

피부암 병변 분류를 위한 SCLC-Edge 검출 알고리즘

박준영¹, 김창민², 박찬홍^{2*}

¹아주대학교 의과대학 대학원 융합의과학과대학교, ²상지대학교 정보통신소프트웨어공학과

SCLC-Edge Detection Algorithm for Skin Cancer Classification

June-Young Park¹, Chang-Min Kim², Roy C. Park^{2*}

¹Department of Convergence Healthcare Medicine, Graduate School of Ajou University

²Department of Information Communication Software Engineering, Sangji University

요약 피부암은 세계에서 가장 흔한 질병 중 하나로 국내에선 발병률이 지난 5년 동안 약 100%가 증가했고 미국에선 매년 500만여 명이 피부암을 진단받는다. 피부암은 주로 자외선의 노출로 피부 조직이 오랜 시간 손상되면서 발생하게 된다. 피부암의 악성종양인 흑색종은 피부 위에서 발생하는 멜라닌 세포 모반과 생김새가 유사해 2차 징후가 발생하지 않는 한 일반인이 자각하기 어려운 점이 있다. 본 논문에서는 이러한 피부암의 조기 발견과 분류를 위해 피부암 병변 윤곽선 검출 알고리즘과 피부암 병변 분류를 수행하는 딥러닝 모델인 CRNN을 제안한다. 실험 결과 본 논문에서 제안하는 윤곽선 검출 알고리즘을 이용할 시 분류 정확도가 97%로 가장 높은 정확도를 보였고 Canny 알고리즘의 경우 78%를 보였고 Sobel의 경우 55%, Laplacian의 경우 46%를 보였다.

• 주제어 : 딥러닝, 의료영상, 윤곽선 검출, 영상 분류, 인공지능

Abstract Skin cancer is one of the most common diseases in the world, and the incidence rate in Korea has increased by about 100% over the past five years. In the United States, more than 5 million people are diagnosed with skin cancer every year. Skin cancer mainly occurs when skin tissue is damaged for a long time due to exposure to ultraviolet rays. Melanoma, a malignant tumor of skin cancer, is similar in appearance to Atypical melanocytic nevus occurring on the skin, making it difficult for the general public to be aware of it unless secondary signs occur. In this paper, we propose a skin cancer lesion edge detection algorithm and a deep learning model, CRNN, which performs skin cancer lesion classification for early detection and classification of these skin cancers. As a result of the experiment, when using the contour detection algorithm proposed in this paper, the classification accuracy was the highest at 97%. For the Canny algorithm, 78% was shown, 55% for Sobel, and 46% for Laplacian.

• Key Words : Deep Learning, Medical Image, Edge Detection, Image Classification, AI

Received 08 November 2022, Revised 08 December 2022, Accepted 13 December 2022

* Corresponding Author Roy C. Park, Department of Information Communication Software Engineering, Sangji University, 83, Sangji-Dae Gil, Wonju, Korea. E-mail: roypark1984@gmail.com

I. 서론

피부암은 세계에서 흔한 암 중 하나이다. 피부암 중 악성종양인 흑색종(malignant melanoma)은 피부암에서 4%에 불과하지만, 전체 피부암 관련 사망의 대략 75% 정도를 차지한다[1-2]. 따라서 흑색종은 조기의 발견과 치료하는 것이 매우 중요한 과제이다. 흑색종은 비정형 멜라닌세포 모반과 매우 생김새가 흡사해 조기 진단에 어려움이 많다[3-4]. 먼저 흑색종이 의심되는 경우 피부 조직 생검을 통해 조직 병리학적 검사를 수행한다. 조직병리학적 분석은 현재 피부암 진단의 표준이지만 비용과 시간이 많이 소요되고 경계 사례에서 결론을 내리지 못하는 경우가 존재한다[5-7]. 기존 연구에 따르면 흑색종 분류에 대한 병리사들의 불일치가 25%까지 나타났대[8-10]. 이러한 상황에서 인공지능을 활용한 피부암 병변 분류는 양성종양과 악성종양을 정확하게 분류하고 조직검사를 통한 흑색종의 누락을 사전에 방지할 수 있다[11].

본 논문은 피부암 병변 윤곽선 검출 알고리즘을 통해 피부암 종양을 분석하고 해당 종양이 양성종양인지 악성종양인지 분류하는 모델을 제안한다. 제안하는 모델은 피부암 윤곽선 검출 알고리즘을 통해 진단에 불필요한 영상 정보를 제거한다. 윤곽선 검출 알고리즘을 수행한 영상은 2차원 배열로 입력받는 피부암 병변 분류를 수행하는 CRNN 모델을 설계해 입력된 종양에 대한 악성과 양성 종양을 분류한다. 본 논문의 구성은 다음과 같다. II 장에서는 피부암 병변 분류를 위한 CRNN 모델을 제안하고 실험 결과를 보여준다. III 장에서는 결론을 맺으며 향후 연구 방향을 제시한다.

II. 피부암 병변 분류를 위한 SCLC-Edge 검출 알고리즘

본 논문에서 제안하는 Edge 검출 알고리즘은 피부암 병변 분류를 위한 윤곽선을 검출하는 알고리즘이다. 기존의 주로 사용되는 윤곽선 알고리즘인 Canny, Sobel은 미분 형식의 윤곽선 검출 알고리즘이다. Edge 알고리즘은 미분 형식이 아닌 필터 간의 연산으로 윤곽선을 검출한다. 미분 형식의 윤곽선 검출 방식은 필터가 영상을 스캔하면서 계산된 값으로 윤곽선 정보를

검출하기 때문에 원본영상의 윤곽선 정보를 소실할 수 있다. 필터 간의 연산을 통한 방식의 윤곽선 검출은 기존의 미분 형식과는 다르게 원본영상 고유의 값을 잃지 않는다는 장점이 있다.

2.1 피부암 병변 윤곽선을 검출하기 위한 Hair Remove 알고리즘

본 장은 Edge 검출 알고리즘을 수행하기 전에 피부암 병변 위 털을 제거하는 알고리즘을 소개한다. 털 제거 알고리즘은 영상처리 알고리즘 중 모폴로지 변환 알고리즘을 사용한다. 모폴로지 변환은 영상의 형태학적 연산을 활용해 노이즈 제거, 요소 결합 및 분리 등을 수행한다. 먼저 모폴로지 변환을 수행하기 위한 구조 요소를 생성한다. 생성한 구조 요소를 활용해 Blackhat 연산을 수행한다. 영상을 임계처리를 통해 Binary 영상으로 변환해준다. 최종적으로 원본영상과 임계처리된 영상은 Inpainting 기법을 통해 털만 제거된 영상을 얻을 수 있다. 그림 1은 털 제거 알고리즘 수행결과를 나타낸 것이다. 그림 1(a)는 원본영상, 1(b)는 Binary 영상, 1(c)는 털 제거 알고리즘의 최종 결과 영상이다.

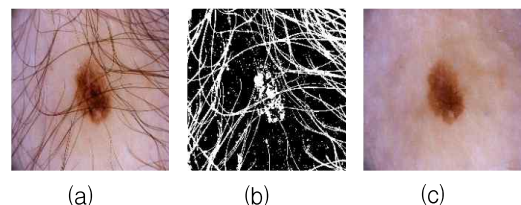


Fig. 1. 털 제거 알고리즘 수행 결과 (a)원본영상 (b)Binary 영상 (c)알고리즘 구현 영상

2.2 Edge 윤곽선 검출 과정

그림 2는 Dermatoscope로 촬영된 피부암 병변 영상이다. Fig. 2(a)는 ‘Benign’ 양성 종양이고, (b)는 ‘Malignant’ 악성 종양을 나타낸다. 그림 2(a)의 오른쪽 영상은 Benign 양성 종양에 대한 Edge 검출 알고리즘의 검출 결과이다. 그림 2(b)의 오른쪽 영상은 Malignant 악성 종양에 대한 Edge 검출 알고리즘의 검출 결과이다. 해당 윤곽선 검출 과정에서 사용된 Edge 알고리즘은 Fig. 2와 같은 연산을 수행한다. 피부암 병

변 영상을 4개의 필터로 모든 영역을 스캔하고 계산한다.

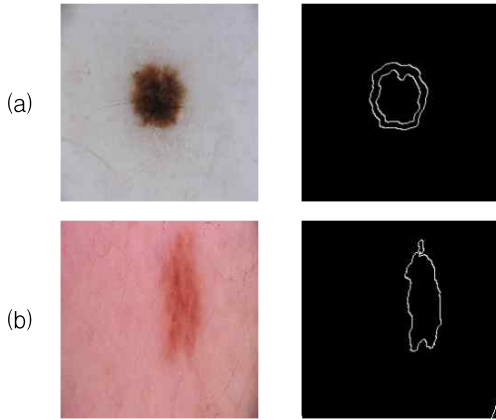


Fig. 2. Dermatoscope로 촬영된 피부암 병변 영상 및 윤곽선 정보; (a) benign image and (b) malignant image

4개의 필터는 Equation. 1와 같이 정의된다. 각 필터는 f_a 을 기준으로 가로(f_b), 세로(f_c), 가로와 세로(f_d)로 한 픽셀씩 이동된 영역을 스캔한다. 본 논문 실험에서 사용된 피부암 병변 영상의 크기는 224*224을 사용했다.

$$\begin{aligned} f_a &= [h : h + f_h, w : w + f_w] \\ f_b &= [h + 1 : h + 1 + f_h, w : w + f_w] \\ f_c &= [h : h + f_h, w + 1 : w + 1 + f_w] \\ f_d &= [h + 1 : h + 1 + f_h, w + 1 : w + 1 + f_w] \end{aligned} \quad (1)$$

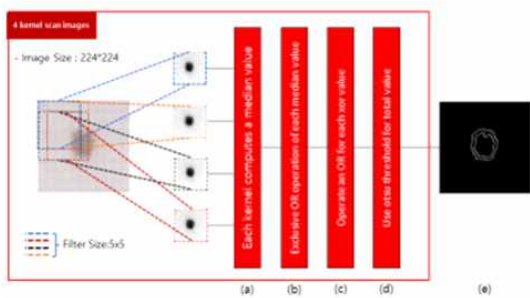


Fig. 3. Edge 검출 알고리즘 과정

총 4개의 필터는 non-linear filter로서 그림 3(a)와 같이 영상의 전 영역을 스캔하며 각 영역에 대한 중간값을 계산한다. 필터의 영역만큼 픽셀값을 불러와 정렬시킨 후 중간값을 가져온다. 앞서 설명했다시피 중간값 연산은 원본영상의 값을 그대로 사용하므로 원본

영상의 정보를 소실하지 않는다. 따라서 픽셀 정보의 outlier 값들을 제거할 수 있어 노이즈 제거에 효과적이다. 그림 3(b)는 (a)를 통해 계산된 f_a, f_b, f_c, f_d 의 중간값을 이용하여 식(2)와 같은 연산을 수행한다.

$$\begin{aligned} s_1 &= f_a^m \oplus f_b^m \\ s_2 &= f_c^m \oplus f_d^m \end{aligned} \quad (2)$$

식 2의 $f_a^m, f_b^m, f_c^m, f_d^m$ 은 4개의 필터를 통해 중간값 연산을 수행한 결과값을 의미한다. 해당 중간값들은 서로 배타적 논리합 연산을 수행한다. 배타적 논리합 연산은 영상처리에서 비교 연산이라고도 불리며 두 입력 영상의 값을 비교해 서로 값이 같으면 어두운색을 출력하고 값이 같지 않으면 밝은색을 출력한다. s_1 은 f_a^m 와 f_b^m 값을 연산하고 s_2 은 f_c^m 와 f_d^m 을 연산한 값이다. 그림 4의 (a)와 (b)는 각각 s_1 와 s_2 에 해당하는 영상이다.

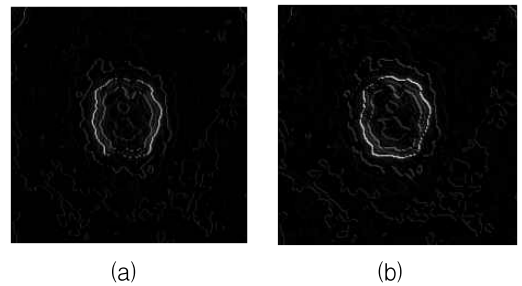


Fig. 4. 윤곽선 검출 과정 중 배타적 논리합 연산에 의해 생성된 영상; (a) image, (b) image

그림 3(c)는 s_1 과 s_2 을 Equation. 3와 같은 식을 통해 계산된다.

$$s_{or} = s_1 \vee s_2 \quad (3)$$

식(3)은 식(2)를 통해 구한 s_1 과 s_2 의 논리합 연산을 통해 값을 구한다. 논리합 연산은 두 영상 중 하나라도 밝은 값이 있으면 밝은 값을 출력한다. 따라서 s_1, s_2 에서 끊어진 윤곽선 부분을 연결해줄 수 있다. Fig. 5는 s_1 과 s_2 의 논리합 연산을 통해 얻은 영상이다.

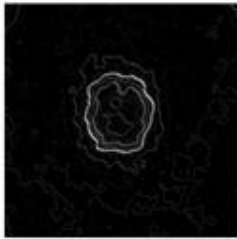
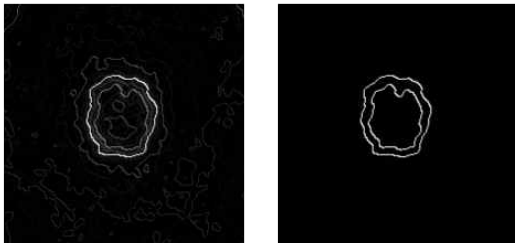


Fig. 5. s_1 과 s_2 의 논리합 연산결과

2.3 Auto Thresholding을 활용한 임계처리

본 장은 2.2장의 연산 과정을 통해 얻은 산출물을 Auto Thresholding을 통해 이진화시켜준다. 이진화를 통해 잡음이 섞여 있는 윤곽선 정보에서 중요한 윤곽선 정보만 분류시켜준다. 일반적인 영상처리의 이진화 방법은 사용자가 설정한 임의의 임계값보다 높으면 밝은색으로 바뀌주고 낮으면 검은색으로 바뀌준다. 본 알고리즘에서는 Auto Thresholding 기법 중 OTSU Algorithm을 사용한다. OTSU Algorithm은 입력 영상의 밝기 분포를 기반으로 임계값을 자동으로 찾아준다.

그림 6은 최종 윤곽선 정보를 나타내는 것으로 (a) 영상은 2.2장의 연산을 거친 최종 영상이고 (b) 영상은 OTSU Thresholding을 통해 최종적으로 얻은 윤곽선 정보이다.



(a) 3.2장 result data (b) 3.3장 result data

Fig. 6. 최종 윤곽선 정보

2.4 기존 윤곽선 검출 알고리즘과 제안하는 Edge 알고리즘 비교

본 장은 2.1장부터 2.3장까지 일련의 과정을 통해 얻은 Edge 알고리즘의 윤곽선과 기존의 윤곽선 검출 알고리즘인 Canny, Sobel, Laplacian과의 비교 실험을 진행한다. Table. 1은 각 알고리즘을 통해 산출된 결과 이미지들이다.

Table 1. 각 윤곽선 검출 알고리즘의 피부암 병변 윤곽 정보 비교

	Benign	Malignant
Original		
Edge		
Canny		
Sobel		
Laplacian		

III. 실험결과

본 장에서는 윤곽선 검출 결과의 정량적 비교를 위해 CRNN 모델로 정확도 실험을 진행했다.

3.1 CRNN Model Architecture

본 논문에서 제안하는 윤곽선 검출 알고리즘을 통해 산출된 윤곽선 정보로 피부암 병변 분류를 수행한다. 피부암 병변 분류를 수행할 딥러닝 모델은 CRNN을 사용한다. 기존의 CRNN은 영상을 입력받아 CNN을 통해 특징을 추출하고 추출한 특징을 바탕으로 RNN으로 시퀀스를 예측하는 모델이었다. 본 논문에서는 기존의 CRNN의 구조를 변형시킨 모델을 통해 분류를 수

행한다. 변형된 모델은 CNN Layer를 통해 입력된 영상의 Feature Sequence를 추출하고 추출된 Feature Sequence를 LSTM Layer를 통해 악성인지 양성인지 분류한다.

CRNN 모델은 2장에서 제안하는 피부암 분류를 위한 윤곽선 검출 알고리즘을 통해 산출된 결과물을 학습한다. CRNN은 입출력 계층을 포함하여 총 16개의 계층으로 구성된다. 모든 입력 영상의 크기는 (224, 224, 1)로 설정하였다. 입력 영상이 Convolution Layer를 거치기 전에 입력 영상에 대한 Image Augmentation을 수행한다.

Table 2. Architecture of CRNN

Layer No.	Layer Name
1	Input Layer (224, 224, 1)
2	Image Augmentation (horizontal, vertical, rotation)
3	Convolution2D (32, (3,3), padding='same')
4	BatchNormalization
5	Activation (LeakyReLU)
6	MaxPooling2D (2,2)
7	Convolution2D (64, (3,3), padding='same')
8	BatchNormalization
9	Activation (LeakyReLU)
10	MaxPooling2D (2,2)
11	Reshape (56, 3584)
12	LSTM (64)
13	LSTM (32)
14	Dropout (0.2)
15	GlobalAveragePooling2D
16	Output Layer (1, act='sigmoid')

일반적인 영상처리 딥러닝 모델에서는 CutMix, MixUp 같은 방법을 활용해 학습 영상의 개수를 늘려 좋은 결과를 보이지만 의료영상의 경우 CutMix, MixUp과 같은 방법을 사용하면 병변 정보의 왜곡이 발생할 수 있어 사용하지 않는다. 대신 병변의 정보는 소실하지 않고 영상을 변형시킬 수 있는 Random Rotation, Horizontal Flip, Vertical Flip을 사용한다.

해당 과정을 거친 후 영상은 Convolution Layer를 거친다. Convolution 계층을 알게 만들어 입력 영상의 일반적인 특징만 추출할 수 있게 해주었다.

Convolution Layer는 계층이 깊어 질수록 입력 영상의 디테일한 부분까지 특징을 추출할 수 있다는 장점

이 있지만 여러 Convolution 계층을 지날수록 기존의 특징을 잃을 수 있다. 따라서 CRNN에서는 Convolution Layer를 두 번만 거친다. Convolution Layer를 거치고 나면 Batch Normalization을 거친다.

Batch Normalization은 입력값 분산의 평균을 0, 표준편차 1로 정규화시켜주는 방법이다. 일반적으로 학습이 잘 이루어지지 않는 이유 중 Internal Covariate Shift 현상이 있는데 여러 계층을 거치면서 입력값의 분산이 달라져 학습이 불안정해진다. 이런 문제를 해결하기 위해 Batch Normalization을 사용한다.

Batch Normalization 계층을 지나고 나면 Activation Function을 거쳐 다음 Convolution Layer로 전달해준다. Activation Function은 Leaky-ReLU를 사용한다. 일반적으로 Batch Normalization을 거치고 나면 입력값의 중심이 0이 되고 0 이하로 정규화된 입력값은 ReLU Activation Function을 사용하게 되면 기울기가 0이 돼 버린다. 이러한 문제를 해결하기 위해 Leaky-ReLU를 사용한다.

Leaky-ReLU는 음수인 입력값을 0이 아닌 0.01로 만들어줘 값이 소실되는 것을 막아준다. 2개의 Convolution Layer를 거치고 나면 입력 영상은 64개의 서로 다른 Feature Map을 갖게 된다. 해당 Feature Map은 Layer-11을 통해 입력 영상의 구조를 재배치하여 다음 순환 계층에 전달해준다.

순환 계층에서는 입력된 Sequence Feature를 LSTM Layer를 거친다. LSTM Layer를 통해 재배치된 영상을 순차적으로 입력받아 이전 입력과 현재 입력을 비교해 분류 정확도를 올릴 수 있도록 하였다.

첫 번째 LSTM Layer에서는 64개의 유닛을 사용하고 두 번째 LSTM Layer에서는 32개의 유닛을 사용한다. 모든 순환 계층을 통과한 입력값은 Dropout을 통해 과적합을 방지한다.

Layer-15에서는 최종 분류 전 GlobalAveragePooling2D Layer를 통해 입력값의 정보를 소실하지 않으면서 1차원 Feature로 만들어준다. 다음으로는 Layer-16을 통해 최종 결과를 산출한다. 본 논문에서는 CRNN 모델을 통해 피부암 병변 윤곽선 영상이 'benign' 인지 'malignant' 인지 분류한다.

3.2 성능평가 결과

본 절에서는 제안한 알고리즘에 대한 성능평가를

진행하였다. 실험에 사용된 데이터셋은 ISIC Challenge에서 제공되는 피부암 병변 데이터로 양성 종양과 악성 종양 데이터의 비율을 1:1, 2:1, 3:1으로 나누어 진행하였다. 실험은 SCLC-CRNN 모델을 통해 다양한 윤곽선 검출 알고리즘에 따른 정확도 측정 실험으로 제안한 윤곽선 검출 알고리즘과 일반적으로 사용되는 검출 알고리즘인 Canny, Sobel, Laplacian 윤곽선 검출 알고리즘을 비교하였다.



Fig. 7. 1:1 비율의 데이터셋을 사용한 윤곽선 검출 알고리즘의 정확도 측정 결과

그림 7은 본 논문에서 제안하는 피부암 윤곽선 검출 알고리즘과 기존의 3가지의 윤곽선 검출 알고리즘을 통해 CRNN 모델을 수행한 결과이다. 1:1 비율의 데이터셋을 사용한 실험에서는 각각 양성종양(benign)과 악성종양(malignant)의 개수가 584개이다. 이 중 각각 훈련용 데이터는 80%, 테스트 데이터는 20%를 사용해 실험을 진행한다. 정확도 측정결과 본 논문에서 제안한 EDGE는 78.2%로 가장 높은 정확도를 보이며 기존 윤곽선 알고리즘인 CANNY의 경우 68.8%, SOBEL의 경우 52.9%, LAPLACIAN은 51.7%를 보였다.

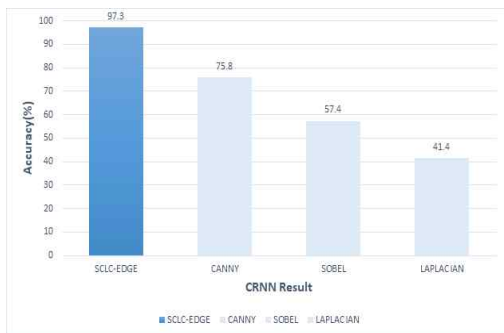


Fig. 8. 2:1 비율의 데이터셋을 사용한 윤곽선 검출 알고리즘의 정확도 측정 결과

그림 8은 1:2 비율의 데이터셋을 활용한 알고리즘별 분류 정확도이다. 각각 양성종양은 1,168, 악성종양은 584개를 사용한다. 이 중 각각 훈련용 데이터는 80%, 테스트 데이터는 20%를 사용해 실험을 진행한다. 그림 8의 정확도를 살펴보면 본 논문에서 제안하는 검출 알고리즘인 SCLC-EDGE가 87.3%로 가장 높은 정확도를 보였고 CANNY(65.8%), SOBEL(47.4%), LAPLACIAN (31.4%) 순으로 높은 정확도를 보였다.



Fig. 9. 3:1 비율의 데이터셋을 사용한 윤곽선 검출 알고리즘의 정확도 측정 결과

그림 9는 3:1 비율의 데이터셋을 활용한 알고리즘별 분류 정확도이다. 각각 양성종양은 1,752, 악성종양은 584개를 사용한다. 이 중 각각 훈련용 데이터는 80%, 테스트 데이터는 20%를 사용해 실험을 진행한다. Fig. 9의 정확도를 살펴보면 본 논문에서 제안하는 검출 알고리즘인 SCLC-EDGE가 83.5.3%로 가장 높은 정확도를 보였고 CANNY(69.8%), SOBEL(35.1%), LAPLACIAN (25.4%) 순으로 높은 정확도를 보였다. Table 2는 각 실험에서 산출된 정확도를 보여준다. Table 2를 살펴보면 기존의 윤곽선 검출 알고리즘은 데이터셋의 변화에 따라 정확도가 감소하는 모습을 보이지만 본 논문에서 제안하는 윤곽선 검출 알고리즘(SCLC-EDGE)은 데이터셋의 비율이 달라져도 지속적으로 높은 정확도를 보여주는 것을 알 수 있다.

Table 3. Accuracy for each experiment of the CRNN

	#1	#2	#3	mean
SCLC-EDGE	0.982	0.973	0.945	0.97
CANNY	0.788	0.758	0.798	0.78
SOBEL	0.629	0.574	0.451	0.55
LAPLACIAN	0.617	0.414	0.354	0.46

그림 10은 가장 높은 정확도를 보인 Table 3 #2모델의 ROC-Curve이다. 그림 10을 살펴보면 비교하는 기존의 윤곽선 검출 알고리즘에 비해 본 논문에서 제안하는 SCLC-EDGE 알고리즘이 더 우수한 성능을 보이는 것을 확인할 수 있다.

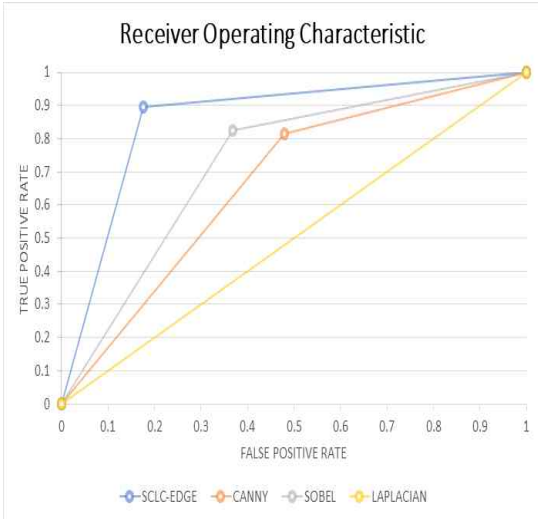


Fig. 10. #2 모델의 ROC-Curve

IV. 결론

본 논문에서는 피부암의 윤곽선을 검출하기 위한 SCLC-Edge 알고리즘을 제안하고 피부암 병변의 종류를 분류하는 CRNN 모델을 제안한다. 제안한 윤곽선 검출 알고리즘은 기존의 일반적으로 사용되던 Canny, Sobel, Laplacian과 다르게 4개의 필터를 사용해 중간값을 추출하는 방법을 사용하였다.

해당 방식을 기존 윤곽선 검출 알고리즘보다 높은 검출률과 정확도를 보였다. 위 윤곽선 검출 알고리즘을 수행한 결과는 0과 255로 구성된 2차원 배열을 갖는다. 생성된 2차원 배열은 중앙 분류 알고리즘을 통해 입력된 피부암 영상을 악성종양과 양성종양으로 분류한다.

본 논문에서 제안하는 CRNN 모델은 먼저 Image Augmentation을 수행하고 두 개의 Convolutional Layer와 두 개의 LSTM Layer로 구성된다. 해당 계층들 사이에는 배치 정규화를 통해 과적합을 방지한다. 본 논문에서는 제안한 윤곽선 검출 알고리즘의 성능 평가를 위한 3가지 실험을 진행하였다.

첫 번째 실험에서는 데이터셋의 비율을 1:1로 하여 학습을 진행하였다. 학습 결과 본 논문이 제안하는 윤곽선 검출 알고리즘인 SCLC-EDGE 알고리즘이 98.2%로 가장 높은 정확도를 보였고 Canny는 78.8%, Sobel은 62.9%, Laplacian은 61.7%를 보였다.

두 번째 실험은 데이터셋의 비율을 1(악성종양):2(양성종양)로 하여 학습을 진행하였다. 학습 결과 SCLC-EDGE 알고리즘은 97.3%로 가장 높은 정확도를 보였고 Canny는 75.8%, Sobel은 57.4%, Laplacian은 41.4%를 보였다. 세 번째 실험은 데이터셋의 비율을 1(악성종양):3(양성종양)로 하여 학습을 진행하였다.

학습 결과 SCLC-EDGE의 경우 94.5%로 가장 높은 정확도를 보였고 Canny의 경우 79.8, Sobel은 45.1%, Laplacian의 경우 35.4%를 보였다.

실험 결과를 살펴보면 본 논문에서 제안하는 검출 알고리즘과 학습 모델의 정확도가 가장 높았다. 또한 데이터셋의 비율을 변화시키며 학습시켰음에도 SCLC-Edge 알고리즘이 세 실험 모두 가장 높은 정확도를 보였다. 따라서 많은 양의 정보가 없는 영상도 효과적인 분류가 가능한 것을 확인할 수 있었다.

향후 연구로는 본 논문에서 제안하는 윤곽선 검출 알고리즘을 활용해 복잡한 정보를 포함하고 있는 영상인 폐-CT 영상에 적용할 수 있도록 알고리즘을 개선시킬 것이다.

ACKNOWLEDGMENTS

This research was funded by a National Research Foundation of Korea (NRF) grant funded by the Korea government (2022R1F1A1064231).

REFERENCES

- [1] D. H. Shin, K. Chung, and R. C. Park, "Detection of Emotion Using Multi-Block Deep Learning in a Self-Management Interview App," *Appli. Sci.*, vol. 9, no. 22, pp. 4830-4845, Nov. 2019.
- [2] C. M. Kim, E. Hong, K. Chung, R. Park, "Health Risk Detection and Classification Model Using Multi-Model-Based Image Channel Expansion and Visual Pattern Standardization," *Appli. Sci.*, Vol. 11, No. 8, pp. 8621-8620, Sep. 2021.

- [3] C. M. Kim, K. Chung, R. Park, "Anomaly detection model of mammography using YOLOv4-based histogram," Pers. Ubiquitous Comput., July 2021, Doi: <https://doi.org/10.1007/s00779-021-01598-1>.
- [4] C. M. Kim, E. Hong, R. Park, "Chest X-Ray Outlier Detection Model Using Dimension Reduction and Edge Detection," IEEE Access, Vol. 9, pp. 86096-86106, Jun., 2021.
- [5] C. M. Kim, E. Hong, R. Park, "Breast Mass Classification using the eLFA Algorithm based on CRNN Deep Learning Model," IEEE Access, Vol. 197312-197323, Oct., 2020.
- [6] C. M. Kim, E. Hong, K. Chung, R. Park, "Line-Segment Feature Analysis Algorithm Using Input Dimensionality Reduction for Handwritten Text Recognition," Appl. Sci., Vol. 10, No. 19, pp. 6904-6921. Oct. 2020.
- [7] H. Yoo, S. Y. Han, K. Y. Chung, "A Frequency Pattern Mining Model Based on Deep Neural Network for Real-Time Classification of Heart Conditions," Healthcare, vol. 8, Issue 3, pp.234-252, July, 2020.
- [8] J. W. Baek, K. Chung, "Context Deep Neural Network Model for Predicting Depression Risk Using Multiple Regression," IEEE Access, vol. 8, pp. 18171-18181, Jan. 2020.
- [9] J. C. Kim, K. Chung, "Multi-Modal Stacked Denoising Autoencoder for Handling Missing Data in Healthcare Big Data," IEEE Access, vol. 8, pp.104933-104943, May, 2020.
- [10] C. M. Kim, E. Hong, K. Chung, R. Park, "Driver Facial Expression Analysis Using LFA-CRNN-Based Feature Extraction for Health-Risk Decisions," Appl. Sci., vol. 10, pp. 2956-2974, Apr. 2020.
- [11] J. C. Kim, K. Chung, "Hybrid Multi-Modal Deep Learning using Collaborative Concat Layer in Health Bigdata," IEEE Access, vol. 8, pp.192469-192480, Oct. 2020.

저자소개

박 준 영 (June-Young Park)



2022년 8월 : 상지대학교
정보통신소프트웨어공학과(공학사)
2022년 9월~현재 : 아주대학교
융합의과학과 디지털헬스케어
전공
관심분야 : 의료인공지능, 딥러닝

김 창 민 (Chang-Min Kim)



2014년 2월 : 상지대학교
컴퓨터정보공학부(학사)
2016년 2월 : 상지대학교
컴퓨터공학과(석사)
2021년 8월 : 상지대학교
컴퓨터공학과(박사)
관심분야 : 영상처리,
프로그래밍언어, 데이터베이스, 인공지능, 머신러닝

박 찬 흥 (Roy C. Park)



2008년 8월 : 상지대학교 산업공학과
(공학사)
2010년 8월 : 상지대학교 컴퓨터정보
공학과 (공학석사)
2015년 2월 : 상지대학교
컴퓨터정보공학과 (공학박사)
2015년 3월 ~ 2019년 2월 :
동서대학교 컴퓨터공학부 교수
2019년 3월 ~ 현재 : 상지대학교 정보통신소프트웨어
공학과 교수
관심분야 : 클라우드, 빅데이터, 헬스케어, 의료인공지능,
HCI, 정보검색, 추천 시스템