

Development of ResNet-based WBC Classification Algorithm Using Super-pixel Image Segmentation

Kyu-Man Lee*, Soon-Ah Kang**

Abstract

In this paper, we propose an efficient WBC 14-Diff classification which performs using the WBC-ResNet-152, a type of CNN model. The main point of view is to use Super-pixel for the segmentation of the image of WBC, and to use ResNet for the classification of WBC.

A total of 136,164 blood image samples (224x224) were grouped for image segmentation, training, training verification, and final test performance analysis.

Image segmentation using super-pixels have different number of images for each classes, so weighted average was applied and therefore image segmentation error was low at 7.23%.

Using the training data-set for training 50 times, and using soft-max classifier, TPR average of 80.3% for the training set of 8,827 images was achieved. Based on this, using verification data-set of 21,437 images, 14-Diff classification TPR average of normal WBCs were at 93.4% and TPR average of abnormal WBCs were at 83.3%. The result and methodology of this research demonstrates the usefulness of artificial intelligence technology in the blood cell image classification field.

WBC-ResNet-152 based morphology approach is shown to be meaningful and worthwhile method. And based on stored medical data, in-depth diagnosis and early detection of curable diseases is expected to improve the quality of treatment.

▶Keyword: Super-pixel, Residual Network, Segmentation, Classification, White Blood Cell

I. Introduction

한국인간의 학습능력과 추론능력, 지각능력, 자연언어의 이해능력 등을 컴퓨터 프로그램으로 실현한 기술인 인공지능(Artificial intelligence)은 오랜 역사 속에서 발전과 쇠퇴를 반복하여, 경험(Experience)을 통해 특정 작업(Task)의 성능(Performance)을 향상시키는 방법인 Machine Learning(ML)과 복잡한 비선형 문제를 기계가 스스로 학습 해결하는 Deep Learning(DL)을 구현하였다[1].

몇 가지 특정한 연산들보다 다수의 연산에 대한 경험을 통해 추세(패턴)를 학습, 이를 기반으로 판단을 내린다는 점에서 "패턴인식(Pattern Recognition)[2]"이라고 한다.

백혈구의 모양을 보고 판단하는 기존 방법대신 패턴인식을

적용하여 처리한다면, 백혈구가 가지고 있는 질환에 대한 많은 정보를 이용해 질병유무 및 상태 판단에 절대적으로 필요한 방법이다.

현재는 매우 시간을 요하는 작업인 현미경관찰법으로 전문의나 임상병리사에 의해 백혈구 크기, 색상, 내부 핵 유무, 핵의 모양 및 Boundary 모양 등을 개인적 판단 기준으로 비정상적인 셀을 수작업으로 평가해야 한다[3].

따라서 백혈구 자동 감별 프로그램을 통해서 백혈구 감별 업무를 자동화할 수 있으며, 빠른 시간에 그 결과물을 확인할 수 있는 장점이 있다.

감별 결과를 데이터베이스로 구축하여 저장함으로써 자료를

*First Author: Kyu-Man Lee, Corresponding Author: Soon-Ah Kang

*Kyu-Man Lee (manleekyu@gmail.com), Department of Converting Technology, Graduate School of Venture, Hoseo University, Seoul.

**Soon-Ah Kang (sakang@hoseo.edu), Department of Converting Technology, Graduate School of Venture and Institute of Health Industry, Hoseo University, Seoul.

• Received: 2018. 03. 27, Revised: 2018. 04. 04, Accepted: 2018. 04. 11.

축적하고 축적된 자료를 바탕으로 백혈구와 관련된 새로운 정보를 추출할 수 있도록 이성적으로 생각하는 시스템을 구축할 수 있다.

II. Preliminaries

1. Deep Running Trends

최근 소개된 AlexNet[4], ZFNet[5], VGGNet[5], 그리고 GoogLeNet[6] 모두 '심층구조 (Deep Architecture)' 상의 학습저하 문제를 해결하기 위한 메카니즘 (Mechanism)을 소개하고 있으며, 일반화 성능 향상을 위해 Rectified Linear Unit (ReLU)[7], Batch Normalization (BN)[8], Soft-Max[8]와 같은 다양한 기법을 사용하고 있다.

CNN 모델 중 ILSVRC 2015에서 우승을 차지한 Residual Network (ResNet)은 기존의 학습 방법과는 다르게 출력의 값을 얻기 위한 학습이 아니라 출력과 입력의 차이를 구하기 위한 학습으로 이루어진다[9-10].

ResNet의 가장 큰 특징은 Residual Net, 즉 보편적으로 layer 수가 증가하면 0과 1사이의 합성곱이 0에 수렴하는 문제로 인해 학습 훈련이 매우 어렵다. 그 문제를 ResNet에서는 Residual Net이라고 하는 입력 데이터를 다음 layer에 보내는 경로를 추가하여 문제를 해결하였다. 이를 바탕으로 VGG 19 layer를 152 layer로 확장하므로써 정확도를 향상시켰다.

2. Research trends through medical imaging

형태학적 패턴 분석을 이용한 말초혈액세포 감별계산 시스템인 CellaVision DM96 (CellaVision AB, Lund, Sweden)은 혈구 감별 계산의 정확성이 말초혈액도말검사를 대체 가능할 정도로 높다고 알려져 있으나 변형적혈구 분석의 경우 자동 분석 시스템은 갖추어지지 않아 판독자가 직접 육안으로 시행해야 하는 문제점이 있다[11].

이러한 문제점을 해결하기 위하여 혈구이미지를 이용한 분할, 분류 및 계수하는 알고리즘 개발은 지속적으로 이루어지고 있다.

이미지의 다중 해상도 특성에 기반한 DT-CWT[12] (Dual-Tree Complex Wavelet Transform)를 사용하여 모양, 채도 및 질감과 같은 웨이블릿(Wavelet) 특징을 파악할 수 있다. 이를 통하여 현미경 이미지에서 백혈구 5-Diff로 분류하여 계수할 수 있도록 하였다.

Y. M. Alomari et al[13]이 제안한 방법은 WBC 및 RBC의 분할 및 카운팅을 위해 Iterative Structured Circle Detection Algorithm을 사용하여, 적혈구 95.3%와 백혈구 98.4%의 혈구 분할 정확도를 실현하였다.

현미경 이미지에서 WBC를 분할하는 과정, 세포의 이미지에

서 핵을 추출하는 과정, 세포 이미지에서 핵을 추출하는 과정의 3 단계로 Thresholding, K-Means Clustering 및 Modified Watershed 알고리즘의 새로운 조합을 제시하였다[14].

RBC 5종 및 WBC 5종의 특징을 추출하기 위하여 전통적인 네트워크 기반의 효율적인 DCAN (Deep Contour Aware Segmentation) 접근법과 분류를 위해서는 CNN 기반의 Machine Learning을 사용하는 Contour Aware CNN 및 Faster Region CNN(Convolutional Neural Network)을 사용[15]하여 혈액 세포 세분화와 분류의 평가한 결과, RBC 및 WBC 각각 98.12% 및 98.16%의 분류정확도를 나타냈다.

혈구를 분할하기 위한 픽셀 분류자로서 CNN 를 사용하는 프레임 워크를 제안하였고, 객체 분류자(Object Classifier)로서 CNN을 사용하여 적절하게 혈구를 분류하였다[16]. 이를 통하여 도말된 혈액을 스마트폰으로 촬영한 영상이미지를 가지고 적혈구를 분할 및 분류하여 말라리아를 진단하였다.

RBC 형태 분류 SCD[17]와 TLD[18] 프레임워크를 개발하여 혈관질환과 같은 병을 진단하였으며, 임상 데이터를 사용해 연속적인 포도당 모니터링 장치에 의해 측정된 혈당 수치를 예측하는 모델을 개발[19]하였다. 이러한 추세는 진단보조에서 병을 진단하는 영역으로 인공지능이 변화하고 있음을 보여주고 있다.

III. The Proposed Scheme

여러 종류의 백혈구들은 각각 다른 질병을 퇴치하는 활동을 하는데, 정상 백혈구로는 호염구 (Basophil; BA), 호산구 (Eosinophil; EO), 림프구 (Lymphocyte; LY), 단구 (Monocyte; MO), 호중구 (Neutrophil; NE)로 나뉘며, 후골수구 (Metamyelocyte; ME), 골수구 (Myelocyte; MY), 전골수구 (Promyelocyte; PR), 반응성 림프구 (Lymphocyte, Reactive; LR), 악성 림프구 (Lymphocyte, Abnormal; LA) 모구 (Blast; BL), 형질세포 (Plasma cell; PC)는 비정상 백혈구로 분류되어진다.

특히 유핵적혈구 (NRBC; NR)는 핵을 보유하고 있기 때문에, 백혈구를 감별하기 위하여 말초혈액도말 염색을 하면 핵이 염색되어, 영상이미지 감별에 있어 백혈구로 오인될 수 있기에 비정상 백혈구로 분류하였다.

마지막으로 백혈구 영역에서 세포질과 세포핵이 말초혈액도말 염색 시에 정상적으로 염색이 잘 되지 않아 백혈구를 감별할 수 없는 상태 (Artifact; Cell not reportable : AR)도 비정상 백혈구 범주에 아래 Fig 1처럼 포함시켰다.

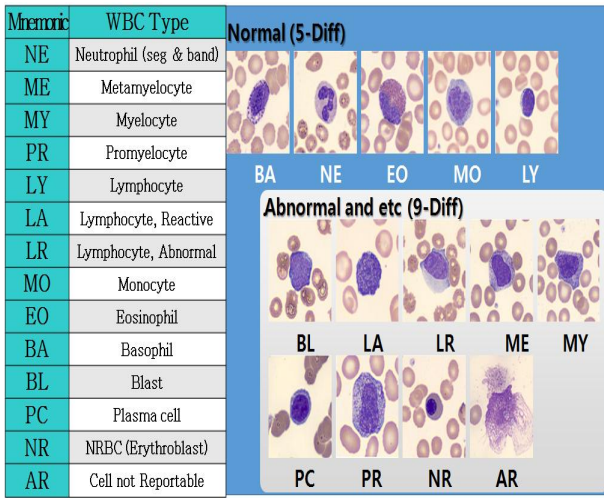


Fig. 1. Types and Forms of White Blood Cells

Deep Learning에서 과적합 (Overfitting)을 방지하는 방법 중 가장 중요한 요소는 Training Data를 많이 모으는 것이다. 데이터가 많으면 Training Set, Validation Set, Test Set으로 나누어서 진행할 수 있고, 영역별 데이터의 크기도 커지기 때문에 과적합 확률이 낮아질 수 있도록 Database를 Table 1과 같이 구성하였다.

Table 1. WBC Database

Class	Training Nums	Training Set	Train	Verification	Training Test Nums	Final Test Nums
BA	1,696	1,696	1,187	509	100	306
BL	9,962	2,500	1,750	750	500	1,791
EO	4,302	2,500	1,750	750	300	694
LA	440	394	276	118	14	94
LR	459	459	321	138	32	86
LY	20,951	2,500	1,750	750	2,000	4,518
ME	1,261	1,261	883	378	50	221
MO	9,928	2,500	1,750	750	600	1,701
MY	1,779	1,779	1,245	534	80	314
NE	41,780	2,500	1,750	750	4,000	8,698
NR	2,590	2,590	1,813	777	120	452
PC	518	518	363	155	16	69
PR	360	360	252	108	16	56
AR	9,874	2,500	1,750	750	999	2,437
Sum	105,900	24,057	16,840	7,217	8,827	21,437

Table 1에서처럼 Training 105,900장, Train 16,840장, Validation 7,217장 그리고 Test를 위해 영상분할 및 Training Test용 8,827장과 최종 검증을 위하여 21,437장으로 분류하여 총 136,164장의 영상이미지 (224 X 224)를 확보하였다.

2. Suggested Model for White Blood Cell Classification

인간 전문가가 볼 수 없는 패턴과 경향을 발견 할 수 있고, 이미지 처리 및 특히 이미지의 패턴 인식에 매우 탁월한 네트워크를 CNN이라고 할 수 있다[20].

CNN을 기반으로 한 ResNet이 96.43%의 인식률을 가지고

있어, 인간의 인식 정확도인 95%을 뛰어 넘었다[21].

따라서 본 연구에서는 최근에 가장 높은 정확도를 보인 ResNet을 기반으로 연구를 진행하고자 한다.

일반 CNN구조는 특정 이미지 내의 Feature를 얻기 위해, 먼저 합성 (Convolution)하고, 0보다 큰 값을 추출(ReLU)한 다음 영역 대표 값 추출 및 축소 (Max pooling)를 반복하여, 특징 벡터 (Feature Vector)를 추출한다. 이를 Fully-connected layer로 연결하여, 분류기를 통해 특징을 분류한 후, 신뢰도 계산을 Fig 2와 같이 진행한다.



Fig. 2. Plain CNN procedure for Blood Cell Image Classification

일반 CNN구조와 ResNet은 차이점은 Residual Units이라고 하는 블록을 쌓은 형태로 이루어져 있다. 이 블록을 수식으로 표현하면 수식 (1)과 같다[22].

$$y_i = h(x_i) + F(x_i, W_i), \quad (1)$$

$$x_{i+1} = f(y_i)$$

여기서 x_i 은 Residual Unit에 들어가는 입력이며, $x_i + 1$ 은 그 출력이다. h 는 Identity Mapping을 의미하기 때문에 $h(x_i) = x_i$ 이 된다. 바로 Skip Connection 부분이며, F 는 ResNet에서 입력이 거치는 Residual Function으로, 3x3 Convolutional layer 등을 거치는 경로이며, 여러 연산을 거치는 경로를 의미하는 f 는 활성화함수 ReLU이다.

ResNet을 사용하기 위하여 선형적으로 수집된 영상이미지 (360 X 360) 크기를 Deep Learning 알고리즘에 부합하는 (224 X 224) 크기로 재설정하였다. 혈구이미지로부터 배경과 원하는 백혈구 영역으로 분할하는 알고리즘인 Super-pixel을 사용하여 혈구이미지를 분할하고자 한다.

패턴들의 분리 특성을 최대화 할 수 있도록 ReLU를 실시하고, 대상 패턴에 대한 충분한 정규화를 위하여 BN을 실시한 후, 그 결과를 Soft-Max 분류기로 분류 라벨 (WBC 14-Diff) 별로 분류하기 위한 제안 모델은 Fig 3과 같다.

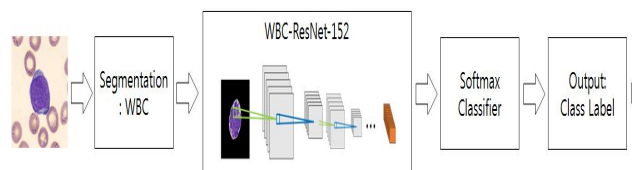


Fig. 3. Proposed Model WBC - ResNet - 152

14-Diff 백혈구 분류를 위한 제안된 모델인 WBC-ResNet-152를 Fig. 4와 같이 도식화 할 수 있다.

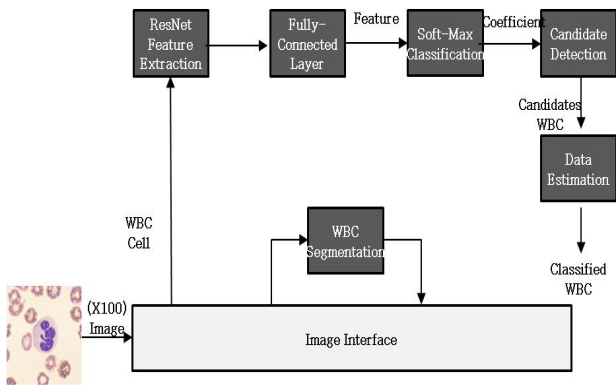


Fig. 4. Block diagram of WBC differentiation algorithm using ResNet

제안한 모델 WBC-ResNet-152를 Fig. 4의 블록도처럼 실시한 결과, 신경망을 생성하는 과정을 통해 생성된 특징추출 (Feature Extraction) 분포 값은 Fig. 5와 같다.

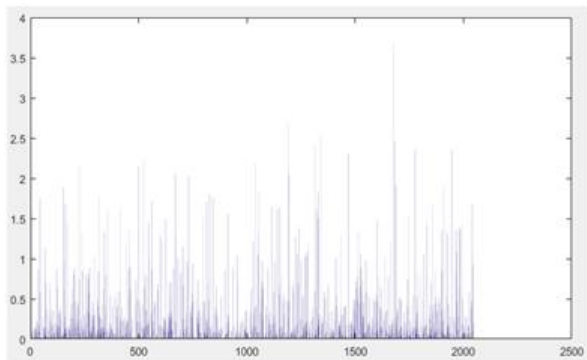


Fig. 5. Feature Extraction Distribution Value(2,048)

여기에서는 Residual Net의 특징점을 합성하고, Fully-connected layer로 전달하며, 자체적으로 생성한 특징과 자동적으로 생성한 특징을 합성하여, 새로운 신경망의 결과를 추출하는 것을 보여준다.

ResNet에서 추출할 수 있는 2048개의 특징 벡터가 Fully-connected layer를 통해 14개의 클래스로 score가 계산되고, Fully-connected layer로 생성된 신경망은 ResNet 내에, Soft-Max Classifier을 이용하여, 감별된 백혈구를 추출하고, 영상의 질과 감별된 백혈구의 Confidence값을 분석하여, 최종적으로 감별된 백혈구를 출력시킨다.

IV. Image Segmentation and Training / Classification Results

1. Super-pixel Image Segmentation

영상 분할은 컴퓨터 비전에서 주된 분야이며 여러 다른 기술

들을 위한 선행 단계로 진행되는 과정으로써, 입력 혈구이미지로부터 배경과 원하는 백혈구 영역으로 분할하는 것 (Background-WBC Segmentation ; BW)과, 백혈구 영역에서 세포질과 세포핵으로 분할하는 것 (Nucleus-Cytoplasm Segmentation ; NC)이다.

특히 색상 (Hue), 채도 (Saturation), 명도 (Value)에서 세포핵과 세포질의 색상 분포가 비슷한 Plasma cell (PC), Blast (BL), Lymphocyte (LY)을 완전하게 분할하기 위하여 슈퍼픽셀(super-pixel)[23-24]을 적용하였다.

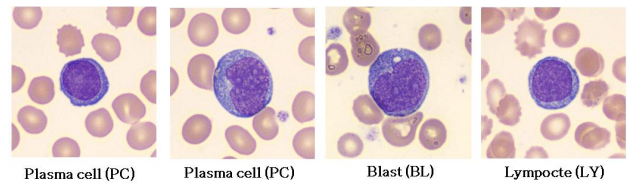


Fig. 6. Similar to The Color Distribution of Nucleus and Cytoplasm

그 이유는 모든 픽셀에 대해 거리 메트릭에 따라 가장 가까운 중심을 결정하고, 각 센터는 가장 가까운 것으로 계산된 픽셀의 평균으로 이동한다.

이 과정은 센터가 움직이지 않을 때까지 수렴되고 반복되기 때문에, 각 픽셀의 색상, 색상의 분포, 색상의 비율, 텍스처, 세포핵 중심으로부터 분할할 수 있다. 이를 위하여 Pixel단위의 graph cut을 수행한 결과는 Fig. 7와 같다.

최종적으로 혈구이미지의 중심으로부터의 거리, 즉 0에서 1로 정규화된 거리를 각 슈퍼픽셀에서의 HSV color 중 S 분포의 표준편차 (std.)를 이용하여 Initial Mask를 생성하도록 영상 분할 에러를 다음과 같이 정의하고 결과를 산출하였다.

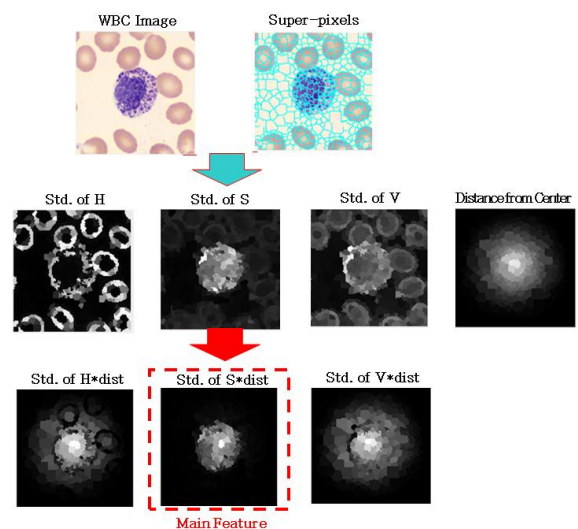


Fig. 7. Result of Graph Cut Image Segmentation Using Super-pixel Unit

Database 영상분할 데이터로부터 혈구이미지를 가져와 각

클래스 별로 Segmentation Error Rate (이하 SER)을 No Classification Error (이하 NCE)와 Classification Error (이하 CE)로 정리해보면 Table 2와 같다.

Table 2. WBC Images Segmentation Error Rate

SER	BA	BL	EO	LA	LR	LY	ME	MO	MY	NE	NR	PC	PR	AR
SER of NCE	0	0	0.05	0	0	0.01	0	0.02	0	0.02	0.02	0	0.27	0.09
SER of CE	0	0	0.17	0	0	0.02	0.07	0.12	0.09	0.05	0.11	0.06	0.2	0.23
Images	100	500	300	14	32	2000	50	600	80	4000	120	16	16	999

영상 분류가 정확히 되지 않은 경우, 각 클래스 별로 헷구이 미지 수가 상이하므로 Weighted Average를 적용하여 산출한 평균은 7.23%로 적은 값이 나왔다. 이 결과로 살펴보면, 영상 분할의 오류가 백혈구 영상 분류에 미치는 영향은 미미하다고 볼 수 있어, 영상 분할 알고리즘은 이대로 유지하기로 하였다.

2. Training / Classification Results

Deep Neural Network 모델 중, CNN 구조를 가지는 ResNet 152 layer을 이용하여 분류 학습 및 테스트를 진행하였다.

분류에 적합한 특징을 추출하는 과정 학습과 최적의 특징 벡터가 추출될 수 있도록 Convolutional layer를 학습을 시켰다. 이렇게 학습된 특징 벡터는 선형 분류기 Softmax Classifier를 통해 분류하는 방식으로 진행된 학습 경로를 살펴보면 Fig. 8과 같다.

Training Set: max 2500 images per class (train : val = 0.7 : 0.3) % in 'setup_imdb_generic.m'
numEpochs: [10 40] % tuning fully connected layer (10) -> tuning all layers (40) in 'res_finetuning_wbc'
baseModel: imagenet-resnet-152 % in 'res_finetuning_init.m'

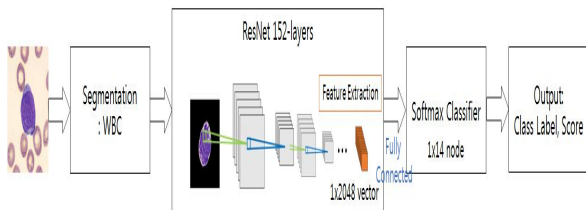


Fig. 8. Residual Network Training Path

각 클래스 별로 영상 개수의 차이가 있어 클래스 당 최대 2,500장만 사용될 수 있도록 제한하였고, Dataset에서 Training과 Validation을 위한 자료 비율은 7:3으로 배분하였다.

학습과정의 일괄정규화를 위하여 Mini-Batch 을 32회 실시하였고, 각 10회 학습마다 학습률을 1/10로 낮춰서 진행한다.

Fig. 9처럼, 최초 10회는 Fully-connected layer (a)까지만

역전파를 진행하여 Parameter를 수정하였고, 나머지 40회 학습은 Total Network (b)에 대해 역전파를 진행하였다.

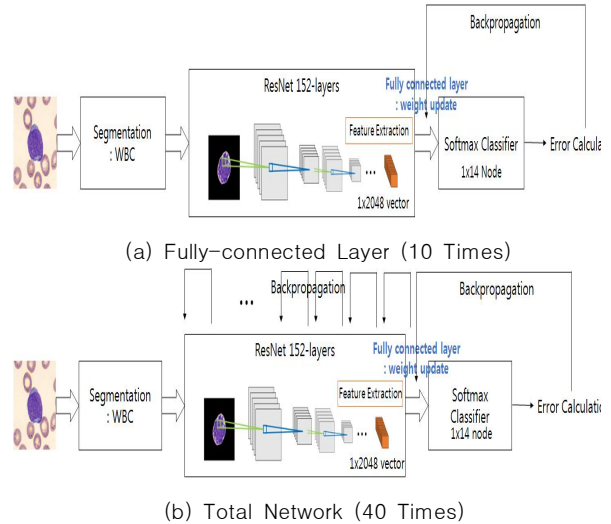


Fig. 9. Residual Network Backpropagation

총 50회 학습 진행여부와 학습효과를 확인하기 위하여, Softmax 분류기를 가지고 Training Test 8,827장의 분류 결과는 Table 3과 같다.

Table 3. Training Test Results

Training Test	Predicted Class														TPR
	BA	BL	EO	LA	LR	LY	ME	MO	MY	NE	NR	PC	PR	AR	
True Class	BA	100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1.00
	BL	0	465	0	15	3	10	0	2	0	0	0	1	4	0.93
	EO	0	2	292	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0.97
	LA	0	10	0	1	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0.07
	LR	0	7	0	0	13	10	0	1	0	0	0	1	0	0.41
	LY	0	28	0	29	31	1884	1	5	0	0	2	15	0	0.94
	ME	0	0	0	0	0	0	35	1	12	1	0	0	1	0.70
	MO	0	4	0	0	13	2	3	567	3	2	0	0	2	0.95
	MY	0	0	0	0	0	0	2	0	61	0	0	0	17	0.76
	NE	0	0	5	0	0	0	39	7	1	3930	0	0	0	18.98
	NR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	120	0	0	1.00
	PC	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	13	0	0.81
	PR	0	1	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	13	0.81
	AR	4	17	4	1	3	21	2	12	0	18	8	0	1	908.91
Precision	0.96	0.87	0.97	0.02	0.20	0.98	0.43	0.95	0.77	0.99	0.90	0.43	0.34	0.97	

TPR 평균 80.34% 학습된 결과를 살펴보면, 학습 데이터 수가 적은 악성 림프구 (LA), 반응성 림프구 (LR), 후골수구 (ME), 골수구 (MY)에서 80% 이하의 분류결과를 보였다. 그 이유는 데이터 수가 적은 것이 가장 큰 이유라고 판단하였다. 따라서 분류률이 90% 이하인 악성 림프구 (LA), 반응성 림프구 (LR), 후골수구 (ME), 골수구 (MY), 형질세포 (PC), 전골수구 (PR)를 가지고, 마지막 CNN 계층과 새로운 완전 연결 계층을 재교육 학습하여, 테스트 세트 21,437장을 WBC-ResNet-152 모델에 투입한 결과는 Table 4와 같다.

Table 4. WBC 14-Diff Classification Results

ResNet152	Predicted Class														TPR	
	BA	BL	EO	LA	LR	LY	ME	MO	MY	NE	NR	PC	PR	AR		
True Class	BA	305	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1.00	
	BL	4	1563	0	69	25	9	2	12	20	0	1	6	43	37	0.87
	EO	0	0	687	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	5	0.99
	LA	0	14	0	63	3	5	0	1	0	0	0	6	1	1	0.67
	LR	0	6	0	2	64	2	0	2	0	0	0	7	1	2	0.74
	LY	0	191	3	187	225	3748	8	42	11	0	1	70	0	32	0.83
	ME	0	0	0	0	0	0	164	5	42	2	0	0	8	0	0.74
	MO	0	13	0	0	24	0	17	1564	24	2	0	2	20	35	0.92
	MY	0	0	1	0	0	0	9	1	247	0	1	0	55	0	0.79
	NE	2	0	27	0	0	0	69	21	2	8140	0	0	0	437	0.94
	NR	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	446	0	0	6	0.99
	PC	0	0	0	2	6	0	0	0	0	0	0	61	0	0	0.88
	PR	0	3	0	0	0	0	0	0	3	0	0	0	47	3	0.84
	AR	3	3	2	8	1	7	2	5	0	11	15	4	1	2375	0.98
Precision	0.97	0.87	0.95	0.19	0.18	0.99	0.61	0.95	0.71	1.00	0.96	0.39	0.27	0.81		

전체적으로 정확도의 증감이 있지만 악성림프구 (LA), 만성 성 림프구 (LR), 후골수구 (ME), 골수구 (MY), 형질세포 (PC), 전골수구 (PR)의 경우는 계속 증가하고, 림프구 (LY)의 경우에는 정확률이 감소하였다. 그러나 기준에 잘 되던 클래스의 경우도 크게 하락 없이 좋은 성능을 내고 있음을 알 수 있다.

실증적 데이터 21,437장의 영상을 이용한 백혈구 분류에 따른 정상 백혈구의 TPR 평균 93.4%이고 비정상 백혈구의 TPR 평균 83.3%로써 제안 모델인 WBC-ResNe-152의 효과가 검증되었음을 알 수 있다.

V. Conclusions

CNN 모델 중 ResNet 152 layer을 사용하여, 백혈구 14-Diff 감별을 위해 백혈구를 정상 백혈구와 비정상 백혈구로 나누어서 구성하였으며, 혈구이미지 분할 및 Training Test용과 학습 검증용, 그리고 최종 검증을 위하여 Final Test으로 분류하여 총 136,164장의 혈구이미지 (224X224)를 확보하였다.

슈퍼픽셀을 이용한 영상분할은 각 클래스 별로 혈구이미지 수가 상이하므로 Weighted Average를 적용하여 영상분할 에러를 산출한 결과 7.23%였다.

Training Test용 8,827장의 클래스 별 50회 학습한 결과는 TPR 평균 80.3%을 나타낸다.

이를 바탕으로 실증적 데이터 21,437장의 혈구이미지를 이용한 백혈구 14-Diff 분류에 따른 정상 백혈구의 TPR 평균 93.4%이고 비정상 백혈구의 TPR 평균 83.3%로써 제안 모델인 WBC-ResNet-152의 효과가 검증되었음을 알 수 있다.

WBC-ResNet-152를 이용한 형태학 접근법은 의미 있고 가치있는 방법으로써 축적된 의료데이터를 바탕으로 치료 가능한 질환의 정밀진단 및 조기발견으로 의료영상처리 기술의 향상에 기여할 것으로 사료된다.

REFERENCES

- [1] I. Goodfellow, Y. Bengio, and A. Courville, "Deep Learning", MIT Press, 2016.
- [2] Pattern Recognition, Pattern Analysis, http://www.ktword.co.kr/abbr_view.php?fm_temp1
- [3] Shlee, cgyoo, iklee, and cjhwan, "White blood cell image Retrieving & Clustering System", The Korean Institute of Information Scientists and Engineers, Vol. 26 No. 2, pp. 530-532, Oct. 1999.
- [4] K. Simonyan, and A. Zisserman, "Very deep convolutional networks for large-scale image recognition," Vol. 6, pp. 1-14, Apr. 2015
- [5] M. D. Zeiler, and R. Fergus, "Visualizing and understanding convolutional networks," In European conference on computer vision, pp. 818-833, Nov. 2014.
- [6] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, "ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks", NIPS, Vol. 1, pp. 1097-1105, Dec. 2012.
- [7] S. Ioffe, and C. Szegedy, "Batch Normalization: Accelerating Deep Network Training by Reducing Internal Covariate Shift", NIPS, Vol. 3, pp. 1-11, Mar. 2015.
- [8] Y. Tang, "Deep Learning using Linear Support Vector Machines", ICML 2013, Vol. 4, Feb. 2015.
- [9] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, "Deep residual learning for image recognition," In Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition, pp. 770-778, Dec. 2015.
- [10] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, "Identity Mappings in Deep Residual Networks" Computer Vision and Pattern Recognition, Vol. 3, pp. 1-15, Jul. 2016.
- [11] Jmchoi, and wslee, "Development of a Poikilocyte Measuring Method Using Image Analysis Software", Lab Med Online, Vol. 3, No. 1, pp. 6-14, Jan. 2013.
- [12] M. Habibzadeh, A. Krzyzak, and T. Fevens, "Comparative study of shape, intensity and texture features and support vector machine for white blood cell classification", Journal of Theoretical and Applied Computer Science Vol. 7, No. 1, pp. 20-35, Jan. 2013.
- [13] Y. M. Alomari, S. N. H. S. Abdullah, R. Z. Azma, and K. Omar, "Computational and Mathematical Methods in Medicine", pp. 1-17, Apr. 2014.
- [14] N. Ghane, A. Vard, A. Talebi, and P. Nematollahy, "Segmentation of White Blood Cells From Microscopic Images Using a Novel Combination of K-Means Clustering and Modified Watershed Algorithm", J Med Signals Sens, Vol. 7, No. 2, pp. 92-101. Jun. 2017.
- [15] M. I. Razzak, and SaedaNaz, "Microscopic Blood Smear Segmentation and Classification using Deep Contour Aware CNN and Extreme Machine Learning", Computer

- Vision and Pattern Recognition Workshops (CVPRW), pp. 49–55, Jul, 2017.
- [16] R. Sorgedragar, “Automated malaria diagnosis using convolutional neural networks in an on-field setting”, MA, Delft University of Technology, Jan, 2018.
- [17] M. Xu, S. Z. Abidi, M. Dao, H. Zhao, and G. E. Karniadakis, “A deep convolutional neural network for classification of red blood cells in sickle cell anemia” PLoS Comput Biol, Vol. 13, No. 10, pp. 1–27, Oct, 2017.
- [18] Jhhyun, hylim, and dskang, “A Study on Tracking –Learning–Detection Algorithm and Learning Algorithm for Object Detection System Development”, Journal of KIIT, Vol.15, No.12, pp.139–145, Dec. 2017.
- [19] H. N. Mhaskar, S. V. Pereverzyev, and M. D. van der Walt, “A Deep Learning Approach to Diabetic Blood Glucose Prediction”, Frontiers in Applied Mathematics and Statistics, Vol. 3, No. 14, pp. 1–11, Jul. 2017.
- [20] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, “Imagenet classification with deep convolutional neural networks,” Neural Information Processing Systems (NIPS), pp. 1097–1105, Feb. 2012.
- [21] Jsyoo, and kcee, “Deep learning based image recognition technology trend”, Information and Society, pp. 17–24, Jul. 2017.
- [22] Identity Mappings in Deep Residual Networks Review, <https://kangbk0120.github.io/articles/>
- [23] A. R. A. Shaji, K. Smith, A. Lucchi, P. Fua, and S. Susstrunk, “SLIC Superpixels Compared to State-of-the-Art Superpixel Methods”. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence Vol. 34, No. 11, pp. 2274–2282, Nov. 2012.
- [24] M. Liu, O. Tuzel, S. Ramalingam, and R. Chellappa, “Entropy rate superpixel segmentation”, IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, pp. 1–14, Jan. 2014.

Authors



Kyu-Man Lee is a student in the Department of Converging Technology, Graduate School of Venture, Hoseo University, Seoul. His field of specialization are Converging Health Technology (Medical diagnostic equipment), deep learning, and

convolution neural network. In particular, it is highly interested in convergence of health information using medical pattern recognition.



Soon-Ah Kang is a professor in the Department of Converging Technology, Graduate School of Venture and Institute of Health Industry, Hoseo University, Seoul. Her field of specialization are Bio-Health Converging Technology, Nutrition,

Functional foods, and Fermented foods. In addition, it focuses on preventive management using healthcare big data.