

Edge U-Net: Brain tumor segmentation using MRI based on deep U-Netmodel with boundary information

≡ 분류	모델 바운더리연구 엣지
≡ 링크	https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0957417422018516
≡ Summary	Edge U-Net 모델은 경계 관련 MRI 데이터와 뇌 MRI의 주요 데이터를 결합하여 종양을 더 정확하게 로컬라이즈할 수 있음
👤 발표자	유림 유림 오

ABSTRACT

이 연구에서는 Edge U-Net이라는 이름의 심층 합성곱 신경망(DCNN)을 소개함

이 모델은 U-Net 아키텍처에서 영감을 받아 인코더-디코더 구조로 설계되었음

Edge U-Net 모델은 경계 관련 MRI 데이터와 뇌 MRI의 주요 데이터를 결합하여 종양을 더 정확하게 로컬라이즈할 수 있음

디코더 단계에서는 다양한 스케일의 원본 MRI에서 경계 관련 정보를 통합하여 적절한 인접 맥락 정보를 결합한다

새로운 손실 함수가 추가됨. 이 손실 함수는 경계 정보를 강화하여 학습 과정에서 더 정밀한 결과를 생성할 수 있도록 함

연구에서는 3064개의 T1-가중치 대비 강화(T1-CE) 이미지를 포함한 공개 데이터셋을 사용하여 실험을 수행

결과적으로, 제안된 프레임워크는 최신 모델들과 비교하여 만족스러운 Dice 점수를 달성, 뇌 조직의 정확한 구분을 보여줌.

특히, meningioma에 대해 88.8%, glioma에 대해 91.76%, pituitary tumor에 대해 87.28%의 Dice 점수를 기록. Jaccard 지수, 민감도, 특이도와 같은 다른 성능 지표도 계산됨.

결과적으로 Edge U-Net 모델은 방사선 전문의가 뇌 종양 조직 이미지를 보다 정확하게 분할하는데 도움을 줄 수 있는 잠재적인 진단 도구로 평가됨.

1. 소개

- 이 논문은 뇌종양 조직을 MRI 스캔에서 정확하게 분할 하는 것이 진단과 치료에 얼마나 중요한지를 다룸
- 뇌종양은 양성 또는 악성일 수 있으며, 주변 뇌 조직에 압력을 가해 조기 발견이 시급한 치료에 필수적
- 컴퓨터 보조 진단(CAD) 기술의 사용이 강조, 이는 신경종양학자들이 뇌종양을 신속하고 정확하게 식별하는 데 도움을 줄 수 있는 방법으로 언급

제안된 프레임워크는 U-Net에서 영감을 받은 인코더-디코더 아키텍처를 포함하며, 경계 감지를 개선하기 위해 엣지 가이드 블록(EGB)을 강화

픽셀 손실과 경계 손실을 결합한 새로운 손실 함수도 도입되어 분할 성능을 최적화.

실험 결과, Edge U-Net 모델이 기존의 최첨단 모델보다 우수한 성능을 보임, 임상에서 뇌종양 조직을 정확하게 분할하는 진단 도구로서의 잠재력을 보여줌.

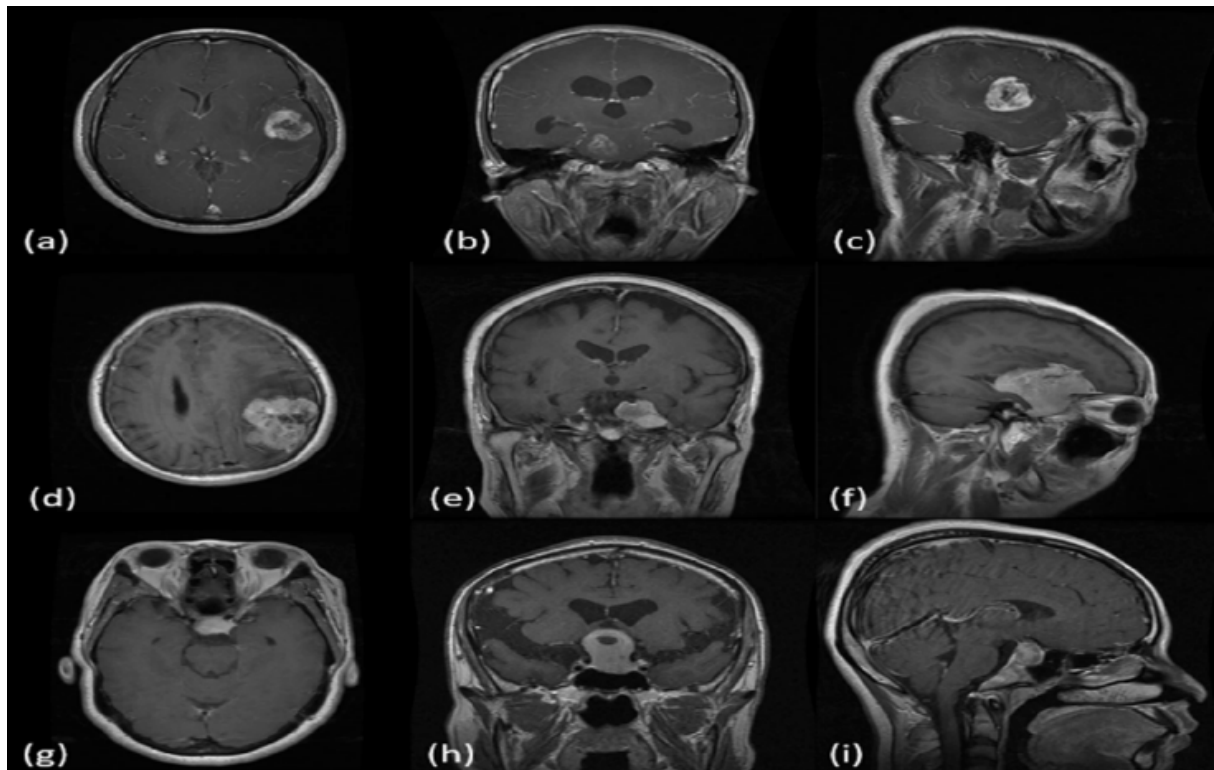
요약하자면, 이 논문은 뇌종양 분할의 중요성, 현재 방법론에서의 도전 과제, 그리고 Edge U-Net 모델을 통해 진단 정확성을 향상시키기 위한 혁신적인 솔루션을 제시하고 있음.

Table 2

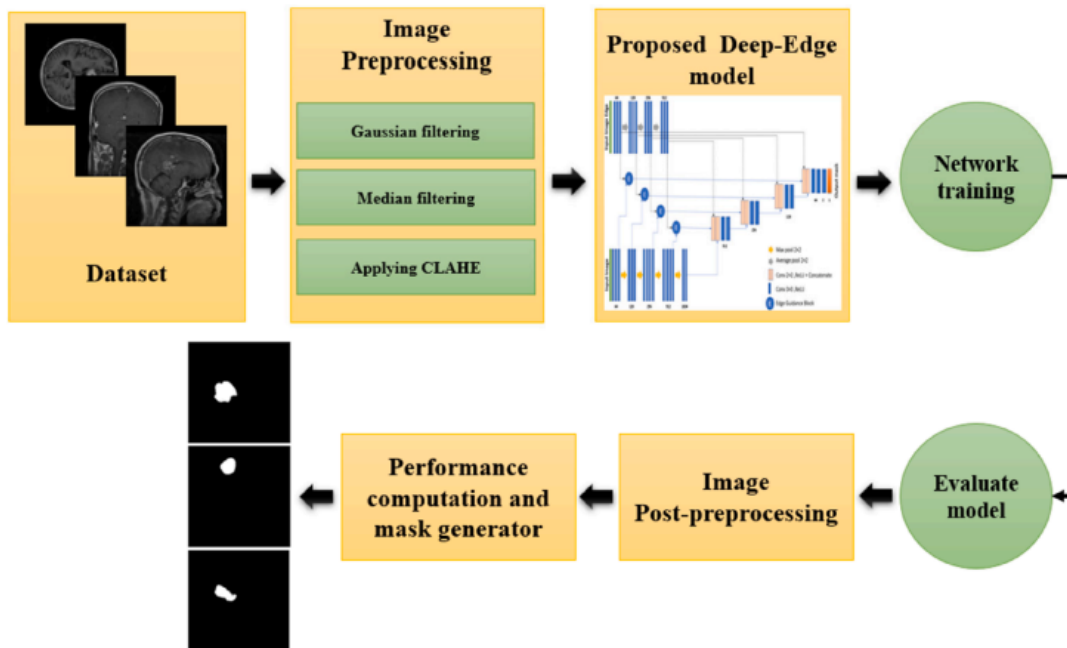
Details of the (Cheng et al., 2015) MRI brain tumor dataset.

Type	No. brain tumor MRI
Meningioma	708
Gliomas	1426
Pituitary tumors	930
Total	3064

종양에 따른 데이터 셋의 갯수 표, 총 이미지 수는 3064



- **(a, b, c):** ****Glioma (교종)****의 샘플 이미지. 이 부분은 교종의 다양한 형태나 단계에서 촬영된 MRI 이미지를 포함하고 있음.
- **(d, e, f):** ****Meningioma (수막종)****의 샘플 이미지. 이 섹션은 수막종의 MRI 이미지를 보여주며, 수막종의 위치와 특성을 시각적으로 나타냄.
- **(g, h, i):** ****Pituitary tumors (뇌하수체 종양)****의 샘플 이미지. 이 부분은 뇌하수체 종양의 MRI 이미지를 포함하고 있으며, 뇌하수체의 위치와 종양의 영향을 보여줌.



1. 전처리 단계 (Pre-processing):

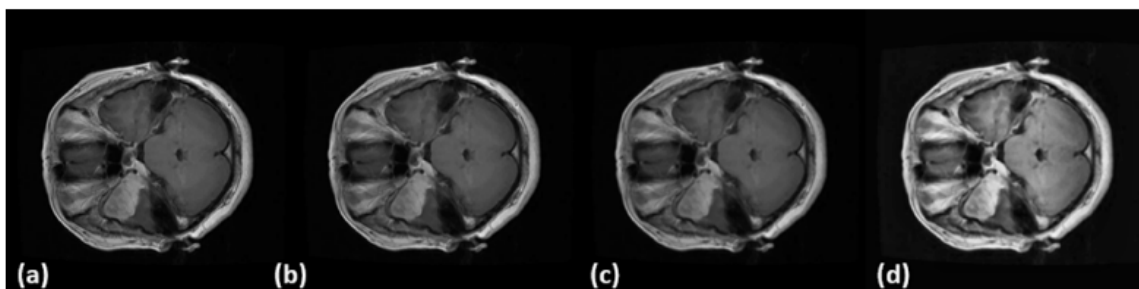
- MRI 이미지의 노이즈 제거 및 품질 향상.
- 다양한 필터링 기법(예: 가우시안 필터, CLAHE 등)을 사용하여 이미지를 개선.

2. Edge U-Net 분할 모델 (Edge U-Net Segmentation Model):

- 전처리된 MRI 이미지를 입력으로 받아 뇌종양을 분할.
- U-Net 아키텍처를 기반으로 하여 경계 정보를 활용하여 정확한 분할 수행.

3. 후처리 단계 (Post-processing):

- 분할 결과를 정제하고 품질을 향상시키기 위한 추가적인 처리.
- 최종 결과를 개선하여 보다 정확한 뇌종양 마스크 생성.



- (a) 원본 MRI (Original MRI)
- (b) 가우시안 필터 적용 후 (After Gaussian Filter)
- (c) 중간 필터 적용 후 (After Median Filter)
- (d) CLAHE 적용 후 (After CLAHE)

2. 학습을 위한 데이터 셋

이 연구에서 사용된 데이터셋은 Cheng et al. (2015)에 의해 생성된 공개 데이터셋임. 뇌종양 연구에서 가장 일반적으로 사용되는 데이터셋 중 하나임. 주요 내용은 다음과 같음:

1. 데이터셋 구성:

- 233명의 환자로부터 수집된 3064개의 T1-CE(MRI) 이미지를 포함함. T1-CE는 조영제를 사용한 T1 가중 MRI로, 뇌종양을 더 잘 시각화하는 데 도움을 줌.

2. 종양 유형:

- 세 가지 유형의 뇌종양 포함됨:
 - 교모세포종 (Gliomas)
 - 수막종 (Meningiomas)
 - 뇌하수체 종양 (Pituitary tumors)

3. 해상도:

- 모든 이미지는 512×512 픽셀 해상도를 가짐. 세부적인 분석이 가능하도록 설계됨.

4. 정상 및 비정상 영역:

- 종양의 'ground truth' 포함되어 비정상적인 영역을 식별하는 데 도움을 줌. 모델의 학습 및 평가에 중요한 역할을 함.

5. 이미지 평면:

- 세 가지 평면(축 방향, 시상 방향, 관상 방향)에서의 이미지를 제공함. 다양한 시각적 관점에서 종양을 분석할 수 있게 해줌.

6. 샘플 이미지:

- 그림 1은 각 종양 유형에 대한 샘플 이미지를 다양한 평면에서 보여줌. 연구자들이 각 종양의 특성을 시각적으로 비교하고 분석할 수 있도록 함.

이 데이터셋은 뇌종양의 분할 및 분석을 위한 중요한 자료로, 다양한 연구 및 알고리즘 개발에 활용됨.

이 이미지는 BraTs 데이터 셋과 다르게 T1-CE 라는 하나의 채널만 가지고 있음

물론 전처리 한 인풋을 넣는걸로 파악됨

3. 방법론

1. U-Net 모델 기반:

- 의료 이미지 분할에서 U-Net 모델의 높은 성공률을 바탕으로, 본 연구에서는 U-Net 구조를 기반으로 한 모델을 설계함. U-Net은 특히 의료 영상에서 효과적인 성능을 보여줌.

2. Edge U-Net 모델 설계:

- MRI 이미지와 MRI 경계 정보를 입력으로 사용하는 Edge U-Net 모델을 개발함. 이는 종양의 경계를 보다 정확하게 식별하고 분할하기 위한 목적임.

3. EGB(Edge Guidance Block) 사용:

- U-Net 모델의 반대 블록 간의 스킵 연결을 EGB로 강화함. EGB는 MRI 경계를 처리하는 능력을 향상시키기 위해 설계됨. 이를 통해 디코더 단계에서 경계 정보를 보다 효과적으로 활용할 수 있음.

4. 새로운 손실 함수 개발:

- 모델의 성능을 개선하기 위해 새로운 손실 함수를 개발함. 이 손실 함수는 경계 정보를 통합하여 학습 과정에서 더 정확한 결과를 도출할 수 있도록 도움을 줌.

3.1 프레임 워크 구조

- 전처리(Pre-processing)
- Edge U-Net 분할 모델(Edge U-Net Segmentation Model)
- 후처리(Post-processing)

이 3가지의 프레임 워크 구조를 따를 것 이라고 함

3.2. 이미지 전처리 단계

1. 이미지 노이즈 제거:

- MRI 이미지는 다양한 소스에서 발생하는 노이즈에 민감하므로, 노이즈를 줄이기 위한 필터링 기법이 적용됨. Gaussian 필터와 미디안 필터를 사용하여 이미지의 품질을 개선함.

2. 대비 향상:

- 대비 제한 적응형 히스토그램 평활화(Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization, CLAHE)를 사용하여 MRI 이미지의 대비를 향상시킴. 이는 이미지의 세부 사항을 더 잘 드러내어 분할 성능을 높이는 데 기여함.

3. 이미지 크기 조정:

- 모델 훈련을 용이하게 하기 위해 MRI 이미지를 256×256 픽셀 크기로 조정함. 이는 모델의 입력 크기를 일관되게 유지하고, 계산 효율성을 높이기 위함임.

4. 정규화:

- 이미지 픽셀 값의 범위를 (0-255)에서 (0-1)로 조정하여 모델 훈련의 복잡성을 줄임. 이는 학습 과정에서 안정성을 높이고, 수렴 속도를 개선하는 데 도움을 줌.

3.2.1. 가우시안 필터 설명

• 가우시안 필터의 사용:

- 크기 5×5 의 가우시안 필터를 사용하여 MRI 이미지의 가장자리를 감지하는 데 도움을 줌. 이 필터는 이미지 전처리 과정에서 가장자리 위치 이동, 가장자리 소실, 그리고 환상적인 가장자리를 줄이는 데 기여함.

• 가우시안 함수:

- 가우시안 필터는 다음과 같은 수식으로 정의됨:

$$G(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}}$$

- 여기서 x 와 y 는 필터의 커널 크기를 나타내고, σ^2 는 가우시안 필터의 분산을 의미함. 분산은 필터의 퍼짐 정도를 결정하며, 값이 클수록 필터의 효과가 부드러워짐.

• 효과:

- 가우시안 필터는 이미지의 노이즈를 줄이고, 가장자리를 부드럽게 하여 후속 처리 단계에서 더 나은 결과를 얻을 수 있도록 함. 이 필터는 특히 의료 이미징에서 중요한 역할을 하며, 이미지의 품질을 향상시키는 데 기여함.

가장자리 감지의 정확성을 높이고 이미지를 스무딩 하는 용도로 이미지 전처리 단계에서 사용한다고 함

3.2.2 메디안 필터

1. **픽셀 값 읽기:** 목표 픽셀과 주변 이웃 픽셀 값 읽음. 이웃 픽셀은 목표 픽셀을 중심으로 정사각형이나 원형 영역 내의 픽셀들임.
2. **픽셀 값 정렬:** 읽은 픽셀 값들을 오름차순으로 정렬함. 중간 값을 찾기 위해 필요함.
3. **중간 값 선택:** 정렬된 픽셀 값 중 중앙에 있는 값을 선택해 목표 픽셀의 새로운 값으로 설정함. 픽셀 수가 짝수일 경우 두 중앙 값의 평균을 사용하기도 함.
4. **수식 표현:** $F(x, y) = \text{median}(s, t) \in \text{xyg}(s, t)$ 는 입력 픽셀 (s, t) 의 집합에서 중간 값을 계산하는 방법을 나타냄. 여기서 $g(s, t)$ 는 원본 이미지의 픽셀 값임.

장점:

- 소금과 후추 노이즈 같은 특정 유형의 노이즈를 효과적으로 제거함.
- 가장자리 정보를 보존하면서 노이즈를 줄여 이미지의 세부 사항을 유지하는 데 도움을 줌.

극단적으로 밝거나 어두운 노이즈를 스무딩 하기 위한 필터라고 생각하면 됨

3.2.3 이미지 대비 향상

- **목적:** MRI의 대비를 증가시켜 모델 성능을 향상시키기 위해 대비 향상 기법을 사용함. 대비는 객체의 색상이나 밝기 차이를 의미함.
- **기법:** 전통적으로 의료 이미지 처리에서 대비 향상은 간단하고 효과적인 방법으로 사용됨. 이 연구에서는 **CLAHE**(Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization)를 사용함. CLAHE는 Adaptive Histogram Equalization(AHE)의 변형으로, 전체 이미지를 작은 직사각형 영역으로 나누고 각 영역에 대해 개별적으로 기능을 적용함.

3.2.4. 데이터 증강(Data augmentation)

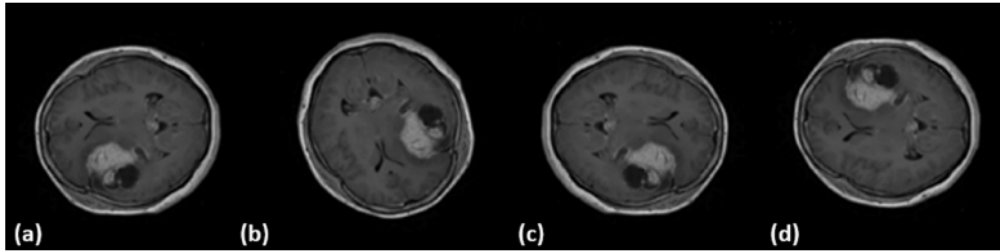


Fig. 4. Examples of the MRI augmentation process for brain tumors include (a) main MRI, (b) MRI rotation by 180 degrees, (c) MRI left mirroring, and (d) MRI up flipping.

데이터 증강에 대한 fig

원본 MRI 이미지(a)에서 시작해,

180도 회전(b),

왼쪽 미러링(c),

상단 뒤집기(d) 등의 변형을 통해 다양한 이미지를 생성함

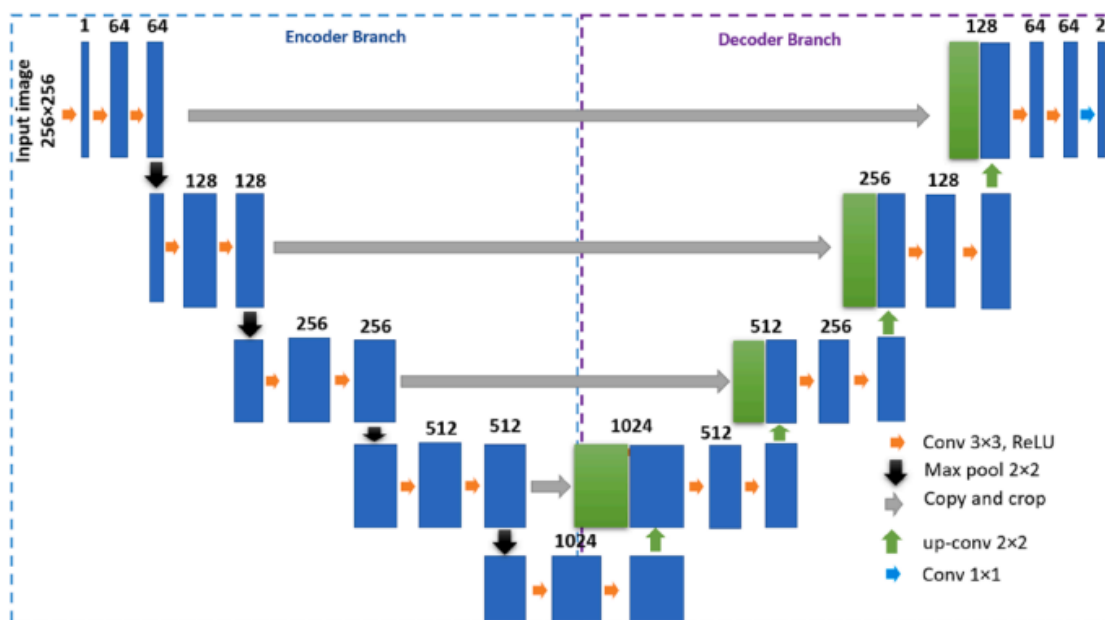


Fig. 5. Block diagram of U-Net model (Ronneberger et al., 2015).

U-net 모델 의 다이어그램에 대한 fig

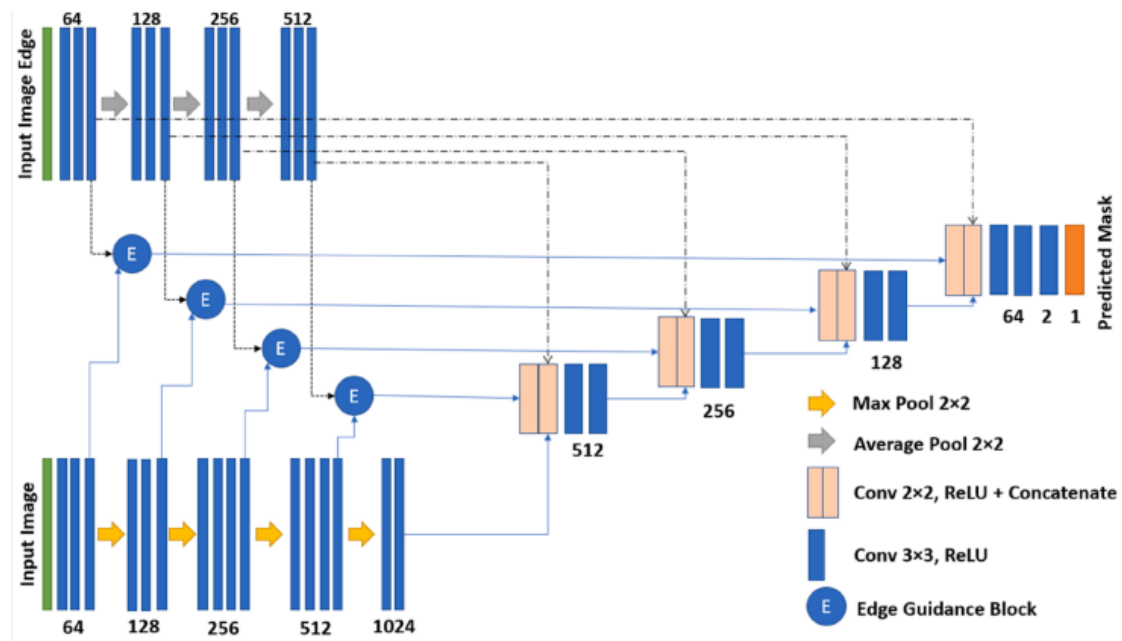


Fig. 6. Block diagram of the MRI brain tumor segmentation framework.

논문에서 제안된 모델의 다이어그램

▼ 아키텍처 설명

1. **입력 단계:** 256×256 크기의 MRI 이미지를 입력으로 사용함. 이 이미지는 인코더 블록을 통해 점진적으로 필터링되고 다운샘플링됨. 각 인코더 블록 후에 크기가 절반으로 줄어듦.
1. **인코더 브랜치:** 인코더는 여러 개의 컨볼루션 레이어로 구성되어 있으며, 각 레이어는 ReLU 활성화 함수를 사용함. 이 과정에서 특징 맵이 생성되고, 이미지의 중요한 정보를 추출함. 마지막 인코더 블록에서는 출력 크기가 원본 이미지의 $1/16$ 로 줄어듦.
1. **경계 정보 블록 (EGB):** 경계 정보 블록이 추가되어, 이미지의 경계 정보를 강조하고, 특징 추출을 개선함. 이 블록은 입력 이미지의 경계 정보를 활용하여 세분화 성능을 높임.
1. **디코더 브랜치:** 디코더는 인코더에서 추출한 특징을 기반으로 업샘플링을 수행함. 각 디코더 블록은 인코더의 대응 블록과 연결되어, 스킵 연결을 통해 정보를 전달함. 이 과정에서 경계 정보와 주변 맥락 정보를 통합하여 더 정밀한 세분화를 가능하게 함.
1. **출력 단계:** 디코더의 마지막 블록에서는 시그모이드 활성화 함수를 사용하여 각 픽셀이 특정 클래스에 속할 확률을 예측함. 최종 출력은 뇌종양의 마스크로, 각 픽셀이 종양에 속하

는지를 나타냄.

3.3 제안된 아키텍처에 대한 이야기

이 모델은 두 가지 입력을 받음: 이미지와 그 이미지의 경계(edge) 정보. 출력은 뇌 종양의 마스크(mask)임. 입력으로는 256×256 크기의 MRI 이미지를 사용하며, 각 인코더 블록 후에 필터링과 다운샘플링을 통해 이미지 크기가 점진적으로 줄어듦. 마지막 인코더 블록 후에는 출력 크기가 입력 MRI의 $1/16$ 로 줄어들며, 이때 특징 맵의 차원은 $1024 \times 16 \times 16$ 이 됨.

디코더 부분은 네 개의 블록으로 구성되어 있으며, 각 블록은 해당 인코더 블록과 결합되어 MRI와 함께 작동함. EGB(Edge Guidance Block)는 경계 정보를 감지하고 강조하는 데 사용되며, 특징 추출을 개선하고 입력 이미지를 복원하는 데 도움을 줌. 기본 디코더 블록은 두 개의 3×3 컨볼루션 레이어와 ReLU 활성화 함수로 구성됨. 모델의 마지막 블록에서는 시그모이드 레이어와 2×2 커널 크기의 컨볼루션 레이어가 추가되어 이미지 마스크를 예측함.

기존 유넷과 비슷한 이야기 이지만 약간의 다른 모델 구조와, EGB, 경계 loss func 등이 키워드임

3.3.1 이미지 인코더 브랜치

- 첫 번째 블록:
 - 구성: 3개의 컨볼루션 레이어
 - 채널: 64개
 - 특징: 기본적인 저수준 특징 (예: 엣지, 텍스처 등) 추출
 - 사이즈: $256 \times 256 \rightarrow 128 \times 128$ (Max Pooling)
- 두 번째 블록:
 - 구성: 3개의 컨볼루션 레이어
 - 채널: 128개
 - 특징: 더 복잡한 특징 추출
 - 사이즈: $128 \times 128 \rightarrow 64 \times 64$ (Max Pooling)
- 세 번째 블록:

- 구성: 4개의 컨볼루션 레이어
- 채널: 256개
- 특징: 더욱 고급의 특징 추출
- 사이즈: $64 \times 64 \rightarrow 32 \times 32$ (Max Pooling)
- **네 번째 블록:**
 - 구성: 4개의 컨볼루션 레이어
 - 채널: 512개
 - 특징: 더욱 정교한 특징 추출
 - 사이즈: $32 \times 32 \rightarrow 16 \times 16$ (Max Pooling)
- **다섯 번째 블록:**
 - 구성: 2개의 컨볼루션 레이어
 - 채널: 1024개
 - 특징: 최종적으로 가장 복잡한 특징 추출, 드롭아웃 레이어(0.5 비율) 포함하여 과적합 방지
 - 사이즈: $16 \times 16 \rightarrow 8 \times 8$ (Max Pooling)

3.3.2 엣지 인코더 브랜치

입력 이미지:

- 256×256 픽셀 크기의 엣지 이미지가 입력으로 사용됩니다. 이 이미지는 원본 이미지의 경계 정보를 강조한 것

1. 블록 구성:

- Edge encoder branch는 총 네 개의 블록으로 구성되어 있음, 각 블록은 서로 다른 채널 수를 가진 특징 맵을 생성합니다. 각 블록의 채널 수는 다음과 같음:
 - 첫 번째 블록: 64 채널
 - 두 번째 블록: 128 채널
 - 세 번째 블록: 256 채널
 - 네 번째 블록: 512 채널

2. 특징 추출:

- 각 블록은 특정 입력 스케일에 고유한 특징을 추출하는 역할. 즉, 각 블록은 서로 다른 해상도에서의 엣지 정보를 처리하여 다양한 수준의 특징을 학습.

3. 구성 요소:

- 각 블록은 1×1 크기의 커널을 가진 3개의 컨볼루션 레이어로 구성되어 있으며, ReLU 활성화 함수를 사용. 이 작은 커널은 각 픽셀의 정보를 세밀하게 처리하는 데 유리.

4. 평균 풀링:

- 각 블록 뒤에는 2×2 크기의 커널을 가진 평균 풀링 레이어가 추가되어 있음. 이 풀링 레이어는 특징 맵의 크기를 줄이고, 중요한 정보를 유지하면서 계산량을 감소시키는 역할.

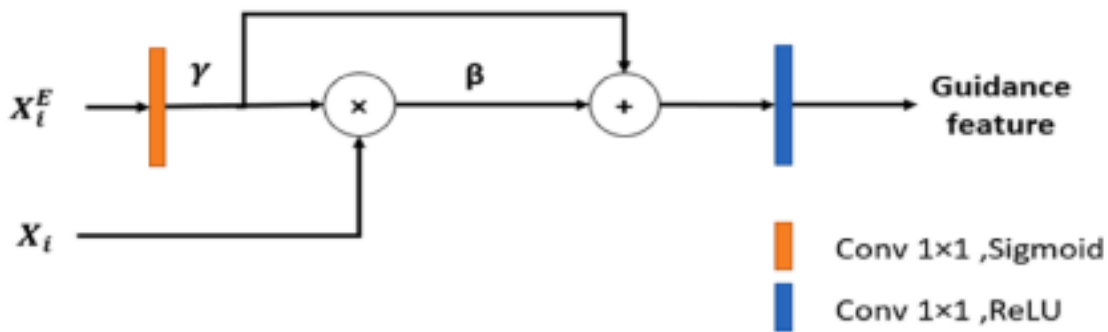


Fig. 7. Details and calculation flow of EGB.

엣지 데이터 > 1×1 컨볼 > 시그모이드 > 이미지 컨볼 결과 > 합성곱 > 1×1 컨볼 > 랠루 > 스킵 커넥션 > 피쳐맵 > 가이드런스 피쳐

3.3.3. Edge guidance block (EGB)

EGB(Edge Guidance Block)는 디코더에서 정보 손실 문제를 해결하기 위해 설계됨. 인코더-디코더 네트워크에서 인코더와 디코더의 특징을 결합하기 위해 스킵 연결을 사용함. 뇌종양의 경계 정보는 종종 식별하기 어려움. EGB는 이미지 경계 특징을 다양한 디코더 블록에 통합하는 역할을 함.

EGB는 두 개의 입력을 가짐:

첫 번째는 이미지에서 추출한 경계 특징 X_E^i 이고,

두 번째는 원본 이미지 X^i 임.

EGB는 두 개의 컨볼루션 레이어로 구성됨.

첫 번째 레이어는 3x3 커널을 사용하고 시그모이드 활성화 함수를 적용함.

두 번째 레이어는 3x3 커널과 ReLU 활성화 함수를 사용함.

EGB의 출력은 두 개의 속성 (γ, β)를 생성하는데, 이는 조건부 특징에 기반함.

이 속성들은 X^i 를 엣지 인식 특징 X_F^i 로 변환하는 데 사용됨. 수식은 다음과 같음:

1. $\beta = X^i \odot \gamma$ (식 4): 여기서 \odot 는 element-wise multiplication을 의미함. X^i 와 γ 의 요소별 곱을 통해 β 를 생성함.
2. $EGB(X_F^i | \gamma, \beta) = \partial(\beta + \gamma)$ (식 5)

여기서 ∂ 는 3x3 커널을 사용한 컨볼루션 연산을 의미함. β 와 γ 를 더한 후, 이 결과에 대해 컨볼루션을 수행하여 최종 엣지 인식 특징 X_F^i 를 생성함.

EGB는 특징 조작과 공간 변환을 동시에 수행하여, 이미지의 현실적인 텍스처를 복원하는 데 기여함.

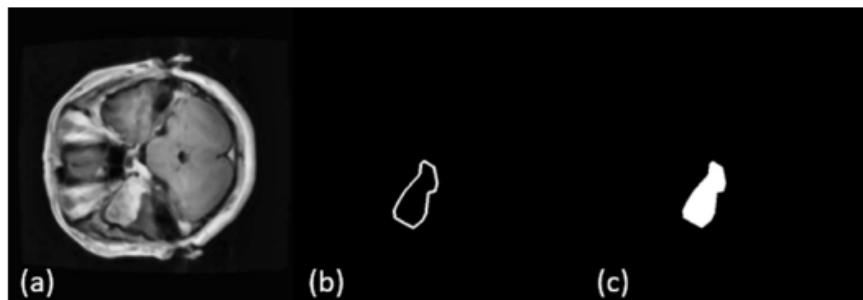


Fig. 8. Illustration of (a) MRI, (b) the mask edge generated from the ground truth, and (c) which are further region mask for brain tumor.

(a) MRI

(b) Ground Truth에서 생성된 마스크 엣지 (sobel 연산자)

(c) 뇌종양에 대한 추가적인 영역 마스크

3.4 Loss function

Luo et al. (2017)은 교차 엔트로피 손실과 경계 손실의 합으로 구성된 손실 함수를 개발함. 이 손실 함수의 목표는 이미지의 예측 경계와 실제 경계 간의 대칭 비율을 증가시켜 교차 겹침 비율 (IOU) 손실을 최소화하는 것임.

손실 함수는 다음과 같이 표현됨:

$$\text{Loss Function} \approx \sum_j \int_{S_j} (y(v), \hat{y}(v)) dv \quad (\text{교차 엔트로피 손실}) + \sum_j (1 - \text{IOU}(S_j, \hat{S}_j)) \quad (\text{경계 손실})$$

여기서 v 는 픽셀 위치를 나타내고, j 로 인덱싱됨. S_j 는 실제 값(y)과 예측 값(\hat{y}) 간의 총 손실을 나타냄. $\text{IOU}(S_j, \hat{S}_j)$ 는 실제 경계와 추정된 경계 간의 IOU를 나타냄.

그림 8은 두 항의 세그멘테이션 과정에서의 강건성에 미치는 영향을 설명함. 경계 손실 함수는 마스크의 가장자리에 집중하고, 교차 엔트로피 손실 항은 나머지 영역이 종양 조직을 나타내는지 여부를 결정하는 데 집중함. 이후 섹션에서는 관련 수학적 방정식과 이들 항 간의 관계를 자세히 설명함.

3.4.1 크로스 엔트로피 손실함수

교차 엔트로피 손실 함수는 의료 이미지 세그멘테이션에서 널리 사용됨. 뇌종양 세그멘테이션에서도 효과적임. 이 함수는 전체 이미지의 글로벌 최적화를 유지하면서 세그멘테이션 작업을 지원함. 교차 엔트로피 손실 함수는 각 픽셀의 분류와 회귀에 집중하는 장점이 있음.

수식은 다음과 같음:

$$\text{Cross Entropy Loss} = -(y \log(\hat{y}) + (1 - y) \log(1 - \hat{y}))$$

여기서 \hat{y} 는 예측 모델에 의해 예측된 값임. 이 연구에서는 세그멘테이션 작업이 이미지 경계에 의해 안내되는 픽셀 수준의 분류 작업으로 변환됨. 교차 엔트로피 손실 함수는 각 마스크된 픽셀의 예

측 오류를 결정하는 데 사용됨. 따라서 교차 엔트로피 손실 함수는 주 손실 함수의 첫 번째 항으로 작용함.

3.4.2 바운더리 손실 함수



3×3 소벨 커널과 tanh 액티베이션을 통하여 경계에 대한 기울기 맵을 생성하고 이 기울기 맵을 통하여 다이스로스와 동일한 수식의 손실 함수를 적용함

경계 손실(Boundary loss)은 의료 이미지 세그멘테이션에서 중요한 다이스 손실 함수에서 유래 됨.

경계 손실을 계산하기 위해, 세분화 맵의 기울기 크기를 희생하고 3 × 3 필터를 사용하는 소벨 연산자를 사용함.

이후 tanh 활성화 함수를 적용함.

소벨 연산자는 이미지의 경계와 비경계 영역의 차이를 효과적으로 구분함. 수식은 다음과 같음:

$$G_x = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -2 & 0 & 2 \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix}, \quad G_y = \begin{bmatrix} 1 & 2 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & -1 \end{bmatrix}$$

기울기 크기는 다음과 같이 계산됨:

$$G = \sqrt{G_x^2 + G_y^2}$$

각도는 다음과 같이 계산됨:

$$\theta = \tanh\left(\frac{G_y}{G_x}\right)$$

소벨 연산자는 경계 영역에 특별한 주의를 기울여 학습 단계를 실행하기 위해 경계와 비경계 영역의 값을 별도로 계산함. 경계 영역의 손실 값에 가중치를 추가하여 더 정확한 학습 단계를 수행함. 경계 손실 함수는 다음과 같이 계산됨:

$$\text{Boundary loss} = 1 - \frac{2|S \cap \hat{S}_j|}{|S| + |\hat{S}_j|}$$

여기서 교차 연산은 점별 곱셈 연산자로 구현됨.

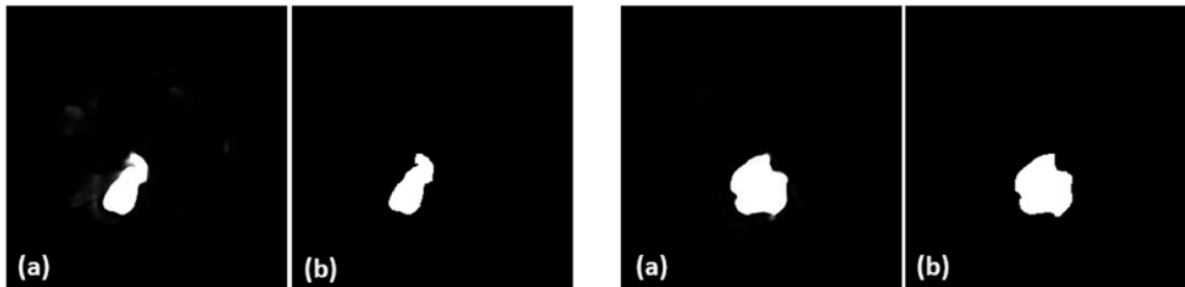


Fig. 9. Two samples showing post processing effect: (a) predicted mask, and (b) image after mask post-processing.

(a) 예측된 마스크

(b) 후처리 된 마스크

3.5. Image post-processing (이미지 후처리)

후처리 단계에서는 형태학적 변환과 간단한 임계값 기법을 사용함.

형태학적 기법은 입력 이미지의 형태에 따라 노이즈를 줄이는 데 도움을 주며, 이는 이미지의 팽창과 침식의 차이를 통해 이루어짐.

간단한 임계값 기법은 특정 임계값을 기준으로 픽셀을 예측된 마스크 또는 배경으로 분류하는 방식임.

이러한 기법들은 작은 잘못된 양성 값과

가장자리에 있는 블룸을 제거하여

최종 예측 출력을 생성하는 데 사용됨.

후처리 과정을 거친 후 종양 조직 이미지가 더욱 선명하고 뚜렷하게 나타남.

3.5. Image post-processing

A morphological transformation and a simple thresholding technique are used in the final stage of the proposed framework. Based on the form of the input picture, a morphological gradient helps to reduce noise. Its action represents the differential between image dilation and erosion. The simple thresholding technique, defined as: $f(x, y) > t$, where t is a threshold value, is used to classify the pixel as either a predicted mask or a background pixel.

These techniques are used to remove small false positive values and blobs around the edges in order to produce a final predicted output (Biratu, Schwenker, Ayano, & Debelee, 2021; Magadza & Viriri, 2021) as a final step in which predicted masks are further processed (see Fig. 9). Tumor tissue images are clearly focused and defined after post-processing, as demonstrated.

4. 실험 결과

실험 결과에서는 제안한 Edge U-Net 뇌 종양 분할 프레임워크의 성능과 효과성을 평가하기 위해 여러 가지 지표를 사용함. 프레임워크는 Cheng et al.의 데이터셋과 다른 데이터셋에서 훈련 및 테스트됨. 실험 중 두 가지 주요 질문을 조사함. 첫 번째는 제안한 Edge U-Net 프레임워크와 전처리 작업을 기존의 최첨단 모델들과 비교한 것이고, 두 번째는 제안한 EGB 모듈과 손실 함수의 구성을 평가하여 더 정확한 분할 결과를 생성하는지를 확인한 것임.

4.1. Implementation details

- Edge U-Net 모델은 TensorFlow와 Keras 백엔드를 사용하여 구축됨.
- 실험은 Google Colaboratory의 NVIDIA Tesla P100 -PCIE GPU와 32.0 GB RAM에서 수행됨.
- 학습 과정에 Adam 옵티마이저 사용, 초기 학습률 0.0001, $\beta_1=0.9$, $\beta_2=0.999$, $\epsilon=1e-08$ 설정.
- 학습률은 플래토에 접근할 때 0.1씩 감소.
- 모델 파라미터는 8개의 미니 배치로 업데이트, 최대 훈련 에폭 수는 150으로 설정.

- 이미지 픽셀 강도 값의 복잡성을 피하기 위해 정규화 수행.
- 픽셀 스케일 값을 (0-255)에서 (0-1)로 조정하여 이미지 복잡성 최소화.
- 데이터셋의 MRI 이미지는 256×256 픽셀로 리사이즈.
- 데이터셋은 약 90%를 훈련 그룹, 10%를 테스트 그룹으로 무작위 분할.

4.2. Evaluation metrics (평가 매트릭스)

- 평가 지표: Edge U-Net 모델의 효과성을 평가하기 위해 10가지 일반적인 세분화 지표 사용.
- 주요 지표: Dice 점수(Dice)와 Jaccard 지수(Jac).
 - $\text{Dice} = \frac{2 \cdot Tp}{2 \cdot Tp + Fp + Fn} \quad (11)$
 - $\text{Jac} = \frac{Tp}{Tp + Fp + Fn} \quad (12)$
- 추가 지표: 픽셀 단위의 특이도(Specificity), 민감도(Sensitivity), 정확도(Accuracy).
 - 민감도 = $\frac{Tp}{Tp + Fn} \quad (13)$
 - 특이도 = $\frac{Tn}{Tn + Fp} \quad (14)$
 - 정확도 = $\frac{Tp + Tn}{Tp + Tn + Fn + Fp} \quad (15)$
- 기타 지표: 정밀도(Precision), 곡선 아래 면적(AUC), Cohen의 Kappa(Kappa), Matthew의 상관 계수(MCC), 평균 하우스도르프 거리(AHD).
 - 정밀도 = $\frac{Tp}{Tp + Fp} \quad (16)$
 - $\text{AUC} = 1 - 0.5 \left(\frac{Fp}{Fp + Tn} + \frac{Fn}{Fn + Tp} \right) \quad (17)$
 - $\text{Kappa} = \frac{(Tn + Fn)(Tn + Fp) + (Fp + Tp)(Fn + Tp)}{Tp + Tn + Fn + Fp} \quad (18)$
 - $\text{MCC} = \frac{(Tp \cdot Tn) - (Fp \cdot Fn)}{\sqrt{(Tp + Fp)(Tp + Fn)(Tn + Fp)(Tn + Fn)}} \quad (19)$
 - $\text{AHD} = \frac{1}{N} \sum_{a \in A} \min_{b \in B} \|a - b\| \quad (20)$
- 주요 값:
 - True Positive (Tp): 모델이 종양 존재를 올바르게 예측한 샘플 수.

- True Negative (Tn): 모델이 종양 부재를 올바르게 예측한 샘플 수.
 - False Positive (Fp): 모델이 종양 존재를 잘못 예측한 샘플 수.
 - False Negative (Fn): 모델이 종양 부재를 잘못 예측한 샘플 수.
- Dice와 Jaccard 지표가 가장 중요한 세분화 지표로 간주됨.

A. M. Gab Allah et al.

Expert Systems With Applications 213 (2023) 118833

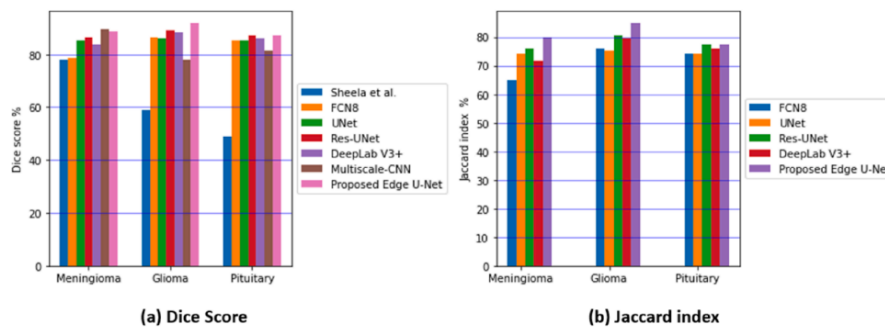


Fig. 10. Dice and Jac index for compared models ((Sheela & Suganthi, 2019), FCN8, U-Net, Res-UNet, DeepLab V3+, Multiscale-CNN (Díaz-Pernas et al., 2021), and Proposed Edge U-Net model).

다이스 지수와 자카드 지수 비교

여러 종양에 대해서 제안된 모델이 좋은 성능을 보이고 있다.

4.3 최신 방법과의 비교

이 섹션에서는 제안된 Edge U-Net 모델을 Cheng et al. (2015) 데이터셋을 사용하여 여러 최신 방법들과 비교함. 이 비교를 통해 Edge U-Net 모델의 성능을 평가하고, 모델의 견고성을 확인하기 위해 다른 데이터셋에서도 제안된 모델(Edge U-Net)을 다른 모델들과 비교함.

이러한 비교는 Edge U-Net의 성능이 다양한 상황에서도 일관되게 우수함을 입증하는 데 중요한 역할을 함.

4.3.1 데이터셋 실험 결과

- Meningiomas의 경우 Dice 88.8%, Jac 79.85%로 다른 모델들보다 높은 성능.
-
- DeepLab V3+, Res-UNet, U-Net, FCN8과 비교 시, 각각 Dice와 Jac 점수에서 큰 차이.
-
- Multiscale-CNN 모델은 Edge U-Net보다 0.6% 높은 Dice 기록.
-
- Gliomas에서 Edge U-Net, Res-UNet과 비교 시 Dice 2.6%, Jac 4.33% 차이.
-
- Pituitary tumors에서도 Edge U-Net이 가장 높은 Dice (87.28%)와 Jac (77.43%) 기록.
-
- Sobhaninia et al. (2020) 모델은 80.03% Dice로 개선 가능하지만 Edge U-Net이 더 우수.
-
- Sheela & Suganthi (2019) 연구는 meningiomas에서 Dice 78.0%, 낮은 민감도와 특이도 기록.
-
- El-Shafai et al. (2022) 연구는 Dice 35.18%, Jac 21.34%로 낮은 성능.
-
- Edge U-Net 모델, 다른 연구들에 비해 성능 지표가 월등히 높음.

Table 4
Comparison of sensitivity, specificity, accuracy, and precision between proposed model and state-of-arts methods on Cheng et al. dataset.

Methods	Metrics											
	Sensitivity (%)			Specificity (%)			Accuracy (%)			Precision (%)		
	Men.	Gli.	Pit.	Men.	Gli.	Pit.	Men.	Gli.	Pit.	Men.	Gli.	Pit.
FCN8 (Long et al., 2015)	74.26	91.24	80.2	99.62	99.11	99.75	99.0	98.77	99.21	74.26	91.24	80.68
U-Net (Ronneberger et al., 2015)	85.94	91.88	89.42	99.65	99.05	99.52	99.35	98.74	99.3	85.94	91.88	89.42
Res-UNet (Z. Zhang et al., 2018)	90.14	90.97	86.92	99.61	99.38	99.68	99.42	98.88	99.35	90.13	90.97	86.92
DeepLab V3+ (Chen et al., 2018)	89.77	91.47	89.68	99.51	99.29	99.57	99.32	98.95	99.34	89.77	91.46	91.68
Sheela et al. (Sheela & Suganthi, 2019)	67.0	51.0	44.0	87.0	88.0	87.0	–	–	–	–	–	–
Multiscale-CNN (Díaz-Pernas et al., 2021)	96.1	90.7	95.4	–	–	–	–	–	–	–	–	–
El-Shafai et al. (El-Shafai et al., 2022)	37.92*	96.19*	93.47*	32.81*	–	–	–	–	–	–	–	–
Proposed Edge U-Net	94.02	93.59	85.99	99.45	99.5	99.71	99.51	99.23	99.35	89.4	93.59	85.99

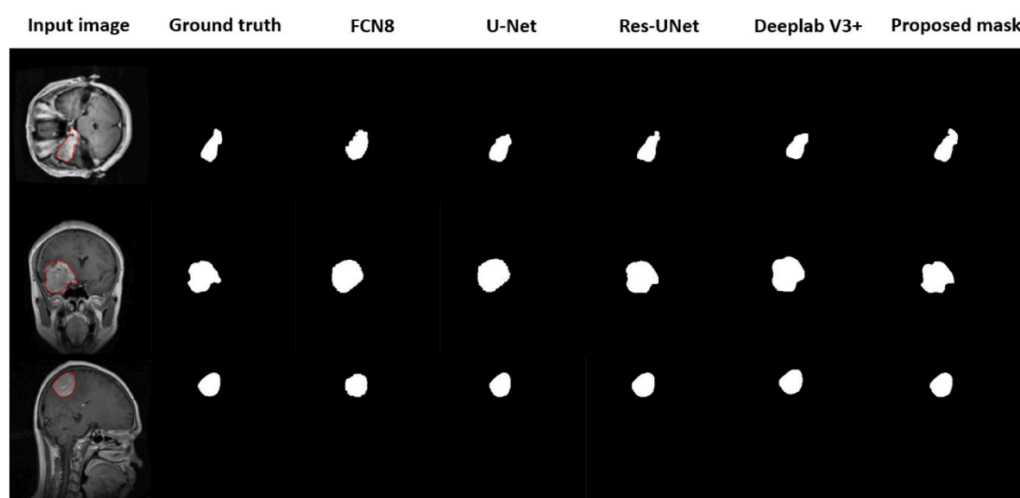
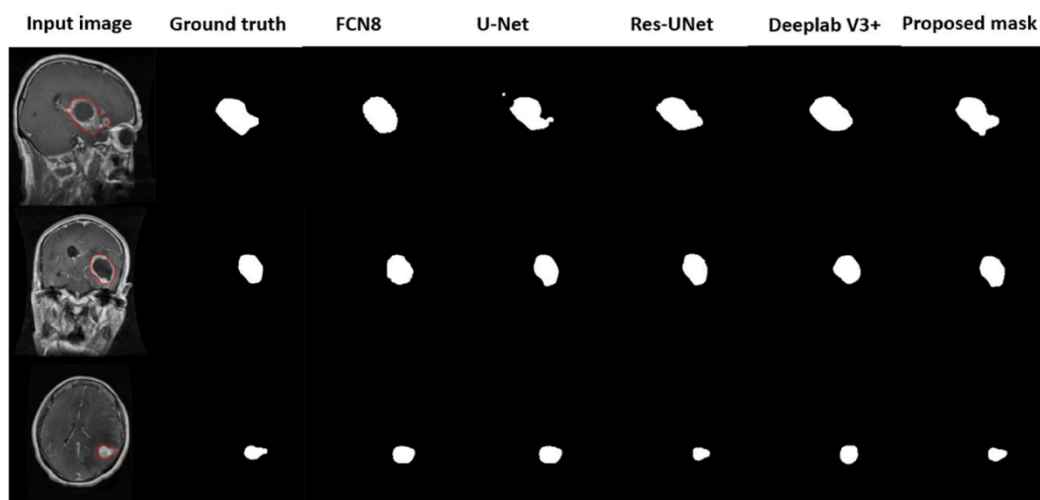
* The authors introduce the result for MRI without classify it.

Table 5

Comparison of MCC, AUC, Kappa, and AHD between proposed and state-of-arts methods on Cheng et al. dataset.

Methods	Metrics											
	MCC (%)			AUC (%)			Kappa (%)			AHD		
	Men.	Gli.	Pit.	Men.	Gli.	Pit.	Men.	Gli.	Pit.	Men.	Gli.	Pit.
FCN8 (Long et al., 2015)	78.26	85.81	84.94	91.45	90.76	94.85	78.12	85.68	84.79	10.63	16.12	8.25
U-Net (Ronneberger et al., 2015)	84.86	85.47	84.94	92.07	90.16	90.56	84.85	85.27	84.82	8.06	21.93	7.62
Res-UNet (Z. Zhang et al., 2018)	86.06	88.66	86.82	91.26	93.49	93.53	85.97	88.64	86.82	8.06	9.0	8.0
DeepLab V3+ (Chen et al., 2018)	83.47	87.99	82.24	89.0	92.66	87.15	83.26	87.94	81.78	16.03	8.94	8.06
(El-Shafai et al., 2022)	31.85*			–			–			–		
Proposed Edge U-Net	85.99	91.38	86.96	93.91	94.85	94.12	88.5	91.36	86.95	8.0	7.62	7.07

* The authors in (El-Shafai et al., 2022) introduced the result for MRI without classifying it.

**Fig. 11.** Samples of meningiomas tumor MRI segmentation for FCN8, U-Net, Res-UNet, Deeplab V3+, and proposed Edge U-Net model for three planes (Red contour is the ground truth label).**Fig. 12.** Samples of glioma tumor MRI segmentation for FCN8, U-Net, Res-UNet, Deeplab V3+, and proposed Edge U-Net model for three planes (Red contour is the ground truth label).

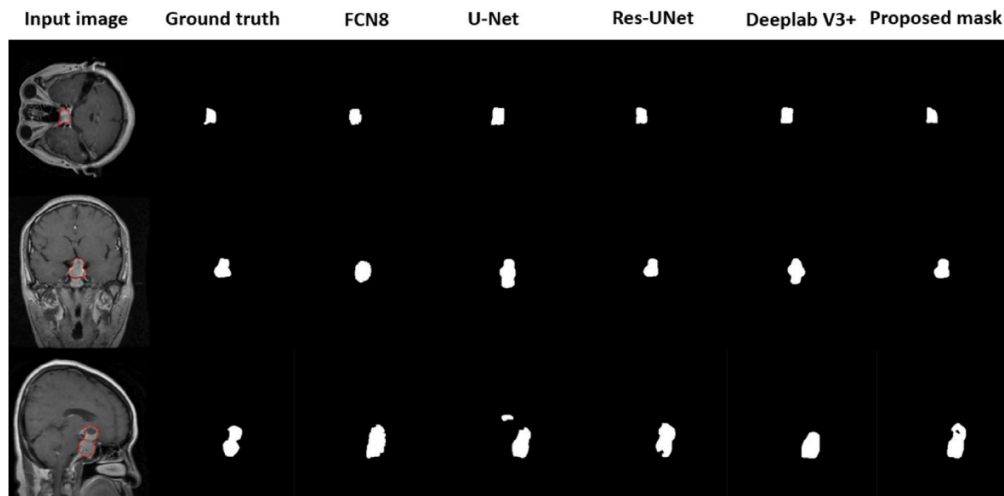


Fig. 13. Samples of pituitary tumor MRI segmentation for FCN8, U-Net, Res-UNet, DeepLab V3+, and proposed Edge U-Net model for three planes (Red contour is the ground truth label).

세그멘테이션 결과 : 다른 모델들 보다 실제 마스크에 가까운 모습을 보인다.

- 제안한 Edge U-Net 모델이 다른 모델들보다 종양 조직을 정상 및 병리적 뇌 조직과 구별하는데 더 뛰어남. 종양 경계를 효과적으로 따름.
- 민지오마에 대해 94.02%, 신경교종에 대해 93.59%, 뇌하수체 종양에 대해 85.99%의 높은 민감도와 각각 99.45%, 99.5%, 99.71%의 특이도를 기록함.
- 픽셀 식별 정확도는 민지오마 99.51%, 신경교종 99.23%, 뇌하수체 종양 99.35%로 가장 높음.
- MCC, AUC, Kappa, AHD와 같은 성능 지표에서 Edge U-Net이 최신 모델들보다 우수함. 단, 신경교종에 대해 Res-UNet이 0.07% 더 높음.
- AHD에서 가장 짧은 거리를 기록, 실제와의 정합성이 더 좋음을 나타냄.
- 시각적 비교 결과, Edge U-Net이 종양에 대한 레이블 맵을 효과적으로 생성하며 다른 뇌 조직의 오분류가 최소화됨.
- 모델의 효능 순위는 FCN8, U-Net, Res-UNet, DeepLab V3+ 순임.
- Edge U-Net의 특징 맵은 MRI 데이터의 경계 지원 덕분에 종양 탐지가 개선됨.

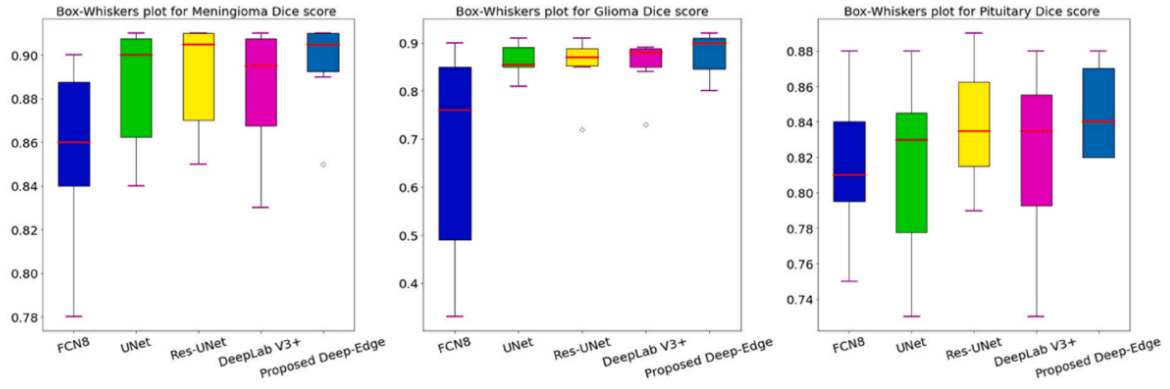


Fig. 14. Box-Whisker's plot for models Dice.

박스 휘스커 플롯

A. M. Gab Allah et al.

Expert Systems With Applications 213 (2023) 118833

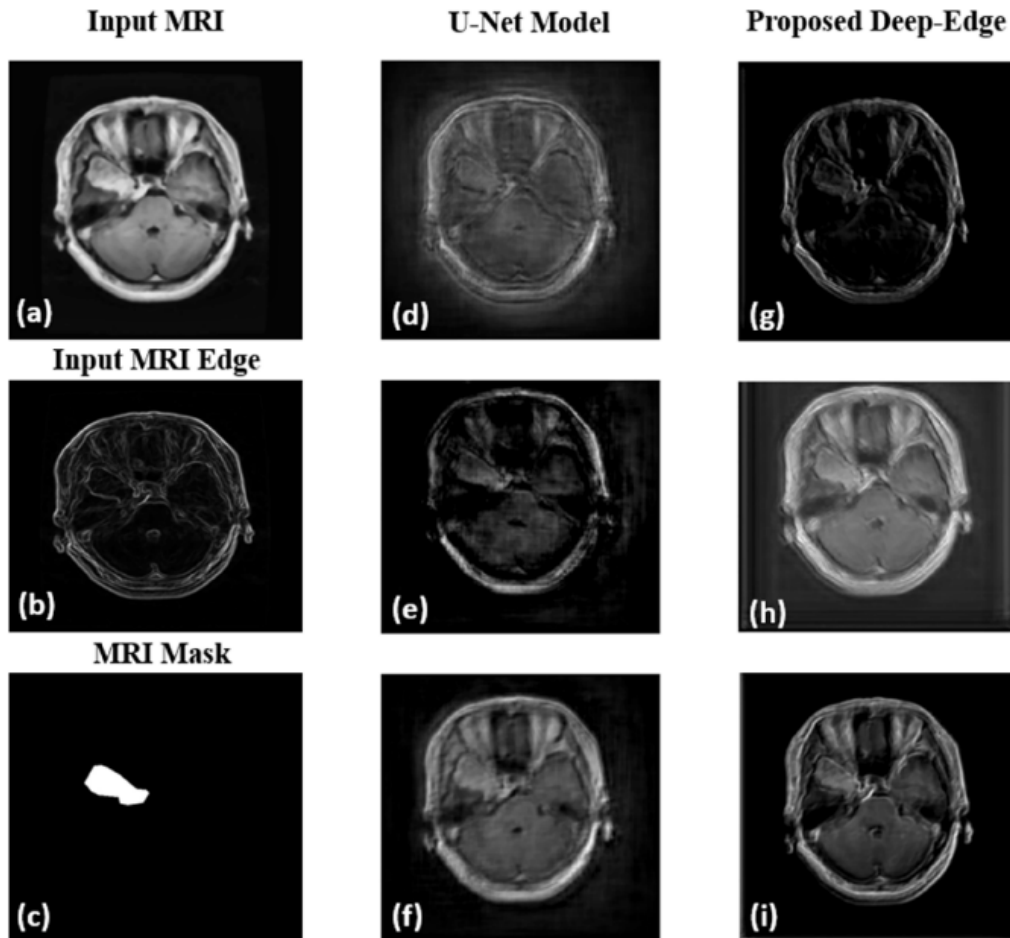


Fig. 15. Random selected feature maps of U-Net model and Proposed Edge U-Net for the same decoder block. (a) input MRI, (b) input MRI edge, (c), MRI mask, (d, e, f) feature maps of U-Net model, and (g, h, i) feature maps of proposed Edge U-Net model.

- (a) 입력 MRI: 모델에 입력으로 사용된 원본 MRI 이미지.

- **(b) 입력 MRI 엣지:** 입력 MRI 이미지의 엣지 정보, 즉 경계가 강조된 이미지.
- **(c) MRI 마스크:** 모델이 예측한 종양 영역을 나타내는 마스크 이미지.
- **(d, e, f) U-Net 모델의 특징 맵:** U-Net 모델에서 생성된 특징 맵들로, 종양 및 기타 구조를 나타내는 정보가 포함됨.
- **(g, h, i) 제안된 Edge U-Net 모델의 특징 맵:** Edge U-Net 모델에서 생성된 특징 맵들로, MRI 경계 정보가 더 잘 반영되어 종양 탐지 성능이 향상됨.

이 그림은 두 모델의 특징 맵을 비교하여 Edge U-Net이 MRI 경계 정보를 효과적으로 활용하여 종양 조직을 더 잘 식별하고 강조하는 모습을 보여줍니다.

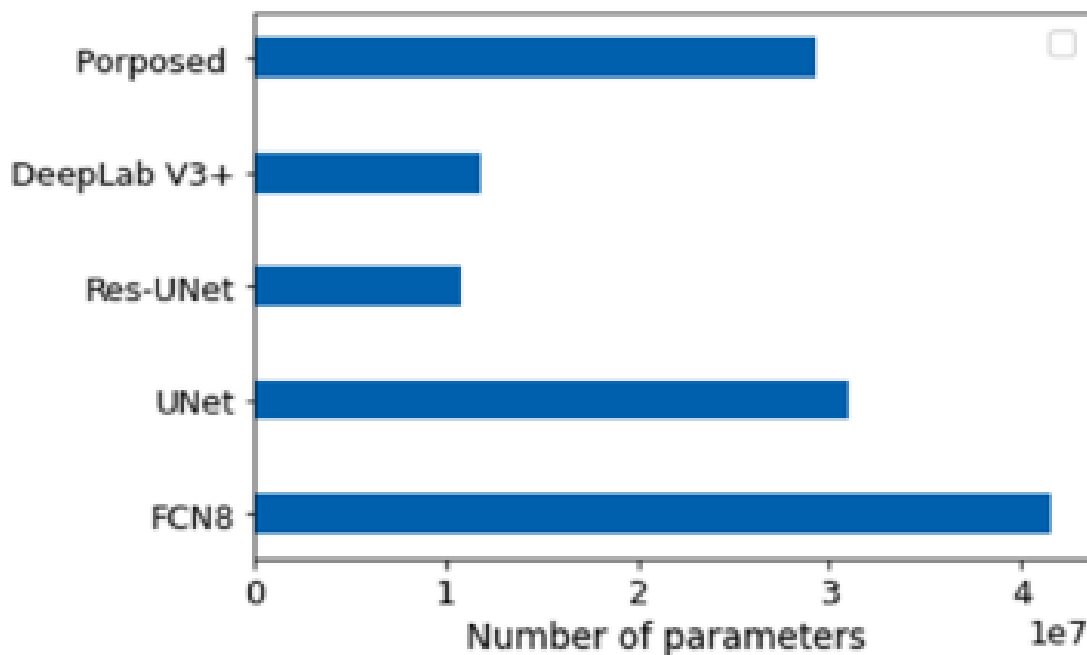


Fig. 16. The comparison of each state-of-the-art model's parameter numbers.

제안된 모델과 다른 모델들의 파라미터를 비교한 표

4.3.2 다른 데이터셋에서의 모델 비교

- **목적:** 뇌종양 세그멘테이션의 강 robustness 평가를 위해 제안된 Edge U-Net 모델의 성능을 최첨단 모델들과 비교.

- **데이터셋 분류:** 일부 뇌종양 데이터셋은 저급 신경교종(LGG)과 고급 신경교종(HGG)으로 분류됨.
 - 수막종과 뇌하수체 종양은 LGG로, 신경교종은 HGG로 재분류 필요 (Buchy et al., 2019; Gesperger et al., 2020; Streckert et al., 2019).
- **비교 결과:** Table 6에서 Dice, Jaccard(Jac) 계수 및 민감도(sensitivity) 포함한 다섯 개의 최근 모델과 Edge U-Net 모델 비교.
- **유용성 조사:** Edge U-Net 방법의 유용성을 다른 딥러닝 세그멘테이션 연구를 통해 확인.
 - (Kermi et al., 2018): U-Net 모델 기반 DCNN 사용, Weighted Cross Entropy(WCE) 및 Generalized Dice Loss(GDL) 적용.
 - (Shehab et al., 2021): 딥 레지듀얼 네트워크(ResNet) 기반 자동화된 뇌종양 세그멘테이션 기법 제안.
 - (Russo et al., 2022): 구면 좌표계를 사용하는 모델 연구, Dice 메트릭만 소개.
 - (Huang & Wan, 2022): U-Net 아키텍처 기반 새로운 잔여 학습 모델 구축, 스킵 연결 강화.
 - (Soleymanifard & Hamghalam, 2022): 다중 스케일 퍼지 C-평균(MsFCM) 이용한 뇌종양 조직 세그멘테이션 모델 제안, Edge U-Net보다 우수한 성능.
- **기타 연구 비교:** (Aboelenein et al., 2020; Micallef et al., 2021; Qin et al., 2022; Zhang et al., 2020)와 같은 연구들은 U-Net 모델 기반 뇌종양 세그멘테이션 모델을 제공, 종양 유형 분류 없이 보고됨.
 - 신뢰할 수 있는 비교를 위해 이 연구들의 결과를 Edge U-Net 모델과 비교.
 - Edge U-Net 모델은 Dice와 민감도 측면에서 다른 최첨단 세그멘테이션 모델보다 우수한 성능을 보임.

Table 6
Comparison of Dice and Jac for LGG and HGG between proposed and state-of-arts methods on different datasets.

Method	Dataset	Dice (%)		Jac (%)		Sensitivity (%)	
		LGG	HGG	LGG	HGG	LGG	HGG
(Kermi et al., 2018)	BRATS 2018	88.09	72.67	67.54	78.85	–	88.71
(Shehab et al., 2021)	BRATS 2015	79.04	89.87	68.18	82.1	94.41	93.47
(Russo et al., 2022)	BRATS 2016	88.4	90.7	–	–	–	–
	BRATS 2017						
(Soleymanifard & Hamghalam, 2022)	BRATS 2017	85.0	90.0	–	–	–	–
(Huang & Wan, 2022)	BRATS 2018	78.13	90.10	66.95	82.12	–	90.48
Proposed Edge U-Net	Cheng et al. (Cheng et al., 2015)	Men.: 88.8 Pit.: 87.28	GI.: 91.76	Men.: 79.85 Pit.: 77.43	GI.: 84.78	Men.: 94.02 Pit.: 85.99	GI.: 93.59

Table 7
Comparison of Dice between proposed and state-of-arts methods on different datasets.

Methods	Dataset	Dice (%)	Sensitivity (%)	Specificity (%)	Hausdorff95
(Zhang et al., 2020)	BRATS 2018	87.20	–	–	5.62
(Aboelenein et al., 2020)	BRATS 2018	86.50	88.3	99.9	7.53
(Qin et al., 2022)	BRATS 2018	88.77	91.51	–	–
(Micallef et al., 2021)	BRATS 2019	87.09	86.71	99.41	8.21
Proposed Edge U-Net	(Cheng et al., 2015)	Men.: 88.8 GI.: 91.76 Pit.: 87.28	Men.: 94.02 GI.: 93.59 Pit.: 85.99	Men.: 99.45 GI.: 99.5 Pit.: 99.71	–

4.4. Ablation studies (영향 평가 실험)

4.4.1. EGB 사용의 영향

- EGB가 포함된 Edge U-Net 모델과 EGB가 없는 모델을 비교.
- EGB 포함 모델: MRI 이미지의 경계와 일반 특징을 융합하여 종양 분할 성능 향상.
- EGB 미포함 모델: 경계 정보를 활용하지 않아 종양 인식에 한계.
- 두 모델의 성능 비교를 통해 EGB의 효과 평가.
- EGB 사용으로 인해 종양의 위치와 모양 인식이 더 정확해짐.

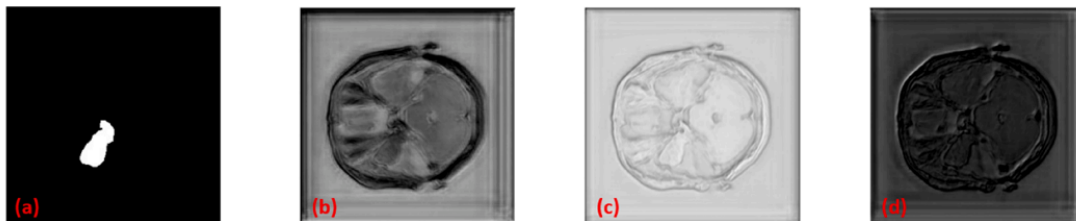


Fig. 17. Randomly selected feature maps for (a) Predicted mask, and (b, c, and d) present MRI feature map samples.

14

Fig. 17. 무작위로 선택된 특징 맵:

(a) 예측된 마스크,

(b), (c), (d) 현재의 MRI 특징 맵 샘플.

4.4.2 경험이 풍부한 방사선과 의사에 의한 시각적 비교

- 테스트 그룹에서 다양한 축(축상, 시상, 관상)의 이미지를 선택.
- 방사선과 의사에게 생성된 마스크의 정확성을 확인 요청.
- 제안된 모델과 데이터셋 마스크의 시각적 비교 진행.
- 제안된 모델이 데이터셋 마스크에 비해 더 높은 정확도의 분할 결과 생성.

- 종양 조직의 경계를 그릴 때 특히 좋은 결과 도출.
- 불규칙하고 복잡하며 흐릿한 경계를 가진 종양에 대한 마스크 생성에서 특히 높은 정확성 발휘.

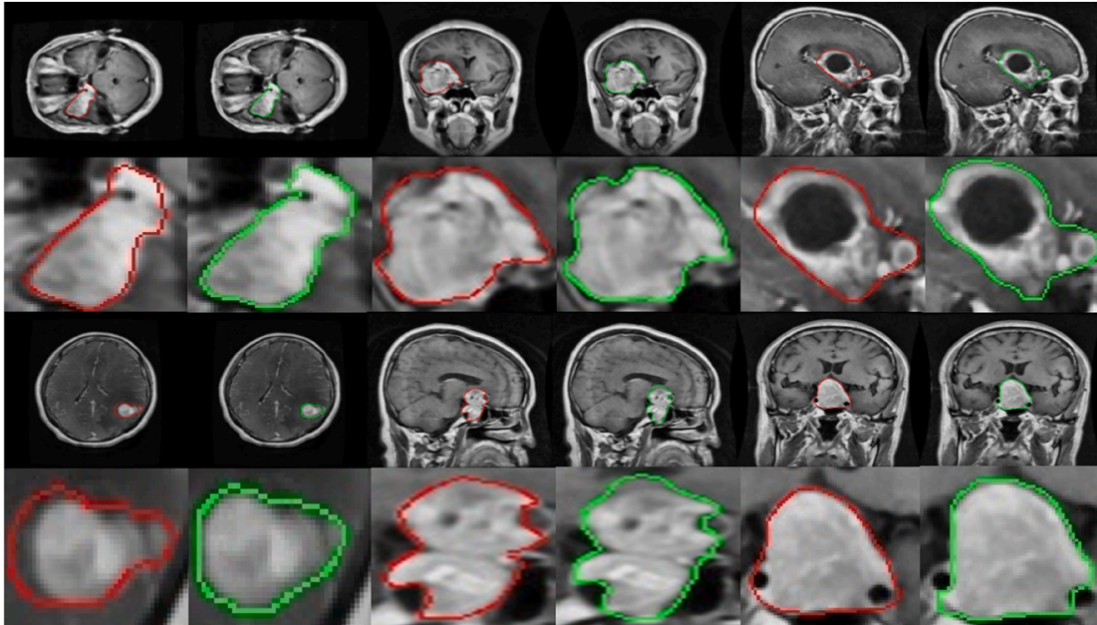


Fig. 18. Samples of brain tumor MRI segmentation (red: ground truth mask, green: proposed mask).

Fig. 18. 뇌 종양 MRI 분할 샘플: (빨간색: 실제 마스크, 초록색: 제안된 마스크).

4.4.3. 다양한 손실 함수 비교

- 제안된 Edge U-Net 모델을 다양한 손실 함수로 훈련.
- 사용한 손실 함수: 이진 교차 엔트로피 손실, 다이스 손실, 이진 교차 엔트로피와 경계 손실의 조합.
- 각 손실 함수 사용 시 모델 성능을 Table 8에 상세히 기술.
- 이진 교차 엔트로피 손실만 사용할 경우: 픽셀 단위 분류에만 집중.
- 이진 교차 엔트로피와 경계 손실의 조합 사용 시 최상의 성능 달성.
 - 최대 다이스: 수막종 88.8%, 교모세포종 91.76%, 뇌하수체 종양 87.28%.
 - 자크 계수: 수막종 79.85%, 교모세포종 84.78%, 뇌하수체 종양 77.43%.
- 결과는 이진 교차 엔트로피와 경계 손실을 함께 사용하는 것이 뇌 종양 분할에 가장 효과적임을 강하게 시사.
- 기타 성능 지표는 Table 8에 제시.

Table 8

Performance of the proposed framework using different loss functions.

Metric (%)	Meningioma			Glioma			Pituitary		
	Bin. loss	Bin. + Dice loss	Bin. + boundary Loss	Bin. loss	Bin. + Dice loss	Bin. + boundary Loss	Bin. loss	Bin. + Dice loss	Bin. + boundary Loss
Dice	88.03	87.04	88.8	89.08	89.49	91.76	87.14	85.76	87.28
Jac	78.62	77.07	79.85	80.31	80.99	84.78	77.22	75.01	77.43
Sensitivity	88.93	88.45	94.02	89.38	89.99	93.59	82.56	86.07	85.99
Specificity	99.71	99.68	99.45	99.44	99.45	99.5	99.8	99.62	99.71
Accuracy	99.47	99.43	99.51	98.97	99.01	99.23	99.31	99.29	99.35
Precision	88.92	88.44	89.4	89.38	89.99	93.59	82.56	86.07	85.99
AUC	93.45	92.72	94.85	94.12	94.26	94.85	95.88	92.54	94.12
MCC	87.76	86.77	85.99	88.54	88.98	91.38	86.94	85.39	86.96
Kappa	87.76	86.76	88.5	88.53	88.97	91.36	86.79	85.39	91.36
AHD	8.54	8.54	8.0	8.25	8.06	7.62	8.06	8.06	7.07

$$\text{Boundary loss} = 1 - \frac{2|S \cap \hat{S}_j|}{|S| + |\hat{S}_j|}$$

5. 결론

- 뇌 종양은 정상 뇌 조직과 달리 다양한 위치에 나타나고 예측할 수 없는 형태, 구조, 크기, 경계를 가짐.
- 가장 민감하고 구체적인 분할 방법 필요.
- 이 연구에서는 MRI 품질 개선을 위해 CLAHE 사용.
- Edge U-Net 학습 모델 기반 프레임워크 테스트.
- EGB 모듈이 이미지 경계 특징 사용해 Edge U-Net 모델의 디코더에 의미 정보 제공.
- 이미지 특징과 융합해 정보 손실 극복.
- 실험 결과, Edge U-Net 모델이 다른 모델들보다 우수한 성능 보임.
- Dice 점수: 수막종 88.8 %, 교모세포종 91.76 %, 뇌하수체 종양 87.28 %.
- 제안된 프레임워크 장점:
 1. 복잡한 경계를 가진 종양의 더 정확한 분할.
 2. 종양의 위치와 형태를 포함한 잘 분할된 방사선 이미지.
 3. 여러 유형의 뇌 종양에 대한 일반화 가능성 확인.
- 앞으로 Edge U-Net 모델을 다양한 뇌 종양에 적용할 계획.
- CAD 시스템 개선 위해 다양한 크기의 종양 MRI와 다른 데이터셋으로 모델 성능 평가 예정.

- 마지막으로, 분할 성능 향상을 위해 다른 경계 관련 알고리즘 사용 가능.

실험

References

- Abdel-Maksoud, E., Elmogy, M., & Al-Awadi, R. (2015). Brain tumor segmentation based on a hybrid clustering technique. *Egyptian Informatics Journal*, 16(1), 71–81.
- Aboelenein, N. M., Songhao, P., Koubaa, A., Noor, A., & Afifi, A. (2020). HTTU-Net: Hybrid Two Track U-Net for automatic brain tumor segmentation. *IEEE Access*, 8, 101406–101415.
- Al-Hadeethi, H., Abdulla, S., Diykh, M., & Green, J. H. (2021). Determinant of covariance matrix model coupled with adaboost classification algorithm for EEG seizure detection. *Diagnostics*, 12(1), 74.
- Almahfud, M. A., Setyawan, R., Sari, C. A., & Rachmawanto, E. H. (2018). In An Effective MRI Brain Image Segmentation using Joint Clustering (K-Means and Fuzzy C-Means) (pp. 11–16). IEEE.
- Alqazzaz, S., Sun, X., Yang, X., & Nokes, L. (2019). Automated brain tumor segmentation on multi-modal MR image using SegNet. *Computational Visual Media*, 5(2), 209–219.
- <https://doi.org/10.1007/s41095-019-0139-y>
- Anitha, V., & Murugavalli, S. (2016). Brain tumour classification using two-tier classifier with adaptive segmentation technique. *IET Computer Vision*, 10(1), 9–17.
- Arab, A., Chinda, B., Medvedev, G., Siu, W., Guo, H., Gu, T., ... Song, X. (2020). A fast and fully-automated deep-learning approach for accurate hemorrhage segmentation and volume quantification in non-contrast whole-head CT. *Scientific Reports*, 10(1), 1–12.
- Arabahmadi, M., Farahbakhsh, R., & Rezazadeh, J. (2022). Deep Learning for Smart Healthcare—A Survey on Brain Tumor Detection from Medical Imaging. *Sensors*, 22(5), 1960.
- Ayachi, R., & Ben Amor, N. (2009). In Brain tumor segmentation using support vector

machines (pp. 736–747). Springer.

Badrinarayanan, V., Kendall, A., & SegNet, R. C. (2015). A deep convolutional encoderdecoder architecture for image segmentation. ArXiv Preprint ArXiv:1511.00561, 5.

Bauer, S., Nolte, L.-P., & Reyes, M. (2011). In Fully automatic segmentation of brain tumor

images using support vector machine classification in combination with hierarchical conditional random field regularization (pp. 354–361). Springer.

Biratu, E. S., Schwenker, F., Ayano, Y. M., & Debelee, T. G. (2021). A survey of brain tumor segmentation and classification algorithms. *Journal of Imaging*, 7(9), 179.

Blessy, S. A., & Sulochana, C. H. (2015). Performance analysis of unsupervised optimal

fuzzy clustering algorithm for MRI brain tumor segmentation. *Technology and Health Care*, 23(1), 23–35.

Buchy, M., Lapras, V., Rabilloud, M., Vasiljevic, A., Borson-Chazot, F., Jouanneau, E., &

Raverot, G. (2019). Predicting early post-operative remission in pituitary adenomas: Evaluation of the modified knosp classification. *Pituitary*, 22(5), 467–475.

Chen, L.-C., Zhu, Y., Papandreou, G., Schroff, F., & Adam, H. (2018). Encoder-decoder

with atrous separable convolution for semantic image segmentation. In *Proceedings of the European Conference on Computer Vision (ECCV)* (pp. 801–818).

Cheng, J., Huang, W., Cao, S., Yang, R., Yang, W., Yun, Z., ... Feng, Q. (2015). Enhanced

performance of brain tumor classification via tumor region augmentation and partition. *PloS One*, 10(10), Article e0140381.

Debelee, T. G., Amirian, M., Ibenthal, A., Palm, G., & Schwenker, F. (2017). In *Classification of mammograms using convolutional neural network based feature extraction* (pp. 89–98). Springer.

Debelee, T. G., Kebede, S. R., Schwenker, F., & Shewarega, Z. M. (2020). Deep learning in

selected cancers' image analysis—a survey. *Journal of Imaging*, 6(11), 121.

Deng, G., & Cahill, L. W. (1993). In *An adaptive Gaussian filter for noise reduction and edge*

detection (pp. 1615–1619). IEEE.

Díaz-Pernas, F. J., Martínez-Zarzuela, M., Anton-Rodríguez, ' M., & Gonz'alez-Ortega, D.

(2021). A deep learning approach for brain tumor classification and segmentation using a multiscale convolutional neural network. *Healthcare*, 9(2), 153.

Multidisciplinary Digital Publishing Institute.

Ding, Y., Chen, F., Zhao, Y., Wu, Z., Zhang, C., & Wu, D. (2019). A stacked

multiconnection simple reducing net for brain tumor segmentation. *IEEE Access*, 7, 104011–104024.

El-Shafai, W., Mahmoud, A. A., El-Rabaie, E.-S.-M., Taha, T. E., Zahran, O. F., ElFishawy, A. S., ... Abd El-Samie, F. E. (2022). Hybrid Segmentation Approach for Different Medical Image Modalities. *CMC-COMPUTERS MATERIALS & CONTINUA*, 73(2), 3455–3472.

Frid-Adar, M., Diamant, I., Klang, E., Amitai, M., Goldberger, J., & Greenspan, H. (2018). GAN-based synthetic medical image augmentation for increased CNN performance in liver lesion classification. *Neurocomputing*, 321, 321–331.
<https://doi.org/10.1016/j.neucom.2018.09.013>

Gab Allah, A. M., Sarhan, A. M., & Elshennawy, N. M. (2021). Classification of Brain MRI Tumor Images Based on Deep Learning PGGAN Augmentation. *Diagnostics*, 11(12), 2343.

Gesperger, J., Lichtenegger, A., Roetzer, T., Salas, M., Eugui, P., Harper, D. J., ... Mercea, P. A. (2020). Improved diagnostic imaging of brain tumors by multimodal microscopy and deep learning. *Cancers*, 12(7), 1806.

Goodfellow, I., Bengio, Y., & Courville, A. (2016). *Deep learning*. MIT press.

Gupta, G. (2011). Algorithm for image processing using improved median filter and comparison of mean, median and improved median filter. *International Journal of Soft Computing and Engineering (IJSCE)*, 1(5), 304–311.

Haj-Hosseini, N., Milos, P., Hildesjo, " C., Hallbeck, M., Richter, J., & Wårdell, K. (2016). Fluorescence spectroscopy and optical coherence tomography for brain tumor detection. *SPIE Photonics Europe, Biophotonics: Photonic Solutions for Better Health Care*. Brussels, Belgium: SPIE-International Society for Optical Engineering.

Havaei, M., Davy, A., Warde-Farley, D., Biard, A., Courville, A., Bengio, Y., ... Larochelle, H. (2017). Brain tumor segmentation with deep neural networks. *Medical Image Analysis*, 35, 18–31.

Hesamian, M. H., Jia, W., He, X., & Kennedy, P. (2019). Deep learning techniques for medical image segmentation: Achievements and challenges. *Journal of Digital Imaging*, 32(4), 582–596.

Huang, C., & Wan, M. (2022). Automated segmentation of brain tumor based on improved U-Net with residual units. *Multimedia Tools and Applications*, 81(9), 12543–12566.

Irwin, F. G. (1968). An isotropic 3×3 image gradient operator. Presentation at Stanford AI Project, 2014(02).

Isin, A., Direkoglu, C., & Sah, M. (2016). Review of MRI-based brain tumor image segmentation using deep learning methods. *Procedia Computer Science*, 102, 317–324.

Jadon, S. (2020). In A survey of loss functions for semantic segmentation (pp. 1–7). IEEE.

Kaur, N., & Sharma, M. (2017). In Brain tumor detection using self-adaptive K-means clustering (pp. 1861–1865). IEEE.

Kaya, I. E., Pehlivanlı, A.Ç., Sekizkardes, E. G., & Ibrikci, T. (2017). PCA based clustering for brain tumor segmentation of T1w MRI images. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 140, 19–28.

Kebede, S. R., Debelee, T. G., Schwenker, F., & Yohannes, D. (2020). Classifier based breast cancer segmentation. *Journal of Biomimetics, Biomaterials and Biomedical Engineering*, 47, 41–61. Trans Tech Publ.

Kermi, A., Mahmoudi, I., & Khadir, M. T. (2018). Deep convolutional neural networks using U-Net for automatic brain tumor segmentation in multimodal MRI volumes. *International MICCAI Brainlesion Workshop*, 37–48. Springer.

Kim, Y.-T. (1997). Contrast enhancement using brightness preserving bi-histogram equalization. *IEEE Transactions on Consumer Electronics*, 43(1), 1–8.

Krishnakumar, S., & Manivannan, K. (2021). Effective segmentation and classification of brain tumor using rough K means algorithm and multi kernel SVM in MR images. *Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing*, 12(6), 6751–6760.

A. M. Gab Allah et al. *Expert Systems With Applications* 213 (2023) 118833

Li, H., Li, A., & Wang, M. (2019). A novel end-to-end brain tumor segmentation method using improved fully convolutional networks. *Computers in Biology and Medicine*, 108, 150–160.

Long, J., Shelhamer, E., & Darrell, T. (2015). Fully convolutional networks for semantic segmentation. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* (pp. 3431–3440).

Luo, Z., Mishra, A., Achkar, A., Eichel, J., Li, S., & Jodoin, P.-M. (2017). Non-local deep features for salient object detection. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* (pp. 6609–6617).

Ma, C., Luo, G., & Wang, K. (2018). Concatenated and connected random forests with

multiscale patch driven active contour model for automated brain tumor segmentation of MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 37(8), 1943–1954.

Magadza, T., & Viriri, S. (2021). Deep learning for brain tumor segmentation: A survey of state-of-the-art. *Journal of Imaging*, 7(2), 19.

Maji, D., Sigedar, P., & Singh, M. (2022). Attention Res-UNet with Guided Decoder for semantic segmentation of brain tumors. *Biomedical Signal Processing and Control*, 71, Article 103077.

Megersa, Y., & Alemu, G. (2015). Brain tumor detection and segmentation using hybrid intelligent algorithms. *AFRICON 2015*, 1–8. IEEE.

Menze, B. H., Jakab, A., Bauer, S., Kalpathy-Cramer, J., Farahani, K., Kirby, J., ... Wiest, R. (2014). The multimodal brain tumor image segmentation benchmark (BRATS). *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 34(10), 1993–2024.

Micallef, N., Seychell, D., & Bajada, C. J. (2021). Exploring the U-Net++ Model for Automatic Brain Tumor Segmentation. *IEEE Access*, 9, 125523–125539.

Milletari, F., Navab, N., & Ahmadi, S.-A. (2016). In V-net: Fully convolutional neural networks for volumetric medical image segmentation (pp. 565–571). IEEE.

Müller, D., Hartmann, D., Meyer, P., Auer, F., Soto-Rey, I., & Kramer, F. (2022). MISEval: A Metric Library for Medical Image Segmentation Evaluation. *ArXiv Preprint. ArXiv: 2201.09395*.

Mumford, D. B., & Shah, J. (1989). Optimal approximations by piecewise smooth functions and associated variational problems. *Communications on Pure and Applied Mathematics*.

Nyúl, L. G., Udupa, J. K., & Zhang, X. (2000). New variants of a method of MRI scale standardization. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 19(2), 143–150.

Pereira, S., Pinto, A., Alves, V., & Silva, C. A. (2016). Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in MRI images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 35(5), 1240–1251.

Prima, S., Ayache, N., Barrick, T., & Roberts, N. (2001). In Maximum likelihood estimation of the bias field in MR brain images: Investigating different modelings of the imaging process (pp. 811–819). Springer.

Qin, C., Wu, Y., Liao, W., Zeng, J., Liang, S., & Zhang, X. (2022). Improved U-Net3+ with stage residual for brain tumor segmentation. *BMC Medical Imaging*, 22(1), 1–15.

Ricci, P. E., & Dungan, D. H. (2001). Imaging of low-and intermediate-grade gliomas. *Seminars in Radiation Oncology*, 11(2), 103–112. Elsevier.

Ronneberger, O., Fischer, P., & Brox, T. (2015). In U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation (pp. 234–241). Springer.

Russo, C., Liu, S., & Di Ieva, A. (2022). Spherical coordinates transformation preprocessing in Deep Convolution Neural Networks for brain tumor segmentation in MRI. *Medical & Biological Engineering & Computing*, 60(1), 121–134.

Sajid, S., Hussain, S., & Sarwar, A. (2019). Brain tumor detection and segmentation in MR images using deep learning. *Arabian Journal for Science and Engineering*, 44(11), 9249–9261.

Sheela, C. J. J., & Suganthi, G. (2019). Automatic brain tumor segmentation from MRI using greedy snake model and fuzzy C-means optimization. *Journal of King Saud University-Computer and Information Sciences*.

Shehab, L. H., Fahmy, O. M., Gasser, S. M., & El-Mahallawy, M. S. (2021). An efficient brain tumor image segmentation based on deep residual networks (ResNets). *Journal of King Saud University-Engineering Sciences*, 33(6), 404–412.

Simonyan, K., & Zisserman, A. (2014). Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *ArXiv Preprint. ArXiv:1409.1556*.

Sobhaninia, Z., Rezaei, S., Karimi, N., Emami, A., & Samavi, S. (2020). In Brain tumor segmentation by cascaded deep neural networks using multiple image scales (pp. 1–4). IEEE.

Soleymanifard, M., & Hamghalam, M. (2022). Multi-stage glioma segmentation for tumour grade classification based on multiscale fuzzy C-means. *Multimedia Tools and Applications*, 81(6), 8451–8470.

Streckert, E. M. S., Hess, K., Sporns, P. B., Adeli, A., Brokinkel, C., Kriz, J., ... Spille, D. C. (2019). Clinical, radiological, and histopathological predictors for long-term prognosis after surgery for atypical meningiomas. *Acta Neurochirurgica*, 161(8), 1647–1656.

Sun, L., Ma, W., Ding, X., Huang, Y., Liang, D., & Paisley, J. (2019). A 3D spatially weighted network for segmentation of brain tissue from MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 39(4), 898–909.

Thaha, M. M., Kumar, K., Murugan, B. S., Dhanasekeran, S., Vijayakarthish, P., Selvi, A. S., ... Roy, S. (2019). Brain tumor segmentation using convolutional neural networks in MRI images. *Journal of Medical Systems*, 43(9), 1–10.
<https://doi.org/10.1007/978-3-319-24574-4>

Tu, Z., Ma, Y., Li, C., Tang, J., & Luo, B. (2020). Edge-guided non-local fully convolutional network for salient object detection. *IEEE Transactions on Circuits and*

Systems for Video Technology, 31(2), 582–593.

Tustison, N. J., Avants, B. B., Cook, P. A., Zheng, Y., Egan, A., Yushkevich, P. A., & Gee, J. C. (2010). N4ITK: Improved N3 bias correction. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 29(6), 1310–1320.

Wang, P., & Chung, A. C. S. (2022). Relax and focus on brain tumor segmentation. *Medical Image Analysis*, 75, Article 102259.

[https://doi.org/10.1016/j.](https://doi.org/10.1016/j.media.2021.102259)

[media.2021.102259](https://doi.org/10.1016/j.media.2021.102259)

Wang, X., Yu, K., Dong, C., & Loy, C. C. (2018). Recovering realistic texture in image super-resolution by deep spatial feature transform. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* (pp. 606–615).

Wulandari, A., Sigit, R., & Bachtiar, M. M. (2018). Brain tumor segmentation to calculate

percentage tumor using MRI. *2018 International Electronics Symposium on Knowledge*

Creation and Intelligent Computing (IES-KCIC), 292–296. IEEE.

Yu, X., Zhou, Q., Wang, S., & Zhang, Y. (2022). A systematic survey of deep learning in

breast cancer. *International Journal of Intelligent Systems*, 37(1), 152–216.

Zhang, J., Jiang, Z., Dong, J., Hou, Y., & Liu, B. (2020). Attention gate resU-Net for automatic MRI brain tumor segmentation. *IEEE Access*, 8, 58533–58545.

Zhang, Z., Liu, Q., & Wang, Y. (2018). Road extraction by deep residual u-net. *IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters*, 15(5), 749–753.

Zuiderveld, K. (1994). Contrast limited adaptive histogram equalization. *Graphics Gems*,

474–485.