

早期相・晚期相からのCT値分布推定による肝臓領域抽出手法の開発

林 雄一郎[†] 出口 大輔^{††} 松岡 寿典^{††} 北坂 孝幸^{††} 森 健策^{††}目加田慶人^{†††} 末永 康仁^{††} 長谷川純一^{†††} 鳥脇純一郎^{†††}[†] 名古屋大学大学院工学研究科 〒464-8603 名古屋市千種区不老町^{††} 名古屋大学大学院情報科学研究科 〒464-8603 名古屋市千種区不老町[†] 中京大学生命システム工学部 〒470-0393 愛知県豊田市貝津町床立101

E-mail: †{yhayashi,ddeguchi}@suenaga.m.is.nagoya-u.ac.jp

あらまし 本手法では、早期相と晚期相のCT画像より得られる2次元ヒストグラムから肝臓に対応するCT値分布を自動的に推定することで肝臓領域を抽出する。まず、早期相と晚期相のCT像を非剛体レジストレーションにて位置を合わせた後、2次元ヒストグラムを作成する。この2次元ヒストグラムが肝臓、脾臓、筋肉およびその他の分布からなる正規混合分布であると仮定し、EMアルゴリズムを用いてそれぞれの分布のパラメータを推定する。推定結果から肝臓抽出のしきい値を決定し、しきい値処理でだまかな肝臓領域を得る。最後に、早期相・晚期相それぞれの時相で輪郭を修正することで最終的な肝臓領域を得る。本手法を腹部X線CT像23例に対して適用した結果、肝臓領域が良好に抽出可能であることを確認した。

キーワード 肝臓領域, EMアルゴリズム, ダイナミックCT, セグメンテーション, コンピュータ支援診断

A method for extracting liver regions by estimating CT value distributions from early and late arterial phase CT images

Yuichiro HAYASHI[†], Daisuke DEGUCHI^{††}, Hisanori MATSUOKA^{††}, Takayuki KITASAKA^{††},Kensaku MORI^{††}, Yoshito MEKADA^{†††}, Yasuhito SUENAGA^{††},Jun-ichi HASEGAWA^{†††}, and Junichiro TORIWAKI^{†††}[†] Graduate School of Engineering, Nagoya University

Furo-cho, Chikusa-ku, Nagoya, 464-8603 Japan

^{††} Graduate School of Information Science, Nagoya University

Furo-cho, Chikusa-ku, Nagoya, 464-8603 Japan

[†] School of Life System Science and Technology, Chukyo University

101 Tokodachi, Kaizu-cho, Toyota, 470-0393 Japan

E-mail: †{yhayashi,ddeguchi}@suenaga.m.is.nagoya-u.ac.jp

Abstract This paper describes a method for extracting liver regions by estimating CT value distributions from early and late arterial phase CT images. We perform nonrigid volume registration of early and late arterial phase CT images and create joint histogram of the images. We assume this distribution as the mixture normal distribution of the liver, spleen, muscle, and others. The EM algorithm is employed to estimate them. The estimated distributions are used for determining the optimum threshold values for extracting liver regions. Finally, we modify the contour of the liver region in each phase CT image. We applied the proposed method to 23 cases of early and late arterial phase CT images. The experimental results showed that the proposed method could extract liver regions satisfactorily.

Key words Liver, EM-algorithm, Dynamic CT, Segmentation, Computer aided diagnosis

1. はじめに

マルチスライス CT 装置の登場により、医療の現場で人体の高精細な画像が大量に得られるようになった。特に肝臓の診断には、通常の非造影の CT 像に加えて造影剤を注入してからの撮影時間が異なる 3 つの時相（早期相、門脈相、晩期相）の CT 像を用いるため、読影する画像のデータ量が膨大なものとなり、医師の負担が非常に大きくなっている [1]。そのため、医師の診断を支援するコンピュータ支援診断システム（Computer Aided Diagnosis; CAD）の開発が望まれている [1], [2]。肝臓の CAD システムでは、病変の検出、過去画像との比較、体積計測などの機能が求められているが、それらの機能を実現するためには多時相 CT 像からの肝臓領域抽出が必要不可欠な前処理となる。多時相 CT 像の中でも、肝細胞がんの診断には早期相と晩期相の CT 像が重要であるため、これら 2 時相の CT 像を用いて肝臓領域を自動抽出する手法の開発が望まれている [3]。そこで、本稿では早期相と晩期相の CT 像を用いて肝臓領域を自動抽出する手法の検討を行う。

これまでにも多時相の CT 像から肝臓領域を抽出する手法がいくつかの研究グループから提案されている [6]~[14]。特に、コンピュータ支援画像診断学会によって肝臓領域抽出コンテスト [4], [5] が開催されるようになってからは盛んに研究されるようになった [8]~[14]。我々もこれまでに早期相・晩期相の CT 像から肝臓領域を抽出する手法を開発してきた [14]。この手法では、最初に晩期相の CT 像から肝臓領域を抽出し、その抽出結果を用いて早期相の CT 像から肝臓領域を抽出する。晩期相における抽出では、CT 値ヒストグラムを解析して肝臓に対応する CT 値の分布を推定することで、肝臓抽出のしきい値を決定していた。晩期相では、脾臓や心臓等の CT 値が肝臓の CT 値と非常に類似しているため、単純なしきい値処理では肝臓領域以外の臓器が過抽出されてしまう。そこで、しきい値処理後に得られた図形に対して距離値に基づく図形分割・統合手法を適用して肝臓と肝臓以外の臓器を分離していた。しかし、肝臓と他臓器との接触面積の大きさや、肝臓の形状によって、肝臓領域に抽出過不足が発生するという問題点があった。

一方、早期相の CT 像では、肝臓領域と比較して脾臓領域や心臓領域の CT 値は高く、それらを区別することは可能である。そのため、早期相と晩期相の CT 像を合わせて利用すれば、脾臓領域や心臓領域を肝臓領域と区別することが可能であり、上述の問題点の解決策の一つになると考えられる。そこで、本研究では早期相と晩期相の CT 像から 2 次元ヒストグラムを作成し、このヒストグラムから肝臓領域の CT 値分布を推定することで肝臓領域を自動抽出する手法の検討を行う。

以下、2. で肝臓領域抽出の方針を示し、3. で具体的な抽出手順について説明する。4. で実験結果について述べ、5. で考察を加える。

2. 肝臓領域抽出の方針

本研究で用いる早期相と晩期相の CT 像の一例と両相画像の濃度値ヒストグラムの形状を模式的に表したものを図 1 に示す。

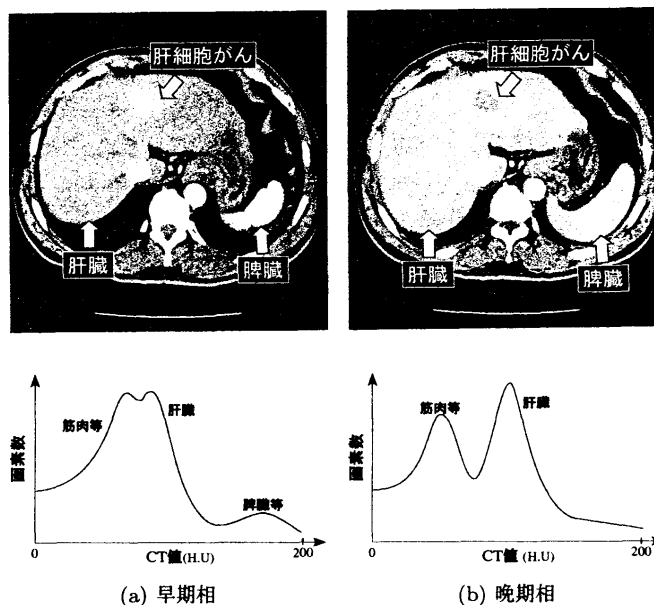


図 1 早期相、晩期相の CT 像と CT 値ヒストグラムの模式図。

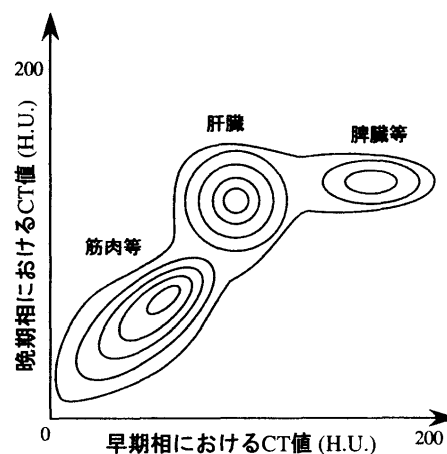


図 2 早期相、晩期相の CT 値の 2 次元ヒストグラムの等高線表示。

ここでのヒストグラムは 0H.U.~200H.U. の範囲で作成したものを示している。早期相は造影剤注入から 35 秒~50 秒後に撮影された画像である。そのため、早期相の CT 像では心臓や動脈が造影剤の影響で高 CT 値を示すが、肝臓領域には造影剤がほとんど浸透していないため、肝臓領域は筋肉等の領域と同程度の CT 値となる。また、脾臓領域は肝臓領域よりも高 CT 値を持つ領域となる。一方、晩期相は造影剤注入から 3~5 分後に撮影された画像である。この時相では造影剤が肝臓領域に一樣に浸透しているため、肝臓領域は筋肉等の領域と比較して高い CT 値となる。しかし、造影剤が抜けた心臓や脾臓の領域は肝臓領域と同程度の CT 値を示す。このように、早期相では、肝臓領域と筋肉領域が同程度の CT 値であり、晩期相では肝臓領域と心臓や脾臓の領域が同程度の CT 値となるため、単時相の CT 値の情報だけでは肝臓領域のみを抽出することは困難である。

そこで本研究では、早期相・晩期相の情報を合わせて利用する。早期相では肝臓領域と脾臓・心臓・血管領域の CT 値には明瞭な差があり、晩期相では肝臓領域と筋肉領域の CT 値が大

大きく異なる。そのため、2時相の情報を用いれば肝臓領域のみを取り出すしきい値を求めることが可能であると考えられる。図2に示すような早期相・晚期相のCT像から作成されるCT値の2次元ヒストグラムには、3つの大きなピークが表われる。この3つのピークはそれぞれ筋肉等の領域、肝臓領域、脾臓や血管等の領域に対応している。そこで、本手法では早期相と晚期相の2次元ヒストグラムからそれぞれのCT値分布を推定して肝臓領域抽出に利用する。

3. 肝臓領域抽出処理手順

本手法では、早期相と晚期相の2時相から、肝臓・筋肉等・脾臓等に対応するCT値の分布を推定し、それらの情報を用いて肝臓領域を抽出する。本手法は、大まかに分けて(1)前処理、(2)早期相と晚期相のCT像のレジストレーション、(3)CT値ヒストグラムの分布解析、(4)肝臓領域粗抽出、(5)輪郭補正、の5つの処理からなる。(1)、(5)では各時相毎に処理を行い、(2)~(4)では早期相と晚期相の2時相を用いて処理を行う。以下、具体的な処理内容を示す。

3.1 前処理

入力画像にメディアンフィルタ(マスクサイズ: $3 \times 3 \times 3$ 画素)を施し、ノイズを除去する。

3.2 2時相のCT像のレジストレーション

文献[15]の非剛体レジストレーションにより早期相と晚期相のCT像の位置合わせを行う。この処理は多くの計算時間を要するため、各軸方向の画素数を4分の1にした縮小画像を用いる。

3.3 CT値ヒストグラムの分布解析

肝臓・筋肉等・脾臓等に対応するCT値の分布は正規分布で、早期相・晚期相のCT値ヒストグラムはそれらの混合分布であると仮定し、EMアルゴリズム[16]を用いることで各領域に対応したCT値の分布を推定する。本処理は、(a)早期相におけるCT値分布の推定、(b)晚期相におけるCT値分布の推定、(c)早期相と晚期相の2次元ヒストグラムからのCT値分布の推定、から成る。早期相のCT値ヒストグラム上では肝臓(筋肉等を含む)と脾臓等に対応する特徴的な分布が現れ、晚期相CT値ヒストグラム上では、肝臓(脾臓等を含む)と筋肉等に対応する特徴的な分布が現れる(図1)。そこで、それぞれの時相において分布を推定することにより、処理(c)におけるEMアルゴリズムでの初期値を自動決定する。

ここで、推定する各分布のパラメータを、混合重み w 、平均値 μ 、分散 σ^2 (もしくは共分散行列 Σ) とし、1次元の場合を $\psi_i = (w_i, \mu_i, \sigma_i^2)$ 、2次元の場合を $\Psi_i = (w_i, \mu_i, \Sigma_i)$ で表す。

3.3.1 早期相におけるCT値分布の推定

早期相のCT値ヒストグラムからEMアルゴリズムにより肝臓領域 ψ_{l_1} と脾臓等の領域 ψ_s の分布を推定する。ここで、EMアルゴリズムの初期値として肝臓領域は $\psi_{l_1}^{(0)} = (0.75, 70, 7.5^2)$ 、脾臓等の領域は $\psi_s^{(0)} = (0.25, 140, 7.0^2)$ を用いる。

3.3.2 晚期相におけるCT値分布の推定

晚期相のCT値ヒストグラムからEMアルゴリズムにより肝臓領域 ψ_{l_2} と筋肉等の領域 ψ_m の分布を推定する。ここで、EMア

ルゴリズムの初期値として肝臓領域は $\psi_{l_2}^{(0)} = (0.5, 100, 5.0^2)$ 、筋肉等の領域は $\psi_m^{(0)} = (0.5, 60, 5.0^2)$ を用いる。

3.3.3 早期相と晚期相からのCT値分布の推定

レジストレーション後の早期相と晚期相のCT値から2次元ヒストグラムを作成する。次に、EMアルゴリズムを用いて肝臓領域の分布パラメータ Ψ_l 、筋肉等の領域の分布パラメータ Ψ_m 、脾臓等の領域の分布パラメータ Ψ_s を推定する。

実際の2次元ヒストグラムにはレジストレーション誤差や推定対象以外の組織によって、今回対象とするもの以外の分布も存在する。これらの分布は推定対象の分布と比較すると、ヒストグラム全体に広く分布している。このような分布が対象分布の推定に悪影響を及ぼすことを防ぐため、EMアルゴリズムの分布推定時に、その他の領域 Ψ_o を加えて4つの正規分布を推定することとする。EMアルゴリズムの初期値、肝臓領域 $\Psi_l^{(0)}$ 、筋肉等の領域 $\Psi_m^{(0)}$ 、脾臓等の領域 $\Psi_s^{(0)}$ 、その他の領域 $\Psi_o^{(0)}$ は以下のように設定する。

$$\begin{aligned}\Psi_l^{(0)} &= \left\{ 0.8 \times \omega_{l_1} \omega_{l_2}, \begin{pmatrix} \mu_{l_1} \\ \mu_{l_2} \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma_{l_1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{l_2}^2 \end{pmatrix} \right\} \\ \Psi_m^{(0)} &= \left\{ 0.8 \times \omega_m, \begin{pmatrix} \mu_m \\ \mu_m \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma_m^2 & 0.5\sigma_m^2 \\ 0.5\sigma_m^2 & 4\sigma_m^2 \end{pmatrix} \right\} \\ \Psi_s^{(0)} &= \left\{ 0.8 \times \omega_s \omega_{l_2}, \begin{pmatrix} \mu_s \\ \mu_{l_2} \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma_s^2 & 0 \\ 0 & 9^2 \end{pmatrix} \right\} \\ \Psi_o^{(0)} &= \left\{ 0.2, \begin{pmatrix} \mu_m \\ \mu_m \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} 50^2 & 0.5 \times 50^2 \\ 0.5 \times 50^2 & 50^2 \end{pmatrix} \right\}\end{aligned}$$

3.4 肝臓領域粗抽出

3.3で求めた分布パラメータ Ψ_l 、 Ψ_m 、 Ψ_s を用いて大まかな肝臓領域を抽出する。まず、推定した肝臓領域の分布パラメータ Ψ_l を用いて肝臓領域を抽出するしきい値を決定し、しきい値処理により初期肝臓領域を抽出する。しかし、推定した肝臓領域の分布パラメータ Ψ_l を用いたしきい値処理だけでは肝細胞がん領域を肝臓領域に含めることができない。そこで、肝細胞がん候補領域を抽出して肝臓領域に追加する処理を加える。またレジストレーション誤差等により、肝臓領域以外にも肝臓領域の分布に対応する画素が存在し、多少の過抽出が発生する可能性がある。このような過抽出を防ぐため、筋肉等や脾臓等の領域の分布パラメータを用いて、しきい値処理と図形融合処理によって肝臓外領域を求める。最後に、初期肝臓領域に肝細胞がん候補領域を追加し、肝臓外領域を削除することで、大まかな肝臓領域を抽出する。本処理は、初期肝臓領域の抽出、肝細胞がん候補領域の抽出、肝臓外領域の抽出、領域修正処理、の順に行う。

以後の処理では、2時相間で対応する画素の早期相でのCT値 v_1 、晚期相でのCT値 v_2 からなるベクトル $\mathbf{x} = (v_1, v_2)^T$ を用いる。また、3.3で求めた分布パラメータ μ_i と Σ_i の要素を、

$$\boldsymbol{\mu}_i = \begin{pmatrix} \mu_{i1} \\ \mu_{i2} \end{pmatrix}, \quad \boldsymbol{\Sigma}_i = \begin{pmatrix} \sigma_{i11}^2 & \sigma_{i12}^2 \\ \sigma_{i21}^2 & \sigma_{i22}^2 \end{pmatrix} \quad (1)$$

と記述し、ベクトル \boldsymbol{x} と分布 Ψ_i の平均値 $\boldsymbol{\mu}_i$ とのマハラノビス距離を $d_i(\boldsymbol{x})$ を

$$d_i(\boldsymbol{x}) = (\boldsymbol{x} - \boldsymbol{\mu}_i)^T \boldsymbol{\Sigma}_i^{-1} (\boldsymbol{x} - \boldsymbol{\mu}_i) \quad (2)$$

とする。

3.4.1 初期肝臓領域の抽出

次の条件を満たす画素を初期肝臓領域として抽出する。

$$d_i(\boldsymbol{x}) < d_i((\mu_{i1} - 1.5\sigma_{i11}, \mu_{i2} - 1.5\sigma_{i22})^T) \quad (3)$$

3.4.2 肝細胞がん候補領域の抽出

肝細胞がん領域は、早期相の CT 像上では肝臓領域よりも高い CT 値を示し、晩期相の CT 像上では肝臓領域より低い CT 値を示す (図 1)。そこで、肝臓領域の分布パラメータ Ψ_l を用いて、次の条件を満たす画素を肝細胞がん候補領域として抽出する。

$$(\mu_{l1} + \sigma_{l11} < v_1 < 300) \wedge (0 < v_2 < \mu_{l2}) \quad (4)$$

肝細胞がん領域の一部が壊死している場合は上記の条件のみでは全てを抽出できない。壊死の領域は肝臓領域より低く、筋肉領域と異なる CT 値を示すため、次の条件を満たす画素を壊死の領域として肝細胞がん領域に加える。

$$(20 < v_1 < \mu_{l1} - \sigma_{l11}) \wedge (20 < v_2 < \mu_{l2} - \sigma_{l22}) \\ d_m(\boldsymbol{x}) > d_m((\mu_{m1} - 1.5\sigma_{m11}, \mu_{m2} - 1.5\sigma_{m22})^T) \quad (5)$$

得られた領域に対して Opening 処理と Closing 処理を行う。この段階で得られる領域には、肝細胞がん以外の領域も含まれている。そこで、肝細胞がん領域が球形状であることを利用して肝細胞がん領域のみを取り出す。具体的には、抽出した領域に対してラベリング処理を行い、各連結成分においてその体積からその領域が球である場合の半径を計算する。求めた半径の球を連結成分の重心が中心となるように配置し、連結成分の画素のうち球内に存在するものの割合を計算する。この値が一定以下の連結成分は球形状ではないとみなして削除する。これによって得られた領域を最終的な肝細胞がん候補領域とする。

3.4.3 肝臓外領域の抽出

筋肉領域の分布パラメータ Ψ_m と脾臓領域の分布パラメータ Ψ_s を用いて肝臓外領域を抽出する。また、脂肪や骨の領域や空気領域も肝臓外領域に加える。この処理は先ほど抽出した肝細胞がん候補領域を除いた領域に対して行う。筋肉領域として次の条件を満たす画素を抽出する。

$$d_m(\boldsymbol{x}) < d_m((\mu_{m1} - 3.0\sigma_{m11}, \mu_{m2} - 3.0\sigma_{m22})^T) \\ d_l(\boldsymbol{x}) > d_l((\mu_{l1} - 2.0\sigma_{l11}, \mu_{l2} - 2.0\sigma_{l22})^T) \quad (6)$$

また、脾臓領域として次の条件を満たす画素を抽出する。

$$d_s(\boldsymbol{x}) < d_s((\mu_{s1} - 3.0\sigma_{s11}, \mu_{s2} - 3.0\sigma_{s22})^T) \\ d_l(\boldsymbol{x}) > d_l((\mu_{l1} - 2.0\sigma_{l11}, \mu_{l2} - 2.0\sigma_{l22})^T) \quad (7)$$

さらに、脂肪領域として

$$(-150 < v_1 < -10) \vee (-150 < v_2 < -10) \quad (8)$$

を満たす画素を、骨領域として

$$(200 < v_1) \vee (200 < v_2) \quad (9)$$

を満たす画素を肝臓外領域に追加する。得られた領域に対して、Opening 処理, Closing 処理, 穴埋め処理を行い、画素数が最大の連結成分のみを残す。これにより、肝臓領域以外で肝臓領域に相当する CT 値を持つ画素を肝臓領域外とすることができる。最後に空気領域を追加して最終的な肝臓外領域とする。

3.4.4 領域修正処理

3.4.1 で抽出した初期肝臓領域に 3.4.2 で抽出した肝細胞がん候補領域を加えて、3.4.3 で抽出した肝臓外領域を削除 (値 0 を代入) する。次に、得られた領域の各画素に対し、その近傍 ($7 \times 7 \times 7$ 画素) 内で凶形画素と背景画素のうち数が多い方の値を代入する。そして、穴埋め処理後に画素数が最大の連結成分を取り出して大まかな肝臓領域を得る。

3.5 輪郭補正

本処理は、早期相と晩期相のそれぞれの時相で行うが、同様の処理を施す。以下では晩期相画像に対する補正処理について述べる。大まかな肝臓領域において背景と 6 近傍で接する画素を境界画素として抽出する。各境界画素毎に、境界画素を中心とする半径 r の球を配置し、球内のすべての原画像の画素値が次の条件を満たす場合、その領域を肝臓領域に加える。

$$(\mu_{l2} - 2.0\sigma_{l22}) < v_2 < (\mu_{l2} + 3.0\sigma_{l22}) \quad (10)$$

球の半径 r を徐々に大きくしながらこの処理を繰り返し、条件を満たさなくなるまで続ける。全ての境界画素に対して適用した結果を最終的な肝臓領域とする。

4. 実 験

本手法をコンピュータ支援画像診断学会から配布されている造影 3 次元腹部 X 線 CT 像データベース [17] の 21 例と第 14 回コンピュータ支援画像診断学会で開催された肝臓領域抽出コンテストの 2 症例に適用した。用いた CT 像の仕様は、スライス内画素数 512×512 画素、スライス枚数 161~464 枚、スライス内画素サイズ 0.546~0.625 mm、スライス厚 1.0~2.0 mm、再構成間隔 0.5~1.0 mm である。計算時間は、CPU: Xeon 3.4GHz \times 2, Memory: 2Gbyte の計算機を用い、1 症例あたり非剛体レジストレーションに約 40 分、肝臓抽出に約 10 分であった。

抽出結果を筆者らが目視により評価した結果を表 1 に示す。抽出領域をスライス像に重ねて表示し、輪郭の抽出精度を目視により評価した。評価として抽出領域に肝細胞がん領域が含まれていなかった場合や大きな抽出過不足が存在した場合は \times 、抽出領域は肝細胞がん領域を含みほぼ良好であるが若干の抽出過不足があった場合には Δ 、抽出過不足はほとんど無く良好に抽出されていた場合は \circ とした。また、結果の一例を図 3 に示す。図中では抽出された領域の輪郭を白色で原画像に重ねて表示している。

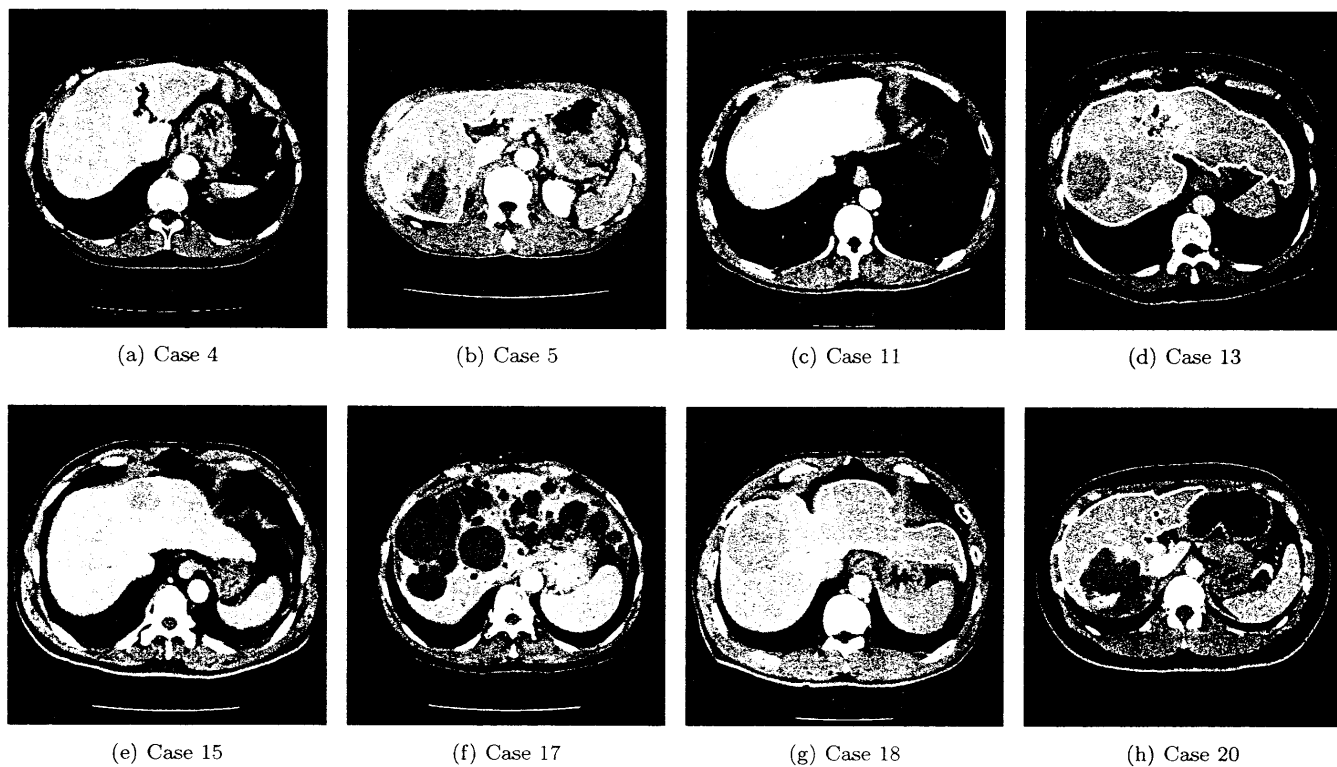


図 3 抽出結果例

表 1 肝臓領域抽出結果に対する目視評価

症例番号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
	○	○	○	○	△	△	○	○	○	△	△	△
症例番号	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	
	○	○	○	△	×	○	○	×	△	△	○	

5. 考 察

表 1 や図 3 からほとんどの症例で本手法により良好に肝臓領域が抽出されていることが確認できる。また、ほぼ全ての症例で肝細胞がん領域は肝臓領域に含まれた。特に従来手法 [14] では肝臓領域に含めることが困難であった Case 5 (図 3(b)) の肝臓辺縁に存在する大きな肝細胞がん領域も本手法では肝臓領域に含めることができた。この肝細胞がん領域は、その内部に壊死した部分も存在しているため複雑な濃淡構造を持つが、本手法の肝細胞がん候補領域抽出では、典型的な肝細胞がん領域が示す濃度値に加え壊死領域が示す濃度値の抽出を行うことで肝細胞がん候補領域を良好に抽出することが可能であった。また、従来手法 [14] では肝臓の形状が一部細くなっているために欠損が生じていた Case 18 (図 3(g)) の左葉の先端部を本手法では抽出できている。従来手法では肝臓領域は一定以上の太さがあると考え、過抽出領域の削除処理において、図形をくぼみ部分で分割した後、接触面積の大きな領域のみを統合していた。そのため、この症例のように肝臓領域の形状が一部細くなっていると抽出できない場合があった。しかし、本手法では基本的に濃度値情報のみで肝臓領域を抽出しているため、このような未抽出は発生しなかった。推定した肝臓領域の分布のパラメー

タのみを用いて肝臓領域を抽出した場合、肝臓領域以外にも肝臓と類似した CT 値を持つ小さな領域が過抽出されることがあるが、本手法では肝臓外領域を設定することで筋肉や腸壁や血管などの過抽出を抑制することが可能であった。これにより、本手法では大きな過抽出は発生しなかった。

一方、評価の悪かった症例は Case 17, 20 であり、それぞれ図 3(f), (h) に抽出結果が示されている。Case 17 は肝臓領域内に多量の嚢胞を持つ症例であり、Case 20 は大きな良性腫瘍が存在する症例であった。嚢胞や良性腫瘍の濃度値が肝臓領域や肝細胞がん候補領域とは異なるために抽出できなかった。このような領域を肝臓領域に含めて抽出するためには、本手法の肝細胞がん候補領域抽出処理のように、肝臓領域抽出の前にこれらの領域を抽出する必要がある。しかし、嚢胞は胆嚢と CT 値が類似しており、CT 値のみを使った処理では胆嚢を過抽出してしまうため、CT 値以外の情報を用いて胆嚢と嚢胞を区別する処理が必要である。その他の未抽出例としては、肝臓領域の一部が欠損する症例があった (図 3(c))。これは、造影むらなどの影響により、肝臓領域内でも推定した肝臓領域の CT 値分布と異なる CT 値を持つ領域が存在したためである。今後は輪郭補正処理等を検討することで、このような造影むらにも対応する必要がある。

本手法では、早期相と晩期相の CT 像から作成される CT 値の 2 次元ヒストグラムから EM アルゴリズムを用いて、肝臓領域、筋肉等の領域、脾臓等の領域の CT 値分布パラメータを推定している。全ての症例でほぼ良好に分布パラメータの推定が可能であった。推定結果の一例を図 4 に示す。特に肝臓領域の CT 値分布の推定結果は、非常に良好であった。この推定結果

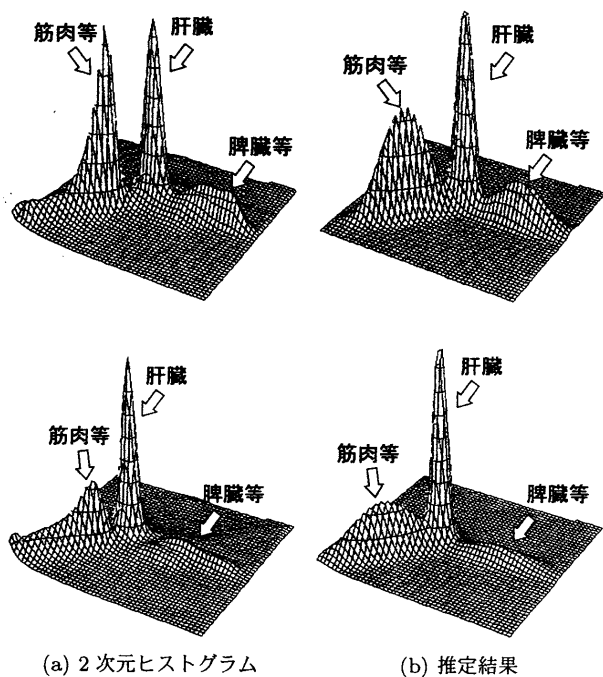


図4 CT値分布推定結果の一例

は肝臓領域抽出のしきい値決定に用いるため、これが良好な抽出結果につながったと考えられる。また、脾臓等の領域についても良好に推定できていることが確認できた。筋肉等の領域に関しては、一部の症例で推定後の分布形状が元（2次元ヒストグラム）の形状と異なっていた。筋肉等の分布には、複数の臓器を含んでいるため、一つの正規分布で表すことができない可能性がある。今後は、複数の正規分布で筋肉等の領域をモデル化し、推定精度の向上を図ることが考えられる。

今回は、早期相と晩期相のヒストグラムを解析して、肝臓領域、筋肉等の領域、脾臓等の領域の分布パラメータを推定することによって肝臓領域を抽出したが、今後は更に詳細に解析することで様々な腹部臓器の抽出も可能であると考えられる。肝臓領域の診断や治療にとって重要な門脈と静脈は早期相と晩期相でCT値が異なるため、今回のヒストグラム解析結果を利用して抽出可能であると考えられる。

6. むすび

本稿では、早期相と晩期相のCT像から肝臓領域を自動抽出する手法について述べた。早期相と晩期相の2次元ヒストグラムから肝臓領域、筋肉等の領域、脾臓等の領域に対応する分布をEMアルゴリズムを用いて推定した。推定した分布のパラメータを用いて、肝細胞がん領域、肝臓外領域、肝臓領域を抽出するしきい値を決定した。これらのしきい値を用いて大まかに肝臓領域を抽出し、最後に輪郭を修正することで肝臓領域を抽出した。腹部X線CT像23例に適用した結果、21例で良好に肝臓領域を抽出可能であった。今後の課題としては、嚢胞領域の抽出、多症例への適用、肝細胞がん抽出への応用、さらに2次元ヒストグラムの解析結果を用いた肝臓内血管の抽出や肝区域の分類などが挙げられる。

謝辞 貴重なCT画像を提供して頂いた国立がんセンター東病院放射線部縄野繁博士、および、有用なコメントを多数頂いたコンピュータ支援画像診断学会肝臓領域抽出コンテストの審査員の先生方に深謝する。日頃ご指導いただく名古屋大学村瀬洋教授、ならびに日頃御討論頂く名古屋大学永末・村瀬研究室諸氏に感謝する。本研究の一部は、文部科学省21世紀COEプログラム「社会情報基盤のための音声・映像の知的統合」、文部科学省・日本学術振興会科学研究費補助金、文部科学省私立大学HRC補助金ならびに厚生労働省がん研究助成金によった。

文 献

- [1] 縄野繁, “読影フィルムが津波のように押し寄せてくる,” CADM News Letter, no.28, pp.12-13, 2001.
- [2] 縄野繁, 清水昭伸, “3次元腹部CT像の画像処理コンテスト,” CADM News Letter, no.31, pp.8-10, 2001.
- [3] 縄野繁, “肝臓抽出コンテストの講評と今後について,” CADM News Letter, no.38, pp.6-7, 2003.
- [4] 清水昭伸, “第二回肝臓領域抽出コンテスト & 肝細胞がん検出プレコンテスト速報,” CADM News Letter no.40, pp.6-8, 2004.
- [5] A.Shimizu and S.Nawano, “Preliminary report of competition for liver regions extraction algorithms from three-dimensional CT images,” Proc. of CARS2004, p.1361, 2004.
- [6] 榎本潤, 堀雅敏, 佐藤嘉伸, 他, “マルチスライスCT画像からの肝臓領域自動抽出,” 電子情報通信学会論文誌 D-II, vol.J84-D-II, no.9, pp.2150-2161, 2001.
- [7] 齊藤剛史, 田村雄太, 金子豊久, “血管形状に基づく肝臓領域の自動抽出,” 電子情報通信学会論文誌 D-II, vol.J86-D-II, No.no.5, pp.633-641, 2003.
- [8] 榎本潤, 佐藤嘉伸, 堀雅敏, 他, “非剛体レジストレーションを適用した多時相腹部造影CT画像からの肝臓領域自動抽出法,” コンピュータ支援画像診断学会論文誌, vol.7, no.4-1, pp.1-9, 2003.
- [9] 一杉剛志, 清水昭伸, 田村みさと, 他, “Level set methodを用いた肝臓領域抽出手法の開発と評価,” コンピュータ支援画像診断学会論文誌, vol.7, no.4-2, pp.1-9, 2003.
- [10] 横山耕一郎, 北坂孝幸, 森健策, 他, “CT値の分布特徴を利用した3次元腹部X線CT像からの肝臓領域抽出,” コンピュータ支援画像診断学会論文誌, Vol.7, No.4-3, pp.1-11, 2003
- [11] 渡辺恵人, 瀧剛志, 長谷川純一, 他, “領域拡張法を用いた多時相腹部X線CT像からの肝臓領域自動抽出手順,” コンピュータ支援画像診断学会論文誌, Vol.7, No.4-4, pp.1-7, 2003
- [12] 清水昭伸, 田村みさと, 小畑秀文, “病変部の濃度特徴に注目した肝臓領域抽出手法の開発,” コンピュータ支援画像診断学会論文誌, vol.8, no.1-1, pp.1-9, 2004.
- [13] 増谷佳孝, 木村文彦, 佐久間一郎, “境界形状の特徴抽出および動径基底関数による形状再構成に基づくX線CT像における肝臓領域の自動抽出と形状モデリング,” コンピュータ支援画像診断学会論文誌, vol.8, no.1-2, pp.10-17, 2004.
- [14] 林雄一郎, 出口大輔, 森健策, 他, “造影3次元腹部X線CT像からの肝臓領域自動抽出手法の開発,” コンピュータ支援画像診断学会論文誌, vol.8, no.1-3, pp.18-30, 2004.
- [15] D.Rueckert, L.I.Sonoda, C.Hayes, et. al., “Nonrigid Registration Using Free-Form Deformations: Application to Breast MR Images,” IEEE Trans. Medical Imaging, vol.18, no.8, pp.712-721, 2001.
- [16] A.P.Dempster, N.M.Laird, and D.B.Rubin, “Maximum Likelihood from Incomplete Data via EM Algorithm,” Journal of the Royal Statistical Society. Series B, vol.39, no.1, pp.1-38, 1977.
- [17] “3次元CT像データベース,” <http://www.tuat.ac.jp/~simizlab/CADM/database.html>