

세그멘테이션 라벨링 없는 최소 전처리를 통한 AI 의료 영상에서의 다 질병 진단 효율화

¹서동준, ¹이승찬, ¹허윤정, ²원일용

¹서울호서직업전문학교 컴퓨터공학과 학부생들

²서울호서직업전문학교 컴퓨터공학과 교수

rhlanftkdwk@naver.com, ssengge@naver.com, twindbswd@naver.com,
clccclccc@shoseo.ac.kr

Efficient Multi-Disease Diagnosis in AI Medical Imaging Through Minimal Preprocessing Without Segmentation Labeling

Dong-Jun Seo¹, Yoon-Jung Heo¹, Seung-Chan Lee¹, Il-Yong Won²

¹Dept. of Computer Security, Seoul Hoseo College

²Dept. of Computer Security, Seoul Hoseo College

요 약

AI 의료 영상 분석 기술은 의료 분야의 인력 부족 문제를 해결하는 방법으로 주목받고 있다. 이전 연구들은 세그멘테이션 라벨링과 질병 유무를 결합하여 판단하는데, 이 방법은 큰 비용과 시간이 소요된다. 본 논문은 의료 전문가의 세그멘테이션 라벨링 없이 병명 라벨만의 학습으로 질병을 어느 정도 진단할 수 있음을 보인다. 실험에 따르면 의미있는 결과를 확인할 수 있었다.

1. 서론

인공지능 기법을 활용하여 의료 영상을 분석할 때 관심 영역에 대해서 분류, 검출 및 분할 등 다양한 시도들이 이루어져 왔다[1][2].

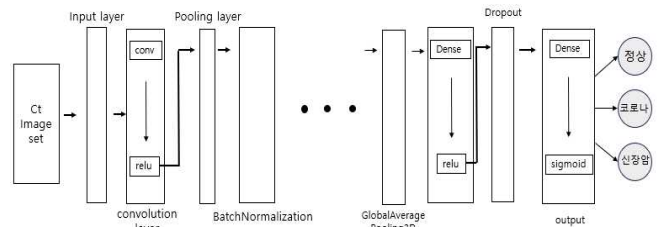
대부분 기존의 연구들은 세그멘테이션 라벨링 기법을 적극적으로 활용했다. 그러나 세그멘테이션 라벨링 기술의 활용은 의료 전문가가 직접 관심 영역을 지정해야 하는 필요성으로 인해 시간과 비용 측면에서 어려움을 겪을 수 있다.

본 논문에서는 비용과 시간을 절약하기 위해 세그멘테이션 라벨링 기술을 활용하지 않고, 단순 병변 분류 라벨 등 전문가 없이도 할 수 있는 데이터 전처리만으로 구성된 영상을 학습하는 시스템을 제안한다.

제안된 방법의 유용성을 증명하기 위해 인터넷에서 쉽게 수집할 수 있는 데이터로 실험하고 결과를 평가하였다.

2. 3D-CNN 모델

본 논문에서 제안하는 모델은 3D-Convolutional Neural Network(3D-CNN)를 채택하였고, 그 모델 구조는 (그림 1)과 같다.



(그림 1) 모델 구성

우리가 사용하는 모델은 각각 4개의 Convolution 계층과 Maxpooling 계층을 사용하며, kernel size는 2로 진행한다. Convolution의 활성화 함수는 ReLU를 사용한다. Convolution 계층 다음에는 GlobalAveragePooling3D 계층을 사용하여 공간적인 차원을 줄이고 3D 특징 맵에서 고정 길이 벡터를 생성한다. 다음으로 분류 작업을 위한 두 개의 Dense 계층을 배치하였다. 첫 번째 Dense 계층 뒤에는 과적합 방지를 위한 Dropout 계층을 배치하고, 두 번째 Dense 계층에는 sigmoid 활성화 함수와 3개의 뉴런을 배치한다.

3. 데이터 셋 및 전처리

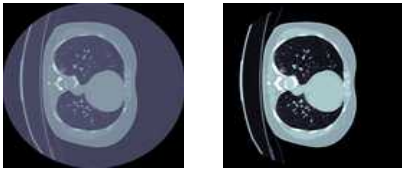
3.1 데이터 셋

본 논문에서는 Keras 라이브러리[3][4]에서 제공하는 COVID-19 환자와 정상인 각각 100명의 데이터와 Ki-d

ney Tumor Segmentation Challenge[5]에서 제공하는 신장암 환자 데이터 중 100명의 환자 데이터를 결합하여 총 300명의 데이터로 학습을 진행하였다.

3.2 전처리

본 연구에서는 다양한 영상 소스로부터 수집된 영상 데이터의 크기를 192x192x32로 표준화하였다. 영상에서 해상도는 의사들이 보편적으로 사용하는 HU 값인 -1000~400 사이의 값을 사용하였다.



(a) 전처리 전 (b) 전처리 후
(그림 2) 전처리 전후 이미지

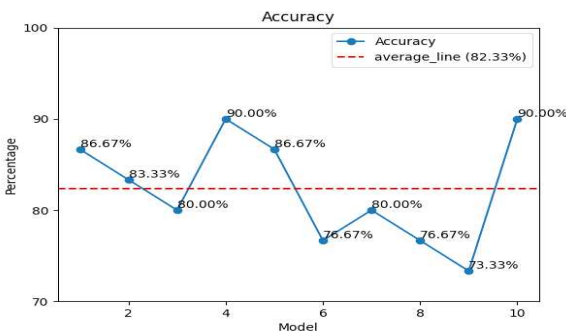
전처리의 과정은 입력 CT 영상의 크기를 표준화하고, HU 값을 조정한 후, 영상 값을 0~1 사이로 정규화 하였다.

4. 실험 및 실험 결과

본 논문에서는 데이터의 양이 적은 관계로 Cross validation 기법 중 K-겹 교차 검증 방법을 사용하여 실험을 진행하였다.

총 300개의 데이터를 사용하였으며, 이를 10개의 블록으로 분할하였다. 각 블록은 30개의 데이터로 이루어져 있으며, 클래스를 균등하게 포함하고 있다. 교차 검증을 위해 9개의 블록을 훈련 데이터로 활용하고, 나머지 1개의 블록을 테스트 데이터로 사용하여 모델을 훈련하였다. 이러한 교차 검증 절차를 총 10번 반복하였다.

각 반복에서 학습된 모델은 테스트 데이터 30개를 활용하여 성능을 평가하였으며, 이러한 평가 결과는 모든 반복에서의 정확도를 평균값을 계산하여 알고리즘의 종합 성능을 평가하는 데 사용되었다. (그림 3)은 각 모델의 정확도를 시각적으로 나타낸 그래프이다.



(그림 3) cross validation 정확도 그래프
실험 결과, 사용한 10개의 모델은 평균 정확도가 약 8

2.3%로 나타났다.

의료 분야에서는 질병의 존재 여부를 올바르게 감지하는 것이 매우 중요하므로, Recall을 평가 지표로 사용하였다. 그리고 각 클래스에 대해 Macro-average Recall을 계산하였다. Macro-average Recall은 다음과 같은 식(1)을 통해 계산된다.

$$Macro - average Recall = \frac{1}{c} \sum_{i=1}^c Recall_i \tag{1}$$

학습된 모델을 각 테스트 데이터 세트에 대한 예측 결과를 바탕으로 Recall 값을 도출하고 Macro-average Recall을 계산하였다. 모든 테스트 모델에 대한 Macro-average Recall을 종합해 평균을 내면, 약 0.84의 값을 얻을 수 있었다.

	Fold1	Fold2	Fold3	Fold4	Fold5
Macro-average Recall	0.9	0.9	0.83	0.9	0.87

	Fold6	Fold7	Fold8	Fold9	Fold10
Macro-average Recall	0.76	0.8	0.83	0.7	0.9

(표 1) Macro-average Recall

이러한 결과는 모델이 주어진 문제에 대해 유의미하게 예측할 수 있음을 나타낸다.

5. 결론 및 향후 과제

우리는 최소한의 전처리만으로도 유의미한 효과를 낼 수 있는 시스템을 제안하였다. 실험을 통해 제안된 알고리즘은 유의미한 효과를 보여 주었다. 이런 연구는 의료전문가의 라벨링이 가능하지 않은 환경에서는 의미를 가질 수 있다.

향후 과제는 segmentation이 있는 데이터로 동일 알고리즘에 실험하여 결과를 비교하는 것이 필요하다. 또 알고리즘의 하이퍼 파라미터의 튜닝을 통해 정확도 향상을 위한 연구가 필요하다.

참고문헌

[1] 허지민,송현주. "복부CT영상에서의 신장 및 신장종양에 대한 U-Net기반의 자동분할기법", 한국차세대 컴퓨팅학회논문, 19.1(2023):7-19.
 [2] 윤영근 et al. "그레이 영상에서의 영역확장에 기반한 영상 세그멘테이션기법", 데이터베이스연구, 2005, 21.1: 1-12.
 [3] KiTS23, <https://github.com/neheller/kits23>
 [4] Keras, <https://github.com/hasibzunair/3D-image-classification-tutorial/releases/download/v0.2/CT-0.zip>
 [5] Keras, <https://github.com/hasibzunair/3D-image-classification-tutorial/releases/download/v0.2/CT-23.zip>