

02

뇌 영상 분석 및 뇌종양 진단 학습 모델 개발

소속 정보컴퓨터공학부

분과 A

팀명 보노보노

참여학생 이섬재, 최연희, 한혜린

지도교수 김진규

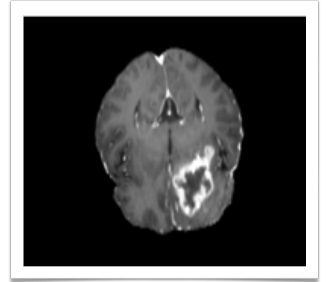
과제 소개

과제 개요

- ☑ 교모세포종은 성인에게서 발생하는 원발성 악성 뇌종양 중 가장 흔하고 악성도가 높은 질환이다.
- ☑ DNA 손상을 복구하는 유전자인 O^6 - methylguanine - DNAmethyltransferase(MGMT)의 프로모터에 메틸화가 되어 있는 환자가 비메틸화된 종양의 환자보다 생존율이 더욱 높다.
- ☑ 영상화를 통한 암의 유전적 특징을 예측한다.

과제 목표

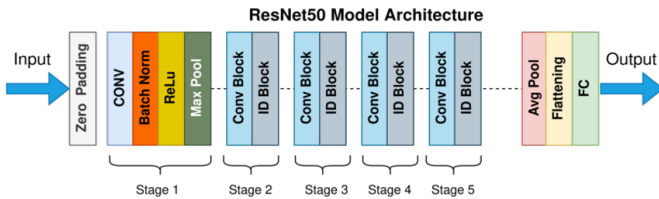
- ☑ 뇌 MRI 영상 데이터를 통해 MGMT 프로모터 메틸화 여부를 예측하는 딥러닝 모델 개발하기
- ☑ 데이터 수집, 전처리, 모델 설계 및 학습, 검증 및 시각화, 결과 예측까지 딥러닝 전체 프로세스 경험하기



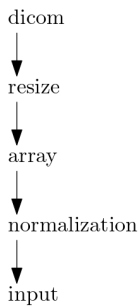
딥러닝 모델 개발

전처리 및 모델 학습

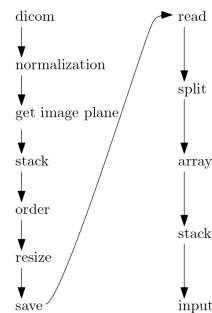
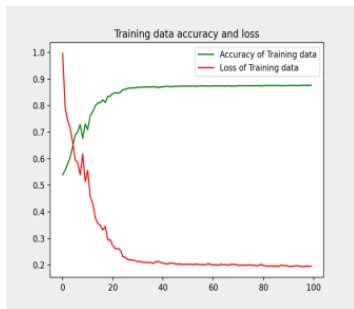
- ☑ MRI 영상 데이터는 Radiological Society of North America 으로부터 제공받았으며, 총 585명의 환자 데이터를 사용하였다.
- ☑ 각 데이터는 FLAIR, T1w, T1wCE, T2w 타입으로 촬영되었다.
- ☑ 2D 모델 및 3D 모델의 전체 계층 구조는 ResNet50 모델을 사용하였다.



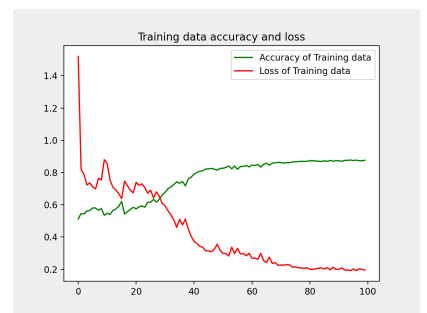
ResNet50 Model



2D 전처리 및 2D 모델 학습



3D 전처리 및 3D 모델 학습

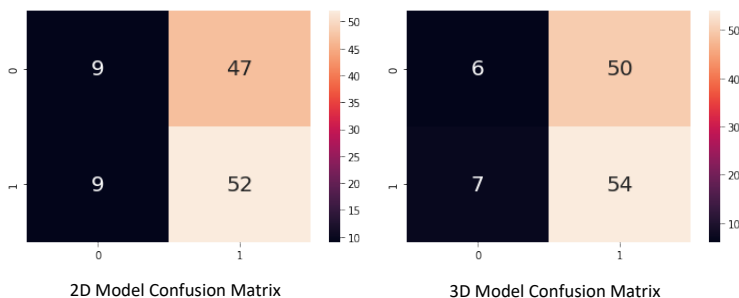


- ☑ 2D dicom 파일을 읽어 크기를 축소하고 배열화 한 후 정규화하여 사용했다.
- ☑ 3D dicom 파일을 읽어 정규화하고 이미지가 촬영된 축과 방향을 읽어 2D 이미지를 3D로 쌓아 정렬한 후 축소했다. 이후 3D 이미지를 나누어 배열화하고 그 배열을 쌓아 사용했다.

교차 검증 및 시각화

- ☑ 데이터의 편종을 막기 위해 StratifiedKFold를 이용하여 교차 검증을 진행했다.
- ☑ 전체 데이터 중 학습 데이터 세트와 검증 데이터 세트를 8:2 비율로 나누고, 학습 데이터 세트를 5개의 fold로 나누어 진행했다.
- ☑ 학습을 통한 예측 성능을 측정하여 예측 Value와 실제 Value를 비교하기 위해 Confusion Matrix를 이용하여 시각화하였다.
- ☑ 교차 검증을 진행함과 동시에 각 fold가 학습될 때마다 fold 별 Confusion Matrix를 출력했다.

과제 결과



2D Model Confusion Matrix

3D Model Confusion Matrix

- ☑ 2D 모델과 3D 모델 모두 MGMT 프로모터가 메틸화되었다고 예측한 비율이 높았다. (MGMT_Value = 1)
- ☑ 원본 데이터와 MGMT_Value 사이의 관계가 모호하였고, 원본 데이터가 과도하게 압축되어 정확도가 높지 않았다.
- ☑ 데이터 전처리 과정에서 데이터의 비율 일그러짐이 학습에 미치는 영향을 분석하고, 데이터 압축 폭을 줄여 전처리를 진행한다면 더욱 향상된 결과치를 확인할 수 있을 것으로 전망된다.

Model	Accuracy	Precision	Recall	F1 Score	AUC
2D Model	0.521	0.525	0.852	0.650	0.506
3D Model	0.512	0.519	0.885	0.654	0.496