

데이터 증강 기법을 통한 딥러닝 기반 뇌 종양 검출 정확도 개선

한지용, 신동현, 지현규, 천정민, 노원종, 임성훈
한림대학교 빅데이터 학부

jiyong0719@ gmail.com, akqjq8694@gmail.com, hyeongyuc96@ gmail.com,
c19960101@gmail.com, {wonjong.noh, shlim}@hallym.ac.kr

Synthetic Data Augmentation for Brain-Tumor Segmentation

Ji Yong Han, Dong Hyeon Shin, Hyeon Gyu Chi, Jeong Min Choen, Won Jong Noh,
Sung Hoon Lim
School of Software, Hallym University

요 약

뇌 MRI 사진을 입력 받아, 픽셀 단위로 뇌 종양의 유무를 표시하는 딥러닝 기반 뇌 종양 검출 알고리즘을 제안하고, 부족한 데이터 문제를 해결하고 성능을 최적화 하기 위해 GAN 신경망 기반 데이터 증강 기법을 설계한다. 데이터 증가 없이 학습한 경우, 기하학적 변환을 통해 데이터를 증가시켜 학습한 경우, 그리고 딥러닝 기반 데이터 증강 기법을 활용하여 데이터 증가한 경우에 대해서, 성능을 비교하여 제안하는 GAN 신경망 기반 데이터 증강 기법이 가장 효과적임을 보인다.

I. 서 론

딥러닝 기술 활용에 있어 가장 필수적인 해결 과제는 학습에 필요한 데이터를 충분히 확보하는 것이다. 보건의료 분야 및 바이오 분야에서는 환자의 개인정보 보호 문제와 질병 발병률이 높지 않아 데이터 확보가 어렵다. 딥러닝 학습에서 이미지 데이터가 부족한 경우, 원본 데이터를 회전, 확대 후 자르기, 상하 좌우 반전 등 여러 선형적인 방법을 통해 데이터를 증강시키는 방법이 활용되고 있다. 본 논문에서는 Generative adversarial networks(GAN) 기반 데이터 증강 기법을 통해 가상의 데이터를 생성하여 학습에 활용하는 방안을 제안한다.

II. 본론

본 연구에 사용되는 뇌, 종양 데이터는 Multimodal Brain Tumor Segmentation Challenge 2018 에서 제공되는 Brats2018[1-3] 데이터를 사용한다.

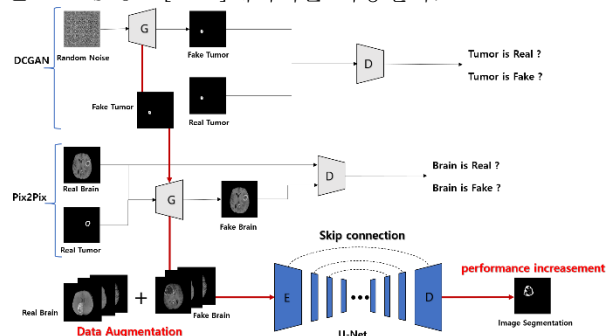


그림 1 데이터 증강을 위한 실험 구성도. Fake tumor 생성을 위한 DCGAN, Tumor 를 입력 받아서 synthetic brain scan 생성을 위한 Pix2Pix 네트워크로 구성됨

그림 1 은 본 논문에서 설계한 GAN 신경망 기반 데이터 증강 기법을 적용하는 학습의 실험 구성도이다. 뇌 종양 검출을 수행하는 U-Net[4], 종양 이미지 데이터를 생성하는 DCGAN[5], 종양 데이터에 대응되는 뇌 이미지 데이터를 생성하는 Pix2Pix[6] 모델로 구성되어 있다. U-Net 은 Encoder 와 Decoder 계층으로 이루어져 있으며 이미지 데이터에서 픽셀 단위로 객체의 유무를 판별하는 역할을 한다. 데이터를 생성하는 DCGAN 과 Pix2Pix 모델은 GAN 구조를 기반으로 한다. GAN 은 generator 와 discriminator 두 계층이 데이터를 생성하고 판별하는 과정을 반복하며 최종적으로는 정교한 데이터를 생성하게 된다. DCGAN 은 기존 GAN 신경망에서 fully connected layer 를 convolutional neural network(CNN) 형태를 이루고 있다. DCGAN 과 Pix2Pix 신경망을 활용하여 가상의 뇌와 종양 이미지 데이터를 생성 후 학습에 사용된다.

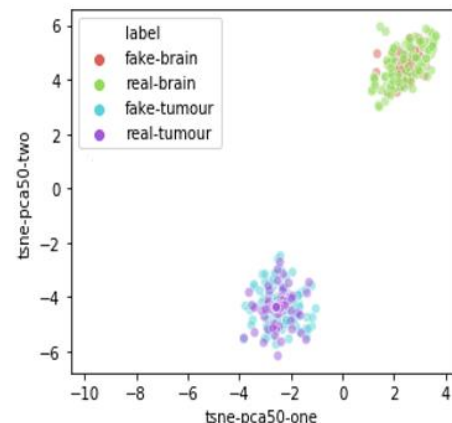


그림 2 PCA & T-SNE

본 논문에서 사용하는 뇌 MRI 이미지는 240x240 으로 구성되어 있다. 그림 2 는 딥러닝 학습에 사용되는 240x240 차원의 데이터를 PCA 와 T-SNE 주성분 분석을 한 그림이다. 본 실험에서는 이미지를 PCA 를 통해

50 차원으로 축소한 후, T-SNE 로 2 차원으로 축소한 결과를 사용한다. 적색 점과 녹색 점은 각각 생성한 뇌 데이터와 실제 MRI 뇌 데이터를 의미하며, 분포가 유사하게 나타남을 확인할 수 있다. 하늘색 점과 보라색 점은 각각 실제 종양 사진과 생성한 종양 사진으로, 뇌 사진과 마찬가지로 서로 비슷한 분포를 가지고 있다.

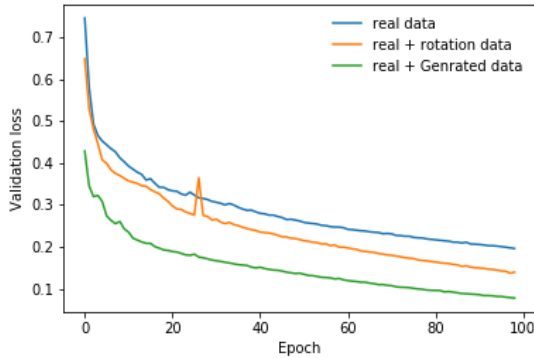


그림 3 학습 횟수에 따른 오차

그림 3 은 학습 방법 별로 학습 횟수에 따른 오차를 시각화한 그래프이다. 실제 환자의 뇌 MRI 이미지 데이터만 사용하여 학습한 경우, 기하학적인 변화를 주어 데이터를 추가하여 학습한 경우, 제안한 딥러닝 기반 데이터 증강 기법으로 데이터를 추가한 후 학습한 경우에 대한 결과로 데이터셋의 차이를 제외하고 최대 epoch 수는 100, learning rate 은 $1e-5$, batch size 는 10 으로 조건을 동일하게 실험 하였다. 그래프를 통해서 딥러닝 기반 데이터 증강기법 결과가 앞선 두 경우들에 비해 최종적으로 더 낮은 오차를 갖는 것을 확인 할 수 있다.

	DICE	IOU
Real	57.93%	42.31%
Real+ geometric transformation based	60.01%	43.61%
Real + DNN augmentation	62.11%	46.04%

표 1 학습 데이터에 따른 성능 비교

뇌 종양 검출 모델의 성능 평가로 Dice coefficient 와 Intersection over union(IOU)를 사용하여 비교한다. 두 평가 방법은 객체 검출에서 활용되는 지표로 실제 종양 데이터와 검출한 종양을 비교하는 식(1), 식(2)로 나타낼 수 있다.

$$\text{Dice coefficient: } \frac{2(AB)}{(A+B)} \quad (1)$$

$$\text{IOU: } \frac{AB}{(A+B-AB)} \quad (2)$$

A 는 종양 검출 모델에서 예측한 결과, B 는 실제 뇌 MRI 사진에 대한 ground truth 를 의미한다. Dice coefficient 는 데이터 증가없이 학습한 경우 57.93%, 기하학적 변화를 통한 데이터 증가 후 학습에서는 60.01%를 기록했고 딥러닝 기반 데이터 증강 기법으로 데이터를 확장 시켜 학습한 경우에는 62.11%로 가장 높은 성능으로 개선되었다. IOU 는 데이터 추가 없이 학습한 경우에 42.31%, 기하학적 변화를 통한 데이터 증가 후에는 43.61%를 기

록하였으며 데이터 증강 기법을 통한 데이터셋 추가 후에는 46.04%를 기록했다. 두 성능 평가 지표를 토대로 GAN 신경망 기반 데이터 증가 기법이 2~5% 성능 개선 효과가 있다는 것을 확인할 수 있다.

III. 결론

본 논문에서는 GAN 모델을 활용하여, 뇌 종양 검출 학습을 위한 훈련 데이터를 증강시키는 기법 및 검출 알고리즘을 제안하였으며, 제안하는 가상 훈련 데이터 생성 기법은 기존의 데이터 확장 기법보다 효과적으로 동작함을 실험적으로 보였다.

참 고 문 헌

- [1] B. H. Menze, A. Jakab, S. Bauer, J. Kalpathy-Cramer, K. Farahani, J. Kirby, et al. "The Multimodal Brain Tumor Image Segmentation Benchmark (BRATS)", IEEE Transactions on Medical Imaging 34(10), 1993-2024 (2015)
- [2] S. Bakas, H. Akbari, A. Sotiras, M. Bilello, M. Rozycki, J.S. Kirby, et al., "Advancing The Cancer Genome Atlas glioma MRI collections with expert segmentation labels and radiomic features", Nature Scientific Data, 4:170117 (2017)
- [3] S. Bakas, M. Reyes, A. Jakab, S. Bauer, M. Rempfler, A. Crimi, et al., "Identifying the Best Machine Learning Algorithms for Brain Tumor Segmentation, Progression Assessment, and Overall Survival Prediction in the BRATS Challenge", arXiv preprint arXiv:1811.02629 (2018)
- [4] Ronneberger, Olaf, Philipp Fischer, and Thomas Brox. "U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation." International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention. Springer, Cham, 2015.
- [5] Radford, Alec, Luke Metz, and Soumith Chintala. "Unsupervised representation learning with deep convolutional generative adversarial networks." arXiv preprint arXiv:1511.06434 (2015).
- [6] Isola, Phillip, et al. "Image-to-image translation with conditional adversarial networks." Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition. 2017.
- [7] Wold, Svante, Kim Esbensen, and Paul Geladi. "Principal component analysis." Chemometrics and intelligent laboratory systems 2.1-3 (1987): 37-52.
- [8] Maaten, Laurens van der, and Geoffrey Hinton. "Visualizing data using t-SNE." Journal of machine learning research 9.Nov (2008): 2579-2605.