1 $\mathbf{2}$ 3 4 論文和文タイトル: $\mathbf{5}$ 超音波画像解析 6 著者: 7徳島大学医歯薬学研究部 芳賀 昭弘, 楠瀬 賢也 8 9 English Title : 10 Ultra-sound image analysis 11 Author: 12Akihiro Haga, Kenya Kusunose 13Department of Medical Image Informatics, Tokushima University 14 15Keywords : Ultra-sound image, echocardiographic analysis, echo radiomics, echo raidogenomics 161. はじめに 17現代の高解像な3次元医用画像と結合した最新の機械学習分野、とりわけ病期・予後・病理に対する臨 18床モデルの生成・予測を与える研究分野をレディオミクス (radiomics)と呼ぶ. 放射線医学の"radiology" 1920に生物学分野におけるデータを統合し網羅的に解析する研究を意味する接尾辞"-omics"を加えたレディ オミクスは、単に目の前にあるデータから分類や回帰を行うといったことだけではなく、背後にある現 2122象やプロセスに基づき,病気の遺伝子型 (genotype) と表現型 (phenotype) の関係を読み解くことを目指 している¹. 本稿で紹介する心臓超音波(心エコー)画像(動画)を用いた肥大型心筋症のリスク分類と 23遺伝子型との相関を調べることなどは、超音波画像を用いたレディオミクス解析の典型的な例と言えよ 2425う. 機械学習や人工知能 (AI) の鍵を握るのはデータである. 超音波画像解析によるレディオミクス研究も 26例に漏れずデータベースの構築が極めて重要である. 超音波画像は、使用装置(機種・メーカー)や撮 27影手法に依存してフレームレートやアスペクト比、ピクセルスケール等がバラバラであるため、データ 28ベースの構築時に整形(標準化)しておくとよい.画像標準化がレディオミクス解析に影響を及ぼすこ 29とは自明であるが、教育的な観点から、本稿では撮影断層の自動認識や心機能解析の定量解析において 30 その影響を見てみることにする.これらの他,超音波画像解析の例として肥大型心筋症の予測モデルを 31 32紹介する. 33 2. 超音波画像解析のためのデータベースと画像処理² 34超音波画像(動画)は、医用画像の国際規格 DICOM で保存される(画像本体は(7FE0.0010)のタグ以降 35 に Lossless JPEG 形式で保存). 超音波画像の周辺には機種ごとに異なった文字・記号や心拍情報などが 36

37 載っており、それらを取り除く必要がある.また動画像のため、解析の目的に応じたフレームレートや

38 心拍数の標準化も必要となる.図1は我々が心エコー解析で行う標準的な前処理のフローである.

39 DICOM タグ情報をもとに画素データの位置・ピクセル数・ピクセルスケール・フレーム数・フレームレ

40 ート・心拍数・撮影機種を取得する. 画素データの位置情報からフレーム毎の画像を取り出し, Lossless
41 JPEG 形式から tiff 形式に変換する. 次に解析における画像位置やサイズを統一化するために, 扇型形状
42 の基準画像(図1に示す Fixed image)に照合後, リスケーリングとクロッピングを行う. その際, RGB
43 情報から, クロッピング領域に含まれる埋め込み文字などの解析に不要な情報を除く. クロッピング領
44 域の実サイズを 18.1cm×18.1cm, ピクセル数 120×120 に変換する. 最後に心拍数解析を行って一心拍あ
45 たり 10 フレームを取り出す. こうして全ての DICOM データを 120×120×10 に統一した 3(2+1)次元デー
46 夕に整形する.



47 48 49

- 50 3. 超音波画像解析の応用
- 51 3-1. 撮影断層面の識別

臨床画像データベース(PACS)には、診断の状況に応じて様々な超音波動画・静止画(標準的な撮影 5253断面の他, ドプラー画像や機種によって個別に提供される動画や静止画)が混在する. DICOM ヘッダ には撮影断面に関する記載はなく、ファイル名にもそういった情報は記載されていないため、解析に使 54うデータを探し出す作業に多大な時間と労力を要することになる.データを網羅的に解析し必要なデー 55タを自動的に取り出すフレームを提供することは、過去のデータを基盤にした自動診断や診療支援の AI 56を作成するにあたり、非常に有益となる.本稿では心エコー動画の撮影断面の識別を行うモデルを紹介 5758する3. 593-1-1. 方法

5 つの撮影断面 (2ch, 3ch, 4ch, short, long; 図 2) で撮影された 340 名の患者を用いた. 5 層の二次元畳
み込みニューラルネットワークを用い,患者を 5 つのデータセットに分割し 5-fold cross validation に対
する validation 損失が最も小さいモデルをそれぞれ 1 つ,合計 5 つ採用する.損失関数には交差エント
ロピー誤差を用い,出力をソフトマックス関数として,5 つの出力の総和が一番大きいクラスを予測ク
ラスとする.テスト症例には,独立に 949 の動画像 (2ch:189 例, 3ch:191 例, 4ch:190 例, short:190 例,

65 long:189 例)を用意する.入力画像には,(1)時間軸に対する 10 枚の画像の平均画像(グレー画像),(2)

- 66 optical flow で計算されるピクセルごとのベクトル場の大きさを時間軸で積算したグレー画像, (3) 10 枚
- 67 の画像において相互相関値が最大となるペアおよびその間の画像を RGB に割り当てた 3 チャンネルの

68 擬似カラー画像, (4) 時間軸に対する 10 枚の全画像, の合計 4 通りを試す.

 long:傍胸骨左縁長軸断面像

 short:傍胸骨左縁短軸断面像

 ジンジン

 good

 Yagote Body

 図 2. 解析に用いる超音波画像 (動画)の撮影断面)

2ch: 心尖部二腔断面像

69 70

71 3-1-2. 結果と考察

72 上述の(1)-(4)のモデルによるテスト症例の分類精度はそれぞれ(1)97.3%, (2)85.5%, (3)97.3%, (4)98.1%,

73 となり、一心拍毎に抽出した 10 枚の全画像を学習に使った(4)のモデルが最も正確であった. 10 枚の全

74 画像を学習に使うことでデータ数は他のもの比べ 10 倍となり、データ拡張の効果があったのだろう.

75 また、検証では一心拍 10 枚の画像それぞれで識別を行っており、10 枚の画像の投票(実際には確率平

76 均)で分類されるクラスを決定する.そのため、10枚の全画像を用いる方法はデータ拡張とモデル平均
77 によるアドバンテージがある.しかしながらその分他の方法に比べ解析に時間を要するデメリットもあ
78 る.

- 79 作成したモデルの出力は確率値であるため、確率が高い画像はより"正しく"その断面が撮影できてい
 80 るとみなせるかもしれない、このため、初学者のトレーニングや後述する心機能異常の推定に入力する
 81 画像として適切かどうかを事前に判定する処理などに応用できる。
- 82

83 3-2. 左室駆出率の推定

84 左室駆出率(LVEF)は、拡張期から収縮期にかけて左室容積がどの程度変化したかを示す左室収縮能

85 の指標である.一般に,左室収縮末期および拡張末期の位相において,4ch および 2ch の左室心内膜を 86 手動でトレースすることにより左室容積が算出され,LVEF が定量される.近年では,U-net を用いた自

87 動セグメンテーションにより LVEF を求める研究が報告されている. セグメンテーションを行わずに,

- 88 4ch および 2ch を入力に用いて直接 LVEF を推定する研究もある.ここでは,前節で用いた 2ch, 3ch, 4ch,
- 89 short, long の 5 つの撮影断面を用いて行った我々の研究を紹介しよう⁴.
- 90 3-2-1. 方法
- 91 広範囲の LVEF を学習できるように LVEF =10~20 の範囲にある患者を 40 名, LVEF =20~80 までの LVEF

幅=10 に入る患者を 50 名集めたデータセット(患者数 340 名)を用意する. LVEF の範囲が均等になる 92ように患者を5つのデータセットに分割し、validationの損失が最も小さい時のネットワークの重みを 93 持つモデルをそれぞれ1つ採用する.損失関数には二乗和誤差を採用し、シグモイド関数を通して 94LVEF/100の値を出力する.5つの撮影断面に対するモデルを独立に作成するとともに、複数のモデルを 95 最終段で組み合わせたモデルも試作した.ディープラーニングモデルには二次元と三次元の畳み込みニ 96 97ューラルネットワーク(以下それぞれ 2DCNN, 3DCNN)を用い,二次元における入力には,10枚の画 像において相互相関値が最大となるペア画像(これらを収縮末期と拡張末期とみなす)およびその間の 98 画像を RGB に割り当てた 3 チャンネルの擬似カラー画像,三次元における入力には、時間軸に対する 99 100 10 枚の画像をそのまま用いる. 2DCNN には ResNet50 を用い, 3DCNN には 5 層の畳み込み層とプーリ 101 ング層を並べ、活性化関数には ReLu を用いた.

102 3-2-2. 結果と考察

表1 左室駆出率(LVEF)の予測結果.テストデータは 68 症例.真値との相互相関値(CC)および平均誤差(RMSE)を示す.

		相互相関値 (CC)	平均誤差 (RMSE)
2DCNN	2ch-4ch結合	0.763	12.2
	5断面の平均	0.849	10.0
3DCNN	2ch-4ch結合	0.841	11.2
	5断面の平均	0.933	7.1

103

104 表1にテスト 68 症例に対する LVEF の予測精度の結果を示す.ここで CC は真値と予測値の相互相関
 105 値, RMSE は LVEF の平均誤差を表す.超音波画像を用いた一般的な LVEF の算出では 2ch と 4ch のみ
 106 必要であるが,実際には施術者はそれ以外の断面も参考にしながら領域の抽出を行っている.このこと
 107 から, 3ch や short および long の撮影断面を付加することで LVEF の予測精度が向上すると期待された
 108 が,表1の結果はまさにその通りとなった.

109 今回の研究では 3DCNN の方が高い精度を与えたが、以下の 2 つが主な理由として挙げられる.1つ
 110 は 2DCNN では心臓の収縮末期と拡張末期の画像の同定に誤差が含まれるが、3DCNN では 10 枚の時系
 111 列画像を全て使うため、収縮末期と拡張末期の画像も同時に学習される点である.もう一つは 3DCNN
 112 の精度を超えるだけの ResNet50 のパフォーマンスを引き出すに十分なデータ数が用意できなかった点
 113 である.

114 今回使用したテストデータには LVEF 値がかなり小さいものも含まれており、その小さい LVEF に対
 115 して予測誤差が相対的に大きくなった.このため、実臨床では今回示した誤差(3DCNN で*RMSE*~7 程
 116 度)より統計的には小さい誤差で与えるものと期待される.

117

118 3-3. 肥大型心筋症患者の突然死高リスクと遺伝子型の関係

119 循環器疾患において肥大型心筋症は心臓突然死の主要な原因の一つであり、心房細動や心不全発症の
120 リスクになることが知られている.肥大型心筋症はサルコメア遺伝子の変異が主因の遺伝子異常疾患で
121 あり、遺伝子異常は突然死をはじめとした心血管イベントのリスクに繋がることから、2020年米国にお
122 ける肥大型心筋症ガイドラインでも遺伝子異常の評価を推奨している.一方で遺伝子異常の検査はコス

123 トや手間もかかることから、検査前に遺伝子異常の高リスク群を同定することは重要である.遺伝子陽

124 性の予測は過去より様々な臨床スコアが提唱されてきたが、臨床ガイドラインにも掲載されているトロ

125 ントスコア(年齢,既往歴,心エコー検査における心肥大所見等から遺伝子異常リスクをスコア化した

126 もの)でも 60%~程度の精度であり、さらに精度の高い手法が望まれていた. 我々の研究グループは、

127 畳み込みニューラルネットワークを用いて肥大型心筋症の遺伝子異常の有無を心エコー画像から遺伝

128 子異常を検知する手法について検討をした5.

129 3-3-1. 方法

130 遺伝子異常リスクをスコア化したトロントスコアと上述のモデルの予測確率を合わせることで,遺伝子異常
131 検出力が向上するかどうかを検討する.今回の研究では,遺伝子異常あり45名,なし56名の計101症例にお
132 いて取得された2ch, 3ch, 4ch, 5ch, short, longの6つの断面の超音波画像を用いる. 5-fold cross validation に
133 より5つのデータセットに分割し, validationの損失が最も小さい時のネットワークの重みを持つモデ
134 ルをそれぞれの断面で1つ採用し,その平均値をモデルの予測確率とみなす.損失関数には交差エント
135 ロピー誤差を用い,入力は120×120×10の(2+1)次元画像とし,訓練データは動画のスタートポイントを
136 スライドさせることで10倍のデータ拡張を行った.

137 3-3-2. 結果と考察



図 3. トロントスコアおよびトロント
スコア+ニューラルネットワークに
よる遺伝子異常検知モデルの受信者
操作特性(ROC)曲線

138

139 図 3 にトロントスコアおよびトロントスコア+ニューラルネットワークによる遺伝子異常検知モデル
140 の受信者操作特性(ROC)曲線を示す.トロントスコアの遺伝子異常検出力(AUC: 0.75)に対し,畳み込みニュ
141 ーラルネットワークによる異常判定確率を加味することで(AUC: 0.84),遺伝子異常の推定精度を高めること
142 が可能であることが示された(p値=0.03).トロントスコアにも超音波画像を用いた所見がスコア化されて考慮され
143 てはいるが,動画像に潜在しているより顕著な特徴量がある可能性がある.また,遺伝子異常を予測するのでは
144 なく,直接心疾患に結びつけた深層学習もまた有益な結果をもたらす可能性もあり,症例数を蓄積していくこと
145 でさらなる発展につなげていきたいところである.

- 146
- 147 4. モデル性能に及ぼす因子

148 ここまで超音波画像解析の応用例を示したが、こうした解析に直接影響を及ぼす可能性のある畳み込
149 みニューラルネットワークの中間層やその層におけるノードの数について検討することは必要であろ
150 う.また、ここまでは入力する画像のサイズを 120×120 としているが、このサイズの違いによる影響も

同様に検討が必要であろう.前者について、3-1 で述べた撮影断層面の分類精度を指標としてその影響 151を調べたものが図 4(a)に示されている.ここで、中間層の数 (Layer: 1~5) とノードの数 (Node: 16~256) 152を変えた場合における分類精度(ACC)を3次元棒グラフで示した.これを見ると、中間層の数を4以 153上,ノードの数を 64 以上にすることで分類精度がほぼ飽和することがわかる.また,中間層の数が 5, 154ノードの数が 256 のケースでは精度が若干低下している.一般に中間層やノードの数をさらに増やすこ 155とによってデータに当てはめるモデルの柔軟性が増すが、症例数に限りがある場合には過学習に陥るこ 156とがよく知られており、図 4(a)はその例を与えている.精度が最大であった中間層の数が 5、ノードの 157数が 64 のネットワークにおいて今度は後者の入力画像サイズの影響を調べたのが図 4(b)になる. この 158結果を見ると、最も識別精度が高くなる入力画像サイズは 120×120 である. 200×200 の入力画像の方が 159高精細であるが、それをもって識別精度を高めるには畳み込み層を増やす必要があるのであろう、そう 160 161 なると、過学習を抑えるために訓練データ数を増やさなければならない可能性がある.一方、100×100 162の入力画像では、次元圧縮による有用な情報の欠落が生じたために識別精度が悪くなったものと解釈で 163きる.

164 モデル性能に及ぼす因子にはこの他にも, 機種, フレームレート, 撮影断面の選択誤差(施術者依存性)

165 等々が考えられる.こうした因子は取り除くに越したことはない.潤沢なデータによってデータのばら

166 つきの影響を取り除く他の分野の戦略と異なるアプローチを要する点は、データ数が限られてしまう医

167 療の宿命である.



168 169

170

171

図 4. (a)中間層の数 (Layer: 1~5) とノードの数 (Node: 16~256) を変えた場合における識別精度 (ACC) 及び (b)入力画像サイズ 120×120, 120×120, 200×200 に対する識別精度 (ACC)

172 5. おわりに

173 ここで紹介した研究以外にも,我々のグループでは short の超音波画像を用いて壁運動異常領域を同定
174 する機械学習モデルの生成などを行ってきた ^{6,7}.高齢化や生活習慣病の増加により,循環器疾患で病院
175 を受診する患者の数は非常に多い.遺伝子異常を含む臨床データと超音波画像を組み合わせた心疾患の
176 研究は益々重要となろう.また集中治療室では,時間的制約のために超音波画像により目視で機能判断
177 を下すケースもあり,その支援システムとしての超音波画像の自動解析ツールの開発は望まれている.
178 こうした自動解析ツールは初期研修医などの教育やポータブルな超音波画像撮影装置における在宅診
179 断などにも有用となるであろう.より確度の高い診断ツールの開発には全国規模のデータベースの構築

- 180 が必要であり、その準備も着々と進められている.本稿で紹介した研究は、徳島大学病院臨床研究倫理
- 181 審査委員会に研究計画書を提出し承認済みである(承認 No. 3217-3, No. 3554).
- 182

183 謝辞

184 本稿で紹介した研究においてデータ収集と解析に携わった徳島大学の王安さん、山口夏美さん、井上
185 瑞妃さん、久保田雄大さん、石山且矩さん、および肥大型心筋症患者に対する遺伝子解析に関してデー
186 タ提供をいただいたコロンビア大学の島田悠一先生に厚く御礼申し上げます。

187

188 利益相反の有無

189 なし.

190

文 献

- Aerts HJWL, Velazquez ER, Leijenaar RTH et al.: Decoding tumour phenotype by noninvasive imaging using
 a quantitative radiomics approach. Nat. Commun. 5, 4006, 2014.
- 193 2) 芳賀 昭弘, 楠瀬 賢也: エコーレディオミクス 一超音波画像を用いた心エコー解析—. Medical
 194 Imaging Technology. 38, 21-26, 2020.
- 195 3) Kusunose K, Haga A, Inoue M, et al.: Clinically Feasible and Accurate View Classification of
 196 Echocardiographic Images Using Deep Learning, Biomolecules, 10, E665, 2020.
- 4) Kusunose K, Haga A, Yamaguchi N, et al.: Deep Learning for Assessment of Left Ventricular Ejection Fraction
 from Echocardiographic Images. Journal of the American Society of Echocardiography. 33, 632-635, 2020.
- Morita SX, Kusunose K, Haga A et al.: Deep Learning Analysis of Echocardiographic Images to Predict
 Positive Genotype in Patients With Hypertrophic Cardiomyopathy. Frontiers in Cardiovascular Medicine. 8,
 1028, 2021.
- Kusunose K, Abe T, Haga A et al.: A deep learning approach for assessment of regional wall motion
 abnormality from echocardiographic images. JACC Cardiovasc Imaging. 13, 374-381, 2019.
- 204 7) Kusunose K, Haga A, Abe T et al.: Utilization of Artificial Intelligence in Echocardiography. Circulation
 205 Journal 83, 1623-1629, 2019.
- 206