

ニューロンセグメンテーションにおけるマルチドメイン学習による汎化性能の改善

長谷川 貴大 Tristan Hascoet 高島 遼一 滝口 哲也 有木 康雄

神戸大学

1. はじめに

神経系の3次元電子顕微鏡画像から各神経細胞の領域を識別するタスクは、神経回路のマッピングを行うコネクトミクスなどの医学研究において、基礎的なタスクとなっている。近年、機械学習を用いてこのタスクを解く手法であるニューロンセグメンテーションが研究されている。

従来のニューロンセグメンテーションの研究は、教師データを十分な量用意して行われてきた[1]が、専門家しか教師データを作成することができないため、しばしばそうすることが難しく、その場合、モデルの十分な学習が行えない問題が発生する。

教師データの不足により学習が不十分になる問題の解決策の1つにドメイン汎化がある。ドメイン汎化とは、複数のドメインを学習に利用して、類似の未知ドメインの推定の邪魔になるドメインバイアスを打ち消す手法である。本稿では、4つのデータセットでニューロンセグメンテーションにおけるドメインバイアスの影響を調査した。また、マルチドメインでの学習によって、モデルがどの程度ドメイン汎化するかを確認した。

2. セグメンテーション手法

ニューロンセグメンテーションの手法として、[1]を用いた。手法の概略図を図1に示す。その手法を構成する3つのステップについて以下に述べる。

2-1 CNN

U-Net と呼ばれる CNN の一種を用いて、3次元の細胞画像から affinity graph を生成する。affinity graph とは、3次元画像の各 voxel を頂点とする重み付きグラフである。このグラフの辺は、特定の位置関係にある voxel 間のみに存在し、端点が2つとも同一ラベルに属する確率をその辺の重みとする。本稿では、このステップに重点を置いた。

2-2 分割

Watershed と呼ばれるノンパラメトリックな手法

Improving Generalization Performance in Neuron Segmentation by Multi-Domain Learning
Takahiro Hasegawa, Tristan Hascoet, Ryoichi Takashima, Tetsuya Takiguchi, Yasuo Ariki
Kobe University

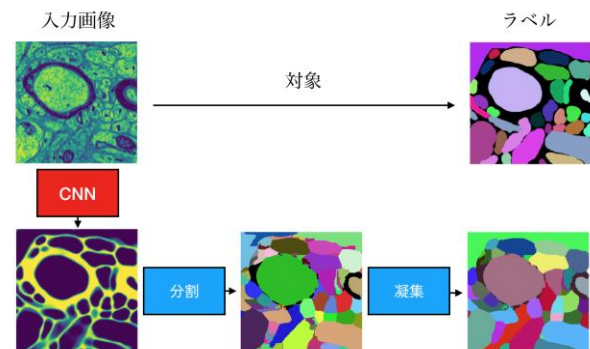


図1 セグメンテーション手法の概略図

を用いて、affinity graph から supervoxel を生成する。supervoxel とは、教師ラベルと比べて、過剰に分割されたセグメンテーションマップである。

2-3 凝集

gala と呼ばれるノンパラメトリックな手法を用いて、supervoxel から結果となるセグメンテーションマップを生成する。

3. 実験

3-1 モデル

U-Net の深さは4で、入力サイズは $128 \times 128 \times 64$ である。また、損失関数には、バイナリクロスエントロピーを、オプティマイザーには Adam を使用した。学習エポック回数は50000回とした。

3-2 データセット

本稿で使用する、4つのデータセットについての説明を表1に示す。解像度を Ours に揃えるように、各データセットにスケーリングを行ったため、実験時の画像サイズは、スケーリング後のものとなった。

SNEMI3D, CREMI, FIB-25 の3つを訓練用のデータセットとした。訓練用データセットからそれぞれ1つずつを用いて学習したモデル3つと、訓練用データセット全てを用いて学習した1つのモデル(以後 all と呼ぶ)を用意した。訓練用データセットは、 $0 \leq x \leq 150$ の範囲を検証データとし、残りを訓練データとした。CREMI は3つの3次元画像を1つのデータセットとみなし、CREMI からサンプリングする場合には、更に3つの画像から1つを等確率で選択してサンプリングを行った。all

表1 各データセットについての説明
 *画像サイズの形式は, $x \times y \times z \times \text{画像の個数} [\text{voxel}]$

	SNEMI3D	CREMI	FIB-25	Ours
関連する論文, web ページ	[2]	[3]	[4]	-
実験動物	マウス	ハエ	ハエ	マウス
部位	皮質	不明	延髄	皮質
画像サイズ* [voxel]	$1024 \times 1024 \times 100 \times 1$	$1250 \times 1250 \times 125 \times 3$	$520 \times 520 \times 520 \times 1$	$512 \times 512 \times 100 \times 1$
教師ラベルの付き方	全細胞の細胞領域全体	全細胞の細胞領域全体	全細胞の細胞領域全体	全細胞の樹状突起
解像度 [nm^3/voxel]	$6 \times 6 \times 29$	$4 \times 4 \times 40$	$10 \times 10 \times 10$	$13 \times 13 \times 25$
スケーリング後の画像サイズ* [voxel]	$473 \times 473 \times 116 \times 1$	$385 \times 385 \times 200 \times 3$	$400 \times 400 \times 208 \times 1$	$512 \times 512 \times 100 \times 1$

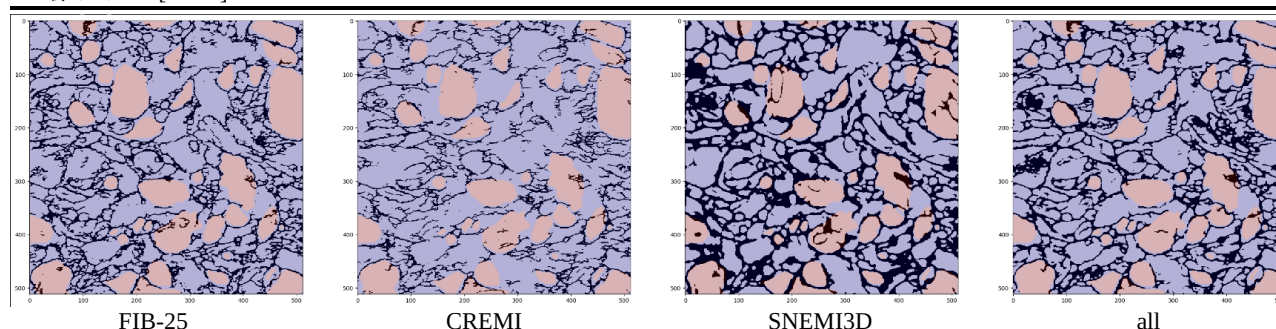


図2 U-Net の出力結果

†モデルの出力が1に近いほど青白く, 0に近いほど黒くなる. 赤い部分は, 教師ラベルから計算された affinity graph の確率が1である部分である.

の学習については, 全訓練用データセットから等確率で選択しサンプリングを行った. 学習が完了した4つのモデル全てで Ours の推定を行った.

3-3 実験結果

SNEMI3D, CREMI, FIB-25 それぞれのモデルと, all の出力の affinity graph の上に, Ours の教師ラベルから計算された affinity graph を重ねた図を図2に示す. Ours は細胞領域全体に対する教師ラベルをもたないため, 評価指標を計算することが難しい. そのため, 視覚的な比較を行う. 図2から3つのことが言える. 第一に, affinity graph の確率が0に近い部分の割合は学習に使用されたデータセットに大きく左右されると考えられる. affinity graph の確率が0に近い部分は, 教師ラベルから算出した affinity graph では細胞外スペースを意味するため, 訓練データセットの細胞外スペースの特徴は, ドメインバイアスに強く影響を及ぼすと考えられる. 更に細胞外スペースは細胞の固定化処理と関連があるので, 細胞の固定化処理はドメインバイアス大きなドメインバイアスを生むと考えられる. 第二に, CREMI や SNEMI3D と比べて, all は境界線がきれいなため, ドメイン汎化はある程度成功していると考えられる. 第三に, FIB-25 が SNEMI3D より良い推定を行っているため, 実験動物の種類はドメインバイアスにあまり大きな影響を及ぼさない可能性があると考えられる.

4. まとめ

細胞の固定化処理がドメインバイアスに強く影響することを発見した. また, マルチドメイン学習でドメイン汎化性能を向上した.

5. 参考文献

- [1] Kisuk Lee, Jonathan Zung, Peter Li, Viren Jain, H. Sebastian Seung, “Superhuman Accuracy on the SNEMI3D Connectomics Challenge,” arXiv preprint arXiv:1706.00120, 2017
- [2] Narayanan Kasthuri, Kenneth Jeffrey Hayworth, Daniel Raimund Berger, et al., “Saturated Reconstruction of a Volume of Neocortex,” Cell, Volume 162, Issue 3, 2015, Pages 648-661, ISSN 0092-8674, <https://doi.org/10.1016/j.cell.2015.06.054>. (<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S092867415008247>)
- [3] CREMI, (<https://cremi.org/>), (参照 2020-1-10)
- [4] Takemura, S., Bharioke, A., Lu, Z. et al. A visual motion detection circuit suggested by Drosophila connectomics. Nature 500, 175–181 (2013) doi:10.1038/nature12450