

4. MR画像における子宮体がんの自動セグメンテーション

倉田 靖桐^{*1} / 西尾 瑞穂^{*1} / 森畠 裕策^{*2}
 木戸 晶^{*1} / 中本 裕士^{*1}

*1 京都大学大学院医学系研究科放射線医学講座 (画像診断・核医学)

*2 京都大学医学部附属病院先制医療・生活習慣病研究センター

背景

子宮体がんは、先進国で最も頻度の高い婦人科悪性腫瘍であり、その頻度は近年増加傾向にある¹⁾。子宮体がんの治療は手術が中心であるが、手術適応の有無や術式は腫瘍の病期によって決定される。術前の病期診断にはMRIの有用性が高く、今日の婦人科診療において、MRIは不可欠なモダリティとなっている。子宮体がんの術後治療は、子宮体がんの組織型や悪性度、腫瘍の広がりなどによって決まる再発リスク分類に基づいて行われる。この再発リスクの予測をradiomicsと呼ばれる定量的な画像情報を用いた手法で行う試みが、近年盛んに報告されている^{2)~7)}。通常、この種の画像解析においては、腫瘍などの関心領域設定(セグメンテーション)を手動で行う必要があるが、手動のセグメ

ンテーションは労力が大きく、客観性に欠けるという問題がある。MRI上での子宮体がんの自動セグメンテーションが実現できれば、腫瘍のラベル付きMRIデータを少ない労力で作成することができ、この画像データを用いて深層学習をはじめとする画像解析が実行可能と考えられる。本稿では、われわれの実現した子宮体がんの自動セグメンテーションの手法について概説する⁸⁾。

方針

われわれは、本研究以前に、MRIのT2強調画像における子宮の自動セグメンテーションを、U-Netと呼ばれる畳み込みニューラルネットワーク(convolutional neural network: CNN)を用いたプログラムを改変することで実現した⁹⁾。U-Netは、生物医学画像のセグメンテーション用に提案された手法である

が、医用画像のセグメンテーションでも多く用いられており、乳腺や前立腺などの臓器や肝細胞がん、前立腺がん、子宮頸がんなどの腫瘍に適用した既報も存在する^{10)~15)}。子宮体がんの自動セグメンテーションには、子宮のセグメンテーションに用いたU-Netを子宮体がん用に改変して用いる予定であったが、子宮体がんのセグメンテーション用にU-Netに入力するMRIの最適なシーケンスは定まっていなかった。このため、入力画像として、T2強調画像、拡散強調画像、ADC mapに加えて、これらを3チャンネルに割り当てたマルチシーケンス画像を入力画像として用いて比較した(図1)。また、子宮セグメンテーションの際に、モデル学習時に用いるバッチサイズのセグメンテーション精度への影響が大きかったため、本研究においても異なるバッチサイズを用いた学習モデルに関してセグメンテーション精度の比較をすることにした⁹⁾。

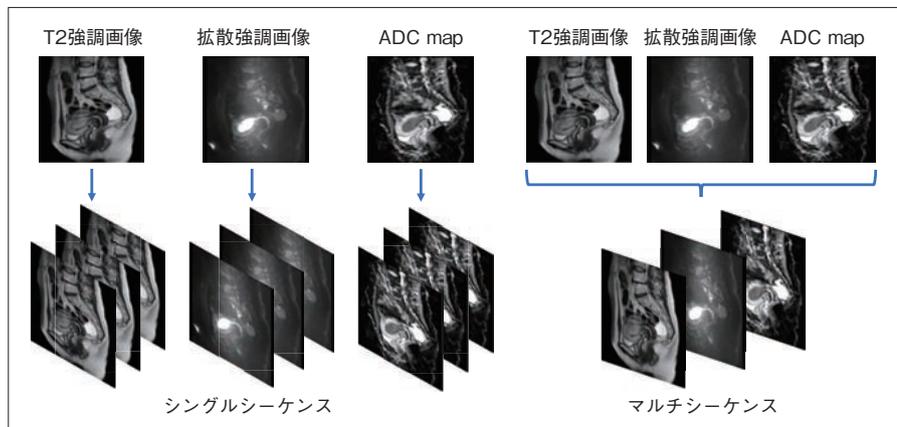


図1 U-Netの入力データに用いた画像データのイメージ

方法

1. 対象

病理学的に子宮体がんと診断されており、治療前のMRIが参照可能な200症例(FIGO stage I: 137人, II: 16人, III: 44人, IV: 3人)を対象とした。対象患者から無作為に選んだ180症例をトレーニングデータセット、20症例をテストデータセットとして割り当てた。これらの200症例では、T2強調画像、拡散