

3D 재구성을 통한 적혈구 종류 예측

Team |

21기 고윤경, 21기 김지원, 22기 박준영

CONTENTS

01

Introduction

- 주제 선정 배경
- 구현 논문

02

Methodology

- RBC Dataset
- DISPR 모델

03

Experiments

- 과정 및 결과

04

Conclusion

- 결과 분석
- 프로젝트 한계 및
의의



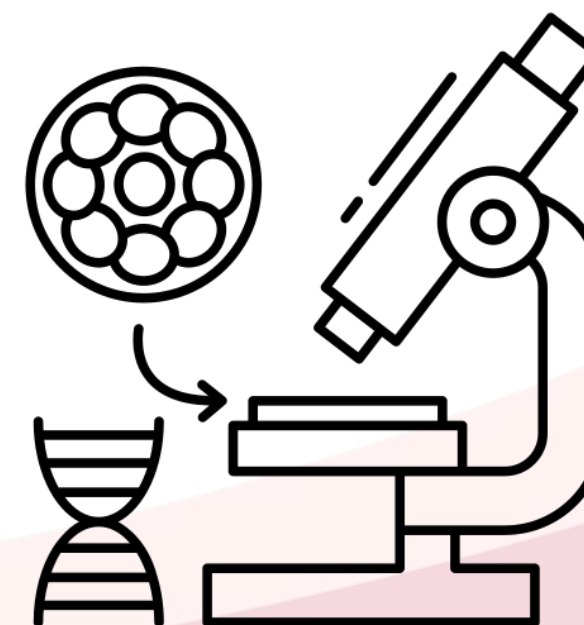


01. Introduction

01. 주제 선정 배경

- 3D 현미경 촬영은 느리고 세포에 손상을 줄 수 있음
- 대규모 고해상도 데이터 수집은 비용과 시간이 많이 듦
- 데이터 라벨링 및 분할 작업이 노동집약적이고 불균형 데이터 문제 존재
- 기존 연구들 한계:

SHAPR 등 기존 **autoencoder** 기반 모델은 입력된 **2D** 이미지에 대해 단일한 **3D** 형태만 제공 (생물학적 다양성을 충분히 반영하지 못함)



01. 구현 논문

A DIFFUSION MODEL PREDICTS 3D SHAPES FROM 2D MICROSCOPY IMAGES

Dominik J. E. Waibel^{1,3,★}

Ernst Röell^{1,2}

Bastian Rieck^{1,2,†}

Raja Giryes^{4,†}

Carsten Marr^{1,†}

¹ Institute of AI for Health, Helmholtz Munich – German Research Centre for Environmental Health, Neuherberg, Germany

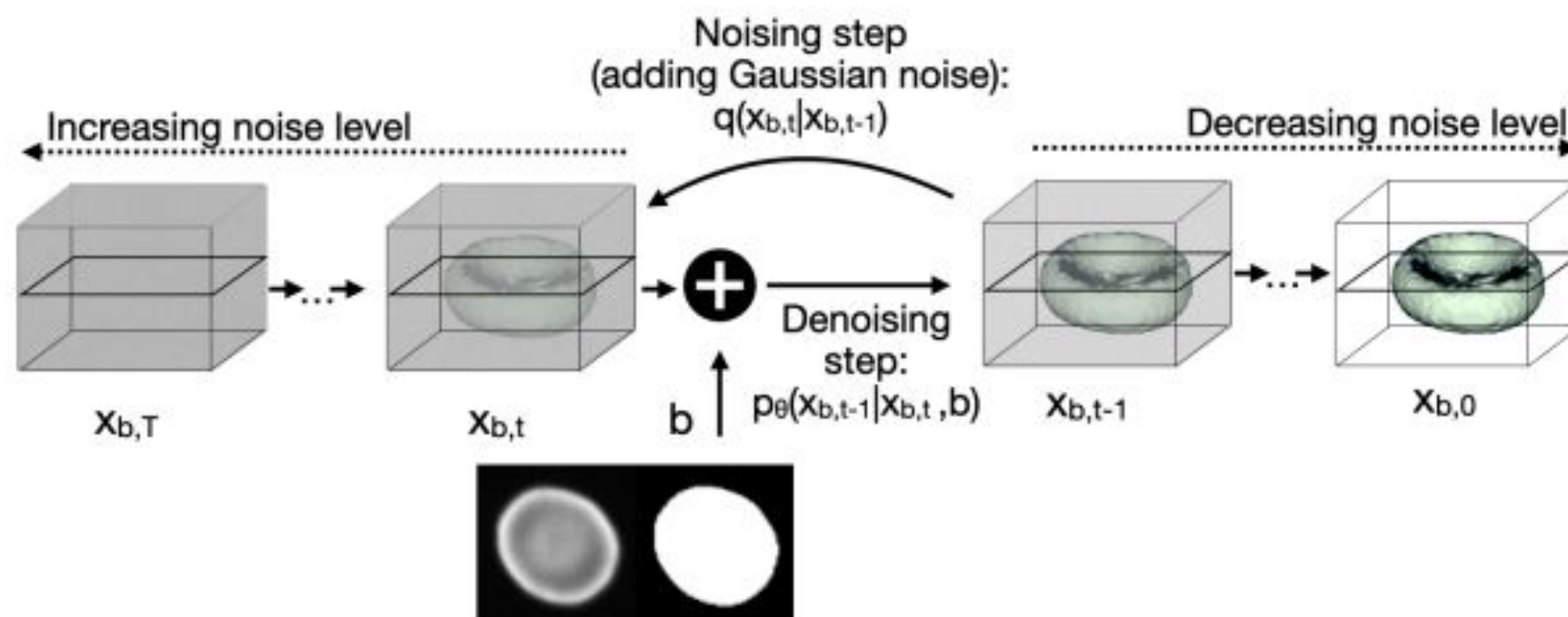
² TUM School of Computation, Information and Technology, Technical University of Munich, Munich Germany

³ TUM School of Life Sciences, Technical University of Munich, Munich, Germany

⁴ Faculty of Engineering, Tel Aviv University, Tel Aviv, Israel

★ Current affiliation: AstraZeneca Computational Pathology, Oncology R&D, Munich, Germany

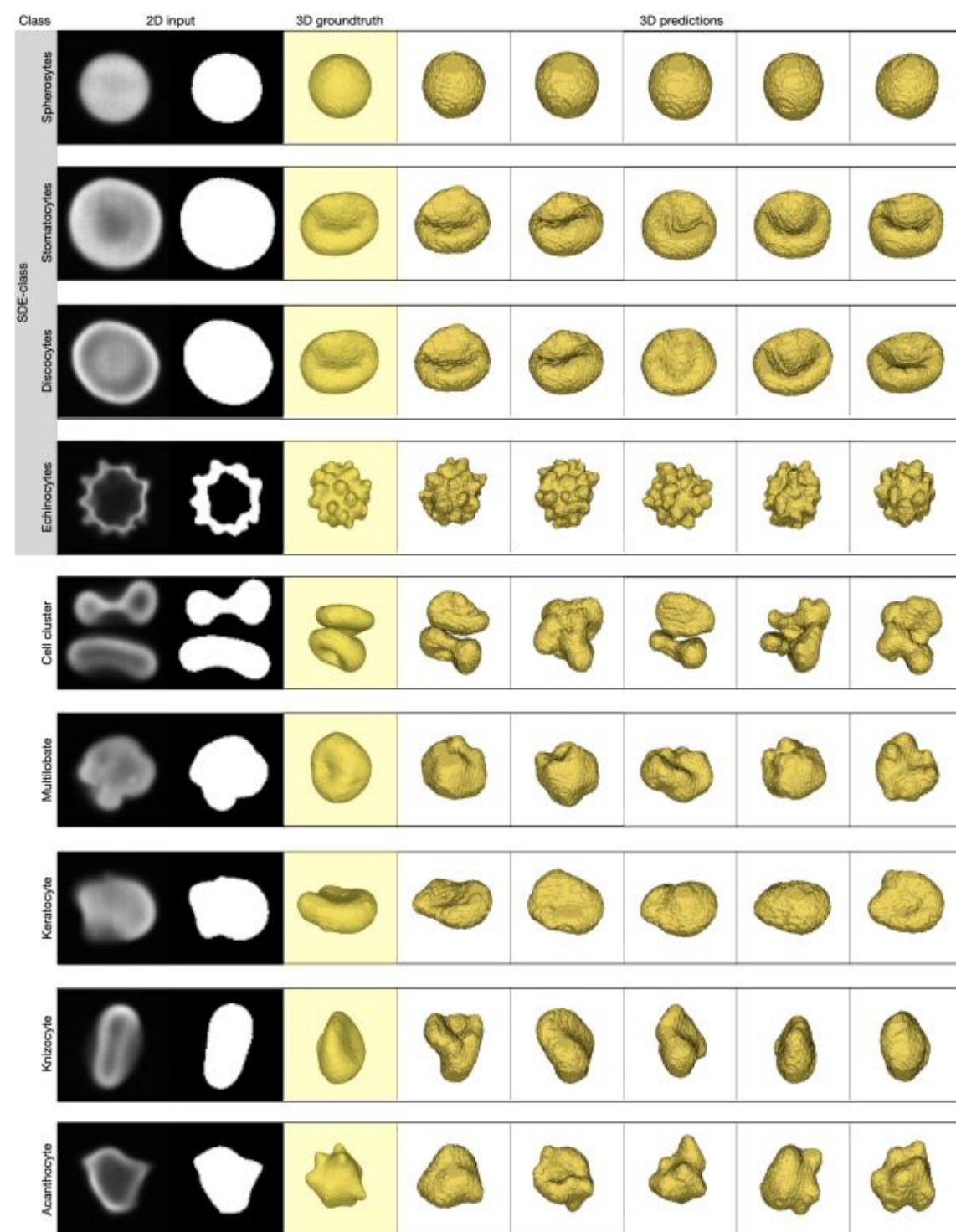
† These authors share corresponding authorship





02. Methodology

02. RBC Dataset



Simionato et al. (2021) 공개 적혈구 데이터셋

- 825개 3D 적혈구 이미지 ($64 \times 64 \times 64$ voxel)
- 6가지 세포 형태 클래스 (SDE, cluster, multilobates, keratocytes, knizocytes, acanthocytes)
- 추가적으로 각 3D 이미지의 중앙 단면 2D 이미지 (64×64 pixel) 제공

02. DISPR 모델

입력: 2D 현미경 이미지 (세포 형광 채널 + 마스크)

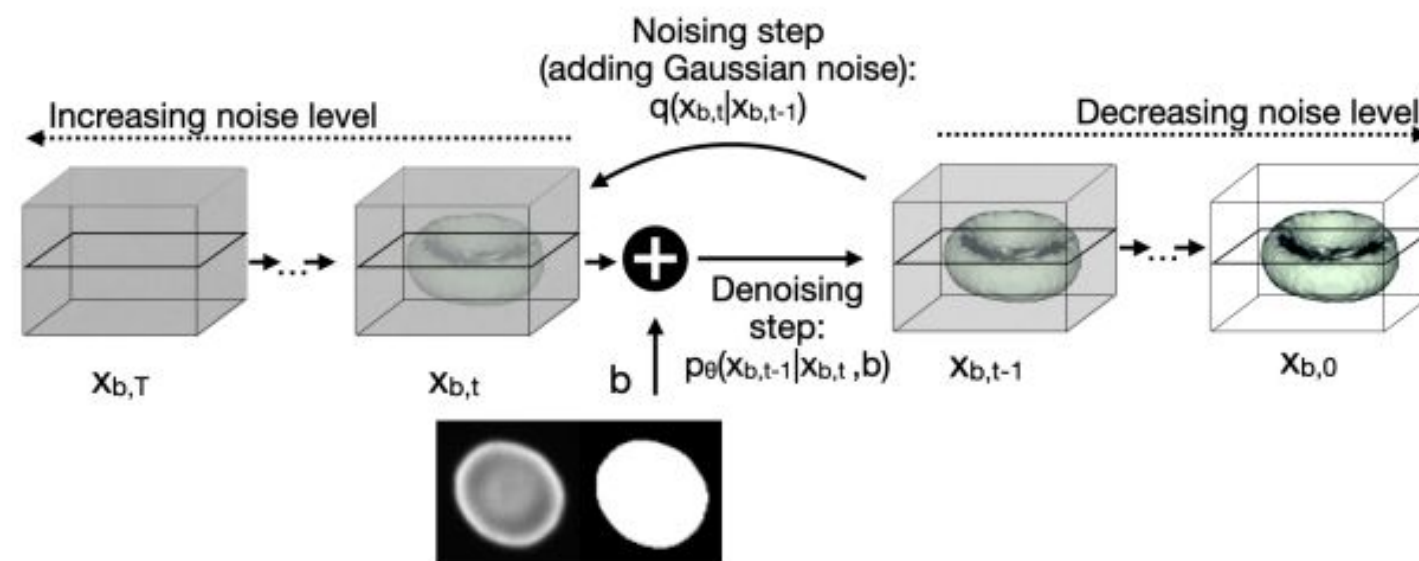
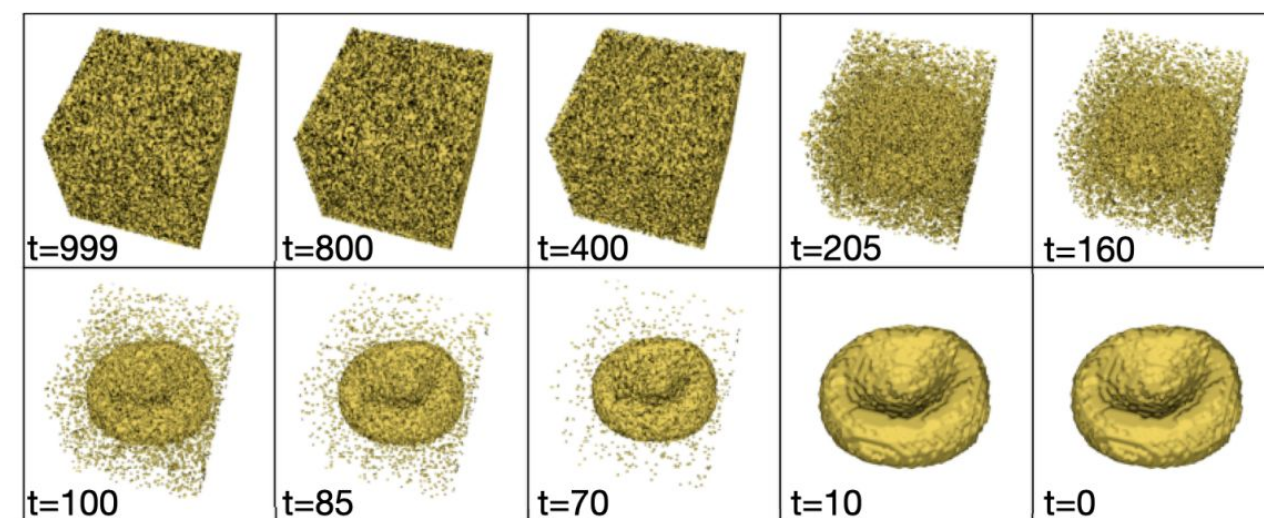
출력: 현실적인 3D 세포 구조 ($64 \times 64 \times 64$ voxel)

Diffusion Process

- forward: 3D 이미지에 점진적 Gaussian 노이즈 추가
- reverse: 2D 힌트로 노이즈 제거하며 3D 형태 복원

⇒ 확률적 샘플링으로 여러개의 현실적 3D 구조 생성 가능

실제 생물학적 다양성을 반영하는 분포 기반 복원 가능





03. Experiments

03. 과정 및 결과

DISPR 모델 결과 (.tif)

64x64x64 voxel grid로

재구성된 RBC Dataset



03. 과정 및 결과

1. **2d image/mask feature**로부터 적혈구 classification(면적, 경계 등 총 12개)
2. DISPR의 **3d object feature**로부터 적혈구 classification(부피, 표면적 등 총 15개)

random forest 사용

- 트리 1000개
- 최대 깊이 10

03. 과정 및 결과

2D 기반 분류: macro F1 \approx 0.3746

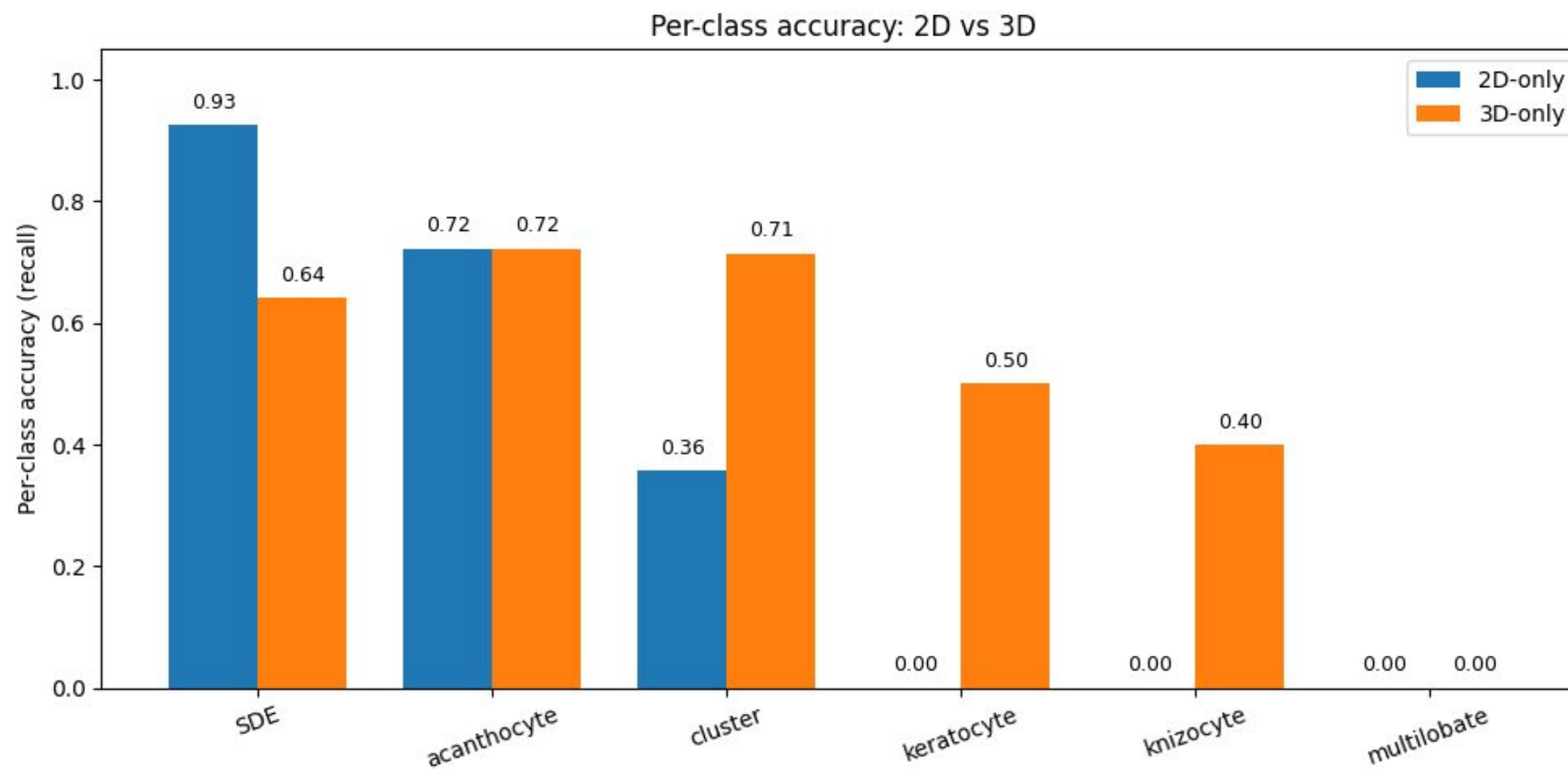
- 다수 클래스(SDE, acanthocyte)는 높은 정확도
- 소수 클래스(keratocyte, knizocyte, multilobate)는 거의 예측 불가(0점)

⇒ 2D 단면만으로는 희귀 세포 유형 구분 어렵다는 한계 보여줌

DISPR 기반 분류: macro F1 \approx 0.3993

- 희귀 클래스(예: keratocyte, knizocyte)의 성능이 개선되거나 최소한 0에서 벗어남
 - 여전히 데이터 불균형이 크고 multilobate는 거의 감지 불가
- ⇒ 일부 개선 효과가 있지만, 극소수 클래스에서는 여전히 한계

03. 과정 및 결과

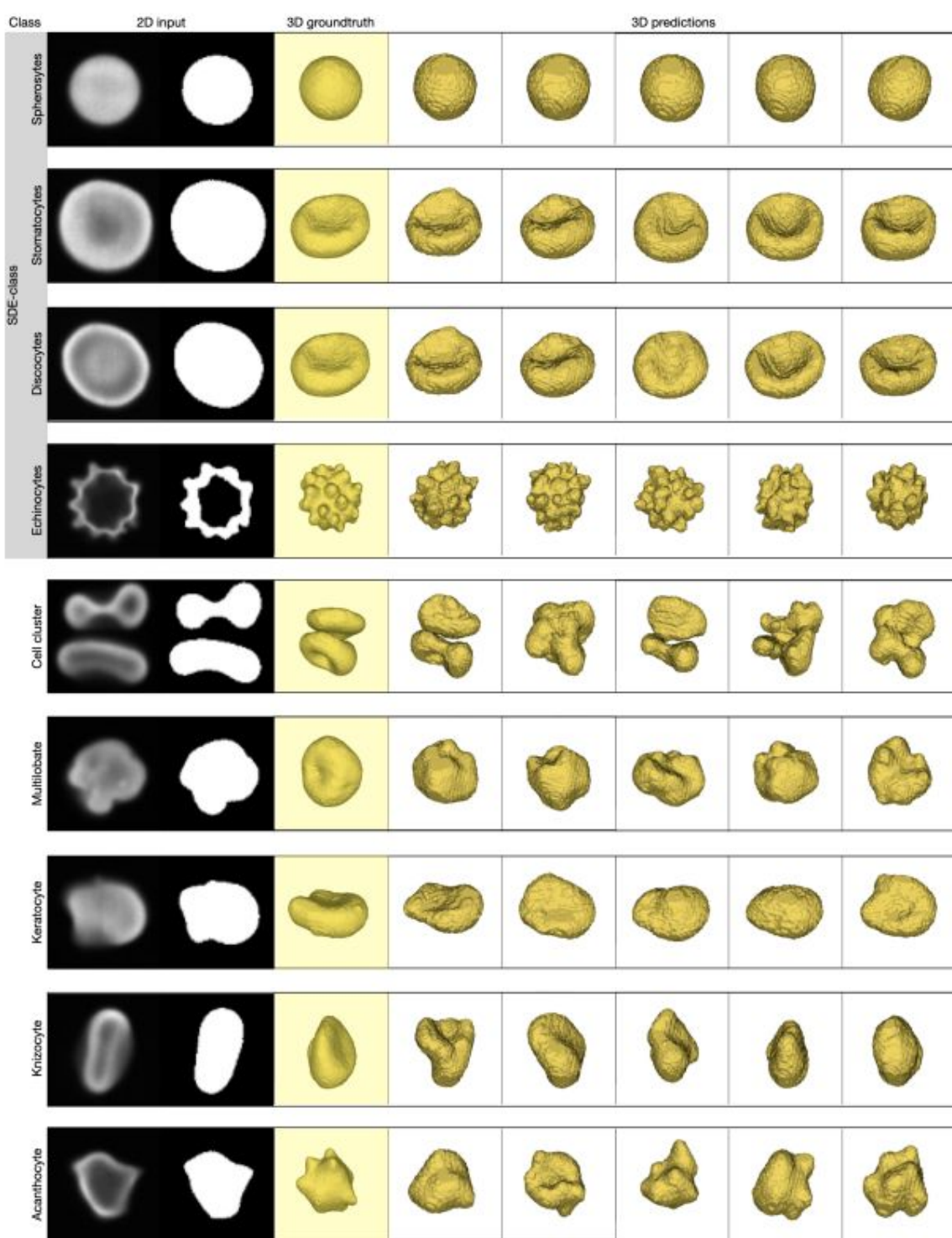


- 3d feature 기반 예측 모델을 다수 클래스에 대한 예측 정확도가 떨어짐
- 하지만, 소수 클래스에 대한 예측 정확도는 증가



04. Conclusion

04. 결과 분석



- 다수 클래스: 형태가 단순(원반/원형에 가까움)
- 소수 클래스: 불규칙한 형태, 비대칭, 복잡한 표면
- 2D는 소수 클래스의 불규칙한 형태·복잡한 표면 정보를 파악하기 어려움
- 3D는 이러한 정보를 파악할 수 있음 → 소수 클래스에서 상대적으로 높은 예측 정확도
- 적은 3D features만으로도 효과 확인
- 훨씬 많은 features를 사용할 경우 소수 클래스뿐 아니라 다수 클래스에서도 추가 성능 향상 기대
- 실제로 SHAPR 논문에서는 3D features로 약 126개의 features를 사용

04. 프로젝트 한계 및 의의

의의

- 2D 정보만으로 3D 정보의 형태 정보 확보
- 현미경 부담 완화
- 소수 클래스의 분류 성능 향상
- 다운스트림 분류에 실효성

한계

- 추론 비용이 큼(한 샘플 당 약 5분)
- 학습 데이터 및 레이블 의존성



Thank You