



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 공개특허공보(A)

(11) 공개번호 10-2025-0014817
(43) 공개일자 2025년02월03일

- | | |
|--|--|
| <p>(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
G06V 20/69 (2022.01) G06N 3/08 (2023.01)
G06V 10/774 (2022.01)</p> <p>(52) CPC특허분류
G06V 20/698 (2022.01)
G06N 3/088 (2023.01)</p> <p>(21) 출원번호 10-2023-0095415
(22) 출원일자 2023년07월21일
심사청구일자 2023년07월21일</p> | <p>(71) 출원인
고려대학교 산학협력단
서울특별시 성북구 안암로 145, 고려대학교 (안암동5가)</p> <p>(72) 발명자
정승원
서울특별시 서초구 서초대로65길 13-10, 113동 1603호(서초동, 서초래미안아파트)</p> <p>쉬썬신
서울특별시 동대문구 안암로18가길 27, 하늘정원 601호(제기동)</p> <p>(74) 대리인
송인호, 윤형근, 최관락</p> |
|--|--|

전체 청구항 수 : 총 6 항

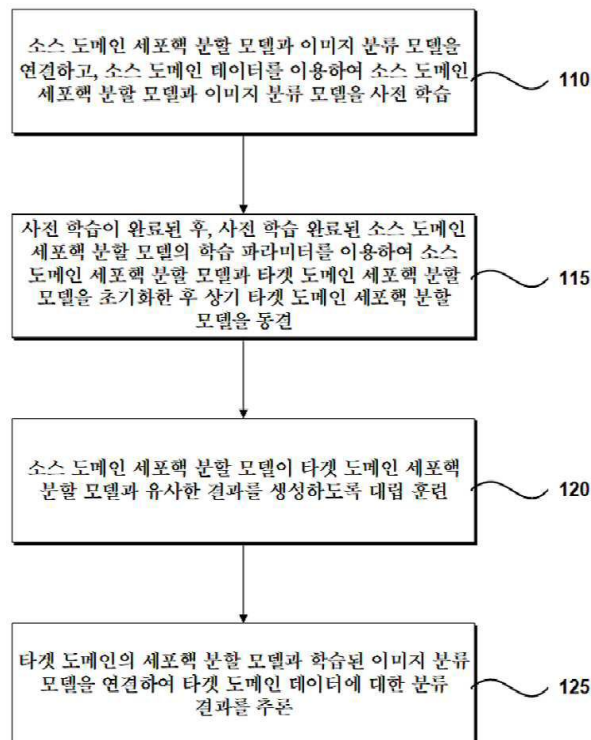
(54) 발명의 명칭 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법 및 그 장치

(57) 요약

역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법 및 그 장치가 개시된다. 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법은 (a) 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 연결하고, 소스 도메인 데이터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 사전 학습시키는 단계; (b) 상기 사전 학습 완료된 소스 도

(뒷면에 계속)

대표도 - 도1



메인 세포핵 분할 모델의 학습 파라미터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 초기화한 후 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 동결시키는 단계; (c) 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 유사한 결과를 생성하도록 대립 훈련시키고, 상기 이미지 분류 모델은 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 이미지 클래스 레이블을 예측하도록 학습되는 단계; 및 (d) 상기 타겟 도메인의 세포핵 분할 모델과 상기 학습된 이미지 분류 모델을 연결하여 타겟 도메인 데이터의 분류 결과를 출력하는 단계를 포함한다.

(52) CPC특허분류

G06V 10/774 (2023.08)

G06V 20/695 (2022.01)

G06V 2201/03 (2022.01)

이 발명을 지원한 국가연구개발사업

과제고유번호	1465040238
과제번호	HI21C0940050223
부처명	보건복지부
과제관리(전문)기관명	한국보건산업진흥원
연구사업명	디지털 병리 기반의 암 전문 AI 분석 솔루션 개발
연구과제명	디지털 병리 및 인공지능 기반 다중 장기 지능형 형태분석 및 분자변이예측 소프트웨어 개발
기 여 율	1/1
과제수행기관명	고려대학교산학협력단
연구기간	2023.01.01 ~ 2023.12.31

명세서

청구범위

청구항 1

- (a) 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 연결하고, 소스 도메인 데이터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 사전 학습시키는 단계;
- (b) 상기 사전 학습 완료된 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 학습 파라미터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 초기화한 후 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 동결시키는 단계;
- (c) 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 유사한 결과를 생성하도록 대립 훈련시키고, 상기 이미지 분류 모델은 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 이미지 클래스 레이블을 예측하도록 학습되는 단계; 및
- (d) 상기 타겟 도메인의 세포핵 분할 모델과 상기 학습된 이미지 분류 모델을 연결하여 타겟 도메인 데이터의 분류 결과를 출력하는 단계를 포함하는 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법.

청구항 2

제1 항에 있어서,

상기 (c) 단계에서,

도메인 분류 모델이 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 연결되되,

상기 도메인 분류 모델은 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과와 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 도메인 분류를 수행하되,

상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델은 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과와 유사하도록 세포핵 분할 결과를 생성하도록 적대적으로 훈련되는 것을 특징으로 하는 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법.

청구항 3

제1 항에 있어서,

상기 이미지 분류 모델, 상기 도메인 분류 모델 및 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 손실 함수는 하기 수학적 식으로 계산되는 것을 특징으로 하는 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법.

$$L_{RUDA} = \lambda_c L_c + \lambda_s L_s + \lambda_{adv} L_{adv}$$

여기서, λ_c , λ_s , λ_{adv} 는 각각 가중치 파라미터를 나타내고, L_c 는 이미지 분류 모델의 교차 엔트로피 손실을 나타내고, L_s 는 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 손실 함수를 나타내고, L_{adv} 는 도메인 분류 모델의 손실 함수를 나타냄.

청구항 4

제1 항에 있어서,

상기 소스 도메인 데이터와 상기 타겟 도메인 데이터는 서로 다른 암 유형의 병리 이미지이되,

상기 소스 도메인 데이터는 이미지 분류와 세포핵 분할에 대한 주석을 포함하는 것을 특징으로 하는 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법.

청구항 5

소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 연결하고, 소스 도메인 데이터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 사전 학습시키는 사전 학습부;

상기 사전 학습 완료된 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 학습 파라미터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 초기화한 후 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 동결시키고, 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 유사한 결과를 생성하도록 대립 훈련시키고, 상기 이미지 분류 모델은 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 이미지 클래스 레이블을 예측하도록 학습하는 역 도메인 적응 학습부; 및

타겟 도메인의 세포핵 분할 모델과 상기 학습된 이미지 분류 모델을 연결하여 타겟 도메인 데이터의 분류 결과를 출력하는 추론부를 포함하는 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치.

청구항 6

제5 항에 있어서,

상기 역 도메인 적응 학습부는,

상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 도메인 분류 모델을 연결한 후 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과와 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 상기 도메인 분류 모델이 도메인 분류를 수행하도록 학습시키고, 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과와 유사하도록 세포핵 분할 결과를 생성하도록 적대적으로 훈련시키는 것을 특징으로 하는 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치.

발명의 설명

기술 분야

[0001] 본 발명은 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법 및 그 장치에 관한 것이다.

배경 기술

[0003] 딥러닝의 가장 큰 한계는 학습 과정에서 본적이 없는 데이터를 잘 분석할 수 없다는 것이다. 또한, 데이터 주석이 제한적이며, 다양한 분포의 데이터로 학습하는 것도 어렵다. 이러한 이유로 도메인 적응 기술이 딥러닝 분야에서 널리 사용되고 있으며, 딥러닝 모델의 일반화 성능을 향상시켜 학습 중 본적 없는 데이터 분포에 대해서도 잘 예측하도록 한다.

[0004] 또한, 병리 이미지에서 세포핵의 형태와 분포 등의 정보는 암 진단에 많은 도움을 준다. 따라서, 세포핵 분할 결과를 활용하여 이미지 분류를 보조하는 방안에 대한 연구가 필요하나 이를 엔드-투-엔드(end-to-end) 형태로 통합하는 기술은 존재하지 않는다.

발명의 내용

해결하려는 과제

- [0006] 본 발명은 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법 및 그 장치를 제공하기 위한 것이다.
- [0007] 또한, 본 발명은 핵 분할 및 이미지 분류에 대한 주석을 가진 소스 도메인을 이용하여 주석이 없는 타겟 도메인의 이미지 분류 성능을 향상시킬 수 있는 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법 및 그 장치를 제공하기 위한 것이다.

과제의 해결 수단

- [0009] 본 발명의 일 측면에 따르면, 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법이 제공된다.
- [0010] 본 발명의 일 실시예에 따르면, (a) 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 연결하고, 소스 도메인 데이터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 사전 학습시키는 단계; (b) 상기 사전 학습 완료된 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 학습 파라미터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 초기화한 후 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 동결시키는 단계; (c) 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 유사한 결과를 생성하도록 대립 훈련시키고, 상기 이미지 분류 모델은 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 이미지 클래스 레이블을 예측하도록 학습되는 단계; 및 (d) 상기 타겟 도메인의 세포핵 분할 모델과 상기 학습된 이미지 분류 모델을 연결하여 타겟 도메인 데이터의 분류 결과를 출력하는 단계를 포함하는 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법이 제공될 수 있다.
- [0011] 상기 (c) 단계에서, 도메인 분류 모델이 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 연결되되, 상기 도메인 분류 모델은 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과와 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 도메인 분류를 수행하되, 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델은 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과와 유사하도록 세포핵 분할 결과를 생성하도록 적대적으로 훈련될 수 있다.
- [0012] 상기 이미지 분류 모델, 상기 도메인 분류 모델 및 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 손실 함수는 하기 수학적 식으로 계산되되,

$$L_{RUDA} = \lambda_c L_c + \lambda_s L_s + \lambda_{adv} L_{adv}$$

- [0013]
- [0014] 여기서, λ_c , λ_s , λ_{adv} 는 각각 가중치 파라미터를 나타내고, L_c 는 이미지 분류 모델의 교차 엔트로피 손실을 나타내고, L_s 는 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 손실 함수를 나타내고, L_{adv} 는 도메인 분류 모델의 손실 함수를 나타낸다.
- [0015] 상기 소스 도메인 데이터와 상기 타겟 도메인 데이터는 서로 다른 암 유형의 병리 이미지이되, 상기 소스 도메인 데이터는 이미지 분류와 세포핵 분할에 대한 주석을 포함할 수 있다.

- [0017] 본 발명의 다른 측면에 따르면, 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치가 제공된다.
- [0018] 본 발명의 일 실시예에 따르면, 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 연결하고, 소스 도메인 데이터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 사전 학습시키는 사전 학습부; 상기 사전 학습 완료된 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 학습 파라미터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 초기화한 후 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 동결시키고, 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 유사한 결과를 생성하도록 대립 훈련시키고, 상기 이미지 분류 모델은 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 이미지 클래스 레이블을 예측하도록 학습하는 역 도메인 적응 학습부; 및 타겟 도메인의 세포핵 분할 모델과 상기 학습된 이미지 분류 모델을 연결하여 타겟 도메인 데이터의 분류 결과를 출력하는 추론부를 포함하는 역 도메인 적응

기반 병리 이미지 분류 장치가 제공될 수 있다.

- [0019] 상기 역 도메인 적응 학습부는, 상기 소스 도메인 세포렉 분할 모델과 상기 타겟 도메인 세포렉 분할 모델과 도메인 분류 모델을 연결한 후 상기 소스 도메인 세포렉 분할 모델의 세포렉 분할 결과와 상기 타겟 도메인 세포렉 분할 모델의 세포렉 분할 결과를 입력받아 상기 도메인 분류 모델이 도메인 분류를 수행하도록 학습시키고, 상기 소스 도메인 세포렉 분할 모델이 상기 타겟 도메인 세포렉 분할 모델의 세포렉 분할 결과와 유사하도록 세포렉 분할 결과를 생성하도록 적대적으로 훈련시킬 수 있다.

발명의 효과

- [0021] 본 발명의 일 실시예에 따른 발명은 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법 및 그 장치를 제공함으로써, 핵 분할 및 이미지 분류에 대한 주석을 가진 소스 도메인을 이용하여 주석이 없는 타겟 도메인의 이미지 분류 성능을 향상시킬 수 있다.

도면의 간단한 설명

- [0023] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법을 나타낸 순서도.
 도 2는 본 발명의 일 실시예에 따른 전체 학습 아키텍처를 도시한 도면.
 도 3은 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법에 대한 의사 코드를 도시한 도면.
 도 4는 본 발명의 일 실시예에 따른 소스 도메인과 타겟 도메인에 대한 세포렉 분할 결과를 나타낸 도면.
 도 5는 본 발명의 일 실시예에 따른 추론 과정을 설명하기 위해 도시한 도면.
 도 6은 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치의 내부 구성을 개략적으로 도시한 도면.
 도 7은 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기술 적용 전 후의 소스 도메인과 타겟 도메인의 세포렉 분할 결과 차이를 비교한 결과를 나타낸 도면.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

- [0024] 본 명세서에서 사용되는 단수의 표현은 문맥상 명백하게 다르게 뜻하지 않는 한, 복수의 표현을 포함한다. 본 명세서에서, "구성된다" 또는 "포함한다" 등의 용어는 명세서상에 기재된 여러 구성 요소들, 또는 여러 단계들을 반드시 모두 포함하는 것으로 해석되지 않아야 하며, 그 중 일부 구성 요소들 또는 일부 단계들은 포함되지 않을 수도 있고, 또는 추가적인 구성 요소 또는 단계들을 더 포함할 수 있는 것으로 해석되어야 한다. 또한, 명세서에 기재된 "...부", "모듈" 등의 용어는 적어도 하나의 기능이나 동작을 처리하는 단위를 의미하며, 이는 하드웨어 또는 소프트웨어로 구현되거나 하드웨어와 소프트웨어의 결합으로 구현될 수 있다.

- [0025] 이하, 첨부된 도면들을 참조하여 본 발명의 실시예를 상세히 설명한다.

- [0027] 도 1은 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법을 나타낸 순서도이고, 도 2는 본 발명의 일 실시예에 따른 전체 학습 아키텍처를 도시한 도면이고, 도 3은 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법에 대한 의사 코드를 도시한 도면이고, 도 4는 본 발명의 일 실시예에 따른 소스 도메인과 타겟 도메인에 대한 세포렉 분할 결과를 나타낸 도면이고, 도 5는 본 발명의 일 실시예에 따른 추론 과정을 설명하기 위해 도시한 도면이다.

- [0028] 단계 110에서 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)는 소스 도메인 세포렉 분할 모델과 이미지 분류 모델을 연결하고, 소스 도메인 데이터를 이용하여 소스 도메인 세포렉 분할 모델과 이미지 분류 모델을 사전 학습시킨다.

- [0029] 이에 대해 보다 상세히 설명하기로 한다.

[0030] 본 발명의 일 실시예에 따른 학습 아키텍처는 도 2에 도시된 바와 같다.

[0031] 우선, 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)는 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 연결한다. 이어, 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)는 소스 도메인 데이터를 세포핵 분할 모델에 입력하여 세포핵 분할 결과를 추출한 후 이를 후단에 연결된 이미지 분류 모델에 적용하여 분류 결과(클래스 레이블)를 예측하도록 사전 학습시킨다.

[0032] 이해와 설명의 편의를 도모하기 위해, 소스 도메인 데이터를 I_s 로 나타내며, 소스 도메인 세포핵 분할 모델에 I_s 를 적용하여 획득된 세포핵 분할 결과를 $\hat{M}_s$ 로 나타내기로 한다.

[0033] 세포핵 분할 결과 $\hat{M}_s$ 를 이미지 분류 모델에 적용하여 I_s 에 대한 클래스 라벨을 예측할 수 있다.

[0034] 세포핵 분할 결과 $\hat{M}_s$ 는 수학적 식 1과 같이 나타낼 수 있다.

수학적 식 1

$$\hat{M}_s = \mathcal{H}_s(I_s) = \{\hat{M}_{sb}, \hat{M}_{sh}, \hat{M}_{sv}\}$$

[0035]

[0036] 여기서, $\hat{M}_{sb}$ 는 소프트맥스 연산 이후의 바이너리 예측 맵을 나타내고, $\hat{M}_{sh}$ 와 $\hat{M}_{sv}$ 는 소벨 연산자(Sobel operator)를 사용하여 획득된 수평 및 수직 거리 맵을 나타낸다. 또한, $\mathcal{H}_t$ 는 소스 도메인 세포핵 분할 모델을 나타낸다. 본 발명의 일 실시예에서는 세포핵 분할 모델로, 예를 들어, Hover-Net일 수 있다.

[0037] 해당 세포핵 분할 결과 $\hat{M}_s$ 는 분류 모델로 공급되며, 분류 모델의 경우 병리 이미지 분류 특징맵을 추출하기 위한 백본 네트워크이다. 세포핵이 진단에 중요한 역할을 하지만 조직 정보를 완전히 삭제하면 귀중한 정보를 잃게 된다.

[0038] 따라서, 소스 도메인 세포핵 분할 모델에서 추출되는 세포핵 관련 특징맵은 세포핵 분할 결과와 함께 이미지 분류 모델로 공급되어 조직(tissue) 관련 정보를 제공하는데 사용될 수 있다.

[0039] 따라서, 분류 모델 훈련에 사용되는 특징은 $h_s = [z_s, h_{sb}, h_{sh}, h_{sv}]$ 와 같이 나타낼 수 있다. 여기서, $[\cdot, \cdot]$ 는 결합 연산(concatenation operation)을 나타낸다. 또한, $z_s = \text{GAP}(\mathcal{H}_{se}(I_s))$ 는 세포핵 분할 모델의 인코더에서 추출된 특징맵에 전역 평균 풀링을 적용하여 얻은 특징 벡터를 나타내고, $h_{sb} = \text{GAP}(\varphi(I_s, \hat{M}_{sb}))$, $h_{sh} = \text{GAP}(\varphi(I_s, \hat{M}_{sh}))$ 및 $h_{sv} = \text{GAP}(\varphi(I_s, \hat{M}_{sv}))$ 는 세포핵 분할 결과를 사용하여 획득된 전역 평균 풀링 적용된 주의 특징 벡터(global average pooled attentive feature vector)를 각각 나타낸다.

[0040] 이미지 분류는 수학적식2와 같이 완전 연결 계층을 통해 수행될 수 있다.

수학식 2

$$\hat{C}_s = FC(h_s)$$

[0041]

[0042] 여기서, $\hat{C}_s$ 는 예측된 분류를 나타내고, FC는 완전 연결 계층을 나타낸다.

[0043] 본 발명의 일 실시예에서는 분류 감독을 위해 교차 엔트로피가 적용되며, 이는 수학식 3과 같이 나타낼 수 있다.

수학식 3

$$L_c = -C_s \log \hat{C}_s - (1 - C_s) \log (1 - \hat{C}_s)$$

[0044]

[0045] 수학식 6에 정의된 손실 함수(L_s)를 사용하여 의사 레이블(pseudo label)과의 편차를 페널티화함으로써, 이 미지 분류 모델의 훈련을 안정화시킬 수 있다.

[0046] 소스 도메인의 훈련에 대한 결합된 손실 함수는 수학식 4와 같이 나타낼 수 있다.

수학식 4

$$L_{base} = \lambda_c L_c + \lambda_s L_s$$

[0047]

[0048] 여기서, λ_c , λ_s 는 가중치 파라미터를 나타낸다.

[0049] 단계 115에서 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)는 사전 학습이 완료된 후, 사전 학습 완료된 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 학습 파라미터를 이용하여 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 초기화한 후 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 동결시킨다.

[0050] 소스 도메인 데이터에 대한 학습 과정을 거친 후, 세포핵 분할 모델의 파라미터 $\theta_{\mathcal{H}_s}^*$ 및 이미지 분류 모델의 파라미터 θ_{ϕ}^* 는 초기화된다. $\theta_{\mathcal{H}_s}^*$ 을 사용하여 $\mathcal{H}_s$ 와 $\mathcal{H}_t$ 은 초기화하고, 일관된 세포핵 분할 결과를 생성하기 위해 $\mathcal{H}_t$ 를 동결시킨다. 여기서, $\mathcal{H}_t$ 는 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 나타낸다.

[0051] 단계 120에서 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)는 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 유사한 결과를 생성하도록 대립 훈련시킨다.

[0052] 도 2에서 보여지는 바와 같이, 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 타겟 도메인 세포핵 분할 모델은 도메인 분류 모델과 연결되며, 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 출력 결과(세포핵 분할 결과)와 타겟 도메인 세포핵 분할 모델의 출력 결과(세포핵 분할 결과)를 입력받아 소스 도메인 데이터인지 타겟 도메인 데이터인지를 구별하기 위해 사용된다.

[0053] 역 도메인 적응 기법을 적용하여 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)는 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 타겟 도메인 세포핵 분할 모델의 결과와 유사한 결과를 생성하도록 강제할 수 있다.

[0054] 이에 대해 보다 상세히 설명하기로 한다.

[0055] 즉, 도메인 분류 모델은 $\hat{M}_b$, $\hat{M}_h$, $\hat{M}_v$ 의 연결(concatenation)을 입력으로 사용한다. 소스 도메인 세포핵 분할 모델($\mathcal{H}_s$, 생성자)과 도메인 분류 모델(판별자, D) 사이의 적대적 훈련은 도메인 분류 모델(D)를 혼란스럽게 하도록 소스 도메인 세포핵 분할 모델($\mathcal{H}_s$, 생성자)가 타겟 도메인 세포핵 분할 모델($\mathcal{H}_t$)과 유사한 결과를 생성하도록 할 수 있다.

[0056] 그러나, 이러한 훈련 방법은 도메인 분류 모델(D)이 높은 수준의 특징보다는 세포핵의 개수와 같이 몇가지 간단한 특징에 의존하게 만드는 경향이 있다. 따라서, 사전 훈련된 특징 추출기($\mathcal{R}$)를 사용하고 적대적 학습 중에는 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 고정시킬 수 있다. 드롭아웃을 가진 여러 FC 계층이 도메인 분류에 사용될 수 있다.

[0057] 적대적 손실은 수학식 5와 같이 계산될 수 있다.

수학식 5

$$L_{adv} = \mathbb{E}_{I_t \sim \mathcal{T}} \log \mathcal{D}(\mathcal{R}(\mathcal{H}_t(I_t))) + \mathbb{E}_{I_s \sim \mathcal{S}} \log (1 - \mathcal{D}(\mathcal{R}(\mathcal{H}_s(I_s))))$$

[0058]

[0059] 본 발명의 일 실시예에와 같이, 생성적 적대적 학습으로 세포핵 분류 모델과 분류 모델이 경쟁하면서 학습하고, 타겟 도메인의 세포핵 분할 모듈을 동결시키고 소스 도메인의 세포핵 분할 모듈이 타겟과 유사한 세포핵 분할 결과를 생성하도록 강제할 수 있다.

[0060] 적대적 학습 과정 중에도 소스 도메인 세포핵 분할 결과는 이미지 분류 모델로 제공되며, 이미지 분류 모델이 클래스 레이블을 예측하도록 학습될 수 있다.

[0061] 따라서, 최종 훈련 손실 학습은 수학식 6과 같이 도출될 수 있다.

수학식 6

$$L_{RUDA} = \lambda_c L_c + \lambda_s L_s + \lambda_{adv} L_{adv}$$

[0062]

[0063] 여기서, λ_c , λ_s , λ_{adv} 는 각각 가중치 파라미터를 나타내고, L_c 는 이미지 분류 모델의 교차 엔트로피 손실을 나타내고, L_s 는 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 손실 함수를 나타내고, L_{adv} 는 도메인 분류 모델의 손실 함수를 나타낸다.

[0064] 학습 중 세포핵 분류 모델과 이미지 분류기의 파라미터는 각각 $\theta_{\mathcal{H}_s^{**}}$ 와 θ_{ϕ}^{**} 로 나타낼 수 있다.

[0065] 단계 125에서 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)는 타겟 도메인의 세포핵 분할 모델과 학습된 이미지 분류 모델을 연결하여 타겟 도메인 데이터에 대한 분류 결과를 추론한다.

[0066] 이에 대해 설명하기로 한다.

[0067] 타겟 도메인 세포핵 분할 결과 $\hat{\mathbf{M}}_t$ 는 수학적식 7과 같이 획득될 수 있다.

수학적식 7

[0068]

$$\hat{\mathbf{M}}_t = \mathcal{H}_t(\mathbf{I}_t) = \{\hat{\mathbf{M}}_{tb}, \hat{\mathbf{M}}_{th}, \hat{\mathbf{M}}_{tv}\};$$

[0069] 여기서, $\mathcal{H}_t$ 는 $\theta_{\mathcal{H}_t}^*$ 로 파라미터화되며, 인코더 $\mathcal{H}_{te}$, 디코더 $\mathcal{H}_{td}$ 로 구성된다. $\hat{\mathbf{M}}_{tb}, \hat{\mathbf{M}}_{th}, \hat{\mathbf{M}}_{tv}$ 는 $\hat{\mathbf{M}}_{sb}, \hat{\mathbf{M}}_{sh}, \hat{\mathbf{M}}_{sv}$ 와 유사하게 정의된다.

[0070] 그런 다음 θ_{ϕ}^{**} 로 파라미터화된 이미지 분류 모델에 적용되며, 분류 특징이 $\mathbf{h}_t = [\mathbf{z}_t, \mathbf{h}_{tb}, \mathbf{h}_{th}, \mathbf{h}_{tv}]$ 와 같이 획득될 수 있다. 여기서, $\mathbf{z}_t = \text{GAP}(\mathcal{H}_{te}(\mathbf{I}_t))$,
 $\mathbf{h}_{tb} = \text{GAP}(\varphi(\mathbf{I}_t, \hat{\mathbf{M}}_{tb}))$, $\mathbf{h}_{th} = \text{GAP}(\varphi(\mathbf{I}_t, \hat{\mathbf{M}}_{th}))$,
 $\mathbf{h}_{tv} = \text{GAP}(\varphi(\mathbf{I}_t, \hat{\mathbf{M}}_{tv}))$ 이다.

[0071] 그런 다음 타겟 도메인 분류 결과는 수학적식 8과 같이 주어질 수 있다.

수학적식 8

[0072]

$$\hat{\mathbf{C}}_t = \text{FC}(\mathbf{h}_t).$$

[0073] 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법에 대한 의사코드는 도 3에 도시된 바와 같다. 추론 과정의 경우, 도 5에 도시된 바와 같이, 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 학습이 완료된 이미지 분류 모델이 연결될 수 있다.

[0074] 도 4는 본 발명의 일 실시예에 따른 소스 도메인과 타겟 도메인에 대한 세포핵 분할 결과를 나타낸 도면이다. 도 4의 (a)는 소스 도메인 데이터를 나타낸 도면이고, (b)는 본 발명을 적용하지 않는 경우 세포핵 분할 결과를 도시한 도면이고, (c)는 타겟 도메인을 고정하지 않은 세포핵 분할 결과를 나타낸 도면이고, (d)는 본 발명의 일 실시예에 따른 타겟 도메인을 고정한 세포핵 분할 결과를 나타낸 도면이며, (e)는 타겟 도메인 세포핵 분할 결과를 나타낸 도면이다.

[0075] 도 4의 (b)와 (d)에서 보여지는 바와 같이 본 발명의 역 도메인 적응 기법을 적용하지 않는 경우와 적용한 경우 분할 결과에서 눈에 띄는 변화를 확인할 수 있다. 또한, 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기법을 적용한 경우 도 4의 (e)에서 보여지는 바와 같이 소스 도메인의 분절된 핵의 형태학적 특성 및 분포가 타겟 도메인의 것과 가까워진 것을 알 수 있다.

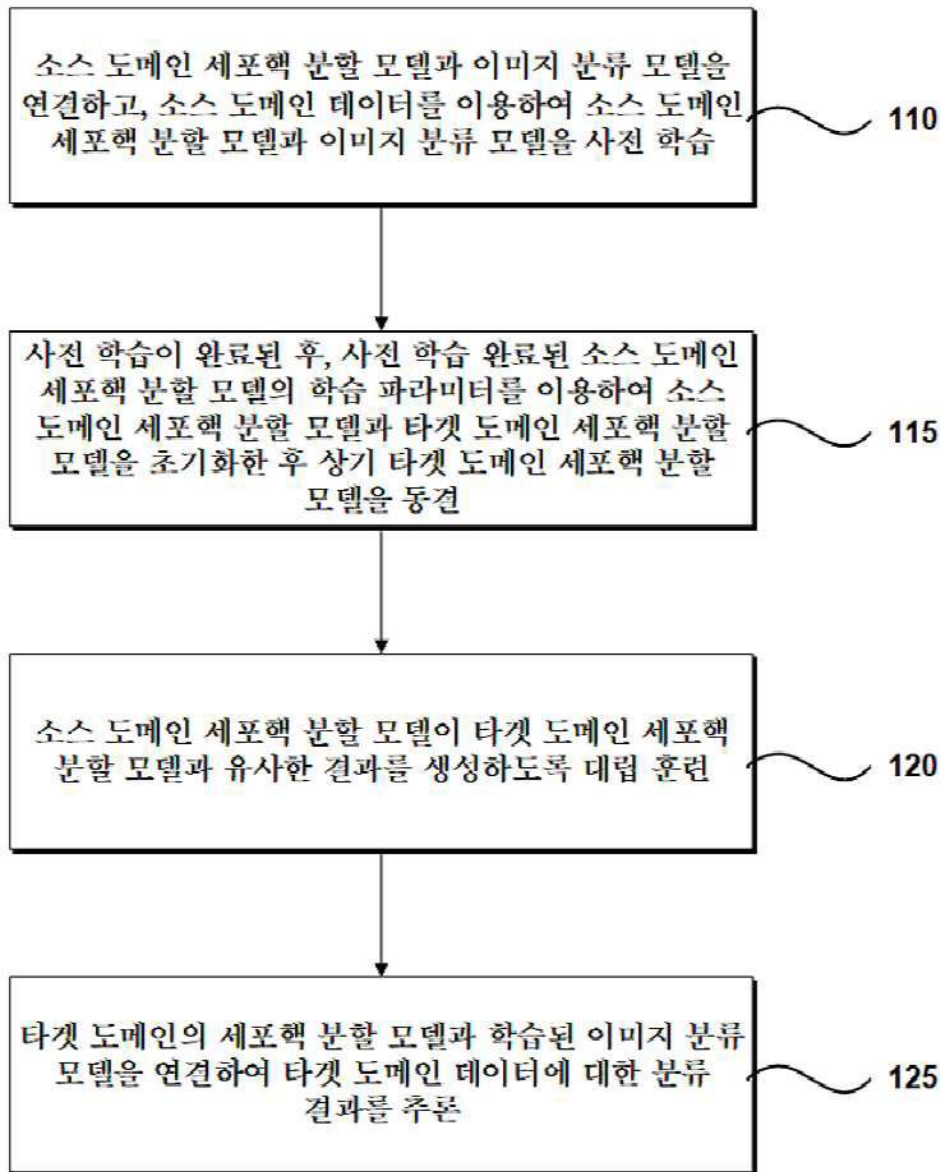
[0076] 즉, 소스 및 타겟 도메인 모두에서 합리적인 세포핵 분할 결과를 제공하여 병리 이미지 분류 성능을 향상시키는 것을 알 수 있다.

[0078] 도 6은 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치의 내부 구성을 개략적으로 도시한 도면이고, 도 7은 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기술 적용 전 후의 소스 도메인과 타겟 도메인의 세포핵 분할 결과 차이를 비교한 결과를 나타낸 도면이다.

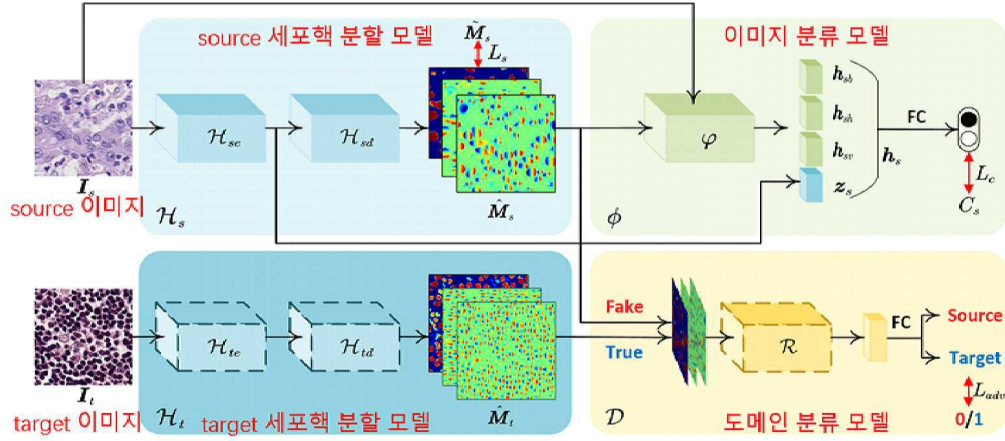
- [0079] 도 6을 참조하면, 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)는 사전 학습부(610), 역 도메인 적응 학습부(620), 추론부(630), 메모리(640) 및 프로세서(650)를 포함하여 구성된다.
- [0080] 사전 학습부(610)는 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 연결하고, 소스 도메인 데이터를 이용하여 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 이미지 분류 모델을 사전 학습시킨다.
- [0081] 역 도메인 적응 학습부(620)는 사전 학습 완료된 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 학습 파라미터를 이용하여 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델과 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 초기화한 후 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델을 동결시키고, 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델이 상기 타겟 도메인 세포핵 분할 모델과 유사한 결과를 생성하도록 대립 훈련시키고, 상기 이미지 분류 모델은 상기 소스 도메인 세포핵 분할 모델의 세포핵 분할 결과를 입력받아 이미지 클래스 레이블을 예측하도록 학습시킨다.
- [0082] 추론부(630)는 타겟 도메인의 세포핵 분할 모델과 상기 학습된 이미지 분류 모델을 연결하여 타겟 도메인 데이터의 분류 결과를 출력한다.
- [0083] 이는 도 1 내지 도 4를 참조하여 설명한 바와 동일하므로 중복되는 설명은 생략하기로 한다.
- [0084] 메모리(640)는 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 방법을 수행하기 위한 프로그램 코드를 저장한다.
- [0085] 프로세서(650)는 본 발명의 일 실시예에 따른 역 도메인 적응 기반 병리 이미지 분류 장치(100)의 내부 구성 요소들(예를 들어, 사전 학습부(610), 역 도메인 적응 학습부(620), 추론부(630), 메모리(640) 등)을 제어하기 위한 수단이다.
- [0086] 도 7은 역 도메인 적응 기술 적용 전 후의 소스 도메인과 타겟 도메인의 세포핵 분할 결과 차이를 비교한 결과이다.
- [0087] 도 7에서 보여지는 바와 같이, 본 발명의 일 실시예에 따른 역도메인 적응 기술을 적용한 경우 세포핵 분할 결과 차이가 줄어든 것을 알 수 있다.
- [0089] 본 발명의 실시 예에 따른 장치 및 방법은 다양한 컴퓨터 수단을 통하여 수행될 수 있는 프로그램 명령 형태로 구현되어 컴퓨터 판독 가능 매체에 기록될 수 있다. 컴퓨터 판독 가능 매체는 프로그램 명령, 데이터 파일, 데이터 구조 등을 단독으로 또는 조합하여 포함할 수 있다. 컴퓨터 판독 가능 매체에 기록되는 프로그램 명령은 본 발명을 위하여 특별히 설계되고 구성된 것들이거나 컴퓨터 소프트웨어 분야 통상의 기술자에게 공지되어 사용 가능한 것일 수도 있다. 컴퓨터 판독 가능 기록 매체의 예에는 하드 디스크, 플로피 디스크 및 자기 테이프와 같은 자기매체(magnetic media), CD-ROM, DVD와 같은 광기록 매체(optical media), 플롭티컬 디스크(floptical disk)와 같은 자기-광 매체(magneto-optical media) 및 롬(ROM), 램(RAM), 플래시 메모리 등과 같은 프로그램 명령을 저장하고 수행하도록 특별히 구성된 하드웨어 장치가 포함된다. 프로그램 명령의 예에는 컴파일러에 의해 만들어지는 것과 같은 기계어 코드뿐만 아니라 인터프리터 등을 사용해서 컴퓨터에 의해서 실행될 수 있는 고급 언어 코드를 포함한다.
- [0090] 상술한 하드웨어 장치는 본 발명의 동작을 수행하기 위해 하나 이상의 소프트웨어 모듈로서 작동하도록 구성될 수 있으며, 그 역도 마찬가지이다.
- [0091] 이제까지 본 발명에 대하여 그 실시 예들을 중심으로 살펴보았다. 본 발명이 속하는 기술 분야에서 통상의 지식을 가진 자는 본 발명이 본 발명의 본질적인 특성에서 벗어나지 않는 범위에서 변형된 형태로 구현될 수 있음을 이해할 수 있을 것이다. 그러므로 개시된 실시 예들은 한정적인 관점이 아니라 설명적인 관점에서 고려되어야 한다. 본 발명의 범위는 전술한 설명이 아니라 특허청구범위에 나타나 있으며, 그와 동등한 범위 내에 있는 모든 차이점은 본 발명에 포함된 것으로 해석되어야 할 것이다.

도면

도면1



도면2



도면3

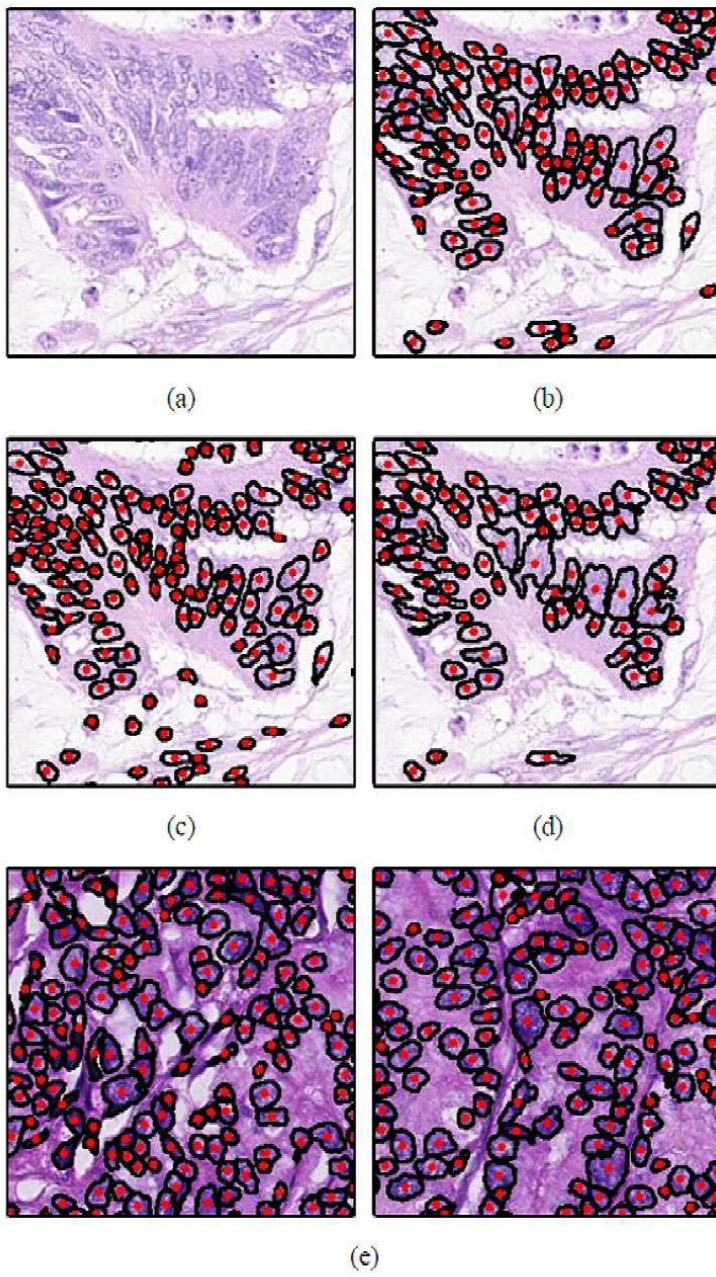
Algorithm 1: Overall Procedure

Input: Source datasets $\mathcal{S}^c$ and $\mathcal{S}^s$ and target dataset $\mathcal{T}$.

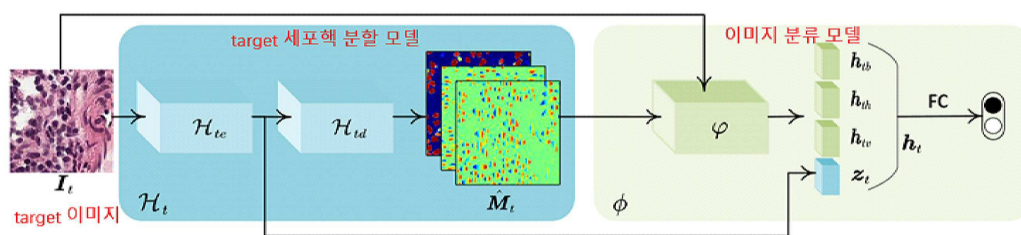
Output: Target domain classification results $\hat{C}_t$.

- 1 Pre-train $\mathcal{H}_s$ using $\mathcal{S}^s$
 - 2 Generate pseudo label, $\tilde{M}_{s^c} = \mathcal{H}_s(I_{s^c})$
 - 3 $\mathcal{S}^c \leftarrow \mathcal{S}^c \cup \tilde{M}_{s^c}$
 - 4 **while** Source Domain Training **do**
 - 5 Train $\mathcal{H}_s$ and ϕ jointly by minimizing L_{base} using $\mathcal{S}^c$
 - 6 $\theta_{\mathcal{H}_s}^*, \theta_{\phi}^* = \arg \min_{\theta_{\mathcal{H}_s}, \theta_{\phi}} (L_{base})$
 - 7 **end**
 - 8 Initialize $\mathcal{H}_s$ and $\mathcal{H}_t$ with $\theta_{\mathcal{H}_s}^*$ and freeze $\mathcal{H}_t$
 - 9 Initialize ϕ with θ_{ϕ}^*
 - 10 **while** RUDA Training **do**
 - 11 Train $\mathcal{H}_s$, ϕ , and $\mathcal{D}$ jointly by minimizing L_{RUDA} using $\mathcal{S}^c$ and $\mathcal{T}$
 - 12 $\theta_{\mathcal{H}_s}^{**}, \theta_{\phi}^{**}, \theta_{\mathcal{D}}^* = \arg \min_{\theta_{\mathcal{H}_s}, \theta_{\phi}, \theta_{\mathcal{D}}} (L_{RUDA})$
 - 13 **end**
 - 14 **while** Inference **do**
 - 15 $\hat{M}_t = \mathcal{H}_t(I_t), z_t = \mathcal{H}_{te}(I_t)$
 - 16 $\hat{C}_t = \phi(I_t, \hat{M}_t, z_t; \theta_{\phi}^{**})$
 - 17 **end**
-

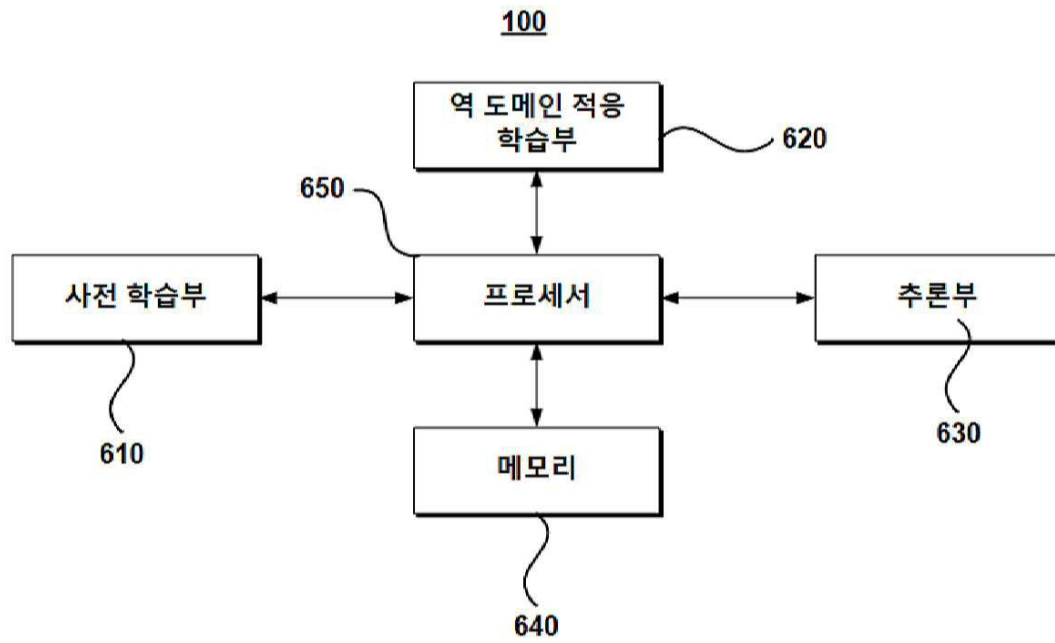
도면4



도면5



도면6



도면7

