

MR 画像を用いた転移性脳腫瘍検出モデルの構築

山口 怜視[†] 長尾 智晴^{††}

[†] 横浜国立大学 理工学部

^{††} 横浜国立大学 大学院環境情報研究院

1. はじめに

転移性脳腫瘍は、成長速度が非常に早いため早期発見が重要である。また、読影は医師が目視で行うため負担が大きい。これらの問題を解決するために、本稿では、MR 画像から異常分類検出を行い、医師の読影手順を倣った深層学習法を提案する。

2. 提案手法

図 1 に本提案手法で用いるモデル構造を示す。医師による読影は、大まかに腫瘍の位置を把握(検出)し、その後病状を詳細に判断(分類)する。本モデルは、その手順に倣って、検出モデルと分類モデルで構成され、検出モデル、分類モデルの順に学習を行う。

2.1 検出モデル

検出モデルは、入力された MR 画像(256×256)から腫瘍領域を検出する。このモデルは、細かい情報の損失を防ぐために、U-Net[1]に代表される長距離接続を、エンコーダ・デコーダを繋ぐように導入している(図1中の A)。このモデルは、Convolution 層 15 層 Upsampling 層3層で構成される。このモデルにより、腫瘍可能性の高い箇所を抽出した画像を生成する。損失関数は、背景:腫瘍 = $w_1:w_2=1:100$ とする加重クロスエントロピーを用いる。これにより、腫瘍箇所を重要視した画像の再構築が可能となる。

2.2 分類モデル

分類モデルは、MR 画像を 64×64 のサイズに切り取った画像に対し、その画像が正常画像であるか異常画像であるかを分類する。このモデルは、Convolution 8層、Hull-Connect 層3層の構造で構成される。損失関数は多クラス交差エントロピーを用いる。

2.3 検出モデルと分類モデルの統合

検出モデルの出力画像に応じて腫瘍可能性の高い箇所を切り出し、分類モデルで正常/異常の分類を行う。次に、分類モデルの出力を元に検出モデルの出力画像を調整し、提案モデルの最終出力画像を得る。

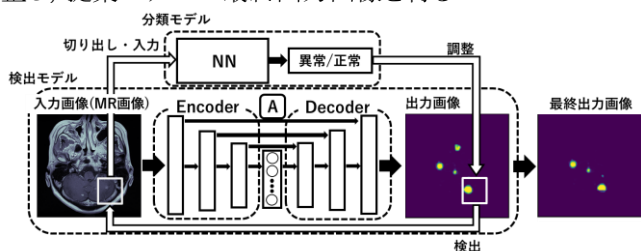


図1. モデルの構造

表1. 予測結果

	Accuracy	Recall
検出モデルのみ	61.45%	89.62%
検出+分類モデル	87.77%	73.69%

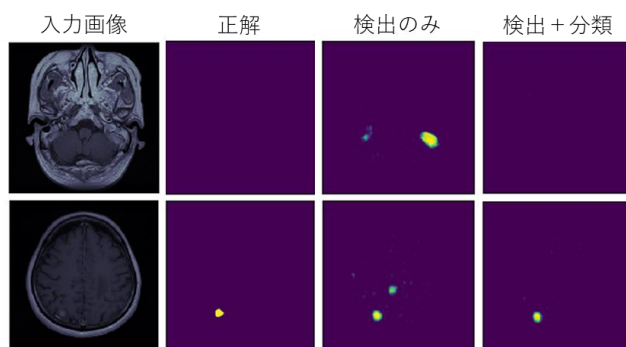


図2. 出力画像

3. 実験設定

本実験では、造影剤を利用して頭部を撮影することで得られる T1 強調像を対象に転移性脳腫瘍の検出実験を行う。200 名分の T1 強調像を患者ごとに7:3で分割を行い学習した後、新たに 271 名分に対して7:3で分割を行い、追加学習を行う。評価指標は、Accuracy, Recall を用い、評価は最初の学習の際に用いた 60 名分のテストデータを用いて行う。(1)検出モデルのみによる予測結果、(2)提案手法について、各指標を求める。

4. 実験結果

表1・図2に結果を示す。表1に示されるように、検出モデルのみで予測を行うよりも、提案手法を用いることで Accuracy における精度向上が見られた。また、図2からも検出モデルのみに比べ提案モデルがより正確な検出ができてきている。これは、検出モデルが過検出した予測結果を、分類モデルが正常だと正確に分類したことでその後の調整が有効に働いたためだと考えられる。

5. まとめ

本稿では、深層学習を用いた転移性脳腫瘍の検出モデルを提案した。MR 画像は 3D データであるため、今後は本手法を 3DNN に拡張し、さらなる精度向上を目指していく。

参考文献

- [1] Ronneberger, Olaf, Philipp Fischer, and Thomas Brox. "U-net: Convolutional networks for biomedical image segmentation." International Conference on Medical image computing and computer-assisted intervention. Springer, Cham, 2015.