

Reduce Annotation Costs by Capturing Features for Biomedical Image Segmentation

劉, 曉慶

<https://hdl.handle.net/2324/7363826>

出版情報 : Kyushu University, 2024, 博士 (工学) , 課程博士
バージョン :
権利関係 :



氏 名 : 劉 曉慶 (リュウ ギョウケイ)

論 文 名 : Reduce Annotation Costs by Capturing Features for Biomedical Image Segmentation

(バイオ医学画像セグメンテーションのための特徴抽出によるアノテーションコストの削減)

区 分 : 甲

論 文 内 容 の 要 旨

バイオ医療画像のセグメンテーションは、医療診断において重要なタスクである。セグメンテーションは診断や分析などを支援するために、関心領域（臓器や病変）の形状やサイズに関する情報を取得することが可能になる。深層学習による自動セグメンテーションは、見落としや見間違いなどの問題を軽減し、性能を大幅に向上させることができる。

しかし、医療画像に対する正解データの作成（アノテーション）は専門医が実施する必要があり、一般画像と比べて大量の教師データを収集することが難しい。このため、下記の課題が存在する。

1) 教師データの不足のため、画像特徴の表現学習が十分にできず、セグメンテーションの正確なエッジを認識することが難しく、十分な精度が実現できないという課題がある。2) ある病院のデータセット（ソースドメイン）で学習したモデルを別の病院のデータセット（ターゲットドメイン）に評価すると、パフォーマンスが低下するドメインシフト問題がある。

本論文では、上記の 2 つの問題を解決する手法を提案した。

1) CT や MR など医療画像の公開アノテーションデータセットの数と多様性が少ない問題に対して、限られたデータで性能を向上させるために、データ拡張手法によりサンプルの多様性を高めるための手法を提案した。具体的には、医療画像のセグメンテーションに対して有効な **KeepMask** と **KeepMix** の 2 つのデータ拡張法を提案した。**KeepMask** では、医療画像では前景領域より背景領域の方がノイズ等の影響による多様性が高いことに着目し、前景領域は維持したまま背景領域のみに摂動を加える手法である。また、**KeepMix** でも同様の着眼点で、異なる複数の画像の前景領域と背景領域を合成する。少ないデータからデータ拡張を行い、ラベル付きデータの量と多様性を増やし、より汎用的で性能の良いモデルを学習することが可能となる。これらの手法は、2 値分類だけでなく多クラスセグメンテーションにも適用でき、複数のモダリティにも適用できる。複数のデータセット（6 種類）を用いて評価実験を行ったところ、全てのデータセットにおいて、提案手法により精度が上昇しているのを確認した。例えば、CT 画像の臓器セグメンテーションでは、精度 92.09% から 94.72% へ約 2.6 ポイントの上昇、よりセグメンテーションが難しい眼底画像における血管セグメンテーションタスクでは、52.89% から 61.61% へと約 9 ポイントの精度向上を確認した。さらに、全てのデータセットに対して、既存のデータ拡張手法より提案手法の方が良い結果を示し、提案手法の有効性が示された。

- 2) アノテーションコストを控えながら、高性能でドメインシフトの問題を効率的に解決するために、ターゲットドメインのデータから効率的な学習を行うことが可能な病理画像を自動で選択するアクティブドメイン適応手法を提案した。既存のアクティブラーニング手法は、ネットワークに入力できるサイズの画像の選択を前提としているが、本研究で対象とする病理画像 **Whole Slide Image (WSI)** は巨大であり、ネットワークに全体を入力できないためパッチ画像に分割して、パッチ画像毎のクラス分類を行う必要がある。このとき、**WSI** を 1 枚選択するということはパッチ画像の集合を選択するということになる。学習効率のよいデータの集合を選択する問題はこれまで提案されておらず、この点が本研究の新規性となる。具体的には、1 枚の **WSI** がターゲットドメインのデータセットの多様性をどの程度網羅しているかを測る指標である **Cluster Entropy** と、**WSI** がどの程度ネットワークが十分に学習できていないデータを含むかを示す **Percentage Uncertainty** の 2 つを提案した。実験では、ターゲットドメインのデータに対して、これらの 2 つの指標が低い時と高い時の **WSI** を 1 枚選択して、その 1 枚のみからネットワークを再学習した場合の精度を比較した。その結果、これらの指標が高いときの方が低いときと比べて精度が向上した。具体的には、病理画像の癌腫セグメンテーションタスクにおいて、**Cluster Entropy** が低い時の **mDice** が 0.505、高い時が 0.583、**Percentage Uncertainty** が低い時が 0.406、高い時が 0.452 と大幅な精度向上を確認した。この方法により、アノテーションのコストを最小限に抑えつつ、この画像によって最も効果的なドメイン適応を実現できる。

本論文で提案した方法により、アノテーションコストを削減しながら、より高い性能のバイオ医療画像セグメンテーションを実現することができる。バイオ医療画像セグメンテーションの性能が向上することで、将来は医療診断を支援し、医療の効率化に役立つことになる。