

法政大学学術機関リポジトリ

HOSEI UNIVERSITY REPOSITORY

PDF issue: 2024-12-22

転移学習を用いたメラノーマ自動診断システム

吉田, 琢也 / Yoshida, Takuya

(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)

58

(開始ページ / Start Page)

1

(終了ページ / End Page)

6

(発行年 / Year)

2017-03-31

(URL)

<https://doi.org/10.15002/00014237>

転移学習を用いたメラノーマ自動診断システム

AUTOMATED MELANOMA DIAGNOSIS SYSTEM WITH TRANSFER LEARNING USING DEEP CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK

吉田 拓也
Takuya YOSHIDA
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

In recent years, a new machine learning schema called deep learning has gained many promising achievements in a wide range of industries and thus attracted more than just researchers. A convolutional neural network (CNN) is a principal aspect of deep learning techniques specialized for machine learning and/or computer vision. Through the influence of these promising achievements, replacement of existing methods has been progressed rapidly. The automated melanoma diagnosis system is no exception, and an automated melanoma diagnosis system using CNN has already been proposed. However, CNN's learning requires a large amount of training data, and since melanoma images can only be obtained from limited organizations such as medical institutions, it is difficult to collect a large amount of data. In this study, we overcome these problems using transfer learning and applying effective pre-processing to the data set. The melanoma classifiers constructed using the proposed method achieved AUC: 0.873 on the ROC curve.

Key Words : melanoma, skin lesion, dermoscopy, convolutional neural network, transfer learning

1. はじめに

メラノーマは悪性度の高い皮膚癌であり、特に初期は外観が母斑に酷似していることから診断が難しい。メラノーマの5年生存率は0期やI期であれば90%以上、II期でも70-80%であるが、III期では50%弱、IV期では10%未満と予後は格段に悪くなる [1]。

そのため、初期のメラノーマを判別するために、表皮構造を詳細に観察する非侵襲的な表皮造影技術であるダーモスコピー [2]が導入された。また同時に、ダーモスコピーの診断に基づく診断指標が開発された (ABCD-rule [3], 7-point checklist [4] 等)。しかし、ダーモスコピーによる診断はしばしば主観的なものであるため、正確な診断には豊富な経験とトレーニングが必要であり、熟練した皮膚科専門医でも正答率は75-88%にとどまる [5]。このような背景から、視覚的解釈の困難さと主観性に起因する診断誤差を最小限にするために、メラノーマの自動診断システムの開発が進められてきた [6-8]。

従来の自動診断システムは、I) 腫瘍領域抽出、II) 特徴量設計・抽出、III) 機械学習による分類の3つのフェーズから構成されるが、診断に用いられる症例には、腫瘍領域に体毛がオーバーラップしているものや、光の乱反射を防ぐために用いられる超音波ジェルにより気泡が生じているものなど、腫瘍領域抽出を行う際に障害とな

るものが映り込んでいる症例が多く存在する。このような処理が難しい症例の様々なパターンに対応できる汎用的な腫瘍領域抽出手法、および特徴量設計は未だ確立しておらず、ゆえに自動診断システムでは扱える症例は限られていた。

一方、近年では音声認識や画像認識のベンチマークテストで、高い識別精度を実現したことから、深層学習 (Deep Learning) の有効性が広く認知されるようになった [9,10]。深層学習とは、従来のニューラルネットワークよりも多層のニューラルネットワークを意味するが、一口に深層学習と言っても、様々なアプローチがある。画像認識分野において主流でありベースとなるのが Convolutional Neural Network (CNN) [11]である。CNNによる特徴量抽出は学習の一環として入力画像の生の画素値から直接行うため、従来システムのボトルネックとなっていた、「腫瘍領域抽出」、「特徴量設計」「特徴量抽出」などの複雑な処理を伴わずに分類を行うことができる。そのため、近年ではCNNを用いたメラノーマ自動診断システムが提案され始めている [12-14]。CNNでは上記の理由から扱える症例には制限がないという利点があるが、しかし一方で、CNNでは有効な特徴を学習するために、膨大な学習データを要するという問題があった。

そこで、本研究では、ドメインの異なる大規模データ

セットで事前に学習済みのモデルを用いた Fine-tuning による転移学習 [15]を行うことで学習効率の向上を図った。また、学習で用いるデータセットには、一般的な data augmentation に加え、医学的知見に基づいた前処理を施すことで、少規模データセットでも十分に効果的な学習が行えるようにした。

2. 体毛除去

我々の提案する前処理は、後述する腫瘍領域特定フェーズにて色情報を用いた簡単な閾値処理を伴う。この処理において、腫瘍領域に体毛がオーバーラップしている症例においては腫瘍領域の特定が難しい。そのため、長軸の位置合わせ処理を行う前に体毛を適切に除去する必要がある。体毛の除去は (1) 体毛抽出、(2) 画像修復の2つのフェーズに分けられる。

(1) 体毛抽出：

体毛抽出の手法として本研究では、Frangi および Sato が提案したヘッセ行列に基づく線状構造抽出を行う multi-scale フィルタ [16,17]を用いる。multi-scale フィルタは、入力画像に二次元ガウシアンフィルタを適用し、雑音除去を行うと同時に二次微分によって体毛のような線状構造を強調するフィルタである。線状構造では、線の断面方向への濃淡変化が大きく、線の進行方向への濃淡変化は小さい。したがって、線状構造を強調する場合のヘッセ行列の固有値 λ_1, λ_2 ($\lambda_1 > \lambda_2$) の関係式は式(1)のようになる。

$$\lambda_2 \ll \lambda_1 \approx 0 \quad (1)$$

これは、ヘッセ行列の固有値 λ_1, λ_2 の値がこの関係式に近いほど、画素の線状構造が強いことを表す。各画素の線状性を式(2)で定義する。

$$\lambda_{12} = \begin{cases} |\lambda_2|(1 + \lambda_1/|\lambda_2|) = |\lambda_2| + |\lambda_1| & (\lambda_2 \leq \lambda_1 \leq 0) \\ |\lambda_2|(1 - \alpha\lambda_1/|\lambda_2|) = |\lambda_2| - \alpha\lambda_1 & (\lambda_2 < \lambda_1 < |\lambda_2|/\alpha) \\ 0 & (\text{otherwise}) \end{cases} \quad (2)$$

ここで、 α の値は、 $0 \leq \alpha \leq 1$ で、線の双極性に対する許容度を表す。この λ_{12} の値が大きいほど、線状構造に近いことを表す。Fig. 1 (b) に体毛抽出の結果を示す。

(2) 画像修復：

前フェーズで抽出した体毛をマスクとして用いて、マスクにより選択された体毛領域の除去および除去部の修復を行う。画像修復の手法は、Bertalmio らが提案した Image Inpainting [18] のアルゴリズムを用いた。Image Inpainting は濃淡値の連続性を用いた手法であり、欠損領域の周りから濃淡値を滑らかに補間することで欠損領域を修復する。画像修復の結果を Fig. 1 (c) に示す。

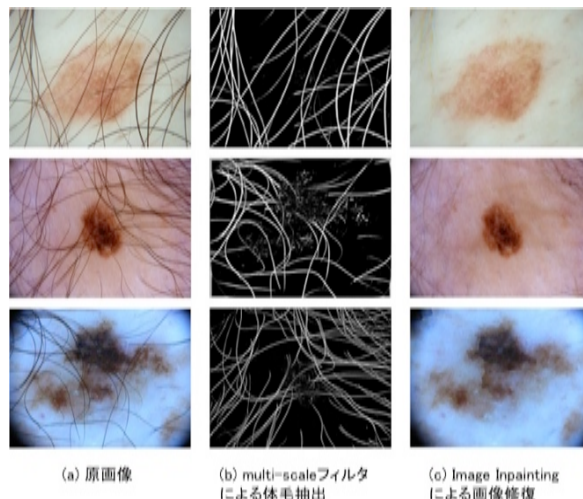


Fig. 1 腫瘍領域の体毛除去

3. 長軸の位置合わせ処理

長軸の位置合わせ処理のフローを Fig. 2 に示す。この処理は (1) 初期領域特定、(2) 領域選択、(3) 長軸の計算・位置合わせ の3つのフェーズから構成される。

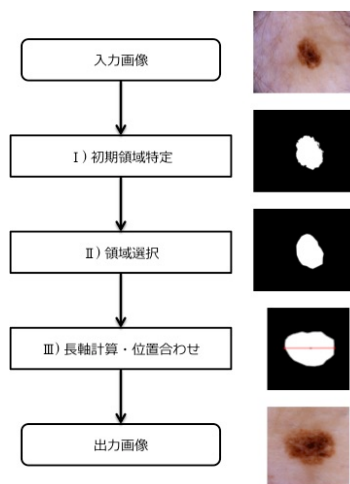


Fig. 2 長軸の位置合わせ処理フロー

(1) 初期領域特定

このフェーズでの処理は Iyatomi ら [7] の提案手法に基づき、まずガウシアンフィルタを用いた雑音除去を行う。その後、ラプラシアンフィルタを用いて濃淡変化の大きい画素値の座標集合を取得した。集合に含まれる画素に対する B (青) の成分を用いて、大津の閾値判別法により閾値を決定し、暗い部分を初期腫瘍領域とした。

(2) 領域選択

前フェーズの閾値処理により、無数の独立した小領域が生成されるため、このフェーズでは最初にそれぞれのある程度の大きさを持つ領域にまとめる処理を行う。すべての小領域に対してラベリング処理を行い、各領域において、画像全体の1%よりも小さい領域は、自領域よりも大きく最も長い境界線を共有する領域に統合する。この処理をすべての領域に対して領域数が十分小さくなる

まで繰り返し行った上で、なお残った腫瘍領域候補に対して、次は腫瘍領域とそれ以外の領域とを区別する処理を行う。この処理は、ラベリングされた腫瘍領域候補の中から、端に触れていない最も大きな領域を腫瘍領域とみなし、注目領域と比較し、注目領域が腫瘍領域の 20% 以上の大きさを有すれば、前フェーズで濃淡値が低く閾値処理で抽出できなかった腫瘍領域とみなして統合する。

(3) 長軸の計算・位置合わせ

このフェーズでは、まず腫瘍領域の重心を算出する。重心は幾何学的に、ある図形の、その周りでの一次モーメントが 0 であるような点を重心と定義した。本研究では、腫瘍領域の輪郭上の 2 点を結ぶ線分が、この重心付近を通過し、かつ最長となるとき、その線分を腫瘍領域の長軸として定義した。長軸が決定したら、この長軸が水平方向に沿うように回転させ位置合わせを行う。後述する CNN では正方形行列の画像を入力に取るため、位置合わせ後は腫瘍領域を中心に正方形行列となるようトリミングを行う。以上の長軸位置合わせ処理は、学習用、評価用問わず、すべての入力画像に対して行われる。

4. Convolution Neural Network

Convolutional Neural Network (CNN) は、複数の Convolution 層、Pooling 層、LCN (Local Contrast Normalization) 層と全結合層から構成される順伝播型ネットワークである。学習は誤差逆伝播法 (Back-Propagation) と確率的勾配降下法 (Stochastic Gradient Descent) により最適化を行う。

Convolution 層では、入力画像に対し、複数個のフィルタを並行して畳込み演算を行う。畳込み演算の結果得られる中間層での出力は特徴マップと呼ばれる。Fig. 3 に Convolution 層での処理の概要を示す。

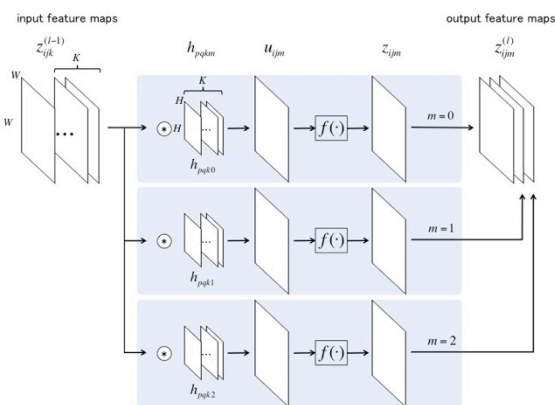


Fig. 3 Convolution 層

Convolution 層の出力を入力として扱う Pooling 層では、入力された特徴マップ上に局所領域をとり、領域内の値を統計し集約する処理を行う。正方領域内の画素値の決め方はいろいろあるが、今回は領域内の最大値を出力とする max pooling を用いた。max pooling の処理の概要を、

以下の Fig. 4 に示す。このように入力情報の一部を切り捨てることで、各層間の結合 (重み) に過疎生を持たせることができ、入力画像の位置ずれなどの幾何学的変化に対して不変性が得られる。この処理により上層へいくほど広い受容野の情報が抽象化されるため、ゆえに不変性は層を経るごとに強くなる。

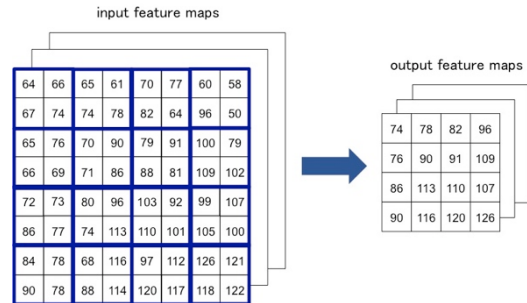


Fig. 4 Pooling 層

Convolution 層と Pooling 層を経た後は、LCN 層で全チャンネルにわたる局所領域ごとに画素の平均を求めて減算、そこから標準偏差を求め、除算する。この操作により、画像上の局所領域内の各画素を平均 0、分散 1 になるように濃淡が正規化される。

全結合層はここまでの特徴抽出部から最終的に出力された特徴マップを入力にとり、各層間の重みは全結合される。前層からの入力是一次元ベクトルとしてみなされ、全結合層の各ユニットは線形和 h_j で表され、最終出力は式(3)に示すソフトマックス関数を用いて算出した全結合層のユニットに対してクラス分類を行う。 y_i が最大値をとるユニットを推定クラスとする。

$$y_i = \frac{\exp(h_i)}{\sum_j^n \exp(h_j)} \quad (3)$$

5. 転移学習

転移学習 (Transfer learning) は、あるドメイン (元ドメイン) の知識を解きたい問題のドメイン (目標ドメイン) の学習に利用する手法である。学習データが非常に少ない、あるいは全く存在しない場合でも、元ドメインの知識を利用して分類器を学習できるという特性がある。

一般に、学習済みモデルを目標ドメインの特徴抽出器として用いるアプローチと、目標ドメインのデータセットを用いて再学習を行うアプローチがある。後者は特に Fine-tuning と呼ばれ、学習済みモデルの識別層、あるいはその 1 つ前の Convolution 層だけを目標ドメインに置き換えて、誤差逆伝播法による再学習を行う手法である。その他の部分は学習済みモデルのパラメータをそのまま初期値として用いることが多い。CNN の学習は初期値依存性が強く、特に学習データが少ない場合はできるだけよい初期値を得ることが過学習を防ぎよい学習結果を得

るために重要である。そのため、学習済みモデルを適切に選択し、初期値として用いた転移学習を行うことで、フルスクラッチから学習するよりも効率的に学習を進められる場合が多い。

6. 実験

本実験は、学習済みモデルのパラメータを初期値として用いて、そこから Fine-tuning を行い、メラノーマ/母斑の 2 クラス分類器を構築した。また、比較実験として、小規模な CNN を用いた同じデータセットによるフルスクラッチでの学習を行った。各実験の詳細を以下に述べる。

(1) データセット

本研究では、2つの医療機関 (University Federico II of Naples, Italy; University of Graz, Austria) およびオープンデータセット (International Skin Imaging Collaboration (ISBI) [19]) から入手したダーモスコピー像で構成される 1,760 枚 (メラノーマ: 329 枚, 母斑: 1,431 枚) を学習用データとして用いた。ここで、3つの機関から入手した病変のラベルは、すべて生検の病理組織学的検査に基づいて診断が確定されたものである。これらすべての症例は前処理として、前述した長軸の位置合わせ処理に加え、一般的な data augmentation を行った。実施した data augmentation は順に、I) 垂直方向・水平方向への反転処理、II) ガウス雑音の付加の2つである。ガウス雑音は各画素の輝度値を中心に標準偏差 0 - 50 の範囲でランダムに 5 段階の雑音を付加する。以上の data augmentation により、元のデータセットを 20 倍の 35,200 枚まで拡張した。また、各機関の画像は、画像サイズにばらつきがあるが、長軸の位置合わせ処理の段階で腫瘍領域を中心に正方形行列にトリミング、および 256×256 pixel にリサイズした。

(2) Fine-tuning による学習済みモデルの再学習

本実験では、学習済みモデルに、ILSVRC 2014 で 2 位の成績を収めた VGG-19 [9] を用いた。VGG-19 は、重みのある層 (Convolution 層, 全結合層) を 19 層持つ深いネットワークであり、3×3 の小さなフィルタを用いた畳込みを連続して行っているのが特徴である。実験で使用した VGG-19 は ImageNet [20] を用いて学習されている。ImageNet の 1,000 クラスには、メラノーマおよび母斑のクラスは含まれていないため、元ドメインと目標ドメインのカバーする領域は異なることが想定される。そのため、今回の実験では VGG-19 を単に特徴抽出器として用いるのではなく、Fig. 5 に示すように、VGG-19 の全結合層手前の Convolution 層以降のパラメータを Fine-tuning することで分類器の構築を行った。また、CNN では浅い層ほどエッジやプロブなど汎用的な特徴が抽出されるのに対し、深い層ほど学習データに特化した特徴が抽出される傾向を考慮して、最終 Convolution 層より前の浅い層のパラメータに関しては、初期パラメータのまま固定し、

深い層の重みのみを、メラノーマ/母斑の二値分類に合うように再調整した。

本実験は、Caffe フレームワーク [21] を用いて行った。学習済みのモデルを再学習するため、全体の学習率は 0.001 と低く設定した。ただし、Fine-tuning を行う最終 Convolution 層と全結合層は新規にメラノーマ/母斑の 2 クラスを学習するため、重みとバイアスの学習率の乗数は高い値に設定した。

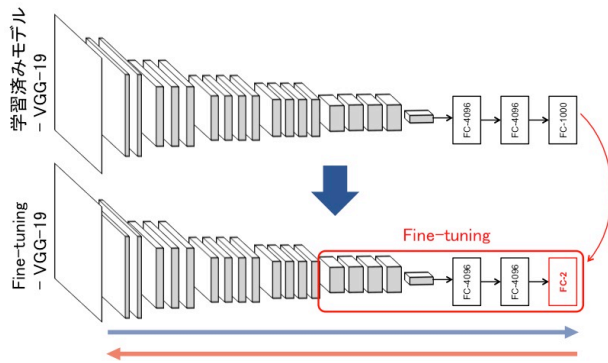


Fig. 5 VGG-19 を用いた Fine-tuning

(3) CNN によるフルスクラッチ学習

比較実験のため、事前学習なしの CNN においても同じデータセットを用いて実験を行った。本実験ではメラノーマ 329 枚, 母斑 1,431 枚と比較的小規模なデータを扱うため、CNN の構成は、Convolution 層と Pooling 層が 3 層連続した小規模なモデル構成とした。具体的な構成として、まず第 1 層目の畳込み層は 256×256 の入力画像がランダムクロップされた 224×224×3 を入力として取り、サイズ 11×11×3 の 96 個のフィルタを用いて畳込みを行う。第 2 層目の畳込み層は、第 1 層目のレイヤの出力を入力として取り、サイズ 7×7×96 の 48 個のフィルタを用いて畳込む。そして第 3 層では、第 2 層目のレイヤの出力を入力として取り、サイズ 5×5×48 の 128 個のフィルタを用いて畳込む。第 3 層目のレイヤの出力は全結合層へと渡される。各レイヤの畳込みの出力に対しては、サイズ 3×3 のフィルタを用いた max pooling, および局所コントラスト正規化を行った。

7. 結果

学習は、バッチサイズ 100 のミニバッチ学習に基づく確率的勾配降下法で行い、損失関数に交差エントロピー誤差関数を用いた。学習回数は 100 epoch であり、各ミニバッチ処理の終了時に重み、およびバイアスが更新される。両分類器共、100 epoch の学習で十分誤差は減少し、収束が確認された。分類器の性能評価は 5-fold cross-validation を用いて行った。各分類器の感度 (SE: Sensitivity), 特異度 (SP: Specificity), および AUC (ROC カーブの下面積) に関して、実験から得られた結果を、以下の Table. 1 に示す。

Table. 1 メラノーマ／母斑の分類性能

	SE (%)	SP (%)	AUC
Training CNN with Fine-tuning	84.8	89.5	0.873
Training CNN from Full-scratch	80.9	86.1	0.847

以下の Fig. 6 に、分類結果から得られた ROC カーブを示す。

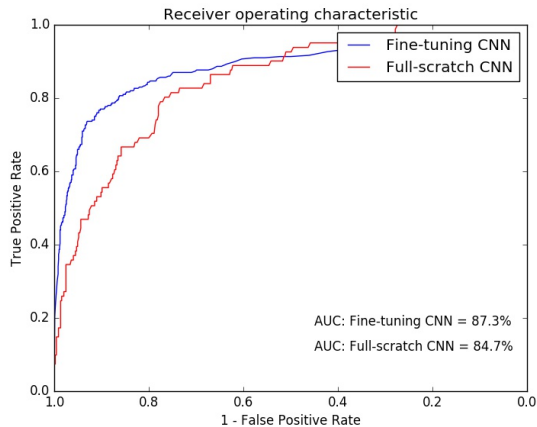


Fig. 6 ROC カーブ

8. 考察

提案手法である Fine-tuning による転移学習の実施は、ROC カーブにおける AUC による評価で、2.6%の分類性能を改善した。また、フルスクラッチで学習を行った CNN においても、最終的に示した分類性能は決して悪くはなかったものの、Fine-tuning による分類精度には劣った。さらに、フルスクラッチでの学習は、Fine-tuning による学習に対し、学習誤差の収束が遅かったという懸念がある。このことから、転移学習では十分学習能力が備わったモデルのパラメータを初期値として用いたことにより、効率的な学習ができていることを確認した。転移学習は一般的に事前学習に用いる元ドメインのデータが目標ドメインを内包するものでなければ効果は薄いとされるが、メラノーマ／母斑クラスにも適用できたことは非常に興味深い結果である。

また、一般的に Fine-tuning はある程度の規模のデータセットにより行わなければ、十分な知識転移は行えないとされるが、結果では 35,200 枚の小規模なデータセットで、十分に高性能な分類器の構築を行うことができた。少量の学習データにも関わらず汎用性の高い分類器を構築できたのは、前処理として行った腫瘍領域の長軸の位置合わせ処理を実施したことにより、メラノーマや母斑が持つ形状特徴の差異を強調することができ、学習効果の高いデータへ変換することができたことに起因すると考えられる。これにより、メラノーマと母斑を分類する

のに適切な特徴量の獲得が行われたのではないかと考える。この前処理の有効性の検討は、以前我々が行った検証の結果より、CNN における分類において効果的であることが実証されている [22]。

以上の結果から、適切な知識転移を行うことで、元ドメインがカバーしない領域の目標ドメインにおいても、十分な分類性能を示すことができるという知見を得ることができた。

9. 結論

本研究では、転移学習技術を用いた学習済みモデルの Fine-tuning、および医学的知見に基づいた CNN 学習における効果的な前処理の実施により、感度 84.8%、特異度 89.5%、AUC 0.873 の高性能な分類器を構築することができた。この数値は熟練した皮膚科専門医に匹敵するものであり、従来の自動診断システムで実施されてきた「腫瘍領域抽出」、「特徴量設計」、「特徴量抽出」などの複雑な処理を伴わずとも、十分な分類性能を達成した。これは、従来の自動診断システムでは扱うことができなかった症例においても診断が可能になったことを意味する。今後は診断結果だけでなく、診断結果に至った根拠の提示が、本研究が次に取り組むべき課題である。

謝辞：本研究の全過程を通して、懇切なる御指導を頂きました知的情報処理研究室 彌富 仁 准教授に心より感謝致します。そして、日頃より本研究に対して多くの御意見を寄せてくださいました彌富研究室の皆様へ深く御礼を申し上げます。

参考文献

- 1) F. L. Meyskens Jr. et al. : Natural history and prognostic factors influencing survival in patients with stage I disease, *Cancer* 1998; Vol.62, Vo.2, pp.1207-1214, 1988.
- 2) H. P. Soyer. et al. : Early diagnosis of malignant melanoma by surface microscopy, *Lancet*, Vol.2, No.8562, p.803, 1987.
- 3) W. Stolz. et al. : ABCD rule of dermatoscopy: a new practical method for early recognition of malignant melanoma, *European Journal of Dermatology*, No.4, No.7, pp.521-527, 1994.
- 4) G. Argenziano. et al. : Epiluminescence microscopy for the diagnosis of ABCD rule of dermatoscopy and a new 7-point checklist based on pattern analysis, *Archives of Dermatology*, No.134, pp.1536-1570, 1998.
- 5) W. Stolz. et al. : *Color Atlas of Dermoscopy -- 2nd enlarged and completely revised edition*, Berlin, Blackwell publishing, 2002.
- 6) M. E. Celebi. et al. : A methodological approach to the classification of dermoscopy images, *Computerized Medical Imaging and Graphics*, Vol.31, No.6, pp.362-373, 2007.

- 7) H. Iyatomi. et al. : An improved Internet-based melanoma screening system with dermatologist-like tumor area extraction algorithm, *Computerized Medical Imaging and Graphics*, Vol.32, No.7, pp.566-579, 2008.
- 8) K. Shimizu. et al. : Four-class classification of skin lesions with task decomposition strategy, *IEEE Trans. Biomedical Engineering*, Vol.62, No.1, pp.274-283, 2015.
- 9) K. Simonyan. et al. : Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition, *CoRR*, abs/1409.1556, 2014.
- 10) C. Szegedy. et al. : Going Deeper With Convolutions, *CoRR*, abs/1409.4842, 2014.
- 11) A. Krizhevsky. et al. : ImageNet Classification with Deep Convolutional Neural Networks, *Advances in Neural Information Processing Systems*, pp.1106-1114, 2012.
- 12) N. Codella. et al. : Deep learning, sparse coding, and SVM for melanoma recognition in dermoscopy images, in *MICCAI MLMI*, Vol.9352, pp.118-126, 2015.
- 13) J. Kawahara. et al. : Deep Features to Classify Skin Lesions, *IEEE 13th International Symposium on Biomedical Imaging*, pp.1397-1400, 2016.
- 14) A. Esteva. et al. : Dermatologist-level classification of skin cancer with deep neural networks, *Nature*, Vol.542, pp.115-118, 2017.
- 15) S. J. Pan. et al. : A Survey on Transfer Learning, *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, Vol.22, No.10, pp.1345-1359, 2010.
- 16) A. F. Frangi. et al. : Multiscale vessel enhancement filtering, *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention*, Vol.1496, pp.130-137, 1998.
- 17) Y. Sato. et al. : Three-dimensional multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvatures in medical images, *Medical Image Analysis*, Vol.2, No.2, pp.143-168, 1998.
- 18) M. Bertalmio. et al. : Navier-stokes, Fluid Dynamics, and Image and Video Inpainting, *Proc. IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp.355-362, 2001.
- 19) D. Gutman. et al. : Skin Lesion Analysis toward Melanoma Detection: A Challenge at the International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI) 2016, hosted by the International Skin Imaging Collaboration (ISIC), *Proc. IEEE Computer Society Conference Computer Vision and Pattern Recognition*, abs/1605.01397, 2016.
- 20) J. Deng. et al. : ImageNet: A large-scale hierarchical image database, *Proc. IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp.2-9, 2009.
- 21) Y. Jia. et al. : Caffe: Convolutional Architecture for Fast Feature Embedding, *arXiv preprint arXiv: 1408.5093*, 2014.
- 22) T. Yoshida. et al. : Simple and Effective Pre-processing for Automated Melanoma Discrimination based on Cytological Findings, *Proc. IEEE Big Data 2016 (3rd Big Data Analytic Technology for Bioinformatics and Health Informatics (KDDBHI2016))*, pp.3439-3442, 2016.