

석사학위논문

# 준지도학습 기반 병리 이미지 내 세포 검출

Cell detection with semi-supervised learning on pathological tissue images

제 출 자 : 안 희 영

지도교수 : 황 창 하

2022

데이터지식서비스공학과

데이터사이언스전공

단국대학교 대학원

# 준지도학습 기반 병리 이미지 내 세포 검출

Cell detection with semi-supervised learning on pathological tissue images

이 논문을 석사학위논문으로 제출함

2022 년도 07월

단국대학교 대학원  
데이터지식서비스공학과  
데이터사이언스전공

안희영

안희영의 석사학위 논문을  
합격으로 판정함

심 사 일 : 2022. 05. 30.

심사 위원장                  서   응   교                  인

심 사 위 원                  최 상 일                  인

심 사 위 원                  황 창 하                  인

단국대학교 대학원

(국문초록)

## 준지도학습 기반 병리 이미지 내 세포 검출

단국대학교 대학원 데이터지식서비스공학과  
데이터사이언스전공  
안희영  
지도교수 : 황창하

최근 몇 년간 딥러닝의 급격한 발전에 힘입어 의료 영상 분야에서 의사를 보조하는 AI의 가능성이 대두되었다. 특히 디지털 병리학 분야에서 AI를 적용함으로써 진단 시간과 비용을 줄이고자 하는 시도가 많이 시행되고 있다. 그러나 데이터에 정답을 부여하는 작업의 비용이 매우 비싸고 이에 따라 양질의 많은 데이터를 확보하기 어려운 문제점이 있다. 본 논문에서는 이러한 문제점을 해결하기 위한 방법 중 하나로 정답이 없는 데이터를 활용한 준지도학습 기반의 세포 검출 알고리즘을 제안한다. 제안하는 알고리즘은 병리 이미지 내 정답이 없는 방대한 이미지 데이터를 손쉽게 추출하여 사용함으로써 기존의 지도학습 방법보다 양성, 음성 세포에 대해 각각 F1 score 기준 1.68, 2.48 만큼 향상된 수치를 보였다.

주제어: cell detection, semi-supervised learning, unlabeled data, digital pathology

## 목 차

국문초록 .....	i
목 차 .....	ii
List of Tables .....	iv
List of Figures .....	v
I. 서론 .....	1
II. 관련연구 .....	3
2.1 세포 검출 .....	3
2.2 준지도학습 .....	3
III. 본론 .....	5
3.1 정답 없는 데이터 수집 .....	6
3.2 세포 검출 알고리즘 .....	9
1) 지도학습 구조 .....	11
2) 준지도학습 구조 .....	11
3) 예측값 후처리 .....	13
IV. 실험 및 결과 .....	14
4.1 실험 환경 및 훈련 세부사항 .....	14
4.2 데이터 셋 구성 .....	14
4.3 평가 지표 .....	16
4.4 실험 및 결과 .....	17
V. 결론 .....	19

참고문헌 .....	20
Abstract .....	21
감사의 글 .....	22

## List of Tables

Table 4-1 Dataset .....	16
Table 4-2 Result .....	17

## List of Figures

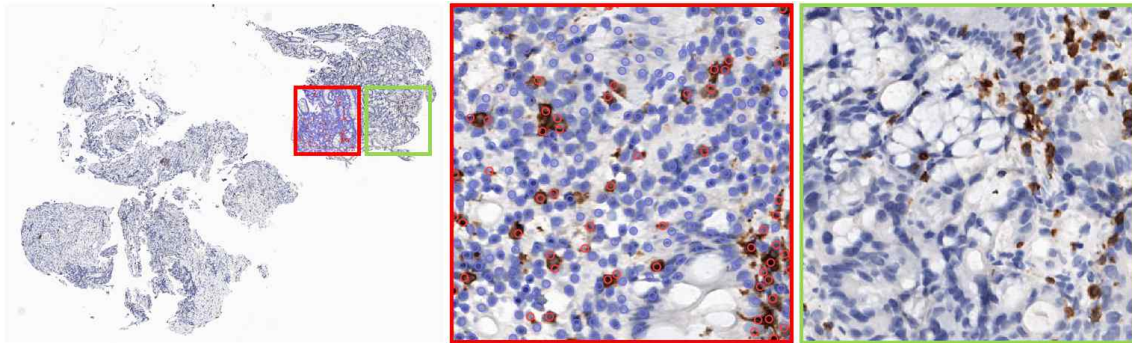
Figure 1-1 Dataset Visualization .....	2
Figure 3-1 Overall Architecture .....	5
Figure 3-2 Whole-Slide-Image (WSI) 와 Labeled & Unlabeled region .....	7
Figure 3-3 Labeled region & Unlabeled region .....	7
Figure 3-4 Unet .....	8
Figure 3-5 Unet++ .....	10
Figure 3-6 Pipeline for semi-supervised learning .....	10
Figure 4-1 마스크 생성 방법 .....	15
Figure 4-2 Test ROI 1 Prediction Result .....	18
Figure 4-3 Test ROI 2 Prediction Result .....	18



# I. 서론

최근 컴퓨터 비전 분야에서 딥러닝의 급격한 발전과 함께 의사를 보조할수 있는 자동화 알고리즘의 가능성이 연구자들의 관심을 끌고 있다. 특히 병리 슬라이드로부터 얻어진 whole-slide-image (WSI)를 이용하여 병리학자들이 시각적 평가를 수행하는 디지털 병리학 분야에서 딥러닝 알고리즘을 통해 진단 비용을 줄일 것으로 기대되고 있다. 이러한 시도 중 하나로 지난 몇 년간 병리 조직 이미지로부터 세포를 검출하는 알고리즘이 개발되어 왔다. 이러한 알고리즘 개발을 위해 일반적으로 머신러닝의 여러 학습 방법 중 지도학습 방법이 사용되는데 이를 위해서는 잘 어노테이션 된 데이터가 필수적이다. 즉, 머신러닝, 딥러닝 알고리즘의 성능을 결정하는 핵심 요인은 많은 양의 양질의 데이터를 확보하는가에 달려있다. 그러나 데이터에 정답을 부여하는 작업은 매우 힘들고 많은 비용이 소모되며 이에 따라 양질의 데이터를 얻는 것이 어렵다. 이러한 데이터 부족 상태를 해결하기 위한 방법으로 여러 가지 방법이 시도되어왔다. 예를들어 딥러닝 네트워크의 개선, 이미지 증강, 정답이 없는 데이터의 활용 등 데이터의 효율성을 극대화 하기 위한 방법들이 계속해서 등장하고 있다. 본 논문에서는 이중 병리 조직 이미지로부터 쉽게 얻을 수 있는, 정답 없는 데이터를 활용할 수 있는 준지도학습 방법 알고리즘을 제시한다.

WSI는 기본적으로 다양한 염색법이 있으며 대표적으로 보라색, 파란색 계열로 염색하는 Hematoxylin & Eosin 염색 방법이 많이 쓰인다. 이 외에 Cytokeratin, LCA, CD8, PD-L1 등 다양한 염색 방법이 존재하는데 특히 CD8 염색방법은 CD8 양성 세포를 염갈색으로 염색하며 이러한 양성 세포가 많을수록 그 환자에 대한 예후가 좋지 않은 것으로 알려져 있다. 이러한 세포를 예측하기 위해 데이터를 만드는 과정으로서 figure 1-1에서 볼 수 있듯이 빨간색 박스(ROI)를 정한 뒤 그 안의 양성 세포(갈색 부분)와 음성 세포(파란색 부분)를 이미지 분석 프로그램을 통해 점을 찍어서 Annotation을 실시한다. 이 과정에서 정답이 없는 영역인 초록색 박스 부분은 데이터로서 활용되지 않는다. WSI의 스캔 특성상 병리 조직 이미지는 매우 방대한 사이즈를 가지며 이러한 이유로 대량의 Unlabeled Data를 손쉽게 추출할 수 있다. 본 논문



**Figure 1-1** Dataset Visualization.

From left to right, WSI, Labeled region, Unlabeled region

에서는 이러한 부분들로부터 쉽게 정답이 없는 데이터를 추출하여 준지도학습 방법을 적용함으로써 세포 검출 알고리즘의 성능을 향상시킬 수 있음을 보인다.

## II. 관련 연구

### 2.1 세포 검출

세포 검출에서는 기존의 물체 검출 알고리즘보다 주로 더 성능이 좋다고 알려진 이미지 세그멘테이션 방식을 적용한다 [1], [2]. 세포의 위치에 점을 찍은 정답을 이용하여 가우시안 커널 연산을 통해 중심의 값이 높고 점점 낮은 값을 갖는 정답 마스크를 생성한 후 예측하는 방식을 적용한다. 이를 통해 나온 예측맵을 통해 세포의 개수를 셀 수 있는 2가지 방식이 있는데 첫 번째는 세포 1개에 대응되는 정답 마스크의 픽셀 합이 1인점을 이용하여 예측맵을 다 더해 세포의 개수를 세는 방식이다. 두 번째는 Local Maxima 함수를 이용하여 세포의 위치에 대응되는 값을 추출하여 세포의 위치 좌표를 추출해낸 후 개수를 셀 수 있는 방법이다. 물체를 검출한다는 관점에 있어서 후자가 더 합리적인 방법으로 채택되고 있다.

### 2.2 준지도학습

준지도학습은 정답이 있는 데이터와 정답이 없는 데이터를 같이 학습에 활용하는 머신러닝의 학습 방법 중 하나다. 일반적으로 준지도학습은 크게 2가지로 분류된다. 하나는 예측된 가짜 정답에 근거한 방법이고 [3], [4] 다른 것은 일관성 기반의 준지도학습 [5], [6]이며 보통 후자가 전자에 비해 조금 더 정확한 성능을 내는 것으로 알려져 있다. 이에 따라 본 논문에서도 일관성 기반의 준지도학습 방법을 적용한 알고리즘을 소개한다. 일관성 기반의 준지도학습이란 정답이 없는 이미지에 대해 교란을 시킨 예측값들 사이에 일관성을 강제시키는 학습방법이다. 여기서 교란에는 여러 가지 종류가 있는데 입력 이미지에 대한 증강 기법이나 네트워크에 교란을 시키는 방법 등이 있다. 이미지 증강 기법의 방법은 입력 이미지에 서로 다른 증강

기법을 적용시킨 뒤 그 이미지들 사이의 일관성을 강제시키는 방법이다. 네트워크에 교란을 시키는 방법은 서로 다른 초깃값을 갖는 몇 개의 네트워크에 대해 입력 이미지를 통과시킨 출력값들 사이의 일관성을 강제시키는 방법이다. 여기서 일관성을 강제시키는 방법으로는 예측값들 사이의 거리를 최소화하는 방법을 사용하며 대표적으로 L1, L2, Jensen-Shannon Divergence (JSD), Kullback-Leibler Divergence (KLD), 거리를 사용한다.

### III. 본 론

Figure 3-1은 제안하는 알고리즘의 전반적 구조를 보여준다. 학습은 크게 2가지 (지도학습, 준지도학습) 구조로 나뉜다. 지도학습과 준지도학습 공통적으로 인풋 이미지는 CD8 염색된 일반적인 RGB 패치 이미지이며 256 x 256의 크기로 설정하였다. 딥러닝 네트워크로는 Unet을 개선시켰으며 이미지 세그멘테이션 분야에서 좋은 성능을 보이는 Unet++ (주석) 모델을 사용하였다. 예측 결과로서 얻은 아웃풋의 채널은 양성, 음성 2개의 세포를 예측하기 위해 2개로 설정하였다. 그 다음 예측값과 정답 사이의 MSE Loss를 적용함으로써 가중치를 업데이트 한다. 최종적으로 학습 결과로 나온 아웃풋 맵에 후처리를 진행함으로써 양성, 음성 세포를 검출해낸다.

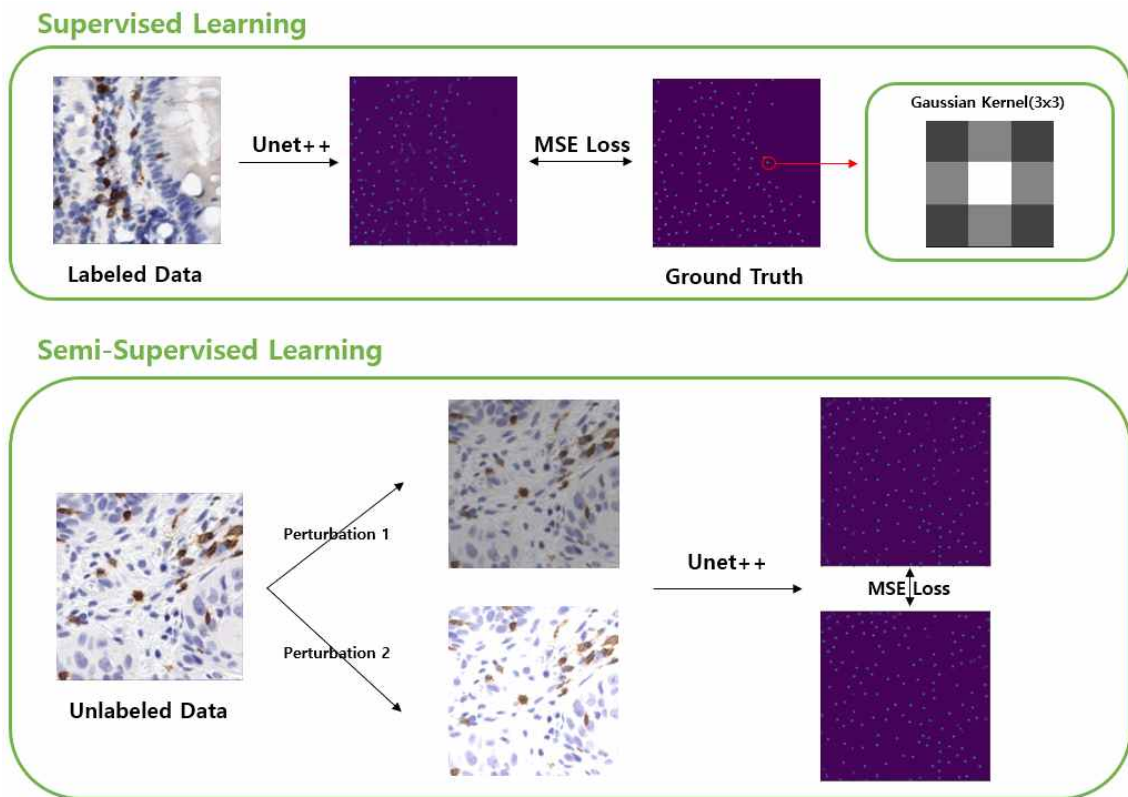
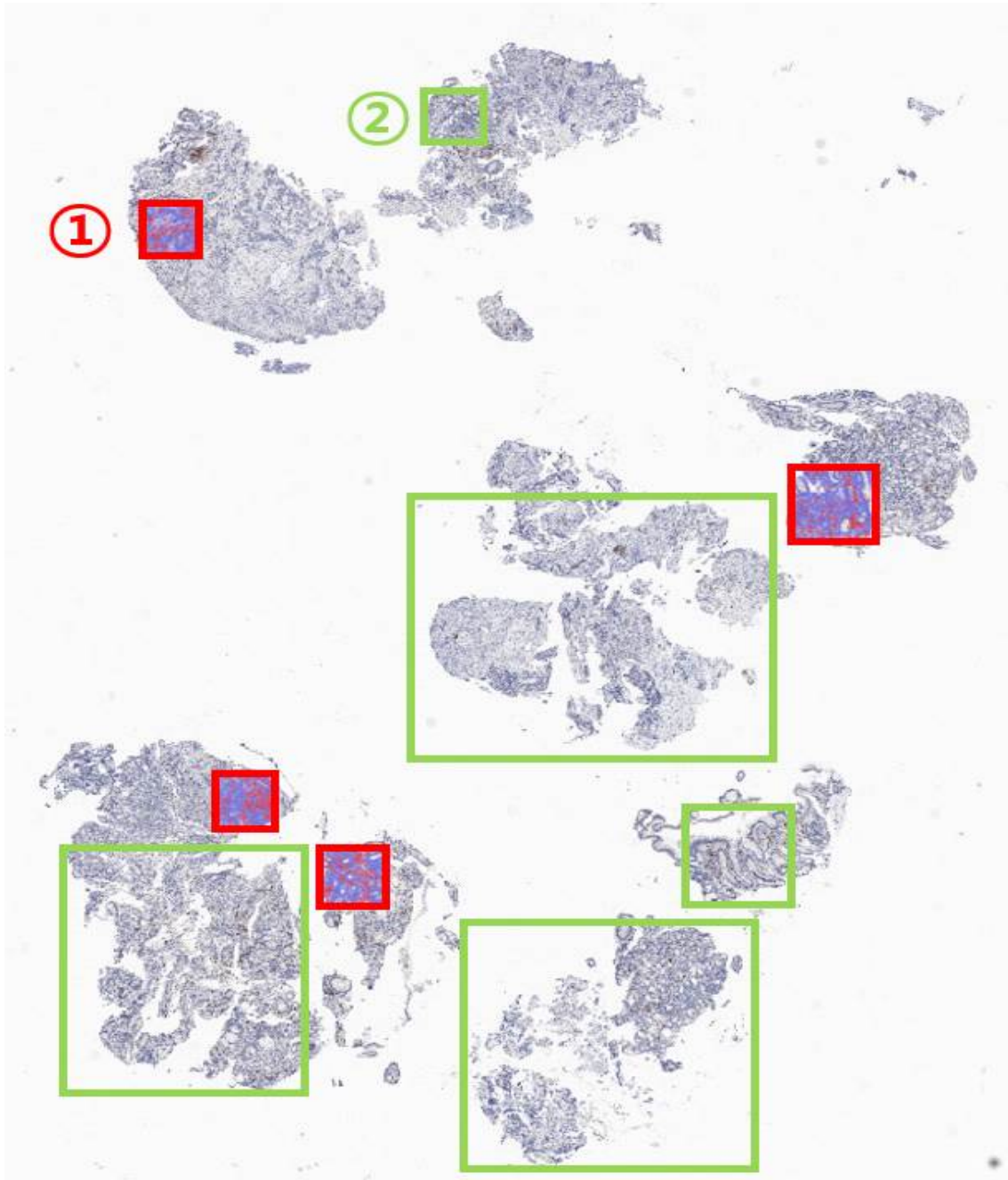


Figure 3-1 Overall Architecture

### 3.1 정답 없는 데이터 수집

학습에 쓰인 모든 WSI는 20x 배율에서 스캔된 이미지이며 가로, 세로 약 40000~50000 pixel의 크기를 갖는다. 모든 annotation 작업은 의료 이미지 처리 목적으로 주로 쓰이는 Qupath 프로그램을 이용하였다. 먼저 지도학습을 위한 데이터 수집을 위해서 전문 병리의사들에 의해 Figure 3-2 에서 보이는바와 같이 빨간색 박스 (ROI) 가 선정되었으며 Figure 3-3의 빨간색 박스에서 보이는 바와 같이 양성 세포면 빨간색, 음성 세포면 초록색으로 점을 찍어주었다. 다음으로 준지도학습을 위한 정답이 없는 데이터를 수집하기 위해 추가적으로 Figure 3-2의 초록색 박스처럼 염색 손상이 되지 않은 영역들에 대해 필자가 무작위로 박스를 그려주었다.



**Figure 3-2** Whole-Slide-Image (WSI) 와 Labeled & Unlabeled region  
(전체 이미지 : WSI, red box : Labeled region, green box : Unlabeled region)

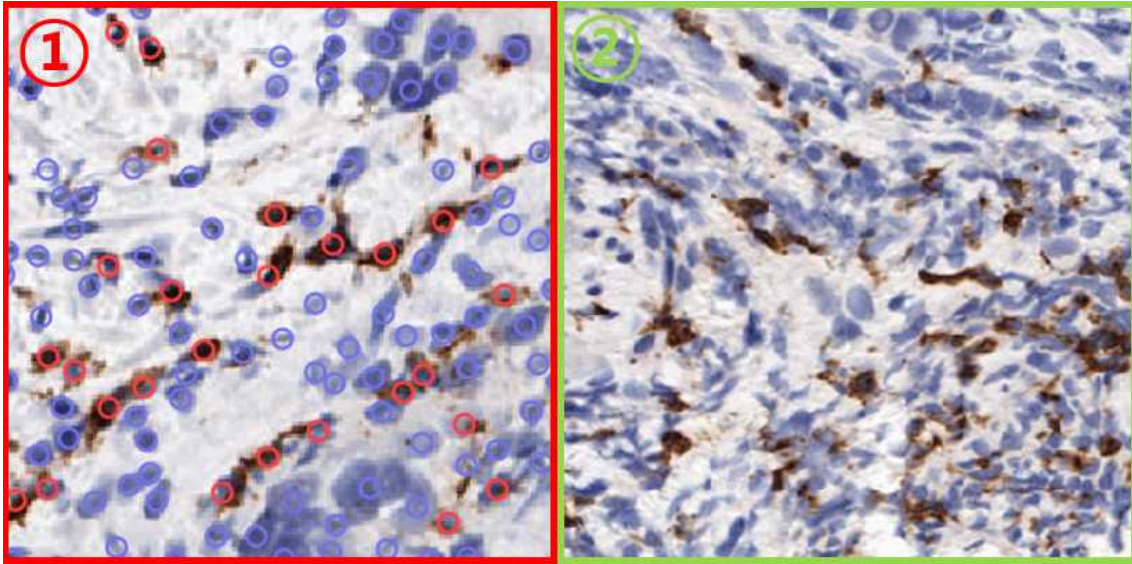


Figure 3-3 Labeled region & Unlabeled region



## 3.2 세포 검출 알고리즘

세포 검출을 위한 기본적인 네트워크로써 Unet (Figure 3-4) [7]을 좀 더 개선시켰으며 이미지 세그멘테이션 분야에서 뛰어난 성능을 보이는 Unet++ (Figure 3-5) [8] 네트워크를 사용하였다. 먼저 Unet은 Contracting Path와 Expanding Path로 나뉜다. Contracting Path는 큰 입력 이미지로부터 의미(Context)있는 정보를 추출하는 부분이다. 입력 이미지를 2배 다운샘플링하는 과정을 총 4번 실시한다. Expanding Path는 축소된 특징맵을 다시 2배씩 업샘플링 해주는데 이 과정에서 Contracting Path에서 생성된 유의미한 특징맵을 합쳐줌으로써 조금 더 원본 이미지의 의미가 함축된 이미지를 생성한다.

Unet++은 Unet과 크게 2가지 차이점이 있다. 첫 번째는 Re-designed skip pathways, 두 번째는 Deep Supervision 이다. Re-designed skip pathways는 Figure 3-5에서 볼 수 있듯이 초록색 동그라미와 파란 점선에서 나타난다. 즉, 기존 Unet은  $X_{0,0}$ 에서  $X_{0,4}$ 로 가는데 특징 맵간의 합쳐지는 과정이 단 한번만 있었다면, Unet++에서는 중간 피쳐들을 반복적으로 업샘플링하여(예를 들면,  $X_{1,0}$ 을 업샘플링한 후  $X_{0,0}$ 과 합침) 합쳐줌으로써 조금 더 Semantic Gap을 줄일 수 있다. Deep Supervision은 Unet++의 각 semantic level의 결과물( $X_{0,1}$ ,  $X_{0,2}$ ,  $X_{0,3}$ ,  $X_{0,4}$ )을 평균냄으로써 모두 활용하는 방법이다.

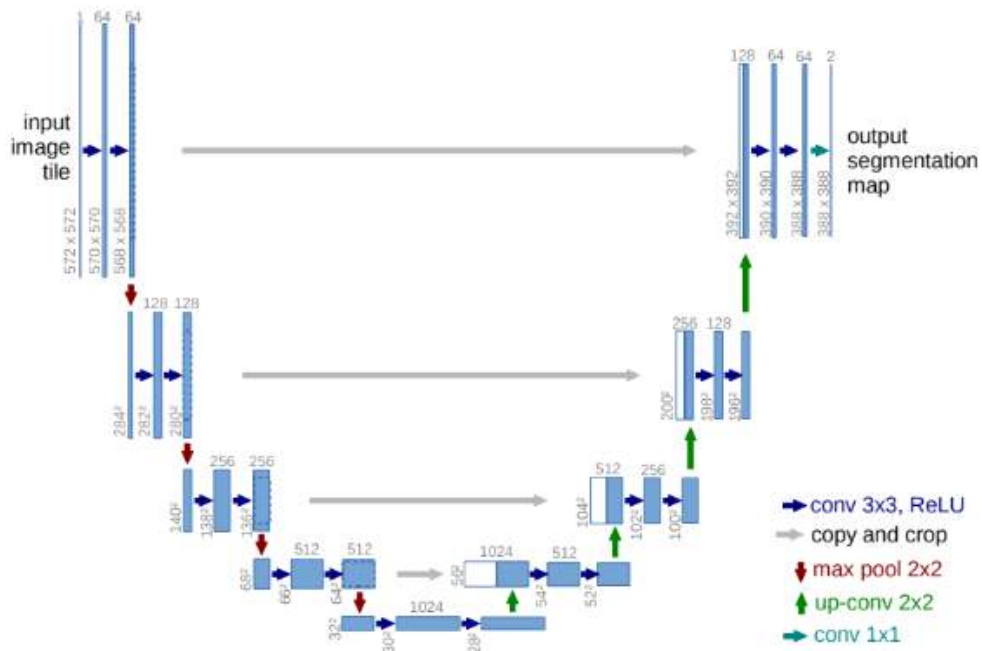


Figure 3-4 Unet

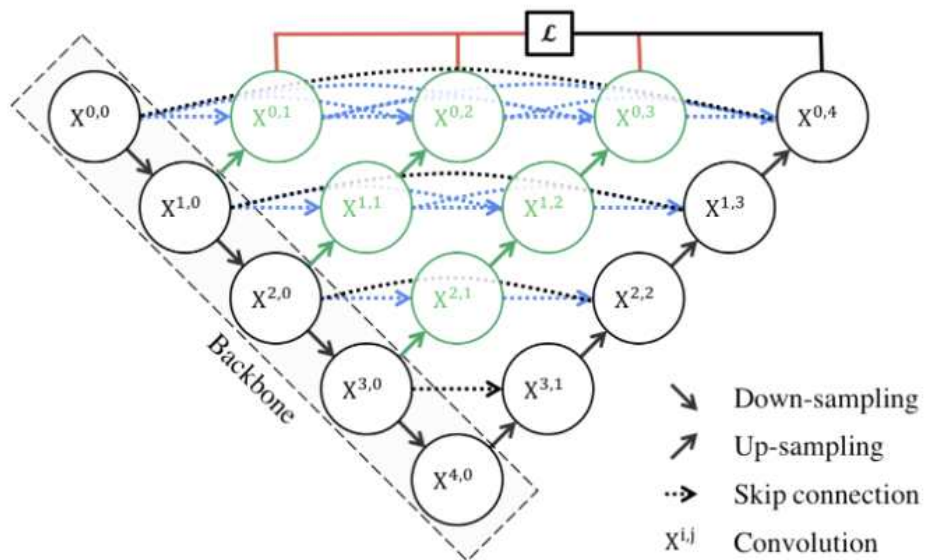


Figure 3-5 Unet++

### 3.2.1 지도 학습 구조

지도 학습을 위해서 학습용 인풋 이미지를 Unet++를 통과시켜서 얻은 아웃풋 예측값을 정답과 MSE Loss를 취해서 가중치를 업데이트 한다. 수식 (1)은 MSE Loss를 나타내는 수식이다. N은 전체 학습용 배치의 수를 의미하며  $y_i$ 는 정답맵,  $\hat{y}_i$ 는 예측맵을 의미한다.

$$L_{sup} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (y^{groundtruth} - y^{prediction})^2 \quad (1)$$

### 3.2.2 준지도학습 구조

본 논문에서 제안하는 방법은 준지도학습 방법 중 하나인 일관성 학습을 사용한다. 일관성 학습은 인풋 이미지에 서로 다른 이미지 증강기법을 적용해준 이미지 사이에 같게끔 하는, 즉 일관성을 가지도록 하는 학습 기법이며 수식으로는 (2)로 표현할 수 있다. 일관성을 가지도록 하기 위해 두 이미지 사이의 거리를 최소화하는 함수 d를 설정하는데 d로 쓰이는 함수는 대표적으로 L1, L2, JSD, KLD 등이 있다. 본 논문에서는 대표적으로 쓰이는 L2(MSE) Loss를 사용하였다. 이미지 증강 기법으로 gaussian blur, gaussian noise, colorjitter, scale, shift, flip을 사용하였다. flip의 경우 2개 이미지 각각에 대하여 horizontal, vertical flip을 적용하였으며 그 결과 아웃풋 값을 서로 MSE Loss를 취해주기 전 다시 원본 이미지로 복원하였다. 마지막으로 [4]을 참고하여 이미지 세그멘테이션 분야에서 준지도학습이 강력한 효과를 발휘하는 cutmix를 적용하였다. 준지도학습에 대한 전체적인 구조는 Figure 3-6과 같다.

$$L_{semi} = \sum_{k=1}^N d(f(x_k^{perturbed1}), f(x_k^{perturbed2})) \quad (2)$$

위에서 설명한 2개의 목적함수를 통한 최종 목적함수는 (3)과 같다.

$$L = L_{sup} + wL_{semi} \quad (3)$$

$w$ 는 준지도학습의 손실함수를 조절하는 가중치값으로 0과 1사이 값을 가지며 총 100에폭의 훈련동안 10에폭 당 0.1씩 증가하도록 설정하였다. 즉, 훈련 초기에는 준지도학습을 진행하지 않고 지도학습만을 진행하여 모델이 정답을 학습하도록 훈련 시키며 점진적으로 정답이 없는 데이터를 활용하도록 진행하였다.

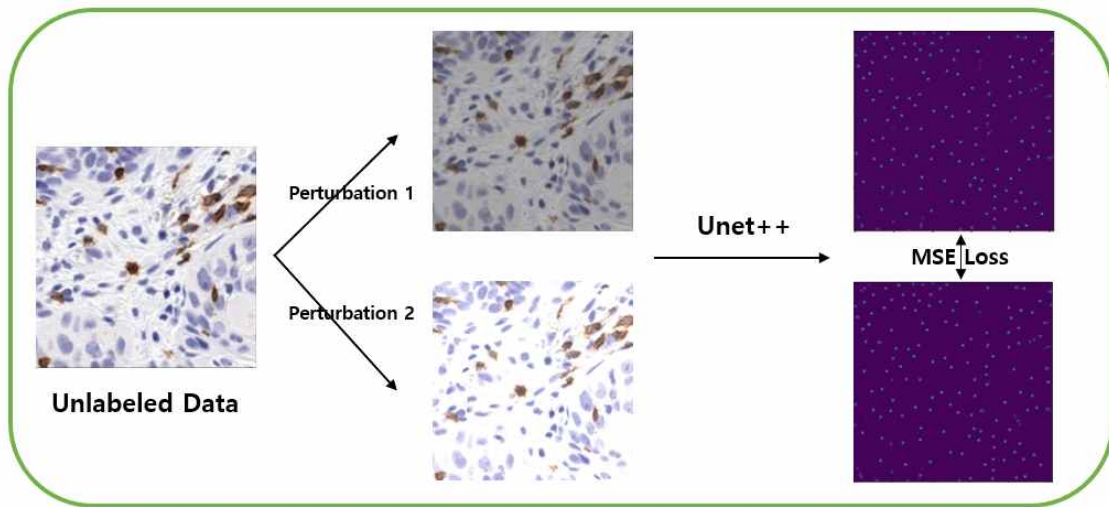


Figure 3-6 Pipeline for semi-supervised learning

### 3.2.3 예측값 후처리

예측맵에서 최종적으로 양성, 음성 세포를 검출해 내기 위한 후처리 작업으로 Local Maxima 함수를 사용하였다. Local Maxima 함수는 원본 이미지와 팽창된 이미지를 서로 비교함으로써 이미지 내 지역별로 일정 임계값을 넘는 최댓값들을 추출하는 함수이다. 출력값을 0~255 사이 값으로 변환한 후 함수의 인자로 쓰이는 임계값을 F1 score가 최대가 되는 수치인 50으로 설정하였으며, 세포간 일정 간격을 두고 검출할 수 있도록 설정하는 인자인 거리 인자는 5로 설정하였다. 즉, 예측된 세포의 상하좌우 5 pixel 이내에는 또 다른 예측된 세포가 검출되지 않도록 설정하였다.

## IV. 실험 및 결과

### 4-1. 실험 환경 및 훈련 세부사항

딥러닝 훈련을 위한 프레임워크로 pytorch library를 활용하였다. Ubuntu 20.04.4 환경에서 실험하였으며 그래픽카드 NVIDIA RTX A5000을 사용하였다. 옵티마이저는 RAdam을 사용하였으며 초기 학습률은 0.001로 설정하였다. 스케줄러로 cosine 스케줄러를 사용하였으며 총 100에폭의 학습동안 학습률이 0으로 수렴하도록 설정하였다.

### 4-2. 데이터셋 구성

Table 4-1은 전체 데이터셋과 훈련, 테스트의 비율을 보여준다. 총 20x 배율에서 스캔된 40개의 WSI를 활용하였으며 35개를 학습, 5개를 테스트에 활용하였다. 라벨링된 ROI는 137개이며 준지도학습을 위해 필자가 직접 그린 ROI는 280개이다. 모든 ROI에 대해 128 pixel 간격의 윈도우를 스트라이딩 하며 256 x 256 크기의 패치를 잘라내 학습용 패치 데이터를 형성하였다. Figure 4-1은 정답이 있는 패치 이미지에 대한 정답 마스크를 생성하는 방법을 보여준다. 정답이 있는 패치데이터에 대한 정답 마스크를 생성하기 위해 1의 값을 갖는 점 좌표에 3 x 3 크기의 가우시안 커널을 연산해줌으로써 중앙이 가장 큰 값을 갖고 점점 낮은 값을 갖는 마스크를 생성해주었다.

	WSI	Labeled ROI	Unlabeled ROI	Labeled Patch	Unlabeled Patch
Total	40	137	280	15533	34318
Train	35	118	280	13344	34318
Test	5	19	-	2189	-

Table 4-1 Dataset

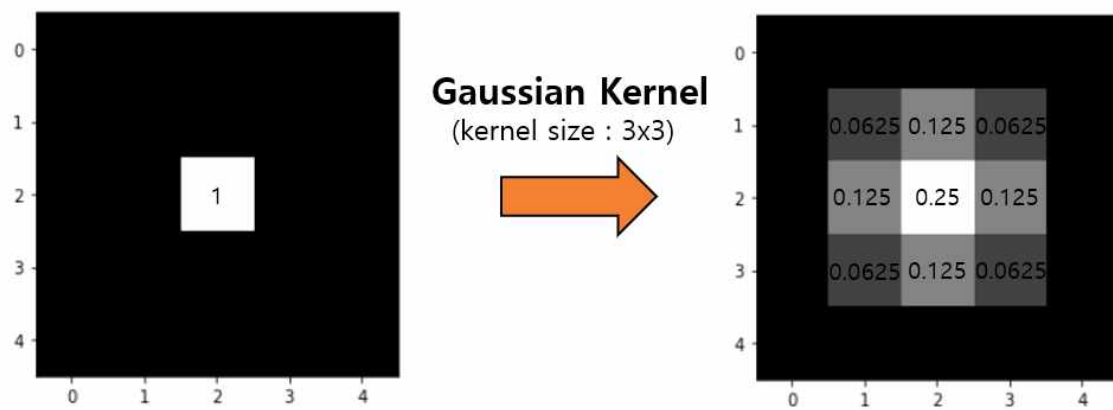


Figure 4-1 Mask 생성 방법

### 4-3. 평가 지표

제안하는 준지도학습 방법의 딥러닝 네트워크를 평가하기 위한 지표로 F1 score를 사용하였다. 양성, 음성 채널에 대해 각각 정답 세포의 좌표와 예측된 세포의 좌표의 유클리디안 거리가 7이내면 True Positive (TP)로 간주하였다. 정답 세포의 좌표를 기준으로 유클리디안 거리 7이내에 예측된 세포가 없으면 False Negative (FN), 예측된 세포의 좌표를 기준으로 유클리디안 거리 7이내에 정답 세포가 없으면 False Positive (FP)로 간주하였다. 하나의 정답 세포에 대해 여러 개의 예측된 세포가 있을 경우, 예측된 세포 모두 TP로 간주되는 문제를 제거하기 위해서 하나의 정답 세포에 대응되는 하나의 예측 세포만 TP로 간주하였고 나머지는 FP로 처리하였다. 계산된 TP, FP, FN을 이용하여 식 (4)와 같이 Precision, Recall, F1-score를 계산한다. 마지막으로 하나의 좌표에 대해서 양성, 음성세포 모두 검출되는 문제를 방지하기 위해 Object Detection 분야에서 후처리로 쓰이는 Non-Maximum Suppression (NMS)의 방식을 차용하였다. 즉, 예측된 모든 세포를 각각의 예측값을 기준으로 내림차순 정렬 후, 제일 큰 값을 갖는 세포를 기준으로 유클리디안 거리가 5이내에 있는 세포들을 제거한 후 그 제일 큰 값의 좌표를 최종 리스트에 추가해주었다. 그 다음으로 큰 예측값을 갖는 세포에 대해 같은 방식을 적용해주고 세포가 하나도 남지 않을때까지 진행하였다.

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP}$$

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (4)$$

$$F1 - score = \frac{2 \times Precision \times Recall}{Precision + Recall}$$



#### 4-4. 실험 및 결과

Test data는 19개의 Labeled ROI에 제안한 알고리즘의 평가를 실시하였다. 19개 ROI에 대해 각각 TP, FP, FN을 구한 후 다 더해준 값으로 F1 score를 계산하였다. ROI의 평균 높이, 너비값은 각각 1652, 2010 값을 갖으며 평균 음성, 양성 세포는 3050, 2011 값을 갖는다. Table 4-2는 지도학습과 준지도학습간의 성능 차이를 보여 준다. Recall 기준 음성, 양성 세포에 대해 준지도학습이 지도학습에 비해 1.41, 2.21 더 높은 수치를 기록하였다. Precision 기준 음성, 양성 세포에 대해 준지도학습이 지도학습에 비해 1.9, 2.73 더 높은 수치를 기록하였다. F1 score 기준 음성, 양성 세포에 대해 준지도학습이 지도학습에 비해 1.68, 2.48 더 높은 수치를 기록하였다.

Test ROI	Method	Recall	Precision	F1 score
19	Supervised Learning	Neg : 96.11 Pos : 87.64	Neg : 87.55 Pos : 86.23	Neg : 91.63 Pos : 86.92
	semi-supervised Learning	Neg : <b>97.52 (↑ 1.41)</b> Pos : <b>89.85 (↑ 2.21)</b>	Neg : <b>89.46 (↑ 1.9)</b> Pos : <b>88.97 (↑ 2.73)</b>	Neg : <b>93.31 (↑ 1.68)</b> Pos : <b>89.40 (↑ 2.48)</b>

Table 4-2 Result

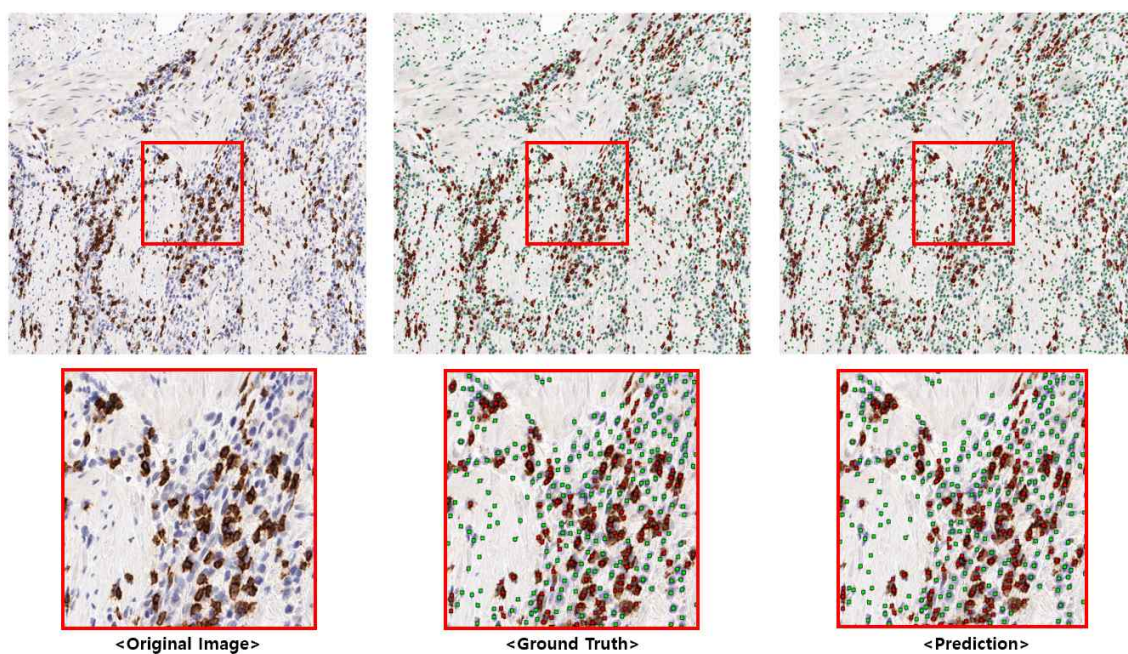


Figure 4-2 Test ROI 1 Prediction Result

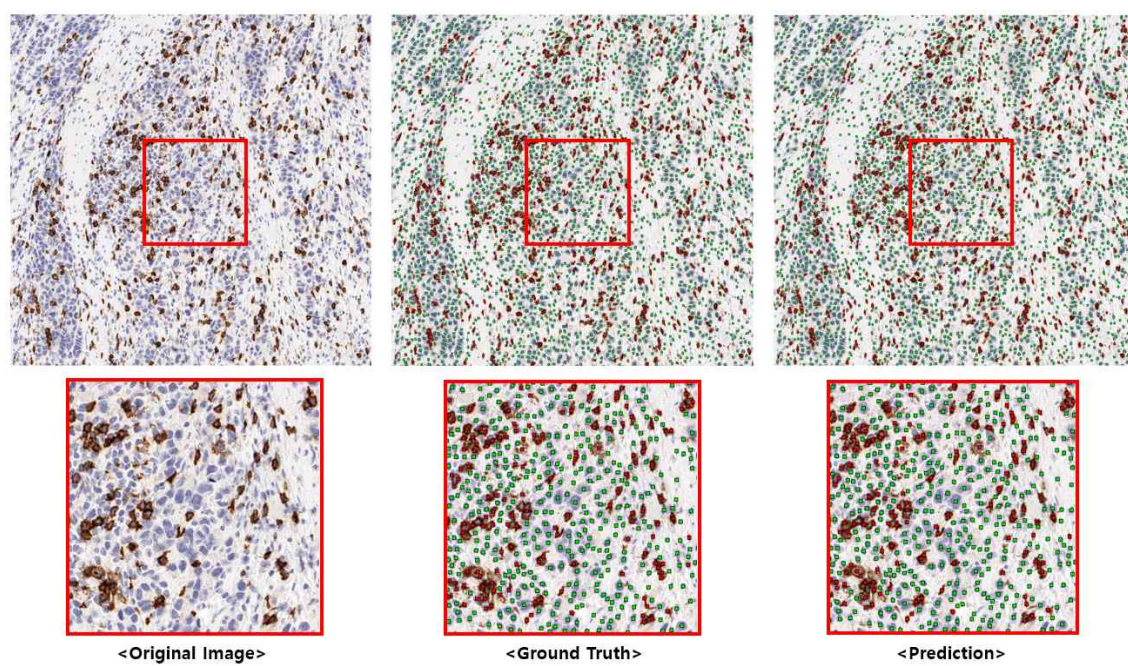


Figure 4-3 Test ROI 2 Prediction Result

## V. 결 론

본 논문에서는 병리 이미지 내에서 쉽게 얻을 수 있는 정답 없는 이미지를 활용한 준지도학습 기반 세포 검출 알고리즘을 제안하였다. 일반적인 지도학습 방법은 여전히 정답이 있는 양질의 데이터를 확보하기 어려운 한계가 있다. 의사들에 의한 어노테이션 작업은 여전히 노동이 많이 소요되며 비용이 비싸다. 이러한 한계를 극복하기 위해 크기가 매우 큰 병리 이미지의 특성을 활용하여 쉽게 정답이 없는 데이터를 방대하게 추출하여 일관성 기반의 준지도학습 방법을 통한 성능 향상을 이루어냈다. 준지도학습 기반 이미지 세그멘테이션 분야는 최근에도 활발한 연구가 이루어지고 있으며 이러한 알고리즘들과 함께 더 많은 양의 정답 없는 데이터를 추출하여 추가적인 실험을 진행한다면 더 높은 성능 향상을 보일 것으로 예상된다.

## 참고문헌

- [1] Henning Hofener, Andre Homeyer (2018), Deep learning nuclei detection: A simple approach can deliver state-of-the-art results
- [2] Yao Xue, Nilanjan Ray (2017), Cell Detection in Microscopy Images with Deep Convolutional Neural Network and Compressed Sensing
- [3] Xiaokang Chen, Yuhui Yuan (2021), Semi-Supervised Semantic Segmentation with Cross Pseudo Supervision
- [4] Jianlong Yuan, Yifan Liu (2021), A Simple Baseline for Semi-supervised Semantic Segmentation with Strong Data Augmentation
- [5] Yassine Quali, Celine Hudelot (2020), Semi-Supervised Semantic Segmentation with Cross-Consistency Training
- [6] Geoff French, Samuli Laine (2019), Semi-supervised semantic segmentation needs strong, varied perturbations
- [7] Olaf Ronneberger, Philipp Fischer (2015), U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation
- [8] Zongwei Zhou, Md Mahfuzur Rahman Siddiquee (2018), UNet++: A Nested U-Net Architecture for Medical Image Segmentation

(Abstract)

# Cell detection with semi-supervised learning on pathological tissue images

Ahn Heeyoung

Data Science Major

Department of Data Science

Graduate School, Dankook University

Advisor : Professor Changha Hwang

Thanks to the rapid development of deep learning in recent years, the possibility of AI supporting doctors in the field of medical imaging has emerged. In particular, many attempts have been made to reduce diagnostic time and cost by applying AI in the field of digital pathology. However, the task of giving the correct annotation to the data is very expensive, and hence it is difficult to obtain a lot of quality data. In this paper, we propose a semi-supervised learning-based cell detection algorithm using data without annotation as one of the methods to solve these issues. The proposed algorithm easily extracted and used vast image data without correct annotation in pathological images, showing improvements of 1.68 and 2.48 F1 score for positive and negative cells compared to conventional supervised learning methods, respectively.

Keywords : Cell detection, Semi-supervised learning, Unlabeled data, Digital pathology

## 감사의 글

가장 먼저 군 제대 후 대학원에 진학하여 공부하기에 좋은 여건을 마련해 주신 황창하 교수님께 감사의 말씀을 전합니다. 대학원생들이 공부하기에 항상 부족함 없는 여건을 마련해주시려고 노력하시며 모범을 보이시는 교수님의 모습 덕분에 2년이라는 시간 동안 별 탈 없이 열심히 공부하여 졸업하게 되었습니다. 공부하는 동안 외적인 스트레스가 많았지만 좋은 공부 요건을 제공해주시지 않았다면 분명 더 많이 힘들었을 것입니다. 항상 감사한 마음이며 졸업 이후에도 계속 연이 닿아 교수님이 좋아하시는 식사 자리라도 많이 가졌으면 하는 마음입니다.

이에 더하여 제 평생을 저에게 아낌없는 물질적, 정신적 지지를 해주고 계신 부모님께 감사드립니다. 뒤늦게나마 조금 철이 들어 효를 다하려고 하지만 아직 부족함이 많습니다. 대학원을 병행하며 취업도 하였으므로 앞으로 더 잘해드리고 싶은 마음 뿐입니다. 앞으로 남은 인생 동안 계속해서 잘 해드리도록 하겠습니다. 감사합니다.