
뇌종양 이미지 검출 인공지능 학습모델 개발

Pusan National University
Computer Science and Engineering
Technical Report 2024-10



201924482 박지환

201924611 허진수

지도교수 감진규

목 차

1. 서론	1
1.1. 연구 배경	1
1.2. 기존 문제점	1
1.3. 연구 목표	2
2. 배경	3
2.1. 데이터 분석	5
2.2. 서버 구성	7
3. 연구 내용	8
3.1. Brain Tumor Segmentation 모델	8
3.1.1. 데이터 전처리	8
3.1.2. 모델 구조	10
3.2. 시각화	15
3.2.1. 시작 화면	15
3.2.2. 업로드 화면	15
3.2.3. 기본 화면	16
3.2.4. Segmentation overlay masking	17
4. 결과 분석 및 평가	17
5. 결론 및 향후 연구 방향	21
6. 개발 일정 및 역할 분담	21
7. 참고 문헌	22

1. 서론

1.1. 연구 배경

뇌종양은 뇌조직을 구성하는 뇌세포를 비롯해 뇌신경, 뇌수막 등에서 기원한 두개강 내에서 발생하는 모든 종양을 의미한다. 뇌종양은 양성과 악성에 갈리지 않고 심각한 신경학적 장애를 유발할 수 있으며, 생명에도 지대한 영향을 미칠 수 있으므로[1] 조기 발견과 빠르고 적극적인 치료가 필요하다.

하지만, MRI 급여화 이후 뇌 질환 의심환자 대상 중 지원 대상이 늘어 수혜자가 증가하여, 두통 환자 중 MRI 검사의 수가 크게 증가했다. 2017년 문케어 발표 이후, MRI는 2016년 1425대에서, 1775대로 크게 늘었고, 촬영 건수는 2017년 140만 건에서 2020년 354만 건으로 2.5배 이상 증가했다.[2] 이는 코로나로 인한 환자 감소의 영향이 있음에도 불구하고 폭발적으로 검사 건수가 증가하여, 빠르고 정확한 검사의 필요성이 대두되었다.

이를 딥 러닝 AI를 통한 검사를 통하여 빠른 진단으로 의료관계자들의 진단에 도움을 줄 수 있는 수단을 마련하여 이에 대해 대응하고자 했다.

1.2. 기존 문제점

기존의 의료진의 뇌종양 검사는 MRI 스캔 후 확인을 하고, 수술에서 얻은 뇌조직을 염료 등 다양한 화학적인 약품 처리를 하여 박막으로 잘라낸 후에야 의료진이 현미경 검사를 통해 확인이 가능했다. 이는 확인까지 오랜 시간이 걸리기 때문에, 검사 건수가 크게 늘어난 지금 효율성이 떨어질 수 밖에 없다. 또한 MRI 스캔 후 진단의 과정에서 전문의마다 해석의 차이도 발생한다. 이로 인해 AI를 통해 빠르고 정확한 결과를 진단에 도움을 받아 좀 더 효율적이고 정확한 의료진의 진단을 이끌어내는 데 도움을 줄 수 있다고 판단했다.

실험의 과정에서는 데이터셋에 관한 문제가 있었다. 환자의 의료 데이터는 개인정보 보호 측면에서 민감한 사안이다 보니, 공개된 의료 데이터만 사용해야하여 더 확실하게 많은 데이터를 활용할 순 없었다. 그리하여 공개된 데이터셋만으로도 높은 성능을 끌어낼 수 있는 모델을 만들어야했고, 데이터의 크기가 크기에 훈련에 대해 많은 시간을 소모할 수 밖에 없었다.

1.3. 연구 목표

연구의 목표는 대표적인 3D MRI 뇌종양 데이터셋인 BraTS 데이터셋을 활용하여 뇌종양의 정밀한 Segmentation task를 수행하는 모델을 구축하고 이를 활용하여 웹과 연동해 일종의 연동 체계를 구축하는 것이다. 이를 위해서는 Segmentation을 수행하는 딥 러닝 모델과, 사진을 업로드할 DB, 그 결과를 시각화할 웹이 필요할 것이다. 여기서 우리는 기존의 2D 이미지 기반 분할 모델과 차별화되는 3D U-Net 아키텍처를 도입하여 3D Volume data의 장점을 최대한 활용하고자 했다. 2D 모델이 종양의 각 슬라이스별 분석에 한정되는 반면, 3D U-Net 기반 아키텍처는 전체 볼륨 데이터를 처리함으로써 종양의 공간적 연속성을 더 잘 포착할 수 있기때문에, 기반 모델로는 3D U-Net을 선택했고 이를 사용해 WT(Whole Tumor), TC(Tumor Core), ET(Enhancing Tumor)의 세가지 주요 영역을 효과적으로 분할하는 것을 목표로 설정했다. 첫번째로 딥 러닝 모델을 개발하기 위해 데이터를 먼저 살펴보면, BraTS 이미지 데이터를 확인해보면 Flair, T1, T1ce, T2의 네 가지 스캔 이미지가 있다. 각각의 특징들을 통해 딥러닝 모델의 성능을 향상시킬 수 있고, 필요한 분석 이미지를 도출해낼 수 있다. 우리는 이를 각 Modality 간의정보 결합을 의미하는 Mulit-Modality을 사용하여 추론하여 모델의 성능을 극대화하며 다양한 지표를 활용하여 모델의 성능을 측정할 것이다.

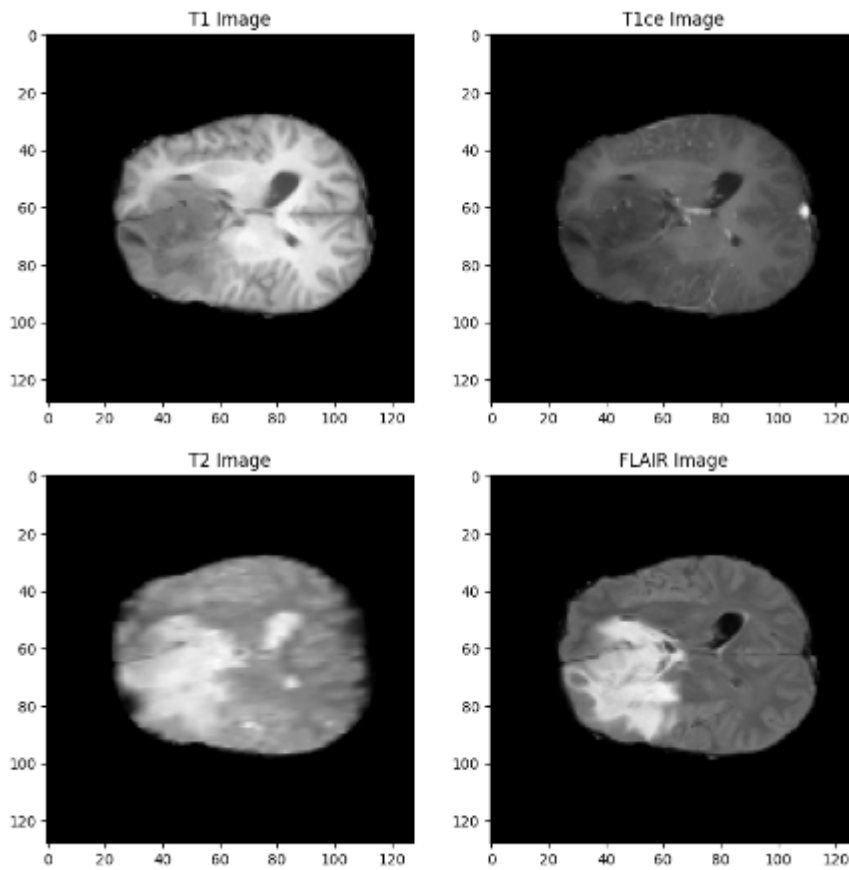


그림 1. flair, t1ce, t1, t2 이미지 시각화

이러한 네 가지 스캔 영상을 통해 모델을 학습시킨 후, DB에 파일을 업로드하면, 분석을 통해 뇌종양을 Segmentation task를 수행하여 사용자에게 시각화한다. Segmentation을 성공적으로 수행했다면 모델이 분석한 부분을 WT(Whole Tumor, 전체 종양), TC(Tumor Core, 종양 코어), ET(Enhancing Tumor, 증강 종양)으로 나누어 시각화할 것이다.

2. 배경

2.1. 배경지식

뇌 MRI는 자기장을 걸고 고주파를 송신하였을 때, 인체 내 수소 원자핵으로부터 발생되는 영상 신호를 2차원 혹은 3차원 단면 상으로 보여주는 검사이다. 조직간의 대조도가 우수하고 이상 유무를 판별하는 최적의 검사로 꼽힌다.[3] 이를 통해 3D 데이터를 확보하여 뇌조직간의 형태 등의 특징을 추출해 분석하여 환자의 현 상태를 진단 가능하다.

BraTS 데이터는 T1(T1 가중 MRI 이미지), T1ce(조영제를 사용한 T1 가중 MRI 이미지), T2(T2 가중 MRI 이미지), FLAIR(액체 억제 MRI 이미지)로 구성되어 있으며, 다양한 임상 프로토콜과 여러 의료 기관에서 수집되었고, 라벨링은 전문 신경방사선과 의료진들이 직접 수동으로 수행한 데이터이다. 이로 인해 검증되고 신뢰할 수 있는 데이터이기 때문에, 모델 학습에 관해 차질 혹은 오류가 없을 것으로 판단할 수 있다.

모델 성능의 향상을 위해 U-NET 구조를 이용한 모델을 사용할 것이다. U-NET 구조는 의료 영상 분할을 위해 설계되었으며 세포 이미지와 신경 구조를 분할하는 데 매우 우수한 성능을 보인다. U-NET은 Encoder-Decoder 구조를 따른다. contracting path(수축 경로)와 expanding path(확장 경로) 두 경로로 구성이 되는데, contracting path는 특징 추출을 목적으로 하며, 점차적인 Down Sampling이 발생하게 된다. expanding path는 이미지의 공간적 해상도를 복원하며 예측을 위한 세부 정보를 복구하게 된다.

U-NET 모델의 학습은 주로 pixel 단위의 soft-max를 통해 이루어진다. soft-max는 각 픽셀이 특정 클래스에 속할 확률을 계산하는 함수로, 각 픽셀의 실제 클래스와 예측된 확률 간의 차이를 측정하며, 예측된 확률 분포와 실제 정답 간의 불일치를 측정하는 cross entropy loss function(교차 엔트로피 손실 함수)와 결합하여 이를 최소화 하는 방향으로 학습된다.

U-Net은 분할 성능을 평가하기 위해 Dice score를 사용한다. Dice score는 두 집합 간의 유사도를 측정하는 지표로, 두 샘플 간의 겹치는 부분이 많을수록 계수가 높아지며 다음과 같이 계산된다.

$$DSC = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|}$$

그림 2. Dice score

$$|A \cap B| = \begin{bmatrix} 0.01 & 0.03 & 0.02 & 0.02 \\ 0.05 & 0.12 & 0.09 & 0.07 \\ 0.89 & 0.85 & 0.88 & 0.91 \\ 0.99 & 0.97 & 0.95 & 0.97 \end{bmatrix} \begin{matrix} \text{prediction} \end{matrix} * \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 1 \end{bmatrix} \begin{matrix} \text{target} \end{matrix} \xrightarrow{\text{element-wise multiply}} \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0.89 & 0.85 & 0.88 & 0.91 \\ 0.99 & 0.97 & 0.95 & 0.97 \end{bmatrix} \xrightarrow{\text{sum}} 7.41$$

그림 3. Dice score 계산

여기서 X와 Y는 각각 예측된 분할 맵과 실제 분할 맵을 나타낸다. Dice score는 분할 성능을 평가하는 지표로 값이 클수록 모델의 분할 결과가 더 우수한 것을 뜻한다. Dice loss

는 Dice score를 기반으로 한 손실 함수로 모델은 이 손실 값을 최소화하려하며, Dice score가 클수록 손실이 줄어든다. 이 값을 기준으로 모델의 가중치를 업데이트하여 모델의 성능에 대한 방향을 찾고, 성능을 평가할 수 있다.

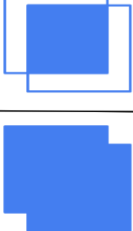
$$IoU = \frac{\text{Area of Intersection}}{\text{Area of Union}}$$


그림 4. Mean IOU

IoU는 예측한 분할 영역과 실제 정답 분할 영역이 얼마나 중첩되는지를 나타내는 지표로, 분할 영역과 예측 영역의 교집합을 두 영역의 합집합 영역으로 나눈 것을 뜻하는데, 이는 이미지 분할 성능을 측정하는 또 다른 중요한 지표이다. Mean IoU는 다중 클래스 분할에서 각 클래스에 대해 IoU를 계산한 후 그 값의 평균을 뜻한다. Mean IoU는 1에 가까울수록 모델이 예측한 분할 영역과 실제 영역이 일치함을 의미하며 0에 가까울수록 부정확한 예측을 의미한다.

2.1. 데이터 분석

모델 학습에서 사용될 데이터는 BraTS2020 DataSet으로 brain tumor segmentation을 목표로 하는 대규모 의료 dataset이다. BraTS는 brain tumor segmentation을 수행하는 딥러닝 모델을 개발하는 챌린지에 사용되어 공개 데이터셋이며, 다양한 병원 및 연구소에서 획득한 데이터로 이미 전처리가 진행되어있어 활용하는 데에 있어 간편한 데이터이며 각 이미지의 레이블은 전문가들의 수작업으로 분할하여 검증되어있는 데이터이며, 총 네 가지의 유형의 MRI 스캔으로 구성되어있다. 또한 BraTS2020 DataSet은 총 369개의 학습용 환자 데이터로 구성되어 제공되며, 구성으로는 T1, T1ce, T2, FLAIR로 각기 다른 특성을 더해 구성이 되어있다.

DataSet을 살펴보면 이미지의 크기는 기본적으로 240x240 pixel로 제공되며, 각 환자는 155개의 슬라이스로 구성된 3D Volume image가 제공된다. voxel은 기본적으로 1x1x1mm로 표준화 되어 제공되며 이를 통해 모든 MRI 스캔이 동일한 해상도를 가지게 된다. 데이터들은 전처리가 된 상태로 제공이 되는데, skull-stripped, Co-registration, voxel size

standardization 등이 처리된 상태로 제공된다. skull-stripped는 MRI 스캔 이미지에서 두 개골을 제거하여 뇌 영역만 남기고 불필요한 부분들을 제거하는 것을 의미한다. Co-registration은 서로 다른 모달리티(T1, T1ce, T2, FLAIR) 사이의 이미지를 정렬해 각 모달리티에서 동일한 위치의 해부학적 구조를 나타내도록 만들어준다. voxel size standardization은 voxel 간격을 1mm^3 으로 표준화하는 과정인데, 이를 통해 데이터가 일관된 해상도를 갖도록 해 서로 다른 병원에서 수집된 데이터를 동일한 해상도로 맞추어준다.

전처리된 데이터를 살펴보면 이미 전처리된 레이블은 ET(Enhancing Tumor), WT(Whole Tumor), TC(Tumor Core)로 나뉜다. ET는 조영제를 주입한 후, 종양의 활성화된 부분을 나타낸다. WT는 종양의 전체 영역을 나타내며 종양과 주변 부종(Edema)까지 포함해서 나타내게 된다. TC는 종양의 핵심 영역으로 괴사(Necrosis)된 조직 및 비증강성(Non-Enhancing) 종양까지 포함하여 나타내어진다.

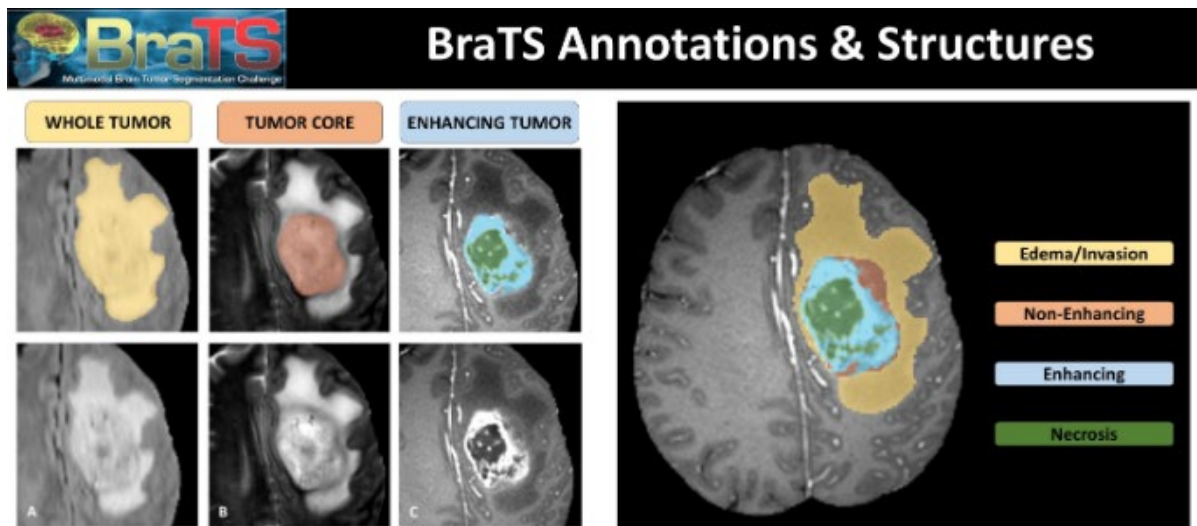


그림5. BraTS Label

구성에서는 T1은 뇌의 일반적인 구조를 보여주는 기본적인 MRI 시퀀스이다. 뇌의 해부학적 구조를 선명하게 볼 수 있으며, 지방과 같은 구조는 밝게 보이고, 수분이 많은 영역은 어둡게 나타나는 특징이 있다. 보통 일반적으로 뇌종양의 크기와 위치를 확인하기 위한 기본적인 스캔으로 사용되며 병변과 정상 조직 간의 경계를 확인하는 데 유용하다.

T1ce는 T1-contrast-enhanced이며 조영제를 주입한 후 촬영한 T1 가중 이미지이다. T1ce는 활성 종양이나 혈관화된 조직이 더 선명하게 보인다. 그리하여 종양이 활발히 성장하는 부분이 조영제에 의해 더욱 뚜렷하게 나타난다. 종양의 증강된 부분을 확인하는 데 매우 유용하며, 종양의 활성화된 성장을 시각적으로 표현하는 데 사용된다. 특히 ET(증강 종양) 부분을 명확하게 구분할 수 있다.

T2 가중 이미지는 수분 함량이 높은 조직을 밝게 보여주는 이미지이다. 특히 부종(염증)과 관련된 영역이 밝게 나타나며 종양 주변의 부종이나 액체가 많이 포함된 병변을 명확하게 볼 수 있다. 따라서 종양 주변의 영향을 많이 받은 부위(예를 들어 부종)를 분석하는데 사용된다.

FLAIR 이미지는 T2 가중 이미지의 일종이지만, 수분 신호를 억제하여 뇌척수액을 어둡게 보이도록 만든 이미지이다. 이로 인해 병변이 더 선명하게 드러나게 된다. 따라서 뇌의 부종이나 병변을 뇌척수액 신호와 분리하여 볼 수 있기때문에, 병변을 명확하게 구분할 수 있고, 특히 비증강성 병변을 감지하는 데 효과적이다.

용어	뜻
부종	신체에 과도한 체액이 축적되는 상태. 주로 종양에 의한 염증 반응으로 발생.
병변	비정상적인 조직. 주로 종양이나 종양에 의해 손상된 뇌 조직
종양	세포가 비정상적으로 증식한 덩어리
증강	조영제를 사용하여 특정 조직이나 병변의 혈류 공급이 활발한 영역을 강조하는 것
가중 이미지	MRI에서 특정 물리적 특성을 강조하여 조직을 시각화하는 방식

표 1. 용어 정리

2.2. 서버 구성

웹의 구조는 다음과 같다.

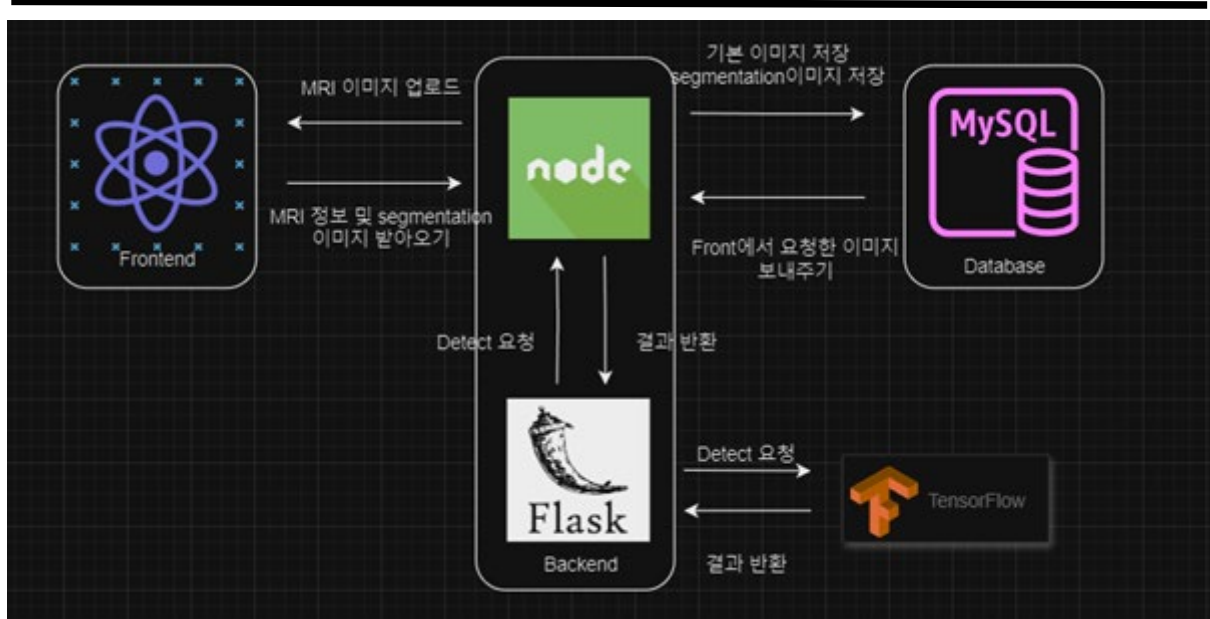


그림 6. 서버 구조도

- React JS를 사용하여 Frontend 구성하여 렌더링이 빠른 React 특성상 슬라이더 뷰어와 같은 상호작용하는 작업에서 반응성이 뛰어난다.
- Nodejs와 Flask를 활용하여 백 엔드 구성
- 인공지능 모델 활용을 위해 파이썬 프레임워크인 Flask사용
- Tensorflow를 사용하여 이미지가 들어오면 segmentation 모델을 불러온 후 axial, coronal, sagittal 축으로 각각 slice 생성
- MYSQL을 통해 각각의 segmentation 결과 저장 및 환자 정보 조회

3. 연구 내용

3.1. Brain Tumor Segmentation 모델

3.1.1. 데이터 전처리

우선 의료 영상 데이터를 저장하는 표준 파일 포맷인 NIFTI 파일을 로딩하여 MRI 데이터를 로드한다. 그리고 전처리 단계에서 데이터에 이상이 없는지 확인하기 위해 각 이미지를

시퀀스의 슬라이스를 시각화하여 이미지를 확인한다.

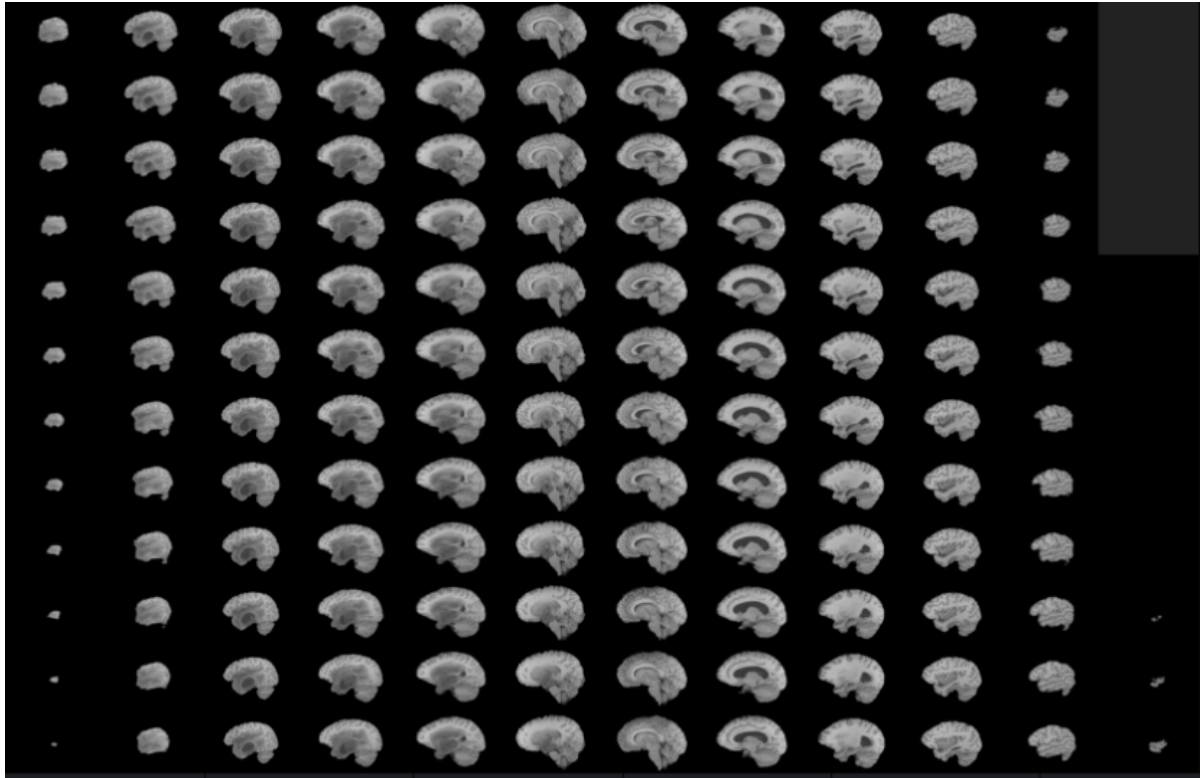


그림7. 데이터 슬라이스

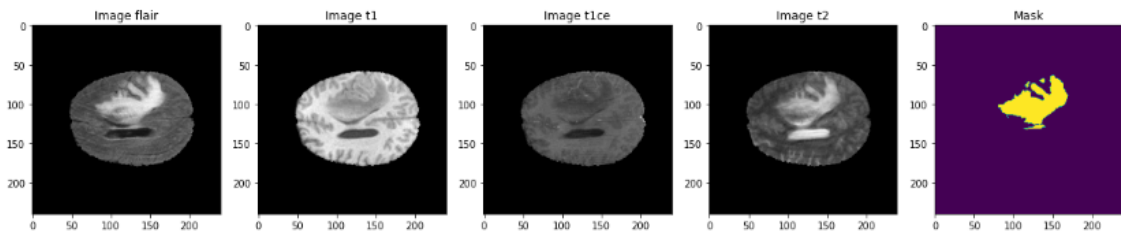


그림 8. 데이터 중간 슬라이스

중간 슬라이스는 MRI 이미지의 다양한 시퀀스(T1, T1ce, T2, FLAIR)을 비교하기 좋으며 마스크가 올바르게 적용이 되었는지 확인이 가능하다.

그리고 데이터 전처리 과정에서 입력 이미지의 정규화를 각 슬라이스 별로 최댓값을 기준으로 정규화했다. 구체적으로 각 이미지의 픽셀 값을 그 이미지의 최댓값으로 나누어 0~1 사이의 값을 갖도록 변환하여 다양한 이미지에 대해 안정적으로 학습할 수 있도록 했다. 또한 입력 이미지의 크기를 128x128의 이미지로 스케일링하여 이를 통해 입력 이미지의 크기를 일관되게 유지하여 학습 중 불필요한 크기 차이로 인한 성능 저하를 방지하고 3D Volume data의 큰 메모리 사용량을 환경 상의 이유로 절약하고 학습 속도 향상

을 유도하여 수행했다. 또 데이터의 증강을 통해 모델의 일반화 성능을 높였다. 데이터 증강 기법은 다양하게 사용하였는데, 회전(rotate)를 통해 각 슬라이스를 0~90도 사이의 랜덤한 임의의 각도로 회전시켜 모델이 종양의 다양한 각도를 학습할 수 있도록 했다. 또한 데이터를 1배에서 1.1배까지 확대하여 지나치게 확대된 데이터에 적응하지 않도록 하며 모델이 종양 크기 변화를 학습할 수 있도록 도왔다. 이 방법으로 종양의 크기가 매우 다를 수 있는 실제 임상 환경에서 모델이 다양한 크기의 종양을 인식할 수 있도록 했다.

	값
회전	임의의 랜덤한 0~90도
확대	1배~1.1배

표 2. 증강 데이터

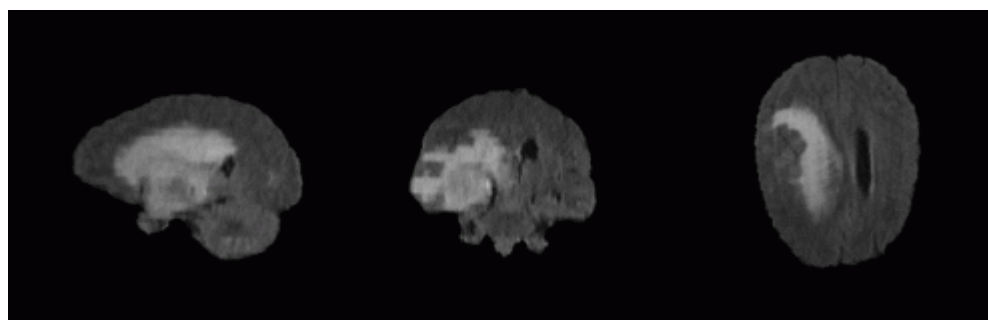


그림 9. 데이터 증강

3.1.2. 모델 구조

본 연구에서는 뇌종양 MRI 데이터를 분석하기 위해 T1, T1ce, T2, FLAIR 총 네 가지의 모달리티 이미지를 활용하였다. 각각의 모달리티는 뇌의 서로 다른 조직 및 병변을 효과적으로 나타내기 때문에, 종양의 정확한 분할을 위해 여러 모달리티를 결합한 멀티 모달리티(Multi-Modality) 접근법이 필수적이다. 앞서 설명했지만 모달리티 별 특징을 간략히 정리하자면, T1은 뇌의 일반적인 구조를 보여주며 주로 뇌의 해부학적 정보를 확인하는데 용이하다. T1ce는 조영제를 사용하여 종양 부분을 더 명확하게 볼 수 있다. 이 모달리티는 종양의 경계를 명확하게 구분하는 데 유용하다. T2는 뇌 내에서 액체가 포함된 영역을 강조하여 종양 주변의 부종(Edema) 및 액체와 관련된 병변을 나타내는 데 유용하다. FLAIR는 액체 신호를 억제하여 액체와 구분되는 병변을 더 선명하게 보여주어 종양

과 주변 부종(Edema)의 명확한 구분을 도와준다.

본 모델은 멀티 모달리티(Multi-Modality) 방식을 채택하여 각 모달리티 데이터를 결합하여 처리했다. 4개의 모달리티 데이터를 하나의 다채널 입력으로 통합하여 모델에 입력하는 방식을 사용했다. 이를 통해 각 모달리티가 나타내는 정보를 상호 보완적으로 작용하여 더 정확한 성능 향상을 끌어냈다.

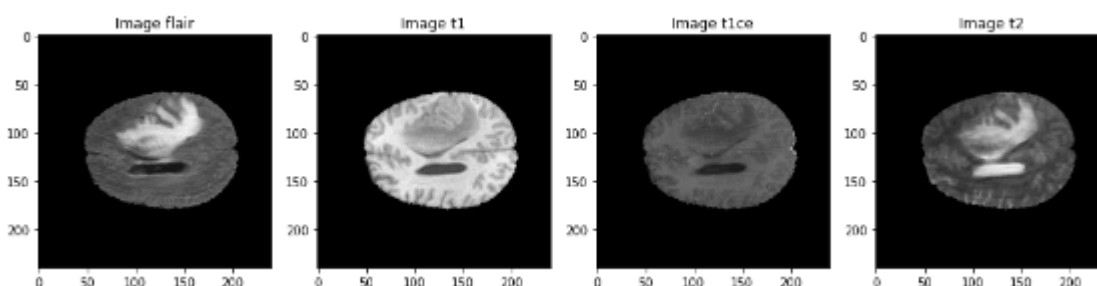


그림 10. 4개의 입력 채널

모델은 딥 러닝 의료 영상 segmentation 작업에 주로 사용되는 U-NET 구조를 사용했다. U-NET은 주로 의료 이미지 segmentation에 사용되는 주요 아키텍처인데, Encoder-Decoder 구조를 갖추고 있으며 각기 다른 해상도의 특징 맵(feature map)을 추출하고 이를 결합해 높은 수준의 segmentation 성능을 제공한다.

U-NET은 contracting path(수축 경로)와 expanding path(확장 경로)로 구성된다. U-NET의 핵심은 합성곱(convolution) 및 풀링(pooling)층을 이용한 특징 추출, 그리고 업샘플링(up-sampling) 층을 이용한 해상도 복원이다. 특히 Encoder와 Decoder를 연결하는 skip connection이 주요한 역할을 맡는다.

Encoder인 contracting path(수축 경로)는 Conv layer(합성곱 연산)과 Max pooling을 통해 진행한다. Conv layer에서는 각 단계에서 두개의 3x3 합성곱 연산을 통해 특징맵을 추출하며 활성화 함수로 ReLU를 사용한다. 각 합성곱 층은 ReLU 함수를 사용하여 비선형성을 추가한다. Max pooling에서는 2x2의 max pooling layer가 각 단계에서 가장 중요한 정보를 추출하고 해상도를 절반으로 줄인다. 이로 인해 공간 해상도는 감소하고 채널 수는 증가하여 작은 크기의 이미지에서 많은 정보를 학습할 수 있었다.

Decoder인 expanding path는 다시 encoding 과정에서(contracting path를 뜻함.) 특징

맵을 추출하며 축소된 이미지의 해상도를 원래 크기의 해상도로 복원하는 과정을 수행할 것이다. up-sampling과 Conv layer를 통해 점차적으로 이미지 크기를 복원하고 ReLU 함수로 비선형을 추가했다.

인코딩 과정(수축 경로)에서의 해당 층과 디코딩 과정(확장 경로)에서의 층을 연결하여 원본의 세부적인 정보를 디코딩(확장 경로)에 직접적으로 전달하여 정보 손실을 줄이고 보다 정확한 예측이 가능하다. 이것이 skip connection인데, 이를 통해 해당 레벨에서 추출된 encoder의 특징 맵을 복원 과정에 결합하여 고해상도와 저해상도의 정보를 함께 활용해 더 정확한 예측을 끌어내는 것이다. 최종적으로는 1x1 합성곱을 사용하여 각 픽셀에 대해 4개의 클래스에 대해 예측하고 soft-max 활성화 함수를 사용하여 각 픽셀에 대한 확률 분포를 구한다. 세부적으로는 Conv2D 필터는 32개의 필터로 시작했고, 각 층마다 필터의 수를 두 배로 늘렸다. 또한 Dropout을 사용하여 50%의 확률로 뉴런을 무작위로 비활성화했는데 이를 통해 과적합을 방지했다.

이는 그림 11을 보면 쉽게 이해할 수 있다.

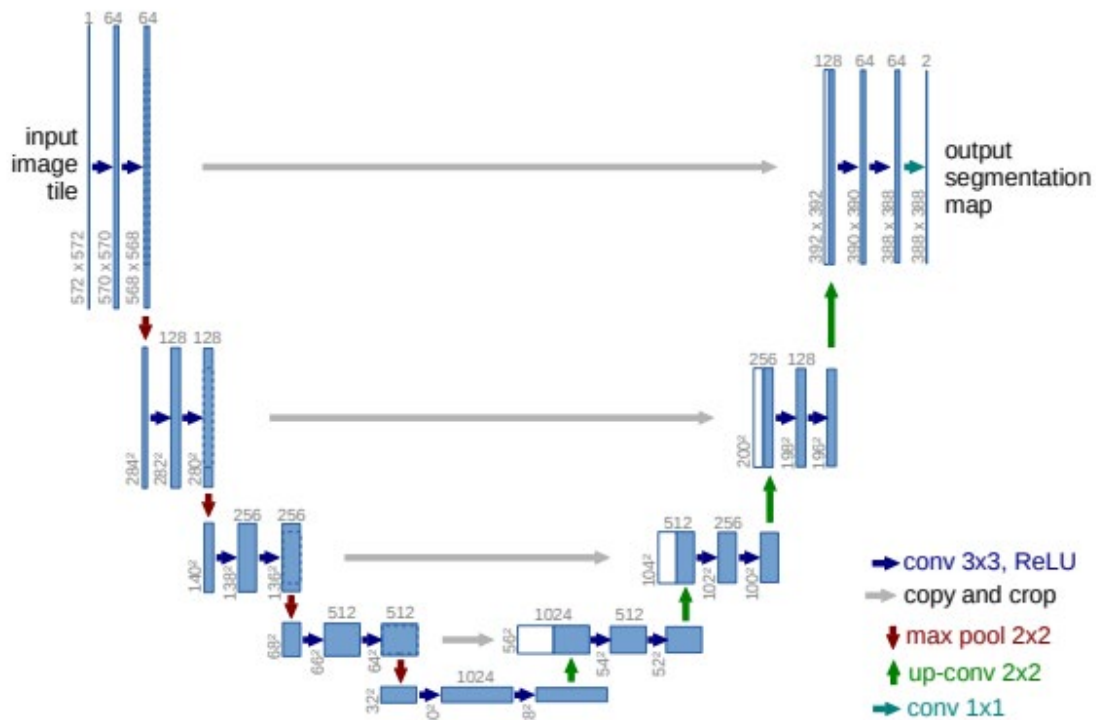


그림 11. 인용된 논문[5]에서의 U-NET 구조도

3.1.3. 학습 알고리즘

본 연구에서 사용한 U-Net 모델은 주요 학습 알고리즘으로 MGD(Mini-batch Gradient Descent)를 기반으로 하며, Adam optimizer, Dice Coefficient Loss와 Categorical Cross entropy 손실 함수를 활용했다. MGD(미니 배치 경사 하강법)은 메모리 효율성을 높이고 더 빠른 학습을 위해 전체 데이터를 사용하는 대신, 작은 크기의 배치를 사용하여 반복적으로 모델을 업데이트하는 방식이다. 본 연구에서는 3D MRI 데이터를 처리할 때 발생할 수 있는 메모리 제약을 고려하여 학습 과정에서는 Batch size=1로 설정하였다.

Adam optimizer은 GD(Gradient Descent)의 변형 중 하나로 학습률을 자동으로 조정하여 더 빠르게 수렴하도록 돕는다. Adam의 특성을 요약하자면 모멘텀을 사용해 기울기를 더 부드럽게 조정하고 RMSProp을 사용해 학습률을 적응적으로 조정하는 알고리즘이다. 또한 학습 중에 각 파라미터의 학습률이 자동으로 최적화되므로 수렴 속도가 빠르고 안정적이라는 것이다. Adam의 주요 특징은 1차 모멘트(이전 기울기의 평균)과 2차 모멘트(이전 기울기의 제곱값의 평균)을 사용하여 학습률을 각 파라미터에 맞게 적응시킨다는 점이다. 모멘텀은 Beta_1에서는 0.9로 설정했다. 이 값은 Adam의 첫번째 모멘텀 값인데, Beta_1은 과거의 기울기 정보를 기억하는 비율로 0.9는 일반적으로 안정적이고 빠른 학습을 위해 많이 사용되는 값이다. Beta_2는 Adam의 두번째 모멘텀으로 기울기의 제곱의 지수 감소 평균을 나타낸다. Beta_2의 값은 0.999로 설정하여 작은 변화에도 적응할 수 있도록 설정했다. 이 연구에서는 Adam Optimizer을 사용하여 초기 학습률 (learning_rate)=0.001로 설정했다. 이는 딥러닝에서 일반적으로 사용되는 값으로, 모델이 학습하는 동안 손실 함수의 변화에 따라 적절한 속도로 가중치를 업데이트하도록 도와준다. Epsilon은 매우 작은 수로 계산할 때 발생할 수 있는 분모가 0이 되는 문제를 방지하기 위해 1e-07로 설정하여 수치 안정성을 보장했다. 이에 대한 내용은 Adam Optimizer에 대한 학습은 인용[7]을 참고했다.

그리고 주요 손실 함수로는 Dice Loss를 주요 손실 함수로 사용했다. 이는 segmentation 작업에서 널리 사용되는 손실 함수로, 분할된 결과와 실제 라벨 간의 유사도를 측정한다. 예측한 종양 부분과 실제 종양 부분의 겹치는 부분을 기반으로 계산되는데, 값이 작을수록 좋은 성능을 가졌다고 평가된다.

$$\text{Dice loss} = 1 - \text{Dice score}$$

그림 12. Dice loss

또한 Categorical Cross entropy를 추가적인 손실 함수로 사용했다. 이는 다중 클래스 분류에서 일반적으로 사용되는데, 이 함수는 예측된 확률 분포와 실제 클래스 라벨 간의 차이를 계산한다. Categorical Cross entropy에 대한 학습은 인용[8]을 참고했다. 본 연구에서는 4개의 클래스를 분류하기 위해 soft-max 활성화 함수를 사용하여 각 픽셀에 대한 클래스 확률을 예측했다.

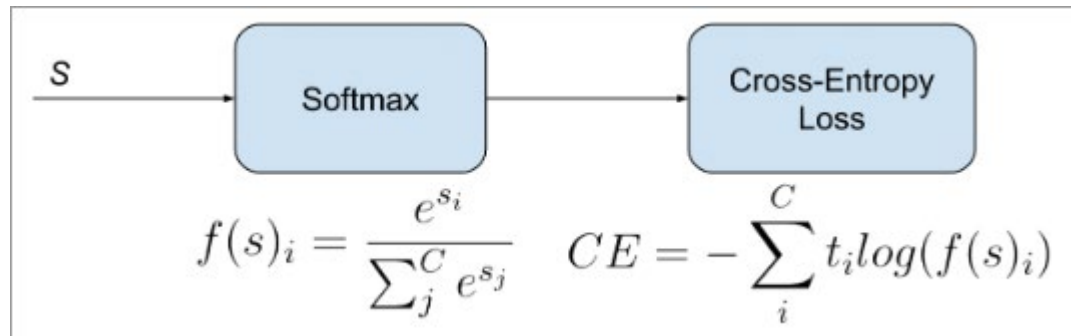


그림 13. 인용[8]에서의 Categorical entropy

그리고 optimization을 위해서는 brain tumor segmentation에서 성능에 주로 사용되는 dice loss와 voxel 단위로 세밀하게 오차를 측정할 수 있는 cross entropy loss에 1:1로 가중치를 두고 결합하여 사용했다.

3.2. 시각화

3.2.1. 시작 화면

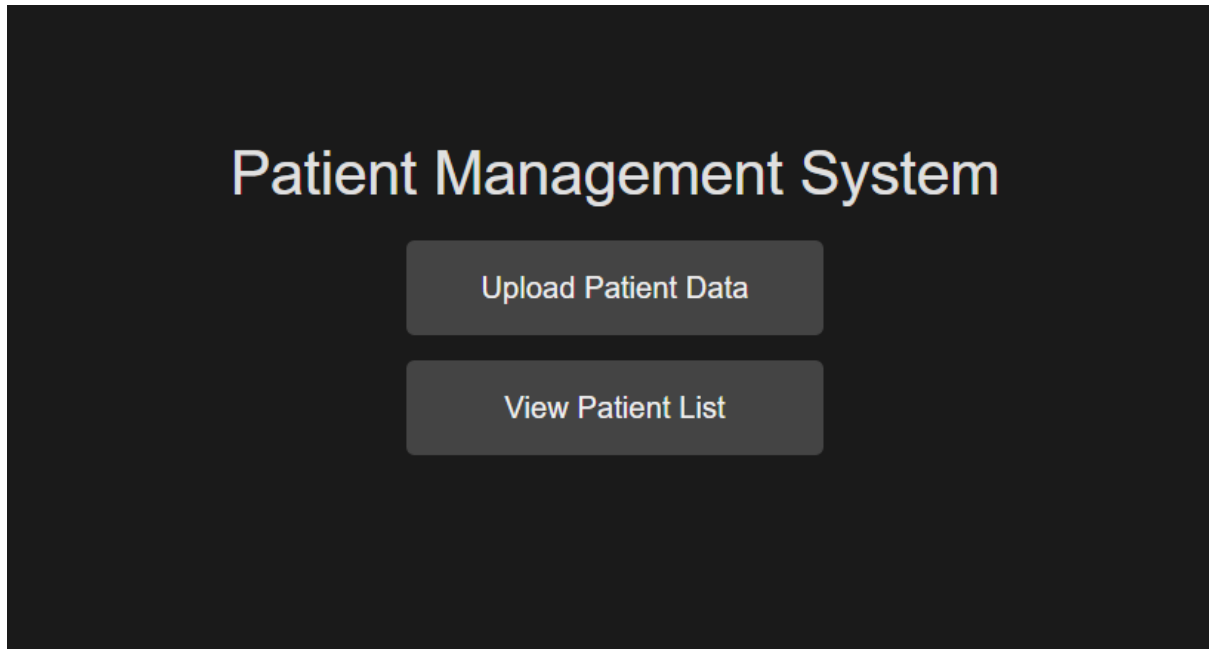


그림 14. 시작 화면

시작 화면에서는 환자들의 이미지 시각화 한 곳으로 연결해주거나 업로드 화면으로 연결해준다.

3.2.2. 업로드 화면

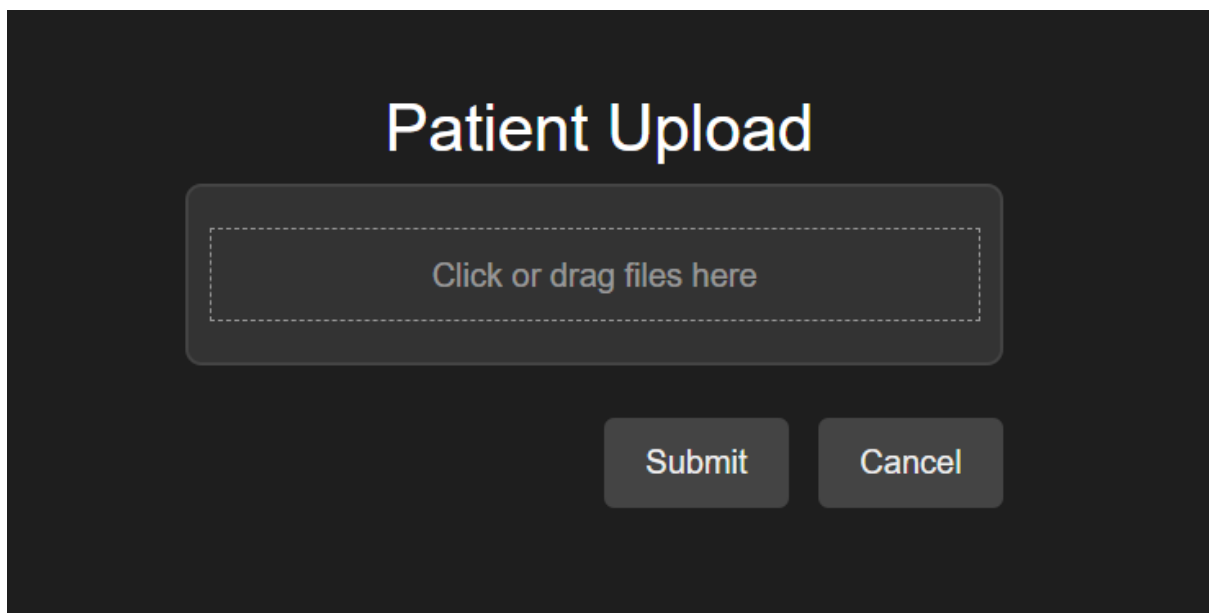


그림 15. 업로드 화면

다음 화면은 기본 화면에서 우상단의 업로드 버튼을 누르면 나타나는 화면이다. 본 화면에서는 필요한 이미지를 업로드하게 되며, 이미지를 업로드받아 모델에게 전송하게 된다.

3.2.3. 기본 화면

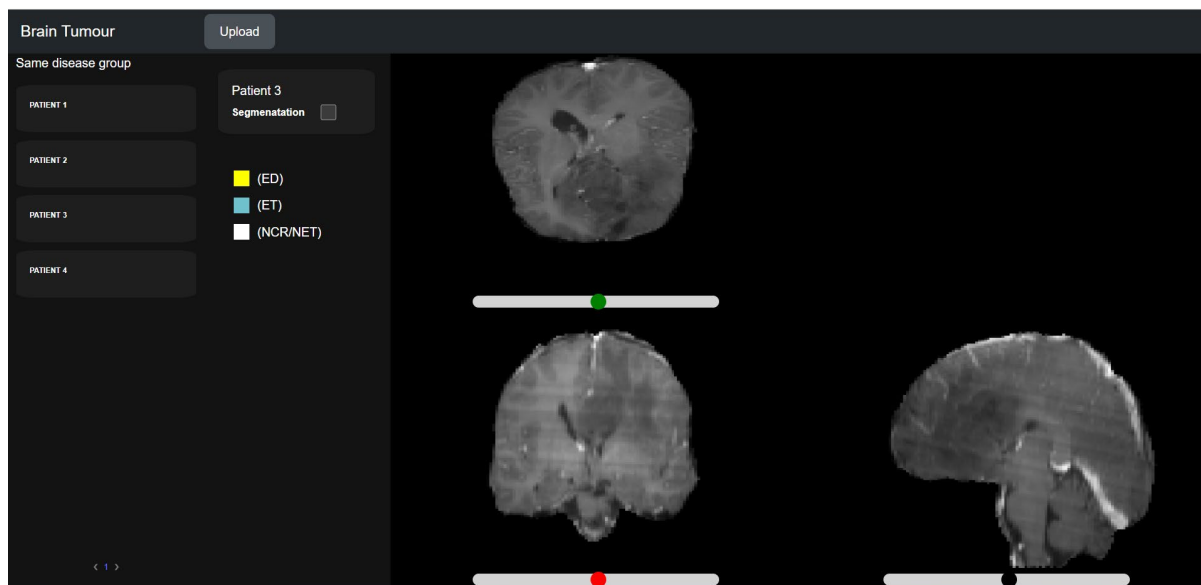


그림 16. 기본화면

기본 화면에서는 환자들의 3D이미지를 각 Axial, Coronal, Sagittal 축 별로 보여주고 slice를 조절 할 수 있게 해준다.

3.2.4. Segmentation overlay masking

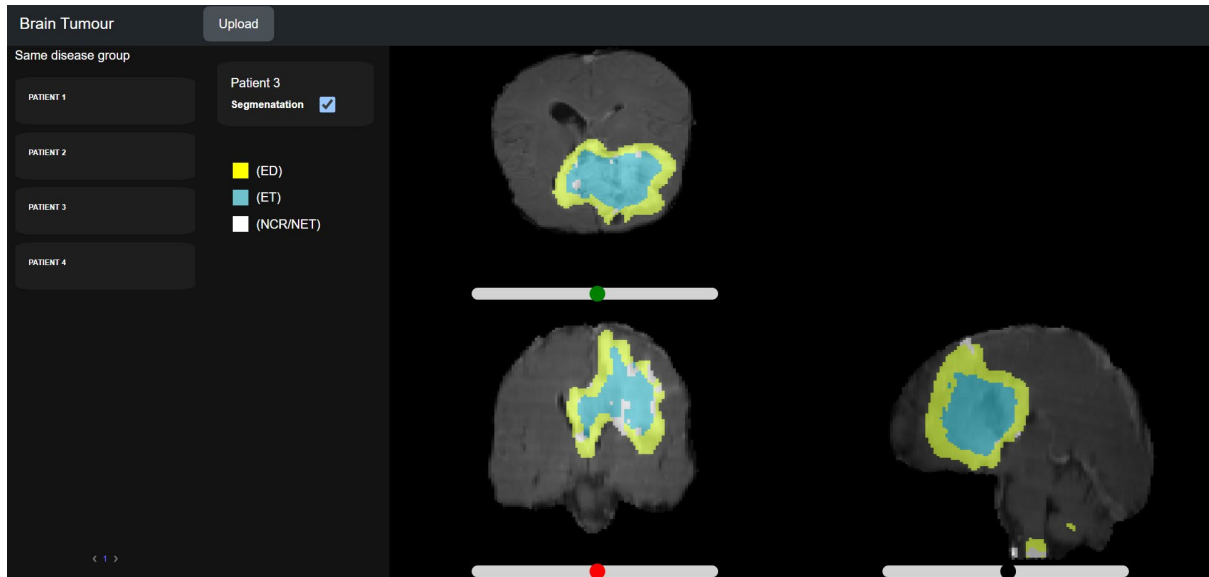


그림 17. Segmentation overlay masking

모델에게 이미지를 업로드하면, 그 다음으로 모델이 데이터를 분석하여 원본 이미지에 masking한 이미지를 사용자에게 나타내어 보여준다. 그리고 사용자는 좌상단의 Segmentation 버튼을 활용하여 원본 이미지와 비교 관찰하여 판단에 편리하게 도움을 받을 수 있다.

4. 결과 분석 및 평가

본 연구에서는 3D MRI 스캔 이미지 데이터를 불러온 후 dataset을 8:2 비율로 train과 validation으로 나누었다. 그리고 여기서 또 남은 train에서 15%를 test dataset으로 할당하여 data를 분할하였다.

평가를 위해 모델 선정에서는 IoU와 Dice score, accuracy를 기준으로 지표를 비교하여 선정했다.

본 연구에서 3D U-Net 모델을 선정한 이유는 해당 모델이 99%가 넘는 정확도를 기록했고, 모델이 3D MRI를 이용하는 데 특화되어있기 때문이다. 다른 모델들은 BraTS의 이미지를 2D 이미지로 이용을 하는 데 반해, 본 연구에 사용한 모델은 3D 이미지로 사용하기 때문에 더 정확한 분할 결과를 도출할 수 있었다. 또한 BraTS의 다중 모달리티 데

이터를 처리하는 데 용이하고, 데이터들을 결합하여 정확성을 더욱 끌어올릴 수 있었다. 따라서 높은 성능과 안정성을 지녀 실제 임상 환경에서도 전문 의료진에게 판단의 도움을 줄 수 있다는 점에서 선정하게 됐다.

모델을 학습하는 과정에서 epoch를 50번 돌렸고, 학습할 수록 loss 값이 확실히 줄어드는 것을 확인했다. 학습 결과 그래프를 TensorBoard를 활용하여 나타내보았다.

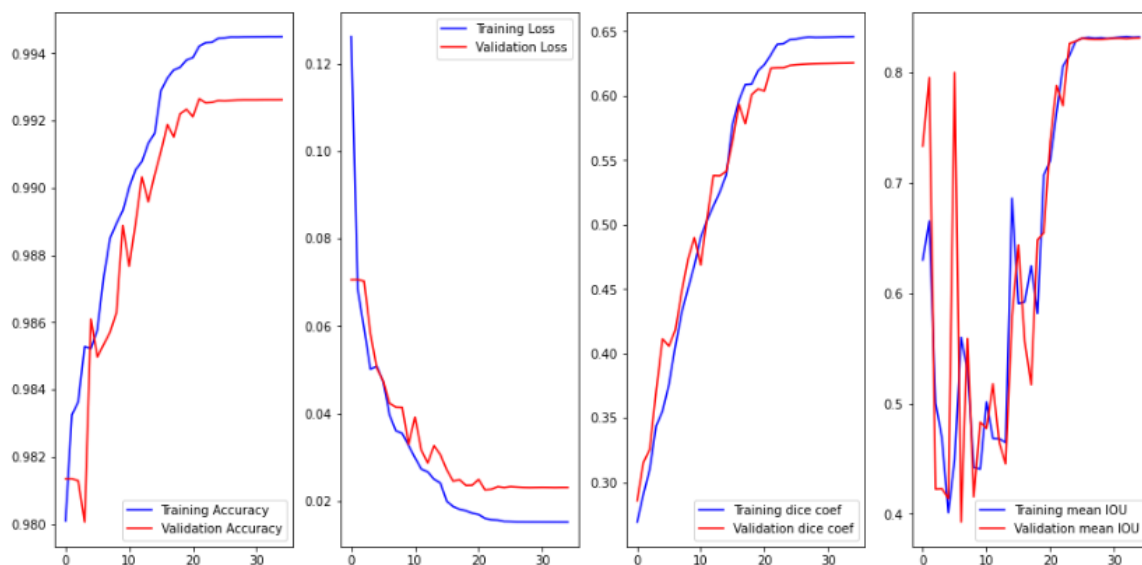


그림 18. 학습 TensorBoard

TensorBoard를 확인해보면 epoch가 증가함에 따라 그래프들의 값이 안정된 것을 확인할 수 있는데, 이를 통해 충분히 epoch를 시행했다고 확인할 수 있다.

지표들을 살펴보면, Training Accuracy(학습 정확도)는 0.994 가량으로 매우 높은 것을 확인할 수 있다. Validation Accuracy(검증 정확도) 또한 0.992 수준에 도달하여 학습과 유사한 것을 확인하여 학습과 큰 차이가 없는 걸 확인해 과적합 문제가 상대적으로 적은 것도 확인했다.

Loss를 확인해보면 Training Loss(학습 손실)은 epoch가 진행될 수록 낮은 지점에서 안정화된 것을 확인할 수 있다. Validation Loss(검증 손실) 또한 비슷한 패턴을 따라 일반화 성능이 좋은 것도 확인할 수 있다.

중요한 Dice Coefficient(다이스 계수)를 확인해보면 Training dice coefficient 값이 0.66 가량에서 안정화된 것을 확인할 수 있는데, Validation dice coefficient 값과 비교해보면 유사하므로 학습과 검증 데이터 모두에서 일관된 성능을 또한 보이고 있는 것을 확인할 수 있었다.

Mean IoU는 예측한 분할 영역과 실제 정답 분할 영역이 얼마나 중첩되는 지를 나타내는 지표인데, 교집합 영역을 전체 영역으로 나누어서 구한다. 1에 가까울수록 성능이 좋은 지표인데, 0.85 수준에서 안정된 모습을 보여 괜찮은 성능을 보이고 있다고 평가할 수 있다.

	Train	Validation	Test
Loss	0.0152	0.0212	0.0269
Accuracy	0.9944	0.9928	0.9939
mean IoU	0.8484	0.8451	0.8212
Dice Coef	0.6416	0.5969	0.5927
Precision	0.9949	0.9935	0.9940
Sensitivity	0.9929	0.9914	0.9928
Specificity	0.9983	0.9978	0.9980
Necrotic Dice coef	0.6210	0.5067	0.5407
Edema Dice coef	0.7860	0.7283	0.7163
Enhancing Dice coef	0.6934	0.6608	0.5731

표 3. 지표

지표를 확인해보면 확실히 뛰어난 성능을 발휘하여 정확성이 매우 높은 것을 확인할 수 있다.

지표들에서 좋은 값을 나타내어 모델로 실제 데이터를 활용하여 결과를 시각화하여 나타내보았을 때를 확인해 실제 성능을 시각화하여 살펴보았다.

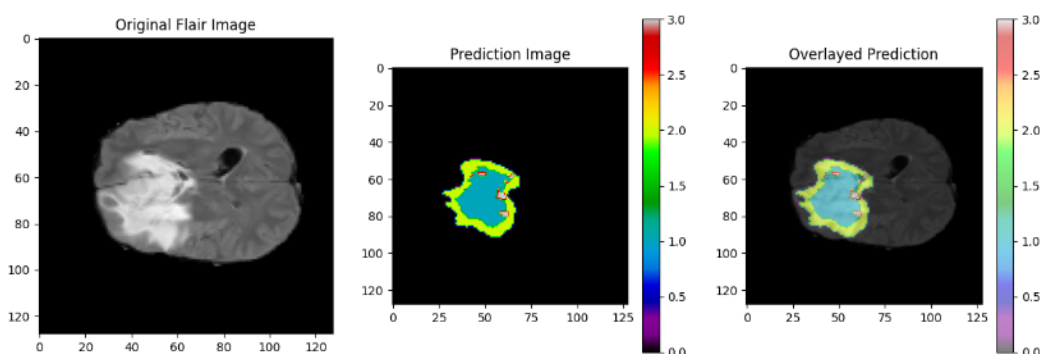


그림 19. Test1

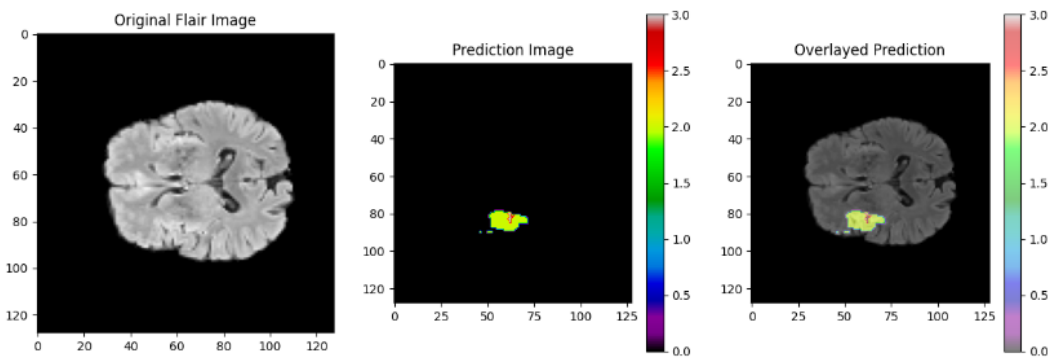


그림 20. Test2

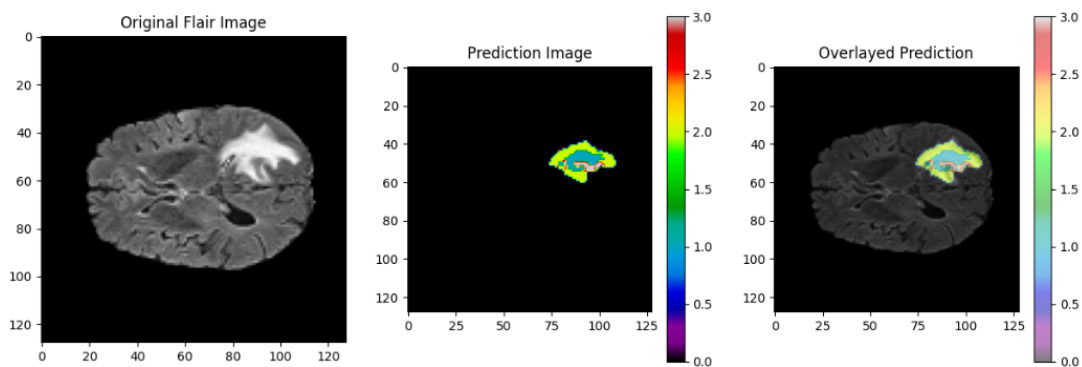


그림 21. Test3

여러 예시로 확인해본 결과 실제 활용에서도 잘 작동하고, 병변이나 부종 등에 대한 식별 성능이 좋은 것도 확인할 수 있었다.

해당 실제 활용 사례에서 파란색 영역은 Necrotic/Core(괴사 또는 비증강 종양 핵심)을 의미한다. 이 영역은 종양의 비활성화된 부분이며 괴사된 조직도 포함한다. 초록색 영역은 Edema(부종)이며 종양 주변의 염증이나 체액 축적에 의해 형성된 부종을 나타내며 종양의 영향을 받는 주변 조직을 포함한다. 이 부종 영역은 종양 주변의 염증 반응까지 포함한다. Test2의 사진을 보면 붉은색 작은 영역도 있는데, 이 부분은 Enhancing(증강 종양)으로 종양의 활성화된 성장이 있는 부분이다. 이는 조영제를 사용했을 때 활성화된 종양 부분을 나타내며 활발히 성장하는 종양 세포를 포함하여 나타난다. 이렇게 실제 사례에서 활용하여 직접적인 시각화되어 판별하는 데 도움을 줄 수 있으며 충분히 의료진의 판단에 도움을 줄 수 있을 것이라고 평가된다.

5. 결론 및 향후 연구 방향

결론적으로 segmentation 모델의 정확도(성능)은 99% 가량으로 마무리 되었다. 이외 여러가지 지표에서도 뛰어난 성능을 발휘했고, 실제에서도 활용이 잘 되었다. 이는 아무래도 오래 진행된 챌린지로 인해 공개된 데이터셋이나 오픈 소스가 많았기 때문이라고 생각된다. 또한 우리가 모델 학습에 사용한 BraTS dataset이 전처리가 잘되어있는 dataset 이고, 이로 인해 훈련한 모델의 성능이 오랜 기간 챌린지되어왔던 Brain Tumor segmentation에 대한 task 수행이 충분히 잘 될 수 있었다고 생각된다.

현재 모델의 성능은 뇌 MRI 스캔에서의 뇌종양(부종과 병변 등등)을 분석해내는 모델에 그치는데, 뇌종양과 연령대를 통해 추가적인 작업을 통하여 환자의 생존률에 대한 데이터를 얻을 수 있다면 뇌종양과 연관지어 생존률까지 예측해내는 모델도 구축해볼 수 있을 것이라고 생각한다. 본 연구를 통해서 구축한 모델을 통해 충분히 의료진의 판단 시간 단축 혹은 방향성을 제시하는 데 도움이 될 수 있을 것이라 기대한다.

또한 웹을 이용한 업로드 방식 역시 곧바로 결과를 빠르게 확인할 수 있어 이 부분에 있어서도 활용이 잘 되었다고 판단했다. 따라서 추후 생존률과 관련한 추가적인 연구를 통해 발전한 모델을 사용한다면 이 역시 업로드 방식을 잘 적용할 수 있을 것이라 생각된다.

6. 개발 일정 및 역할 분담

5월	6월	7월	8월	9월
착수 보고서 작성	데이터 전처리 및 모델 개발	모델 고도화 및 평가, 중간 보고서 작성	DB와 모델과 연동된API 개발	프로젝트 디버깅
		DB 설계 및 구축	Web app과 API 연동	최종 보고서

이름	역할
허진수	- 애플리케이션 구현, API 개발, 개발환경 숙달
박지환	- 딥러닝 모델 개발, 데이터 전처리 과정, 모델 고도화 및 평가
공통	- 발표 - 논문 검색 및 조사 - 디버깅 - 보고서 작성

표 4. 개발 일정 및 역할 분담

7. 참고 문헌

- [1] 연세대학교 세브란스병원. (2022.08.08). 뇌종양 [Brain tumor]. [Online]. Available: https://sev.severance.healthcare/health/encyclopedia/disease/body_board.do?mode=view&articleNo=66696&title=%EB%87%8C%EC%A2%85%EC%96%91+%5BBrain+tumor%5D
- [2] 곽성순. (2021.08.20). 문케어 후 두통환자 MRI 검사 10배 증가...복지부 "당연". [Online]. Available: <https://www.docdocdoc.co.kr/news/articleView.html?idxno=2013681>
- [3] 삼성서울병원. [Online]. Available: http://www.samsunghospital.com/dept/main/index.do?DP_CODE=PSC&MENU_ID=004020
- [4] Center for Biomedical Image Computing & Analytics. BraTS 2020 Tasks. [Online]. Available: <https://www.med.upenn.edu/cbica/brats2020/tasks.html>
- [5] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, "U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation," arXiv:1505.04597 [cs.CV], May 2015.
- [6] GeeksforGeeks, "Adam Optimizer," GeeksforGeeks, [Online]. Available: <https://www.geeksforgeeks.org/adam-optimizer/>

[7] WordBe, "딥러닝 Optimizer 종류 및 특징," Tistory, Apr 2020. [Online]. Available: <https://wordbe.tistory.com/46>

[8] Center for Biomedical Image Computing & Analytics. (2024, Oct 11). BraTS 2020 Dataset.[Online].Available:<https://www.med.upenn.edu/cbica/brats2020/data.html>(access ed2024,Oct11).

[9] D. P. Kingma and J. Ba, "Adam: A Method for Stochastic Optimization," in Proc. of the 3rd International Conference on Learning Representations (ICLR), San Diego, CA, USA, May 2015, pp. 1-15

[10] Y. Wang, M. Long, J. Wang, Z. Gao, and P. S. Yu, "Spatiotemporal Pyramid Network for Video Action Recognition," arXiv:1811.02629 [cs.CV], Nov 2018.

[11] N. Kumar, "Building a Custom Semantic Segmentation Model," Towards Data Science, Nov 2019. [Online]. Available: <https://towardsdatascience.com/building-a-custom-semantic-segmentation-model-abb0843ac12d>