

COVID-19 폐 병변 분할 네트워크를 위한 소스-프리 비지도 도메인 적응

*유채화^{1,2}, 김수민¹, 김연의¹, 박태희¹, 이지영¹, 강제원^{1,2}

¹이화여자대학교 전자전기공학과

²스마트팩토리융합전공

e-mail: *chyoo@ewhain.net, suminkim1021@ewhain.net, doublek4027@gmail.com,*
xognl3163@ewhain.net, 02happy0@ewhain.net, jewonk@ewha.ac.kr

Source-free unsupervised domain adaptation for
COVID-19 lesion segmentation network

*Chaehwa Yoo^{1,2}, Sumin Kim¹, Yeonui Kim¹, Taehee Park¹,
Jiyoung Lee¹, Je-Won Kang^{1,2}

¹Department of Electronic and Electrical Engineering

²Graduate Program in Smart Factory

Ewha W. University

Abstract

The coronavirus disease (COVID-19) has been spread worldwide, causing over 4.55M deaths. The chest CT scan can act as a complimentary tool to the Reverse Transcription Polymerase Chain Reaction (RT-PCR) for diagnosis. The Deep learning (DL)-based networks can automate the diagnosis process by predicting the probability of being positive to the disease and providing lesion segmentation maps. However, these networks are inherently biased to the distributions of training data (source domain) and vulnerable to data from unseen distributions (target domain). To overcome the impracticality, we propose a novel source-free unsupervised adaptation (UDA) method for COVID-19 lesion segmentation networks, which distills knowledge from target domain without using

manual annotations. It uses predicted segmentation maps after weighted label correction (WLC) as pseudo labels. The experimental results show that the proposed UDA method can recover the performance degradation after applying a source network directly to target domain.

I. 서론

2019년 처음 발생한 코로나바이러스 (COVID-19)는 200개 이상의 국가에서 대유행을 일으켜 2021년 10월 현재까지 전세계 수십억 명에게 영향을 미치고 있다. 질병 감염을 통제하기 위해서는 무엇보다 감염된 사람을 판별하고 분리하는 것이 가장 중요하며, 유전자 증폭 검사 (RT-PCR)가 주요 진단 도구로 사용된다. 그러나 팬데믹 초기 RT-PCR 테스트의 민감도는 충분히 높지 않아서 흉부 CT 스캔 테스트가 유용한 보완 도구로 사용되었다. 그러나 흉부 CT 스캔 테스트는 보통 환자 한 명당 평균

21.5분이 소요되며 방사선 전문의의 수동 판별이 요구된다. 이러한 비효율적인 테스트 과정을 자동화하기 위해 딥 러닝 기반 COVID-19 진단 시스템이 개발되어 왔으며 [1,2,3] 특히 일부 시스템에서는 질병 진단과 함께 흉부 CT의 병변 분할 맵을 제공하여 [1,2] 시스템의 판단에 대한 불확실성을 다소 해소하였다.

자동 COVID-19 진단 시스템은 방사선 전문의가 미리 라벨링 한 대규모의 흉부 CT 스캔 데이터를 통해 학습된다. 그러나 이 시스템은 다른 취득 환경(취득 장치, 병원 등)이나 다른 병변의 발생, 혹은 질병의 전개에 의해 학습 데이터와는 다른 분포의 데이터가 입력될 경우 취약한 단점이 있다. 일반적으로 이러한 경우 시스템의 성능을 개선하기 위해서 새로운 데이터에 대해 전이 학습 (transfer learning)을 수행하여 시스템의 성능을 개선한다. 그러나 새로운 데이터에 대해 매번 수동으로 라벨을 얻는 작업은 소모적인 일이다.

본 연구에서는 COVID-19 폐 병변 분할 네트워크에 대해 비지도 도메인 적응 (Unsupervised domain adaptation, UDA)을 도입하여 새로운 데이터에 대한 라벨 없이도 기존의 학습 데이터와 새로운 입력 데이터 간의 분포 차이로 인한 분할 성능 저하를 최소화하여 위 문제를 해결하고자 한다. 또, 일반적인 UDA의 가정 중 기존의 학습 데이터에 대한 접근이 가능하다는 가정을 완화하여, 기존 학습 데이터에 대한 프라이버시를 보호한다. 제안 방법은 기존 모델의 출력과 새로운 데이터로부터 나오는 중간 출력 간의 가중합을 통해 생성되는 유사 라벨 (pseudo label)을 사용하여 자가 학습 (self-training)을 수행한다. 이를 통해, 네트워크가 기존 데이터로부터 학습한 정보를 참고하는 동시에 새로운 데이터의 분포를 학습하여 분할 성능을 개선할 수 있다.

II. 관련 연구

2.1 COVID-19 진단 시스템

COVID-19 양성 환자의 흉부 CT 스캔에서 병의 중증 정도에 따라 간유리 음영 (ground-glass opacity, GGO), 경결 (consolidations), 흉막 삼출 (pleural effusions) 등이 발견되며 환자에 따라 병변의 크기와 위치는 달라진다. 자동 COVID-19 진단 시스템은 다양한 기존 네트워크를 적용하여 개발되고 있는데 [1, 2, 3] 입력 데이터의 COVID-19 양성 여부만을 판단하는 분류 시스템 [3], 입력 데이터의 병변 위치를 먼저 탐지한 뒤 양성 여부를

판단하는 시스템 [2], 양성 여부를 먼저 예측 후 병변을 분할하는 시스템 [1] 등으로 분류된다.

2.2 비지도 도메인 적응

딥 러닝 기반 의료 데이터 처리 분야에서 비효율적인 라벨링 작업을 생략하고 데이터 불일치로 인한 시스템의 불확실성을 개선하기 위해 비지도 도메인 적응 기반 학습 방법에 관한 연구가 활발히 진행되고 있다 [4, 5, 6]. 이때 모델이 사용한 기존의 데이터를 소스 도메인(source domain), 새롭게 입력되는 데이터를 타겟 도메인(target domain)으로 명명한다. 비지도 도메인 적응에는 도메인 판별기를 사용하는 적대적 학습 방법 [4], 유사 라벨을 통한 자가 학습 [5] 등의 접근법이 있다.

일반적인 UDA 셋팅은 소스 도메인과 타겟 도메인 데이터를 모두 알고 있다는 가정이 존재하지만, 현실에서는 데이터의 보안 문제 때문에 소스 도메인에 접근이 어려운 경우가 많다. 이러한 사전 가정을 완화하여, 타겟 도메인으로의 적응 단계에서 소스 도메인 데이터를 사용하지 않는 소스-프리 UDA (Source-free UDA) [6] 연구도 진행되고 있다.

III. 제안 방법

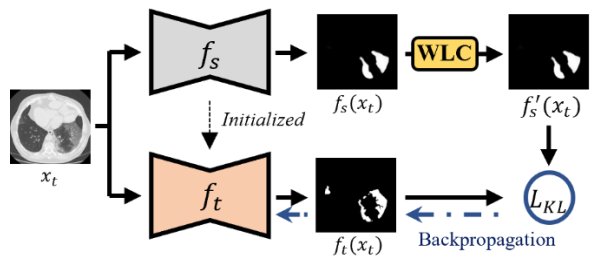


그림 1 제안하는 COVID-19 폐 병변 분할 네트워크를 위한 소스 프리 도메인 적응 프레임워크

제안하는 소스-프리 UDA의 시나리오에는 라벨 y_s 이 존재하는 소스 도메인 $X_s = \{x_s, y_s\}$ 로 학습된 소스 모델 f_s 와 라벨이 없는 타겟 도메인 $X_t = \{x_t\}$ 이 존재한다. 이 때 본 연구의 목적은 X_s 에 대한 접근 없이 f_s 로부터 타겟 도메인에 적합하도록 적응된 타겟 모델 f_t 를 구하는 것으로 f_s 로 예측되는 분할 맵 $f_s(x_t)$ 과 f_t 로 예측되는 분할 맵 $f_t(x_t)$ 간의 Weighted Label Correction (WLC)을 통해 점진적으로 수정되는 분할 맵 $f'_s(x_t)$ 을 유사 라벨로 사용하여 f_t 를 학습한다. 제안하는 소스-프리 UDA의 프레임워크는 그림 1과 같다.

먼저 소스 도메인을 바탕으로 학습된 소스 모델 f_s 을 사용하여 타겟 도메인에 대해 예측된 분할 맵

$f_s(x_t)$ 을 얻을 수 있다. $f_s(x_t)$ 는 소스 도메인의 분포만을 반영하여 학습된 타겟 모델의 출력이기 때문에, 소스와 타겟 도메인 간 분포가 큰 경우 타겟 도메인에 대해 적합한 정보를 잘 반영하지 못한다. f_t 를 학습하기 위한 유사 라벨로 $f_s(x_t)$ 를 고정하여 사용할 경우 타겟 도메인의 분포를 고려하지 않고 소스 도메인의 분포에 치우쳐 학습이 제대로 이루어지지 않는다. 따라서 제안 방법에서는 WLC에 의한 유사 라벨에 대한 수정을 수행한다. WLC에서 접근 가능한 정보인 $f_s(x_t)$ 를 초기 라벨로 사용하되, 입력되는 타겟 데이터의 분포를 반영하기 위해 학습 중간에 출력되는 $f_s(x_t)$ 과 $f_t(x_t)$ 간의 가중 합 $f'_s(x_t)$ 을 수정된 유사 라벨로 사용한다. 이때 $f'_s(x_t)$ 는 아래와 같이 정의된다.

$$f'_s(x_t)_i = \lambda f_s(x_t)_i + (1 - \lambda) f_t(x_t)_i, \quad (1)$$

여기서 $f_s(x_t)_i$ 과 $f_t(x_t)_i$ 는 각각 $f_s(x_t)$ 과 $f_t(x_t)$ 의 i 번째 픽셀의 예측 값이다. 가중치 $\lambda = \lambda_0 \exp(-I)$ 는 iteration I 에 대해 exponential decay하는 momentum 파라미터로 λ_0 는 초기 값이다. 실험에서 I 과 λ_0 는 경험적으로 20과 1로 설정했다. 이를 통해 학습이 진행될수록 유사 라벨 생성에 소스 도메인의 분포보다 타겟 도메인 분포의 영향을 키울 수 있다.

초기 파라미터가 f_s 로 설정된 f_t 는 WLC로 생성되는 유사 라벨에 의해 학습이 진행된다. 학습에 사용되는 손실 함수는 아래와 같이 정의된다.

$$= \frac{1}{N_t} \cdot \frac{1}{H_0 \times W_0} \sum_{x_t \in X_t} \sum_t^{L_{KL}} KL(f_t(x_t)_i \parallel f'_s(x_t)_i), \quad (2)$$

이때 H_0 과 W_0 은 입력 영상의 높이와 너비, $N_t = n(X_t)$, 그리고 $KL(\cdot)$ 는 KL divergence를 의미한다.

IV. 실험

4.1 실험 환경

실험의 소스 도메인으로는 COVID-CS 데이터셋 [1]을 사용했다. 이 데이터는 공개적으로 접근이 가능한 COVID-19 데이터 중 가장 큰 크기를 가지는 데이터로, RT-PCR에 의해 COVID-19 양성으로 확인된 환자 400명과 음성 환자 350명으로부터 취득한 144,167 CT 스캔 영상을 가진다. 이 중에서 COVID-19 양성 환자의 CT 스캔 3,855장에 대해 방사선 전문의가 혼탁화 (opacification) 영역을 픽셀 레벨에서 기록한 라벨이 존재한다.

실험의 타겟 도메인으로는 MedSeg 데이터셋 [7]을 사용했다. 이 데이터는 총 929개의 CT 스캔(473개 양성, 456개 음성)으로 이루어져 있으며 양성 스캔에 대해서 병변 분할 맵이 제공된다. 분할

맵을 간유리 음영, 경결과 흉막 삼출의 총 3가지 라벨로 구분되어 표기되어 있고 실험에서는 이 모든 라벨을 합쳐 COVID-19 병변 영역으로 사용했다. 제안하는 UDA 학습을 위해 타겟 도메인의 80%를 학습 셋, 10%는 밸리데이션 (validation) 셋, 나머지 10%를 테스트 셋으로 분리하여 사용했다.

실험에 사용된 COVID-19 폐 병변 분할 네트워크는 JCS [1]로 오토 인코더(autoencoder) 구조로 예측된 COVID-19 병변 분할 맵을 생성한다. 실험에는 오토 인코더의 기본 구조 (baseline)로 ResNet [8]을 설정했다. 모든 영상은 512*512로 크기를 조정하여 입력되었다. 제안 방법의 평가를 위해 Dice 와 IoU [1]를 영상 분할 성능 지표로 사용했다. 이때 영상 분할 성능은 COVID-19 양성, 즉 병변 위치가 기록되어 있는 영상에 대해서만 계산했다.

4.2 실험 결과

Test Data	Method	Source data	Dice (%)	IoU (%)
X_s	Source Only	-	78.6	66.6
	Source Only	-	43.4	45.0
X_t	Liao et al. [5]	Yes	67.3	60.2
	Proposed UDA	No	65.2	57.9

표 1 COVID-19 폐 병변 분할 성능 비교표. "Source data"는 f_t 의 재 학습 과정에서 소스 도메인 데이터가 사용되는 지 여부를 의미한다.

표 1은 제안 방법의 폐 병변 분할의 정량적 성능을 보여준다. Source Only는 소스 모델 f_s 를 그대로 사용한 경우, Liao et al. [5]는 소스 모델의 출력을 유사 라벨로 사용하되, 소스와 타겟 도메인을 모두 사용하여 f_t 를 재학습한 경우, 그리고 Proposed UDA는 제안하는 방법으로 학습한 f_t 를 사용한 경우를 의미한다. 타겟 모델 f_t 를 재 학습하는 방법인 Liao et al.과 제안 방법에 대해, f_t 의 재 학습 과정에서 소스 도메인을 사용하는 지 여부를 "Source data"에 표시했다.

Source only로 소스 도메인 데이터를 테스트했을 때의 성능은 f_s 가 가질 수 있는 Upper bound 성능으로 볼 수 있다. 그러나 소스 도메인과 다른 분포의 타겟 도메인 데이터로 테스트했을 경우 Upper bound보다 Dice는 35.2%, IoU는 21.6%의 성능 저하를 보였다. 반면, 제안하는 방법으로 f_t 를 학습한 경우 저하된 Dice와 IoU가 각각 21.8%, 12.9% 개선되는 것을 확인하였다. 이 결과는 f_t 재 학습

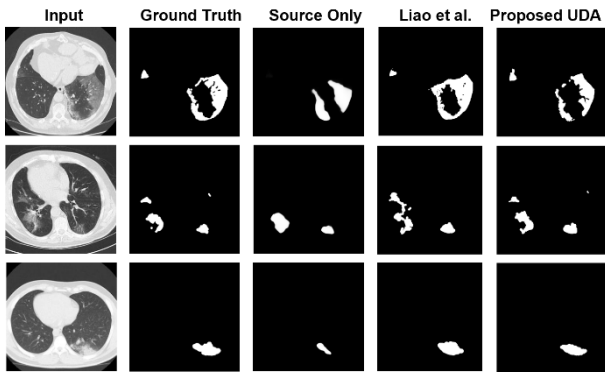


그림 2 출력 분할 맵 비교. (첫 번째 열: 입력 영상, 두 번째 열: 정답 분할 맵, 세 번째 열: Source Only에 의한 출력 분할 맵, 세 번째 열: Liao et al. [5]에 의한 출력 분할 맵, 마지막 열: 제안 방법에 의한 출력 분할 맵)

과정에서 대량의 소스 데이터를 타겟 데이터를 함께 사용하는 Liao et al.의 방법과 비교해서도 약 2.1%과 2.3%의 Dice 와 IoU 차이를 보여준다. 이를 통해 제안 UDA 방법이 소스 데이터의 접근 없이도 효과적으로 유사 라벨을 생성해내는 것을 알 수 있다.

그림 2에는 성능의 타겟 도메인의 테스트 영상에 대하여 Source Only와 제안하는 방법에 의한 출력 분할 맵을 나타냈다. 첫 번째와 두 번째 열은 각각 입력 영상과 정답 분할 맵을 보여준다. 세 번째 열에 나타난 Source Only에 의해 출력된 분할 맵은 정답 분할 맵 대비 적은 영역을 분할하는 것을 알 수 있다. 하지만 마지막 열의 제안하는 UDA 방법을 사용할 경우 Source Only에 의해 초기에 분할된 영역이 더 정교하게 분할 된 것을 알 수 있다. 뿐만 아니라, Source Only에서는 드러나지 않았던 새로운 영역에 대해서 분할이 예측된 것을 알 수 있다.

V. 결론 및 향후 연구 방향

본 연구에서는 COVID-19 자동 진단에 사용되는 폐 병변 분할 네트워크를 위한 UDA에 방법이 제안되었고, 이는 소스 도메인에 접근이 어려운 현실적인 시나리오에서 활용될 수 있다. WLC에 의해 소스 도메인에 의해 예측되는 분할 맵에 타겟 도메인의 지식이 효과적으로 전이된 수정 분할 맵을 유사 라벨로 사용하여 분할 네트워크를 학습할 수 있다. 서로 다른 환경에서 취득된 COVID-CS와 MedSeg 간의 도메인 적응 실험에서, 제안 방법을 통해 데이터 분포가 달라 저하되는 분할 성능이 상당히 회복되는 것을 확인하였다. 향후 연구로 폐

병변의 3 가지 세부 클래스에 대한 label shift와 성별, 나이, 기저질환 여부 등의 환자 간 인구학적 요인을 추가적으로 고려한 UDA 개발이 필요하다.

Acknowledgement

이 논문은 2021년도 정부재원 (과학기술정보통신부 여대학원생공학연구팀제 지원사업)으로 과학기술정보통신부와 한국여성과학기술인육성재단의 지원을 받아 연구되었습니다 (WISSET 계약 제2021-170호).

참고문헌

- [1] Wu, Yu-Huan, et al. "Jcs: An explainable covid-19 diagnosis system by joint classification and segmentation." *IEEE Transactions on Image Processing* 30 (2021): 3113-3126.
- [2] Gozes, Ophir, et al. "Rapid ai development cycle for the coronavirus (covid-19) pandemic: Initial results for automated detection & patient monitoring using deep learning ct image analysis." *arXiv preprint arXiv:2003.05037* (2020).
- [3] Hu, Shaoping, et al. "Weakly supervised deep learning for covid-19 infection detection and classification from ct images." *IEEE Access* 8 (2020): 118869-118883.
- [4] Yoo, C., Lee, H. W., & Kang, J, "Transferring Structured Knowledge in Unsupervised Domain Adaptation of a Sleep Staging Network," *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* (2021).
- [5] Liao, Shun, et al. "Improving domain adaptation in de-identification of electronic health records through self-training." *Journal of the American Medical Informatics Association* (2021).
- [6] Liu, X., Xing, F., Yang, C., Fakhri, G. E., and Woo, J., "Adapting off-the-shelf source segmenter for target medical image segmentation," *MICCAI* (2021).
- [7] MedSeg (2020) MedSeg Segmentation dataset, COVID-19 CT. 2020. <https://medicalsegmentation.com/covid19/>
- [8] S.-H. Gao, M.-M. Cheng, K. Zhao, X.-Y. Zhang, M.-H. Yang, and P. Torr, "Res2Net: A new multi-scale backbone architecture," *IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell.*, vol. 43, no. 2, pp. 652-662, Feb. 2021.