

木構造を用いたメラノーマ自動識別における 識別根拠の提示

大木, 奎一 / OHKI, Keiichi

(出版者 / Publisher)

法政大学大学院理工学・工学研究科

(雑誌名 / Journal or Publication Title)

法政大学大学院紀要. 理工学・工学研究科編 / 法政大学大学院紀要. 理工学・工学研究科編

(巻 / Volume)

57

(開始ページ / Start Page)

1

(終了ページ / End Page)

6

(発行年 / Year)

2016-03-24

(URL)

<https://doi.org/10.15002/00013268>

木構造を用いたメラノーマ自動識別における 識別根拠の提示

BUILDING OF READABLE DECISION TREES FOR AUTOMATED MELANOMA DISCRIMINATION

大木 奎一

Keiichi OHKI

指導教員 彌富 仁

法政大学大学院理工学研究科応用情報工学専攻修士課程

Even expert dermatologists cannot easily diagnose a melanoma, because its appearance is often similar to that of a nevus, in particular in its early stage. For this reason, studies of automated melanoma discrimination using image analysis have been conducted. However, no systematic studies exist that offer grounds for the discrimination result in a readable form. In this paper, we propose an automated melanoma discrimination system that it is capable of providing not only the discrimination results but also their grounds by means of utilizing a Random Forest (RF) technique. Our system was constructed based on a total of 1,148 dermoscopy images (168 melanomas and 980 nevi) and uses only their color features in order to ensure the readability of the grounds for the discrimination results. By virtue of our efficient feature selection procedure, our system provides accurate discrimination results (a sensitivity of 79.8% and a specificity of 80.7% with 10-fold cross-validation) under human-oriented limitations and presents the grounds for the results in an intelligible format.

Key Words : melanoma, random forest, machine learning, computer-based automated diagnosis

1. はじめに

メラノーマは極めて悪性度の高い皮膚がんである。この悪性腫瘍は進行が速く、進行してしまった場合の5年生存率は7%前後である[1]。そのゆえ早期発見が重要だが、早期の腫瘍は熟練専門医でも診断が難しい。

そのため、ダーモスコプと呼ばれる、皮膚の表皮内の構造が確認できる専用の拡大鏡[2]や、それを利用した診断指標であるABCDルール[3]や7-point check list[4]等が開発された。しかしこれらの診断指標はみな主観的であり、腫瘍は熟練した医師でさえ診断精度は75~84%にとどまるという報告がある[5]。客観的にかつ手軽に腫瘍の判定が出来れば、病気の悪化を未然に防ぐことが可能になる。このような背景からメラノーマの自動診断に関する研究が進められてきた[6-10]。Rubegniら[6]はメラノーマ200例、母斑350例の合計550例の画像データセットに対して形状、色、テクスチャなどの48のパラメータをニューラルネットワークの学習に用いて識別器を作成し、学習に使っていないメラノーマ17例と母斑21例に対して評価を行ない感度94.3%、特異度93.8%という結果を得た。Celebiら[7]はメラノーマ88例と、

母斑479例の計567例のデータセットを使用し、サポートベクターマシン識別器を作成し、Monte Carlo cross-validationを用いて評価した結果感度92.3%、特異度93.3%を得た。また我々は2004年より、インターネット上にメラノーマ自動診断システムを皮膚科医向けに公開している[8,9]。現在のシステム(<http://dermoscopy.k.hosei.ac.jp>)は合計およそ1500例の症例を元に構成され、leave-one-out-cross validation評価において、通常部位の腫瘍に対しては感度、特異度共に約86%[9]、acral and volar regionの腫瘍に対して感度、特異度91-93%[10]で判別するとともに、悪性度のスコアを表示するようになっている。

これまで提案されているメラノーマ自動識別手法には、数値の上では上記のように皮膚科医に匹敵する精度を実現しているものもみられるが、既存のシステムのほとんどは対象とする腫瘍の種類を限定したうえで、理想的な条件で撮影された画像のみを用いている。そのため、実際の利用する現場において、なぜシステムがその結果を導いたのか、という判別結果の具体的な根拠の提示が重要になる。我々はこれまでABCDルールや7-point check listで定義されている各項目を推定する手法も[11]合わせ

て提案しているが、教師データの獲得を起因として症例の数が限られているため、システムの信頼性の面において課題を残していた。

そのため本研究では、識別結果と共に判別にいたった過程を利用者に提示できるシステム構築を目指し、RandomForest (RF) [12]を用いたメラノーマ自動識別システムを提案する。

RFは弱識別器である決定木 (decision tree) を複数用いて、強識別器である森 (forests) を構成し、識別を行う機械学習のアルゴリズムである。これにより過学習 (overfitting) が起きにくく、高い汎化性能を得ることができる。また識別は木構造をたどる手続きをとるため、判別までの流れがシンプルで判別の根拠を提示することに適している。

判別の過程の可読性を考えると、まず識別に利用する画像特徴量は、わかりやすいものでなければならない。また、生成する木構造の段数を制約する必要がある。また、こうした制約をもった上で、識別精度を実現する必要がある。そのため、メラノーマの識別に重要な特徴量を選択する必要がある。本研究では、RFでの識別器構築のため、効果的な特徴量選択手法についても合わせて提案する。

2. RandomForest(RF)

RFは弱学習器である決定木を複数組み合わせる強学習器を作成するアルゴリズムである。個々の決定木の学習はデータセットの重複を許してサンプリングを行うと共に特徴量もランダムサンプリングで行う。このため、個々の決定木の相関が低くなり、高精度の識別を可能にしつつ過学習しにくいという特長をもつ。決定木の各ノードにおいて、データの分割に用いられる特徴は、平均情報量(エントロピー)を用いて決定される。分岐ノード k でデータを N クラスに分類することを考える。ノード k において、特徴量 p を用いてデータがクラス C_i ($i=1,2,\dots,N$) に識別される割合を $P(C_i/p)$ とした時、エントロピーは

$$H(k, p) = -\sum_{i=1}^N P(C_i/p) \log P(C_i/p) \quad (1)$$

と書ける。

ノード k に、 $M(k)$ 個の子ノード k_j ($j=1,2,\dots,M(k)$) がある場合、データの分割前後によるエントロピーの減少量は、

$$\eta(k, p) = H(k, p) - \sum_{j=1}^{M(k)} H(k_j, p) \quad (2)$$

と書ける。

すなわち、この $\eta(k, p)$ は、特徴量 p のノード k におけるデータ分割の効果の影響力を表す量である。

各ノードで利用される特徴量 p^* は、 $\eta(k, p)$ が最大になる p が選択される。

$$p^*(k) = \underset{p}{\operatorname{argmax}} \eta(k, p). \quad (3)$$

なお各ノードにおける特徴量の候補数は、各決定木の独立性を高めるために全特徴量の平方根が適していると言われている[12]。

3. 識別の根拠を提示できるメラノーマ識別システム

我々が提案する手法の学習段階は以下の5段階から構成される。

1. ダーモスコピー画像から腫瘍領域を抽出
2. 腫瘍領域から識別のための特徴量の計算
3. RFを用いた重要な特徴量の選択
4. RFの学習
5. 識別結果と木構造の提示

一般的なパターン認識問題において、認識のための重要な特徴量の設計および抽出はもっとも重要な過程である。RFは自由度の高いデータ空間からランダムにデータと特徴をサンプリングしてくるにより、独立性の高い決定木を複数作ることによって全体として高い識別精度を得るアルゴリズムである。しかしながら、もとの特徴群にノイズが含まれていたり、特徴間の相関が高かった場合など、不適切に多い場合精度低下を招く恐れが大きい。そこで本研究では、特にRFを用いた効果的な特徴量の選択方法を提案し、効果を検討した。

こうして得られたRFを用いて、メラノーマの自動識別ならびに、診断の根拠の提示法を行う。これらを以下の各節で説明する。

3.1 腫瘍領域の抽出

メラノーマ識別のための重要な特徴はさまざま挙げられているが、その中でも腫瘍辺縁の色特徴は極めて重要であることが知られている。このため、メラノーマ自動診断の研究のほぼすべてにおいて重要な前処理として、腫瘍領域の自動抽出が行われており、これに関する研究も多くなされている[9,13-15]。本研究では、他の手法と比較実験の結果実績も確認されている[15]、我々の先行研究[9]に基づき、腫瘍領域の抽出を用いた、紙面の都合により、具体的な方法については元の論文を参照されたい。

3.2 特徴量の設計

前述のABCDルールなどのメラノーマの診断指標を参考に、また最終的に得られたルールの可読性を考慮して、腫瘍領域の色特徴 120 種を抽出した。これを Base

parameters と呼ぶ。これらは、「腫瘍部 (T: Tumor)」、「腫瘍辺縁部 (P: Peripheral)」、「皮膚と腫瘍辺縁部の差 (Skin-Peripheral: S-P)」、「腫瘍部と腫瘍辺縁部との差 (Tumor-Peripheral: T-P)」の4つの部位において、RGB,HSVそれぞれの color channel における要素の「平均値(μ),最小値(min),最大値(max),標準偏差(σ),歪度(skew)」計30特徴から構成される。ただし、本論文において腫瘍辺縁部とは、先行研究に従い領域の面積が抽出時の70%になるまで再帰的にダイレーション処理を行った結果と抽出した領域との差の領域のこととする。なお、テクスチャなど人間に直観的に理解しにくい特徴については、本研究ではあえて利用していない。

3.3 RandomForest を用いた重要な特徴量の選択

BaseParameters の中から、メラノーマ識別のために重要な特徴量のサブセットである Important Parameters を求める。特徴量選択においては、統計的な検定を元にした stepwise 法[16]などが広く用いられているが、非線形モデルに適用する場合、実行時間などの観点から実装が難しい場合が多い。そこで本研究では、RF を用いた特徴抽出法を提案する。まず、BaseParameters を用いて RF 学習させ、前述の通り各ノードにおけるパラメータの影響度 $\eta(k, p)$ を計算する。これを元にな本研究では特徴量 p の重要度を、以下のように定義した。

$$\alpha(p) = \frac{\sum_k \eta(k, p)}{\sum_k \sum_p \eta(k, p)} \quad (4)$$

$\alpha(p)$ は正規化された値のため、 $\sum_p \alpha(p)$ である。本研究では、予備実験の結果から、決定木の本数が100本、深さを10として設定したうえで、重要度の値が $\alpha(p) > 0.01$ の特徴量を Important Parameters として選出した。

3.4 RandomForest の学習

Important Parameters を用いて RF の学習を行う。各ノードでは、選択された特徴量 p^* について閾値が選択され、データの分割を行う。閾値は、そのノードで受け取ったデータの特徴量 p^* の最大値と最小値の間に乱数を複数生成し、それらの中で最も分割効果の大きい、つまりエントロピー減少量が最大になる閾値を利用した。

本研究のような2クラス分類に用いる場合は教師データに偏りがあると識別精度が向上しない。そこで本研究では、データセットをサンプリングするときに正例と負例を等確率でサンプリングする方法やデータセットに応じて学習時に重み付けを行う方法[11]を取り入れ、メラノーマと母斑の症例数の差から生じる影響を緩和した。

3.5 学習された RandomForest を用いた識別と木構造の提示

学習された RF を用いて入力された症例の識別を行う。RF のアルゴリズムに従い、識別は各決定木の識別結果の多数決によって決定される。正解に導いた木の中から、重要度の高い特徴が含まれている決定木の処理の流れを診断根拠としてユーザーに提示した。

4. 実験

本研究ではナポリ大学、グラーツ大学、ウィーン大学、慶応大学から提供された診断が確定した1148例(母斑980例、メラノーマ168例)のダーモスコピー画像を用いた。1148例から抽出した Base Parameters から上記の手法で、Important Parameters を選択した。また、3.3で述べた提案する特徴量抽出の成果を見るために、3つの比較実験を行った。

- (1) RF をそのまま Base Parameters で学習 (performance baseline)
- (2) stepwise 法により重要と考えられる特徴量を選択したうえで、RF 識別器を構築
- (3) 提案する手法により得られた Important Parameters を用いて RF 識別器を構築

メラノーマの識別精度の評価には感度、特異度を使い、10 Fold cross validation を使った。

5. 結果

Important Parameters として24種の特徴量が選ばれた。この中で、重要度の高いものの例を Table 1 に示す。

Table 1 選出された Important Parameters (top 5)

No.	特徴記号	特徴の説明	重要度
1	σ_G^P	腫瘍辺縁部の緑成分の標準偏差	2.3%
2	μ_B^P	腫瘍辺縁部の青成分の平均値	2.2%
3	σ_R^T	腫瘍の赤成分の標準偏差	2.0%
4	σ_V^{T-P}	腫瘍と辺縁部の明度の標準偏差の差	1.8%
5	σ_G^T	腫瘍の緑成分の標準偏差	1.6%

メラノーマ識別用の RF を構成するためのパラメータは予備実験と、ルールの可読性の考慮の結果、決定木の本数が50本、決定木の深さが8となった。また、識別結果のまとめを Table 2 に示す。

その結果、提案手法が最もよい識別能である、感度=79.8%、特異度=80.7%が得られた。

Table 2 特徴量削減手法の比較

手法	特徴量削減手法	特徴量	感度	特異度
実験 1 (baseline)	削減なし	120	69.9 %	70.5 %
実験 2 (stepwise)	stepwise	14	70.2 %	68.8 %
実験 3 (proposed)	RF	24	79.8 %	80.7 %

このとき生成された決定木の全体図の例を最終ページの Fig.1 に, Fig. 2 に Fig.1 の赤枠の中を拡大したものを示す. Fig.2 において, 四角のノードは, 上段にはそのノードが扱うデータの数, 下段には, 選択された分岐のための条件 (パラメータと閾値) である. 条件に適合する場合, 左のリンクを, そうでなければ右のリンクをたどる. 角丸のノードは最終的な識別結果を示しており, 灰色は悪性, 白色が良性, を表す. ノードの中の上段には適合するサンプルの数, 下段は, 悪性 (M), 良性 (N) それぞれの分類された例の数を表す. なお, 前述のように症例の数に差があるため, ここの数値は症例数の比率を勘案した補正した数値を記入してある.

提案手法 (実験 3) において, 重要度 $\alpha(p)$ が高いと算出された特徴の一部を Table 3 に示す.

Table 3 選出された Important Parameters (top 7)

No.	特徴記号	特徴の説明	重要度
1	σ_V^T	腫瘍の明度の標準偏差	21.9%
2	$\max_B^P$	腫瘍辺縁部の青成分の最大値	11.5%
3	skew_V^{T-P}	腫瘍と腫瘍辺縁部の明度の歪度の差	10.7%
4	$\min_G^T$	腫瘍の緑成分の最小値	8.2%
5	μ_B^T	腫瘍の青成分の平均値	7.6%
6	skew_V^T	腫瘍の明度の歪度	6.7%
7	σ_G^{T-P}	腫瘍と辺縁部の緑成分の標準偏差の差	4.2%

6. 考察

腫瘍領域から抽出された 120 特徴から, 提案する RF を用いた特徴選択手法を用いてメラノーマ識別に重要と思われる特徴量 24 個を得た.

Table 2 より, BaseParameters を使ってそのまま RF を学習させた結果 (実験 1) よりも, 提案する手法 (実験 3) が良い結果が得られたことを確認した.

しかし一方で, stepwise 法を使った特徴量削減法 (実験 2) を導入した場合, 識別能が下がっている. これは特徴量の母数が少なくなりすぎてしまい各木の自由度が低下, ひいては全体の自由度が低下してしまったためであろうと考えられる. RF を用いた識別器の構築においては, ある程度のパラメータの自由度が必要であることから, 提案する RF を用いた特徴量選択手法が有効であると考えられる.

Table 3 より, 最も重要度が高いと判定された特徴である σ_V^T は, 腫瘍内部の多色性, またメラニンの深度のばらつきを表すと考えられ, 臨床で用いられる指標と一致する. また, 2 番目以降についても, 腫瘍本体, 周辺領域の青色や輝度, また輝度と相関の高い緑の特徴量が選択されていることから, 臨床で重要視される特徴が本解析において適切に選択できていることが確認できた.

各評価データは識別結果に至るまで, 各ノードの条件で振り分けられる. 提案手法は, この過程を識別時の根拠として提示する. 過学習防止および, 過程の可読性の維持のため, 本実験ではあえて決定木の段数および本数を少なくし, BaseParameter として準備した特徴は, 色特徴のみに制限している. これらのため最終的に得られたメラノーマの識別能は, 識別能のみを追求する他の手法に一步譲るが, 皮膚科医による識別精度に匹敵する精度を実現できている.

今後, 形状特徴等の特徴を加える事や, RF の決定木の本数, 段数を増やすことにより識別精度はより向上する可能性がある.

7. 結論

今回 RandomForest (RF) を用いたメラノーマ自動診断システムを提案した. RF 向けに効果的な特徴量を選択する手法を合わせて提案することで, 色特徴の等の直感的に理解できる特徴のみを使って構築した識別器であっても皮膚科医と同等の識別率を得ただけでなく, 識別過程, 根拠をわかりやすく提示することができた.

謝辞 :

本研究を進めるにあたり, ご指導を頂いた修士論文指導教員の彌富仁准教授に感謝致します. また, 日常の議論を通じて多くの知識や示唆を頂いた彌富研究室の皆様にも感謝致します.

参考文献

- 1) National Cancer Institute (2015) SEER Cancer Statistics Review 1975-2012, Bethesda, MD: NCI
- 2) Soyer, H.P., Smolle, J., Kerl, H., Stettner, H.: Early diagnosis of malignant melanoma by surface microscopy, "Lancet, Vol.2, No.8562, pp.803, 1987.
- 3) Stolz, W., Riemann, A., Cagnetta, A.B., Pillet, L., Abmayr, W., Holzel, D., et al.: ABCD rule of dermoscopy: a new practical method for early recognition of malignant melanoma, European Journal of Dermatology, Vol.4, No.7, pp.521-527, 1994.
- 4) Argenziano, G., Fabbrocini, G., Carli, P., Giorgi, V.D., et al.: Epiluminescence Microscopy for the Diagnosis of Doubtful Melanocytic Skin Lesions Comparison of the ABCD Rule of Dermatoscopy and a New 7-Point Checklist Based on Pattern Analysis, Arch Dermatol, Vol. 134, No.12, pp.1563-1570, 1998
- 5) Stolz, W., Falco, O.B., Blich, P., Kandthaler, M., Burgdorf, W.H.C., Cagnetta, A.B.: Color atlas of dermoscopy. 2nd enlarged and completely revised edition. Berlin* Blackwell publishing, 2002.
- 6) Rubegni, P., Cecenini, G., Burroni, M., Perotti, R., Del'Eva, G., Sbrano, P., et al.: automated diagnosis of pigmented skin lesions. International Journal of Cancer, Vol.101, Issue 6, pp.576-580, 2002
- 7) Celebi, M.E., Kingravi, H.A., Uddin, B., Iyatomi, H., et al.: A methodological approach to the classification of dermoscopy images. Computerized Medical Imaging and Graphics, Vol.31, Issue 6, pp.362-373, 2007
- 8) Oka, H., Hashimoto, M., Iyatomi, H., Argenziano, G., Soyer, H.P., and Tanaka, M.: Internet-based program for automatic discrimination of dermoscopic images between melanomas and Clark nevi. British Journal of Dermatology Vol.150, Issue 5, pp.1041
- 9) Iyatomi, H., Oka, H., Saito, M., Miyake, A., Kimoto, M., Yamagami, J., et al.: Quantitative assessment of tumor extraction from dermoscopy images and evaluation of computer-based extraction methods for automatic melanoma diagnostic system. Melanoma Research Vol.16, Issue 2, pp.183-190, 2006
- 10) Iyatomi, H., Oka, H., Celebi, M.E., Ogawa, K., Argenziano, G., Soyer, H.P., Koga, H., Saida, T., Ohara, K., and Tanaka, M.: Computer-based classification of dermoscopy images of melanocytic lesions on acral volar skin, Journal of Investigative Dermatology, Vol.128, pp.2049-2054, 2008
- 11) Iyatomi, H., Oka, H., Celebi, M.E., Tanaka, M., and Ogawa, K.: Parameterization of Dermoscopic Findings for the Internet-based Melanoma Diagnostic System, Proc.IEEE CHSP 2007, pp.183-193, Honolulu, Apr.2007.
- 12) Breiman, L.: Random forests. Machine Learning, 45, 5-32, 2001
- 13) Joel, G., Philippe, S.S., et al.: Validation of segmentation techniques for digital dermoscopy, Skin Research and Technology Vol.8, No.4, pp.240-249, 2002
- 14) Celebi, M.E., Iyatomi, H., Schaefer, G., Stoecker, W.V.: Lesion border detection in dermoscopy images, Computerized Medical Imaging and Graphics, Vol.33, No.2, pp.148-153, 2009
- 15) Norton, K.A., Iyatomi, H., Celebi, M.E., Ishizaki, S., et al.: Three-phase general border detection method for dermoscopy images using non-uniform illumination correction, Skin Research and Technology, Vol.18, No.3, pp.290-300, 2012
- 16) Hocking, R.R.: The Analysis and Selection of Variables in Linear Regression, Biometrics, Vol.32, No.1, pp.1-49, 1976

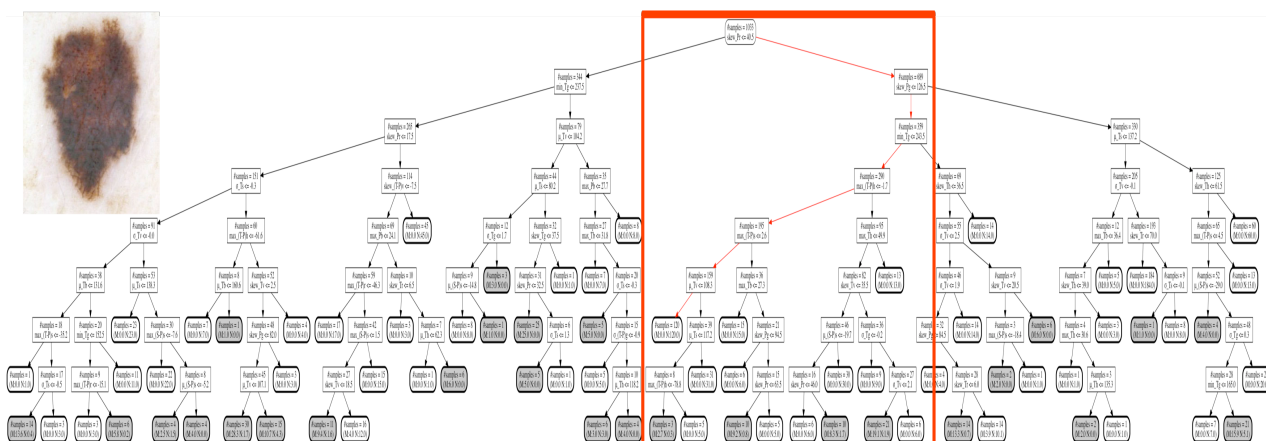


Fig. 1 出力された木構造(全体図)

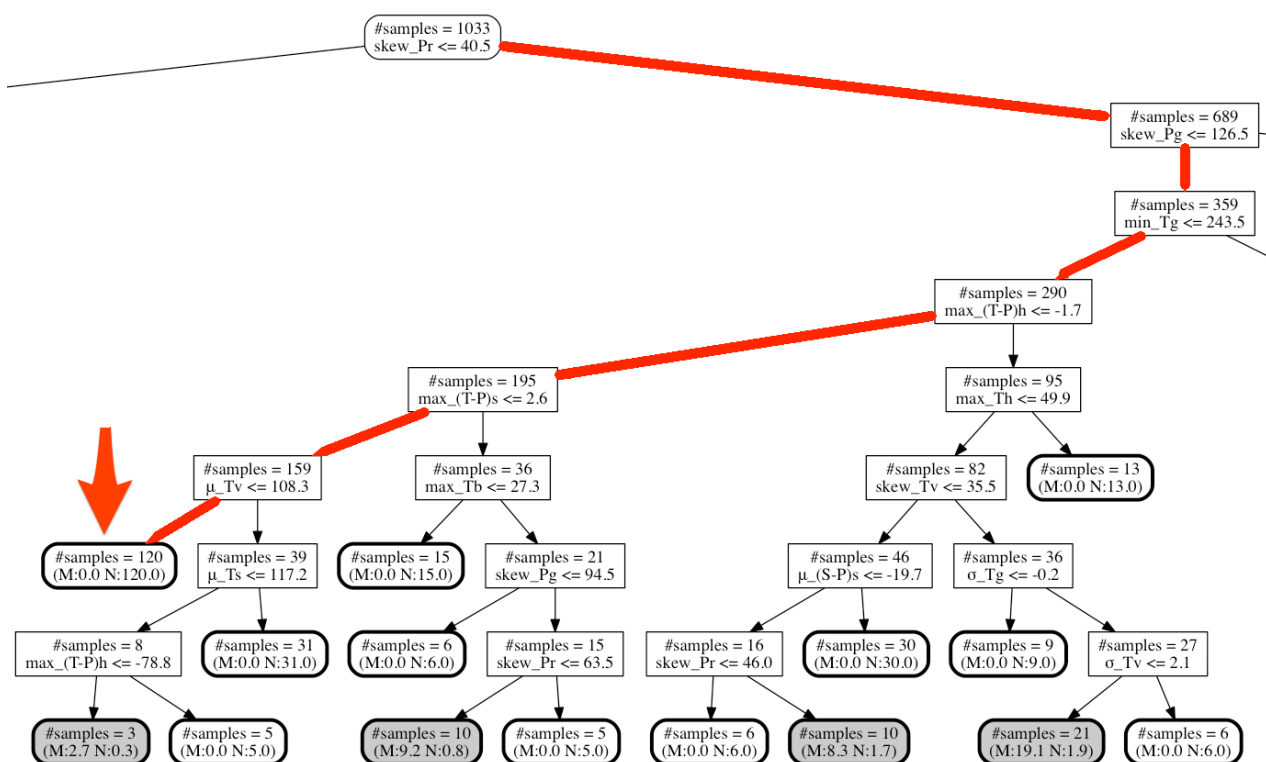


Fig. 2 出力された木構造(拡大図)