

CT 画像と深層学習を用いた骨格標本上の形態学的変異の可視化と発見

森田 堯

大阪大学 産業科学研究所

1. はじめに

骨格標本は、形態学・進化生物学・考古学における重要なデータであり、性・生物種・生活環境等に起因する骨格上の変異を発見することは大きな学術的意義を持つ。既存の骨格標本分析手法では、専門家が骨格標本上で同定した特徴的領域やランドマーク点に基づく大きさ、角度、間隔等の測量によって変異を検出してきた[1]（図1左部）。しかしながら、人間の目視に依存した分析は、常に客観性・再現性の担保の問題がつきまとい、新たな形態学的発見をもたらす独創的な視点との両立は容易ではない。以上の背景から、客観性と独創性を兼ね備えた分析を可能にする手段として、人工知能・機械学習技術を応用することが有意義であると考えられる。

上記の背景の下、本研究は深層学習とその可視化技術を応用した形態学研究を探求した。骨格標本の分析を行う人工ニューラルネットワークを構築し、その「着目点」を可視化することで、形態学的変異を発見する（図1右部）。ニューラルネットワークの訓練には、専門家が既に持つ知見（変異を含む箇所の位置情報等）を用いず、ニューラルネットワーク自身が独自の根拠に基づいて標本を分析するように設計する。よって、ニューラルネットワークは、人間とは全く異なる観点から分析を行う可能性がありそれは人間の目では検出できない形態学的変異の新発見の可能性を意味する。「機械学習による形態学的新発見」という究極目標の達成に向け、既に形態学的変異に関する知見が蓄積されているマカクザルの雌雄分類課題を用いて、提案手法の性能評価を行うことが、本研究における至近目的である。

2. 画像分類と可視化技術の応用

本節では、深層学習を用いた画像分類技術と、分類根拠可視化技術を応用した骨格標本分析を紹介する[3]。

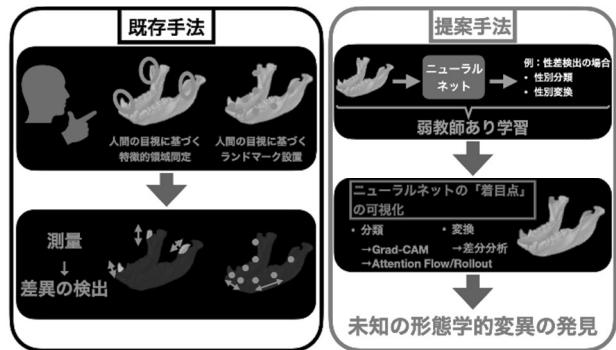


図1 既存の形態学研究と本研究

2.1 手法

Computed Tomography (CT)データとして記録された3次元骨格標本を、16視点（垂直2方向×水平8方向）からの投射画像から雌雄に分類する畳み込みニューラルネットワーク(CNN)を構築した[4]（図2）。

CNNの実装には、18層ResNet[5]を採用した。各視点からの投射画像をそれぞれ畳み込み層で処理し、得られた出力を全結合層で統合することで、雌雄分類確率を計算する。

分類器の学習後、着目箇所可視化技術を応用し、骨格標本分類に用いられた部位の可視化を行った。

可視化技術には、Score-CAMを採用した[6]。

2.2 データ

データには、日本モンキーセンター及び京都大学靈長類研究所所蔵のマカクザル下顎標本286検体を使用した。全ての骨格標本のCTは、京都大学Digital Morphology Museumから一般アクセス可能である[7]。

モデルの訓練には、ニホンザル(*Macaca fuscata*)のデータ全178検体のうち、139検体（メス83、オス56）を用いた。残りのニホンザルデータ（メス20、オス19、全39検体）並びに他のマカクザル（14種、メス53、オス55、全108検体）は、分類精度のテスト、及びCNNの着目領域の可視化に使用した。すな

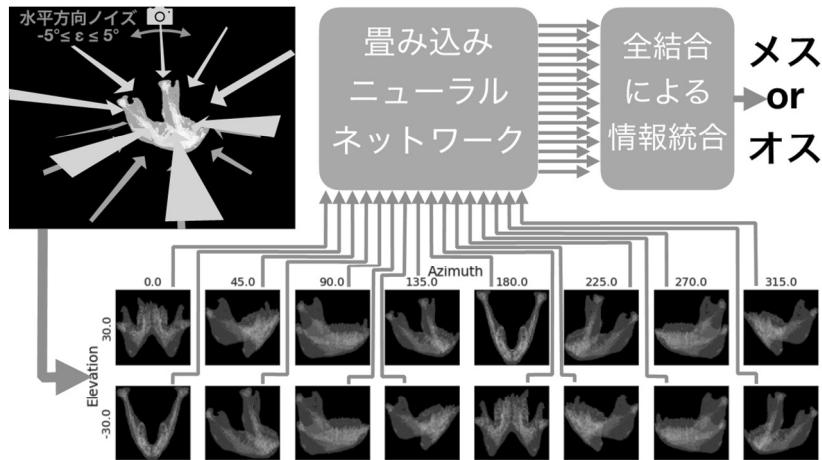


図 2 多視点画像分類を応用した骨格標本の雌雄分類

わち、单一生物種（ニホンザル）の学習が、未学習の同一種並びに異種の標本分析に汎化可能かどうかを調査した。

骨格標本の CT は、1mm 立方のボクセルデータに補間したのち、マーチングキューブ法[8]でポリゴンデータに変換した。得られたポリゴンデータを基に、16 視点からの二次元投射画像 (224×224 ピクセル) を取得し、CNN の入力とした。なお、データ不足による過学習防止のため、投射時に水平方向 ± 5 度以内の視点のばらつきを一様分布から発生させ、データ拡張を行った（図 2）。訓練後の分類精度検証時にも、同様の手法を用いて各検体 1000 種類のランダム視点からの投射画像に基づく評価を行った。

2.3 結果

訓練の結果、提案モデルは 81.74% の正答率で初見のマカクザル骨格標本の雌雄を判別するに至った。

訓練後の骨格標本分類器の着目点を Score-CAM で可視化した結果、

- 犬歯に摩耗・欠損がない場合は、犬歯に着目
- 犬歯に摩耗・欠損がある場合は、筋突起・下顎枝に着目

した雌雄分類を行っていることが判明した（図 2）。

この弁別基準は、人間の形態学者も用いているものであり、提案手法の妥当性が示された。

2.4 提案手法の限界

Score-CAM による分類根拠の可視化（及び関連する CNN 用可視化手法）は、空間解像度が小さいとい

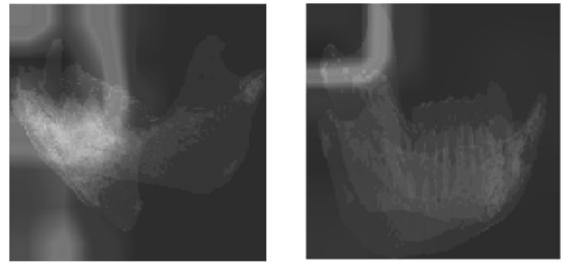


図 3 Score-CAM を用いた訓練済み骨格標本分類モデルの分類根拠の可視化。(左) 犬歯に摩耗・欠損のないオスのニホンザル(*Macaca fuscata*)。左前下方向（前部正面から 45 度、水平から-30 度）からの投射。犬歯を含む前歯部にモデルが着目している。(右) 両側の犬歯が欠落しているオスのパガイマカク(*Macaca pagensis*)。右上部方向（前部正面から 90 度、水平から-30 度）からの投射。筋突起を含む下顎枝上部にモデルが着目している。

う問題を有する。Score-CAM は CNN 出力を元に着目領域を可視化するが、CNN は空間解像度を圧縮しながら、分類のための情報を画像内から収集するため、Score-CAM も圧縮された空間解像度の下で着目領域を算出することになる。例えば ResNet[5]の場合、 224×224 ピクセルの入力画像は 7×7 ピクセルの特徴量に圧縮される。（図 2 では、 7×7 ピクセルの可視化結果を 224×224 ピクセルにアップサンプルし、入力画像に重ねている。）このような低解像度の分析は、今後より微細な形態学的特徴を捉える必要が出てきた際に対応しきれない。

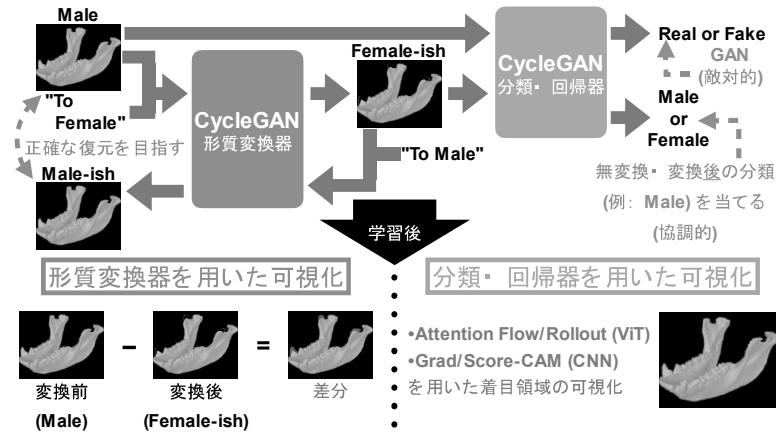


図 4 画像翻訳技術を応用した骨格標本分析

3. 画像翻訳技術の応用

第2節で紹介した画像分類技術による骨格標本分析は、一定の有効性を示したものとの、空間解像度の問題が露呈した。この問題を解決するため、画像翻訳技術[9]を応用した形態分析を試みた。

3.1 手法

画像翻訳技術を応用し、オスの標本（投射画像）を「メスらしく」、メスの標本（投射画像）を「オスらしく」変換することを試みた（図4）。変換前後の差分を取ることにより、雌雄の形態的差異を可視化する。この手法では、原理上、入力画像の解像度で形態学的特徴領域を可視化することができるため、前節で指摘した（CNNによる）画像分類ベースの分析の問題点を克服できる。

画像翻訳の実装には、CycleGAN [9]を採用した。当該手法では、入力画像の形質を変換後、変換画像を入力として再度入力画像に引き戻す操作を行う（図4）。モデルは、

- 1) 変換後の目標カテゴリへの分類確率の最大化
- 2) 無変換画像と区別不可能なほどリアルな変換
- 3) 引き戻し画像を無変換入力画像と一致

という3つの目標を同時に満たすよう訓練される。

1)と2)については、画像変換器とは別の画像分類器を同時訓練することで実現する。1)は変換器と分類器を協調的に訓練し、2)は敵対的に訓練する。3)は形質変換に関係しない標本の「個性」を変換前後で保存するための学習目標である。

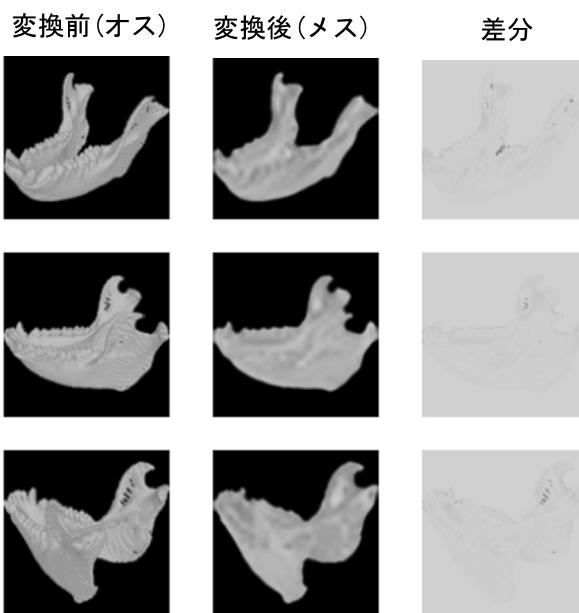


図 5 CycleGAN によるオスからメスへの形質変換結果。犬歯の欠損がないニホンザルの標本を使用。変換後に顕著な犬歯の短縮等が見られず、恒等写像的な変換に陥っている。

3.2 データ

前節と同様に、マカクザル下顎標本を使用し、ポリゴンデータへの変換までの前処理を行った。

前節の画像分類では、各標本毎に16視点からの投射画像を使用したが、画像翻訳ではランダムに選択される単一視点投射画像のみを用いた。これはGPUメモリ上の制約であり、2つの人工ニューラルネットワークを同時に訓練する画像翻訳では、多視点を同時に処理することが困難であったためである。

3.3 結果

期待した形質変換が得られず、恒等写像的な変換

に陥った（図5）。学習率を始めとしたハイパーパラメータの探索も行ったが、顕著な改善はなかつた。

4. 結論と今後の展望

第2節において、機械学習を活用した骨格標本分析の可能性を示すことができた一方、微小な形態学的特徴を捉えるためには、より一層の技術開発が求められる。第3節では画像翻訳技術を応用して高解像度分析を目指したが、期待した結果を得ることはできなかった。

画像翻訳技術の応用失敗は、単一視点をランダムに選択したことが主な原因であると考えられる。ランダムに選択された視点から変換目標となる形態学的特徴が映る頻度が低い場合、恒等写像的変換が局所的最適解になるという仮説である。この仮説に基づき、今後は微分可能レンダリング技術を応用した最適視点学習を検証予定である。これまでにはポリゴンデータから投射画像への変換を手動ないしはランダムで行ってきたが、この変換を深層学習に組み込むことで、目標とする形態学的特徴を捉える画角を自動学習できるようになることが見込まれる。この視点学習技術を、本稿で探求した画像分類・画像翻訳技術と組み合わせることで、最終的には機械学習による新たな形態学的発見を目指す。

謝辞

本稿執筆にあたってご協力いただいた西村剛先生、伊藤毅先生、香田啓貴先生、若森参博士に感謝いたします。本研究は、JST ACT-X (JPMJAX21AN)、JSPS 科研費 (JP21K17805)、三菱財団自然科学研究助成（若手、202111014）の支援も受けました。

参考文献

- [1] F. Bookstein, Morphometric Tools for Landmark Data: Geometry and Biology, (1997).
- [2] M. Zelditch, et al., Geometric Morphometrics for Biologists: A Primer, (2012).
- [3] T. Morita, et al., AJBA, **178** (1), 44-53, (2022).
- [4] H. Su, et al., Proc. ICCV, 945-953, (2015).
- [5] K. He, et al., Proc. CVPR, 770-778, (2016).
- [6] H. Wang, et al., Proc. CVPR, 111-119, (2020).
- [7] 京都大学 Digital Morphology Museum,
<http://dmm.pri.kyoto-u.ac.jp/dmm/WebGallery/>
- [8] W. Lorensen & H. Cline, Proc. SIGGRAPH, 163-169, (1987).
- [9] J-Y. Zhu, et al., Proc. ICCV, 2242-2251, (2017).
- [10] H. Kato, et al., Proc. CVPR, 3907-3916, (2018).