

YOLO 기반 뇌 종양 탐지와 MGMT 프로모터 메틸화 예측에 관한 연구

장정의, 이예령, 강채연, 장혜령*
동국대학교

{jangjung31, yrlee040212}@dgu.ac.kr, codus090880@gmail.com, *hyeryung.jang@dgu.ac.kr

A Study on YOLO-based Brain Tumor Detection and MGMT Promoter Methylation Prediction

Jeongui Jang, Yeryeong Lee, Chaeyeon Kang, Hyeryung Jang*
Dongguk Univ.

요 약

교모세포종은 악성도가 높은 뇌 종양으로, 인구 고령화에 따라 발병률이 증가하고 재발이 빈번하여 치료가 까다롭다. MGMT 프로모터 메틸화 여부는 치료 전략 결정에 중요한 영향을 미치며, 최근 이를 위한 딥러닝 기반 연구가 활발히 진행되고 있다. 본 논문에서는 딥러닝을 활용하여 뇌 MRI 영상 이미지로부터 단면 종류를 분류하고 종양을 자동으로 검출하여, 뇌 종양을 탐지하고 MGMT 프로모터 메틸화 여부를 예측하는 방법을 제안한다. Kaggle 에서 제공하는 뇌 종양 이미지 데이터셋을 활용하여 Vision Transformer(ViT)로 MRI 단면을 분류하고, YOLO 모델을 통해 종양을 탐지하도록 학습을 수행한 결과, 전체 데이터를 단일 YOLO 모델로 학습할 때보다 향상된 성능을 도출하는 것을 확인하였다.

I. 서 론

교모세포종은 악성도 높은 뇌종양으로, MGMT 프로모터의 메틸화 상태가 치료 전략을 결정하는 데 중요한 역할을 한다[1]. 수술로 조직 샘플을 추출하여 MGMT 프로모터 메틸화 여부를 검사하는 기존 방식은 시간과 비용이 많이 들며, 환자에게는 침습적 절차라는 부담이 따른다. 이를 해결하기 위해, MRI 영상을 활용한 자동화된 MGMT 프로모터 메틸화 예측 시스템이 필요하다. 이 시스템은 비 침습적이며 신속하고 안전한 검사를 가능하게 하며, 기존의 노동집약적인 문제를 해결할 수 있다[2]. 본 논문에서는 YOLO 모델을 사용해 MRI 영상에서 종양 위치를 탐지하고, 해당 위치에서 MGMT 프로모터 메틸화 여부를 정확하게 예측하는 딥러닝 기반 방식을 제안한다. 기존 연구들은 주로 뇌 MRI 스캔의 단일 단면만을 분석하였으나, 본 연구에서는 모든 뇌 MRI 단면을 사용하여 ViT 로 단면 분류를 수행하고, YOLO 로 뇌종양을 탐지하여 예측 정확도를 극대화하고자 한다.

II. 본론

II.1 주요 모델

본 논문에서는 정확한 검출을 요구하는 의료 이미지의 특성을 고려하여, 불필요한 false positive(FP) 탐지 최소화에 탁월한 성능을 보이는 YOLO(You Only Look Once) 모델을 주 학습 알고리즘으로 사용하였다[3]. YOLO 는 이미지를 $S \times S$ 그리드로 나눈 후 각 그리드 셀에서 객체의 바운딩 박스와 confidence 를 예측한다. 바운딩 박스는 객체의 위치를 중심점(x,y)와 너비(w), 높이(h)로 표시하며, confidence 는 해당 박스가 객체를 포함할 확률로 계산된다. 또한, 종양 위치 파악에 앞서 뇌 단면의 종류를 정확하게 분류하기 위해 Vision Transformer(ViT) 모델을 활용한다[4]. ViT 는 위치

인코딩을 통해 이미지 패치 간의 공간적 관계를 학습하여, 뇌 이미지에서 각 단면의 구조적 패턴과 위치적 특징을 더 정확하게 반영해 분류를 수행한다.

II.2 학습 데이터

본 논문에서는 Kaggle 에서 제공하는 뇌 종양 MRI 이미지 데이터셋을 활용하였다[5]. 데이터셋은 T1wCE 조영기법으로 촬영된 이미지로 구성되어 있으며, 뇌 영상은 세 가지 주요 단면으로 구분된다: axial(축상면, 수평 단면), coronal(관상면, 앞뒤 단면), sagittal(시상면, 좌우 단면)이다. 각 단면 별 (학습, 테스트) 데이터의 개수는 axial 의 경우 (296, 75), coronal 은 (318, 78), sagittal 은 (264, 70)로 구성되어 있다. 데이터 라벨은 MGMT 프로모터의 메틸화 상태를 나타내는 클래스(negative(0), positive(1)) 정보와 종양 위치를 나타내는 바운딩 박스 정보(x,y,w,h)를 포함하고 있다.

II.3 데이터 전처리, 파라미터 및 중강 설정

각 단면의 시각적 특징을 강조하고 모델 성능을 최적화하기 위해 단면별로 적절한 전처리 기법을 적용하였다. **Axial** 단면은 다양한 밀도를 가진 조직들이 혼재하여 종양과 주변 조직의 구분이 어려운 경우가 많으므로, 밝기 조정과 대비 강화를 통해 이미지의 명암 대비를 개선하였다. **Coronal** 단면은 이미지에서 뇌의 비중이 작고 상단에 위치하므로, 관심 영역을 강조하기 위해 크롭(crop)과 히스토그램 평활화(histogram equalization)를 사용하였다. 마지막으로 **Sagittal** 단면은 중추 신경계를 많이 포함하므로, 경계선과 윤곽선을 명확히 하기 위해 샤프닝(sharpening)을 적용하였다. 단면별 전처리 예시는 그림 1 에서 확인할 수 있다.

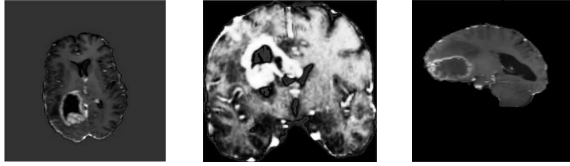


그림 1. 각 단면 이미지 전처리 예시
(왼쪽부터 axial, coronal, sagittal)

추가적으로, 네트워크의 유연성과 정확성을 향상시키기 위해 배치 내 이미지 크기에 따라 stride 를 조정하는 rect 파라미터를 활성화하였다. 이는 YOLO 추론 과정에서 추가되는 패딩을 최소화하여 불필요한 연산을 줄인다. 또한, false positive 탐지를 줄이기 위해 배경 이미지(검출 개체가 없는 이미지)를 학습 데이터셋에 추가하는 데이터 증강 기법을 사용하였다. 각 단면 별로 전체 학습 이미지의 5%를 배경 이미지로 추가함으로써 종양이 없는 영역에서의 오탐지를 줄이고자 하였다.

III. 학습 결과

다양한 크기와 형태의 뇌종양을 유연하게 탐지하기 위해 앵커 프리 방식의 YOLOv8 모델을 사용하여 뇌종양 객체 검출 모델을 학습하였다. 데이터 양이 제한적이므로 과적합을 방지하고 일반화 성능을 높이기 위해 v8n 모델을 선택하였으며, 단면별로 독립적으로 학습을 수행하였다. 기본 모델의 파라미터는 epoch 200, batch size 16, image size 640×640, conf 0.25 로 설정하였다. 성능 지표로는 IoU 50% 이상일 때 예측된 바운딩 박스와 실제 바운딩 박스 간의 일치도를 기반으로 계산된 평균 정확도(mAP50)를 사용하였다. 기본 모델부터 순차적으로 데이터 전처리, rect 파라미터 활성화, 배경 이미지 증강을 추가 적용한 모델의 단면 별 성능은 표 1 에 요약되어 있으며, 최고 성능을 굵게 표시하였다.

단면 / 모델	기본	+ 전처리	+ rect	+ 증강
axial	0.911	0.93	0.805	0.864
coronal	0.62	0.672	0.666	0.7
sagittal	0.498	0.456	0.57	0.568

표 1. 기본, 전처리, rect, 증강 전후 mAP50 성능 비교

각 단면 별 모델의 성능 향상을 위해 다양한 기법을 적용한 결과, axial 은 기본 모델 대비 최대 2.09%, coronal 은 12.9%, sagittal 은 14.46%의 성능 향상이 나타났다. axial 의 경우, 다른 단면에 비해 이미지 크기가 다양하여, rect 파라미터를 활성화했을 때 다양한 크기의 이미지에 일관된 패딩 방식이 적용되어 성능이 오히려 저하되었다. 또한, false positive 개수가 적어 증강 기법을 적용해도 성능 향상에 큰 차이가 없었다.

학습 후 테스트 데이터에 대한 뇌 종양 검출 결과 예시는 그림 2 와 같다. 종양이 negative(0)인 경우 빨간색, positive(1)인 경우 파란색 바운딩 박스로 표시했으며, 라벨과 confidence score 도 함께 표기해 결과를 직관적으로 표현했다. 비교적 높은 confidence score 로 정확히 종양 여부를 판별하는 것을 확인하였다.

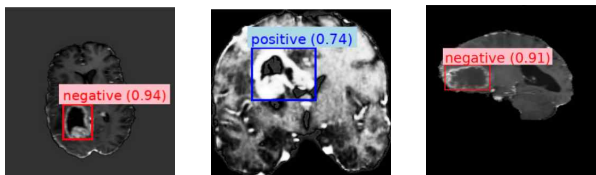


그림 2. 각 단면 별 뇌 종양 검출 결과 예시
(왼쪽부터 axial, coronal, sagittal)

다음으로, ViT 로 학습한 뇌 단면 분류의 정확도는 0.982 로, coronal 테스트 데이터 4 장이 sagittal 로 오분류된 것을 제외하면 모두 올바르게 분류되었다. ViT 로 단면을 분류한 후 단면 별로 학습한 YOLO 모델(표 1)의 성과와, 전체 단면 데이터를 통합하여 학습한 단일 YOLO 모델의 성능을 비교한 결과, 본 논문에서 제안한 방법(표 2 의 오른쪽 열)은 단일 YOLO 모델(표 2 의 왼쪽 열)보다 약 45.69% 성능이 향상되었다. 이는 단면에 관계없이 뇌 종양 객체 검출을 자동화하는 점에서 우수한 성과를 보여준다.

모델	단일 YOLO	ViT + 단면별 YOLO (ours)
mAP	0.51	0.743

표 2. 단면 통합 최종 성능 비교

IV. 결론

본 연구에서는 딥러닝을 활용해 뇌 종양 탐지와 MGMT 프로모터 메틸화 여부를 예측하는 효과적인 방법을 제시하였다. ViT 와 YOLO 모델을 결합하여 다양한 MRI 단면에서 뇌 종양을 자동으로 탐지하고, 메틸화 상태를 예측하는 자동화 시스템을 구축하였다. 실험 결과, 이 시스템은 무작위 T1wCE 이미지에서도 우수한 성능을 보였으며, 단면 분류와 종양 검출 과정의 자동화를 통해 보다 신뢰성 있는 예측이 가능함을 확인하였다. 그러나 각 단면별 데이터 부족으로 학습 과정에서 오버피팅이 발생하였고, 제한된 데이터 양으로는 모델 성능을 충분히 개선하는 데 한계가 있었다. 최근 연구[6]에서 지적된 바와 같이, 데이터 부족과 작은 표본 크기는 딥러닝 모델의 일반화에 영향을 미칠 수 있다. 그럼에도 본 연구 결과는 추가 정밀 의료 진단이 필수적인 경우를 판별하는 효율적인 1 차 단계로 활용될 수 있다.

ACKNOWLEDGMENT

본 연구는 과학기술정보통신부 및 정보통신기획평가원의 대학 ICT 연구센터육성지원사업(IITP-2024-2020-0-01789)과 2024 년 SW 중심대학사업(2023-0-00049)의 지원을 받아 수행되었음.

참 고 문 헌

- [1] Feldheim J. et al., "Changes of O6-Methylguanine DNA Methyltransferase (MGMT) Promoter Methylation in Glioblastoma Relapse-A Meta-Analysis Type Literature Review", Cancers 11.12 (2019): 1837.
- [2] Kaggle, RSNA-MICCAI Brain Tumor Radiogenomic Classification (<https://www.kaggle.com/competitions/rsna-miccai-brain-tumor-radiogenomic-classification>)
- [3] J. Redmon et al., "You Only Look Once: Unified, Real-Time Object Detection", IEEE CVPR, 2016.
- [4] A. Dosovitskiy et al., "An image is worth 16x16 words: Transformers for image recognition at scale", arXiv preprint arXiv:2010.11929 (2020)
- [5] Kaggle, Brain tumor object detection datasets (<https://www.kaggle.com/datasets/davidbroberts/brain-tumor-object-detection-datasets/data>)
- [6] N. Saeed et al., "MGMT promoter methylation status prediction using MRI scans? An extensive experimental evaluation of deep learning models", Medical Image Analysis 90 (2023): 102989.