

U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation

U-Net

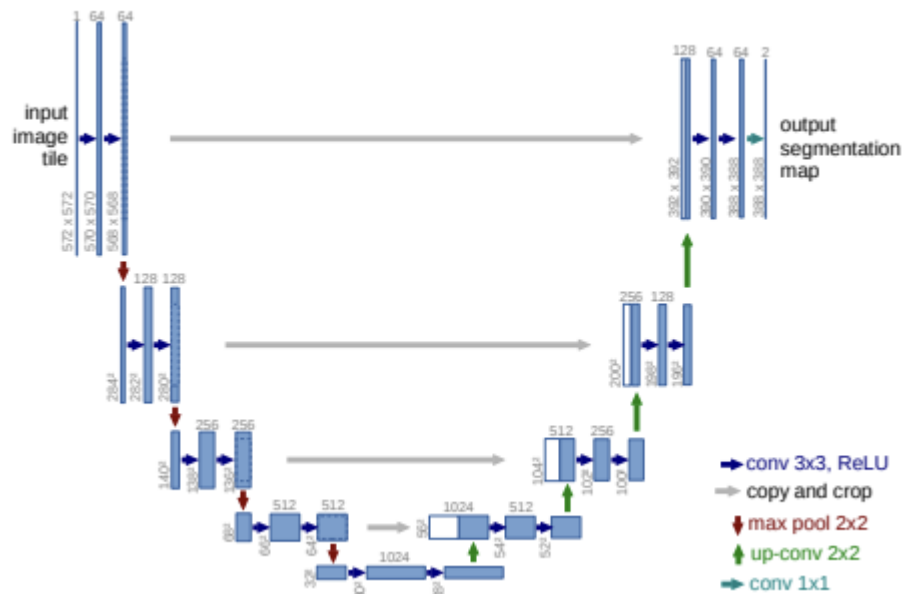
Abstract

Biomedical 분야에서 이미지 분할을 목적으로 제안됨

레이블이 있는 샘플을 효율적으로 사용하기 위해 **데이터 증강**에 의존하는 네트워크 및 훈련 전략을 제시함

아주 적은 수의 이미지로 End-to-End 방식의 FCN(Fully Convolutional Network) 기반으로 학습

- 아키텍처
 - 축소 경로 : 맥락 캡처의 역할
 - 확장 경로 : 정확한 위치 파악을 가능하게 하는 역할
- 특징
 - 네트워크가 빠름
 - 넓은 범위의 이미지 픽셀로부터 의미 정보를 추출하고 의미 정보를 기반으로 각 픽셀마다 객체를 분류하는 U 모양의 아키텍처
 - 서로 근접한 객체 경계를 잘 구분하도록 학습하기 위해 Weighted Loss를 제시

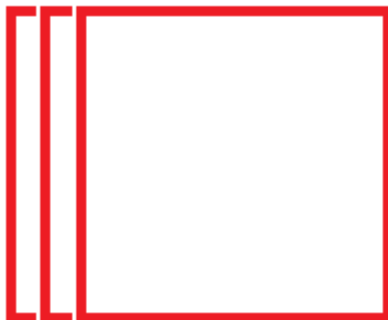


- FCN(Fully Convolutional Network) 구조를 응용한 구조를 사용함으로써 segmentation map을 출력
- Overlap-tile을 이용해 input image의 resolution이 GPU memory에 구애 받지 않고 사용 가능
- **Data Augmentation**을 이용해 적은 수의 이미지를 가지고도 적절한 학습이 가능

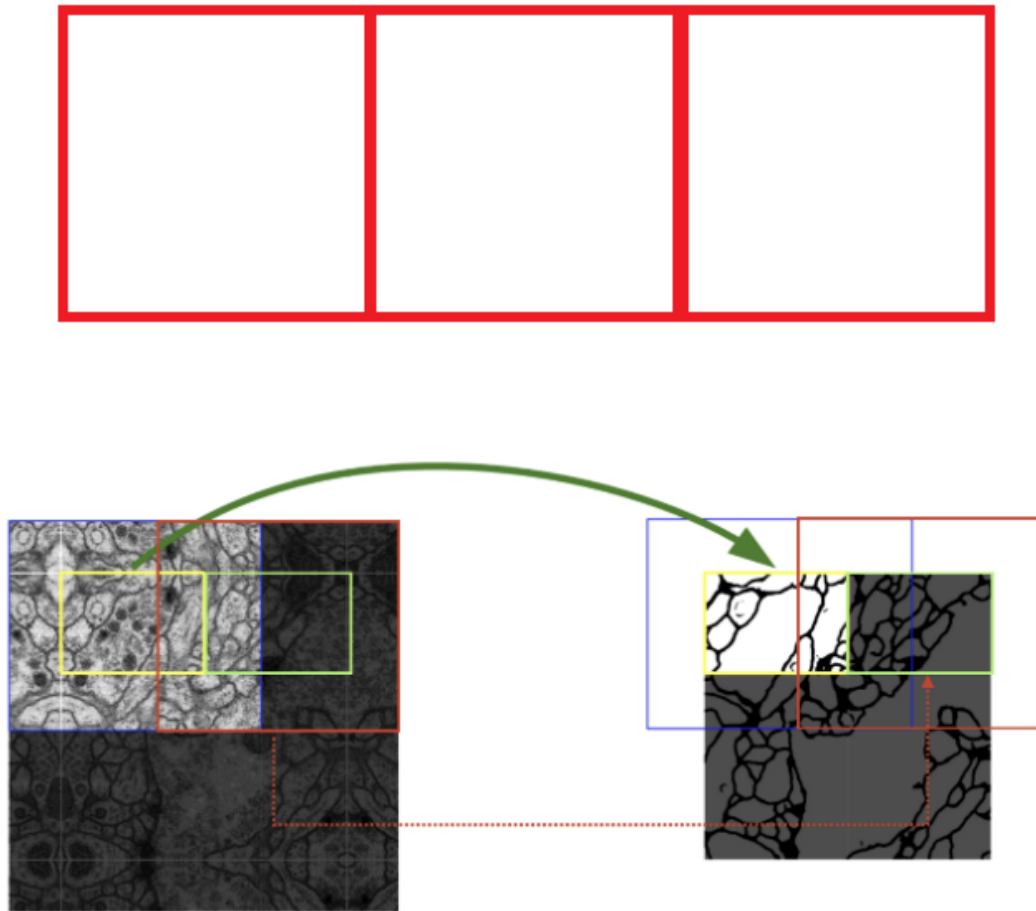
Introduction

Biomedical image processing을 위해 localization 정보를 얻기 위해 sliding-window 방법 사용

- Sliding-Window
 - 기존 방식 : 한 칸씩 이동



- U-Net의 방식 : 겹치지 않게 이동



- 기존 Sliding Window의 단점

1. redundancy of over lapping patch

- patch를 옮기면서 중복이 발생하게 됨
- 중복된 부분은 학습된 부분을 다시 학습하게 되어 속도가 느려짐

2. trade-off between localization accuracy and use of text

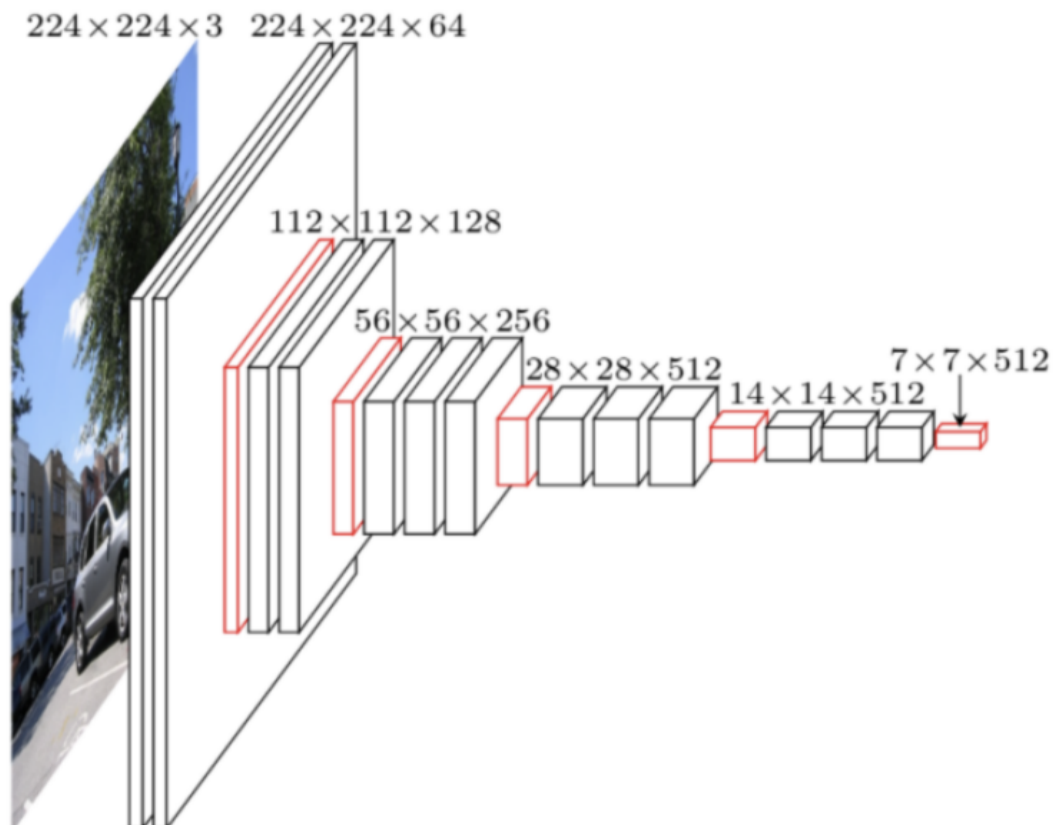
- patch의 크기가 크면 max-pooling이 더 많이 적용됨
- 정확한 위치 정보를 알기 어려워짐
- 더 넓은 이미지를 보기 때문에 context 인식에는 효과를 가짐

U-Net은 중복되지 않은 patch를 검증해 속도를 개선 시킴

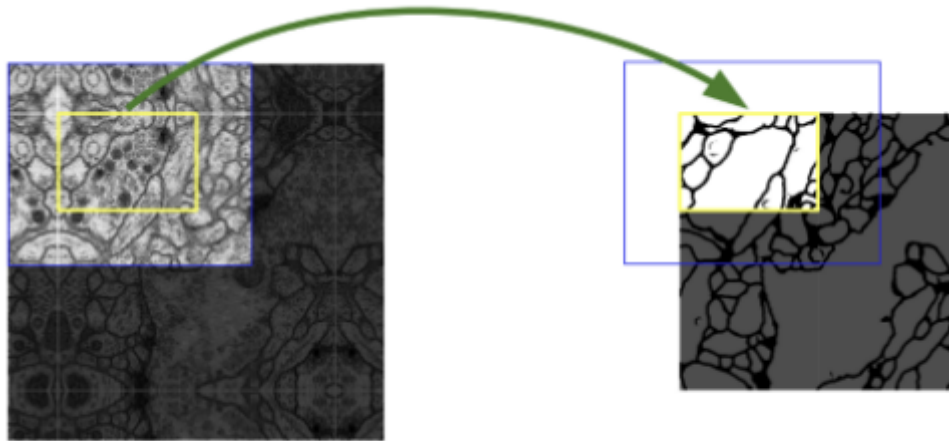
Network Architecture

- 개념

- Contracting Path (수축 경로)
 - 크기가 줄어드는 부분
 - CNN 이미지의 context를 포착할 수 있도록 함
- Expansive Path (확장 경로)
 - 크기가 증가되는 부분
 - 작아진 feature map을 upsampling해 원본 이미지와 비슷한 크기로 늘림
- feature map과 upsampling한 feature map을 결합해 더 정확한 위치 정보를 가진 segmentation map을 얻을 수 있음
- FCN과 유사하나 upsampling을 진행해도 높은 채널 수를 유지해 높은 layer 층에도 context 정보를 전파 가능
- Structure
 - 수축 경로
 - 각 층마다 2개의 Convolution layer 사용 (kernel size=3x3, non-padding, stride=1) → max-pooling(kernel size : 2x2, stride=2) 사용
 - 너비와 높이를 반으로 줄이고 channel의 크기를 2배로 늘림

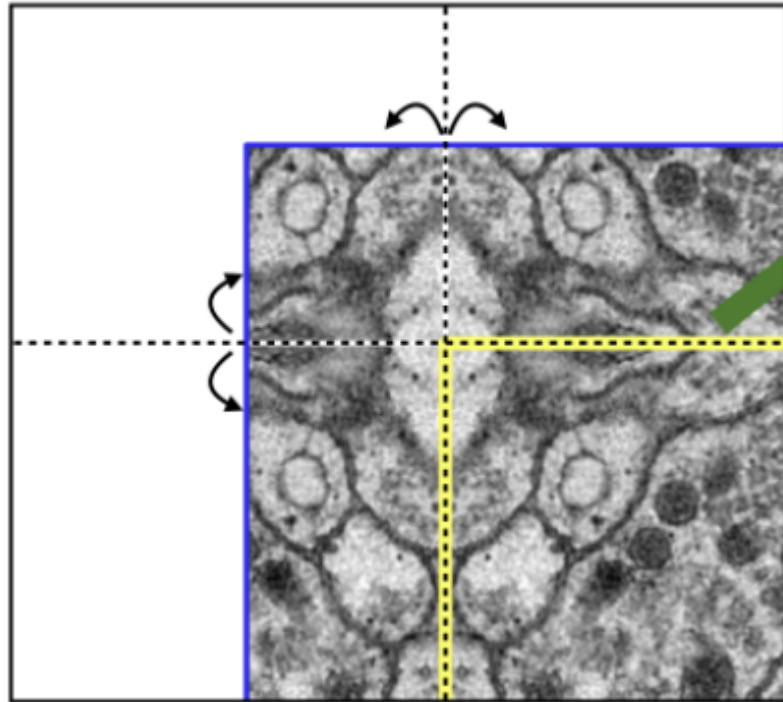


- 확장 경로 : 각 층마다 2개의 Convolution layer 사용 (kernel size=3x3, non-padding, stride=1) → up-convolution 사용
 - 분류 : 1x1 Convolution layer를 사용해 64개의 component feature vector를 desired number of class에 매핑하기 위해서 사용됨
 - feature map의 사이즈가 2배씩 커지기 때문에 (줄였던 것을 다시 늘려야 함) 채널의 수를 절반으로 줄여줌
- Overlap-tile



- 전자 현미경 데이터의 특성상 이미지 사이즈 크기가 매우 커 patch 단위로 잘라서 input으로 활용
- padding을 사용하지 않기 때문에 이미지 크기가 줄어들게 됨
 - 전체 이미지의 크기와 같은 출력을 위해 가장자리는 이미지 반전을 사용함

Mirroring extrapolation



Training

Input image & Segmentation Map은 SGD 기법과 함께 네트워크를 학습시키기 위해 사용 됨

- Unpadded Convolution을 사용해 input image의 크기가 output image보다 큼
- 큰 batch_size보다는 큰 input tiles를 선호함
- 학습 진행시 단일 이미지의 input patch(tile)를 사용했고 batch_size를 작게 설정하기 때문에 momentum의 값을 0.99로 주어서 과거 Gradient Descent값을 더 많이 반영해 학습이 더 잘 되도록 함
- cross entropy loss

본 논문에서는 cross entropy loss에 $w(x)$ 를 곱해서 사용

$$E = \sum_{\mathbf{x} \in \Omega} w(\mathbf{x}) \log(p_{\ell(\mathbf{x})}(\mathbf{x}))$$

- x 는 feature map의 각 픽셀
- 각 픽셀에서 계산한 것을 다 더해줌

$$w(\mathbf{x}) = w_c(\mathbf{x}) + w_0 \cdot \exp \left(-\frac{(d_1(\mathbf{x}) + d_2(\mathbf{x}))^2}{2\sigma^2} \right)$$

- weight map : 특정 클래스가 가지는 픽셀의 주파수 차이를 보완해주는 식 (픽셀값 차이를 채워주는 역할)
- 세포 사이에 떨어진 간격이 짧아 세포별로 구별이 힘들
- Touching cells separation
 - 세포 분할 작업에서 주요한 과제 중 하나는 동일한 클래스의 접촉 개체를 분리하는 것
 - 이미지 c,d 처럼 경계를 포착할 수 있어야 함
 - 이를 위해 학습 데이터에서 각 픽셀마다 클래스 분포가 다른 점을 고려해 사전에 ground-truth에 대한 weight map을 구해 학습에 반영했음

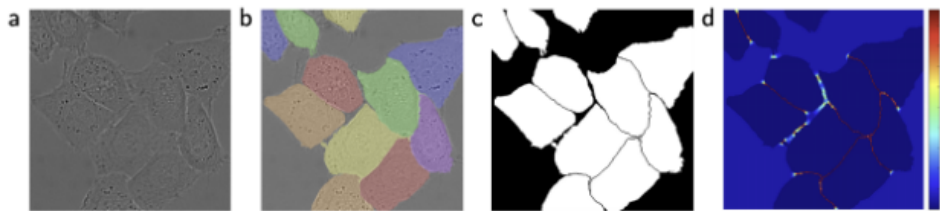


Fig. 3. HeLa cells on glass recorded with DIC (differential interference contrast) microscopy. (a) raw image. (b) overlay with ground truth segmentation. Different colors indicate different instances of the HeLa cells. (c) generated segmentation mask (white: foreground, black: background). (d) map with a pixel-wise loss weight to force the network to learn the border pixels.

Data Augmentation

이미지 데이터를 회전, 자르기, 좌우반전, 밝기 조절 등의 방법으로 데이터의 수를 늘리는 방법

U-Net에서는 적은 데이터로 충분한 학습을 하기 위해 사용

(세포 데이터에서의 data augmentation은 좋은 효과를 가져옴)

Experiments

EM segmentation challenge dataset으로 학습

- 512x512이미지 30장

- 세포는 흰색, 세포막은 검은색으로 색칠된 ground truth segmentation map

Rank	Group name	Warping Error	Rand Error	Pixel Error
	** human values **	0.000005	0.0021	0.0010
1.	u-net	0.000353	0.0382	0.0611
2.	DIVE-SCI	0.000355	0.0305	0.0584
3.	IDSIA [1]	0.000420	0.0504	0.0613
4.	DIVE	0.000430	0.0545	0.0582
⋮				
10.	IDSIA-SCI	0.000653	0.0189	0.1027

warping error : 객체 분할 및 병합이 잘 됐는지 세그멘테이션과 관련된 에러

Warping Error에서 가장 좋은 성능을 보여줌

- 세포라고 구분한 영역과 실제 세포 영역이 겹치는 정도를 성능으로 측정

Name	PhC-U373	DIC-HeLa
IMCB-SG (2014)	0.2669	0.2935
KTH-SE (2014)	0.7953	0.4607
HOUS-US (2014)	0.5323	-
second-best 2015	0.83	0.46
u-net (2015)	0.9203	0.7756

Conclusion

U-Net은 다양한 생물 의학 세분화 응용 프로그램에서 우수한 성능 달성

데이터 증강 기법 덕에 적은 데이터로도 활용 가능