JKIICE Journal of the Korea Institute of Information and Communication Engineering

한국정보통신학회논문지 Vol. 26, No. 4: 533~540, Apr. 2022

트랜스포머 블록과 윤곽선 디코더를 활용한 딥러닝 기반의 피부 병변 분할 방법

김지훈[1] · 박경리[2] · 김해문[2] · 문영식[3*]

Deep Learning based Skin Lesion Segmentation Using Transformer Block and Edge Decoder

Ji Hoon Kim[1] · Kyung Ri Park[2] · Hae Moon Kim[2] · Young Shik Moon[3*]

[1]Graduate Student, Department of Computer Science and Engineering(Major in Bio Artificial Intelligence), Hanyang University, Ansan, 15588 Korea
[2]Graduate Student, Department of Applied Artificial Intelligence(Major in Bio Artificial Intelligence), Hanyang University, Ansan, 15588 Korea
[3*]Professor, Department of Computer Science and Engineering(Major in Bio Artificial Intelligence), Hanyang University, Ansan, 15588 Korea

요 약

전문의는 피부암을 조기에 발견하기 위해 피부경을 사용하여 진단하지만 다양한 형태로 인해 피부 병변을 판단하는 데 어려움이 있다. 최근 높은 성능을 보인 딥러닝을 이용한 피부 병변 분할 방법이 제안되었지만 피부와 피부 병변 경계가 명확하지 않아서 피부 병변을 분할하는 데 문제점이 있었다. 이러한 문제를 개선하기 위해 제안하는 방법은 효과적으로 피부 병변을 분할하기 위해 트랜스포머 블록을 구성하였으며, 네트워크의 각 계층마다 윤곽선 디코더를 구성하여 피부 병변을 자세히 분할하였다. 실험 결과, 제안하는 방법은 기존의 방법보다 Dice coefficient 기준 0.041 ~ 0.071, Jaccard Index 기준 0.067 ~ 0.112의 성능 향상을 보인다.

ABSTRACT

Specialists diagnose skin cancer using a dermatoscopy to detect skin cancer as early as possible, but it is difficult to determine accurate skin lesions because skin lesions have various shapes. Recently, the skin lesion segmentation method using deep learning, which has shown high performance, has a problem in segmenting skin lesions because the boundary between healthy skin and skin lesions is not clear. To solve these issues, the proposed method constructs a transformer block to effectively segment the skin lesion, and constructs an edge decoder for each layer of the network to segment the skin lesion in detail. Experiment results have shown that the proposed method achieves a performance improvement of 0.041 ~ 0.071 for Dic Coefficient and 0.062 ~ 0.112 for Jaccard Index, compared with the previous method.

키워드 : 피부 병변 분할, 피부 병변, 윤곽선 디코더, 트랜스포머 블록, 딥러닝

Keywords : Skin lesion segmentation, Skin lesion, Edge decoder, Transformer block, Deep learning

Received 9 February 2022, **Revised** 20 February 2022, **Accepted** 25 February 2022

*** Corresponding Author** Young Shik Moon(E-mail: ysmoon@hanyang.ac.kr, Tel:+82-31-400-5196)
Professor, Department of Computer Science and Engineering(Major in Bio Artificial Intelligence), Hanyang University, Ansan, 15588 Korea

Open Access http://doi.org/10.6109/jkiice.2022.26.4.533 print ISSN: 2234-4772 online ISSN: 2288-4165

ⓒThis is an Open Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License(http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0/) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.
Copyright ⓒ The Korea Institute of Information and Communication Engineering.

Ⅰ. 서 론

피부암은 피부 조직을 구성하는 세포가 비정상적으로 과증식하거나 악성화한 것을 총칭한다. 현대에는 외상에 의한 흉터, 빈번한 자외선 노출, 각종 유해 물질의 노출 기회가 증가함에 따라 피부암의 발생 빈도가 증가하고 있다. 피부암은 다른 암과 달리 눈으로 쉽게 발견할 수 있으며, 적절한 시기에 치료한다면 완치 가능한 질환이다. 피부암 종류에서 흑색종(Malignant melanoma)은 피부암으로 인한 사망자 중 약 80%이지만 조기에 발견한다면 100% 가깝게 치유할 수 있다. 하지만 가려움증이나 통증 같은 자각 증상이 없어서 치료 시기를 놓치며, 치료 확률이 25~70%까지 낮아진다[1]. 그림 1은 흑색종의 예시를 보여주고 있다.

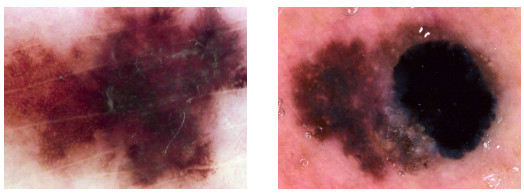

Fig. 1 Example of the malignant melanoma

전문의는 피부암을 조기에 발견하기 위해 피부 경을 사용하여 진단하지만, 형태가 다양하여 영역을 파악하는 데 어려움이 있다.

최근 컴퓨터 비전(Computer Vision) 분야에서 많이 사용되는 딥러닝(Deep Learning) 방법 중 하나인 CNN (Convolutional Neural Network)은 전통적인 컴퓨터 비전 알고리즘과 다르게 특징 추출, 분류 및 인식을 한 번에 처리하며, 데이터 세트를 기반한 학습을 통해 비정형화된 환경에서 일반화 성능이 뛰어나다. CNN 방법을 사용한 의료 진단 보조 시스템이 제안되고 있으며, 피부 병변을 분할하는 방법이 제안되고 있다[2]. 하지만 피부 병변은 형태가 다양하며 피부와 피부 병변의 경계가 명확하지 않아서 피부 병변을 분할하는 데 어려움이 있다. 그림 2는 크기 및 형태가 다양한 피부 병변의 예시이다. 이러한 문제점을 개선하기 위해 제안하는 방법은 효과적으로 피부 병변 영역을 집중하기 위해 트랜스포머 블록(Transformer block) [3]을 사용하였으며, 피부 병변의 윤곽선을 검출하는 디코더(Decoder)를 구성하여 영역 검출 디코더에 영향을 줄 수 있게 구성하였다.

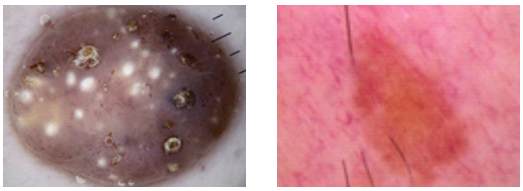

Fig. 2 Example of skin lesions of various sizes and shapes

Ⅱ. 관련 연구

2.1. Medical Image Segmentation

U-Net은 생물 의학(Biomedical) 분야에서 세포핵을 분할하기 위해 Ronneberger가 제안한 방법이며 [4], 높은 성능으로 인해 많은 파생 네트워크가 제안되었다. U-Net은 영상의 전체적인 컨텍스(Context)와 정확한 지역화(Localization)를 위해 인코더(Encoder)와 디코더의 구조를 제안하였다. 인코더는 영상의 컨텍스를 추출하는 역할을 하며, 디코더는 인코더에서 추출된 특징 맵을 업샘플링(Upsampling)하는 역할을 한다. 인코더에서 추출된 특징 맵은 스킵 연결(Skip connection) 방법을 사용하여 디코더에서 업샘플링된 특징 맵과 결합하여 정확한 지역화를 가능하게 하였다.

U-Net은 스킵 연결 방법을 제안하였지만 낮은 수준의 특징을 다수 포함하고 있다는 문제점이 있다. 이러한 문제를 개선하기 Oktay는 Attention U-Net을 제안하였다[5]. Attention U-Net은 인코더에서 추출된 낮은 수준의 특징 맵과 디코더의 특징 맵을 Attention gate를 통해 중요한 영역을 강조하여 결합하는 방법을 제안하였으며 췌장을 찾는데 높은 성능을 보였다.

Brahmbhatt와 Rajan은 SegNet [6]을 기반한 피부 병변 분할 방법을 제안하였다[2]. SegNet의 구조에서 인코더와 디코더 사이에 2개의 완전 연결 계층(Fully connected layer)을 추가하였다. 이를 통해 인코더에서 영상의 중요한 정보를 추출하여 피부 병변을 분할하는 방법을 제안하였다.

2.2. Image Segmentation

DeepLab V3+ [7]는 다양한 모듈과 인코더, 디코더 형태를 구성한 네트워크이며 Chen이 제안한 방법이다. DeepLab V3+는 분할 성능을 높이기 위해 특징 맵으로

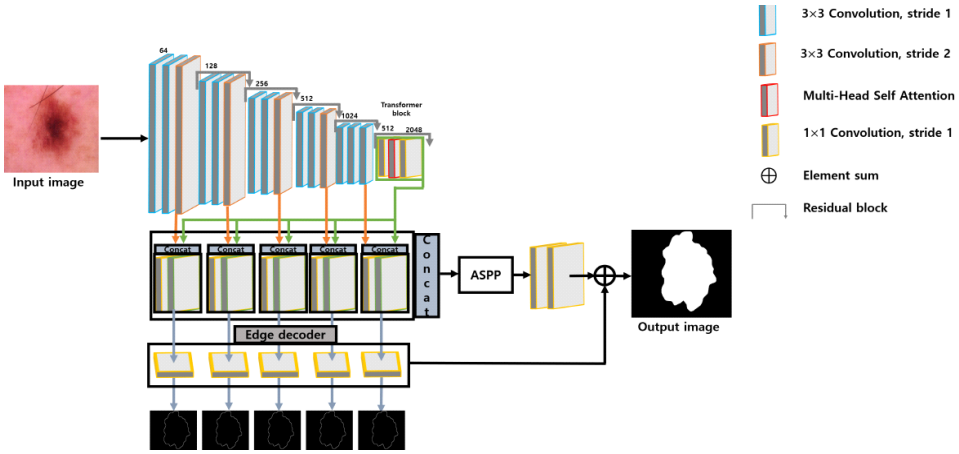

Fig. 3 Overview of proposed method

부터 Atrous 컨볼루션을 서로 다른 비율로 적용하여 융합하는 Atrous Spatial Pyramid Pooling(ASPP)을 사용하였다. 또한, 인코더에 변형된 Xception을 구성하여 분할 성능을 높였다.

2.3. BoTNet

트랜스포머 블록은 자연어 처리(NLP)에서 높은 성능을 보였으며 컴퓨터 비전 분야에서 트랜스포머 블록을 사용한 네트워크가 제안되고 있다.

ViT(Vision Transformer) [8]는 메모리 문제로 인하여 큰 해상도의 영상을 학습하는 데 어려움이 있다. Srinivas는 ResNet [9]의 마지막 계층의 컨볼루션을 MHSA(Multi-Head Self-Attention) [10]로 대체한 방법을 제안하였다. 이를 통해 네트워크 구조 내에서 높은 해상도의 영상에서 중요한 특징을 학습할 수 있는 BoTNet [3]을 제안하였다. MHSA는 특징 맵에 대해 서로 다른 가중치를 갖는 query(q), key(k), value(v)에 대해 헤드 수 만큼 나누어 병렬적으로 계산하여 집중(Attention)할 영역을 계산한다.

Ⅲ. 제안하는 방법

3.1. 네트워크 구조

제안하는 방법의 인코더는 U-Net과 유사한 형태로 구성하였다. 2개의 3×3 컨볼루션을 사용하여 특징을 추출하였으며 1개의 3×3 컨볼루션을 스트라이드(Stride) 2를 통해 다운 샘플링하여 총 5개의 계층을 구성하였다. 또한, 각 계층에서 깊이 있는 학습을 위해 잔차 블록(residual block)을 사용하여 상위 계층의 특징을 하위 계층으로 추가하였다. 최하위 계층은 BoTNet의 구조에서 영감을 받아 구성하였다. 트랜스포머 블록은 병목과 잔차 구조와 유사한 형태를 보이기 때문에 2개의 1×1 컨볼루션과 3×3 컨볼루션을 MHSA로 대체하여 구성하였다. 이를 통해 다양한 영상의 정보에서 효과적으로 강조된 정보를 추출하였다.

제안하는 방법의 영역 디코더는 인코더 각 계층에서 1×1 컨볼루션을 통해 추출된 특징과 트랜스포머 블록을 통해 추출된 정보를 모두 결합하여 구성하였다. 결합된 특징은 ASPP 모듈 [7]을 사용하여 다양한 스케일에서 풍부한 특징을 추출하였으며 2개의 컨볼루션을 통해 피부 병변 영역을 분할하였다.

피부 병변은 경계가 불분명하여 정확한 피부 병변의 영역 및 경계를 파악하는 어려움이 있다. 이러한 문제를 개선하기 위해 피부 병변의 윤곽선을 분할하는 디코더를 구성하여 피부 병변의 경계를 조정하였다. 앞서 인코더에 추출된 결합된 정보를 업샘플링하여 각 특징마다 1개의 1×1 컨볼루션을 통해 윤곽선 디코더를 구성하였다. 또한, 윤곽선 디코더는 영역을 검출하는 디코더에 영향을 줄 수 있게 추가하였다. 그림 3은 제안하는 방법의 전체적인 구조이다.

3.2. 학습 방법

제안하는 방법에 사용된 손실 함수는 Dice Loss와

BCE(Binary Cross Entropy) Loss를 결합하여 사용하였다. 피부 병변 및 윤곽선 데이터는 전경과 배경 사이에 데이터 불균형 문제가 있다. 이러한 문제점를 개선하기 위해 Dice loss를 사용하였으며, 픽셀에 대한 자세한 값까지 계산하기 위해 BCE Loss를 함께 사용하였다. 입력 크기는 226×300 하였으며, 딥러닝 프레임 워크는 파이토치(Pytorch)를 사용하였다. 최적화 방법은 RMSprop를 사용하였으며 배치 크기는 10, 50 에폭 동안 학습하였다. 시작 학습률은 0.001이며, 추론 임계 값은 0.5로 하였다.

Ⅳ. 데이터 세트

4.1. HAM 10000

제안하는 방법을 학습 및 평가하기 위해 HAM 10000[11] 데이터 세트를 사용하였다. HAM 10000 데이터 세트는 피부 경으로 촬영한 총 7개의 피부암 종류로 구성된다. 피부암 종류는 광선각화증(actinic keratosis), 기저세포암(basal cell carcinoma), 양성각화증(benign keratosis), 섬유종(Dermatofibroma), 흑색종(Melanoma), 반점(nevus), 혈관종(vascular lesion)으로 총 10015개의 데이터로 구성된다. 마스크 데이터는 피부과 전문의 Tschandl, P.가 생성한 데이터 [12]를 사용하였다. 학습 및 검증, 테스트 데이터는 8:1:1 비율로 나누었으며 효과적으로 피부 병변 분할 네트워크를 학습하기 위해 학습 데이터를 증강하였다. 증강 기법으로 크기, 자르기, 밝기 변화, 회전을 무작위로 사용하였다. 윤곽선 데이터는 마스크 데이터에 Laplacian 기법을 사용하여 생성하였다. 표 1은 증강된 데이터의 개수를 의미하며 그림 4는 데이터 세트의 예시이다.

Table. 1 Number of augmented dataset

	Total(Before augmentation)	Total(After augmentation)
Train	8010	**17103**
Validation	1005	**1005**
Test	1000	**1000**

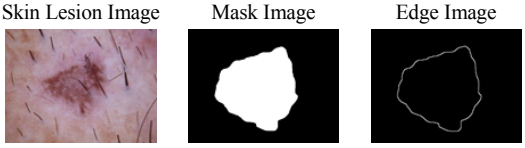

Fig. 4 Example of the HAM 10000 dataset

Ⅴ. 실험 결과 및 분석

학습에 사용된 장비는 CPU Intel(R) Xeon(R) Silver 4210 CPU @ 2.20GHZ, RAM 125GB, 2080 ti 그래픽 카드 한 개다.

5.1. 네트워크 실험

분할 방법에 사용된 평가 척도는 Sensitivity(SE), Specificity(SP), Accuracy(AC), Dice Coefficient(DC), Jaccard Index(JI)를 사용하였다. 표 2는 피부 병변 분할 네트워크의 성능을 비교한 실험 결과이다. 실험 결과, 제안하는 방법은 기존의 방법에 비해 모든 평가 메트릭에서 높은 성능을 보인다. 제안하는 방법은 DC 기준에서 U-Net 대비 0.052, Attention U-Net 대비 0.071, Deeplab V3+ 대비 0.041, Brahmbhatt의 방법 대비 0.057의 성능 향상을 보인다. 또한 JI 기준에서 U-Net 대비 0.088, Attention U-Net 대비 0.112, Deeplab V3+ 대비 0.067, Brahmbhatt의 방법 대비 0.093의 성능 향상을 보인다.

Table. 2 Quantitative evaluation of segmentation networks

Model	Metric				
	SE	SP	ACC	DC	JI
U-Net	0.870	0.969	0.934	0.887	0.799
증감량	0.08	0.005	0.028	0.052	0.088
Attention U-Net	0.867	0.961	0.925	0.868	0.775
증감량	0.083	0.013	0.037	0.071	0.112
DeepLab V3+	0.887	0.971	0.941	0.898	0.820
증감량	0.063	0.003	0.021	0.041	0.067
Brahmbhatt Method	0.879	0.964	0.933	0.882	0.794
증감량	0.071	0.01	0.029	0.057	0.093
Proposed Method	0.950	0.974	0.962	0.939	0.887

그림 5는 제안하는 방법과 기존의 방법을 정성적 비교한 결과이다. 그림 5. (a) 입력 영상, (b) 정답 영상, (c) U-Net, (d) Attention U-Net, (e) DeepLab V3+, (f) Brahmbhatt의 방법 및 (g) 제안하는 방법을 의미한다. 기존의 방법은 털, 다양한 형태, 피부 병변과 유사한 색상으로 인해 피부 병변을 명확히 분할하지 못하였다. 그림 5의 왼쪽 영상에서 빨간색 박스 영역을 본다면 기존의 방법은 털을 피부 병변으로 오인하여 분할한 결과를 확인할 수 있다. 그림 5의 중간 영상에서 빨간색 박스 영역을 본다면 피부 병변 내부에 발생한 수포 영역은 분할하지 못하였다. 또한, 그림 5의 우측 영상에서 빨간색 박스를 본다면 피부 병변과 유사한 색상을 피부 병변으로 오인하여 분할한 결과를 관찰할 수 있다. 반면, Brahmbhatt의 방법은 피부 병변과 유사한 색상은 오인하지 않고 피부 병변을 분할하였지만 파란색 박스 영역과 같이 노이즈가 발생하거나 피부 병변 경계를 둥글게 분할한 결과를 확인할 수 있다. 제안하는 방법은 털, 다양한 형태, 피부 병변과 유사한 색상을 오인하지 않고 강건하게 분할한 결과를 확인할 수 있다. 제안하는 방법은 트랜스포머 블록과 윤곽선 디코더를 통해 기존 방법보다 피부 병변 부위에 집중할 수 있었으며 분할 영역에 악영향을 미칠 수 있는 털 및 다양한 피부 병변에서도 강건한 결과를

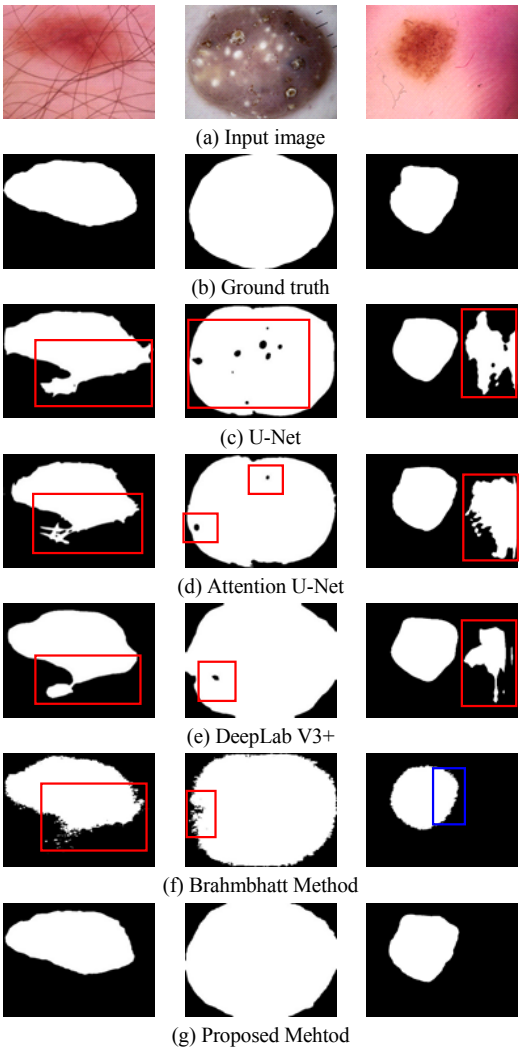

Fig. 5 Comparsion of results obtained by segmentation networks

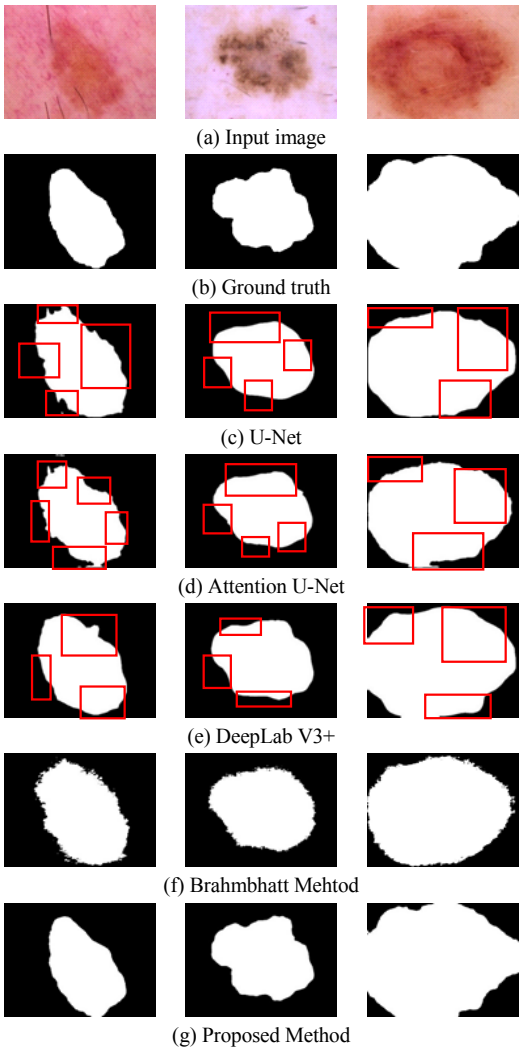

Fig. 6 Result of the proposed method segmentation the skin lesions in detail compared with the existing method

확인할 수 있다. 그림 6은 제안하는 방법과 기존의 방법이 피부병변 윤곽선을 자세하게 추론한 결과를 비교한 것이다. 그림 6. (a) 입력 영상, (b) 정답 영상, (c) U-Net, (d) Attention U-Net, (e) DeepLab V3+, (f) Brahmbhatt의 방법, (g) 제안하는 방법을 의미한다. 그림 6. (c), (d), (e)에서 빨간색 박스 영역을 본다면 피부와 피부 병변의 경계가 명확하지 않았을 때 피부 병변 경계를 자세히 분할하지 못하거나 둥글게 분할한 결과를 확인할 수 있다. Brahmbhatt의 방법은 앞서 실험 결과와 유사하게 피부 병변 경계 영역에 노이즈가 발생하며 피부 병변을 명확히 분할하지 못한 것을 확인할 수 있다. 반면, 제안하는 방법은 각 윤곽선 디코더의 출력 계층을 통해 특징 맵을 조정하였고 영역 디코더에 조정된 특징 맵을 추가하여 피부 병변의 경계를 자세히 분할한 결과를 확인할 수 있었다.

표 3은 제안하는 방법의 윤곽선 디코더에 대한 영향을 정량적으로 평가한 결과이다. 윤곽선 디코더가 미치는 영향을 평가하기 위해 윤곽선 디코더가 있는 방법과 없는 방법을 비교하였다. 영역 디코더 와 윤곽선 디코더를 함께 사용한 방법은 영역 디코더만을 사용한 방법 대비 DC 기준에서 0.052, JI 기준에서 0.088의 성능 향상을 나타낸다.

Table. 3 Quantitative evaluation of the influence of the edge decoder of the proposed method

Model	Metric				
	SE	SP	ACC	DC	JI
Region decoder	0.870	0.969	0.934	0.887	0.799
증감량	0.080	0.005	0.028	0.052	0.088
Region decoder + Edge decoder	0.950	0.974	0.962	0.939	0.887

그림 7은 제안하는 방법의 윤곽선 디코더의 영향에 대한 정성적 평가이다. 그림 7. (a) 입력 영상, (b) 정답 영상, (c) 영역 디코더만 사용한 경우, (d) 영역 디코더와 윤곽선 디코더를 함께 사용한 경우를 의미한다. 영역 디코더만을 사용한 경우에는 빨간색 박스 영역과 같이 피부 병변의 경계가 명확하지 않았을 때 노이즈가 발생하거나 경계를 자세히 표현하지 못하였다. 반면, 제안하는 방법은 윤곽선 디코더를 통해 피부 병변 경계를 상세하게 분할하였고, 노이즈가 발생하지 않은 것을 확인할 수 있다. 이를 통해 윤곽선 디코더를 통해 조정된 특징 맵을 영역 디코더에 추가하는 방법이 경계를 조정하는데 효과적임을 확인할 수 있다.

표 4는 영역 디코더와 윤곽선 디코더에서 사용되는 손실 함수의 성능을 비교한 것이다. 영역 디코더와 윤곽선 디코더에 사용한 BCE-Dice 손실은 BCE 손실 대비 DC 기준에서 0.015, JI 기준에서 0.026 높은 성능을 보였다.

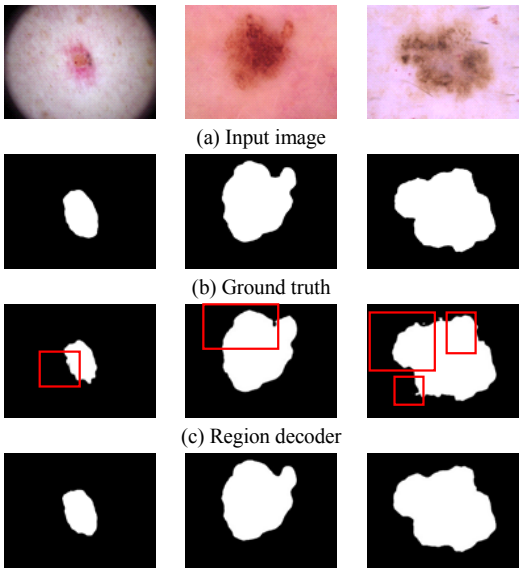

Fig. 7 Qualitative evaluation of the influence of the edge decoder of the proposed method

Table. 4 Comparison the performance of the loss functions used in the region decoder and the edge decoder

Model	Metric				
	SE	SP	ACC	DC	JI
BCE loss	0.925	0.974	0.954	0.924	0.861
증감량	0.025	0	0.008	0.015	0.026
BCE - Dice loss	0.950	0.974	0.962	0.939	0.887

마스크 데이터를 사용하여 생성한 윤곽선 데이터는 전경보다 배경 영역이 많이 차지하는 데이터 불균형 문제가 있다. 이로 인해 BCE 손실 함수만을 사용하였을 때, 윤곽선 영역을 계산하지 못하여 영역 디코더에 영향을 주지 못하는 문제점이 있었다. 이를 개선하기 위해 BCE 손실 함수와 Dice 손실 함수를 함께 사용하였을 때

데이터 불균형한 문제를 개선하며 높은 성능을 보인다.

Ⅵ. 결 론

피부 병변은 다양한 형태, 털, 피부와 피부 병변의 경계가 명확하지 않아서 분할하는데 어려움이 있었다. 이러한 문제를 개선하기 위해, 제안하는 방법은 인코더의 최하위 계층에서 트랜스포머 블록을 사용하여 중요한 영상 정보를 추출하였으며, 각 인코더 계층에서 추출된 특징 맵과 결합하였다. 또한 윤곽선 디코더를 구성하여 영역 디코더에 영향을 줄 수 있게 정보를 추가하는 방법을 제안하였다. 이를 통해, 다양한 형태의 피부 병변을 강건하고 자세하게 분할할 수 있었으며 기존의 방법 대비 DC 기준에서 0.041 ~ 0.071, JI 기준에서 0.067 ~ 0.112의 성능 향상을 보인다.

References

[1] R. L. Siegel, K. D. Miller, and A. Jemal, “Cancer statistics, 2016,” *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, vol.66, no. 1, pp. 7-30, 2016.

[2] P. Brahmbhatt and S. N. Rajan, “Skin lesion segmentation using SegNet with binary cross entropy,” in *Proceedings of the International Conference on Artificial Intelligence and Speech Technology(AIST)*, vol. 14, pp. 1-8, 2019.

[3] A. Srinivas, T. -Y. Lin, N. Parmar, J. Shlens, P. Abbeel, and A. Vaswani, “Bottleneck transformers for visual recognition,” in *Proceeding of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 16519-16529, 2021.

[4] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, “U-Net: Convolutional networks for biomedical image segmentation,” *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, vol. 9351, pp. 234- 241, 2015.

[5] O. Oktay, J. Schlemper, L. L. Folgoc, M. Lee, M. Heinrich, K. Misawa, K. Mori, S. McDonagh, N. Y. Hammerla, B. Kainz, B. Glocker, and D. Rueckert, “Attention U-Net: Learning where to look for the pancreas,” *arXiv preprint arXiv:1804.03999*, Apr. 2018.

[6] V. Badrinarayanan, A. Kendall, and R. Cipolla, “SegNet: A deep convolutional encoder-decoder architecture for image segmentation,” *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 39, pp. 2481-2495, 2017.

[7] L. -C. Chen, Y. Zhu, G. Papandreou, F. Schroff, and H. Adam, “Encoder-decoder with atrous separable convolution for semantic image segmentation,” in *Proceedings of the European Conference on Computer Vision(ECCV)*, pp. 801-818, 2018.

[8] A. Dosovitskiy, L. Beyer, A. Kolesnikov, D. Weissenborn, X. Zhai, T. Unterthiner, M. Dehghani, M. Minderer, G. Heigold, S. Gelly, J. Uszkoreit, and N. Houlsby, “An image is worth 16x16 words: Transformers for image recognition at scale,” *arXiv:2010.11929*, 2020.

[9] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, “Deep residual learning for image recognition,” in *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 770-778, 2016.

[10] A. Vaswani, N. Shazeer, N. Parmar, J. Uszkoreit, L. Jones, A. N. Gomez, L. Kaiser, and I. Polosukhin, “Attention is all you need,” in *Proceedings of the 31st Conference on Neural Information Processing Systems (NIPS)*, pp. 5998-6008, 2017.

[11] P. Tschandl, C. Rosendahl, and H. Kittler, “The HAM10000 dataset, a large collection of multi-source dermatoscopic images of common pigmented skin lesions,” *Scientific Data*, vol. 5, pp. 1-9, Aug. 2018.

[12] P. Tschandl, C. Rinner, Z. Apalla, G. Argenziano, N. Codella, A. Halpern, M. Janda, A. Lallas, C. Longo, J. Malvehy, J. Paoli, S. Puig, C. Rosendahl, H. P. Soyer, I. Zalaudek, and H. Kittler, “Human – computer collaboration for skin cancer recognition,” *Nature Medicine*, vol. 26, pp. 1229-1234, Jun. 2020.

김지훈(Ji Hoon Kim)

2019년 8월 상명대학교 정보통신공학과 학사
2020년 3월 ~ 현재 한양대학교 컴퓨터공학과(바이오 인공지능 융합 전공) 석사과정
※관심분야 : 컴퓨터 비전, 패턴인식, 딥러닝

박경리(Kyung Lee Park)

2021년 2월 한양대학교 ERICA 소프트웨어 융합 학부 & 전자공학부 학사
2021년 3월 ~ 현재 한양대학교 인공지능융합과(바이오 인공지능 융합 전공) 석박사통합과정
※관심분야 : 컴퓨터 비전, 패턴인식, 딥러닝

김해문(Hae Moon Kim)

2020년 2월 한경대학교 전기전자제어공학과 학사
2020년 9월 ~ 현재 한양대학교 인공지능융합학과(바이오 인공지능 융합 전공) 석사과정
※관심분야 : 컴퓨터 비전, 패턴인식, 딥러닝

문영식(Young Shik Moon)

1980년 2월 서울대학교 전자공학과 공학사
1982년 2월 한국과학기술원 전기 및 전자공학과 공학석사
1990년 Ph. D. in Department of Electrical and computer Engineering University of Callifornia at Irvine
1982년 ~ 1985년 한국 전자통신연구소 연구원
1989년 ~ 1990년 Inno Vision Medical 선임 연구원
1990년 ~ 1992년 생산기술연구소 선임연구원
1992년 ~ 현재 한양대학교 컴퓨터공학과(바이오인공지능융합전공) 교수
2021년 ~ 현재 한양사이버대학교 부총장
※관심분야 : 컴퓨터 비전, 패턴인식, 딥러닝