into a skeleton graph, constructs sparse endpoint candidate pairs, and refines vascular connectivity through graph neural network (GNN)-based supervised connectivity prediction. By incorporating structural information, the proposed method restores missing connections and suppresses erroneous links, producing a more consistent vascular tree. Experiments on the HiPaS CTPA dataset show that the proposed method reduces endpoints from 1024 to 324, gaps from 299 to 7, and connected components from 134 to 39 compared to the CNN-only baseline. These results demonstrate that the proposed method effectively complements CNN-based segmentation by improving topological correctness.

키워드: 폐혈관 분할, 위상학적 복원, 그래프 신경망, CT 영상, 골격화
Keywords: pulmonary vessel segmentation, topological restoration, graph neural network, CT imaging, skeletonization

*corresponding author: Ri Yu / Department of Software and Computer Engineering, Ajou University (riyu@ajou.ac.kr)

Received : 2026.04.21./ Review completed : 1st 2026.05.07. 2nd 2026.05.29./ Accepted : 2026.06.19.
DOI : 10.15701/kcgs.2026.32.4.23
ISSN : 1975-7883(Print)/2383-529X(Online)

1 서론

의료 영상에서 혈관 구조를 정확하게 복원하는 문제는 진단, 수술 계획, 혈류 해석, 병변 탐지 등 다양한 임상 응용의 핵심 전처리 단계이다. 특히 혈관 분할(Vessel Segmentation)은 폐색전증(pulmonary embolism), 폐고혈압(pulmonary hypertension), 간질성 폐질환과 같은 질환의 정밀 평가를 위한 필수 과정이며, 혈관의 형태적 특성(morphology)뿐 아니라 위상적 연결성(topological connectivity)이 중요한 구조적 정보로 활용된다.

폐혈관(Pulmonary Vasculature)은 산소 교환 및 폐순환 혈류를 조절하는 핵심 구조로서, 복잡하고 고도로 분지된 3차원 네트워크 형태를 가진다. 그러나 폐혈관은 말단으로 갈수록 직경이 급격히 감소하고 CT 영상에서의 조영 대비가 낮아지기 때문에, 자동 분할 과정에서 구조적 불연속이 빈번하게 발생한다. 특히 작은 혈관 분지나 인접 혈관이 근접한 영역에서는 혈관이 끊겨 보이거나 해부학적으로 존재하지 않는 잘못된 연결(false positive connection)이 생성되는 문제가 있다.

최근 CNN 기반 분할 모델은 CT 영상에서 폐혈관의 복셀 수준 형태를 정밀하게 추정하는 데 높은 성능을 보였으나, 혈관 트리의 전역적 연결성과 위상적 일관성을 직접 보장하지는 못한다. 그 결과 말단 혈관 단절, 미세 분지 누락, 잘못된 연결과 같은 위상학적 오류가 발생할 수 있으며, 이는 골격 추출 및 그래프 기반 분석 등 후속 단계의 신뢰도를 저하시킬 수 있다.

이러한 한계를 완화하기 위해 위상 인식 분할 및 그래프 기반 접근들이 제안되었으나, CT 영상에서 발생하는 저대비 영역 및 미세 말단 혈관의 단절 문제를 완전히 해결하기에는 여전히 한계가 존재한다. 또한 골격화 또는 그래프 기반 표현 방법들도 구조적 정보를 포착할 수 있으나, CNN 기반 복셀 분할 결과에서 발생하는 미세 말단 혈관의 구조적 단절을 안정적으로 복원하는 데에는 여전히 한계가 존재한다.

본 연구는 이러한 문제를 해결하기 위해 CNN 기반 형태적 분할과 그래프 기반 위상 정제를 결합한 하이브리드 프레임워크를 제안한다. 먼저 CNN을 통해 폐혈관의 복셀 수준 분할을 수행한 후, 이를 골격 그래프로 변환한다. 이후 GNN을 적용하여 노드 간 관계를 학습하고, 단절된 혈관 연결을 복원하며 잘못된 연결을 억제한다. 이를 통해 본 연구는 local appearance 정보를 담당하는 CNN과 global structural consistency를 담당하는 GNN을 결합하여, 폐혈관의 형태적 정확도와 위상적 연결성을 동시에 향상시키는 것을 목표로 한다.

2 관련 연구

2.1 CNN 기반 혈관 분할

U-Net 계열 네트워크 [1]는 의료 영상 분할 분야에서 가장 널리 사용되는 구조이며, 폐혈관 분할에서도 높은 성능을 보여왔다. 특히 3D U-Net [2] 계열 방법은 CT 볼륨의 공간적 문맥 정보를 직접 활용할 수 있어 혈관과 같은 3차원 관상 구조를 효과적으로 분할할 수 있다. 또한 V-Net [3]과 같은 3차원 fully convolutional network는 체적 의료 이미지 분할에서 Dice 기반 최적화를 통해 복셀 수준의 분할 성능을 향상시키는 데 기여하였다. 폐혈관 분할은 단순한 구조 추출을 넘어 다양한 임상 분석의 전처리 단계로 활용되어 왔다. 예를 들어, 비조영 흉부 CT에서 자동 폐혈관 분할을 수행한 연구가 보고되었으며 [4], CT 기반 혈관 분할은 방사선치료 후 혈관 및 관류 변화 분석이나 수술 계획을 위한 3차원 해부학적 모델링에도 활용되고 있다 [5, 6]. 이러한 연구들은 CNN 기반 모델이 폐혈관의 주요 구조를 안정적으로 복원할 수 있음을 보여준다.

그러나 이러한 CNN 기반 방법들은 주로 복셀 수준(voxel-level) 또는 영역 수준(region-level) 형태적 정확도 최적화에 집중되어 있으며, 혈관의 분기 구조나 전역적인 연결성과 같은 위상적 일관성을 직접적으로 보장하지 못한다는 한계가 있다. 특히 폐혈관의 미세 말단 분지는 직경이 작고 조영 대비가 낮아 CNN 출력에서 단절되거나 누락되기 쉬우며, 인접 혈관 구조 사이에서는 해부학적으로 존재하지 않는 잘못된 연결(false connection)이 발생할 수 있다. 이러한 위상학적 오류는 골격화, 그래프 기반 혈관 분석, 혈류 시뮬레이션과 같은 후속 분석 단계에 누적될 수 있으므로, 폐혈관 분할에서는 복셀 수준의 Dice 성능뿐 아니라 혈관 중심선의 연속성 및 그래프 수준 위상을 함께 고려할 필요가 있다.

2.2 위상 보존 및 그래프 기반 방법

이러한 한계를 해결하기 위해 clDice [7]와 TopoLoss [8], 그리고 persistent homology 기반 topological loss [9]와 같은 위상 보존 손실 함수가 제안되었다. 이들은 중심선 기반 정합성을 활용하여 혈관 구조의 연결성을 유지하려는 접근이다. 그러나 이러한 방법들은 주로 loss function 수준의 제약에 의존하기 때문에, CT 영상에서의 저대비 영역이나 미세 말단 혈관에서 발생하는 구조적 단절을 완전히 해결하기에는 한계가 있다.

한편, 그래프 기반 방법들은 혈관을 노드와 엣지로 표현하여 구조적 관계를 직접 모델링할 수 있다는 장점이 있다. GNN 기반 접근은 이러한 그래프 구조를 활용하여 전역적인 연결성 및 위상 정보를 학습할 수 있으며, 혈관 단절 복원 및 잘못된 연결 제거에 효과적인 것으로 알려져 있다 [10, 11]. 예를 들어, Shin et al. [10]은 graphical connectivity learning을 통해 혈관 분할의 구조적 연결성을 학습하였으며, Pan et al. [11]은 중심선 기반 multi-view connectivity 정보를 활용하여 폐동맥-폐정맥 분리 성능을 향상시켰다.

그러나 기존 그래프 기반 방법들은 주로 혈관 분류 또는 밀집 그래프 표현 학습에 초점을 두고 있으며, 실제 혈관 단절 복원을 위한 sparse endpoint-level topology refinement를 직접적으로 다루지는 않았다. 특히 GraphPAVNet [12]은 폐동맥-폐정맥 분리를 위해 multimodal feature sampling과 graph learning을 결합한

방법으로, 혈관 구조를 그래프로 표현하여 동맥과 정맥을 구분하는 데 초점을 둔다. 반면 본 연구는 동맥-정맥 분류 문제가 아닌, CNN 기반 통합 폐혈관 분할 결과에서 발생하는 말단 혈관 단절을 보정하는 위상 정제 문제를 다룬다. 구체적으로 본 연구는 단절 가능성이 높은 말단점 후보 쌍을 중심으로 희소 그래프를 구성하고, GNN 기반 연결성 예측을 통해 실제 복원이 필요한 혈관 연결을 선택적으로 추가한다는 점에서 기존 그래프 기반 혈관 분류 연구와 차별화된다. 따라서 본 연구에서는 CNN 기반 형태적 분할 결과를 골격 그래프로 변환한 뒤, 단절 가능성이 높은 말단점 후보 쌍을 중심으로 희소 그래프를 구성하고, GNN 기반 supervised connectivity prediction을 통해 혈관의 위상적 연결성을 정제하는 하이브리드 프레임워크를 제안한다. 이를 통해 기존 CNN 기반 분할의 형태적 장점을 유지하면서, 말단 혈관 단절 및 잘못된 연결을 그래프 수준에서 효과적으로 보정하고자 한다.

3 제안 방법

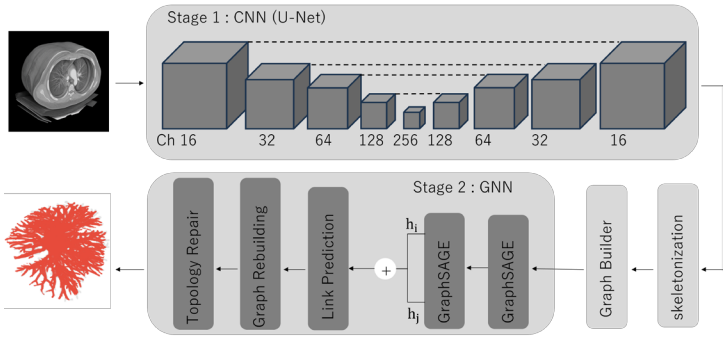


Figure 1: Overview of the proposed pipeline. A chest CT image is first processed by a CNN-based model for morphological segmentation (Stage 1). Subsequently, a vascular graph is constructed, and a GNN-based model refines the topological structure (Stage 2).

본 연구는 CNN 기반 혈관 분할과 GNN 기반 위상 복원을 단계적으로 결합하여, 폐혈관의 형태적 정밀도와 구조적 일관성을 동시에 확보하는 것을 목표로 한다. 제안하는 전체 파이프라인은 다음 세 단계로 구성된다(Figure 1).

1. CNN 기반 폐혈관 분할 (stage 1)
2. 스켈레톤화 및 혈관 그래프 생성
3. GNN 기반 위상 정제 (stage 2)

3.1 데이터 전처리

CT 영상은 0.8 mm isotropic voxel spacing으로 재샘플링하였다. 이후 Hounsfield Unit (HU) 값을 기반으로 intensity clipping (-1000 to 400)을 수행한 뒤, z-score normalization을 적용하였다. 또한 폐 실질 영역을 기준으로 3D 패치 (128×128×128) 단위로 샘플링하여 학습 데이터를 구성하였다. 이를 통해 혈관이 포함된 전경 영역에 대해 균형 잡힌 학습이 이루어지도록 하였다. 모든 실험은 3D 패치 기반 학습과 슬라이딩 윈도우 추론 방식으로 수행되었다.

3.2 CNN 기반 폐혈관 분할 (stage 1)

본 단계는 CT 영상으로부터 폐혈관의 복셀 수준 구조를 정밀하게 복원하는 과정으로, 이후 GNN 기반 위상 정제를 위한 입력 그래프를 생성하기 위한 기초 분할 단계이다.

본 연구에서는 3D 인코더–디코더 구조의 U-Net을 기반으로 혈관 분할을 수행하였다. 입력은 단일 채널 CT Hounsfield Unit (HU) 값이며, 출력은 혈관 존재 확률을 나타내는 binary probability map이다.

인코더는 잔차 블록을 포함하며 채널 수는 16 → 32 → 64 → 128 → 256으로 증가한다. 각 stage는 Conv3D–BatchNorm–ReLU 구조와 2×down-sampling으로 구성된다. 디코더는 transposed convolution을 통해 해상도를 복원하며, 스킵 연결을 통해 encoder feature를 결합한다. 최종 출력층은 sigmoid activation을 통해 voxel-wise probability를 생성한다.

손실 함수는 Dice Loss와 clDice Loss [7]를 결합하여 구성하였다. Dice Loss는 복셀 수준 중첩을 통해 형태적 정확도를 향상시키며, clDice Loss는 골격 기반 위상학적 일관성을 유지하여 혈관의 연결 구조를 보존한다. 두 손실의 가중치는 각각 $\lambda_{dice} = 0.9$, $\lambda_{cldice} = 0.1$로 설정하였다. 이는 혈관의 전체 형태를 안정적으로 복원하는 것을 우선시하되, 말단 분지와 연결성 보존을 위해 clDice 항을 보조적으로 반영하기 위한 것이다.

$$\mathcal{L}_{seg} = \lambda_{dice}\mathcal{L}_{dice} + \lambda_{cldice}\mathcal{L}_{clDice} \tag{1}$$

$$\mathcal{L}_{dice} = 1 - \frac{2\sum_v P_v G_v + \epsilon}{\sum_v P_v + \sum_v G_v + \epsilon} \tag{2}$$

$$\mathcal{L}_{clDice} = 1 - \frac{2T_{prec}T_{sens}}{T_{prec} + T_{sens} + \epsilon} \tag{3}$$

여기서 P_v와 G_v는 각각 prediction probability map과 정답 이진 마스크의 복셀 값을 의미하며, $\sum_v P_v$와 $\sum_v G_v$는 전경 복셀의 총합을 나타낸다. 또한 $\sum_v P_v G_v$는 예측과 정답 사이의 복셀 수준 중첩을 의미한다. ϵ은 numerical stability를 위한 작은 상수이다. 또한 T_{prec}는 예측 마스크가 정답 스켈레톤을 얼마나 포함하는지를 나타내는 topological precision 항이며, T_{sens}는 정답 마스크가 예측 스켈레톤을 얼마나 포함하는지를 나타내는 topological sensitivity 항이다.

3.3 스켈레톤화 및 혈관 그래프 생성

CNN 기반 혈관 분할 결과는 복셀 단위의 3D 이진 마스크 형태로 생성된다. 그러나 이러한 복셀 수준 표현은 혈관 구조의 위상적

연결성(topological connectivity)을 직접적으로 표현하지 못하므로, 본 연구에서는 이를 그래프 표현으로 변환하기 위해 스켈레톤화 기반 접근을 사용하였다.

스켈레톤 추출에는 Kimimaro [13] 라이브러리의 TEASAR [14] 기반 알고리즘을 활용하였다. 해당 방법은 3D volumetric 이진 마스크로부터 혈관의 중심선(centerline)을 추출하며, 각 혈관 branch의 구조를 안정적으로 보존하는 특징을 가진다. 특히 미세 혈관 영역에서도 branch point와 connectivity를 유지하여, 이후 그래프 기반 학습에서 구조적 정보 손실을 최소화한다.

추출된 스켈레톤은 노드와 엣지로 구성된 그래프로 변환되며, 각 노드는 3D spatial coordinate (x, y, z)와 혈관 반경 r을 포함하는 특징 벡터로 정의된다. 또한 local intensity 및 branch depth와 같은 구조적 정보를 추가적으로 포함하여 혈관의 기하학적 특성을 표현하였다. 엣지는 스켈레톤 상에서 인접한 노드 간의 실제 연결 관계를 기반으로 정의되며, 이를 통해 복셀 공간의 혈관 구조를 그래프 공간으로 변환한다. 이 과정에서 연결성이 매우 낮은 작은 fragment는 dust threshold를 적용하여 제거하였다.

최종적으로 생성된 혈관 그래프는 PyTorch Geometric (PyG) 형식의 Data 객체로 변환되어 GNN 학습에 사용된다. 이를 통해 CNN 기반 분할 결과를 그래프 기반 표현으로 변환하여, 이후 GNN을 통한 위상 정제가 가능하도록 한다.

3.4 GNN 기반 위상 정제 (stage 2)

본 단계는 CNN 기반 분할로부터 생성된 골격 그래프에서 발생하는 구조적 오류, 즉 말단 단절(endpoint), 연결 누락(gap), 및 잘못된 연결(false connection)을 보정하기 위해 수행된다. CNN 기반 복셀 분할은 국소적인 형태 복원에는 강하지만, 혈관의 전역적 연결성 및 위상 구조를 직접적으로 보장하지 못하므로, 이를 그래프 수준에서 정제하는 과정이 필요하다.

본 연구에서는 GraphSAGE [15] 기반 GNN을 사용하여 혈관 그래프의 구조적 관계를 학습하였다. GraphSAGE는 귀납적 그래프 표현 학습이 가능하여, 학습에 사용되지 않은 새로운 혈관 그래프 구조에 대해서도 일반화된 임베딩을 생성할 수 있다. GNN은 message passing을 통해 노드 주변의 부분그래프 정보를 반복적으로 집계하며, 혈관의 기하학적 구조, 반지름 변화, 공간적 거리 관계, 그리고 연결 패턴을 임베딩 공간에 반영한다.

노드 임베딩 업데이트는 다음과 같이 정의된다:

$$h_i^{(l+1)} = \sigma\left(W^{(l)} \cdot \mathrm{AGG}\left(\{h_i^{(l)}\} \cup \{h_j^{(l)} : j \in N(i)\}\right)\right) \quad (4)$$

여기서 $h_i^{(l)}$는 노드 i의 l번째 GNN layer에서의 임베딩을 의미하며, $h_j^{(l)}$는 이웃 노드 j의 임베딩이다. $N(i)$는 노드 i와 연결된 이웃 노드 집합이며, AGG$(\cdot)$는 mean/sum/max 등의 permutation-invariant aggregation function을 의미한다. $W^{(l)}$는 학습 가능한 weight matrix이고, $\sigma(\cdot)$는 비선형 활성화 함수이다.

이러한 message passing 과정을 통해 GNN은 복셀 수준 CNN 출력이 포착하지 못하는 혈관의 구조적 제약을 학습한다. 특히 혈관의 방향성, 반지름 일관성, 그리고 spatial proximity 기반 연결 규칙이 임베딩 공간에 반영된다.

Link Prediction for Topology Refinement. GNN은 노드 임베딩을 기반으로 엣지 존재 확률을 예측하여 혈관 연결성을 재구성한다. 두 node i, j에 대한 edge probability는 다음과 같이 정의된다:

$$p_{ij} = \sigma\left(\mathrm{MLP}(|h_i \| h_j|)\right) \quad (5)$$

여기서 $|h_i \| h_j|$는 두 노드 임베딩의 concatenation을 의미하며, MLP는 엣지 존재 여부를 판단하는 classifier로 동작한다.

이때 p_{ij}는 단순한 연결 확률이 아니라, 혈관의 구조적 일관성을 반영하는 위상학적 점수로 해석된다. 높은 확률은 실제 혈관 branch로 연결되어야 하는 경우를 의미하며, 낮은 확률은 CNN 기반 분할에서 발생한 false connection을 의미한다.

Sparse-Endpoint Connectivity Learning. 단절된 혈관 구조를 복원하기 위해, 본 연구에서는 희소 혈관 그래프 상에서 말단점 후보 쌍의 연결 여부를 예측하는 supervised connectivity prediction 기반의 위상 복원 프레임워크를 제안한다.

학습 과정에서는 모든 노드 쌍을 사용하는 대신, 예측 골격 그래프의 말단 노드(endpoint)들 사이에서 복원 가능성이 있는 후보 쌍만을 구성하였다. 구체적으로, 서로 다른 연결 요소에 속한 말단점 쌍 중에서 유클리드 거리 $d(i, j)$가 $d_{\max} = 15$ mm 이하이고, 두 말단점의 반지름 차이 $|r_i - r_j|$가 $\Delta r_{\max} = 1.5$ mm 이하인 경우를 연결 후보로 정의하였다. 이러한 제한을 통해 해부학적으로 가능성이 낮은 장거리 연결을 배제하고, 실제 혈관 단절 복원에 필요한 국소 후보들에 대해 학습이 집중되도록 하였다. 각 후보 쌍의 정답 라벨은 정답 골격 그래프를 기준으로 부여하였다. 정답 그래프 상에서 두 말단점에 대응되는 위치가 동일한 혈관 분지로 연결되는 경우는 양성 샘플로, 그렇지 않은 경우는 음성 샘플로 정의하였다. 즉, 본 연구의 supervised signal은 단순한 edge set 차이만이 아니라, 예측 그래프의 말단점 쌍이 정답 구조에서 실제로 복원되어야 하는 연결인지 여부를 기반으로 구성된다.

이를 통해 모델은 다음 두 가지 구조적 규칙을 동시에 학습한다: (1) 실제 혈관에서 존재하는 branch connectivity 패턴, (2) CNN 기반 분할에서 발생하는 구조적 오류 패턴.

최종적으로 binary cross-entropy loss (BCEWithLogitsLoss)를 사용하여 edge classifier를 최적화한다. 이를 통해 GNN은 혈관의 반지름 변화, 방향성, 그리고 spatial distance 기반 연결 규칙을 동시에 학습하게 된다. 결과적으로, GNN은 CNN에서 발생한 disconnected branch를 높은 확률로 복원하고, false connection은 낮은 확률로 억제하여 보다 위상적으로 일관된 혈관 그래프를 생성한다.

3.5 최종 구조 복원

GNN을 통해 얻어진 결과는 혈관의 연결 관계를 나타내는 그래프 형태이므로, 실제 3D 의료 영상 분석 및 정량 평가를 위해서는 이를 체적 표현으로 복원하는 과정이 필요하다. 특히 말단점, 단절 구간, 연결 요소와 같은 위상학적 지표는 복셀 공간에서 정의되므로, 그래프 수준의 결과만으로는 해석에 제한이 있다. 따라서 본 연구에서는 GNN이 예측한 refined graph를 기반으로 실제 혈관 구조를 3D volume으로 재구성하는 후처리 단계를 수행하였다.

GNN은 후보 노드 쌍에 대해 엣지 존재 확률 p_{ij}를 계산하며, 임계값 (≥ 0.9)를 기준으로 최종 edge set을 구성한다. 이를 통해 topology-refined vessel graph를 생성한다. 선택된 엣지는 실제 혈관의 기하학적 구조를 반영하기 위해 3D 체적 표현으로 변환된다. 각 엣지를 구성하는 두 노드의 반지름 r_1, r_2를 선형 보간하여 엣지 상의 중간 반지름을 정의하고, 해당 경로를 따라 샘플링된 점마다 보간된 반지름을 갖는 3D sphere로 rasterization을 수행한다.

4 실험 설정

4.1 데이터셋

본 연구에서는 HiPaS (High-abundant Pulmonary Artery-vein Segmentation) 데이터셋 [16]을 사용하였다. 해당 데이터셋은 KAUST (King Abdullah University of Science and Technology) 소속 연구자를 포함한 다기관 협력 연구를 통해 구축된 폐동맥과 폐정맥의 고정밀 분할 데이터셋이다.

총 250개의 흉부 CT 볼륨으로 구성되어 있으며, 각 케이스는 폐동맥과 폐정맥이 정밀하게 주석되어 있다. 본 연구의 목표는 혈관의 위상학적 구조 복원이므로 폐동맥-폐정맥 구분 없이 통합된 폐혈관 마스크를 사용하였다.

본 연구에서는 patient-level hold-out validation을 사용하였다. 전체 250개의 CT volume은 환자 단위로 학습, 검증, 테스트 세트에 각각 150, 50, 50 케이스(60%, 20%, 20%)로 분할하였다. 동일 환자의 데이터가 서로 다른 세트에 포함되지 않도록 구성하여 데이터 누수를 방지하였다.

4.2 평가 지표

본 연구에서는 폐혈관 구조의 형태적 정확도와 위상적 연결성을 동시에 평가하기 위해 Dice, clDice, endpoint, gap, connected component 지표를 사용하였다. Dice는 예측된 혈관 영역과 정답 간의 복셀 수준 중첩을 기반으로 형태적 유사도를 측정하는 지표이며, clDice는 혈관의 중심선(skeleton) 기반 구조 일관성을 평가하는 topology-aware metric으로, 혈관의 연결성 보존 정도를 반영한다. 두 지표는 각각 형태적 정확도와 구조적 일관성을 보완적으로 평가하는 데 사용된다. 또한 endpoint, gap, connected component는 혈관 트리의 위상적 구조를 정량적으로 평가하기 위한 지표이다. endpoint는 혈관의 말단 노드 수, gap은 정답 스켈레톤 그래프에서는 연결되어 있으나 예측된 스켈레톤 그래프에서는 disconnected 상태로 나타나는 혈관 세그먼트의 개수를 의미한다. 서로 다른 connected component에 속한 말단점 쌍 중, 유클리드 거리와 반지름 차이가 미리 정의한 임계값 조건을 만족하는 경우를 연결 가능성이 있는 gap 후보로 정의하였다. connected component는 서로 분리된 서브 그래프의 개수를 의미하며, 전역적인 연결성과 구조적 완전성을 평가한다. 이러한 위상 기반 지표는 혈관 단절 및 잘못된 연결과 같은 구조적 오류를 정량적으로 분석하는 데 중요한 역할을 한다. 본 연구에서 사용한 Dice, clDice, endpoint, gap, connected component 지표는 GNN 보정 결과를 최종 3D 복셀 볼륨으로 복원한 뒤, 해당 복셀 수준 구조를 기준으로 계산하였다.

Table 1: Quantitative comparison of Dice and clDice metrics between the CNN-only model and the proposed CNN+GNN method.

Method	Dice (%)	clDice (%)
CNN	65.3	54.2
CNN + GNN	67.1	61.7

4.3 구현 세부사항

입력 CT는 $128 \times 128 \times 128$ 크기의 3D 패치 단위로 구성되며, stride는 $(96, 96, 96)$으로 설정하여 중첩 샘플링을 수행하였다.

모델 학습은 Adam optimizer를 사용하였으며, learning rate는 5×10^{-5}로 설정하였다. batch size는 16으로 설정하였고, gradient accumulation (4 steps)을 통해 effective batch size 64로 학습하였다. 최종 모델은 검증 세트에서 가장 좋은 성능을 보인 checkpoint를 사용하였다.

모든 실험은 NVIDIA L4 GPU 환경에서 수행되었으며, FP16 mixed precision training을 적용하여 메모리 효율을 개선하였다.

추론 단계에서는 슬라이딩 윈도우 추론 방법을 사용하여 전체 CT 볼륨을 패치 단위로 예측하였다. 중첩 영역에서는 가중 평균을 적용하여 패치 경계에서 발생하는 불연속성을 완화하였다.

5 실험 결과 및 분석

본 절에서는 제안한 폐혈관 복원 방법의 성능을 정량적 및 정성적으로 평가한다. 특히 CNN 기반 분할 모델과 GNN 기반 위상 정제 모델을 비교하여 구조적 정확성과 위상적 일관성 측면에서의 개선 효과를 분석한다.

5.1 CNN 기반 분할 성능 분석

CNN 기반 혈관 분할 모델의 성능은 Dice coefficient와 clDice 지표를 통해 평가하였다. 정량적 결과는 Table 1에 제시하였다. 실험 결과, CNN 기반 분할 모델은 주요 혈관의 형태를 안정적으로

Table 2: Quantitative comparison of vascular structural metrics between the CNN-only model and the proposed CNN+GNN method.

방법	Endpoints	Gaps	Components
CNN-only	1024	299	134
CNN + GNN	324	7	39
GT	251	4	19

복원하였으나, 말단 분지 및 말단 혈관 영역에서는 연결성 저하가 관찰되었다. 정량적으로는 Dice 65.3%와 clDice 54.2%를 기록하여 주요 폐혈관 구조를 전반적으로 복원할 수 있음을 보였다. 반면 clDice가 Dice보다 상대적으로 낮게 나타난 것은 미세 혈관의 중심선 연결성과 위상적 일관성 보존에는 여전히 한계가 있음을 시사한다. 이러한 구조적 단절 문제는 이후 GNN 기반 위상 정제 단계에서 보완된다.

5.2 GNN 기반 위상 개선 효과 분석

50명의 환자 CT 데이터를 대상으로 구조적 정확성과 위상적 일관성을 정량적으로 평가하였다. 결과는 Table 2에 제시하였다. CNN 단독 모델은 endpoint가 1024개, gap이 299개, connected component는 134개로 나타나, 실제 해부학적 구조에 비해 과도하게 단절된 결과를 보였다. 이는 CNN 기반 복셀 수준 분할이 미세 혈관 분지에서 발생하는 끊김 및 잘못된 연결을 충분히 보정하지 못함을 시사한다. 반면, 본 연구에서 제안한 방법(CNN+GNN)의 결과는 모든 지표에서 일관된 성능 향상을 보였다. 특히 gap 개수는 299개에서 7개로 감소하여 약 97.7% 감소를 나타내며 거의 완전히 제거되었다. Endpoint는 1024개에서 324개로 감소하여 약 68.4% 감소하였고, connected component 역시 134개에서 39개로 감소하여 약 70.9% 감소하였다. 이러한 결과는 제안된 방법이 혈관 구조의 단절을 효과적으로 제거하고 전역적인 연결성을 크게 향상시켰음을 보여준다. GT와 비교했을 때에도 CNN+GNN 결과는 endpoint(324 vs 251), component(39 vs 19)에서 여전히 일부 차이는 존재하지만, CNN 단독 대비 위상적 오차가 크게 감소하여 전반적으로 GT에 더 가까운 구조를 형성하였다. 이러한 결과는 GNN이 CNN의 복셀 수준 출력에서 나타나는 구조적 불연속성을 그래프 수준에서 보정함으로써, 혈관의 방향성, 반지름 변화, 그리고 국소 연결 규칙을 학습했기 때문으로 해석된다. 특히 말단 혈관 복원과 잘못된 연결 억제 측면에서 GNN 기반 위상 정제가 효과적으로 작동함을 확인할 수 있다. 한편 Dice coefficient는 65.3%에서 67.1%로 소폭 향상된 반면, clDice는 54.2%에서 61.7%로 크게 증가하였다. 이는 제안 방법이 복셀 수준 형태 복원 자체보다는 혈관 중심선의 연결성과 위상적 일관성 개선에 보다 효과적으로 기여했음을 시사한다.

폐혈관 복원 결과의 정성적 평가를 위해 Figure 2에 두 명의 환자(patient 1, 2)에 대한 CNN 기반 방법과 제안 방법의 결과를 정답과 비교하여 제시하였다. 첫 번째 열에서 CNN 기반으로 생성된 스켈레톤(검정선)은 혈관의 전체적인 구조는 잘 포착하지만, 다수의 단절 및 잘못된 연결(topological errors, 빨간색 표시)을 포함하고 있음을 확인할 수 있다. 반면, GNN 기반 모듈은 이러한 위상적 오류를 학습적으로 보정하여 끊어진 혈관 연결을 효과적으로 복원한다. 두 번째 열의 복원 결과(초록색 영역)를 보면, CNN 단독 출력에서 소실된 말단 혈관 및 세부 분지 구조가 추가적으로 회복되며, 최종적으로 생성된 혈관 구조는 GT(세 번째 열)와 유사한 연속적인 위상을 갖는 것을 확인할 수 있다.

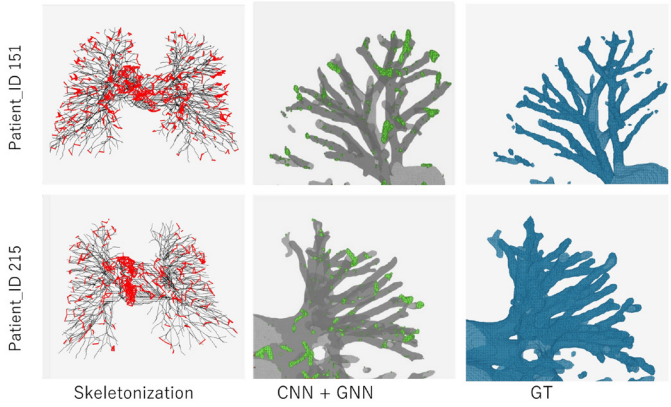


Figure 2: Qualitative comparison of pulmonary vessel reconstruction for two patients. The first column shows skeletons extracted from CNN-based segmentation, which contain topological errors such as disconnections and false connections (highlighted in red). The proposed GNN module refines the vascular graph by correcting these errors and restoring missing connections. The second column shows the final CNN+GNN refinement results. Green regions indicate vessel connections restored by the proposed GNN refinement process. The final reconstructed vessel tree is more consistent with the ground truth (GT) shown in the third column.

추가적으로 Figure 3에서는 동일한 scale에서 CNN 기반 분할 결과, CNN+GNN 기반 최종 정제 결과, GT, 그리고 그래프 스켈레톤 표현을 함께 비교하였다. 첫 번째 열의 CNN 결과에서는 전체적인 폐혈관 형태는 포착되지만 말단 혈관 단절과 미세 분지 누락이 관찰된다. 두 번째 열의 CNN+GNN 결과에서는 초록색으로 표시된 복원 연결을 통해 단절된 혈관 구조가 보완되며, 세 번째 열의 GT와 비교했을 때 더 연속적인 혈관 트리를 형성함을 확인할 수 있다. 네 번째 열의 그래프 스켈레톤 표현은 제안 방법이 복셀 수준 분할 결과를 그래프 구조로 변환하여 연결성을 보정하는 과정을 시각적으로 보여준다.

Figure 3이 전체 폐혈관 구조의 정성적 비교를 보여주는 반면, 말단 혈관 복원 및 단절 연결 보정 효과를 보다 명확히 확인하기 위해 Figure 4에 국소 확대 영역 기반 정성적 비교 결과를 제시하였다. 회색 영역은 CNN 기반 분할 결과를 나타내며, 초록색 영역은 제안한 GNN 기반 위상 정제 과정을 통해 복원된 혈관 연결을 의미한다. GT는 파란색으로 표시하였다. 확대 결과에서 CNN 단독 출력에서는 국소적으로 단절된 혈관 구조가 관찰되지만, GNN 정제 이후 해당 부위가 복원되어 GT와 유사한 연결 구조를 형성함을 확인할 수 있다.

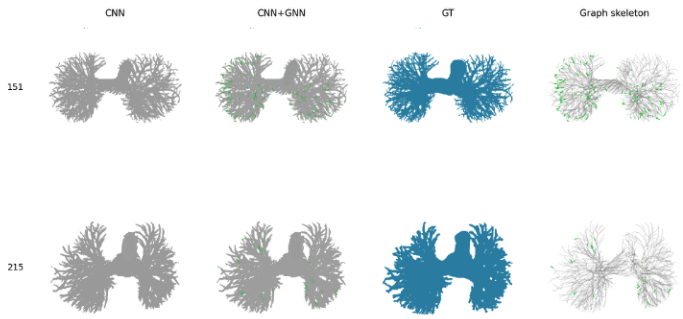


Figure 3: Qualitative comparison of pulmonary vessel reconstruction results for two patients. The first column shows CNN-based vessel segmentation results, where structural discontinuities and missing terminal branches are observed. The second column presents the final CNN+GNN refinement results. Green regions indicate vessel connections restored by the proposed GNN-based topology refinement process. The third column shows the corresponding ground truth (GT) vessel structures. The fourth column visualizes the skeleton graph representation used for graph-based topology refinement.

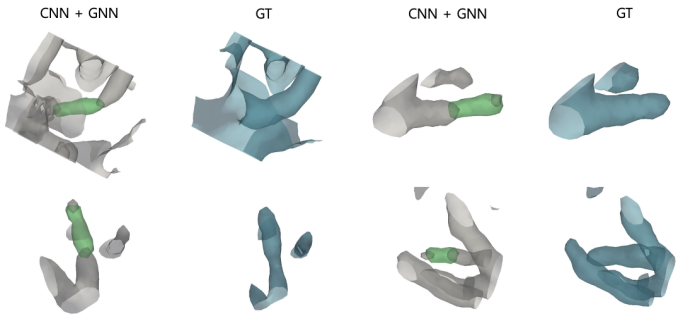


Figure 4: Zoom-in qualitative comparison of local vessel restoration. Gray regions indicate the CNN-based segmentation results, while green regions highlight vessel connections restored by the proposed GNN-based topology refinement. The corresponding ground truth (GT) structures are shown in blue. The zoom-in examples demonstrate that the proposed method restores locally disconnected vessel branches and produces structures that are consistent with the GT topology.

Table 3: Inference-time ablation analysis on the full test set for topology refinement.

Variant	Added	Supported	Precision	Comp. Red.
Heuristic only	105.25	49.50	0.404	89.00
GNN $p \geq 0.50$	73.50	37.75	0.464	67.00
GNN $p \geq 0.90$	59.75	30.75	0.460	55.50
GNN $p \geq 0.95$	56.00	29.00	0.462	52.25
GNN loose 25 mm	110.75	30.00	0.247	89.00

Note. Comp. Red. denotes the reduction in the number of connected components after refinement.

5.3 Inference-time Ablation Study

Table 3은 제안 방법의 추론 시간 구성 요소인 candidate 제약, GNN 기반 link scoring, 그리고 confidence threshold가 위상 정제 성능에 미치는 영향을 분석한 결과이다. 본 ablation은 전체 테스트 세트의 50개 케이스에 대해 수행하였으며, GNN 가중치는 고정한 상태에서 추론 단계의 설정만 변경하였다. Heuristic only는 GNN 예측 없이 동일한 candidate 조건을 적용한 뒤, 가까운 endpoint pair를 greedy하게 선택하여 연결한 설정이다. GNN 기반 설정은 edge existence probability가 주어진 임계값 이상인 후보 link만 최종 graph에 추가한 결과이다. Table 3의 GNN loose 25 mm 설정은 기본 거리 임계값 $d_{\max} = 15$ mm를 25 mm로 완화한 경우로, 거리 제약이 느슨해졌을 때 부적절한 장거리 연결이 증가하는지 확인하기 위한 ablation 설정이다. Added는 각 설정에서 새롭게 추가된 link 수를 의미한다. Supported는 추가된 link를 따라 샘플링한 centerline point 중 50% 이상이 정답 혈관 마스크를 2 복셀 dilation한 영역 안에 포함되는 경우로 정의하였다. Precision은 추가된 link 중 supported link의 비율을 의미하며, 값이 높을수록 부적절한 연결을 적게 생성했음을 나타낸다. Comp. Red.는 refinement 이후 connected component 수가 감소한 정도를 나타내며, 혈관 그래프의 연결성 개선 정도를 반영한다. Heuristic only는 가장 많은 link를 추가하여 connected component를 크게 감소시켰지만, precision은 상대적으로 낮았다. 반면 GNN 기반 방법은 더 적은 수의 link를 추가하면서도 더 높은 precision을 보여, 단순히 엣지 수를 증가시키는 것이 아니라 실제 혈관 구조와 더 잘 부합하는 연결을 선택적으로 복원함을 확인할 수 있다. 또한 거리 제약을 25 mm로 완화한 경우 precision이 크게 감소하였으며, 이는 해부학적으로 가능성이 낮은 장거리 연결을 억제하기 위한 candidate 제약이 중요함을 보여준다. 이러한 결과는 제안한 GNN 기반 정제 방법이 연결성 개선과 잘못된 연결 억제 사이의 균형을 조절하는 데 효과적임을 시사한다.

6 논의

본 연구는 CNN 기반 복셀 수준 분할의 구조적 한계를 그래프 기반 위상 정제 문제로 재정의하고, 희소 말단점 연결성 예측 기반 GNN 복원을 통해 폐혈관의 구조적 일관성을 향상시켰다는 점에

서 의의가 있다. 다만 몇 가지 한계도 존재한다. 첫째, GNN의 입력이 되는 스켈레톤 품질이 여전히 CNN 출력에 크게 의존한다. 둘째, 단일 데이터셋 기반 실험이므로 다양한 CT 장비와 조영 프로토콜에 대한 일반화는 추가 검증이 필요하다. 셋째, 현재 방법은 분할과 그래프 복원이 단계적으로 분리되어 있어 end-to-end joint optimization이 이루어지지 않는다. 넷째, 그래프 기반 위상 정제의 가능성을 검증하는 데 초점을 두었기 때문에, 분할 백본 자체의 성능 향상보다는 구조적 연결성 복원에 중점을 두었다.

향후에는 nnU-Net [17]과 같은 보다 강력한 분할 백본과의 결합을 통해 제안 방법의 일반화 가능성을 추가적으로 검증할 필요가 있다. 또한 다중 스케일 골격 기반 그래프 구성, topology-aware loss 강화, 보다 정교한 endpoint connectivity prediction 구조, 그리고 CNN-GNN end-to-end 학습 구조를 도입할 필요가 있다. 나아가 GNN이 복원한 영역을 폐색전증이나 미세 혈전 의심 부위와 연계하여 임상적으로 해석하는 방향으로 확장할 수 있다.

7 결론

본 논문에서는 CT 영상 기반 폐혈관 분할에서 발생하는 위상학적 단절 문제를 해결하기 위해 CNN-GNN 하이브리드 프레임워크를 제안하였다. 3D U-Net 기반 1차 분할 결과를 스켈레톤 그래프로 변환하고, GraphSAGE 기반 link prediction을 통해 단절된 혈관 연결을 복원하였다. 실험 결과 제안 방법은 endpoint, gap, connected component 지표에서 CNN 단독 대비 큰 개선을 보였으며, 폐혈관 트리의 위상학적 일관성을 효과적으로 향상시켰다. 본 연구는 혈관 분할을 단순한 형태 복원 문제가 아니라 구조 복원 문제로 확장했다는 점에서 의의가 있다.

감사의 글

본 연구는 2026년 과학기술정보통신부 및 정보통신기획평가원의 SW중심대학사업의 연구결과로 수행되었음(2022-0-01077)

References

[1] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, "U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation," in *International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention*. Springer, 2015, pp. 234–241.

[2] Ö. Çiçek, A. Abdulkadir, S. S. Lienkamp, T. Brox, and O. Ronneberger, "3d u-net: learning dense volumetric segmentation from sparse annotation," in *International conference on medical image computing and computer-assisted intervention*. Springer, 2016, pp. 424–432.

[3] F. Milletari, N. Navab, and S.-A. Ahmadi, "V-net: Fully convolutional neural networks for volumetric medical image segmentation," in *2016 fourth international conference on 3D vision (3DV)*. Ieee, 2016, pp. 565–571.

[4] J. G. Nam, J. N. Witanto, S. J. Park, S. J. Yoo, J. M. Goo, and S. H. Yoon, "Automatic pulmonary vessel segmentation on noncontrast chest ct: deep learning algorithm developed using spatiotemporally matched virtual noncontrast images and low-kev contrast-enhanced vessel maps," *European Radiology*, vol. 31, no. 12, pp. 9012–9021, 2021.

[5] A. E. Wuschner, M. J. Flakus, E. M. Wallat, J. M. Reinhardt, D. Shanmuganayagam, G. E. Christensen, S. E. Gerard, and J. E. Bayouth, "Ct-derived vessel segmentation for analysis of post-radiation therapy changes in vasculature and perfusion," *Frontiers in Physiology*, vol. 13, p. 1008526, 2022.

[6] Q. J. M. Mank, A. Thabit, A. P. W. M. Maat, S. Siregar, T. van Walsum, J. Kluin, and A. H. Sadeghi, "Artificial intelligence-based pulmonary vessel segmentation: an opportunity for automated three-dimensional planning of lung segmentectomy," *Interdisciplinary CardioVascular and Thoracic Surgery*, vol. 40, no. 5, p. ivaf101, 2025.

[7] S. Shit, J. C. Paetzold, A. Sekuboyina, I. Ezhov, A. Unger, A. Zhylka, J. P. Pluim, U. Bauer, and B. H. Menze, "cldice-a novel topology-preserving loss function for tubular structure segmentation," in *Proceedings of the IEEE/CVF conference on computer vision and pattern recognition*, 2021, pp. 16 560–16 569.

[8] X. Hu, F. Li, D. Samaras, and C. Chen, "Topology-preserving deep image segmentation," *Advances in neural information processing systems*, vol. 32, 2019.

[9] J. R. Clough, N. Byrne, I. Oksuz, V. A. Zimmer, J. A. Schnabel, and A. P. King, "A topological loss function for deep-learning based image segmentation using persistent homology," *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 44, no. 12, pp. 8766–8778, 2022.

[10] S. Y. Shin, S. Lee, I. D. Yun, and K. M. Lee, "Deep vessel segmentation by learning graphical connectivity," *Medical Image Analysis*, vol. 58, p. 101556, 2019.

[11] L. Pan, Z. Li, Z. Shen, Z. Liu, L. Huang, M. Yang, B. Zheng, T. Zeng, and S. Zheng, "Learning multi-view and centerline topology connectivity information for pulmonary artery-vein separation," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 155, p. 106669, 2023.

[12] Q. Li, Y. Yuan, L. Liu, N. Bao, L. Xu, and W. Tan, "Graph-pavnet: A graph-based learning framework for pulmonary artery and vein separation using multimodal feature sampling," in *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention – MICCAI 2025*, vol. LNCS 15971. Springer Nature Switzerland, 2025, pp. 373–382.

[13] W. Silversmith, "Kimimaro: Skeletonize densely labeled 3d volumes," GitHub repository, 2020. [Online]. Available: https://github.com/seung-lab/kimimaro

[14] M. Sato, I. Bitter, M. A. Bender, A. E. Kaufman, and M. Nakajima, "Teasar: tree-structure extraction algorithm for accurate and robust skeletons," in *Proceedings the Eighth Pacific Conference on Computer Graphics and Applications*. IEEE, 2000, pp. 281–287.

[15] W. L. Hamilton, R. Ying, and J. Leskovec, "Inductive representation learning on large graphs," in *Proceedings of the 31st International Conference on Neural Information Processing Systems*, ser. NIPS'17. Curran Associates Inc., 2017, p. 1025–1035.

[16] Y. Chu, G. Luo, L. Zhou, S. Cao, G. Ma, X. Meng, J. Zhou, C. Yang, D. Xie, D. Mu, *et al.*, "Deep learning-driven pulmonary artery and vein segmentation reveals demography-associated vasculature anatomical differences," *Nature Communications*, vol. 16, no. 1, p. 2262, 2025.

[17] F. Isensee, P. F. Jaeger, S. A. A. Kohl, J. Petersen, and K. H. Maier-Hein, "nnu-net: a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation," *Nature Methods*, vol. 18, no. 2, pp. 203–211, 2021.

〈저자소개〉



박 재 현

- 2022년~현재 아주대학교 소프트웨어학과 학부과정
- 관심분야: 컴퓨터 비전, 언어모델, 인간 중심 인공지능
- https://orcid.org/0009-0007-3234-0519



유 리

- 2021년 서울대학교 컴퓨터공학 박사
- 2021년~2022년 서울대학교병원 의생명연구원 연구교수
- 2022년~현재 아주대학교 소프트웨어학과 조교수
- 관심분야: 컴퓨터 그래픽스, 컴퓨터 비전, 사람 동작 재건, 사람 동작 분석, 캐릭터 애니메이션, 사람-환경 상호작용, 디지털 휴먼
- https://orcid.org/0000-0002-2377-8654