

令和 5 年 6 月 2 日現在

機関番号：17102

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2021～2022

課題番号：21K19829

研究課題名（和文）カリキュラム学習を用いたドメイン拡張による多様な条件下のバイオ医療画像解析

研究課題名（英文）Domain adaptation using curriculum learning for biomedical image analysis

研究代表者

備瀬 竜馬（Bise, Ryoma）

九州大学・システム情報科学研究所・准教授

研究者番号：00644270

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 5,000,000円

研究成果の概要（和文）：本研究課題では、バイオ医療画像解析分野において、ある特定のデータセット（ソースドメイン）で学習したモデルが他の条件下で撮影されたデータセット（ターゲットドメイン）では上手く機能しないというドメインシフト問題を解決するための手法開発を行った。具体的には、細胞検出タスクにおいてカリキュラム的に細胞形状を学び、徐々にドメインを拡張していく手法を提案した。本研究成果は、医療画像解析分野トップ国際ジャーナルMedIA（IF:13.828）1本、MICCAI（h5-index:78）1本、ISBI2023（h5-index:55）2本、WACV2022（h5-index:76）1本に採択された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

バイオ医療画像解析分野において、ある特定のデータセットに対して教師データを作成さえすれば、実環境における異なるドメインにおいて新たに教師データの作成をすることなく、対象物体の認識が可能となることは究極の課題の一つである。さらに言えば、既に存在する教師ありの公開データを元に、多様な実環境のデータでの学習が教師なしで可能となれば、実利用のハードルが格段に下がり、多くの医学及び生物学の研究で活用されることが期待される。本研究課題は、この課題に取り組むものであり、大いに意義がある。

研究成果の概要（英文）：In this research project, we developed methods to address the domain shift problem in bio-medical image analysis. For example, we proposed a curriculum-based approach for learning cell shapes in cell detection tasks, gradually expanding the domain. This method aimed to overcome the challenge of models trained on a specific dataset (source domain) not performing well on datasets captured under different conditions (target domain). As a result, many paper were accepted in a top journal and conferences, e.g., MedIA (IF: 13.828), MICCAI (h5-index: 78), ISBI2023 (h5-index: 55), and WACV2022 (h5-index: 76).

研究分野：コンピュータビジョン

キーワード：機械学習 ドメイン適応 深層学習 弱教師学習 半教師学習

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

バイオ医療画像解析において、疾患領域の認識、対象の位置や形状及び挙動情報の自動推定など、様々な課題に対して深層学習を用いた教師あり機械学習手法が急速に提案され、高い精度を実現している。しかし、高精度な評価結果の多くは、学習に利用する教師データと評価用のテストデータが同等の条件で撮影されたデータが使われている。一方、生命科学分野における研究では、研究目的によって実験条件（例：疾病の種類、細胞種、成長因子等の細胞培養環境、撮影環境）が多様であるため、実利用においては、ある条件下で作成した教師データを用いて学習したネットワークが、他の条件下のデータでは機能しない。このような揺らぎをカバーする多様な教師データを用意すれば解決できるが、様々な研究目的に合わせて個別に専門家が大量の教師データを作成することは高コストであり、現実的ではない。

特定の撮影条件下のデータ群のことをドメインと呼び、学習に用いた教師データを source ドメイン、実利用時のテストデータを target ドメインと呼ぶ。従来手法として、ドメイン適応という研究課題があり、2つのドメイン間の違いを吸収することにフォーカスしている（図1：従来手法）。一方、実問題では様々な環境が存在し、多数の target ドメインが存在すると考えられるが、多数のドメインで機能する学習法はまだほとんど取り組まれていなかった。

2. 研究の目的

本研究課題は、実問題を想定し、target ドメインが複数の多様な環境というこれまでに検討されていない問題設定（図1：本提案）に取り組むものであり、実環境の多様な条件下の中で、ある特定の条件下のデータセット(source ドメイン)に対して教師データを作成さえすれば、異なる target ドメインに対して新たに教師データを作成することなく、対象物体の認識を可能とする手法の研究開発を目的とする。本研究課題が達成できれば、実環境における様々な条件下での煩雑な学習データ作成を省略することができ、様々な課題への機械学習手法の活用へのハードルが格段に下がり、多面的な応用展開への道を開く。

3. 研究の方法

本研究課題では、上述したように、target ドメインが複数の多様な環境における学習を想定している。この場合、source ドメインのデータの画像特徴と類似する場合と、類似しない場合がある。例えば、図1（挑戦1）に示すように細胞の形状を例として考えると、ドメインAの細胞形状は source ドメインの細胞と比較的類似しているが、ドメインCでは長く伸びていて画像特徴がかなり異なる。画像中で細胞の場所を検出する細胞検出タスクを考えると、source ドメインで学習した場合、ドメインAの細胞はある程度検出できるが、ドメインCでは学習した画像特徴と異なるため、ほとんど検出できない。従来手法のように、ドメイン間の画像特徴の類似度を考慮せずに、画像特徴の差をなくす学習を行うと、上手く機能しない。

そこで、本研究課題では、小学生がまず一桁の足し算を学習して後に、二桁の足し算を学習するというカリキュラム的な学習を行うのと同様に、source ドメインの画像に類似している順に段階を踏んで難しい（特徴が異なる）データを学習するカリキュラム学習を行うことでドメインを拡張していく。最初のタスクとして、細胞検出タスクにおいて細胞種の違いをドメインとして研究開発を進める。具体的には、8種程度の細胞種のデータセットを用いて手法開発を進め、セグメンテーションや多物体追跡等の様々なタスクへ展開した。

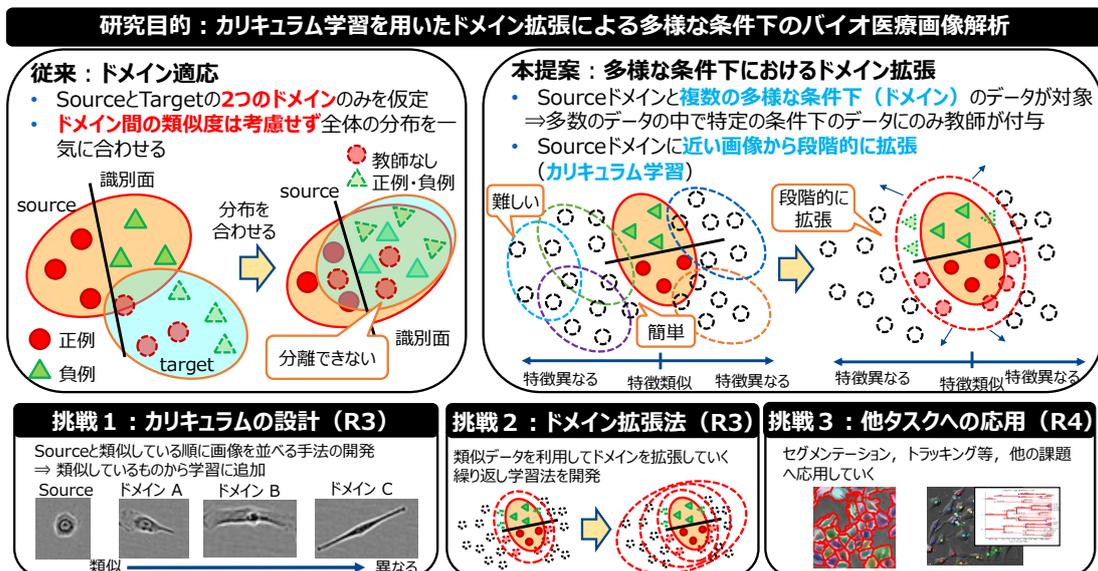


図1. 提案研究概要図

#### 4. 研究成果

具体的には、次の研究を進めた。

##### 1) 細胞検出タスクにおけるカリキュラム学習を用いたドメイン適応 (図2)

位相差顕微鏡における細胞検出タスクを例として研究開発を進めた。幹細胞は、培養条件によって異なる細胞に分化し、形状が変化するため、特定の環境で培養した細胞の画像 (ソースドメイン) で学習を行ったモデルでは、他の環境で培養したデータ (ターゲットドメイン) に対しては機能しない。本研究では、細胞は形状を変えながら移動しているため、一つのドメインのデータにおいても、細胞形状は多様で、ソースとターゲットドメインで類似している形状と異なる形状の細胞が存在することに着目した。そのため、ターゲットドメインにおいても、ソースドメインの細胞と比較的形状が類似している細胞は検出ができ、異なる形状を持つ細胞は検出ができない。提案手法では、検出可能な細胞をベイジアン識別器で見つけ、疑似ラベルとして教師データに追加していくことで、カリキュラム的に細胞形状を学び、徐々にドメインを拡張していく手法を提案した。実データを用いた異なるドメインの14種の組み合わせで、実験を行い、既存のドメイン適応手法より高精度で検出が可能となることを示した。図2 (左) に示すように特徴空間上でソースに近いデータから順にカリキュラム的に適応できているのが分かる。また、右図に示すように、ソースと形状が異なる細胞が学習を重ねるごとに検出ができるようになっていくのが分かる。(MICCAI2021, MedIA)

本研究を通して、クラスの比率が不均衡 (インバランス) な場合等に、従来のドメイン適応手法が上手く機能しないことが分かったため、半教師学習やアクティブラーニングを取り入れることでこれらの問題を解決する次の2つの手法の開発を進めた。

##### 2) クラスインバランスなデータセットに対するドメイン適応

クラスインバランスなデータセットに対するドメイン適応手法を提案した。具体的には、クラス間のデータ比率情報を用いてクラスターリングを行い、そのクラスターリング結果を元にドメイン適応を行う手法を提案した。具体的には、ソースデータを元に推定したクラス比率を用いてクラスターリングを行い、少数の教師をアンカーとして、クラスター内のデータが近くなるように学習することで、クラス比率がインバランスの場合にも機能する。病理画像の癌種セグメンテーションに適用し、評価した結果、従来のドメイン適応手法より高精度な分類を実現した。(ISBI2023)

##### 3) 病理画像セグメンテーションのためのアクティブラーニングを用いた

ターゲットドメインにおいて、なるべく少量のデータに対して追加でアノテーションを行うという問題設定において、ドメイン適応の学習に効率的なデータを選ぶための指標を提案した。具体的には、1つのデータが持つ特徴の多様性を評価する指標を提案し、一つのデータがなるべくターゲットドメイン全体の特徴分布をカバーする画像を選ぶことで、ドメイン適応を効率的に行う。病理画像のセグメンテーションタスクにおいて、実データを用いた実験で、提案した指標が高い値を取るデータを教師として用いた方が高精度であることを示した。(ISBI2023)

本研究成果は、医療画像解析分野トップ国際ジャーナル MedIA (IF:13.828) 1本、(医療画像解析分野におけるトップ国際会議, h5-index:78) 1本, ISBI2023 (Google Scholar ランキング Medical Imaging Top16, h5-index:55) に2本, WACV2022 (h5-index:76) 1本に採択された。また、国内会議において、計6本の発表を行った。このように国内外で良好な研究成果を残すことができ、当初の目標を十分達成したと考える。

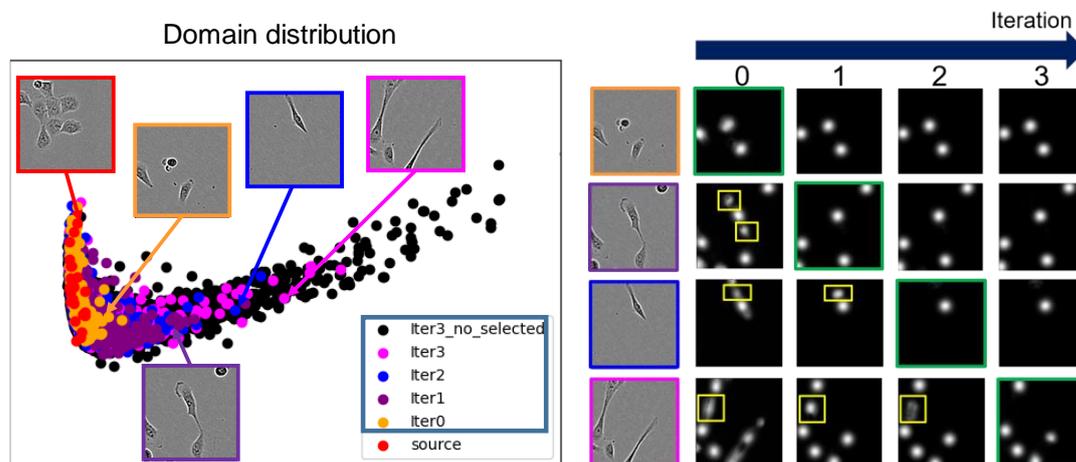


図2. カリキュラム学習を用いたドメイン適応の結果例

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 5件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Shota Harada, Ryoma Bise, Kengo Araki, Akihiko Yoshizawa, Kazuhiro Terada, Mariyo Kurata, Naoki Nakajima, Hiroyuki Abe, Tetsuo Ushiku, Seiichi Uchida	4. 巻 -
2. 論文標題 Cluster-Guided Semi-Supervised Domain Adaptation for Imbalanced Medical Image Classification	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	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 Xiaoqing Liu, Kengo Araki, Shota Harada, Akihiko Yoshizawa, Kazuhiro Terada, Mariyo Kurata, Naoki Nakajima, Hiroyuki Abe, Tetsuo Ushiku, Ryoma Bise	4. 巻 -
2. 論文標題 Cluster Entropy: Active Domain Adaptation in Pathological Image Segmentation	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	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 Asanomi Takanori, Nishimura Kazuya, Bise Ryoma	4. 巻 -
2. 論文標題 Multi-Frame Attention with Feature-Level Warping for Drone Crowd Tracking	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 IEEE/CVF Winter Conference on Applications of Computer Vision (WACV)	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1109/WACV56688.2023.00171	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 H. Cho, K. Nishimura, K. Watanabe, and R. Bise	4. 巻 79
2. 論文標題 Effective Pseudo-Labeling based on Heatmap for Unsupervised Domain Adaptation in Cell Detection	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Medical Image Analysis	6. 最初と最後の頁 1~13
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.media.2022.102436	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 Cho Hyeonwoo、Nishimura Kazuya、Watanabe Kazuhide、Bise Ryoma	4. 巻 1
2. 論文標題 Cell Detection in Domain Shift Problem Using Pseudo-Cell-Position Heatmap	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI 2021)	6. 最初と最後の頁 384 ~ 394
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-3-030-87237-3_37	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 -

〔学会発表〕 計5件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 浅海標徳・西村和也・備瀬竜馬 (九大)
2. 発表標題 特徴量ワーピングを導入した時間情報集約によるマルチオブジェクトトラッキング
3. 学会等名 電子情報通信学会技術研究報告, PRMU2022-33, 2022年12月16日(富山国際会議場, 富山市)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 浅海 標徳, 林田 純也, 西村 和也, 備瀬 竜馬 (九大)
2. 発表標題 Self-Attentionによる大局的時間情報を考慮した複数物体トラッキング
3. 学会等名 画像の認識・理解シンポジウム(MIRU2022, アクリエひめじ, 姫路市)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Shota Harada, Ryoma Bise, Kengo Araki, Akihiko Yoshizawa, Kazuhiro Terada, Mariyo Kurata-Rokutan, Naoki Nakajima, Hiroyuki Abe, Tetsuo Ushiku, Seiichi Uchida
2. 発表標題 Semi-Supervised Domain Adaptation for Class-Imbalanced Dataset
3. 学会等名 画像の認識・理解シンポジウム(MIRU2022, アクリエひめじ, 姫路市)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 荒木健吾（九大）・倉田麻理代・寺田和弘・吉澤明彦（京大）・備瀬竜馬（九大）
2. 発表標題 子宮頸癌病理画像のセグメンテーション
3. 学会等名 電子情報通信学会技術研究報告, PRMU2021, 2021年12月17日
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Hyeonwoo Cho, Kazuya Nishimura (Kyushu Univ.), Kazuhide Watanabe (RIKKEN IMS), Ryoma Bise (Kyushu Univ.)
2. 発表標題 Domain Extension in Cell Detection by Pseudo-Cell-Position Heatmap
3. 学会等名 画像の認識・理解シンポジウム(MIRU2021, オンライン開催)
4. 発表年 2021年

〔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
---------	---------