고대구로

AIRECIST 개발과정

I. 세부내용

융합 인공지능 'TIIMRADAR' 개발과정

TIIMPATH

TIIMRADAR

AIRECIST

영상 인공지능

- CT영상데이터분석
- 항암치료반응평가정보제공
- 시작품정확도91.1%

혈액 인공지능

- 혈액면역데이터분석
- 면역세포침윤정보분석후정보제공
- 시작품정확도86.7%

융합 인공지능

- 혈액 및 영상 데이터 융합 분석
- 면역항암제 동반진단 모니터링 정보 제공

Dr.Al

- 시계열상면역데이터세부
 수치예측기술
- 팀바이오데이터 적용정확도 **93.4**%

최적치료경로예측 솔루션

- 혈액,영상데이터 및 환자 과거 치료정보데이터 융합 분석
- 환자대상치료경로예측, 추천정보제공

Dr.PATH

- 환자상태예측지능을통한치료경로 추천기술
- 팀바이오데이터 적용 정확도 **93**%

I. 세부내용

영상 인공지능 'AIRECIST' 기술 개발 LesionXUNet Lesion 시계열 CT 데이터 **Preprocessing** CT 정합 **Segmentation** Model nnUnetv2 Model VoxelMorph 폐 종양 데이터 · 개인/민감 정보 익명화 처리 수행 · dicom 파일을 Nifti 파일로 변환 · MSD 63건 (Open Dataset) · 인공지능이 CT 영상 이미지 내 병변을 · 이전 촬영 CT와 현재 촬영 CT 간 같은 (CT를 학습 시킬 수 있는 확장자로 변경) · LNDb 230건 (Open Dataset) 병변의 크기를 찾아 분석할 수 있도록 · CT값으로 사용하는 W2000 L-500 찾아서 정확하게 표시 · TIIMBIO 351건 (자체보유 데이터) Hounsfield unit으로 변경 정합 진행 탐색임상을 통한 환자 데이터 200건 확보 ・노이즈 제거와 이미지 품질 개선을 위해 ㆍ동일 병변 탐색을 위해 촬영 시점이 Mean filter와 Gaussian Filter 적용 다른 2가지 CT의 축을 맞춤 동일병변 탐색 RECIST 판단 임상시험 및 인허가 RECIST 1.0 시장 진출 **Method Normalized** RECIST 1.1 cross correlation **Total Tumor Volume** · 정합 모델에서 추출된 Moved Time Series CT 데이터에서 Affine matrix · 국제 표준 규격에 따라 PD, PR, CR, SD판별 를 Nomalized cross correlation을 · RECIST 1.0, 1.1, TTV 결과 비교 통해 동일 병변 추출 · 예측 결과 치 환자에게 제공

고형암 병변 발견 알고리즘 nnUNet

2D (Dicom) → 3D (NifTI)

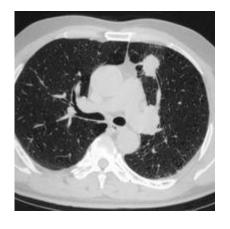


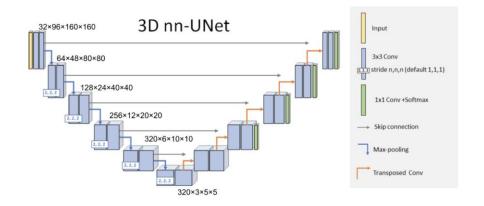


Table 1: Cross validation results for semi-automated segmentation (IoU)

test	3D	3D	2D
slices	w/o BN	with BN	with BN
subset 1	0.822	0.855	0.785
subset 2	0.857	0.871	0.820
${\rm subset}\ 3$	0.846	0.863	0.782
average	0.842	0.863	0.796

부가 설명

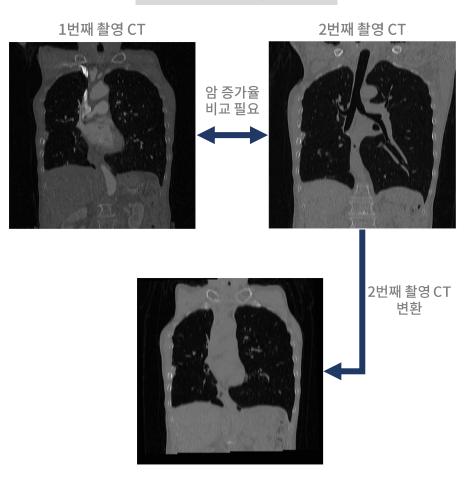
- 2차원 이미지인 Dicom 파일을 3차원 파일 형식인 NifTi 포맷으로 변 경하여 병변 탐색
- 병변을 찾는 대표 알고리즘은 Unet에서도 이미지를 2D 분석하는 경 우보다 3D 분석 하는 경우 정확도가 더 높은 것으로 파악됨
- Dicom의 Header 파일(CT에 대한 정보)에 있는 정보에 slice thickness, x축 길이 y축 길이, z 축 길이 등의 정보를 가지고 3D 형식 으로 변환 가능
- CT 이미지 내의 검은색 배경 부분을 0 암 병변 위치를 1로 labeling 하여 병변 탐색을 진행하였으며 정확도 85% 달성



I. 세부내용

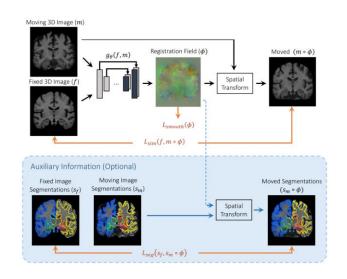
동일병변 탐색의 유효성 향상을 위한 정합 모델

VoxelMorph



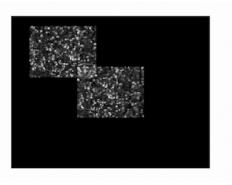
부가 설명

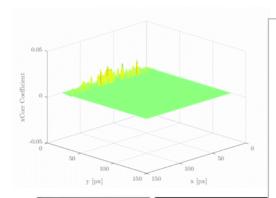
- 같은 자리에 있는 병변의 크기 비교를 위해 다른 시점의 CT를 동일하 게 만들어주는 알고리즘이 필요
- encoder, decoder, skip connections로 구성된 UNet기반의 CNN
- 정합을 진행하는 다른 알고리즘은 수 십분에서 수 시간이 걸리는 연산 시간을 수 분에서 몇 초 이내로 줄인 알고리즘을 사용
- 2번째 촬영의 CT 모양을 1번째 촬영의 CT와 비슷하게 재구성

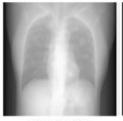


II. 해결방안 및 세부내용

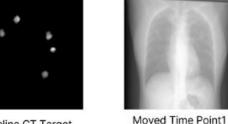
동일 병변 탐색: Normalized Cross Correlation













Baseline CT Baseline CT Target Lesion

Moved Time Point1 CT Target Lesion

Affine transformed Baseline CT Lesion

Baseline CT Lesion

CT

$$NCC(A,B) = ((A - \mu A) * (B - \mu B))/(\sigma A * \sigma B)$$

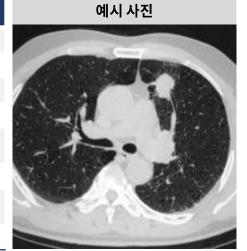
- 두 영상 데이터의 볼륨 유사성을 측정하는데 적 용할 수 있음
- 유사성은 얼마나 비슷한 위치, 비슷한 패턴을 가지고 있는지를 판단
- Volume 정보와 위치 정보 2개 모두 고려한 Cross correlation 식을 이용하여 동일 병변 인지 판단 진행
- 값은 -1부터 1까지의 범위를 가지고, 1은 완벽한 일치, -1은 반대, 0은 상관 관계가 없음

Ⅱ. 해결방안 및 세부내용

RECIST 1.0, Total Tumor Volume 판단

date	Total Volu me(m l)	Targe t Volu me(m l)	TTV	Targe t1	Key slice 1	Targe t2	Key slice 2	Targe t3	Key slice 3	Targe t4	Key slice 4	Targe t5	Key slice 5	Non target	New lesion	SUM	NADIR	Respo nse baseli ne(%)	Respo nse nadir(%)	Respo nse	Respo nse reaso n
2020 0915	941.2	941.2	Baseli ne	11.2	80	0	-	0	-	0	-	0	-	0	0	11.2	11.2	Baseli ne	Baseli ne	-	Baseli ne
2020 1126	667.4	667.4	SD : - 29.1 %	10.5	93	0	-	0	-	0	-	0	-	0	0	10.5	10.5	-6.2	0	SD	-
2021 0127	1159. 3	1159. 3	PD: 23.2 %	14.1	93	0	-	0	-	0	-	0	-	0	0	14.1	10.5	25.9	34.3	PD	respo nse(n adir) >20

RECIST 가이드라인	RECIST 1.0 평가 기준	RECIST 1.1 평가 기준
Target Legion A	한 기관 당 최대 5개	한 기관 당 최대 2개
Target Lesion 수	총 10개까지 가능	총 5개까지 가능
Target Lesion 기준	장축 기준 10mm 이상	장축 기준 10mm 이상
Lymph Node 평가	명확한 가이드라인이 제공되지 않음	단축 축 측정 사용 및 기록
PD (progressive disea se)	대상 병변 함계의 20% 증가 (절대 크기 증가 필요 없음)	대상 병변 장축의 함계 20% 증가와 5mm이상 증가 필요 혹은 새로운 병변
PR (partial response)	대상 병변 장축의 함계 30% 감소	대상 병변 장축의 함계 30% 감소
CR (complete respons e)	암의 증거가 모두 사라짐	암의 증거가 모두 사라짐
SD (stable disease)	위의 어느 것도 해당되지 않음	위의 어느 것도 해당되지 않음



Ⅱ. 해결방안 및 세부내용

RECIST 1.1, Total Tumor Volume 판단

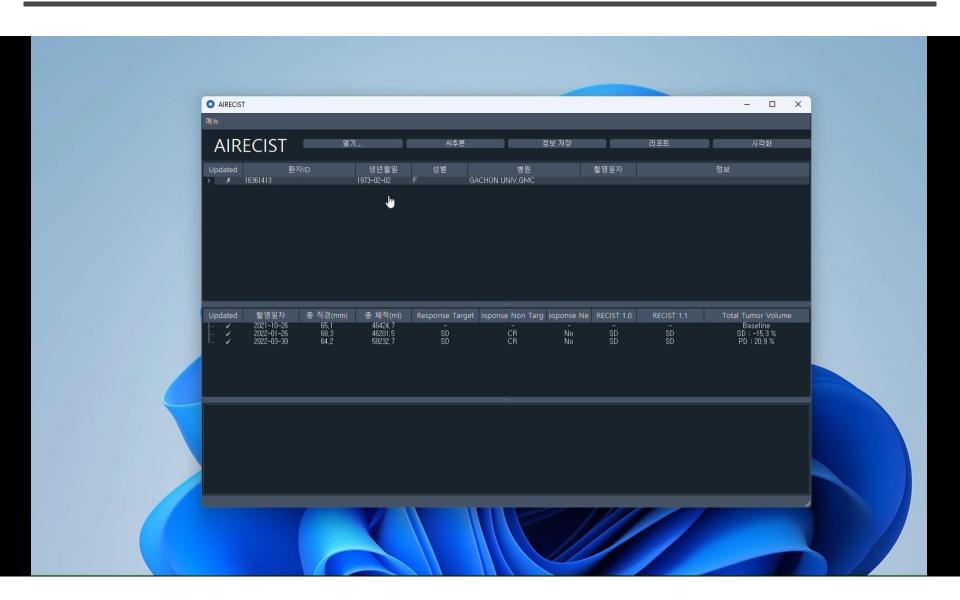
date	Total L esion Volume (ml)	Target Lesion Volume (ml)	Total L ymph Volume (ml)	Target Lymph Volume (ml)	TTV	Target 1(mm)	Key slice 1	Target 2(mm)	Key slice 2	Lymph 1(mm)	Lymph Key slic e 1	Lymph 2(mm)	Lymph Key slic e 2	Target(mm)	Non tar get(m m)	New lesion	Respon se Target	Respon se Non target	Respon se New	Overall respon se
20200 915	941.2	941.2	1285. 8	1285. 8	Baseli ne	11.2	80	0	-	11.3	63	0	-	22.5	0	0	-	-	-	-
20201 126	667.4	667.4	42.5	42.5	PR : - 68.1 %	10.5	93	0	-	4	66	0	-	14.5	0	0	PR	CR	No	PR
20210 127	1159. 3	1159. 3	1014. 2	1014. 2	SD : - 2.4 %	14.1	93	0	-	16.6	68	0	-	30.7	0	0	PD	CR	No	PD
20210 319	423.3	423.3	1330. 5	1330. 5	SD : - 21.2 %	8.8	91	0	-	21.6	67	0	-	30.4	0	0	PD	CR	No	PD

RECIST 가이드라인	RECIST 1.0 평가 기준	RECIST 1.1 평가 기준
Towart Losian A	한 기관 당 최대 5개	한 기관 당 최대 2개
Target Lesion 수	총 10개까지 가능	총 5개까지 가능
Target Lesion 기준	장축 기준 10mm 이상	장축 기준 10mm 이상
Lymph Node 평가	명확한 가이드라인이 제공되지 않음	단축 축 측정 사용 및 기록
PD (progressive disea se)	대상 병변 함계의 20% 증가 (절대 크기 증가 필요 없음)	대상 병변 장축의 함계 20% 증가와 5mm이상 증가 필요 혹은 새로운 병변
PR (partial response)	대상 병변 장축의 함계 30% 감소	대상 병변 장축의 함계 30% 감소
CR (complete respons e)	암의 증거가 모두 사라짐	암의 증거가 모두 사라짐
SD (stable disease)	위의 어느 것도 해당되지 않음	위의 어느 것도 해당되지 않음

예시 사진 (병변의 위치 대략 표시)









Ⅱ. 해결방안 및 세부내용

5. 시험결과

시험 항목별 시험 결과는 아래와 같다.(상세 시험 결과는 "<6. 시험기록>" 참고)

ID	시험항목	시험목표 및 기준	결과	
	폐암 분할	<시험목표> Dice Similarity Coefficient 0.85 이상	적합	
TC1	인공지능	<시험기준> 폐 종양 label에 대한 평균 Dice Similarity	(0.859470)	
	솔루션	Coefficient 확인	(0.033470)	
	RECIST 기준	<시험목표> Accuracy 91% 이상	적합	
TC2	분류 솔루션	<시험기준> RECIST 1.0, RECIST 1.1, Total tumor	(91.1%)	
	군뉴 출누선	솔루션 volume의 Accuracy(PR, PD, SD, CR) 평균 확인		

AI 바우처 시험 성적서



7 STA Global Testing Leader

- TC1 병변을 얼마나 잘 찾았는가
 - 1에 가까울수록 잘 찾은 것을 뜻함
 - 0.859470 합격
- TC2 PR,PD,SD,CR을 얼마나 잘 맞추었는가
 - 100에 가까울수록 잘 찾은 것을 뜻함
 - 91.1% 합격

감사합니다.

팀바이오