【原著】

畳み込みニューラルネットワーク(CNN)を用いた 末梢血白血球分類スクリーニング技術の検討

佐々木亜実*1 小田未来*1 野坂大喜*2 中野学*2 藤岡美幸*2 高見秀樹*2

(2020年1月15日受付, 2020年2月27日受理)

要旨: 医療用 AI は, 熟練者の経験に基づいて診断された患者症例を教師データとして大量に学習することで, ユーザ ーの経験値に左右されず, かつ EBM に即した診断を実現する次世代の医療技術である。本研究では AI による末梢血 白血球分類スクリーニング技術の有用性を検討した。対象は MG 染色を行った健常人末梢血塗抹標本 57 例とし, 典型 的白血球形態画像を用いた転移学習と Fine-tuning によって得た CNN モデルを用いて白血球画像分類精度を比較評価 した。その結果,背景なし教師画像による教師学習では 5 分類で 0.990, 6 分類において 0.822 の Accuracy を示した。 一方,背景あり教師画像による学習では 5 分類で 0.992, 6 分類において 0.879 の Accuracy を示した。CNN による末 梢血白血球分類スクリーニング技術は Accuracy が高く有用であると考えられるものの, その臨床応用化においてはカ ットオフ値など境界領域細胞の判定保留条件などを検討する必要がある。

キーワード:人工知能,畳み込みニューラルネットワーク,血液形態検査,白血球分類

I. はじめに

近年、人間の思考回路を反映させた判断を可能とする自 動化技術として人工知能(Artificial Intelligence, AI)が急速に 発展している。AI は言語の理解や推論,問題解決などの知 的行動を人間に代わってコンピュータに行わせる技術であ る。AI は既に様々な商品・サービスに組み込まれ利活用が 始まっている。社会実装の成功例としては、画像認識と音 声認識から得られた情報を基に、車両の運行情報・地図情 報・位置情報などの他の情報を加えて,車両がおかれた状況 を識別する自動運転技術がある。本技術により衝突の可能 性の予測,安全を保つために最適な運転,目的地に到達す るための最適経路の検索が可能となっている 1)。農業分野 においては、画像からウメの果実の熟期を判断する技術が 研究されている。AI が果実の最適収穫期を判定することで、 品質の向上とバラツキの低減が期待されている²⁾。同様に 医療分野においても、CT や MRI などの放射線画像診断、 病理画像診断、内視鏡画像診断等において診断専門医支援 のためのAI開発が進められている³⁾。放射線画像診断では、 マンモグラフィ画像検査において深層学習技術によるコン ピュータ支援型検出システムの有用性が検討されているほ か、軟部組織と石灰化の所見を組み合わせて、疑わしい領 域の所見を判断し, 癌が存在する疑いのレベルを表す AI 診断補助システムが検討されている。Alejandro Rodríguez-Ruiz らの研究報告では、放射線科医は追加の読

©2019 Health sciences Research.

影時間を必要とせずに、マンモグラフィでの乳がんの検出 における診断性能を改善したとの結果が示されている 4。 また病理診断分野においては、Andrew A. Borkowski らは、 Google と Apple が提供する AI の機械学習を用いて、肺扁 平上皮癌、肺腺癌、結腸腺癌の区別能力の比較を行ったと ころ, どちらも非常に良好に機能し, 組織病理学的画像を 高精度で識別および分類可能であったと報告している 5)。 以上のことから AI 技術は医療分野においても画像診断を 中心としてその臨床応用化の取り組みが開始されている。 医療用画像診断において多くの取り組みが開始されている 一方,同様に形態学的解析を必要とする血液形態学診断に おいては AI 技術を用いた研究報告は少ない。従来,血液 形態学検査においては末梢血液標本や骨髄塗抹標本につい て顕微鏡下での白血球分類を行うことで、異常白血球や幼 若細胞を検出し、白血病やリンパ腫、骨髄異形成症候群な どの診断を行ってきた。しかし骨髄塗抹標本での白血球細 胞分類については技術の修得において熟練までに長いトレ ーニング期間が必要とされ,血液検査専門技師や血液専門 内科医の不足とも重なって自動診断技術の実用化が強く望 まれている。加えて、千葉らはフローサイトメトリー法に よる血球分類技術の評価検討を行い、フローサイトメトリ 一方式では正常血液細胞の場合には分析精密度は高いもの の, 化学療法による血球形態の変化や血液疾患患者検体の 分析では異常なスキャッタグラムパターンを示し正確性が 劣ることを報告している。。そのためこれらの課題に対応 し、EBM に即した分析技術開発が必要とされており、AI を用いた新たな形態解析技術が期待されている。そこで本 研究では、新たな形態解析技術として畳み込みニューラル ネットワーク(CNN)による末梢血白血球分類スクリーニン グ技術の検討を行った。

^{*1} 弘前大学医学部保健学科

Hirosaki University Graduate School of Health sciences 〒036-8564 青森県弘前市本町 66-1 TEL:0172-39-5918 66-1, Honcho, Hirosaki-shi, Aomori, 036-8564, Japan

^{*2} 弘前大学大学院保健学研究科

Hirosaki University Graduate School of Health sciences 〒036-8564 青森県弘前市本町 66-1 TEL:0172-39-5918 66-1, Honcho, Hirosaki-shi, Aomori, 036-8564, Japan Correspondence Author h16m2317@hirosaki-u.ac.jp



図1 末梢血白血球分類のための CNN モデル作成から標本解析までのフローチャート



図2 背景なし教師用画像セット

Ⅱ.研究対象と方法

図1に末梢血白血球分類のための CNN モデル作成から AIによる標本解析までのフローチャートを示す。

1. 対象

(1) 教師学習用画像

May-Grünwald・Giemsa (MG)染色を行った健常人薄層血 液塗抹標本 40 例とした。MG 染色標本は対物 100 倍油浸レ ンズを用いて顕微鏡観察し,顕微鏡カメラ(Axiocam ERc5s, Carl Zeiss 社)を用いて典型的細胞像を示す正常白血球細胞 を 2560×1920 pixel の解像度にて撮影,合計 1335 枚の正常 白血球画像を得た。

(2) 推論評価用画像

MG 染色を行った健常人薄層血液塗抹標本 57 例とした。 MG 染色標本は対物 100 倍油浸レンズを用いて顕微鏡観察 し,1標本につき 150~200 個の白血球細胞を顕微鏡カメラ



FR 5 6 17: 社) オロンマ 25(0,1020 · 1

(Axiocam ERc5s, Carl Zeiss 社)を用いて2560×1920 pixelの解 像度にて撮影した。

教師学習および推論評価に供した薄層血液塗抹標本はと もに教育用標本であり,その利用においては承諾を得ると ともに,匿名化を行った。

2. 深層学習システムの構成

深層学習ライブラリには Nnabla (SONY 社)を,開発環境 には Anaconda3.0, Python3.5 を使用した。また解析用ハー ドウェアには CPU に Intel(R) Core(TM) i7-8700 3.2GHz, GPU に NVIDIA GeForce GTX 1070 8GB, OS に Microsoft Windows 10 professional を使用した。

3. 画像データセットの作成

(1) 教師用画像データセットの作成

撮影した教師学習用白血球画像は目視により桿状核好 中球(Band),分節核好中球(Segment),好酸球(Eosinophil), 好塩基球(Basophil),単球(Mono),リンパ球(Lymph)に6分 類した。判定基準は日本検査血液学会が示す方法に従い^{7,8)}, 好中球はBand と Segment との鑑別基準として, Band は直 径 12~15µm, 核の長径と短径の比率が 3:1 以上, かつ核の 最小幅部分が最大幅部分の 1/3 以上で長い曲がった核を持 つこととした。一方, Segment は分葉した核の間は核糸で つながるが, 核の最小幅部分が十分に狭小化した場合は核 糸形成が進行したとみて Segment と判定した。6 細胞群に 分類した画像データを対象として①背景なし白血球画像デ ータセットと②背景あり白血球画像データセットの2 つを 教師用画像学習データとして作成した。図2,3 に各教師用 画像データセット作成手順を示す。

① 背景なし白血球画像データセット

白血球細胞を中心として周辺部を 750×750 pixel でトリ ミング後,赤血球や血小板など背景情報を消去し,白血球 細胞のみの情報を抽出した。得られた画像はさらに学習デ ータに対して変形やノイズを加えることで学習データ数を 増加させる画像処理(Augmentation 処理)を施した。各画像 に対し Augmentation 処理として 90 度, 180 度, 270 度回転,

反転処理等を加えることで画像枚数を水増しさせ, Band, Segment, Eosinophil, Basophil, Mono, Lymph を同等の割 合で含む合計 2385 枚の教師用画像セットを生成した。その 後 CNN での学習用画像解像度として 480×480 pixel に解像 度を変更した。

② 背景あり白血球画像データセット

白血球細胞を中心として周辺部を 750×750 pixel でトリ ミング後, Augmentation 処理を施した。各画像に対し 90 度, 180 度, 270 度回転, 反転処理等を加えることで画像枚 数を水増しさせ, Band, Segment, Eosinophil, Basophil, Mono, Lymph を同等の割合で含む合計 3284 枚の教師用画 像セットを生成した。その後 CNN での学習用画像解像度 として 480×480 pixel に解像度を変更した。

(2) 推論評価画像データセットの作成

白血球画像撮影後に目視により Band, Segment, Eosinophil, Basophil, Mono, Lymphに6分類した。鑑別基 準は教師用画像データセットの作成と同様である。各標本 において撮像した白血球細胞画像について画像サイズを 750×750 pixel でトリミング処理し,その後さらに CNN で の推論評価用解像度として 320×320 pixel を生成した。

4. CNN モデルでの画像解析方法

(1) 背景なし画像学習による CNN モデル作成と推論評価

背景なし画像による教師学習には CNN モデルとして Kaiming He らが開発した ResNet-18 について分類項目数を 6分類に改変して使用した⁹。改変後の CNN 条件は図 4 に 示した。改変 ResNet-18 を用い,背景なし教師用画像デー タセット 2385 枚についてパラメータとして収束最適化法 (Optimizer)は AdaBound 法,学習回数は 300 Epoch を設定し 転移学習を行い,白血球細胞分類用に重み付けがなされた 最適化 CNN モデル(WBC モデル A)を得た。その後,本 WBC モデル A を用いて各標本画像に対して推論評価を行い白血 球細胞の 5 分類と 6 分類での予測値を計算処理した。

Layer Name	Output Size	ResNet-18			
conv1	112×112×64	7×7, 64, stride2			
	_	3×3 max pool, stride2			
conv2_x	$56 \times 56 \times 64$	3×3, 64			
		3×3, 64			
000012 1	20 × 20 × 120	3×3,128			
COLLA?	20 ~ 20 ~ 120	3×3, 128			
oonul x	14 ~ 14 ~ 256	3×3, 256			
C011V4_X	14 ^ 14 ^ 250	3×3,256			
oonvE v	7 ~ 7 ~ 512	3×3,512			
COIN2_X	1 ~ 1 ~ 512	3×3,512			
average pool	$1 \times 1 \times 512$	7×7 average pool			
fully connected	6	512×6 fully connections			
softmax	6				

図 4 白血球分類用 ResNet-18 モデル

Training と Validation では Input Size は 480×480 pixel とし, Augmentation 処理により 1 学習毎に Contrast, Brightness, Magnification, Angle を変更した。推論評価においては Input Size は 320×320 pixel とし, Augmentation 処理は行わなかった。

(2) 背景あり画像学習による CNN モデル作成と推論評価

前述の背景なし最適化 CNN モデルである WBC モデルA を予備転移学習(Pre-training)モデルとして, さらに背景あり 教師用画像データセット 3284 枚についてパラメータとし て Optimizer は AdaBound 法, 学習回数は 300 Epoch を設定 し追加転移学習(Fine tuning)を行い白血球細胞分類用に重 み付けがなされた最適化 CNN モデル(WBC モデル B)を得 た。その後,本 WBC モデル B を用いて各標本画像に対し て推論評価を行い白血球細胞の 5 分類と 6 分類での予測値 を計算処理した。

(3) 教師用画像の背景処理の有無による分類精度比較

WBC モデル A と **WBC** モデル B の白血球分類認識精度 について Wilcoxon の順位和検定により統計学的に検証し た。有意水準 p<.05 を有意差有りとした。

Ⅲ. 結果

1. 背景なし画像学習による推論評価

図 5 に CNN による学習結果を示す。TRAINING ERROR 曲線と VALIDATION ERROR 曲線には乖離は認められず, VALIDATION ERROR 曲線, COST 関数曲線はいずれも最 終的に 0.1 未満まで収束した。図 6 に 2 例の推論評価結果 を示す。A-1 は 57 例中 Accuracy が最も高値を示した標本 であり, A-2 は 57 例中最も低値を示した標本である。 Accuracy は 5 分類/6 分類では A-1 において 0.985/0.949, A-2 において 0.985/0.646 であり 0.303 の差が認められた。表 1 (A-1, A-2)に全 57 標本の推論評価結果を示す。Accuracy は 5 分類で 0.990±0.011 (Mean±SD), 6 分類で 0.822±0.062 (Mean±SD)を示した。





A-1

A-2

	ヒト/AI	Basophil	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophil		ヒト/AI	Basophil	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophil	
	Basophil	1						Basophil	3					
	Eosinophil		6					Eosinophil		5				
5分類	Lymph			88	1			Lymph			29			
	Mono			2	11			Mono			2	9		
	Neutrophil					88		Neutrophil			1		149	
	ヒト/AI	Basophil	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophil (Band)	Neutrophil (Segment)	ヒト/AI	Basophil	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophil (Band)	Neutrophil (Segment)
	Basophil	1						Basophil	3					
	Eosinophil		6					Eosinophil		5				
	Lymph			88	1			Lymph			29			
6分類	Mono			2	11			Mono			2	9		
	Neutrophil (Band)					9		Neutrophil (Band)					11	
	Neutrophil (Segment)					7	72	Neutrophil (Segment)			1		67	71
誤分類 画像	1	\$	< 100	2			× 100	1	F	× 100	2			× 100

図6 WBCモデルAによる健常人標本2例の推論評価結果

白血球細胞分類でのヒト分類結果との一致率は,5分類/6分類において A-1 で 0.985/0.949, A-2 で 0.985/0.646 であった。 両症例とも①は Segment と Band 間での誤分類細胞, ②は Mono と Lymph 間での誤分類細胞である。



図7 背景あり画像での学習結果

Neutrophil (Band)

88

9

2

Neutrophil (Band) (Segment)

B-1

Basophil Eosinophil Lymph Mono

6

ヒト/Al Basophil Eosinophil Lymph Mono

6

88

1

88

1

1

12

1

12

ヒト/AI Basophil

Eosinophil

Lymph

Mono Neutrophil (Band)

Basophil

Eosinophil

Lymph

Mono Neutrophil (Band)

5分類

6分類

1

1



ヒト/AI	Basophil	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophil (Band)
Basophil	3				
Eosinophil		5			
Lymph			27	2	
Mono			1	10	
Neutrophil (Band)					150

ヒト/AI	Basophi	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophil (Band)	Neutrophil (Segment)
Basophil	3					
Eosinophi		5				
Lymph			27	2		
Mono			1	10		
Neutrophil (Band)					9	2
Neutrophil (Segment)					38	101



77

WBC モデルBによる健常人標本2例の推論評価結果 図 8

白血球細胞分類でのヒト分類結果との一致率は、5分類/6分類において B-1 で 0.990/0.980, B-2 で 0.985/0.783 であった。 両症例とも①は Segment と Band 間での誤分類, ②は Mono と Lymph 間での誤分類細胞である。

表1 全症例での推論評価結果

A2:WBCモデルAによる6分類

ヒト/AI	Basophil	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophi	Accuracy
Basophil	116					1.000
Eosinophil		246				1.000
Lymph			3179	34		0.989
Mono			61	596		0.907
Neutrophil	14		3		6917	0.998
合計						0.990

A1:WBCモデルAによる5分類

ヒト/AI	Basophi	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophil (Band)	Neutrophil (Segment)	Accuracy
Basophil	116						1.000
Eosinophi		246					1.000
Lymph			3179	34			0.989
Mono			61	579			0.905
Neutrophi (Band)	1		1		849	80	0.912
Neutrophi (Segment)	13		2		1812	4176	0.696
合計							0.822

B1: WBCモデルBによる5分類

ヒト/AI	Basophil	Eosinophil	Lymph	Mono	Neutrophil	Accuracy
Basophil	116					1.000
Eosinophil		246				1.000
Lymph			3184	29		0.991
Mono		1	43	596		0.931
Neutrophil	9	1		1	6923	0.998
合計						0.992

Neutrophil Neutrophil ヒト/AI Basophil Eosinophil Lymph Mono Accuracy (Band) (Segment) Basophil 116 1.000 Eosinophil 246 1.000 3184 29 0.991 Lymph 1 43 596 0.931 Mono Neutrophi 3 810 118 0.870 (Band) Neutrophil 4843 0.807 6 1 1 1152 (Segment 0.879 合計

B2: WBCモデルBによる6分類



図9 背景処理の有無による分類精度比較 A:5分類精度比較 B:6分類精度比較

5 分類では両 CNN モデルで 0.990 以上の Accuracy が得られ有 意差は認められない。一方,6分類においては背景あり画像 学習において分類精度の有意な向上(p<.001)が認められた。

2. 背景あり画像学習による推論評価

図 7 に CNN による学習結果を示す。TRAINING ERROR 曲線と VALIDATION ERROR 曲線には乖離は認められず, VALIDATION ERROR 曲線, COST 関数曲線はいずれも最 終的に 0.1 未満まで収束した。図 8 に健常人標本 2 例の推 論評価結果を示す。B-1 は 57 例中 Accuracy が最も高値を 示した標本であり, B-2 は 57 例中最も低値を示した標本で



図10 ヒト目視分類-AI分類間での不一致細胞例

A: Mono に分類された Lymph B: Lymph に分類された Mono C: Segment に分類された Band D: Band に分類された Segment

ある。Accuracyは5分類/6分類ではB-1において0.990/0.980, B-2において0.985/0.783 であり最大0.197の差が認められ た。表1 (B-1, B-2)に全57 標本の推論評価結果を示す。 Accuracy は5分類で0.992±0.008(Mean±SD),6分類で 0.879±0.039(Mean±SD)を示した。

3. 教師用画像の背景処理の有無による分類精度比較

図9にWBCモデルAとWBCモデルBとの分類精度の

比較結果を示す。WBC モデルA とWBC モデルB との間 で,全57例での推論評価結果のAccuracyは5分類で0.002, 6分類で0.057の上昇を示した。Wilcoxonの順位和検定は5 分類で有意差は認められず(p=0.473),6分類では有意差が 認められた(p<.001)。最もAccuracyが上昇した細胞群は Segment であり,0.11の上昇が認められた。図10に,Lymph とMono,BandとSegmentの誤認識した細胞の例を示した。 Lymph と Mono, Band と Segment の鑑別において,誤認識 された細胞に細胞質形状,細胞質の濃淡,核形状など顕微 鏡観察上の共通の形態学的な傾向は認められなかった。

Ⅳ. 考察

本研究では健常成人末梢血塗抹標本を用いて CNN によ る末梢血白血球分類スクリーニング技術としての有用性を 検討した。その結果 5 分類での Accuracy は 0.992 に達し, スクリーニング技術として臨床的要求を充分満たす精度が 得られた。一方,6分類では Accuracy は 0.879 にとどまり, 白血球分類スクリーニング技術としての臨床的要求を満た すためには改良の余地が認められた。5分類と6分類にお いて精度が大きく乖離した原因として,好中球である Band と Segment 間での誤分類が大きな原因となっており、6分 類での精度向上においては好中球の分類精度向上が課題と なる。分類精度の向上においては、本研究において背景あ り画像による追加学習において有意差が認められたことか ら,教師学習の段階において解析対象となる白血球細胞の 形態学的特徴を CNN に与えるだけでなく、除外すべき情 報を加えることが精度向上に有効であると考えられる。し かしこのことは、津田らによる AI を用いた物体認識精度 の報告¹⁰⁾とは反している。津田らの研究によると、AIはあ るカテゴリーの画像がカテゴリーとは無関係な特徴を持っ た画像を多く含んでいる状況においては学習用データのバ イアスによる誤認識が発生することが示されている。本研 究においては、WBC モデル B の導出において対象物のみ による WBC モデル A に対して Fine tuning を行ったことで 学習データバイアスが回避された可能性があり、このこと は齋藤による AI を用いた病理組織類似画像検索による診 断支援ツールの開発の試みにおいて、ImageNet による Pre-training 後の CNN モデルに対して胃生検病理組織 HE 画像を追加学習させることで、高分類精度な CNN モデル が導出されたとの報告によって支持される11)。しかしなが ら CNN が画像のどの特徴箇所を見て判断しているかは本 法のみでは不明である。この課題に対しては、学習済み CNN モデルが学習用データのバイアスの影響を受けてい るかどうかを判定する技術として Grad-CAM による解析が 有効であることが Ramprasaath らの研究により明らかとな っている¹²⁾。白血球画像データ解析において本手法が効果 を示した要因については本研究に使用したデータに対して Grad-CAM を用いた解析,また他の医療用形態解析 AI にお ける研究を通じて明らかにできると考える。また CNN で は分析の階層を増加させることで分類精度の向上が見込め ることが Karen らの研究により報告¹³されているが,階層 の深さは推論評価モデルの作出解析に要する時間とのトレ ードオフとなることに留意する必要がある。また Qingshan She らの報告によると、ラベル付けされた教師用画像だけ でなく、ラベル付け無しでの教師画像学習も分類精度の向 上に寄与することが示されている¹⁴⁾。これは半教師用画像 学習と呼ばれる手法であり,臨床検査データではラベル付 けされていない多数のデータを基に学習できる本法は症例 数を増加させ、多様な形態解析に対応させる上で有用であ るものと考えられることから、分類精度の向上においては これらの手法の導入を検討する必要があると考えられる。

このような AI 分析技術とのハイブリッド化で分析精度 向上は見込まれるものの、一方で臨床検査データはヒトと AI との相関性はもちろんのこと, 従来技術との相関性を必 要とすることから、データ補正についても検証が必要とな る。機械学習は原理として、あらかじめ装置に設定したパ ラメータに基づき, 白血球の特徴情報を抽出し, データベ ースと照合の上で白血球分類を行う。機械学習法では標本 が一定の理想的条件下で作製されたことを前提条件として おり、個々の医療者の標本作製に伴う細胞形態変化誤差ま では考慮することなく一律に判断を行っている 15)。それに 対して, AI による教師あり学習では与えられた教師用画像 から特徴量を自動的に抽出する点において相違があり、教 師用画像の準備過程において検査技術者が作製した多様な 条件下での標本を学習させることで、標本作製時に生じる 手技的な誤差を含めた最適なパラメータを得ることが可能 となる。本研究においても前処理過程で Augmentation 処理 を加えることで画像を AI に自己作成させ拡張を図ってい る。よって両者は手技的な誤差の判断において基準が異な っており、このような基準値の相違を明確化する必要があ る。このような相違点を考慮した例として、機械学習方式 とヒトによる目視分類での好中球判定の相違基準の策定が ある。機械学習方式では、白血球画像に対して RGB 分解 を行い,個々の2値化した分解画像に対して解析を行うこ とでパラメータ毎の実測値を得,核の最低幅が一定基準(2 μm以下)であるかどうかで Segment と Band 判別している。 一方、ヒトによる目視分類では同基準での判定は困難であ ることから、今回我々が判定基準として使用した渡邉らの 方法に従っている⁸⁾。本基準では好中球は Band と Segment との鑑別基準として, Band は直径 12~15 µm, 核の長径 と短径の比率が3:1以上,かつ核の最小幅部分が最大幅部 分の 1/3 以上で長い曲がった核を持つこととしており、実 測値とは基準が異なっている。CNN モデルによる解析では ヒトの目視基準に準じた解析が行える一方、機械学習の基 準とは異なった判断となることから,これら2法間でのデ ータ解釈の相違が生じやすい形態学的な境界領域での細胞

についての判定について、明らかにする必要があると考え られる。特に、Band と Segment の分類においては目視分類 でヒトは 2 次元画像を基に 3 次元構造を想像して判断する ことも無意識に行っていることから、フローサイトメータ ーによる血球分析データを参考とするなどといったことも 分類精度の向上において有用であると考えられる。特に Viktor H. Koelzer らは、AI 解析においてはデータが慎重に 前処理されず、他の情報が除去されていない場合、AI がア ーチファクトを誤認する可能性があるため、トレーニング データセットは、高度に標準化された方法で生成されてい る必要がある¹⁶⁾と述べており、AI に三次元の情報を提供し、 基準が明確となった細胞を学習させることは Band と Segment の分類だけでなく、Mono と Lymph など他の細胞 の分類精度の向上にもつながると考えられる。

また判定基準に起因する問題点としては, Lymph は形態 学的に Small type と Large type とが大きく形態学的特徴を 異にするにもかかわらず、分類上は1つのカテゴリーにま とめられていることがあげられる。あまりにもかけ離れた 2種の形態学的特徴を1つにまとめていることに AI が少数 ながら誤分類判定をした可能性がある。ヒトが Lymph と Mono とを誤分類するのは, Small type と Mono の分類時で はなく Large type と Mono の分類時であり、これらは極め て類似した形態学的特徴を有している。Small type+Large type 対 Mono という大きなカテゴリー間で分類を行ってい ることで AI の判定基準が曖昧になり、上手く分類が機能 していないことが推測される。このことから, Lymph と Mono との分類においては改めて Small type-Large type-Monoの3カテゴリーに再分類を行った上でCNN 学習させ ることで、大リンパ球ー単球間での特徴量抽出をさらに厳 密化させ得るか否かを検討する必要がある。仮に本検討に より分類精度が向上した場合には、AIによる血球解析では AI 分析用にサブカテゴリーを定義し直した上で、ヒトの目 視分類用カテゴリーへと転換することで、精度向上が図れ る可能性がある。

以上の検討を行うことで,従来技術やヒトによる目視観 察に合致したデータ解析が行われ,精度向上が期待できる と考えられる。しかしながら細胞形態解析において AI は 人では可視化できない周波数情報などを特徴量として計測 し,因子としても使用している。そのため,AI による血球 分類精度向上においては,染色法自体の変更によるさらな る精度向上の可能性も否定できない。そのため,今後の臨 床応用化研究においては,AI スクリーニング技術用の染色 法についても再検討することで AI による形態分析に最適 化させ,異常細胞の鑑別にも応用することも必要であると 考える。

Ⅴ. 結語

白血球形態分類において CNN によるスクリーニング技術は Accuracy が高く有用であるものの,その臨床応用化においてはカットオフ値など境界領域細胞の判定保留条件などを検討する必要があり,さらなる精度向上や異型細胞などにも対応可能な技術として研究開発を進める必要がある。

謝辞 本研究は総務省戦略的研究開発推進事業 SCOPE な らびに JSPS 科研費(19K21737)の助成を受けております。

引用文献

- 平成28年版情報通信白書.総務省:232-241,2016. https://www.soumu.go.jp/johotsusintokei/whitepaper/ja/h28/pdf/ index.html(アクセス日:2020-01-11)
- 建本聡: 深層学習を利用したウメ「露茜」の画像による熟 度分類. 農業情報研究, 28(3): 108-114, 2019.
- 木田智士: 医療画像分野における AI の活用 医用画像情報 学会雑誌. 35(2): 25-29, 2018.
- Alejandro Rodríguez-Ruiz, Elizabeth Krupinski, et al: Detection of Breast Cancer with Mammography: Effect of an Artificial Intelligence Support System. Radiology, 00: 1–10, 2019.
- Andrew A. Borkowski, Catherine P. Wilson: Comparing Artificial Intelligence Platforms for Histopathologic Cancer Diagnosis. Fed Pract, 36(10): 456-463, 2019.
- 千葉直子: 症例から学ぶ 検査データと血液像の読み方 UniCel DxH800 (ベックマン・コールター). Medical Technology, 43(3): 242-248, 2015.
- 7) 渡邉眞一郎,坂場幸治,他:好中球系細胞標準化の経緯と 血球形態標準化合同ワーキンググループについて.医学検 査,64(6): 3-6, 2015.
- 坂場孝治: 好中球桿状核球と分葉核球の識別基準および白血球目視分類の共用基準範囲. 臨床検査, 60(12): 1418-1427, 2016.
- Kaiming He, Xiangyu Zhang, et al: Deep Residual Learning for Image Recognition. IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), 90: 2016.
- 10) 津田諒太: 人工知能学会資料 SIG-Challenge, 44(6): 30-31, 2016.
- (11) 齋藤勝彦: AI を用いた病理組織類似画像検索による診断支援ツールの開発の試み. 臨床病理, 66(補): 226. 2018.
- 12) Ramprasaath R. Selvaraju, Michael Cogswell: Grad-CAM: Visual Explanations from Deep Networks via Gradient-based Localization. Int J Comput Vis, doi:10.1007/s11263-019-01228 -7, 2019.
- Karen Simonyan, Andrew Zisserman: VERY DEEP CONVO -LUTIONAL NETWORKS FOR LARGE SCALE IMAGE RECOGNITION. ICLR 2015 proceedings, 2015.
- Qingshan She, Bo Hu1: A hierarchical semi-supervised extreme learning machine method for EEG recognition. Medical & Biological Engineering & Computing, 57: 147–157, 2019.
- 15) 下前哲也: 特集最近の医用検査診断血液増自動分類. 精密 工学会誌, 53(4): 530-533, 1987.
- 16) Viktor H. Koelzer, Korsuk Sirinukun Wattana.: Precision immuneprofiling by image analysis and artificial intelligence. Virchows Archiv, 474: 511–522, 2019.

[Original Article] Artificial intelligence analysis with convolutional neural network for peripheral blood smear screening in leukocyte classification

AMI SASAKI^{*1} MIKU ODA^{*1} HIROYUKI NOZAKA^{*2} MANABU NAKANO^{*2} MIYUKI FUJIOKA^{*2} HIDEKI TAKAMI^{*2}

(Received January 15, 2020; Accepted February 27, 2020)

Abstract: Medical AI is a next-generation medical technology that presents a diagnosis based on EBM regardless of the experience of clinical laboratory technologists. The technology is characterized by learning large amounts of patient data diagnosed by experts based on years of experience. In this study, we examined the clinical usefulness of screening technology with AI for peripheral leukocyte classification. The subjects were 57 healthy person's peripheral blood smears performed MG staining. The CNN model learned with teacher images of mature leukocyte cells that show typical morphology, and parameter tuning for optimization was performed. We performed additional learning and fine-tuning on this CNN model with various leukocyte images. The accuracy of 5 classifications showed 0.990 and 6 classifications showed 0.822 respectively in the additional learning with background-less images. Contrast, the accuracy of 5 classifications showed 0.992 and 6 classifications showed 0.879 respectively in the additional learning with images included background. It was cleared that the mature leukocyte cell morphology screening with CNN was highly accurate and useful. However, it is necessary to examine the cutoff value and the judgement pending condition for the boundary area cells in the clinical application.

Keywords: Artificial intelligence, Convolutional neural network, Hematological morphology test, Leukocyte classification

^{*1} Hirosaki University School of Health Sciences, 66-1, Honcho, Hirosaki-shi, Aomori 036-8564, Japan

^{*2} Hirosaki University Graduate School of Health Sciences, 66-1, Honcho, Hirosaki-shi, Aomori 036-8564, Japan E-mail: h16m2317@hirosaki-u.ac.jp