

2025 年 6 月 17 日

東京科学大学

少数データの学習でも正確な肝腫瘍抽出を学ぶ スモールデータ AI を開発

—高性能な医療 AI を低コストで開発可能に—

【ポイント】

- ごく少数のデータセットの学習で最先端モデルを凌駕する高精度な肝腫瘍領域の抽出を行える AI モデル MHP-Net を開発
- 画像全体ではなく、膨大な数の小さな画像パッチを使用することで、少数データでの効率のよい学習を実現
- 計算機設備に制約のある臨床現場での医療 AI 利用を可能にする「スモールデータ AI」として期待

【概要】

東京科学大学（Science Tokyo） 総合研究院 バイオメディカル AI 研究ユニットの鈴木賢治教授と同工学院 情報通信系の Yang Yuqiao（ヤン・ユチャオ）博士後期課程学生を中心とする研究チームは、CT 画像上の**肝腫瘍セグメンテーション**（用語 1）の精度において最先端モデルを凌駕する新しい AI モデル **MHP-Net**（用語 2）を開発しました。

従来のディープラーニングモデルでは何千～何万もの**アノテーション**（用語 3）付き症例が必要であり、医療 AI 開発の壁になっていました。この新しいモデルでは、画像全体ではなく、膨大な数の小さな 3D 画像パッチを使用することにより、腫瘍の数がわずか 7～14 個という限られた学習データで、非常に正確なセグメンテーションを実現しました。

さらに MHP-Net は、MICCAI 2017 の世界肝腫瘍セグメンテーション競技会の優勝チームが記録した抽出精度をはるかに少ないデータで実現するなど、最先端モデルを上回る性能を実現しました。この結果は、医療画像解析における、大規模な医療データセットの収集とアノテーションを必要としない「**スモールデータ AI**（用語 4）」実現の大きな可能性を示すものです。

本成果は、5 月 16 日付（米国東部時間）の「*IEEE Access*」誌に Early Access Version が掲載され、5 月 29 日付で正式版が掲載されました。

●背景

肝臓がんは、がん種の中でも世界で 6 番目に多く、がんによる死亡の大きな要因です。肝腫瘍の正確なセグメンテーションは、診断、治療計画、予後予測において極めて重要なステップですが、医師が手作業で行う場合には大変な労力がかかり、医師間でのばらつきも生じやすいという問題があります。

深層畳み込みニューラルネットワーク (DCNN) は、医療画像のセグメンテーションに革命をもたらしましたが、その有効性は大量のアノテーションデータ (通常 1,000~10,000 症例) に大きく依存しています。このような大量のデータが必要なことが、医療 AI の開発の大きな障壁となっています。

●研究成果

研究チームは、ごく少数の学習データでも高精度の腫瘍セグメンテーションを可能にする新しいディープラーニングモデル MHP-Net を開発しました (図 1)。MHP-Net は、画像全体ではなく、膨大な数の小さな 3D 画像パッチを使用することにより、ごく少数の症例での学習を可能にしました。CT 画像から得られた各画像パッチと、それに対応する**球強調画像** (用語 5) をペアで入力することで、複雑な腫瘍構造を効果的に学習できます。

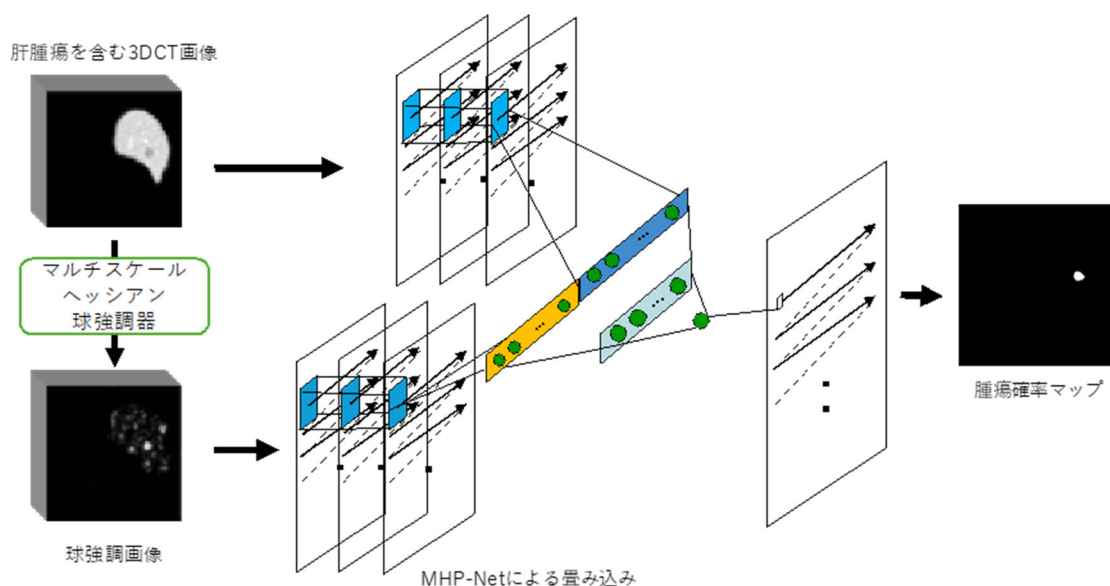


図 1 限られた学習データで正確な腫瘍セグメンテーションを可能とする MHP-Net の仕組み

本モデルは、パラメータ数が 17,550 個と非常にコンパクトであるにもかかわらず、DICE スコア (用語 6) が 0.691 (学習腫瘍 7 個)、0.709 (学習腫瘍 14 個)、0.719 (学習腫瘍 28 個) と、高い精度でのセグメンテーションを実現しました (表)。この DICE スコアは、学習データが限られているにもかかわらず、MICCAI 2017 の世界肝腫瘍セグメンテーション競技会で優勝チーム (学習腫瘍 908 個) が記録した DICE スコア 0.709

を上回っています。この性能は先端モデルである U-Net や Res U-Net、H-DenseUNet も凌駕しています（図 2）。さらに、軽量なアーキテクチャの本モデルは、10 分未満での高速学習と、患者 1 人あたり約 4 秒の高速推論が可能であるため、計算機設備に制約のある臨床現場での使用に非常に適しています。

表 異なる学習データセットサイズにおけるモデルの性能比較（DICE スコア）

モデル	転移学習	腫瘍 7 個	腫瘍 14 個	腫瘍 28 個
Seg-Net 3D	ImageNet	0.395* $\pm$ 0.34	0.467* $\pm$ 0.29	0.573* $\pm$ 0.28
U-Net 3D	ImageNet	0.455* $\pm$ 0.29	0.517* $\pm$ 0.29	0.575* $\pm$ 0.30
Res U-Net 3D	ImageNet	0.378* $\pm$ 0.34	0.588* $\pm$ 0.28	0.634* $\pm$ 0.20
H-DenseUNet	ImageNet	0.445* $\pm$ 0.30	0.594* $\pm$ 0.28	0.641* $\pm$ 0.20
KiU-Net	ImageNet	0.413* $\pm$ 0.29	0.547* $\pm$ 0.28	0.623* $\pm$ 0.25
MHP-Net (Ours)	None	0.691 $\pm$0.18	0.709 $\pm$0.18	0.719 $\pm$0.17

注：*は MHP-Net に対する統計的有意性を示す（ $P < 0.05$ ）

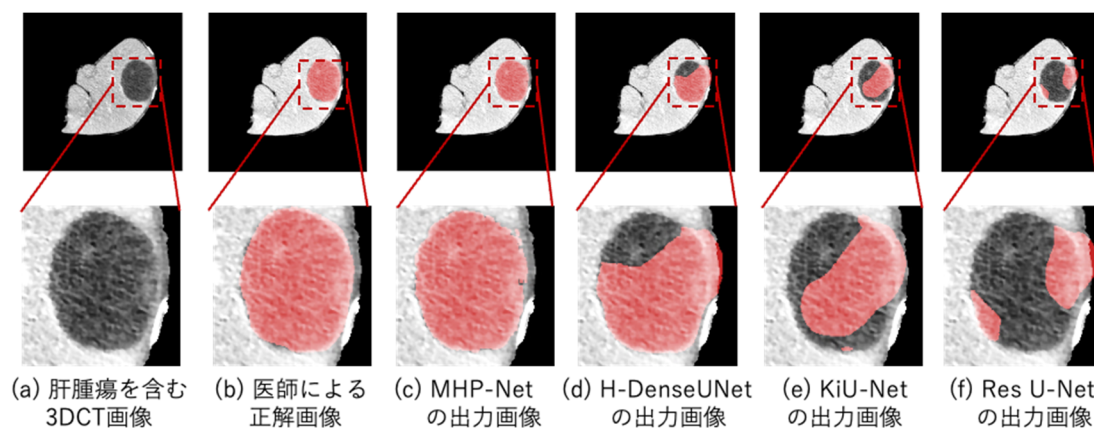


図 2 提案モデルと他の先端モデルの肝腫瘍セグメンテーション結果の比較

●社会的インパクト

本研究では、極めて限られたデータセットでも高い性能を達成するディープラーニングモデル、MHP-Net を開発しました。このようなスモールデータ AI では、学習に必要なデータ数を抑えることができるため、さまざまな疾患に対応する AI の開発を実現できます。特に、大規模なデータセットやハイエンドの計算インフラの準備が特に難しい中小規模病院や診療所で、医療 AI を導入しやすくなります。また、MHP-Net では医師

による手作業でのアノテーションを大幅に軽減できるため、コスト面を含めた医療 AI 開発のハードルを大きく下げられます。

●今後の展開

スモールデータ AI である MHP-Net の開発に成功した今回の研究成果は、今後、希少がんの検出など、大量データの収集が困難な分野への応用につながると期待されます。

●付記

本研究は、JST 未来社会創造事業「サイバー世界とフィジカル世界を結ぶモデリングと AI」の支援を受けて行われました。

【用語説明】

- (1) **肝腫瘍セグメンテーション**: 肝腫瘍領域の抽出のこと。肝腫瘍の大きさの測定、大きさの変化の評価などのための基本的な作業。
- (2) **MHP-Net**: Multi-scale Hessian-enhanced Patch-based Neural Network (マルチスケールヘッシアン強調・パッチベースニューラルネット) の略称。鈴木教授が発明した最初期の深層学習モデルの一つ Massive-training artificial neural network (MTANN) を腫瘍の高精度なセグメンテーションのために改良したモデル。
- (3) **アノテーション**: 手作業での正解付与。医療 AI の開発では医師が行い長時間を要する。
- (4) **スモールデータ AI**: 少数データ (データ数 100 以下) で学習可能な AI。ビッグデータありきの現在の AI に対比する形で、鈴木教授が提唱している AI 研究領域。
- (5) **球強調画像**: 画像の局所領域のヘッシアン行列の計算により球状の物体を強調した画像。
- (6) **DICE スコア**: 二つの領域の類似性を表す指標。セグメンテーション手法の精度評価に用いられる。正解領域と予想領域が完全に一致したとき 1 となる。

【論文情報】

掲載誌: *IEEE Access*

論文タイトル: Patch-based Deep-learning Model with Limited Training Dataset for Liver Tumor Segmentation in Contrast-enhanced Hepatic Computed Tomography

著者: Yuqiao Yang, Muneyuki Sato, Ze Jin and Kenji Suzuki

DOI: 10.1109/ACCESS.2025.3570728

【研究者プロフィール】

Yang Yuqiao (ヤン ユチャオ) Yuqiao Yang
東京科学大学 工学院 情報通信系 大学院生
研究分野：深層学習、人工知能、医療画像解析

佐藤 宗幸 (サトウ ムネユキ) Muneyuki Sato
東京科学大学 工学院 情報通信系 修士卒業生
研究分野：深層学習、医療画像解析

Jin Ze (ジン ゼ) Ze Jin
東京科学大学 総合研究院 バイオメディカル AI 研究ユニット 助教
研究分野：深層学習、人工知能、医療画像解析

鈴木 賢治 (スズキ ケンジ) Kenji Suzuki
東京科学大学 総合研究院 バイオメディカル AI 研究ユニット 教授
研究分野：深層学習、人工知能、医療画像解析、AI イメージング



【お問い合わせ先】

(研究に関すること)

東京科学大学 総合研究院 バイオメディカル AI 研究ユニット 教授
鈴木 賢治

Email : suzuki.k.di@m.titech.ac.jp

TEL : 045-924-5028 FAX : 045-924-5303

(報道取材申し込み先)

東京科学大学 総務企画部 広報課

取材申し込みフォーム : <https://forms.office.com/r/F3shqsN7zY>

Email : media@adm.isct.ac.jp

TEL : 03-5734-2975 FAX : 03-5734-3661

