

令和 5 年 6 月 21 日現在

機関番号：33401

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2019～2022

課題番号：19K12054

研究課題名(和文)高精度なメラノーマ構造パターン抽出技術に基づく皮膚がん診断支援システムの開発

研究課題名(英文) Development of a Skin Cancer Diagnosis Support System Based on Highly Accurate Melanoma Structure Pattern Extraction Technology

研究代表者

木森 義隆 (Kimori, Yoshitaka)

福井工業大学・環境情報学部・教授

研究者番号：10585277

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 2,500,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、ダーモスコピー画像を対象として、病変領域のセグメンテーション手法や、メラノーマ構造パターンの自動抽出手法、複数の構造情報の統合的可視化手法の開発等を行った。Mathematical morphologyに基づく画像処理理論を用いて、メラノーマの構造解析に関する共通基盤となる画像処理体系を構築することをめざした。病変領域のセグメンテーションに関して、開発した画像処理と深層学習を組み合わせることによって、従来の方法に比べ、セグメンテーションの精度が向上することを示した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、Mathematical morphologyに基づく画像処理手法：Rotational morphological processingによって、ダーモスコピー画像の処理に関する共通基盤を構築した。多様な病変パターンの抽出等において、汎用的かつ論理的な一貫性を持つ処理の実現は、実用的意義を有するものである。また、病変領域をセグメンテーションするために考案した深層学習の手法は、ニューラルネットワークが対象のみに着目することを可能にするため、解析対象の認識精度を向上させることができる。幅広い分野での応用展開が期待できる。

研究成果の概要(英文)：In this study, a segmentation method for lesion regions, an automatic extraction method for melanoma structural patterns, and an integrated visualization method for multiple structural feature information were developed for dermatoscopic images. The aim was to establish a unified base image processing system for the structural analysis of melanoma, leveraging mathematical morphology-based image processing theory. The research demonstrated that combining the developed morphological image processing techniques with deep learning algorithms improves the accuracy of lesion segmentation, thereby outperforming traditional methods.

研究分野：画像情報解析

キーワード：ダーモスコピー画像 メラノーマ構造パターン mathematical morphology 深層学習

1. 研究開始当初の背景

計算機を援用したメラノーマ(悪性黒色腫)の自動診断の研究は古くて新しいものである。メラノーマはメラニン色素を作り出すメラニン細胞が、がん化して発生する皮膚がんの一種である。日本人の発症患者数は10万人あたり、1~2人とされるが、世界的にみると、罹患者は年々増加傾向にある。

メラノーマの診断は、ダーモスコープと呼ばれる特殊な拡大鏡を用いた非侵襲的な方法を用いて行われている。これまで、皮膚科医の負担軽減や、より正確な診断を目的として、ダーモスコープ画像を対象として、計算機を用いた画像診断支援システムの開発に大きな関心が寄せられてきた。この標準的なアプローチは、(1)メラノーマ領域のセグメンテーション(正常な皮膚領域から、病変領域を切り出すこと)、(2)メラノーマの構造パターンの抽出、(3)病変特徴量の記述、(4)病変分類、の4つに区別することができる。これまで、各ステップにおいて、様々な要素技術の開発研究がなされてきた。とりわけ、近年では、機械学習によって(4)を実施することを念頭に置き、それ以前のステップの自動化に焦点が当てられている。

ダーモスコピー画像におけるメラノーマの特徴解析に関し、特徴量記述の成否は、その前段階の画像処理の結果、すなわち、セグメンテーションされたメラノーマ領域および構造パターンの抽出精度に依存する。しかし、関心領域内の不均一な輝度分布、メラノーマ領域の背景とのコントラストの低さや、領域形状の多様さ、さらに様々なアーチファクトの混入等の画像条件の影響下では、頑健性・汎用性をもった、高精度なセグメンテーションおよび構造パターン抽出手法の構築は、困難なものでもあった。

また、医療診断には、判断の根拠が説明されることが求められる。このため、診断支援システムを構築するにあたり、これまで皮膚科医が診断の根拠として用いてきた特徴の知識的ルール等に基づくことが妥当であると考えられる。

2. 研究の目的

本研究の目的は、「定量的な根拠に基づく診断基準の提示」および「視認性が向上する複数の病変特徴の可視化」を可能にする、皮膚がん診断支援システムの要素技術を開発することであった。**Mathematical morphology** に基づく画像処理基盤を構築することにより、医師の知識を活用した病変領域のセグメンテーション手法および構造パターンの抽出手法等を考案した。

3. 研究の方法

本研究期間での研究課題を次の5項目に分けた：(1)前処理手法およびセグメンテーション手法の開発、(2)構造パターン抽出手法の開発、(3)構造パターンの統合的可視化手法の開発、(4)病変特徴量の記述手法の開発、(5)機械学習による病変分類の実施。

研究項目1: 前処理手法およびセグメンテーション手法の開発

本研究項目では、まず、高精度なメラノーマ領域のセグメンテーションを実現するための前処理手法を開発した。これには、ノイズ除去、輝度バイアスの除去、平滑化に基づく輝度の均質化、病変領域に重なる毛などアーチファクトの除去等が含まれる。次に、メラノーマ領域の自動セグメンテーション手法の開発を実施した。

研究項目2: 構造パターン抽出手法の開発

抽出すべきメラノーマの構造パターンとして、メラノーマ領域および輪郭形状、色素ネットワーク、色素小球・小点、色素線条、領域内の色の分布等を対象とした。**Mathematical morphology** の一種である、**Rotational morphological processing(RMP)**に基づく画像処理手法の適用により、高精度なパターン抽出手法を考案した。

研究項目3: 構造パターンの統合的可視化手法の開発

本研究項目では、診断における視認性の向上を目的とし、目視による病変の把握を容易にする手法を開発した。項目2で開発した構造パターン抽出手法に基づき、それぞれのパターンを強調し、領域内に複数のパターンが存在する場合はそれらを統合的に可視化表現することにより、一枚の画像で病変の特徴を把握できるようにした。

研究項目4: 病変特徴量の記述手法の開発

本項目では、項目2で抽出した構造パターンから、それらの特徴を抽出・記述した。ネットワークの複雑さや方向性の解析のためには、植物細胞の細胞骨格ネットワーク解析のために開発した手法(Kimori et al., *J. Theor. Biol.*, 2016)を用いた。

研究項目5: 機械学習による病変分類の実施

研究項目4で抽出・記述した特徴を用い、病変の分類を行う。これには、サポートベクターマシン、ランダムフォレスト、自己組織化マップなどの機械学習手法や深層学習の手法を検討し、分類実験を実施した。

4. 研究成果

研究項目1: 前処理手法およびセグメンテーション手法の開発

公開されているダーモスコピー画像のデータセット: PH2 Dataset (Mendonca et al., in *Conf. Proc. IEEE Eng. Med. Biol. Soc.*, 2013) を用いてメラノーマ領域の自動セグメンテーション手法の開発を実施した。まず, RMP を用いた平滑化処理により, ノイズの除去, および画像全体における輝度の均質化に関する前処理を実行した。そして, *Mathematical morphology* を用いた画像処理フィルタのひとつである, *h-dome* 変換を拡張し, それに基づく自動セグメンテーション手法を開発した。本手法は, メラノーマ領域のみならず, その輪郭構造も同時に抽出することを可能にした。データセット中の一部の画像データに対し, 本手法が有効であることを確認した。なお, 本手法については論文としてまとめ, 現在, 国際誌に投稿中である。

研究項目2: 構造パターン抽出手法の開発

メラノーマ領域とその輪郭形状および色素ネットワークの構造パターンの抽出手法を試みた。研究計画当初はメラノーマ領域をセグメンテーションした後, その輪郭形状パターンを抽出するという, 両者を個別に取り扱う予定であったが, 研究項目(1)によって, メラノーマ領域とその輪郭形状の抽出を同時に実行できる手法を考案したため, これらの課題について, その基礎的な要素技術についてはすでに達成した。色素ネットワークの構造パターンは, RMP に基づく *Top-hat* 変換を用いた抽出を行った。この手法では, 構造要素と呼ばれる小図形を用いるが, この形状およびサイズがパターン抽出のパラメータとなる。色素ネットワーク等を抽出するための最適なパラメータを実験的に決定し, 複数の画像データに対し本手法を適用し, その有効性を確認した。

研究項目3: 構造パターンの統合的可視化手法の開発

本研究項目では, 研究項目2で開発した構造パターン抽出手法に基づき, それぞれのパターンを強調し, 領域内に複数のパターンを統合的に可視化表現することにより, 一枚の画像で病変の特徴を把握できるような手法の開発を実施した。例えば, 病変領域内に, 色素ネットワークおよび色素小球・小点が存在する場合, それらの特徴抽出に合致した構造要素を用いた RMP に基づく *Top-hat* 変換により抽出・強調し, 原画像にマージした病変の診断用画像の表示手法の開発を行った。結果の一例を図1に示す。

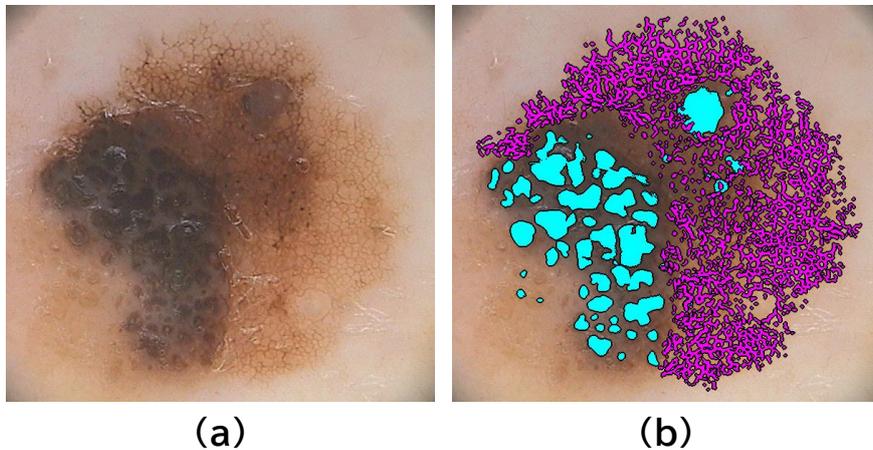


図1. 自動抽出したメラノーマ構造パターンの可視化結果。(a) 原画像。(b) 色素ネットワーク(マゼンタ)および色素小球・小点(シアン)の抽出結果。これらは抽出する構造の特徴に合わせた構造要素を用いた, RMP に基づく *Top-hat* 変換により抽出した。

研究項目4: 病変特徴量の記述手法の開発

ネットワークやフィラメント構造の定量的な記述方法として, 植物細胞の細胞骨格ネットワーク解析のために開発した手法を採用した。また, ダーモスコピー画像における, メラノーマ領域内の輝度分布は, 輝度値を高さとした 3D データと捉えることができる。この 3D 構造やドットパターンの解析には, *Pattern spectrum* に基づく形態解析手法を適用した。これらの方法によって, これまで, 目視で感覚的にとらえられてきた構造特徴を定量的に把握することが可能になった。

研究項目5: 機械学習による病変分類の実施

病変分類を行うためには, メラノーマの領域の高精度なセグメンテーションが必須である。項目(1)でセグメンテーション手法を開発したが, 病変分類を目的とした場合, セグメンテーションの精度が不十分であることが分かった。そこで, 深層学習を用いたセグメンテーション手法の開発に取り掛かった。

本研究には, 大規模なダーモスコピー画像のデータセットである, HAM10000 データセット (Tschandl,

et al., *Sci. Data.*, 2018)を用いた。まず、このデータセットに対し、U-Net(Ronneberger, et al., *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2015: 18th International Conference , Proceedings, Part III 18*, 2015)などの既存のセグメンテーション用ニューラルネットワークモデルを適用したが、背景構造なども抽出し、高精度なセグメンテーション結果が得られなかった。

そこで、これまでに開発してきた画像処理を適用して、背景構造などの不要な物体の除去を行い、対象となる病変領域の強調を行った。その処理画像を用いてセグメンテーションを実施したところ、原画像を用いた場合よりもセグメンテーション精度が向上することが判明した(図 2)。U-Netだけでなく、より複雑なアーキテクチャをもつ深層学習モデルである、DeepLabv3+ (Chen, et al., *arXiv:1802.02611*, 2018) (特徴抽出には Xception(Chollet, *Proc. IEEE Conf. Comput. Vis. Pattern Recognit.*, 2017)を利用)を用いた実験でも同様の結果が得られた。この内容に関しては、論文として発表した(Kimori, *IEEE Access*, 2022)。

セグメンテーションされた病変の小規模な画像データセットを作成し、分類実験を実施した。まだ検討すべき内容は残っているが、方法論の正しさを支持する結果が得られている。現在、大規模なデータセットでの実験を行うとともに、本手法と結果については、論文としてまとめているところである。

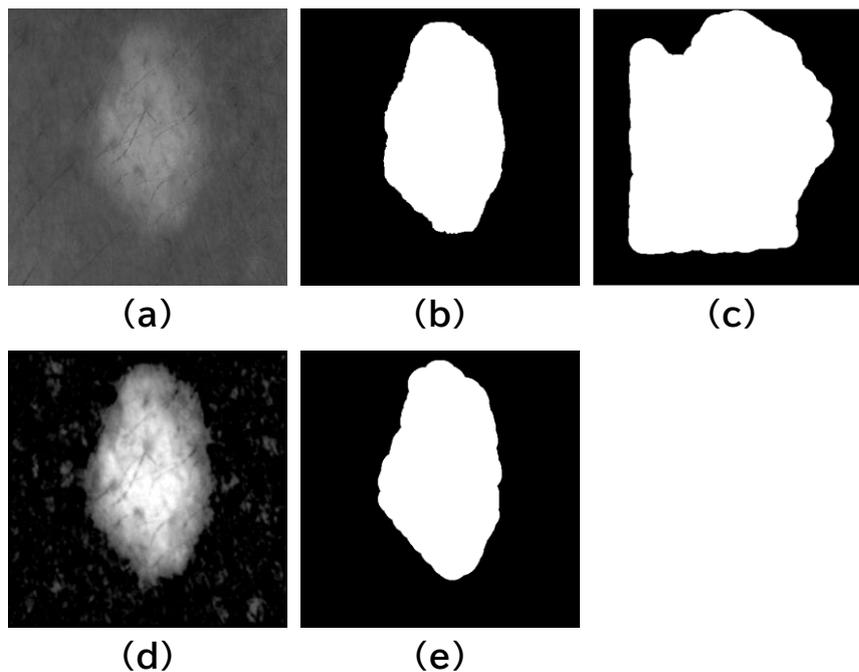


図 2. 病変領域のセグメンテーション。(a) 原画像。(b) Ground truth(病変領域の正解画像)。(c) 原画像で構成されるデータセットで学習した U-Net によるセグメンテーション結果。背景構造や不明瞭な病変領域の輪郭などの影響で、Ground truth とは大きく異なる結果となっている。(d) 本研究で開発した画像処理手法を原画像に適用し、背景構造の除去および病変領域の強調を行った画像。(e) (d)の画像処理を行った画像で構成されたデータセットで学習した U-Net によるセグメンテーション結果。Ground truth と類似する結果が得られていることがわかる。Jaccard index などの指標による類似度の計測結果において、原画像で学習した場合に比べ、セグメンテーションの精度が向上したことがわかっている。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計2件（うち査読付論文 2件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Kimori Yoshitaka	4. 巻 57
2. 論文標題 A morphological image processing method to improve the visibility of pulmonary nodules on chest radiographic images	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Biomedical Signal Processing and Control	6. 最初と最後の頁 101744 ~ 101744
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.bspc.2019.101744	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kimori Yoshitaka	4. 巻 10
2. 論文標題 A Morphological Image Preprocessing Method Based on the Geometrical Shape of Lesions to Improve the Lesion Recognition Performance of Convolutional Neural Networks	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 IEEE Access	6. 最初と最後の頁 70919-70936
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1109/ACCESS.2022.3187507	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計0件

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 （ローマ字氏名） （研究者番号）	所属研究機関・部局・職 （機関番号）	備考
---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------