

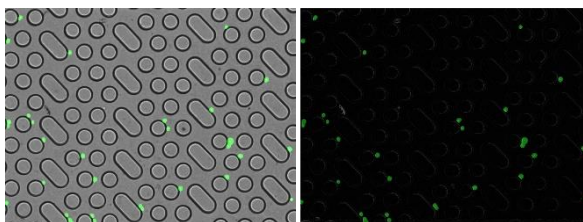
題目 : Saliency Map と Branch and Bound Algorithm を用いた
顕微鏡画像からの細胞候補領域の自動抽出

氏名 : 辻 幸喜

現在, 日本人の死因の第一位は悪性新生物(がん)であり, 死因全体の 28.9[%]を占める. がんによる死亡の主な原因は転移によるものであり, 原発臓器からの転移を起こす前の段階において, 早期発見・早期治療を行うことが重要である. がんの診断方法には, CT(Computed Tomography)やMRI(Magnetic Resonance Imaging)などを用いた画像診断, 血液や体液から得られる腫瘍マーカーの検査, 内視鏡による診断, 細胞を採取して性質を調べる病理検査などがある. しかしこれらは, がんが転移性をもつか否かの診断や, 術後の転移の状況の判断が困難な場合がある.

そこで近年, 新しいバイオマーカーとして CTC(Circulating Tumor Cells : 血中循環がん細胞)の解析に注目が集まっている. がんの転移は, 原発腫瘍もしくは転移腫瘍の組織から遊離した細胞が, 血液系やリンパ管に侵襲し, その流れに乗って別の臓器で新たな腫瘍を形成することで起こる. したがって, 血液中の CTC を解析することにより, 従来の画像診断やバイオマーカー検査では困難であった, がん転移の可能性の評価, 治療効果のモニタリング, 最適な抗がん剤・分子標的抗の選択の補助などが可能となると期待されている.

そこで本論文では, 血液中の CTC を診断するうえで, コンピュータによる定量的な解析を可能とすべく, 顕微鏡画像から細胞候補領域を自動で抽出する手法の開発を行う. 提案手法は大きく三つのステップで構成される. 具体的には, まず第一ステップでは, Saliency Map により, 顕微鏡画像から細胞候補領域を抽出する. 次に第二ステップでは, SVM による学習済みパターン認識モデルにより, 抽出された細胞候補領域が, 単一細胞か否かを識別する. 最後に第三ステップでは, 第二ステップで単一細胞ではないと識別された領域を対象に, Branch and Bound Algorithm により, 2つまたはそれ以上の細胞が密に隣接している細胞同士の分割を行う. 本論文では, 1症例分の画像 540 枚に対して提案手法を適用し, TP(True Positive : 真陽性) 99.04[%], FP(False Positive : 偽陽性) 3.95[%]という結果を得た.



実験結果

