creative commons
COMMONS DEED

저작자표시-비영리-변경금지 2.0 대한민국

이용자는 아래의 조건을 따르는 경우에 한하여 자유롭게

- 이 저작물을 복제, 배포, 전송, 전시, 공연 및 방송할 수 있습니다.

다음과 같은 조건을 따라야 합니다:



저작자표시. 귀하는 원저작자를 표시하여야 합니다.



비영리. 귀하는 이 저작물을 영리 목적으로 이용할 수 없습니다.



변경금지. 귀하는 이 저작물을 개작, 변형 또는 가공할 수 없습니다.

- 귀하는, 이 저작물의 재이용이나 배포의 경우, 이 저작물에 적용된 이용허락조건을 명확하게 나타내어야 합니다.
- 저작권자로부터 별도의 허가를 받으면 이러한 조건들은 적용되지 않습니다.

저작권법에 따른 이용자의 권리는 위의 내용에 의하여 영향을 받지 않습니다.

이것은 이용허락규약(Legal Code)을 이해하기 쉽게 요약한 것입니다.

Disclaimer

dCollection

석사학위논문

CT 영상 기반 변형 시뮬레이션을 위한 혼합형 프레임워크

HP-ChainMail·PBD를 이용한
활성 블록 기반 제한 보정 및 STC 기반 절개 표현

HANSUNG UNIVERSITY

2026년

한 성 대 학 교 대 학 원

컴 퓨 터 공 학 과

컴 퓨 터 공 학 전 공

전 소 진

HANSUNG
UNIVERSITY

석사학위논문
지도교수 계희원

CT 영상 기반 변형 시뮬레이션을 위한 혼합형 프레임워크

HP-ChainMail·PBD를 이용한 활성 블록 기반 제한 보정 및 STC 기반 절개 표현

A Hybrid Framework for CT Image-Based Deformation Simulation: Active Block-Based Restricted Correction Using HP-ChainMail and PBD, and STC-Based Incision Representation

2026년 6월 일

한 성 대 학 교 대 학 원

컴 퓨 터 공 학 과

컴 퓨 터 공 학 전 공

전 소 진

석사학위논문
지도교수 계희원

CT 영상 기반 변형 시뮬레이션을 위한 혼합형 프레임워크

HP-ChainMail·PBD를 이용한
활성 블록 기반 제한 보정 및 STC 기반 절개 표현

A Hybrid Framework for CT Image-Based Deformation Simulation: Active Block-Based Restricted Correction Using HP-ChainMail and PBD, and STC-Based Incision Representation

위 논문을 공학 석사학위 논문으로 제출함

2026년 6월 일

한 성 대 학 교 대 학 원

컴 퓨 터 공 학 과

컴 퓨 터 공 학 전 공

전 소 진

HANSUNG UNIVERSITY

전소진의 공학 석사학위 논문을 인준함

2026년 6월 일

HANSUNG UNIVERSITY

심사위원장 이 지은 (인)

심 사 위 원 계 희원 (인)

심 사 위 원 김 진모 (인)

국 문 초 록

CT 영상 기반 변형 시뮬레이션을 위한 혼합형 프레임워크

HP-ChainMail·PBD를 이용한
활성 블록 기반 제한 보정 및 STC 기반 절개 표현

한 성 대 학 교 대 학 원
컴 퓨 터 공 학 과
컴 퓨 터 공 학 전 공
전 소 진

CT 기반 의료 영상은 인체 내부 구조를 3차원 체적 데이터로 표현할 수 있어 의료 시뮬레이션에 유용하다. 그러나 고해상도 체적 데이터에서 사용자 입력에 빠르게 반응하면서도 거리, 부피, 이면각 제약을 안정적으로 유지하는 것은 쉽지 않다. 또한 절개 시나리오에서는 단순한 표면 분리뿐 아니라 절개 주변 피부의 벌어짐과 인장 반응을 함께 표현할 필요가 있다.

이 논문은 CT 기반 체적 데이터에서 혼합형 연부 조직 변형과 피부 절개 반응을 처리하기 위해 HP-ChainMail과 Position-Based Dynamics(PBD)를 결합한 혼합형 변형 프레임워크를 제안한다. 핵심은 HP-ChainMail을 PBD 보정에 앞서는 사전 구조 예측 단계로 배치한 것이다. HP-ChainMail은 사용자 입력을 빠르게 전파하여 중간 변형 상태 x_{prop}와 활성 블록 집합 B_{active}를 생성한다. 이후 PBD는 x_{prop}를 warm-start 초기 상태로 사용하여 거리, 부피,

이면각 제약의 잔여 위반량을 보정한다.

계산 비용을 줄이기 위해 HP-ChainMail 전파 과정에서 얻은 B_{active}를 PBD 제약 평가 범위 제한에 재사용하는 Active Block Restricted Solve를 구성하였다. 이 방식은 전체 제약 집합을 매 반복 평가하지 않고, 활성 블록과 연결된 제약만 선택적으로 평가한다. 또한 BlockConstraintTable을 이용해 블록과 제약의 대응 관계를 저장하고, *solveStamp* 기반 처리를 통해 중복 등록된 제약이 한 반복 안에서 여러 번 투영되는 것을 방지하였다.

절개 표현을 위해서는 CT 기반 피부 표면 후보를 추출하고, 피부 표면 삼각형의 면적 변화에 반응하는 Skin Tension Constraint(STC)를 선택적 표면 제약으로 구성하였다. STC는 현재 면적과 기준 면적의 차이를 제약 위반량으로 사용하고, 면적 그래디언트에 따라 정점 위치를 보정한다. 정적 절개 실험에서는 STC-only 조건과 Distance+STC 조건을 비교하여, 면적 기반 표면 반응과 거리 제약이 함께 작용할 때의 차이를 확인하였다.

실험에서는 ChainMail-only, PBD-only cold-start, Hybrid Active warm-start, Hybrid Global warm-start를 비교하였다. Hybrid Active는 Small 및 Medium 변형 조건에서 PBD-only보다 적은 반복으로 종료 조건을 만족하였다. 또한 Hybrid Global과 비교하여 Small, Medium, Large 조건에서 각각 약 10.77배, 7.96배, 2.54배의 속도 향상을 보였다. 정적 절개 실험에서는 STC-only 조건에서 절개선 주변의 벌어짐과 면적 기반 표면 반응이 상대적으로 뚜렷하게 나타났으며, Distance+STC 조건에서는 거리 제약이 edge 길이를 유지하려는 방향으로 함께 작용하면서 표면 이동이 일부 제한되고 안정화된 형태로 나타났다.

제안 프레임워크는 HP-ChainMail의 빠른 입력 전파, PBD의 제약 기반 안정화, active block 기반 계산 범위 제한, STC 기반 피부 표면 반응 표현을 하나의 GPU 기반 흐름 안에서 결합한다. 이는 의료 영상 기반 혼합형 체적 변형 및 정적 절개 시뮬레이션을 위한 기반 구조로 활용될 수 있다.

【주요어】: CT 체적 데이터, HP-ChainMail, Position-Based Dynamics, 혼합형 변형, Active Block Restricted Solve, Skin Tension Constraint, 피부 절개 시뮬레이션, GPU 병렬 처리

목 차

I. 서 론 ····· 1

1.1 연구 배경 및 동기 ····· 1
1.2 연구 목표 및 기여 ····· 3
1.3 논문 구성 ····· 4

II. 관련 연구 ····· 6

2.1 체적 변형 시뮬레이션 개요 ····· 6
2.2 ChainMail 기반 변형 ····· 7
2.3 Position-Based Dynamics 및 확장 연구 ····· 8
2.4 연부 조직 절개 시뮬레이션 및 피부 모델링 ····· 9

III. 시스템 개요 ····· 11

3.1 전체 파이프라인 구조 ····· 11
3.2 구성 요소의 역할 ····· 12
3.2.1 HP-ChainMail : 구조 예측자 ····· 12
3.2.2 PBD : 제약 보정자 ····· 12
3.2.3 STC : 피부 인장 반응을 위한 선택적 제약 ····· 13

IV. HP-ChainMail · PBD 혼합형 변형 ····· 14

4.1 HP-ChainMail 구조 예측 ····· 14
4.2 활성 블록 집합 B_{active} 정의 ····· 15
4.3 PBD warm-start 기반 제약 보정 ····· 16
4.4 안정화 지표 및 종료 조건 ····· 17
4.4.1 안정화 지표 ····· 18
4.4.2 종료 조건 ····· 19

V. Active Block Restricted Solve ····· 21

5.1 BlockConstraint 구성 ····· 21
5.2 평탄화 배열과 구간 인덱스 ····· 22
5.3 중복 등록과 *solveStamp* 기반 처리 ····· 24

VI. 피부 인장 제약(STC) 기반 절개 시뮬레이션 ····· 26

6.1 CT 기반 피부 표면 탐지 ····· 26
6.1.1 Hounsfield Unit 기반 정점 분류 ····· 26
6.1.2 사면체 단위 피부 면 추출 ····· 27
6.2 STC의 수학적 정의 ····· 28
6.3 STC 제약 처리와 선택적 적용 ····· 30
6.4 정적 절개 시나리오 설정 ····· 31

VII. 실험 및 평가 ····· 32

7.1 실험 환경 및 비교 방법 ····· 32
7.1.1 데이터셋 및 실험 환경 ····· 32
7.1.2 비교 방법 정의 ····· 33
7.2 혼합형 프레임워크 성능 평가 ····· 34
7.2.1 정성 가시화 결과 ····· 34
7.2.2 변형 규모별 정량 비교 ····· 38
7.2.3 수렴 지표 변화 분석 ····· 40
7.2.4 소결 ····· 42
7.3 Active Block Restricted Solve 효과 분석 ····· 43
7.3.1 Hybrid Active와 Hybrid Global의 계산 비용 비교 ····· 43
7.3.2 활성 블록 수와 계산 시간의 관계 ····· 44
7.3.3 제한 보정의 의미와 한계 ····· 44
7.3.4 소결 ····· 45
7.4 epiCenter 위치 및 변형 방향 벡터 민감도 분석 ····· 46
7.5 STC 기반 절개 시뮬레이션 평가 ····· 48
7.5.1 STC-only와 Distance+STC의 정성 비교 ····· 48
7.5.2 STC-only와 Distance+STC의 제약 투영 시간 비교 ····· 50

VIII. 결 론 ····· 52

8.1 정리 ····· 52

8.2 연구 범위 및 한계 ····· 53
8.3 맺음말 ····· 54

참 고 문 헌 ····· **55**

부 록 ····· **59**

<부록 1> Active Block Restricted Solve 알고리즘 ····· 59
<부록 2> 외부 피부 표면 탐지 알고리즘 ····· 61
<부록 3> STC 제약 처리 알고리즘 ····· 63
<부록 4> 주요 실험 파라미터 ····· 65
<부록 5> 이면각 제약 위반량 보조 확인 ····· 66

ABSTRACT ····· 67

HANSUNG UNIVERSITY

표 목 차

[표 2-1] 주요 체적 변형 모델 비교 ····· 7

[표 7-1] 데이터셋 및 실험 설정 ····· 32
[표 7-2] 실험 환경 ····· 32
[표 7-3] 비교 방법 정의 ····· 34
[표 7-4] 변형 규모별 방법 비교 ····· 39
[표 7-5] Hybrid Active와 Hybrid Global의 계산 비용 비교 ····· 43
[표 7-6] epiCenter 위치 및 입력 방향 벡터에 따른 활성 블록 수와 반복 수 ··· 47
[표 7-7] STC-only와 Distance+STC 처리 성능 ····· 50

[표 〈부록 1〉-1] Active Block Restricted Solve의 단일 반복 ····· 59

[표 〈부록 2〉-1] 외부 피부 표면 탐지 알고리즘 ····· 61

[표 〈부록 3〉-1] STC 제약 처리 알고리즘 ····· 63

[표 〈부록 4〉-1] PBD 종료 조건 파라미터 ····· 65
[표 〈부록 4〉-2] Abdomen 기반 변형 규모별 입력 조건 ····· 65

[표 〈부록 5〉-1] 이면각 제약 위반량 보조 확인 ····· 66

HANSUNG UNIVERSITY

그 림 목 차

[그림 3-1] 제안 혼합형 변형 프레임워크의 전체 흐름 ····· 11

[그림 4-1] 변형 전파에 따른 활성 블록 집합과 제한 보정 영역 ····· 15

[그림 5-1] BlockConstraintTable을 이용한 블록별 제약 참조 방식 ····· 23

[그림 6-1] Hounsfield Unit과 alpha 값의 대응 그래프 ····· 27
[그림 6-2] 사면체 단위 피부 면 추출 사례 ····· 28

[그림 7-1] 중력 및 비틀림 조건에서 PBD 보정 효과 비교 ····· 36
[그림 7-2] 단일점 강제 변위 조건에서 ChainMail 전파 효과 비교 ····· 37
[그림 7-3] 변형 규모별 수렴 지표 변화 ····· 41
[그림 7-4] STC-only와 Distance+STC 절개 결과 비교 ····· 49

[그림 〈부록 5〉-1] 변형 규모에 따른 이면각 제약 위반량 변화 ····· 66

HANSUNG UNIVERSITY

Ⅰ. 서론

1.1 연구 배경 및 동기

가상 의료 시뮬레이션은 실제 환자를 대상으로 시술을 수행하기 전에, 가상 환경에서 해부학적 구조와 시술 조작에 따른 반응을 반복적으로 관찰하고 훈련할 수 있도록 하는 기술이다(Maciel et al., 2009; Meier et al., 2005; Zhang et al., 2018). 특히 외과적 시술 환경에서는 단순히 의료영상을 시각화하는 것에 그치지 않고, 사용자가 조직을 누르거나 당기고, 절개하는 과정에서 발생하는 변형 반응을 시각적·물리적으로 자연스럽게 표현하는 것이 중요하다. 이러한 시뮬레이션은 시술자가 다양한 조작 상황을 부담 없이 경험할 수 있도록 하며, 의료영상 기반의 환자 맞춤형 시뮬레이션으로 확장될 가능성을 가진다.

본 연구에서 관심을 두는 대상은 CT(Computed Tomography)와 같은 의료영상으로부터 구성된 체적 데이터이다. CT 볼륨은 피부, 지방, 근육, 뼈 등 서로 다른 조직 정보를 포함하고 있으며, 이를 기반으로 시뮬레이션을 수행하면 실제 인체 구조에 가까운 변형 환경을 구성할 수 있다(Freutel et al., 2014). 그러나 의료영상 기반 데이터는 일반적인 그래픽스 모델에 비해 데이터 규모가 크고, 내부 구조가 복잡하다는 특징을 가진다. 예를 들어 시뮬레이션 해상도를 약 100×100×100 수준으로 낮추어 사용하더라도 약 백만 개 규모의 격자 요소가 생성될 수 있으며, 이로부터 구성되는 정점, 사면체, 표면 요소 및 제약 조건은 수만 개 이상의 연산 대상으로 이어질 수 있다. 따라서 의료영상 기반 변형 시뮬레이션에서는 대규모 데이터를 다루면서도 사용자 입력에 빠르게 반응할 수 있는 계산 구조가 필요하다.

또한 시뮬레이션에서 요구되는 반응은 단순한 위치 이동이 아니라, 주변 조직으로 자연스럽게 전달되는 변형이어야 한다. 사용자가 특정 조직을 견인하거나 절개하면 변형은 국소적으로 시작되지만, 그 결과는 인접한 체적 요소

와 피부 표면으로 전파된다. 이때 변형이 지나치게 국소적으로 제한되면 조직이 끊어진 것처럼 보이고, 반대로 전체 영역으로 과도하게 확산하면 실제 조작과 무관한 불필요한 변형이 발생할 수 있다. 따라서 시뮬레이션 엔진은 사용자 조작에 대한 빠른 응답성, 체적 구조의 안정성, 그리고 피부 표면 반응의 자연스러움을 동시에 고려해야 한다(Nealen et al., 2006; Meier et al., 2005).

기존의 물리 기반 변형 기법들은 이러한 목적을 위해 다양하게 활용되어 왔다. 유한요소법(Finite Element Method, FEM)은 물리적 정밀도가 높은 방법으로 알려져 있으며(Freutel et al., 2014; Zienkiewicz et al., 1977), 질량-스프링 모델은 구현이 단순하고 빠른 변형 표현에 유리하다(Duan et al., 2014). ChainMail 기반 방법은 사용자 입력으로부터 변형을 빠르게 전파하는 데 적합하며(Gibson, 1997), Position-Based Dynamics(PBD)는 제약 조건을 반복적으로 보정함으로써 안정적인 실시간 시뮬레이션을 구성하는 데 장점을 가진다(Müller et al., 2007). 그러나 의료영상 기반의 대규모 체적 데이터에서 절개 및 견인과 같은 상호작용을 실시간으로 처리하기 위해서는, 단일 기법만으로는 응답성, 안정성, 표현력을 모두 만족시키기 어렵다(Maciel et al., 2009).

이러한 배경에서 본 연구는 HP-ChainMail과 PBD를 결합한 혼합형 체적 변형 구조를 기반으로, 사용자 조작에 빠르게 반응하면서도 제약 기반 보정을 통해 안정성을 유지하는 시뮬레이션 프레임워크를 구성하고자 한다. HP-ChainMail은 사용자 입력에 따른 초기 변형과 활성 영역을 빠르게 예측하는 역할을 수행하고(Rodríguez et al., 2016), PBD는 예측된 변형 상태를 기반으로 거리, 부피, 이면각 등의 제약을 보정하여 체적 구조의 안정성을 확보한다(Müller et al., 2007). 또한 피부의 인장 특성과 비선형 생체역학적 특성을 고려하여(Limbert, 2017), 절개 상황에서 피부 표면의 벌어짐과 장력 특성을 표현하기 위한 Skin Tension Constraint(STC)를 제안한다(전소진 외, 2025).

1.2 연구 목표 및 기여

이 논문의 목표는 CT 기반 체적 데이터에서 사용자 조작에 따른 연부 조직 변형을 실시간으로 표현하기 위한 시뮬레이션 구조를 설계하는 것이다 (Maciel et al., 2009). 본 연구에서 다루는 사용자 조작은 조직을 일정 방향으로 당기는 견인 조작과 피부 표면 일부를 분리하는 정적 절개 시나리오로 한정한다. 이를 위해 본 논문은 두 가지 방향에서 연구를 진행한다. 첫째, HP-ChainMail과 PBD의 역할을 분리하여 빠른 변형 전파와 안정적인 제약 보정을 함께 수행하는 혼합형 변형 프레임워크를 구성한다(Gibson, 1997; Müller et al., 2007). 둘째, 피부의 비선형 인장 특성에 관한 선행 연구를 바탕으로(Limbert, 2017; Carmichael, 2014), 절개 이후 피부 표면에서 나타나는 벌어짐과 장력 반응을 표현하기 위한 면적 기반 피부 인장 제약을 PBD 형식의 위치 보정 절차로 구성한다.

연구의 구체적인 기여는 다음과 같다.

1. HP-ChainMail과 PBD의 역할을 분리한 직렬 혼합형 변형 파이프라인을 제안한다. HP-ChainMail은 사용자 입력에 따른 변형 전파와 활성 영역 예측을 담당하고 (Rodríguez et al., 2016), PBD는 전파된 중간 상태를 기반으로 잔여 제약 불일치를 완화한다 (Müller et al., 2007). 이를 통해 빠른 응답성과 체적 구조 안정성을 함께 고려하는 변형 구조를 구성한다.

2. HP-ChainMail 전파 과정에서 얻은 활성 블록 집합 B_{active}를 기반으로 PBD 제약 평가 범위를 제한하는 Active Block Restricted Solve를 정의한다. 전파 과정에서 활성화된 블록 집합 B_{active}를 기반으로 PBD 제약 평가 범위를 제한함으로써, 전체 도메인을 매번 평가하지 않고 변형과 관련된 영역을 중심으로 제약 보정을 수행한다. 이러한 설계는 ChainMail 계열의 sparse/block 기반 전파 구조를 PBD 보정 범위 제한에 활용한 것이다(Rodríguez et al., 2015).

3. 피부 표면 반응 표현을 위한 STC를 선택적 표면 제약으로 구성한다. STC는 CT 기반 피부 표면 후보에서 추출한 삼각형 요소에 적용되며, 현재 면적과 기준 면적의 차이를 이용해 절개 주변 표면 반응을 표현한다 (전소진 외, 2025; Limbert, 2017; Wong et al., 2011).

4. 체적 변형과 피부 절개 반응을 하나의 GPU 기반 실행 구조 안에서 다룬다. 제안한 구조는 HP-ChainMail 전파와 PBD 제약 보정을 직렬로 연결하고, 절개 실험을 위해 PBD 체계 안에 STC를 선택적 표면 제약으로 적용한다. 동일한 의료영상 기반 체적 데이터와 GPU 병렬 처리 환경 안에서 연동되도록 설계한다 (Demirel et al., 2023; 서지완 외, 2023).

1.3 논문 구성

본 논문은 다음과 같이 구성된다.

2장에서는 체적 변형 시뮬레이션, ChainMail 계열 방법, Position-Based Dynamics(PBD), 연부 조직 절개 및 피부 모델링에 관한 관련 연구를 정리한다. 이를 통해 HP-ChainMail, PBD, Skin Tension Constraint(STC)의 이론적 배경과 기존 연구와의 차이를 살펴본다.

3장에서는 제안 프레임워크의 전체 파이프라인을 개괄한다. 사용자 입력이 HP-ChainMail을 통해 중간 변형 상태로 전파되고, 이후 PBD solver에서 제약 보정이 수행되는 흐름을 설명한다. 절개 시나리오에 대해서는 피부 표면 반응 표현을 위한 STC의 역할을 개략적으로 소개하고, 구체적인 정의와 적용 조건은 6장에서 다룬다.

4장에서는 HP-ChainMail과 PBD를 결합한 혼합형 변형 구조를 정의한다. HP-ChainMail 기반 구조 예측, 활성 블록 집합 B_{active}, 중간 변형 상태 x_{prop}를 이용한 PBD warm-start, 안정화 지표와 종료 조건을 다룬다.

5장에서는 Active Block Restricted Solve의 실행 구조를 설명한다. 활성

블록 집합 B_{active}를 기반으로 평가 제약 집합 C_{active}를 구성하는 방법과, 이를 GPU에서 효율적으로 처리하기 위한 BlockConstraintTable 및 *solveStamp* 기반 중복 처리 방식을 제시한다.

6장에서는 피부 표면 반응 표현을 위한 Skin Tension Constraint(STC)와 정적 절개 시나리오 설정을 설명한다. CT 기반 피부 표면 후보 추출, 면적 기반 STC의 수학적 정의, PBD 형식의 위치 보정 절차, 그리고 초기 제약 생성 단계에서 절개 영역을 분리하는 정적 절개 구현 방식을 다룬다.

7장에서는 제안 프레임워크의 성능과 표현력을 실험적으로 평가한다. 변형 규모에 따른 Hybrid 프레임워크의 수렴 특성, Active Block Restricted Solve의 계산 비용, 입력 위치 및 방향에 따른 민감도를 분석한다. 또한 정적 절개 시나리오에서는 STC-only 조건과 Distance+STC 조건을 비교하여, 면적 기반 STC가 단독으로 작용할 때의 피부 표면 반응과 거리 제약이 함께 적용될 때의 차이를 확인한다.

8장에서는 실험 결과를 종합하여 결론을 정리하고, 연구 범위와 한계를 함께 논의한다.

HANSUNG UNIVERSITY

Ⅱ. 관련 연구

2.1 체적 변형 시뮬레이션 개요

변형체 시뮬레이션은 컴퓨터 그래픽스, 물리 기반 애니메이션, 생체조직 모델링 등 다양한 분야에서 사용되는 기반 기술이다(Nealen et al., 2006). 특히 의료 시뮬레이션에서는 장기, 연부 조직, 피부와 같이 복잡한 구조를 가진 인체 조직의 변형을 표현하기 위해 다양한 물리 기반 방법이 사용되어 왔다(Meier et al., 2005). 실시간 의료 시뮬레이션에서는 변형의 자연스러움과 계산 속도를 동시에 고려해야 하므로, 정확도와 응답성 사이의 균형이 중요한 설계 조건으로 다루어진다(Nguyen et al., 2020).

대표적인 방법으로는 유한요소법(Finite Element Method, FEM), 질량-스프링 모델, ChainMail, Position-Based Dynamics(PBD)가 있다. FEM은 연속체 역학에 기반하여 높은 물리적 정밀도를 제공하지만, 복잡한 선형 시스템을 반복적으로 풀어야 하므로 고해상도 의료영상 기반의 실시간 응용에서는 계산 비용이 크다(Zienkiewicz et al., 1977; Freutel et al., 2014). 질량-스프링 모델은 구현이 단순하고 빠른 변형 표현이 가능하지만, 스프링 상수 설정에 민감하며 체적 보존이나 복잡한 조직 거동을 정밀하게 표현하는 데 한계가 있다(Duan et al., 2014).

ChainMail은 인접 요소 사이의 허용 변위 범위를 정의하고, 사용자의 입력에 따라 이 범위를 만족하도록 위치를 보정하면서 변형을 전파하는 방법이다(Gibson, 1997). 선형 시스템을 풀지 않기 때문에 응답성이 높고 대규모 체적 데이터에 적용하기 유리하지만, 거리나 부피와 같은 물리 제약을 명시적으로 만족시키지는 않는다. 반면 PBD는 제약 조건을 만족하도록 정점 위치를 직접 보정하는 방식으로, 안정성이 높고 다양한 제약을 통일된 구조 안에서 처리할 수 있다는 장점이 있다(Müller et al., 2007; Camara et al., 2016).
각 방법의 특징은 다음과 같이 정리할 수 있다.

[표 2-1] 주요 체적 변형 모델 비교

방법	장점	한계
FEM	물리적 정밀도가 높고 연속체 거동 표현에 적합함	계산 비용이 크고 실시간 처리에 부담이 있음
질량- 스프링	구현이 단순하고 빠른 변형 표현이 가능함	스프링 상수 설정에 민감하고 체적 보존 표현에 한계
ChainMail	변형 전파가 빠르고 대규모 볼륨 처리에 유리	물리적 제약 만족과 일관성이 제한적임
PBD	제약 기반 위치 보정을 통해 안정적인 변형을 표현	반복 횟수와 제약 수에 따라 계산 비용이 증가함

2.2 ChainMail 기반 변형

ChainMail은 Gibson(1997)이 제안한 변형 알고리즘으로, 체적 요소 사이의 국소적인 상대 위치 제한을 이용하여 변형을 빠르게 전파한다. 이 방법은 에너지 최소화나 선형 시스템 풀이를 사용하지 않고, 인접 요소 간 허용 범위 검사와 위치 보정만으로 동작한다. 따라서 사용자 입력에 대한 응답성이 높고, 대규모 체적 데이터에서도 빠른 처리가 가능하다는 장점이 있다(Gibson, 1997).

이후 ChainMail은 의료영상 기반 대규모 볼륨과 병렬 처리 환경에 맞추어 확장되었다. SP-ChainMail은 체적 데이터를 블록 단위로 분할하고, 실제 변형이 발생한 영역을 중심으로 계산을 수행하는 sparse parallel 구조를 사용한다(Rodríguez et al., 2015). 이는 사용자의 조작이 국소적으로 발생하는 상황에서 전체 도메인을 매번 갱신하지 않고, 변형이 전달된 블록을 중심으로 처리하기 위한 방식이다.

HP-ChainMail은 이러한 블록 기반 구조 위에 조직별 이질성(heterogeneity)을 반영한 방법이다(Rodríguez et al., 2016). 인체 조직은 피부, 지방, 근육, 뼈와 같이 서로 다른 물리적 특성을 가지므로, 동일한 입력이 주어져도 조직에 따라 변형이 다르게 전파될 수 있다. HP-ChainMail은 재질

별 전파 특성을 반영하여 의료영상 기반 체적 데이터에서 다양한 조직 반응을 표현할 수 있도록 한다.

그러나 ChainMail 계열 방법은 빠른 응답성을 제공하는 대신, 거리 제약, 부피 보존, 이면각 유지와 같은 물리적 조건을 제약 함수로 직접 만족시키지는 않는다. 따라서 단독으로 사용할 때 변형 결과의 물리적 안정성이나 구조적 일관성이 부족할 수 있다.

2.3 Position-Based Dynamics 및 확장 연구

Position-Based Dynamics(PBD)는 Müller 등(2007)이 제안한 위치 기반 시뮬레이션 방법이다. PBD는 힘과 가속도를 계산한 뒤 위치를 적분하는 전통적인 방식과 달리, 제약 조건을 만족하도록 정점 위치를 직접 보정한다. 이 방식은 수치상으로 안정적이고 제어가 쉬워 cloth, soft body, 의료 시뮬레이션 등 다양한 실시간 응용 분야에서 사용되어 왔다(Müller et al., 2007; Camara et al., 2016; Demirel et al., 2023).

본 연구에서 사용하는 PBD 제약은 거리 제약, 부피 제약, 이면각 제약으로 구성된다. 거리 제약은 두 정점 사이의 거리가 기준값을 유지하도록 보정하여 구조적 연결성을 유지한다. 부피 제약은 사면체 단위로 정의되며, 변형 전후의 부피 차이를 줄여 체적 보존을 유도한다. 이면각 제약은 인접한 면 또는 요소 사이의 각도 변화를 제한하여, 과도한 접힘이나 비틀림을 완화하는 역할을 한다(Kelager et al., 2010).

PBD는 이후 다양한 방향으로 확장되었다. Strain Based Dynamics는 변형률을 제약으로 정의하여 체적 변형 표현력을 높였으며(Müller et al., 2014), XPBD는 compliance 개념을 도입하여 제약 강성이 시간 간격과 반복 횟수에 의존하는 문제를 완화하였다(Macklin et al., 2016). Projective Dynamics는 제약 투영 과정을 전역 에너지 최소화 문제와 연결하여 수렴 안정성을 개선하였다(Bouaziz et al., 2023). 이러한 연구들은 PBD가 단순한 위치 보정 방법을 넘어, 다양한 재료와 제약을 다룰 수 있는 실시간 시뮬레이션 프레임워

크로 확장될 수 있음을 보여준다.

다만 PBD를 단독으로 사용할 경우, 사용자 입력에 따른 큰 변형을 반복적인 제약 보정 과정만으로 구성해야 하는 부담이 있다. 변형 전 상태에서 시작하면 PBD는 사용자의 조작 방향을 명시적으로 전파하기보다, 거리, 부피, 이면각 제약의 위반량을 줄이는 방식으로 위치를 점진적으로 보정한다. 이 과정은 안정적인 결과를 제공할 수 있지만, 강한 입력이나 넓은 변형 영역에서는 반복 횟수가 증가하여 인터랙티브 응용에서 응답성이 저하될 수 있다.

2.4 연부 조직 절개 시뮬레이션 및 피부 모델링

절개는 가상 수술 시뮬레이션에서 중요한 상호작용 중 하나이다. 절개 시뮬레이션은 단순히 표면을 분리하는 것뿐만 아니라, 절개선 주변의 피부가 벌어지고 인접 조직이 함께 변형되는 반응을 표현해야 한다(Cotin et al., 1999). 이러한 반응은 시술자가 조직의 상태를 시각적으로 파악하는 데 중요한 단서가 된다.

기존 절개 시뮬레이션에서는 절개 경로에 해당하는 정점, 엣지 또는 제약을 분리하거나 제거하는 방식이 주로 사용되어 왔다(Courtecuisse et al., 2014). 이 방식은 구현이 비교적 단순하고 안정적이지만, 절개 이후 피부 표면에서 발생하는 장력 반응을 직접적으로 표현하기에는 한계가 있다. 피부는 균질한 탄성체가 아니라 콜라겐 섬유의 배열과 방향성에 따라 인장 반응이 달라지는 비등방성 조직이며, Langer's lines와 같은 해부학적 방향성을 가진다(Carmichael, 2014; Limbert, 2017).

피부의 생체역학적 특성을 모델링하기 위한 연구도 지속해서 이루어져 왔다. Wong 등(2011)은 상처 치유 과정에서 발생하는 기계적 신호 전달을 다루었고, Limbert(2017)는 피부의 생체물리학적 특성을 수학적·계산적 관점에서 정리하였다. 또한 연부 조직의 비선형 인장 반응을 설명하기 위한 다양한 생체역학 모델이 제안되어 왔다(Holzapfel et al., 2025).

본 연구에서는 이러한 피부의 인장 특성을 PBD 형식의 위치 보정 절차로

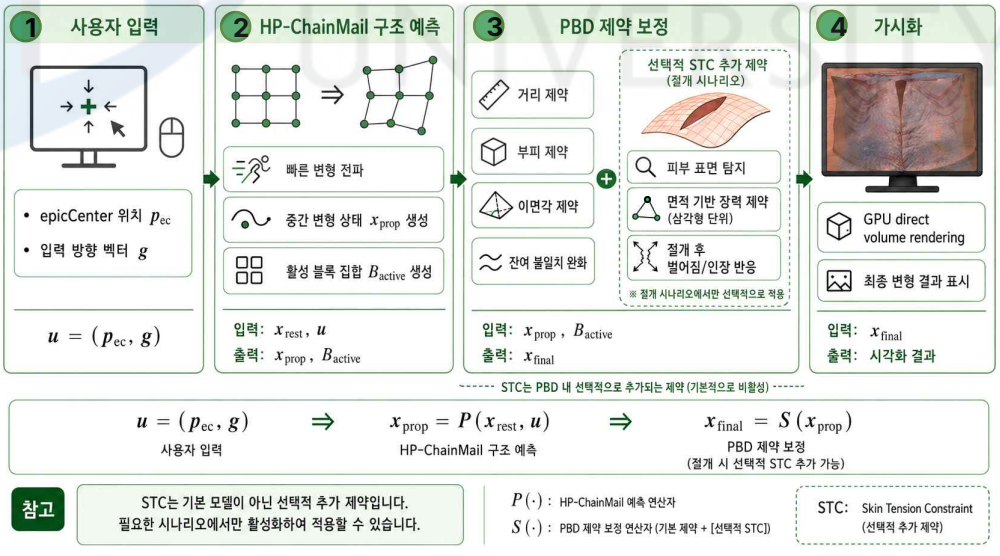
단순하고 병렬 처리 가능한 형태로 표현하기 위해 STC를 도입한다. STC는 피부 표면 삼각형의 면적 변화를 제약 위반량으로 사용하고, 현재 표면 방향을 반영한 면적 그래디언트를 이용하여 위치 보정량을 계산한다. 이를 통해 절개 이후 피부 표면의 벌어짐과 면적 기반 표면 반응을 근사한다 (전소진 외, 2025).

HANSUNG UNIVERSITY

Ⅲ. 시스템 개요

3.1 전체 파이프라인 구조

[그림 3-1]은 전체 파이프라인을 도식화한 것이다. 사용자의 조작이 Deformer 모듈을 통해 epiCenter 위치와 입력 방향 벡터 g로 변환되면, HP-ChainMail이 이를 빠르게 주변으로 전파하여 중간 변형 상태와 활성 블록 집합을 생성한다. 이어서 PBD는 이 중간 상태를 초기 상태로 받아 거리·부피·이면각 제약의 잔여 불일치를 보정하고, 필요에 따라 절개 시나리오에서는 피부 표면의 벌어짐과 인장 반응을 표현하기 위해 STC를 선택적 표면 제약으로 적용한다. 최종 변형 결과는 GPU 기반 볼륨 렌더링을 통해 화면에 시각화된다.



[그림 3-1] 제안 혼합형 변형 프레임워크의 전체 흐름

전체 흐름은 다음과 같이 표현할 수 있다.

$$u = (p_{ec}, g) \quad [식\ 3-1]$$

$$x_{prop} = P(x_{rest}, u) \quad [식\ 3-2]$$

$$x_{final} = S(x_{prop}) \quad [식\ 3-3]$$

여기서 x_{rest}는 변형 전 체적 상태이고, u는 사용자 입력을 의미한다. $P(\cdot)$는 HP-ChainMail 기반 전파 연산자이며, $S(\cdot)$는 PBD 기반 제약 보정 연산자이다. x_{prop}는 HP-ChainMail 전파 결과로 얻어지는 중간 변형 상태이고, x_{final}은 PBD 보정 이후의 최종 변형 상태를 의미한다.
STC가 적용되는 절개 시나리오에서는 PBD 형식의 위치 보정 절차에 따라 피부 표면 제약을 선택적으로 적용한다. 본 장에서는 전체 파이프라인의 흐름만 개괄적으로 설명하고, 세부 내용은 이후 장에서 나누어 기술한다.

3.2 구성 요소의 역할

3.2.1 HP-ChainMail : 구조 예측자

HP-ChainMail은 사용자 입력 $u = (p_{ec}, g)$를 받아 epiCenter 주변으로 변형을 전파하는 역할을 한다. 이 단계의 목적은 정밀한 평형해를 계산하는 것이 아니라, 사용자가 의도한 변형의 대략적인 구조를 빠르게 형성하는 것이다. 따라서 본 연구에서 HP-ChainMail은 최종 물리 해석기가 아니라 구조 예측자로 사용된다.

3.2.2 PBD : 제약 보정자

PBD는 거리, 부피, 이면각 제약을 반복적으로 투영하여 변형된 체적 구조를 안정화하는 역할을 한다. 기존 PBD 기반 변형에서는 변형 전 상태에서 직접 제약 보정을 시작하는 경우가 많다. 이 논문에서는 이를 cold-start 조

건으로 구분하고, HP-ChainMail이 먼저 생성한 중간 변형 상태 x_{prop}를 PBD의 초기 상태로 사용하는 경우를 warm-start 조건으로 정의한다.

여기서 중요한 점은 warm-start라는 일반적 개념 자체가 아니라, HP-ChainMail 전파를 PBD 보정의 사전 구조 예측 단계로 배치한 것이다. HP-ChainMail은 사용자 입력을 빠르게 전파하여 x_{prop}를 형성하고, PBD는 이 상태에서 남아 있는 거리, 부피, 이면각 제약의 위반량을 완화한다. 따라서 제안 프레임워크에서 PBD는 변형을 처음부터 생성하는 해석기가 아니라, HP-ChainMail이 형성한 변형 구조를 안정화하는 제약 보정자로 사용된다.

3.2.3 STC : 피부 인장 반응을 위한 선택적 제약

STC는 절개 이후 피부 표면의 벌어짐과 면적 기반 인장 반응을 근사하기 위해 도입한 피부 표면 제약이다. 거리 제약, 부피 제약, 이면각 제약이 체적 구조의 안정성을 유지하는 데 초점을 둔다면, STC는 피부 표면 삼각형의 현재 면적과 기준 면적의 차이를 이용하여 절개 주변 표면의 변형 반응을 표현한다. 이때 법선 벡터는 별도의 외력 방향으로 사용되는 것이 아니라, 현재 삼각형의 표면 방향을 반영한 면적 그래디언트를 계산하는 데 사용된다.

STC는 별도의 독립적인 시뮬레이션 단계가 아니라, PBD 형식의 위치 보정 절차로 정의할 수 있는 선택적 피부 표면 제약이다.

Ⅳ. HP-ChainMail · PBD 혼합형 변형

HP-ChainMail의 변형 전파 방식은 ChainMail 계열의 상대 변위 제한 및 블록 기반 전파 구조에 기반한다(Gibson, 1997; Rodríguez et al., 2015; Rodríguez et al., 2016). 또한 PBD의 제약 보정 과정은 위치 기반 제약 투영 방식에 기반한다(Müller et al., 2007).

이 논문의 기여는 HP-ChainMail이나 PBD 자체를 새로 정의하는 데 있지 않다. 핵심은 HP-ChainMail을 사용자 입력에 대한 사전 구조 예측 단계로 배치하고, 그 결과인 x_{prop}와 B_{active}를 PBD의 초기 상태와 제약 평가 범위 제한에 재사용하는 데 있다.

4.1 HP-ChainMail 구조 예측

HP-ChainMail은 인접 요소 사이의 상대 변위가 사전에 정의된 허용 범위를 벗어날 때, 해당 위치를 허용 범위 안으로 보정하면서 변형을 전파한다. 두 요소 i, j의 위치를 각각 x_i, x_j라 하면 상대 변위는 다음과 같이 정의된다.

$$d_{ij} = x_j - x_i$$

이 상대 변위는 물성 m에 따른 최소 및 최대 허용 범위 $\delta^m_{\min}$, $\delta^m_{\max}$안에 있도록 제한된다.

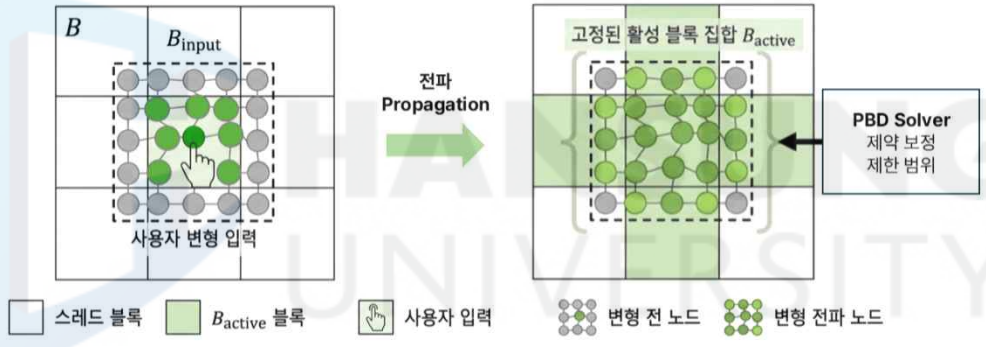
$$\delta^m_{\min} \leq d_{ij} \leq \delta^m_{\max}$$

위 조건은 각 좌표 성분에 적용된다. 조건이 위반될 경우 이웃 요소 j의 위치는 다음과 같이 보정된다.

$$x_j \leftarrow x_i + clamp\left(d_{ij},\ \delta^m_{\min}, \delta^m_{\max}\right)$$

이 보정 규칙은 ChainMail 계열 방법의 국소 상대 변위 제한 원리를 따른다(Gibson, 1997; Rodríguez et al., 2016). 본 논문에서는 이 과정을 통해 epiCenter에서 시작된 변형을 주변 체적 요소로 전파하고, 그 결과를 PBD 보정의 초기 상태인 x_{prop}로 사용한다.

4.2 활성 블록 집합 B_{active} 정의



[그림 4-1] 변형 전파에 따른 활성 블록 집합 B_{active}와 제한 보정 영역

전체 체적 도메인을 일정한 크기의 블록 집합 B로 나눈다고 하자. 이때 활성 블록 집합 는 다음과 같이 정의된다.

$$B_{active} = \{\ b \in B \mid b\text{가 변형 전파 과정에서 처리된 블록}\ \}$$

B_{active}는 시뮬레이션이 끝난 뒤 최종 변위 크기를 기준으로 따로 추출한 영역이 아니라, HP-ChainMail 전파 과정에서 얻어지는 전파 영역 정보이다. 따라서 이 집합은 사용자 입력으로 변형 전파가 도달한 공간 범위를 나타낸다.

기존 ChainMail 계열 방법에서 활성 블록 정보는 주로 전파 과정을 효율

적으로 관리하기 위한 정보로 사용된다(Rodríguez et al., 2015; Rodríguez et al., 2016). 반면 이 논문에서는 B_{active}를 후속 PBD 보정 단계의 평가 범위를 제한하기 위한 정보로 재사용한다. 즉, B_{active}는 단순한 전파 기록이 아니라, PBD가 우선으로 보정해야 할 공간 영역을 나타내는 연결 정보로 확장된다.

전파가 종료되면 B_{active}는 고정된 집합으로 확정된다. 이후 PBD 제약 보정 과정에서는 B_{active}를 다시 갱신하지 않고, 전파 단계에서 전달받은 공간 정보로 사용한다. 이를 통해 PBD solver는 전체 체적 도메인을 동일하게 보정하는 대신, 사용자 입력으로 변형이 전달된 영역을 중심으로 제약 보정을 수행할 수 있다. 하나의 변형 사이클이 종료되면, 다음 사용자 입력 또는 다음 전파를 위해 활성 블록 기록은 초기화된다.

4.3 PBD warm-start 기반 제약 보정

PBD는 제약 조건을 만족하도록 정점 위치를 반복적으로 보정하는 위치 기반 시뮬레이션 방법이다(Müller et al., 2007). 본 논문에서는 체적 구조의 안정화를 위해 PBD에서 널리 사용되는 거리 제약, 부피 제약, 이면각 제약을 대표적인 제약 구성으로 사용한다(Müller et al., 2007; Kelager et al., 2010).

제안 프레임워크에서는 PBD solver가 변형 전 상태 x_{rest}가 아니라 HP-ChainMail 전파 결과인 x_{prop}에서 시작한다.

$$x^0 = x_{prop} \qquad \text{[수식 4-1]}$$

이 설정이 본 논문에서 정의하는 warm-start 조건이다. PBD가 사용자 입력에 따른 변형을 처음부터 구성하는 것이 아니라, HP-ChainMail이 먼저 형성한 변형 상태를 초기 상태로 받아 잔여 제약 위반량을 보정하도록 구성한 점이 제안 구조의 핵심이다.

본 논문에서 사용하는 PBD 제약 집합은 다음과 같다.

$$C = C_d \cup C_v \cup C_\theta \qquad \text{[수식 4-2]}$$

여기서 C_d, C_v, C_θ는 각각 거리 제약, 부피 제약, 이면각 제약을 의미한다. 각 제약은 현재 정점 위치를 입력으로 받아 기준 상태와의 차이를 계산하고, 위반량을 줄이는 방향으로 위치 보정량을 분배한다.

반복 k에서의 위치 갱신은 다음과 같이 표현할 수 있다.

$$x^{k+1} = x^k + \Delta x^k \qquad \text{[수식 4-3]}$$

$$\Delta x^k = \sum_{C_j \in C_{eval}} \Delta x_j^k \qquad \text{[수식 4-4]}$$

이때, C_{eval}은 해당 반복에서 실제로 평가되는 제약 집합이다. 일반적인 전체 체적 보정 방식에서는 $C_{eval} = C$가 된다. 반면 본 논문의 활성 영역 제한 보정 방식에서는 HP-ChainMail 전파 과정에서 얻은 B_{active}를 이용해 선택된 부분 제약 집합 C_{active}만 평가한다. 따라서 C_{eval}의 선택은 본 논문에서 제안하는 Active Block Restricted Solve의 핵심 설계 요소이며, C_{active}의 구성 방식과 적용 절차는 5장에서 설명한다.

4.4 안정화 지표 및 종료 조건

PBD 보정 단계는 반복적인 제약 투영으로 이루어진다. 따라서 반복을 언제 종료할지는 최종 변형 품질과 계산 비용을 함께 결정한다. 이 논문에서는 보정 상태를 확인하기 위해 위치 변화량, 거리 제약 위반량, 부피 제약 위반량을 측정한다. 이 중 종료 판단에는 위치 변화량과 부피 제약 위반량의 상대적 개선율을 사용한다.

거리 제약 위반량도 보정 상태를 확인하기 위한 지표로 함께 측정하지만, 종료 판단의 보조 기준으로는 사용하지 않는다. 이는 HP-ChainMail 전파가 인접 요소 간 상대 변위를 제한하여 거리 구조를 먼저 형성하는 반면, 사면체 단위의 부피 보존은 직접 보장하지 않기 때문이다. 따라서 PBD 보정 단계에

서는 ChainMail이 명시적으로 보장하지 못한 부피 제약 위반량의 개선 여부를 함께 확인할 필요가 있다. 구체적인 종료 조건과 거리 제약 개선율을 종료 기준에서 제외한 이유는 4.4.2절에서 설명한다.

여기서 종료는 완전한 물리적 평형 상태를 의미하지 않는다. 이 논문에서의 수렴은 추가 반복을 수행해도 형상 변화가 적당히 작거나, 부피 보존 측면의 개선이 더 이상 유의미하게 진행되지 않는 상태를 의미한다.

4.4.1 안정화 지표

반복 k에서 정점 i의 위치를 x_i^k라 할 때, 위치 변화량 $maxMove^k$는 한 반복에서 발생한 정점 위치 변화량의 최댓값으로 정의한다.

$$maxMove^k = \max_i \|x_i^k - x_i^{k-1}\|_2 \qquad \text{[수식 4-5]}$$

평균값 대신 최댓값을 사용하는 이유는 정점 대부분이 안정된 상태에서도 일부 국소 영역에서 큰 보정이 계속 발생할 수 있기 때문이다. 따라서 $maxMove^k$는 PBD 보정이 더 이상 큰 형상 변화를 만들지 않는지를 판단하는 주요 지표로 사용된다.

거리 제약 평균 위반량 V_d^k는 다음과 같이 정의한다.

$$V_d^k = \frac{1}{|E|} \sum_{e=(i,j)\in E} \frac{|L_e(x^k) - L_e^0|}{L_e^0 + \epsilon} \qquad \text{[수식 4-6]}$$

여기서 E는 거리 제약에 대응하는 edge 집합이고, $L_e(x^k)$는 반복 k에서 현재 정점 위치 x^k로 계산한 $edge(e=(i,j))$의 길이이다. L_e^0는 edge e의 초기 길이이다. V_d^k는 거리 제약 관점에서 국소적인 늘어남과 압축이 얼마나 발생했는지를 나타내며, 체적 구조의 국소 안정성을 확인하기 위한 지표로 사용된다.

부피 제약 평균 위반량 V_v^k는 다음과 같이 정의한다.

$$V_v^k = \frac{1}{|T|}\sum_{t\in T}\frac{|V_t(x^k) - V_t^0|}{|V_t^0| + \epsilon} \qquad \text{[수식 4-7]}$$

여기서 T는 사면체 집합이고, $V_t(x^k)$는 반복 k에서 현재 정점 위치 x^k로 계산한 사면체 t의 부피이다. V_t^0는 사면체 t의 초기 부피이다. V_v^k는 PBD 보정 이후 사면체 단위의 부피 보존이 어느 정도 유지되는지를 확인하기 위한 지표이다. 거리 제약 위반량이 국소적인 길이 변화를 반영한다면, 부피 제약 위반량은 체적 요소의 압축이나 팽창을 반영한다.

이면각 제약은 PBD solver에 포함되지만, 종료 조건의 중심 지표로는 사용하지 않는다. 이면각 제약 위반량 V_θ^k는 과도한 접힘이나 비틀림을 확인하기 위한 보조 지표로 활용한다.

각 지표의 상대적 개선율은 다음과 같이 정의한다.

$$\frac{R_{move}^k = maxMove^{k-1} - maxMove^k}{\max(maxMove^{k-1}, \epsilon)} \qquad \text{[수식 4-8]}$$

$$R_d^k = \frac{V_d^{k-1} - V_d^k}{\max(V_d^{k-1}, \epsilon)} \qquad \text{[수식 4-9]}$$

$$R_v^k = \frac{V_v^{k-1} - V_v^k}{\max(V_v^{k-1}, \epsilon)} \qquad \text{[수식 4-10]}$$

상대적 개선율은 지표의 절대 크기와 무관하게 한 반복에서 얼마나 개선이 이루어졌는지를 나타낸다. 분모에 ϵ을 사용하는 것은 이전 반복의 값이 매우 작을 때 발생할 수 있는 수치적 불안정을 방지하기 위함이다.

4.4.2 종료 조건

PBD 보정의 종료 조건은 위치 변화량에 의한 직접 종료 조건과 부피 제약 위반량의 개선 정체에 의한 보조 종료 조건으로 구성된다. 먼저 부피 제약 위반량의 개선이 정체되었는지를 판단하기 위해 정체 누적 횟수 s^k를 다음과

같이 정의한다.

$$s^k = \begin{cases} s^{k-1} + 1, & if\ 0 \leqq R_v^k \leqq \eta_{rel} \wedge maxMove^k \leqq \eta_{guard} \\ 0, & otherwise \end{cases} \quad \text{[수식 4-11]}$$

여기서 η_{rel}은 부피 제약 위반량의 상대적 개선율에 대한 임곗값이고, η_{gurad}는 정체 누적 횟수를 카운트하기 위한 위치 변화량 가드 조건이다. 즉, $maxMove^k$가 아직 충분히 작아지지 않은 초기 반복에서는 R_v^k가 작게 나타나더라도 개선 정체로 판단하지 않는다. 이는 보정이 충분히 진행되기 전에 조기 종료되는 것을 방지하기 위한 장치이다.

종료 조건에서 R_v^k를 사용하는 이유는 HP-ChainMail과 PBD의 역할 차이와 관련된다. HP-ChainMail 전파는 인접 요소 사이의 허용 상대 변위를 제한하며, 이는 거리 제약과 유사하게 국소적인 edge 구조를 빠르게 형성하는 역할을 한다. 반면 ChainMail 단계는 사면체 단위의 부피 보존을 직접 추적하지 않는다. 따라서 PBD 보정 단계에서는 ChainMail이 명시적으로 보장하지 못한 부피 제약 위반량이 더 이상 유의미하게 개선되는지를 확인할 필요가 있다. 이러한 이유로 종료 판단에는 거리 제약 개선율이 아니라 부피 제약 개선율 R_v^k를 보조 기준으로 사용한다.

최종 종료 조건은 다음과 같다.

$$STOP\ if\ \ k \geq k_{\min} \\ \wedge \left(maxMove^k \leq \eta_{move} \vee s^k \geq K\right) \quad \text{[수식 4-12]}$$

여기서 $k_{\min}$은 최소 반복 횟수이다. 최소 반복 횟수를 두는 이유는 초기 몇 회 반복에서 위치 변화량이나 개선율이 일시적으로 작게 나타나 조기 종료되는 것을 방지하기 위해서이다.

두 종료 조건은 서로 다른 의미가 있다. $maxMove^k \leqq \eta_{move}$는 정점 위치가 더 이상 유의미하게 변하지 않는다는 것을 의미한다. 반면 $s^k \geqq K$는 위치 변화가 충분히 작아진 상태에서 부피 제약 위반량의 개선이 여러 반복 동안 정체되었음을 의미한다. 따라서 두 조건 중 하나가 만족되면 추가 반복의 이득이 제한적이라고 판단하고 PBD 보정을 종료한다.

Ⅴ. Active Block Restricted Solve

Active Block Restricted Solve는 HP-ChainMail 전파 과정에서 얻은 활성 블록 집합 B_{active}를 PBD 제약 평가 범위 제한에 재사용하는 방식이다. 기존 PBD 보정이 전체 제약 집합을 반복적으로 평가하는 것과 달리, 제안 방식은 사용자 입력으로 실제 변형이 전달된 영역을 중심으로 평가 제약 집합 C_{active}를 구성한다. 즉, B_{active}를 단순한 전파 기록이 아니라 후속 PBD 보정에서 우선으로 처리할 공간 정보로 재해석한다. 이를 통해 PBD의 제약 투영 모델은 유지하면서도 불필요한 제약 평가를 줄여, 국소 변형 상황에서 계산 비용을 낮추는 것을 목표로 한다. 구성 방법과 이를 위한 BlockConstraintTable 및 *solveStamp* 기반 중복 처리 방식은 아래 절에서 설명하며, 자세한 알고리즘은 〈부록 1〉에 정리한다.

5.1 BlockConstraint 구성

Active Block Restricted Solve를 수행하려면 각 제약이 어느 블록과 연결되어 있는지를 사전에 알고 있어야 한다. 이를 위해 시뮬레이션 초기화 단계에서 BlockConstraint를 구성한다. 여기서 BlockConstraint는 특정 블록이 참조할 수 있는 제약 정보를 의미하며, 이러한 정보를 제약 유형별로 모아 GPU에서 접근할 수 있도록 구성한 자료구조를 BlockConstraintTable이라 한다.

각 제약 C_j는 자신이 포함하는 정점들이 속한 모든 블록에 등록된다. 제약 유형별 등록 방식은 다음과 같다.

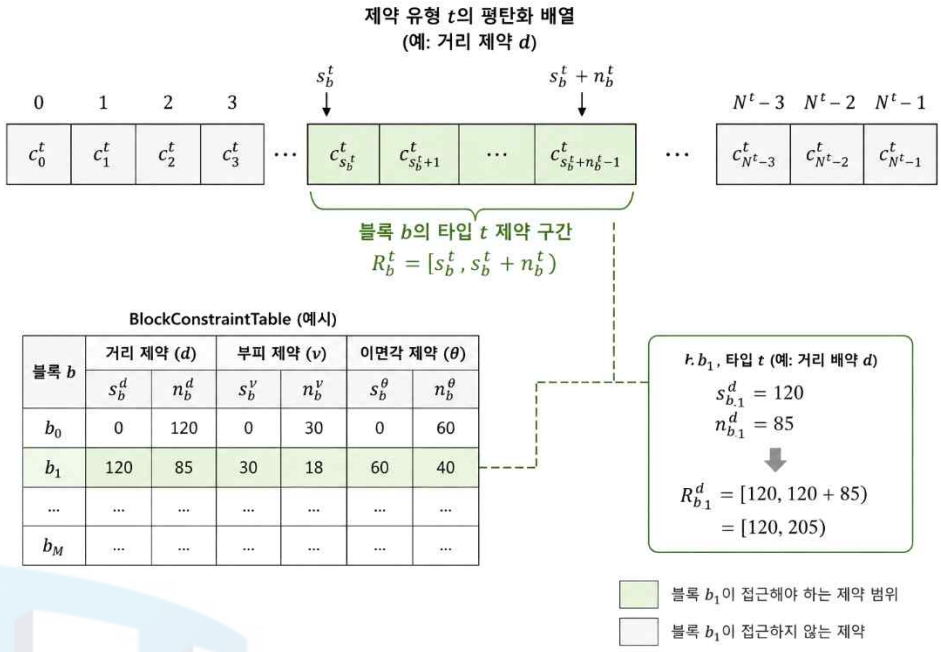
거리 제약은 edge를 구성하는 두 정점이 속한 블록에 등록된다. 부피 제약은 사면체를 구성하는 네 정점이 속한 블록에 등록된다. 이면각 제약은 기준 edge와 인접 면을 구성하는 정점들이 속한 블록에 등록된다.

하나의 제약은 여러 블록에 걸쳐 있을 수 있다. 제약을 하나의 대표 블록에만 등록하면, 해당 블록이 비활성 상태일 때 활성 영역 경계에 걸친 제약이 빠질 수 있다. 따라서 이 논문에서는 제약을 관련된 모든 블록에 등록하여, 활성 블록 중 하나라도 해당 제약과 연결되어 있으면 평가 대상에 포함되도록 한다. 이는 활성 영역 경계에 걸친 제약이 빠지지 않도록 하기 위한 보수적 등록 방식이다.

5.2 평탄화 배열과 구간 인덱스

BlockConstraintTable은 PBD 반복 중 매번 새로 생성되는 자료구조가 아니라, 시뮬레이션 초기화 단계에서 한 번 생성되는 정적 참조 테이블이다. 초기화 단계에서는 CPU에서 각 제약 C_j가 포함하는 정점들이 어느 블록에 속하는지 계산하고, 해당 제약의 인덱스를 관련 블록의 제약 목록에 등록한다. 이를 통해 각 블록이 참조해야 하는 거리 제약, 부피 제약, 이면각 제약의 목록이 구성된다.

구성된 블록별 제약 목록은 GPU에서 연속 메모리로 접근할 수 있도록 제약 유형별 평탄화 배열과 블록별 구간 정보로 변환된다. 이후 변환된 배열은 GPU 메모리에 복사된다. 따라서 PBD 보정 단계에서는 CPU가 제약–블록 대응 관계를 다시 계산하지 않으며, GPU solver는 이미 GPU 메모리에 저장된 BlockConstraintTable을 참조하여 활성 블록에 연결된 제약 구간만 순회한다.



[그림 5-1] BlockConstraintTable을 이용한 블록별 제약 참조 방식

제약 유형 t는 다음과 같이 정의한다.

$$t \in \{d, v, \theta\} \qquad \text{[수식 5-1]}$$

여기서 d, v, θ는 각각 거리 제약, 부피 제약, 이면각 제약을 의미한다. 블록 b에 등록된 유형 t의 제약 구간은 다음과 같이 표현한다.

$$R_b^t = \left[s_b^t, \quad s_b^t + n_b^t \right) \qquad \text{[수식 5-2]}$$

여기서 s_b^t는 평탄화 배열에서 블록 b의 유형 t제약이 시작되는 위치이고, n_b^t는 해당 블록에 등록된 제약 개수이다. 따라서 R_b^t는 블록 b가 참조해야 하는 연속적인 제약 인덱스 범위를 의미한다.

PBD solver는 활성 블록 $b \in B_{active}$에 대해서만 R_b^t구간을 순회한다. 따라서 반복마다 전체 제약 배열을 처음부터 끝까지 탐색하지 않고, 활성 블록과 연결된 제약 구간만 접근할 수 있다.

$$cost_{all} = O\left(\sum_{b \in B} \sum_{t} n_b^t\right) \quad \text{[수식 5-3]}$$

$$cost_{active} = O\left(\sum_{b \in B_{active}} \sum_{t} n_b^t\right) \quad \text{[수식 5-4]}$$

여기서 $cost_{all}$과 $cost_{active}$는 BlockConstraintTable을 생성하는 초기화 비용이 아니라, PBD 보정 단계에서 GPU solver가 테이블을 참조하며 접근하는 제약 참조 횟수를 기준으로 한 비용이다. 또한 이 값은 실제 고유 제약 수가 아니라, 블록별 제약 목록에 등록된 참조 항목의 수를 의미한다. 따라서 B_{active}가 전체 블록 집합 B보다 충분히 작을수록, PBD 보정 단계에서 접근해야 하는 제약 범위를 줄일 수 있다.

5.3 중복 등록과 $solveStamp$ 기반 처리

BlockConstraintTable에서는 활성 영역 경계의 제약을 빠뜨리지 않기 위해 하나의 제약이 여러 블록에 중복으로 등록될 수 있다. 그러나 활성 블록을 병렬로 순회하면 동일 제약이 서로 다른 스레드 블록에서 동시에 선택되어, 한 PBD 반복 안에서 중복으로 투영될 수 있다. 이를 방지하기 위해 이 논문에서는 제약 단위의 $solveStamp$를 사용한다.

각 제약 타입에 대해 제약 개수만큼의 정수 배열 $solveStamp$를 두고, 매 PBD 반복 시작 시 0으로 초기화한다. 스레드가 제약 c_j를 처리할 때는 다음의 원자적 비교-교환 연산을 수행한다.

$$if\ atomic\ CAS(solveStamp[j], 0, 1) \neq 0\ then\ skip \quad \text{[수식 5-5]}$$

즉, $solveStamp[j]$를 0에서 1로 갱신한 최초의 스레드만 해당 제약의 투영 보정을 수행하고, 나머지 스레드는 이미 처리된 제약으로 판단하여 건너뛴다. 이 방식은 중복 등록을 유지하여 경계 제약의 탐색 안정성을 확보하면서도, 실제 투영은 한 반복 안에서 한 번만 실행되도록 제한한다.

이때 블록은 제약을 탐색하기 위한 공간적 참조 단위이며, 제약 보정의 적용 범위가 해당 블록 내부 정점으로 제한되는 것은 아니다. 예를 들어 하나의 edge 제약이 서로 다른 두 블록에 속한 정점으로 구성된 경우에도, 해당 제약이 한 활성 블록에서 선택되면 edge를 구성하는 두 정점 모두에 대해 보정량이 계산된다. 이후 다른 블록에서 같은 제약이 다시 참조되더라도 이는 동일 제약에 대한 중복 참조이므로 *solveStamp*에 의해 건너뛴다.

*solveStamp*는 HP-ChainMail의 전파 시간 정보와는 목적이 다르다. HP-ChainMail의 time 값이 변형 전파의 도달 순서를 나타내는 정보라면, *solveStamp*는 활성 블록 기반 병렬 PBD에서 동일 제약의 중복 실행을 막기 위한 제약 단위 실행 제어 장치이다. 따라서 이 방식은 기존 time 필드를 그대로 사용하는 것이 아니라, B_{active}기반 제약 평가 과정에서 발생하는 중복 투영 문제를 해결하기 위해 구성한 본 논문의 구현 요소이다.

HANSUNG UNIVERSITY

Ⅵ. 피부 인장 제약(STC) 기반 절개 시뮬레이션

STC는 피부 표면의 인장 반응을 표현하기 위한 면적 기반 제약이다. 이 논문에서는 선행 연구에서 제안한 STC 모델을 CT 기반 절개 시뮬레이션에 적용하고, 이를 PBD 제약 보정 흐름 안에서 절개 시나리오에 선택적으로 추가되는 제약으로 처리한다(전소진 외, 2025).

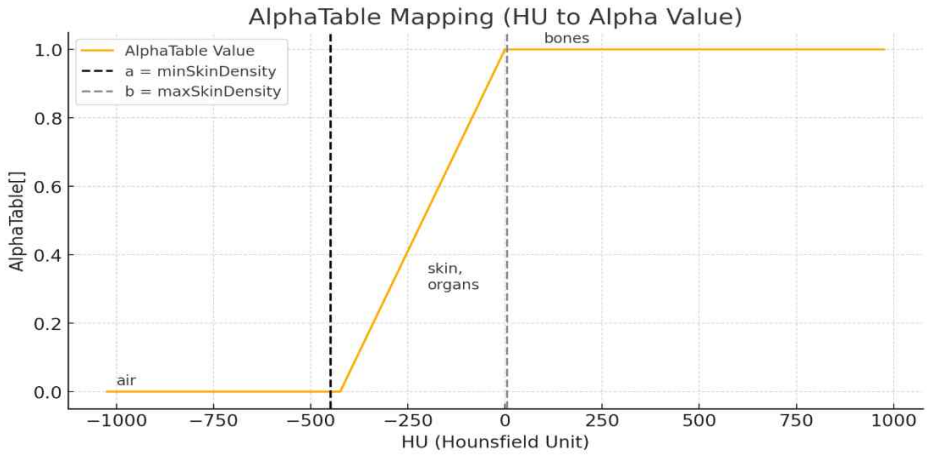
6.1 CT 기반 피부 표면 탐지

6.1.1 Hounsfield Unit 기반 정점 분류

CT 데이터의 각 복셀은 Hounsfield Unit(HU)이라는 표준화된 밀도 값을 갖는다. HU 값은 조직의 방사선 감쇠 정도를 나타내며, 공기, 지방, 연부 조직, 뼈와 같은 조직 구분에 활용될 수 있다. 일반적으로 공기는 매우 낮은 HU 값을 가지며, 지방, 연부 조직, 뼈는 서로 다른 밀도 범위에 분포한다.

본 연구의 실험에서는 $minSkinDensity = -449HU$, $maxSkinDensity = +6HU$로 설정하였다. 이 범위는 일반적인 연부 조직 영역에 해당하며, 사용자의 데이터셋이나 시나리오에 따라 조절할 수 있다. [그림 6-1]은 본 연구에서 사용한 HU-alpha 대응을 나타낸다.

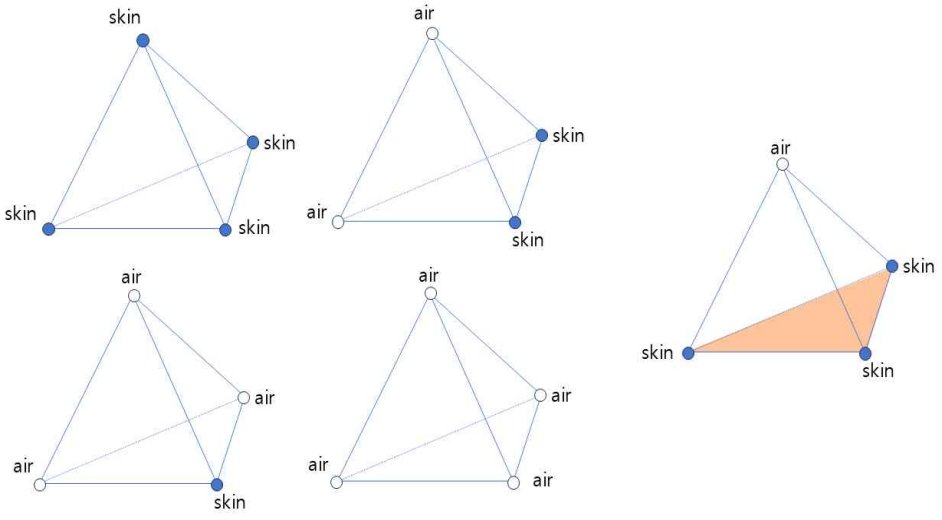
본 연구의 HU 기반 분류는 해부학적으로 정확한 피부층 분할을 목표로 하지 않는다. 목적은 STC를 적용할 수 있는 외부 표면 후보를 간단하고 병렬 처리 가능한 방식으로 추출하는 것이다. 따라서 추출 결과는 데이터셋의 밀도 분포, 전처리 상태, 임곗값 설정에 영향을 받을 수 있으며, 최종 피부 표면 후보는 6.1.2절의 사면체 단위 외부 면 추출 조건을 통해 결정된다.



[그림 6-1] Hounsfield Unit과 alpha 값의 대응 그래프

6.1.2 사면체 단위 피부 면 추출

정점 분류가 끝나면, 사면체 단위로 외부 피부 표면 면을 추출한다. 핵심 규칙은 단순하다. 하나의 사면체를 구성하는 네 정점 중 정확히 한 정점만 공기로 분류되는 경우, 나머지 세 정점으로 이루어진 삼각형을 외부 피부 표면으로 등록한다. 이 조건은 피부가 외부 공기와 접하는 경계면이라는 점에 기반한다. 공기 정점이 없으면 내부 조직으로 판단하고, 공기 정점이 둘 이상이면 경계가 불명확한 영역으로 보아 제외한다.



[그림 6-2] 사면체 단위 피부 면 추출 사례

이 방식은 별도의 정교한 조직 분할 과정을 거치지 않고도 STC 적용 대상이 되는 외부 표면 삼각형을 추출할 수 있다는 장점이 있다. 자세한 피부 표면 탐지 알고리즘은 〈부록 2〉에 정리한다.

6.2 STC의 수학적 정의

STC는 하나의 피부 표면 삼각형을 제약 단위로 사용한다. 삼각형을 구성하는 세 정점의 위치를 x_1, x_2, x_3라 하면, 두 변 벡터는 다음과 같이 정의된다.

$$e_{12} = x_2 - x_1, e_{13} = x_3 - x_1$$

두 변 벡터의 외적을 이용하여 삼각형의 법선 벡터와 현재 면적을 계산한다.

$$n = e_{12} \times e_{13}$$

$$A = \frac{1}{2} \| n \|$$

여기서 n은 현재 삼각형 표면의 방향을 나타내는 법선 벡터이고, A는 현재 삼각형의 면적이다. 초기 상태에서의 기준 면적을 A_0라 하면, STC의 제약 위반량은 현재 면적과 기준 면적의 차이로 정의한다.

$$C(x_1, x_2, x_3) = A - A_0 \qquad \text{[수식 6-1]}$$

$C = 0$이면 삼각형이 기준 면적을 유지하고 있으며, $C \neq 0$이면 면적 변화가 발생한 상태이다. PBD solver는 이 위반량을 줄이는 방향으로 세 정점의 위치를 보정한다.

이때 n은 별도의 외력 방향이나 해부학적 방향장으로 사용되는 것이 아니다. STC의 제약량은 면적 변화로 정의되며, n은 현재 삼각형의 표면 방향을 반영하여 면적 함수의 위치 그래디언트를 계산하는 데 사용된다. 즉, STC는 정점을 단순히 법선 방향으로 이동시키는 제약이 아니라, 현재 표면 방향을 반영한 면적 그래디언트를 따라 위치 보정량을 계산하는 면적 기반 위치 보정 제약이다. 본 논문에서는 이 면적 기반 보정에 인장 상태의 증폭 계수를 추가하여, 기준 면적보다 늘어난 경우 복원 반응이 더 강하게 나타나도록 구성한다.

피부는 인장 상태에서 비선형적인 기계적 반응을 보이는 조직으로 알려져 있다(Limbert, 2017). 이를 단순화하기 위해 이 논문에서는 면적이 기준 면적보다 커진 경우에만 복원 반응이 강화되도록 비선형 증폭 계수를 사용한다.

$$a_{amp} = 1 + \alpha max\left(0, \frac{A - A_0}{A_0}\right) \qquad \text{[수식 6-2]}$$

여기서 α는 인장 상태에서 복원 반응의 증가 정도를 조절하는 파라미터이다. 면적이 기준보다 작거나 같은 경우에는 증폭 항이 적용되지 않고, 면적이 기준보다 커지는 인장 상태에서만 복원 반응이 점진적으로 증가한다. 이를 통해 절개 이후 피부 표면 삼각형이 기준 면적보다 과도하게 늘어나는 것을 완화하고, 현재 표면 방향을 반영한 면적 보정에 의해 절개 주변 표면의 인장 반응을 근사한다.

6.3 STC 제약 처리와 선택적 적용

STC는 각 피부 표면 삼각형에 대해 현재 면적 계산, 제약 위반량 산출, 증폭 계수 적용, 위치 보정량 계산의 순서로 처리된다. 이 과정은 기존 PBD 제약과 동일하게 “제약 위반량 계산 → 위치 보정량 산출 → 정점 위치 갱신”의 흐름을 따른다(Müller et al., 2007).

STC의 위치 보정량은 면적 함수의 위치 기울기, 즉 면적 그래디언트를 이용하여 계산된다. 면적 그래디언트 $\nabla_{x_i} A$는 정점 x_i를 어느 방향으로 이동시켰을 때 삼각형의 면적 A가 가장 빠르게 증가하는지를 나타내는 방향 벡터이다. 따라서 현재 면적이 기준 면적보다 큰 경우에는 그래디언트의 반대 방향으로 보정하여 면적 증가를 완화하고, 현재 면적이 기준 면적보다 작은 경우에는 그래디언트 방향으로 보정하여 기준 면적에 가까워지도록 한다.

각 정점에 대한 보정량은 해당 정점의 역질량 가중치를 반영하여 분배된다. 따라서 고정된 정점이나 무거운 정점은 상대적으로 적게 움직이고, 자유롭게 움직일 수 있는 정점은 더 크게 보정된다. 즉, STC는 피부 표면 삼각형의 면적 변화량을 줄이는 방향으로 정점 위치를 보정하되, 각 정점의 움직임 가능 정도를 함께 고려하는 면 기반 위치 보정 제약이다.

본 논문에서 STC는 모든 변형 시나리오에 항상 적용되는 기본 제약이 아니라, 절개 시나리오에서 피부 표면의 인장 반응을 확인하기 위해 선택적으로 적용되는 제약으로 사용된다. 따라서 STC는 별도의 독립적인 시뮬레이션 모델이라기보다, PBD 형식의 위치 보정 절차로 정의된 선택적 피부 표면 제약으로 해석할 수 있다. 본 연구에서는 정적 절개 시나리오에서 STC-only 조건과 Distance+STC 조건을 비교하여, 면적 기반 STC가 단독으로 작용할 때의 표면 반응과 거리 제약이 함께 적용될 때의 차이를 확인한다. STC solver의 자세한 알고리즘은 〈부록 3〉에 제시한다.

6.4 정적 절개 시나리오 설정

STC의 효과를 확인하기 위해 본 연구에서는 정적 절개 시나리오를 사용하였다. 여기서 정적 절개란 시뮬레이션 도중 수술 도구가 조직을 계속 자르는 과정을 구현하는 것이 아니라, 초기 상태에서 절개선을 미리 정해 두고 절개된 상태로 시뮬레이션을 시작하는 설정을 의미한다.

절개 영역은 시뮬레이션 공간에서 미리 지정한 기준선을 중심으로 정의한다. 초기 제약 생성 단계에서 이 절개선을 가로지르는 연결은 제외한다. 구체적으로, 절개선 양쪽에 위치한 두 정점을 연결하는 거리 제약은 생성하지 않는다. 거리 제약은 두 정점 사이의 길이를 유지하려는 제약이므로, 절개선 양쪽을 연결하는 거리 제약이 남아 있으면 분리되어야 할 표면이 다시 서로 붙잡히는 효과가 발생할 수 있기 때문이다.

부피 제약과 이면각 제약도 절개 영역을 기준으로 선별한다. 절개 영역에 포함되는 사면체는 부피 제약과 이면각 제약 생성 대상에서 제외한다. 부피 제약은 사면체의 부피를 유지하기 위한 제약이고, 이면각 제약은 면 사이의 과도한 접힘을 완화하기 위한 제약이다. 따라서 절개된 영역에 이러한 제약이 남아 있으면 절개선 주변 구조가 다시 하나의 연결된 구조처럼 보정될 수 있다.

피부 표면에 적용되는 STC 역시 절개 영역에 포함되는 삼각형은 제외하고, 절개선 양쪽에 남아 있는 피부 표면 삼각형에 대해서만 구성한다. 그 결과 절개선 자체는 연결 제약이 제거된 분리 경계가 되고, 절개선 주변의 남은 피부 표면은 STC에 의해 면적 변화에 따른 보정을 받는다.

따라서 본 연구의 정적 절개는 렌더링에서 절개 부위를 단순히 지우는 방식이 아니라, 초기 제약 생성 단계에서 절개선을 가로지르는 거리·부피·이면각·STC 관련 제약을 생성하지 않는 방식이다. 이 설정은 실제 수술 도구에 의한 동적 절개 과정을 완벽히 재현하기 위한 것이 아니라, 절개된 표면에서 STC와 거리 제약이 피부 표면 반응에 어떤 영향을 주는지 비교하기 위한 실험 조건으로 사용된다.

Ⅶ. 실험 및 평가

7.1 실험 환경 및 비교 방법

7.1.1 데이터셋 및 실험 환경

이 절에서는 제안 방법의 평가에 사용한 실험 환경과 데이터셋 구성을 정리한다. 실험은 CT 기반 체적 데이터를 대상으로 수행하였으며, 모든 데이터셋은 동일한 전처리 과정을 거쳐 시뮬레이션 격자로 변환하였다. 각 데이터셋은 4배 다운샘플링하여 사용하였고, 블록 크기는 $8 \times 8 \times 8$로 설정하였다.

전체 블록 수 $|B|$는 다운샘플링된 시뮬레이션 격자 해상도 (N_x, N_y, N_z)에 대해 다음과 같이 계산한다.

$$|B| = \left\lceil \frac{N_x}{8} \right\rceil \left\lceil \frac{N_y}{8} \right\rceil \left\lceil \frac{N_z}{8} \right\rceil$$

실험은 GPU 기반 병렬 처리 환경에서 수행하였으며, 사용한 하드웨어 및 소프트웨어 환경은 [표 7-1] 및 [표 7-2]에 제시하였다.

[표 7-1] 데이터셋 및 실험 설정

데이터셋	부위	원본 해상도	scale	블록 크기	$\|B\|$
Abdomen	복부	$512 \times 512 \times 300$	/ 4	8^3	2,560
Head	머리	$512 \times 512 \times 544$	/ 4	8^3	4,352
Lower body	다리	$512 \times 512 \times 1152$	/ 4	8^3	9,216

[표 7-2] 실험 환경

항목	설정
GPU	NVIDIA GeForce RTX 3090
CPU	AMD Ryzen 9 3900X 12-Core Processor

항목	설정
OS	Windows 10
개발 언어	C++ / CUDA
CUDA 버전	CUDA 12.6
개발 환경	Visual Studio 2022
렌더링 방식	GPU 기반 볼륨 렌더링

7.1.2 비교 방법 정의

비교 방법은 HP-ChainMail 전파 사용 여부, PBD 초기 상태, PBD 제약 평가 범위에 따라 네 가지로 구분한다. 모든 방법은 동일한 epiCenter 위치와 입력 방향 벡터 g를 사용하며, 방법 간 차이는 입력 변형을 체적 구조로 사전 전파하는지 아닌지와 PBD가 평가하는 제약 범위에 있다. 이후 실험에서는 [표 7-3]의 방법을 기준으로 성능과 변형 결과를 비교한다.

M1은 ChainMail-only 방식이다. HP-ChainMail 기반 전파와 relaxation만 수행하며, PBD 제약 보정은 포함하지 않는다. 이 방법은 ChainMail 단독 사용 시 사용자 입력을 빠르게 반영할 수 있지만, 제약 기반 안정화에는 한계가 있음을 확인하기 위한 비교 대상으로 사용한다.

M2는 PBD-only cold-start 방식이다. PBD는 본래 HP-ChainMail처럼 사용자 입력을 주변 체적으로 전파하는 구조를 포함하지 않는다. 따라서 본 논문에서는 비교 실험을 위해 M3, M4와 동일한 epiCenter 위치와 입력 방향 벡터 g를 사용하되, HP-ChainMail 전파는 수행하지 않고 epiCenter에 대응하는 입력 정점에 직접 변위를 적용한다. 이후 변형 전 상태 x_{rest}를 기준으로 전체 제약 집합 C를 평가한다. 따라서 M2는 사용자 입력 조건은 Hybrid 방식과 동일하게 유지하면서, HP-ChainMail에 의한 사전 전파 단계만 제거한 ablation baseline으로 사용된다.

M3는 Hybrid Active warm-start 방식이다. HP-ChainMail 전파로 생성된 중간 변형 상태 x_{prop}에서 PBD 보정을 시작하며, 활성 블록 집합 B_{active}를 기반으로 구성한 평가 제약 집합 C_{active}만 보정한다. 이 방법은 제안 프레임워

크의 핵심 방식으로, warm-start와 active block restriction을 함께 적용한다.

M4는 Hybrid Global warm-start 방식이다. M3와 동일하게 x_{prop}에서 PBD 보정을 시작하지만, 제약 평가 범위는 전체 제약 집합 C로 설정한다. 따라서 M3와 M4의 비교를 통해 Active Block Restricted Solve가 계산 비용에 미치는 영향을 분석할 수 있다.

[표 7-3] 비교 방법 정의

라벨	방법	초기 상태	제약 평가 범위	제약 보정
M1	ChainMail-only	-	-	✗
M2	PBD-only	x_{rest}	C	✓
M3	Hybrid Active	x_{prop}	C_{active}	✓
M4	Hybrid Global	x_{prop}	C	✓

7.2 혼합형 프레임워크 성능 평가

이 절에서는 제안한 혼합형 프레임워크의 정성적 변형 특성과 변형 규모에 따른 수렴 특성을 평가한다. 먼저 대표 입력 및 외력 조건에서 M1, M2, M3의 최종 변형 결과를 시각적으로 비교하여 각 방법의 변형 거동 차이를 확인한다. 이후 Abdomen 데이터셋을 대상으로 동일한 epiCenter와 입력 방향 벡터 g에서 변형 규모만 Small, Medium, Large로 구분하여 수렴 특성과 계산 비용을 정량적으로 분석한다. 세부 입력 조건과 종료 파라미터는 〈부록 4〉에 정리하였다.

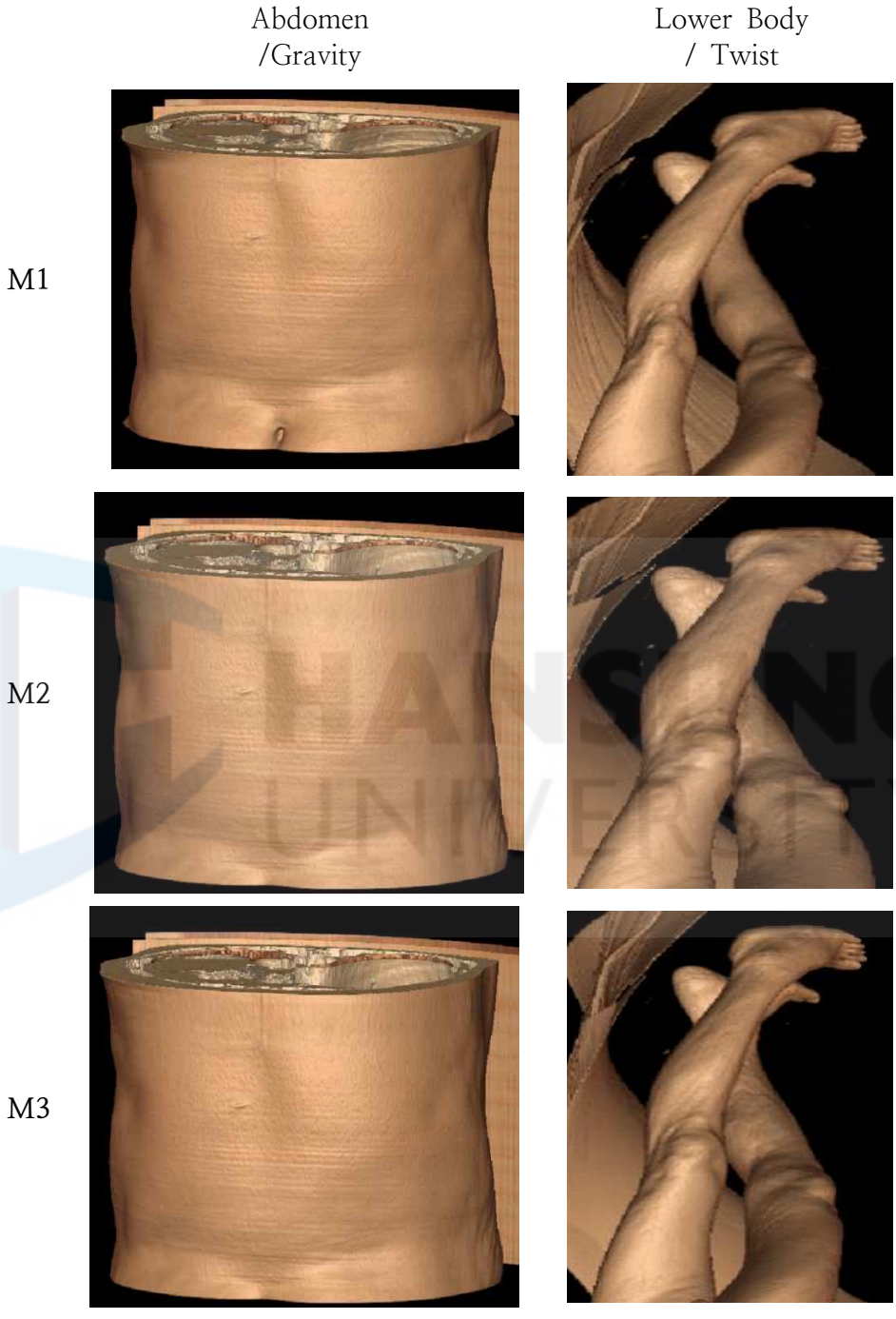
평가 지표는 4.4절에서 정의한 $maxMove$, V_d, V_v를 사용하였다. $maxMove$는 최대 위치 변화량, V_d는 거리 제약 위반량, V_v는 부피 제약 위반량을 의미한다. 이면각 제약은 모든 PBD 보정 과정에 포함되지만, 본문에서는 보조 지표로만 사용하고 상세 결과는 〈부록 5〉에 제시한다.

7.2.1 정성 가시화 결과

본 절에서는 대표적인 입력 및 외력 조건에서 M1, M2, M3의 최종 변형 결과를 시각적으로 비교한다. 다만 본 절의 정성 가시화는 실제 조직 변형에 대한 ground truth와 비교하여 특정 결과의 정확성을 판정하기 위한 것이 아니다. 본 연구에서는 실제 조직 변형을 계측한 기준 데이터를 사용하지 않았으므로, 정성 가시화는 동일한 조건에서 각 방법이 나타내는 변형 특성을 확인하기 위한 보조 결과로 사용한다.

비교는 두 가지 관점에서 수행한다. 첫째, ChainMail-only 방식인 M1과 제안 방식인 M3를 비교하여 ChainMail 전파 이후 수행되는 PBD 보정의 역할을 확인한다. 둘째, PBD-only 방식인 M2와 제안 방식인 M3를 비교하여 PBD 보정 이전에 HP-ChainMail 전파를 수행하는 것이 국부 입력 분산에 어떤 영향을 주는지 확인한다. 여기서 M2는 PBD 기반 변형 특성을 확인하기 위한 참조 방법이며, 실제 조직 변형에 대한 ground truth를 의미하지 않는다.

[그림 7-1]은 Abdomen-Gravity와 Lower Body-Twist 조건에서 M1, M2, M3의 최종 변형 결과를 비교한 것이다. 이 그림의 목적은 중력 및 비틀림과 같이 비교적 넓은 영역에 변형이 나타나는 조건에서 PBD 보정의 역할을 확인하는 것이다.



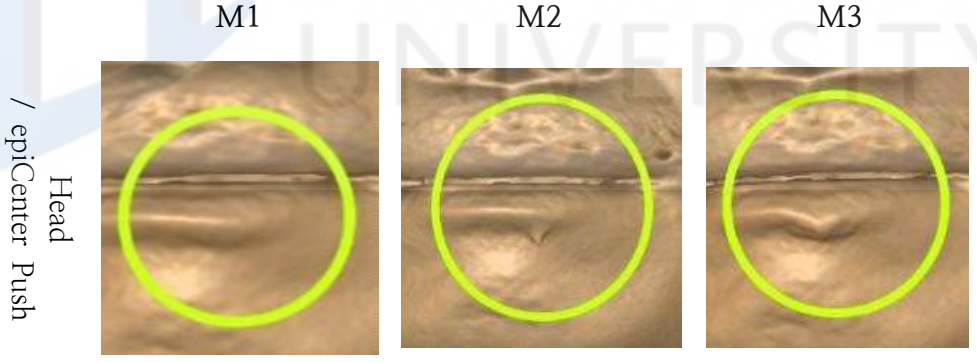
[그림 7-1] 중력 및 비틀림 조건에서 PBD 보정 효과 비교

M1은 ChainMail의 기하학적 허용 범위에 따라 변형을 전파하지만, 거리·

부피·이면각 제약에 대한 PBD 보정은 수행하지 않는다. 이에 따라 Abdomen-Gravity 조건에서는 중력 방향으로의 연속적인 처짐이 충분히 형성되지 않았고, Lower Body-Twist 조건에서는 비틀림이 집중된 부위에서 국부적으로 가늘어지거나 과도하게 늘어나는 현상이 나타났다.

반면 M2는 PBD의 거리·부피·이면각 제약을 기반으로 보정을 수행하므로, 중력 및 비틀림 조건에서 조직의 두께와 형상이 상대적으로 안정적으로 유지되는 변형 특성을 보였다. 이는 M1에서 관찰된 국부적 과변형이나 형상 불안정이 ChainMail-only 방식만으로는 구조적 제약을 충분히 반영하기 어렵기 때문에 나타난 결과로 해석할 수 있다.

제안 방식인 M3는 HP-ChainMail을 통해 변형을 먼저 전파한 후 PBD 보정을 수행한다. 그 결과 M1에서 나타난 불균일한 처짐과 국부적인 과신장이 완화되었으며, 최종 변형 형상은 PBD-only 참조 방법인 M2와 유사한 구조적 변형 특성을 보였다. 따라서 [그림 7-1]은 제안 방식의 PBD 보정 단계가 ChainMail 전파 결과에 거리·부피·이면각 제약에 기반한 구조적 보정 특성을 부여함을 보여준다.



[그림 7-2] 단일점 강제 변위 조건에서 ChainMail 전파 효과 비교

[그림 7-2]는 Head-epiCenter Push 조건에서 단일 표면점에 강제 변위를 적용했을 때의 국부 변형 결과를 비교한 것이다. 이 그림의 목적은 PBD 보정 이전에 ChainMail 전파 단계를 두는 것이 단일점 입력의 국부 집중을 완화하는 데 어떤 역할을 하는지 확인하는 것이다.

PBD-only 방식인 M2는 변형 전 상태에서 선택된 한 점에 강제 변위를

적용한 후 반복적인 제약 투영을 수행한다. 이 경우 입력 변위가 선택점 주변에 집중되어 표면에 뾰족한 함몰 또는 돌출 형태가 나타났다. 이는 PBD 자체가 변형 시뮬레이션에 부적합하다는 의미가 아니라, 제한된 반복 횟수에서 단일점 변위를 직접 적용할 경우 변형이 주변 영역으로 충분히 분산되지 않을 수 있음을 보여준다.

반면 M1은 ChainMail의 전파 과정을 통해 선택점의 변위를 주변 요소로 먼저 전달한다. 이에 따라 M2에서 관찰된 뾰족한 국부 변형이 완화되고, 입력점 주변에 보다 넓고 연속적인 변형 영역이 형성되었다. 이 시나리오에서는 ChainMail의 입력 전파 특성이 단일점 변위의 국부 집중을 완화하는 데 유리하게 작용한 것으로 볼 수 있다. 다만 M1은 PBD 기반 구조적 제약을 적용하지 않으므로, 이 결과만으로 전체적인 구조 안정성이 확보되었다고 판단할 수는 없다.

M3는 M1과 같이 HP-ChainMail을 통해 입력 변위를 주변으로 먼저 분산한 뒤, PBD 보정을 수행한다. 그 결과 M2에서 나타난 뾰족한 국부 변형이 완화되면서도, 거리·부피·이면각 제약을 반영한 변형 결과를 얻을 수 있었다. 따라서 [그림 7-2]는 제안 방식에서 HP-ChainMail 전파 단계가 PBD 보정 이전의 초기 변형 상태를 형성하고, 단일점 입력으로 인한 국부 변형 집중을 완화하는 역할을 함을 보여준다.

정리하면, M1은 사용자 입력을 빠르게 주변으로 전파하는 데 장점이 있지만, 구조적 제약 보정이 부족하다. M2는 거리·부피·이면각 제약을 기반으로 구조적 안정성을 확보하는 데 장점이 있지만, 단일점 입력이 주변으로 충분히 분산되지 않을 수 있다. 제안 방식인 M3는 HP-ChainMail의 빠른 입력 전파 특성과 PBD의 구조적 제약 보정 특성을 직렬로 결합함으로써, M1과 M2의 장점을 함께 활용하는 변형 결과를 얻을 수 있음을 정성적으로 확인하였다.

7.2.2 변형 규모별 정량 비교

[표 7-4]는 Abdomen 데이터셋에서 변형 규모별로 M1, M2, M3의 계산

시간과 PBD 반복 횟수를 비교한 결과이다. M1은 PBD 반복을 수행하지 않으므로 PBD 반복 횟수와 종료 여부를 표시하지 않았다. 여기서 Avg relaxMs 는 한 번의 relaxation 또는 PBD 보정 단계에 소요된 평균 처리 시간을 의미한다. M1에서는 ChainMail-only relaxation 단계의 평균 시간을 나타내며, M2와 M3에서는 PBD 제약 보정 반복 1회에 소요된 평균 시간을 나타낸다. 따라서 M1의 Avg relaxMs는 PBD 반복 시간과 직접적으로 동일한 의미의 지표는 아니며, ChainMail-only 방식의 처리 비용을 참고하기 위한 값이다.

[표 7-4] 변형 규모별 방법 비교

변형 규모	방법	활성 / 평가 영역 수	Avg relaxMs	반복 횟수	종료
Small	M1	205	0.98	–	–
Small	M2	–	8.11	300	✗
Small	M3	15	0.79	59	✓
Medium	M1	223	0.92	–	–
Medium	M2	–	8.17	300	✗
Medium	M3	86	1.07	68	✓
Large	M1	224	0.92	–	–
Large	M2	–	8.25	300	✗
Large	M3	476	3.96	300	✗

활성 / 평가 영역 수는 각 방법에서 실제 연산 범위를 나타내는 참고 지표이다. M1의 값은 ChainMail-only relaxation 단계에서 기록된 최대 처리 영역 수이며, M3의 값은 HP-ChainMail 전파 이후 확정된 활성 블록 수 $|B_{active}|$ 이다. M2는 활성 블록 정보를 사용하지 않으므로 해당 항목을 표시하지 않았다.

Small 조건에서 M3는 59회 반복 후 종료 조건을 만족하였고, Medium 조건에서도 68회 반복에서 수렴하였다. 반면 M2는 두 조건 모두 300회 반복

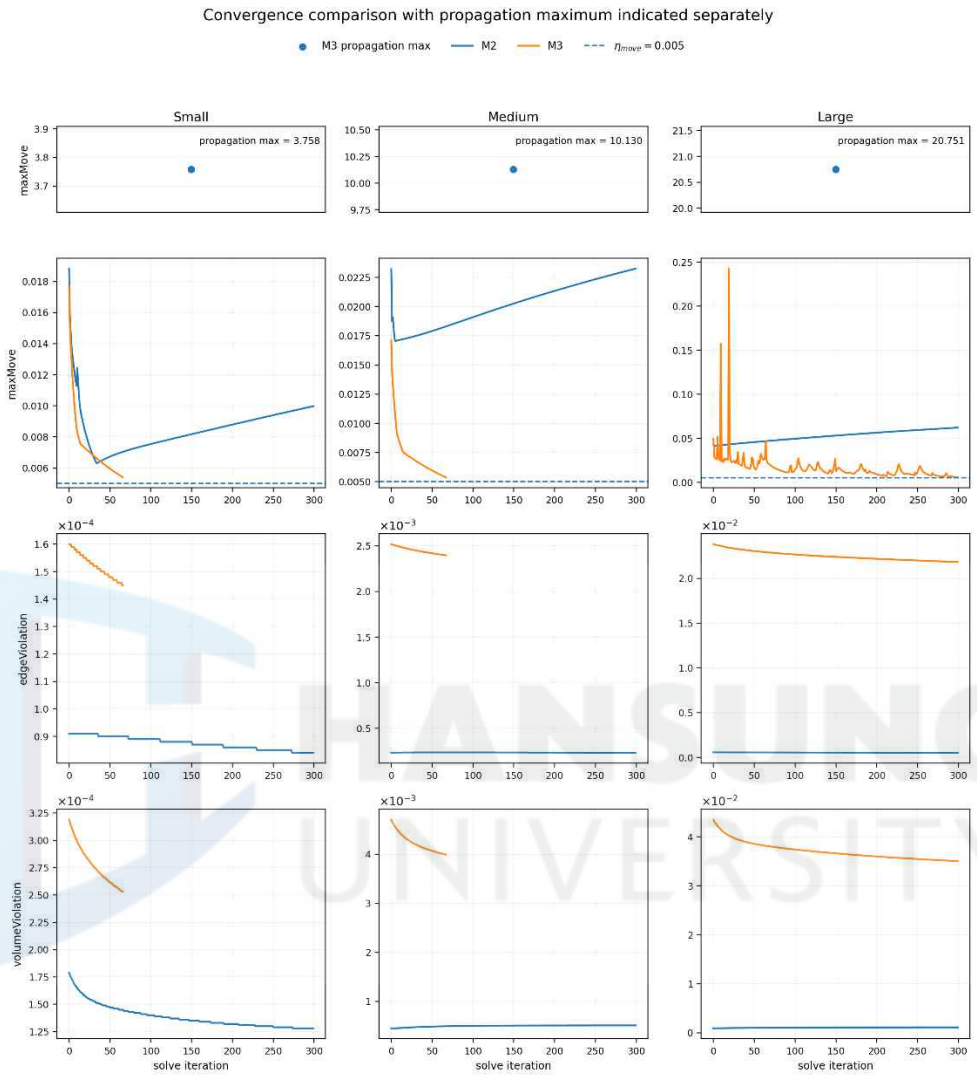
상한에 도달했지만 종료 조건을 만족하지 못했다. 이는 x_{prop}를 초기 상태로 사용하는 warm-start가 PBD 보정 부담을 줄였음을 보여준다.

Large 조건에서는 M3도 반복 상한 내에서 종료 조건을 만족하지 못했다. 이는 변형 규모가 커질수록 활성 영역과 제약 위반량이 함께 증가하여, 제한된 반복 횟수 안에서 안정화하기 어려워지기 때문이다.

7.2.3 수렴 지표 변화 분석

수렴 품질은 $maxMove$, V_d, V_v의 반복별 변화로 확인하였다. [그림 7-3]은 Small, Medium, Large 변형 조건에서 M2와 M3의 수렴 지표 변화를 나타낸다.

HANSUNG UNIVERSITY



[그림 7-3] 변형 규모별 수렴 지표 변화

M2는 x_{rest}에서 시작하는 PBD-only cold-start 방식이다. 초기에는 거리 제약 위반량 V_d와 부피 제약 위반량 V_v가 낮게 나타나지만, 반복이 진행되면서 $maxMove$가 단조롭게 감소하지 않고 후반부에 다시 증가하는 경향을 보인다. 이는 입력 변형이 사전에 전파되지 않은 상태에서 PBD가 변형 형성과 제약 보정을 동시에 수행하기 때문에, 일부 정점의 위치 보정이 반복적으로 발생한 결과로 해석된다.

M3는 HP-ChainMail 전파로 생성된 x_{prop}에서 시작하는 Hybrid Active warm-start 방식이다. 초기 V_d와 V_v는 M2보다 크게 나타날 수 있으나, 이는 사용자 입력에 따른 변형이 체적 구조에 먼저 반영된 결과이다. Small과 Medium 조건에서는 PBD 보정이 진행되면서 max$Move$, V_d, V_v가 감소하고 종료 조건을 만족하였다. 이는 x_{prop}를 초기 상태로 사용하는 warm-start가 PBD의 보정 부담을 줄였음을 보여준다.

Large 조건에서 M3의 $maxMove$는 반복 중간에 국소적으로 요동하였다. 그러나 동일한 x_{prop}를 사용하는 M4에서도 유사한 양상이 나타났으므로, 이를 active block 제한에 따른 경계 효과로만 해석하기는 어렵다. 해당 현상은 큰 변형 입력으로 인해 HP-ChainMail 전파 이후의 x_{prop}에 잔여 제약 불일치가 크게 남고, PBD가 이를 반복적으로 보정하는 과정에서 일부 정점의 최대 이동량이 민감하게 반응한 결과로 볼 수 있다. 반면 V_d와 V_v는 감소 경향을 유지하였으므로, 전체 보정은 거리·부피 제약 위반량을 줄이는 방향으로 진행되었다.

7.2.4 소결

7.2의 결과는 HP-ChainMail·PBD 직렬 결합의 효과를 확인한다. M1은 입력 반영은 빠르지만 제약 기반 안정화가 부족하고, M2는 PBD 보정을 수행하지만 cold-start 구조이므로 입력 변형을 처음부터 형성해야 한다. 반면 M3는 x_{prop}를 warm-start 초기 상태로 사용하여, PBD가 입력 변형 생성보다 잔여 제약 위반량 보정에 집중하도록 한다.

결과적으로 Small과 Medium 조건에서 M3는 V_d와 V_v가 감소하는 경향을 유지하면서 M2보다 적은 반복으로 종료 조건을 만족하였다. 이는 제안 프레임워크에서 HP-ChainMail이 구조 예측자, PBD가 제약 보정자로 역할을 분리하는 설계가 타당함을 보여준다. Large 조건에서는 반복 상한 내 종료 조건을 만족하지 못했지만, V_d와 V_v의 감소 경향은 유지되어 큰 변형에서도 제약 보정 방향으로 동작함을 확인할 수 있다.

7.3 Active Block Restricted Solve 효과 분석

이 절에서는 Active Block Restricted Solve의 계산 이득을 분석한다. 비교 대상은 동일한 x_{prop}에서 시작하는 Hybrid Active(M3)와 Hybrid Global(M4)이다. M3는 활성 블록 집합 B_{active}와 연결된 제약만 평가하고, M4는 전체 제약 집합 C를 평가한다. 따라서 두 방법의 차이는 PBD 초기 상태가 아니라 제약 평가 범위에 있다.

7.3.1 Hybrid Active와 Hybrid Global의 계산 비용 비교

[표 7-5] Hybrid Active와 Hybrid Global의 계산 비용 비교

변형규모	M4 블록 수	M3 블록 수	활성 비율	M4 Avg relaxMs	M3 Avg relaxMs	시간 비율 M3/M4	속도 향상
Small	2,560	15	0.59%	8.46	0.79	9.29%	10.77×
Medium	2,560	86	3.36%	8.53	1.07	12.56%	7.96×
Large	2,560	476	18.59%	10.04	3.96	39.41%	2.54×

실험 결과, M3는 모든 변형 규모에서 M4보다 낮은 평균 보정 시간을 보였다. Small 조건에서는 전체 2,560개 블록 중 15개 블록만 평가하여 M4 대비 약 10.77배의 속도 향상을 보였다. Medium 조건에서는 활성 블록 수가 86개로 증가하였지만, 여전히 약 7.96배의 속도 향상을 유지하였다. Large 조건에서는 활성 블록 수가 476개까지 증가하면서 속도 향상이 약 2.54배로 감소하였다.

이 결과는 Active Block Restricted Solve의 계산 이득이 활성 블록 수에 따라 달라짐을 보여준다. 변형이 국소적일수록 B_{active}가 작게 유지되어 M3의 계산 이득이 크게 나타난다. 반면 변형 규모가 커질수록 B_{active}가 확장되고, 평가해야 하는 제약 수도 증가하므로 M3의 계산 비용은 M4에 가까워진다. 즉, 제안 방식은 고정된 가속비를 보장하는 방법이 아니라, 입력 변형이 전달

된 공간 범위에 따라 계산 비용이 적응적으로 변하는 제한 보정 구조이다.

7.3.2 활성 블록 수와 계산 시간의 관계

M3의 계산 비용은 활성 블록 수 $|B_{active}|$가 증가할수록 함께 증가하는 경향을 보였다. Small 조건에서는 활성 비율이 0.59%로 제한되어 M4 대비 약 10.77배의 속도 향상을 보였고, Medium 조건에서도 활성 비율이 3.36%에 머물러 약 7.96배의 속도 향상을 유지하였다. 반면 Large 조건에서는 활성 비율이 18.59%까지 증가하면서 속도 향상이 약 2.54배로 감소하였다.

활성 블록 비율과 계산 시간 비율이 완전히 선형적으로 일치하지는 않는다. 예를 들어 Small 조건에서 활성 비율은 0.59%이지만, 시간 비율은 9.29%로 나타났다. 이는 커널 실행, 메모리 접근, 제약 탐색, atomic 연산, *solverStamp* 처리와 같은 고정 비용이 존재하기 때문이다. 그럼에도 변형 규모가 커질수록 M3의 relaxMs가 증가하고, M4 대비 속도 향상이 감소하는 경향은 일관되게 나타났다.

따라서 Active Block Restricted Solve의 계산 비용은 전체 도메인 크기보다 실제 변형이 전달된 활성 영역의 크기에 더 직접적으로 영향을 받는다. 다만 $|B_{active}|$는 평가해야 할 공간 범위와 계산 비용을 설명하는 지표이며, PBD 반복 횟수 자체를 직접 결정하는 지표는 아니다.

7.3.3 제한 보정의 의미와 한계

M3와 M4의 비교는 Active Block Restricted Solve가 global solve를 완전히 대체하는 일반 해법이 아니라, 국소 변형 상황에서 계산 범위를 줄이기 위한 제한 보정 전략임을 보여준다. 변형이 국소적일수록 B_{active}가 작게 유지되므로 M3의 계산 이득이 크게 나타난다. 반대로 변형이 넓은 영역으로 확산되면 B_{active}가 증가하고, M3의 계산 비용은 M4에 가까워진다.

이때 Active Block Restricted Solve는 활성 블록 내부 정점만 독립적으로 잘라 보정하는 방식은 아니다. 앞서 5장에서 설명한 것처럼, 하나의 제약이

여러 블록에 걸쳐 있을 경우 해당 제약은 관련된 모든 블록에 등록된다. 또한 활성 블록에서 선택된 제약의 보정량은 그 제약을 구성하는 모든 정점에 대해 계산된다. 따라서 제약이 활성 블록 경계 밖의 정점을 포함하더라도, 해당 제약이 평가 대상으로 선택되면 그 정점 역시 보정에 참여할 수 있다. 즉, 블록은 제약을 탐색하기 위한 공간적 참조 단위이며, 제약 보정의 적용 범위가 활성 블록 내부 정점으로만 제한되는 것은 아니다.

다만 이러한 처리는 제한된 평가 범위 안에서 경계 제약의 누락을 줄이기 위한 보수적 참조 방식이며, global solve와 동일한 전역 보정을 의미하지 않는다. PBD 보정 단계에서 평가되는 제약은 여전히 B_{active}와 연결된 제약 집합으로 제한된다. 따라서 변형이 넓은 영역으로 확산되거나 활성 영역 밖에 잔여 제약 불일치가 남는 경우에는 M4와 동일한 수렴 특성을 보장하지 않는다.

Large 조건에서 속도 향상이 2.54배로 감소한 것은 이러한 구조적 특성을 보여주는 결과이다. 이는 제안 방식의 실패라기보다, 활성 영역 기반 제한 보정이 변형 범위에 따라 계산량을 조절하는 방식임을 의미한다. 극단적으로 변형이 전체 도메인에 가까운 범위로 확산되면 B_{active}가 전체 블록 집합 B에 가까워지고, 이 경우 M3의 계산 범위는 M4에 가까워질 수 있다. 따라서 Active Block Restricted Solve는 경계 제약을 가능한 한 포함하면서 계산 범위를 줄이는 선택적 제한 보정 전략으로 해석하는 것이 적절하다.

7.3.4 소결

7.3의 결과는 Active Block Restricted Solve가 국소 변형 상황에서 PBD 제약 평가 비용을 줄이는 데 효과적임을 보여준다. M3는 동일한 x_{prop}에서 시작하는 M4와 비교하여 Small 조건에서 약 10.77배, Medium 조건에서 약 7.96배, Large 조건에서 약 2.54배의 속도 향상을 보였다. 이는 B_{active}를 이용해 평가 제약 범위를 제한하는 방식이 실제 계산 시간 감소로 이어짐을 의미한다.

다만 속도 향상은 변형 규모에 따라 달라졌다. 변형이 국소적일수록 B_{active}

가 작게 유지되어 계산 이득이 크게 나타났고, 변형 범위가 넓어질수록 B_{active}가 증가하여 M3의 계산 비용은 M4에 가까워졌다. 따라서 Active Block Restricted Solve는 모든 조건에서 일정한 가속비를 보장하는 방법이 아니라, 입력 변형이 전달된 공간 범위에 따라 계산량을 조절하는 선택적 제한 보정 전략으로 해석하는 것이 타당하다.

또한 제안 방식은 관련 블록 중복 등록과 제약 단위 보정을 통해 활성 영역 경계의 제약 누락을 줄이도록 구성되었지만, 평가 범위가 제한된다는 점에서 global solve와 동일한 전역 보정 결과를 보장하지 않는다. 특히 큰 변형 조건에서는 활성 영역과 잔여 제약 불일치가 함께 증가할 수 있으며, 이 경우 반복 상한 내에서 종료 조건을 만족하지 못할 수 있다.

마지막으로, M3의 계산 범위가 Large 조건에서 M4에 가까워지더라도, 이는 M2와 동일해진다는 의미는 아니다. M3는 HP-ChainMail 전파로 얻은 x_{prop}에서 시작하는 warm-start 방식이며, M2는 x_{rest}에서 시작하는 PBD-only cold-start 방식이다. 따라서 제안 방식의 계산 이득은 변형 범위가 커질수록 감소할 수 있지만, 초기 상태와 변형 전파 구조 측면에서는 기존 M2 방식과 구분된다.

7.4 epiCenter 위치 및 변형 방향 벡터 민감도 분석

이 절에서는 epiCenter 위치와 입력 방향 벡터 g가 활성 블록 수와 PBD 반복 횟수에 미치는 영향을 확인한다. 앞선 주요 성능 비교에서는 방법 간 차이를 공정하게 비교하기 위해 epiCenter와 g를 고정하였다. 본 절의 실험은 이러한 입력 조건 통제의 필요성을 확인하기 위한 부가 실험이다.

실험은 Abdomen 데이터셋에서 수행하였다. epiCenter는 외곽에 가까운 Corner 위치와 내부에 가까운 Center 위치로 설정하였다. 입력 방향 벡터 g는 x, y, z단일 축 방향과 세 축 성분을 모두 포함하는 (x, y, z)방향으로 구성하였다. epiCenter 좌표와 g는 원본 CT 볼륨의 voxel 좌표계를 기준으로 표기하였다.

[표 7-6] epiCenter 위치 및 입력 방향 벡터에 따른 활성 블록 수와 반복 수

위치	g	$\lvert B_{active} \rvert$	반복 횟수	종료
Corner	$(5,0,0)$	7	3	✓
Corner	$(0,5,0)$	7	3	✓
Corner	$(0,0,5)$	5	3	✓
Corner	$(5,5,5)$	7	59	✓
Center	$(5,0,0)$	28	3	✓
Center	$(0,5,0)$	18	3	✓
Center	$(0,0,5)$	21	3	✓
Center	$(5,5,5)$	31	60	✓

실험 결과, epiCenter 위치는 활성 블록 수에 직접적인 영향을 주었다. 단일 축 입력에서 Corner의 $\lvert B_{active} \rvert$는 5-7개였지만, Center에서는 18-28개로 증가하였다. 이는 내부 위치가 외곽 위치보다 변형이 전파될 수 있는 주변 체적 영역을 더 많이 가지기 때문이다.

반면 PBD 반복 횟수는 활성 블록 수만으로 결정되지 않았다. 단일 축 입력에서는 Center 조건의 활성 블록 수가 Corner보다 많았음에도, 모든 경우 최소 반복 횟수 $k_{\min} = 3$만 수행한 뒤 종료되었다. 이는 단일 축 입력의 초기 $maxMove$와 제약 위반량이 작아 추가적인 보정 부담이 크지 않았기 때문이다.

$(5,5,5)$입력에서는 Corner와 Center가 각각 59회, 60회의 반복을 필요로 하였다. 특히 Corner 조건에서는 $\lvert B_{active} \rvert = 7$로 단일 축 입력과 동일한 수준이었지만, 반복 횟수는 크게 증가하였다. 이는 $\lvert B_{active} \rvert$가 변형이 전달된 공간적 범위를 나타내는 지표인 반면, PBD 반복 횟수는 전파된 변형 상태에 남아 있는 거리·부피 제약 불일치의 크기와 복합성에 더 민감하다는 점을 보여준다.

따라서 epiCenter 위치와 입력 방향 벡터 g는 활성 영역 크기와 수렴 반복 수에 서로 다른 방식으로 영향을 준다. 활성 블록 수는 제한 보정의 반복당 계산 비용을 설명하는 데 유용하지만, 종료 조건에 도달하기까지 필요한

반복 횟수를 단독적으로 결정하지는 않는다. 이 결과를 바탕으로 주요 성능 비교에서는 입력 조건에 따른 변동을 배제하기 위해 epiCenter와 g를 고정하였다.

7.5 STC 기반 절개 시뮬레이션 평가

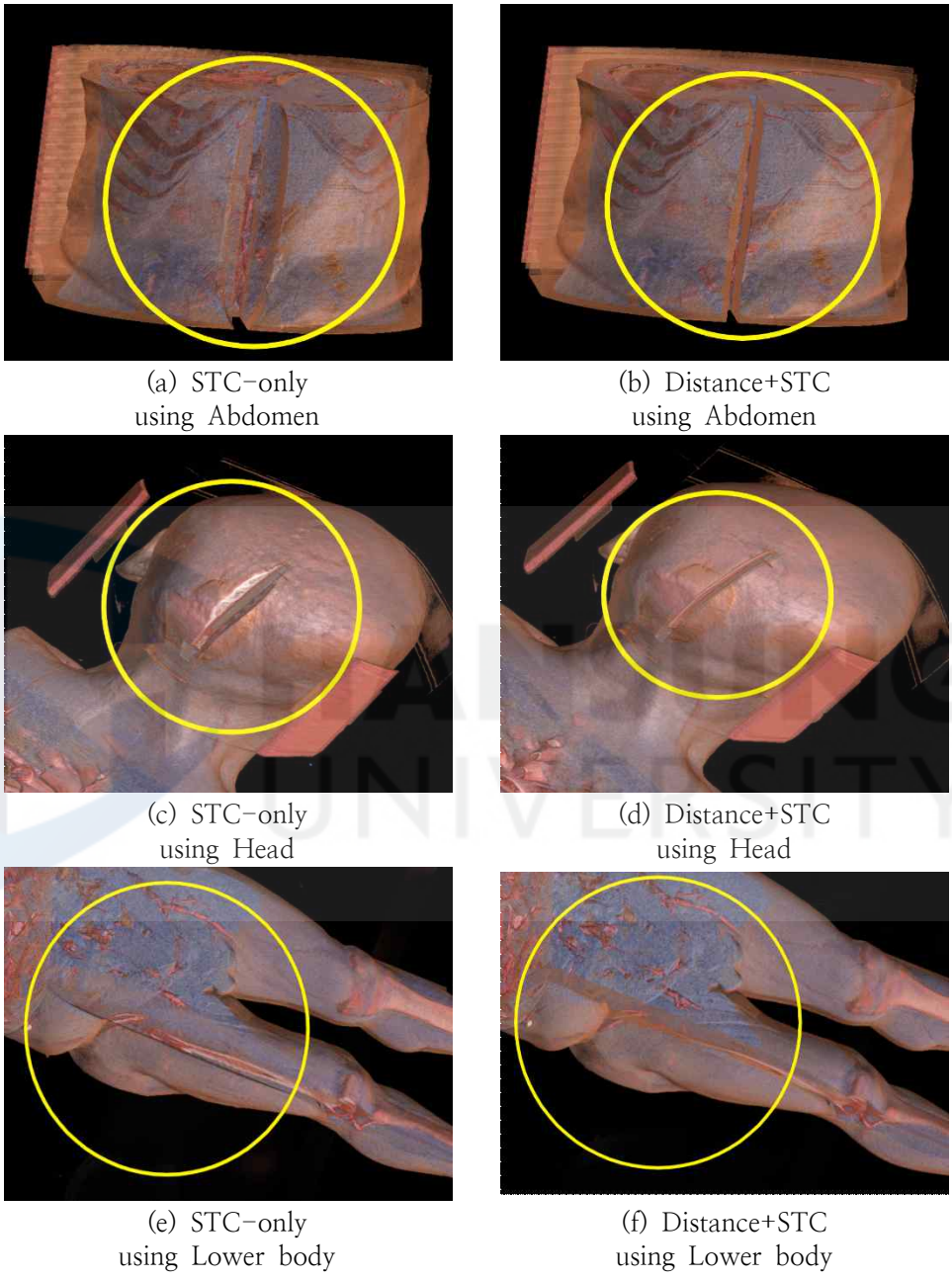
7.5.1 STC-only와 Distance+STC의 정성 비교

본 절에서는 정적 절개 시나리오에서 STC가 피부 표면 반응에 미치는 영향을 확인하기 위해 STC-only 조건과 Distance+STC 조건을 비교한다. 두 조건은 동일한 절개 위치와 동일한 수축 입력을 사용하지만, 제약 투영 단계에서 사용하는 제약 구성이 다르다. STC-only 조건은 피부 표면 삼각형의 면적 기반 STC만 적용한 경우이며, Distance+STC 조건은 STC와 함께 edge 길이를 유지하는 Distance 제약을 적용한 경우이다.

이 비교는 STC의 순수한 시각적 효과만을 보기 위한 “적용 전후 비교”가 아니라, 절개 표면에서 면적 기반 제약과 edge 길이 기반 제약이 서로 다른 방식으로 작용함을 확인하기 위한 실험이다. STC는 피부 표면 삼각형의 면적 변화에 반응하여 절개선 주변 표면이 당겨지거나 벌어지는 효과를 유도한다. 반면 Distance 제약은 외력을 생성하는 요소가 아니라, 외력과 STC 보정으로 인해 변화한 edge 길이를 기준 길이에 가깝게 되돌리려는 제약이다. 따라서 Distance+STC 조건에서는 STC에 의해 발생하는 표면 정점의 이동이 Distance 제약에 의해 일부 제한될 수 있다.

STC-only 조건에서는 거리 제약에 의한 edge 길이 복원 효과가 없으므로, 면적 기반 STC의 반응이 상대적으로 직접적으로 드러난다. 이에 비해 Distance+STC 조건에서는 동일한 정적 절개 및 수축 입력이 주어지더라도, Distance 제약이 표면 edge 길이를 유지하려고 작용하기 때문에 절개 주변의 벌어짐이 더 억제되고 안정화된 형태로 나타난다. 따라서 두 조건의 비교는 STC가 유도하는 면적 기반 표면 반응과, Distance 제약이 함께 적용되었을

때 그 반응이 어떻게 제한되는지를 확인하기 위한 것이다.



(a) STC-only using Abdomen

(b) Distance+STC using Abdomen

(c) STC-only using Head

(d) Distance+STC using Head

(e) STC-only using Lower body

(f) Distance+STC using Lower body

[그림 7-4] STC-only와 Distance+STC 절개 결과 비교

[그림 7-4]는 STC-only 조건과 Distance+STC 조건의 절개 결과를 비교한 것이다. STC-only 조건에서는 면적 보정에 의해 절개 주변 표면의 벌어

짐과 인장 반응이 더 명확하게 관찰된다. Distance+STC 조건에서는 거리 제약이 표면 edge 길이를 유지하려는 방향으로 작용하기 때문에, 절개 주변 표면의 움직임이 상대적으로 안정화되지만 STC-only 조건에서 나타나는 면적 기반 반응은 일부 완화된다. 이는 STC와 거리 제약이 서로 다른 기하량을 보정하며, 동시에 적용될 경우 표면 반응이 두 제약의 상호작용에 의해 결정됨을 보여준다.

7.5.2 STC-only와 Distance+STC의 제약 투영 시간 비교

STC는 피부 표면 삼각형에 대해 면적 기반 제약 계산을 수행하며, Distance 제약은 edge 길이 유지를 위한 보정을 수행한다. 두 제약은 적용 대상과 보정하는 기하량이 다르므로, 동시에 적용될 경우 절개 표면 반응뿐 아니라 처리 시간에도 차이가 발생할 수 있다. 본 절에서는 STC-only 조건과 Distance+STC 조건의 projection time과 deform time을 비교하여, 각 조건에서 제약 투영 단계와 전체 deform 단계의 처리 시간을 확인한다.

여기서 projection time은 deform 단계 전체 시간이 아니라, 제약 위반량 계산과 위치 보정량 산출 및 적용이 수행되는 투영 단계의 시간이다. 반면 Deform time은 전체 deform 단계의 처리 시간이다.

[표 7-7] STC-only와 Distance+STC 처리 성능

데이터셋	PBD Voxel	조건	Projection time	Deform time
Abdomen	129 × 129 × 76	STC-only	4.68 ms	32.63 ms
		Distance+STC	58.29 ms	85.94 ms
Head	129 × 129 × 138	STC-only	6.98 ms	58.3 ms
		Distance+STC	107.99 ms	156.52 ms
Lower body	129 × 129 × 289	STC-only	9.13 ms	112.23 ms
		Distance+STC	201.34 ms	303.08 ms

실험 결과, 모든 데이터셋에서 Distance+STC 조건은 STC-only 조건보다

더 큰 projection time을 보였다. Abdomen 데이터셋에서는 STC-only 조건의 projection time이 4.68 ms였지만, Distance+STC 조건에서는 58.29 ms로 증가하였다. Head 데이터셋에서도 6.98 ms에서 107.99 ms로 증가하였으며, Lower body 데이터셋에서는 9.13 ms에서 201.34 ms로 증가하였다. 이는 Distance 제약이 추가되면서 처리해야 하는 edge 기반 제약 수가 증가하고, STC의 면적 기반 보정과 함께 거리 제약 투영이 수행되기 때문이다.

Deform time 역시 데이터셋 크기와 제약 조건에 따라 증가하였다. STC-only 조건에서는 Abdomen, Head, Lower body에서 각각 32.63 ms, 58.30 ms, 112.23 ms가 측정되었고, Distance+STC 조건에서는 각각 85.94 ms, 156.52 ms, 303.08 ms가 측정되었다. 특히 Lower body 데이터셋에서는 데이터 크기와 표면 요소 수가 증가하면서 전체 deform 단계의 처리 시간이 크게 증가하였다.

따라서 본 실험은 STC의 순수 추가 overhead를 측정하기 위한 비교가 아니라, 절개 시나리오에서 STC-only 조건과 Distance+STC 조건이 서로 다른 제약 투영 비용과 표면 반응을 보인다는 점을 확인하기 위한 보조 평가이다. STC-only 조건은 면적 기반 피부 표면 반응을 비교적 직접적으로 확인할 수 있는 조건이며, Distance+STC 조건은 거리 제약이 함께 작용할 때 STC의 표면 반응이 어떻게 제한되고 안정화되는지를 보여주는 조건이다.

이 결과는 STC가 단독으로는 비교적 작은 projection time으로 피부 표면의 면적 기반 반응을 표현할 수 있음을 보여준다. 반면 Distance 제약과 함께 적용될 경우 제약 투영 비용은 크게 증가하지만, 표면 edge 길이 유지 효과가 함께 작용하여 절개 주변 표면 반응이 더 안정화된다. 따라서 STC 기반 절개 표현을 실제 시뮬레이션에 통합하기 위해서는 STC와 Distance 제약 사이의 균형, 제약 수, 반복 횟수, 그리고 활성 영역 제한 방식을 함께 고려해야 한다.

Ⅷ. 결론

8.1 정리

이 논문은 CT 기반 체적 데이터에서 사용자 입력에 따른 연부 조직 변형과 절개 반응을 표현하기 위해 HP-ChainMail과 PBD를 결합한 혼합형 변형 프레임워크를 제안하였다. 핵심은 HP-ChainMail을 PBD 보정에 앞서는 사전 구조 예측 단계로 배치한 것이다. HP-ChainMail은 사용자 입력을 빠르게 전파하여 중간 변형 상태 x_{prop}와 활성 블록 집합 B_{active}를 생성하고, PBD는 x_{prop}를 warm-start 초기 상태로 사용하여 거리, 부피, 이면각 제약의 잔여 위반량을 보정한다. 이를 통해 입력 변형의 빠른 형성과 제약 기반 안정화를 하나의 직렬 파이프라인 안에서 처리하였다.

실험 결과, Hybrid Active 방식은 Small 및 Medium 변형 조건에서 PBD-only cold-start 방식보다 적은 반복으로 종료 조건을 만족하였다. 이는 x_{prop}를 warm-start 초기 상태로 사용하는 구조가 PBD의 보정 부담을 줄일 수 있음을 보여준다. 또한 동일한 x_{prop}에서 시작하는 Hybrid Global과 비교했을 때, Hybrid Active는 활성 블록 기반으로 제약 평가 범위를 제한하여 반복당 계산 비용을 줄였다. Small, Medium, Large 조건에서 각각 약 10.77배, 7.96배, 2.54배의 속도 향상이 나타났으며, 변형 범위가 넓어질수록 활성 블록 수가 증가하여 계산 이득이 감소하는 경향을 확인하였다.

절개 시뮬레이션에서는 CT 기반 피부 표면 탐지와 면적 기반 Skin Tension Constraint(STC)를 이용하여 정적 절개 조건에서의 피부 표면 반응을 평가하였다. STC는 피부 표면 삼각형의 현재 면적과 기준 면적의 차이를 제약 위반량으로 사용하고, 면적 그래디언트를 따라 정점 위치를 보정하는 선택적 피부 표면 제약이다. 실험에서는 STC-only 조건과 Distance+STC 조건을 비교하였으며, STC-only 조건에서는 절개선 주변의 벌어짐과 인장 반응이 상대적으로 뚜렷하게 나타났다. 반면 Distance+STC 조건에서는 거리 제약

이 edge 길이를 유지하려는 방향으로 함께 작용하면서 STC에 의한 표면 이동이 일부 제한되고 안정화된 형태로 나타났다. 이는 STC가 절개 표면의 면적 기반 반응을 유도할 수 있으며, 거리 제약과 함께 적용될 경우 두 제약의 상호작용에 따라 최종 표면 반응이 달라질 수 있음을 보여준다.

종합하면, 제안 프레임워크는 HP-ChainMail의 빠른 입력 전파, PBD의 제약 기반 안정화, active block 기반 계산 범위 제한, STC 기반 피부 표면 반응 표현을 하나의 GPU 기반 흐름 안에서 결합한 구조이다. 이는 의료 영상 기반 혼합형 체적 변형 및 절개 시뮬레이션을 위한 기반 프레임워크로 활용될 수 있다.

8.2 연구 범위 및 한계

이 논문은 완성된 수술 시뮬레이터를 구현하는 것보다, CT 기반 체적 데이터에서 변형 전파, 제약 보정, 활성 영역 제한, 피부 인장 반응을 하나의 실행 흐름 안에서 결합할 수 있는지를 확인하는 데 초점을 두었다. 따라서 실험은 제안 구조의 동작 방식과 성능 경향을 확인할 수 있는 범위로 제한하였다.

Active Block Restricted Solve는 변형이 국소적일 때 큰 계산 이득을 보였지만, 변형 범위가 넓어질수록 활성 블록 수가 증가하여 global solve에 가까운 비용을 보였다. Large 조건에서 속도 향상이 감소하고 반복 상한 내 종료 조건을 만족하지 못한 경우도 있었다. 이는 제안 방식의 실패라기보다, 활성 블록 기반 제한 보정이 변형이 전달된 영역에 비례하여 계산량이 증가하는 구조임을 보여준다. 또한 큰 변형 조건에서는 HP-ChainMail 전파 이후의 x_{prop}에 잔여 제약 불일치가 크게 남을 수 있으며, 이로 인해 일부 정점의 보정 부담이 반복 후반까지 지속될 수 있다.

실험에서 사용한 deformation time은 방법 간 수렴 거동을 비교하기 위해 비교적 보수적인 종료 조건을 적용한 결과이다. 실험에서는 $maxMove$, 부피 제약 위반량의 개선율, 최소 반복 수, 반복 상한 등을 함께 사용하여 안정화

과정을 관찰하였다. 실제 혼합형 운용에서는 기존 PBD 응용처럼 고정된 소수의 투영 반복을 사용하거나 종료 조건을 완화하여 더 높은 응답성을 얻을 수 있다. 따라서 시간 측정 결과는 최적화된 실시간 운용 성능이라기보다, 방법 간 비교를 위한 분석 조건에서의 결과로 해석하는 것이 적절하다.

절개 실험은 STC의 효과를 확인하기 위한 정적 절개 시나리오로 구성하였다. 따라서 실제 수술 도구와 조직 사이의 연속적인 접촉, 절개 경로의 동적 변화, 실시간 거동 변화까지 모두 포함하지는 않는다. 또한 STC는 피부 표면의 면적 변화에 기반한 단순화된 인장 제약이므로, 실제 피부의 비등방성이나 조직층별 물성 차이를 모두 반영하지는 않는다. 다만 이러한 단순화 덕분에 STC는 PBD 형식의 위치 보정 절차로 구성될 수 있으며, 절개 주변 피부 표면의 인장 반응을 확인하는 데 사용될 수 있었다. 또한 정성 비교 실험을 중심으로 평가하였기 때문에 정량 비교 지표는 충분히 포함하지 못하였다. 따라서 향후 연구에서는 방향 의존성을 반영한 STC 확장과 함께, 절개 반응을 객관적으로 평가할 수 있는 정량 지표를 추가할 필요가 있다.

8.3 맺음말

이 논문은 HP-ChainMail을 구조 예측자로, PBD를 제약 보정자로 분리한 직렬 혼합형 구조를 제안하였다. 또한 HP-ChainMail 전파 과정에서 얻은 활성 블록 정보를 PBD 보정 범위 제한에 활용하고, STC를 통해 절개 이후 피부 표면의 면적 기반 반응을 표현하였다.

제안 프레임워크는 CT 기반 체적 데이터에서 사용자 입력에 따른 변형과 절개 반응을 함께 다루기 위한 기반 구조이다. 실험을 통해 빠른 입력 전파, 제약 기반 안정화, 활성 영역 제한에 따른 계산 비용 감소, STC 기반 피부 표면 반응 표현 가능성을 확인하였다. 이러한 결과는 의료 영상 기반 혼합형 변형 시뮬레이션으로 확장하기 위한 출발점으로 활용될 수 있다.

참 고 문 헌

1. 국내문헌

서지완, 박채림, 조세홍, 계희원. (2023). 의료영상을 위한 위치 기반 역학의 GPU 병렬화 연구. 『한국차세대컴퓨팅학회 논문지』, 19(3), 19-28.

전소진, 서지완, 계희원. (2025). STC: 위치 기반 동역학을 위한 피부 인장 제약 모델. 『Journal of the Korea Computer Graphics Society』, 31(4), 21-34.

HANSUNG UNIVERSITY

2. 국외문헌

Bouaziz, S., Martin, S., Liu, T., Kavan, L., & Pauly, M. (2023). Projective dynamics: Fusing constraint projections for fast simulation. In Seminal Graphics Papers: Pushing the Boundaries, Volume 2 (pp. 787-797).

Camara, M., Mayer, E., Darzi, A., & Pratt, P. (2016). Soft tissue deformation for surgical simulation: A position-based dynamics approach. International Journal of Computer Assisted Radiology and Surgery, 11, 919-928.

Carmichael, S. W. (2014). The tangled web of Langer's lines. Clinical Anatomy, 27(2), 162-168.

Cotin, S., Delingette, H., & Ayache, N. (1999). Real-time elastic deformations of soft tissues for surgery simulation. IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics, 5(1), 62-73.

Courtecuisse, H., Allard, J., Kerfriden, P., Bordas, S. P. A., Cotin, S., & Duriez, C. (2014). Real-time simulation of contact and cutting of heterogeneous soft-tissues. Medical Image Analysis, 18(2), 394-410.

Demirel, D., Smith, J., Kockara, S., & Halic, T. (2023). GPU based position based dynamics for surgical simulators. In International Conference on Human-Computer Interaction (pp. 81-88). Springer.

Duan, Y., Huang, W., Chang, H., Chen, W., Zhou, J., Teo, S. K., Su, Y., Chui, C. K., & Chang, S. (2014). Volume preserved mass-spring model with novel constraints for soft tissue deformation. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics, 20(1), 268-280.

Freutel, M., Schmidt, H., Dürselen, L., Ignatius, A., & Galbusera, F. (2014). Finite element modeling of soft tissues: Material models, tissue interaction and challenges. Clinical Biomechanics, 29(4), 363-372.

Gibson, S. F. (1997). 3D ChainMail: A fast algorithm for deforming

volumetric objects. In Proceedings of the 1997 Symposium on Interactive 3D Graphics (pp. 149–154).

Holzapfel, G. A., Humphrey, J. D., & Ogden, R. W. (2025). Biomechanics of soft biological tissues and organs: Mechanobiology, homeostasis and modelling. Journal of the Royal Society Interface, 22(222), Article 20240361.

Kelager, M., Niebe, S., & Erleben, K. (2010). A triangle bending constraint model for position-based dynamics. VRIPHYS, 10, 31–37.

Limbert, G. (2017). Mathematical and computational modelling of skin biophysics: A review. Proceedings of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences, 473(2203), Article 20170257.

Nguyen, T.-N., Ho Ba Tho, M.-C., & Dao, T.-T. (2020). 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, 2020, Article 5039329.

Maciel, A., Halic, T., Lu, Z., Nedel, L. P., & De, S. (2009). Using the PhysX engine for physics-based virtual surgery with force feedback. The International Journal of Medical Robotics and Computer Assisted Surgery, 5(3), 341–353.

Macklin, M., Müller, M., & Chentanez, N. (2016). XPBD: Position-based simulation of compliant constrained dynamics. In Proceedings of the 9th International Conference on Motion in Games (pp. 49–54).

Meier, U., López, O., Monserrat, C., Juan, M.-C., & Alcañiz, M. (2005). Real-time deformable models for surgery simulation: A survey. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 77(3), 183–197.

Müller, M., Chentanez, N., Kim, T.-Y., & Macklin, M. (2014). Strain based dynamics. In Eurographics/ACM SIGGRAPH Symposium on

Computer Animation.

Müller, M., Heidelberger, B., Hennix, M., & Ratcliff, J. (2007). Position based dynamics. Journal of Visual Communication and Image Representation, 18(2), 109-118.

Nealen, A., Müller, M., Keiser, R., Boxerman, E., & Carlson, M. (2006). Physically based deformable models in computer graphics. Computer Graphics Forum, 25(4), 809-836.

Rodríguez, A., León, A., Arroyo, G., & Mantas, J. M. (2015). SP-ChainMail: A GPU-based sparse parallel ChainMail algorithm for deforming medical volumes. The Journal of Supercomputing, 71(9), 3482-3499.

Rodríguez, A., León, A., & Arroyo, G. (2016). Parallel deformation of heterogeneous ChainMail models: Application to interactive deformation of large medical volumes. Computers in Biology and Medicine, 79, 222-232.

Wong, V. W., Akaishi, S., Longaker, M. T., & Gurtner, G. C. (2011). Pushing back: Wound mechanotransduction in repair and regeneration. Journal of Investigative Dermatology, 131(11), 2186-2196.

Zienkiewicz, O. C., Taylor, R. L., Nithiarasu, P., & Zhu, J. Z. (1977). The Finite Element Method (Vol. 3). Elsevier.

Zhang, J., Zhong, Y., & Gu, C. (2018). Deformable models for surgical simulation: A survey. IEEE Reviews in Biomedical Engineering, 11, 143-164.

부록

〈부록 1〉 Active Block Restricted Solve 알고리즘

Active Block Restricted Solve는 HP-ChainMail 전파 이후 확정된 활성 블록 집합 B_{active}를 입력으로 받아, 해당 블록들과 연결된 제약만 PBD 반복에서 평가한다. 본문 5장에서는 BlockConstraintTable의 구조와 중복 등록 처리 방식을 설명하였으며, 본 부록에서는 실제 단일 PBD 반복이 어떤 순서로 수행되는지를 정리한다.

알고리즘의 핵심은 세 단계로 나눌 수 있다. 첫째, 각 정점에 누적될 위치 보정량 Δx_i와 정규화 계수 α_i를 초기화한다. 둘째, 활성 블록에 등록된 제약들을 순회하면서 각 제약의 투영 보정량을 계산하고, 관련 정점에 보정량을 누적한다. 셋째, 누적된 보정량을 α로 나누어 정점 위치를 갱신한다. 이때 α_i는 하나의 정점이 여러 제약으로부터 동시에 보정을 받을 때, 보정량이 과도하게 누적되는 것을 완화하기 위한 정규화 계수로 사용된다.

[표 〈부록 1〉-1] Active Block Restricted Solve의 단일 반복

Algorithm 1. Restricted Block Solve – single iteration

Require

B_{active} : 활성 블록 집합

J_t : 제약 유형 t의 평탄화 제약 인덱스 배열

R_b^t : 블록 b에 등록된 타입 t의 제약 구간

$solveStamp$: 타입 t 제약의 중복 처리를 방지하기 위한 stamp 배열

x^k : 현재 PBD 반복의 정점 위치

Ensure:

x^{k+1} : 다음 PBD 반복의 정점 위치

```
1: Δx_i ← 0, α_i ← 0 for all vertices i

2: initialize solveStamp_t[j] ← 0 for all constraint types t and constraints j
3: for each b ∈ B_active do
4:   for each t ∈ {d, v, θ} do
5:     for each q ∈ R_b^t do
6:       C_j ← J_t[q]
7:       if atomicCAS(solveStamp_t[j], 0, 1) ≠ 0 then
8:         continue
9:       end if
10:      compute position correction δ_ij for all i ∈ supp(C_j)
11:      for each i ∈ supp(C_j) do
12:        Δx_i ← Δx_i + w_ij δ_ij
13:        α_i ← α_i + w_ij
14:      end for
15:    end for
16:  end for
17: end for
18: for each vertex i with α_i > 0 do
19:   x_i^{k+1} ← x_i^k + Δx_i / α_i
20: end for

21: return x^{k+1}
```

$supp(C_j)$는 제약 C_j가 포함하는 정점 집합이다. 제약이 활성 블록 경계에 걸쳐 있는 경우, $supp(C_j)$에는 활성 블록 밖의 정점이 포함될 수 있다. 이 경우에도 해당 제약이 C_{active}에 포함되면 관련 정점의 보정량은 함께 계산된다. 이는 활성 영역 경계에서 보정이 불연속적으로 끊기는 것을 완화하기 위한 처리이다.

STC를 함께 사용하는 경우에는 피부 표면 삼각형 제약을 별도의 제약 타입으로 구성하여 유사한 방식으로 순회할 수 있다. 다만 본 논문의 절개 실험에서는 STC-only와 Distance+STC 조건을 구분하여 STC와 거리 제약의 상호작용을 비교하였다.

〈부록 2〉 외부 표면 탐지 알고리즘

본 알고리즘은 CT 밀도 값을 이용해 각 정점을 공기 영역과 피부 후보 영역으로 분류한 뒤, 사면체 단위로 외부 피부 표면 삼각형을 추출한다. 추출된 삼각형 집합은 이후 STC가 적용될 피부 표면 면 집합으로 사용된다.

[표 〈부록 2〉-1] 외부 피부 표면 탐지 알고리즘

Algorithm 2. Detect Skin Surface

Require

$tets$: 사면체 인덱스 목록

$density(i)$: 정점 i에 대응하는 CT 밀도 값

$minSkinDensity$

$maxSkinDensity$

Ensure:

$skinSurfaceFaces$: 외부 피부 표면 삼각형 목록

initialize $AlphaTable$ using $\min SkinDensity$ and $\max SkinDensity$
for each $tet \in tets$ do
  $airVertexCount \leftarrow 0$
  $airVertexIndex \leftarrow -1$
  $skinVertices \leftarrow$ empty list

  let $tet = (i_1, i_2, i_3, i_4)$
  $V_{tet} \leftarrow \{i_1, i_2, i_3, i_4\}$
  for each $idx \in V_{tet}$ do
    if $AlphaTable[density(idx)] = 0$ then
      $airVertexCount \leftarrow airVertexCount + 1$
      $airVertexIndex \leftarrow idx$
    end if
  end for
  if $airVertexCount = 1$ then
    for each $idx \in V_{tet}$ do
      if $idx \neq airVertexIndex$ then
        append idx to $skinVertices$
      end if
    end for
    if $|skinVertices| = 3$ then

```
21:         register skinVertices as an external skin surface face
22:       end if
23:     end if
24: end for

25: return skinSurfaceFaces
```

여기서 $AlphaTable[density(idx)] = 0$은 해당 정점이 공기 또는 시각화 대상이 아닌 영역으로 분류되었음을 의미한다. 하나의 사면체에서 공기 정점이 정확히 하나만 존재하면, 나머지 세 정점은 공기와 접하는 경계면을 구성한다고 판단하여 외부 피부 표면 삼각형으로 등록한다.

HANSUNG UNIVERSITY

〈부록 3〉 STC 제약 처리 알고리즘

STC는 피부 표면 삼각형의 현재 면적과 기준 면적의 차이를 제약 위반량으로 사용한다. 각 정점의 위치 보정량은 면적 함수의 그래디언트를 이용하여 계산하며, 기준 면적보다 면적이 커지는 인장 상태에서는 증폭 계수 $amplification$를 적용하여 보정 반응을 강화한다.

[표 〈부록 3〉-1] STC 제약 처리 알고리즘

Algorithm 3. STC Solver for a Triangle Face

Require

x_1, x_2, x_3 : 삼각형을 구성하는 세 정점 위치

w_1, w_2, w_3 : 각 정점의 역질량

A_0 : 기준 면적

k : STC 강성 계수

α: 인장 증폭 계수

Ensure:

$\Delta x_1, \Delta x_2, \Delta x_3$: 각 정점 위치의 보정량

$e_{12} \leftarrow x_2 - x_1$

$e_{13} \leftarrow x_3 - x_1$

$n \leftarrow e_{12} \times e_{13}$

$A \leftarrow \frac{1}{2}||n||$

if $A \approx 0$ or $A_0 \approx 0$ then

  return 0

end if

$C \leftarrow A - A_0$

$amplification \leftarrow 1 + \alpha \cdot max(0, \frac{A - A_0}{A0})$

compute area gradients:

$$\nabla_{x_1} A \leftarrow \frac{(x_2 - x_3) \times n}{2\|n\|}$$
$$\nabla_{x_2} A \leftarrow \frac{(x_3 - x_1) \times n}{2\|n\|}$$
$$\nabla_{x_3} A \leftarrow \frac{(x_1 - x_2) \times n}{2\|n\|}$$

$denom \leftarrow \Sigma_{i=1}^{3} w_i \|\nabla_{x_i} A\|^2$
if $denom \approx 0$ then
  return 0
end if
$s \leftarrow k \cdot amplification \cdot C/denom$
for each $i \in \{1,2,3\}$ do
  $\Delta x_i \leftarrow -s \cdot w_i \cdot \nabla_{x_i} A$
end for

return $\Delta x_1, \Delta x_2, \Delta x_3$

$amplification$은 현재 면적이 기준 면적보다 커지는 인장 상태에서만 증가한다. 즉 $A \leqq A_0$인 경우에는 $\max(0, (A - A_0)/A_0) = 0$이므로 추가 증폭이 적용되지 않는다. 다만 STC의 기본 제약량은 $C = A - A_0$로 정의되므로, $A < A_0$인 경우에도 면적을 기준 면적에 가깝게 회복하는 방향의 기본 보정은 수행된다. 이를 통해 STC는 기준 면적을 유지하려는 면적 기반 제약으로 작동하되, 인장 상태에서는 복원 반응이 더 강하게 나타나도록 구성된다.

STC는 기존 PBD 제약과 동일하게 “위반량 계산 → 그래디언트 계산 → 위치 보정량 산출”의 흐름을 따른다. 따라서 STC는 별도의 독립적인 시뮬레이션 단계가 아니라, PBD 형식으로 정의할 수 있는 피부 표면 삼각형 단위의 선택적 위치 보정 제약이다. 본 논문의 절개 실험에서는 STC-only 조건과 Distance+STC 조건을 구분하여, 면적 기반 STC가 단독으로 작용할 때의 표면 반응과 거리 제약이 함께 적용될 때의 상호작용을 비교하였다.

〈부록 4〉 주요 실험 파라미터

본 부록에서는 7장의 실험에서 사용한 입력 조건과 PBD 종료 조건 관련 설정을 정리한다. 본문에서는 실험 결과와 해석을 중심으로 다루고, 반복적으로 제시하기 어려운 세부 파라미터는 본 부록에 제시한다.

[표 〈부록 4〉-1] PBD 종료 조건 파라미터

파라미터	값	설명
η_{move}	5.0×10^{-3}	위치 변화량 절대 임계값
η_{rel}	5.0×10^{-3}	부피 제약 위반량 개선 정체 판단 임계값
η_{guard}	5.5×10^{-3}	정체 누적 횟수 카운트 허용을 위한 $maxMove$ 가드 조건
K	4	정체 판단을 위한 연속 반복 횟수
$k_{\min}$	3	최소 반복 횟수
$k_{\max}$	300	최대 반복 횟수

[표 〈부록 4〉-2] Abdomen 기반 변형 규모별 입력 조건

변형 규모	epiCenter p_{ec}	원본 voxel 기준 g	격자 기준 gradient
Small	(66,120,120)	(−10,−10,−10)	(−2,−2,−2)
Medium	(66,120,120)	(−25,−25,−25)	(−6.25,−6.25,−6.25)
Large	(66,120,120)	(−50,−50,−50)	(−12.50,−12.50,−12.50)

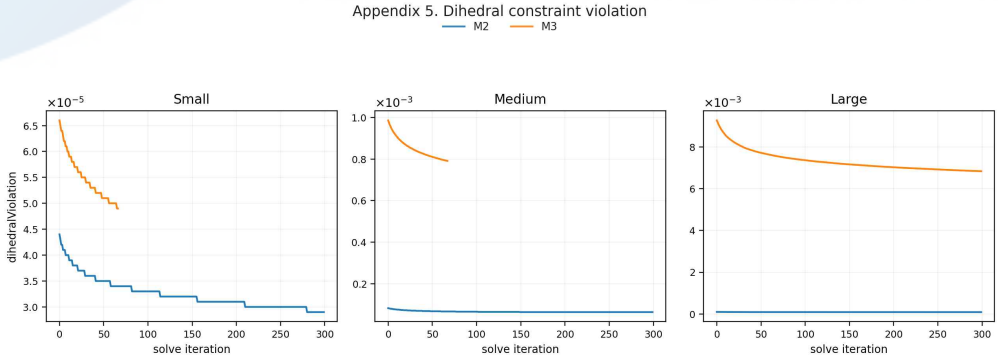
HANSUNG UNIVERSITY

〈부록 5〉 이면각 제약 위반량 보조 확인

이면각 제약은 모든 PBD 보정 과정에 포함되지만, 본문 실험의 중심 지표로는 사용하지 않았다. 본문의 수렴 분석은 최대 위치 변화량 $maxMove$, 거리 제약 위반량 V_d, 부피 제약 위반량 V_v를 중심으로 수행하였다. 이면각 제약 위반량 V_θ는 과도한 접힘이나 비틀림이 발생하는지를 확인하기 위한 보조 지표로 사용하였다.

[표 〈부록 5〉-1] 이면각 제약 위반량 보조 확인

변형 규모	방법	최종 V_θ
Small	M2	1.0×10^{-6}
Small	M3	6.0×10^{-6}
Medium	M2	4.0×10^{-6}
Medium	M3	7.77×10^{-4}
Large	M2	7.0×10^{-6}
Large	M3	6.83×10^{-3}



[그림 〈부록 5〉-1] 변형 규모에 따른 이면각 제약 위반량 변화

V_θ는 모든 변형 규모에서 반복이 진행됨에 따라 감소하는 경향을 보였다. 따라서 이면각 제약 역시 PBD 보정 과정에 의해 안정화되고 있음을 확인할 수 있다.

ABSTRACT

A Hybrid Framework for CT Image-Based Deformation Simulation: Active Block-Based Restricted Correction Using HP-ChainMail and PBD, and STC-Based Incision Representation

Jeon, So-Jin

Major in Computer Engineering

Department of Computer Engineering

The Graduate School

Hansung University

CT-based medical images are useful for medical simulation because they represent internal anatomical structures as three-dimensional volumetric data. However, it is difficult to achieve fast response to user input while maintaining distance, volume, and dihedral constraints in high-resolution volumetric data. In incision scenarios, it is also necessary to represent not only visual surface separation but also the opening and tension-like response of the skin surface around the incision.

This thesis proposes a hybrid deformation framework that combines HP-ChainMail and Position-Based Dynamics(PBD) for interactive soft tissue deformation and static incision response in CT-based volumetric data. The key idea is to place HP-ChainMail before PBD as a structural prediction stage. HP-ChainMail rapidly propagates the user input and generates an intermediate deformation state x_{prop} and an active block set B_{active}. PBD then uses x_{prop} as a warm-start initial state and corrects the remaining violations of distance, volume, and dihedral constraints.

To reduce computational cost, this thesis introduces an Active Block Restricted

Solve that reuses B_{active}, obtained during HP-ChainMail propagation, to restrict the PBD constraint evaluation range. Instead of evaluating the entire constraint set at every iteration, the proposed method selectively evaluates constraints connected to active blocks. In addition, a BlockConstraintTable is used to store the correspondence between blocks and constraints, and a $solveStamp$-based mechanism prevents duplicated constraints from being projected multiple times within the same iteration.

For incision representation, this thesis extracts candidate skin surface triangles from CT data and defines a Skin Tension Constraint(STC) as an optional surface constraint. STC uses the difference between the current triangle area and its reference area as the constraint violation and computes positional corrections along the area gradient. In the static incision experiment, STC-only and Distance+STC conditions were compared to examine the surface response caused by area-based correction and the effect of applying distance constraints together with STC.

Experiments compared ChainMail-only, PBD-only cold-start, Hybrid Active warm-start, and Hybrid Global warm-start methods. The Hybrid Active method satisfied the stopping condition with fewer iterations than the PBD-only method under Small and Medium deformation conditions. Compared with Hybrid Global, which starts from the same x_{prop}, Hybrid Active achieved speedups of approximately 10.77×, 7.96×, and 2.54× under Small, Medium, and Large deformation conditions, respectively. In the static incision experiment, the STC-only condition showed clearer incision opening and area-based surface response, whereas the Distance+STC condition produced a more constrained and stabilized surface response because the distance constraint acted to preserve edge lengths.

The proposed framework integrates fast input propagation by HP-ChainMail, constraint-based stabilization by PBD, active block-based restriction of the computation range, and STC-based skin surface response into a single GPU-based pipeline. The framework can serve as a basis for interactive volumetric deformation and static incision simulation using medical image data.

【Keywords】 : CT-based medical image, volumetric deformation, HP-ChainMail, Position-Based Dynamics, Active Block Restricted Solve, Skin Tension Constraint