

3次元モフォロジー法による腹部臓器の認識

藤本 秀行[†] 顧 力[†] 金子 豊久[†]

Recognition of Abdominal Organs Using 3D Mathematical Morphology

Hideyuki FUJIMOTO[†], Lixu GU[†], and Toyohisa KANEKO[†]

あらまし 3次元モフォロジーを主に用いた腹部CT (Computing Tomography) 画像から腹部臓器を認識する方法を述べる。腹部での臓器をグループに分類するために腹部での基準点, 正規化座標系を用いて4個の領域が設定される。認識は目標臓器の抽出と認識の二つのプロセスからなる。抽出部では, 差分トップハット法と2値の領域復元法によって臓器領域を抽出する。認識部では, 脊椎と肋骨を認識することにより4個の領域が設定される。3個の領域では濃度値を使って臓器領域を切り出す。肝臓と胃などが接触している領域ではRE (Recursive Erosion) とGI (Geodesic Influence) の二つの手法を用いて接触している臓器を分離する。分離された臓器は大きさ, 位置を用いて認識を行う。実験の結果, 目標臓器名称の認識率は91%であり, 本手法は有効な手法と考える。

キーワード 3次元モフォロジー, 腹部臓器認識, トップハット, 医用画像処理, CT

1. ま え が き

近年, 医療機器の発達によりCT, PET, MRIなど, 様々な医用画像が容易に得られるようになってきた。これらの医用画像を用いて医師の診断を補助するため, 様々な知的処理が研究されている[1]~[3]。3次元画像を用いた応用の一つとして手術シミュレーションが注目されている。この用途は, 医学生の実習・訓練, インフォームドコンセントへの応用などが挙げられる。このような応用においては臓器を別々に取り扱いたいという要求がある。また, 腹部の^{がん}などの自動認識への応用では, 各臓器に別々の検出方法を用いることも考えられ, 腹部臓器の抽出や認識は有用なプロセスである。

従来, 医用画像処理で主に認識を対象とする研究は, 主に脳[5], [6], 乳房[7], [8], 肺[4]など単一の臓器を対象としてきた。これらの研究においては, リージョン Growing法[9]やモフォロジー法[8], [10], Active Cylinder Model法[4]などの手法が提案されているが, 特定の臓器に特化した手法が多く見られる。

本研究では3次元腹部の全領域において主に3次

元数学モフォロジー技術を用いた目標臓器の領域抽出及び認識法を提案する。従来の方法と異なる点は, 特定の臓器だけでなく, 多数臓器を含む広域の3次元領域において多数の臓器を同時に並列的に認識する点にある。

以下, 2. では, 本研究に用いる3次元モフォロジー演算を記述する。3. では腹部臓器の抽出, 認識方法について説明する。4. で実験及び結果を示す。既に前処理と抽出法については本誌[17]に詳しく述べられているので, その部分は重複を避けるため簡単に述べ, 認識部に重点をおく。

2. 3次元モフォロジー

3次元モフォロジーは2次元モフォロジーを拡張したものである。基本的に3次元拡大(Dilation), 3次元縮小(Erosion), 3次元開放(Opening)と3次元閉合(Closing)演算から構成される[11]~[13], [17]。以下本論文で使用する高次の演算について簡単に述べる。

2.1 条件付き拡大演算(Conditional Dilation)

条件付き拡大演算は, 2値のモフォロジー領域復元法[14]の一種であり, 図1に示すように M と V を同じ離散領域で定義される2値画像に作用する。また $M \subseteq V$ を満たす M をマーカ画像と呼び, V をマ

[†] 豊橋技術科学大学情報工学系, 豊橋市
Department of Information & Computer Sciences, Toyohashi
University of Technology, Toyohashi-shi, 441-8580 Japan

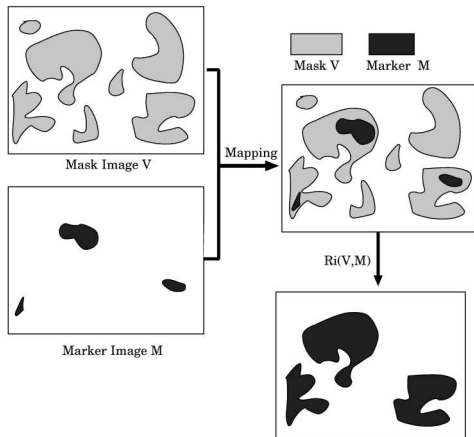


図1 2値の領域復元(条件付きの拡大)演算の概念図
Fig.1 Binary reconstruction - conditional dilation.

スク画像と呼ぶ。マーカ M をマスク V の制限領域内で再帰的に拡大させると、マスク V の外周まで拡大されるが、マーカのない V の領域は復元されない。マーカ M を含む V の領域を抽出することが容易にできる。この演算は本論文では脊椎や肋骨の穴埋めに用いる。

2.2 Top-hats (TT) 及び Differential Top-hats (DTT) 演算

Top-hats [15] 演算は、濃淡画像に対する特徴抽出フィルタである。これは Opening 演算を用いて、構造化要素の大きさ以下の凸部を削りとり、尖った頂上をなだらかにする演算である。またこの差分をとる Differential Top-hats (DTT) は TT を改良したアルゴリズム [16], [17] であり、構造化要素の大きさを少しずつ大きくして、隣接する Tophat 演算結果の差をとる演算である。本論文はこの DTT を前段に用いている。

2.3 再帰的収縮演算 (Recursive Erosion)

図2に示すように、対象領域に対し、Erosion 処理を i 回繰り返すことにより領域を分割する方法である。図2において、原画は $i=0$ で示されており、3回の Erosion を繰り返すことにより、領域は三つのシードに分離される。この演算を3.で述べる接触している左腎、脾臓、胃の分離に使用する。

2.4 Pattern Spectrum

Pattern Spectrum は文献 [11] の7章に詳述されている。Pattern Spectrum を求めることにより、使用した構造化要素に基づいて、入力画像に存在する領域

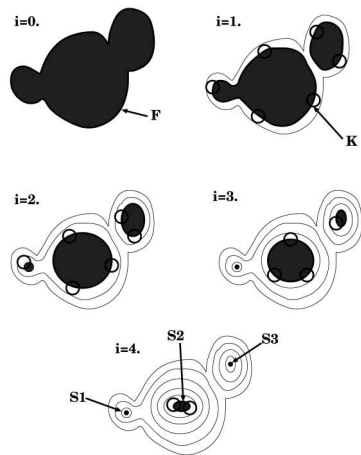


図2 再帰的収縮演算 (RE) の概念図
Fig.2 Recursive erosion.

片(領域でもよいが小さいものも含めることを強調するために片をつけた)の大きさの分布を推定することができる。

3. 臓器の抽出認識手法

使用した5例のCT画像は、内臓の癌の検査のために内臓全体をスキャンしたもので、造影剤を静脈注射により注入して得られたCT画像である。CT画像の画素数は平面方向に 512×512 であり、スライス数は103, 94, 102, 104, 100である。平面方向の画素間隔は.625mm, スライス間隔は2.0mmである。CT画像の各画素値は12ビットであるが、最大値と最小値の間を8ビット(0から255までの値)に変換して用いる。これはCT画像のメモリ領域を圧縮し、計算を早くすることが目的であるが、また我々の対象の臓器領域は8ビットの精度で十分であるともいえる。我々は方向性のない球形の構造化要素を使用するため、スライス方向に直線補間により、2枚を新たに挿入し、平面(x, y 方向)とスライス方向(z 方向)の画素間隔をほぼ等しくした。

3.1 臓器の位置の基準点、正規化及び領域の設定

人間の臓器の位置は人により多少の差異はあるものの大きく変動するものではないと考える。臓器の位置を特定するために基準点と背の高さや太り具合に対する正規化が重要である。背の高さに比例するものとして、脊椎間の距離をとる。また太り具合に対応するために腹部の横幅及び前後の幅をとる。このような座標

系の正規化を行った後、臓器の位置情報を使って四つの領域を設定し、認識を各領域ごとに行う。

3.1.1 基準点の設定

腹部を対象とした場合、基準点として、第 12 胸椎の重心点を選ぶ。この胸椎は、肋骨の最低位を占める第 12 肋骨 2 本に接続しているため認識が容易であり、上述した脊椎と肋骨の自動認識の後、基準点は自動的に設定される。重心点を座標原点として、下方向に z 軸の正方向、水平方向に x, y 軸を設定する。

3.1.2 抽出臓器の正規化

CT 画像は画素の単位で 3 次元座標系が決められているが、本論文では上で決められた座標系で距離や大きさを測定する。これは個人差をなるべく少なくするためである。 x, y 軸の正規化は基準点を含むスライス画像において、縦、すなわち人体の前後方向 (x 軸) と横 (y 軸) の皮膚外形の全長を測定して、図 3 (a) に示すように、各方向の全幅の長さが単位 1 になるように行われる。 x 軸ではほぼ -0.2 から 0.8 の値、 y 軸では -0.5 から 0.5 の値をとる。 z 軸の正規化は同図 (b) に示すように、抽出した基準脊椎の一つ上の脊椎 (第 11 胸椎) の重心点から、基準脊椎の四つ下の脊椎 (第 4 腰椎) の重心点までの長さが単位 1 となるように行われる。各臓器はこの正規化した座標系を用いて、位置及び大きさを計測する。

3.1.3 領域の設定

各対象臓器を認識するためには、正規化された位置情報を用いて、対象臓器を大まかに分別 (または分類) しておく。図 4 に示すように内臓領域に四つの領域 ($H_1 \sim H_4$) を設定し、それぞれの領域に含まれる対象臓器の特徴に応じた認識法を用いる。具体的には領域 H_1, H_2, H_3 では濃度しきい値、領域 H_4 では再帰的収縮演算を用いて行う。この 4 領域は基準点をもとに定義されており、基準点の設定と同様に自動的に行

われる。

領域 H_3 については、領域上部 (肝臓部 H_{31}) と領域下部 (右腎部 H_{32}) に分割する。表 1 に示すように人体下向きに正方向をとった座標軸で H_{31} は 0.44 より上に部分で肝臓のみが含まれる領域であり、 H_{32} は右腎と肝臓の両者が含まれる領域である。またこの表の z_1, z_2 はそれぞれ、正規化後の最初と最後のスライスの位置に相当し、CT 画像により異なる値をとる。

各領域には表 2 に示すように、認識対象臓器と対象外臓器の一部が含まれるが、対象臓器は必ずこの領域にその全体が含まれるように、また対象外臓器はなるべく含まれないように領域を設定する。具体的には例えば H_1 の領域を設定するには大動脈を同定して、それを必ず含む四角柱の各辺の幅と中心座標を決める。この領域は 3 次元 CG でいうバウンディング Box に相当する。表 1 に正規化された座標系での各領域 (直方体) の位置を示す。

3.1.4 左腎、脾臓、胃の大きさと位置

左腎、脾臓、胃は本研究に用いた CT 画像では接触しており、濃度値もほとんど同じであるために、分離が困難である。これらは凸形状をしている性質を用い

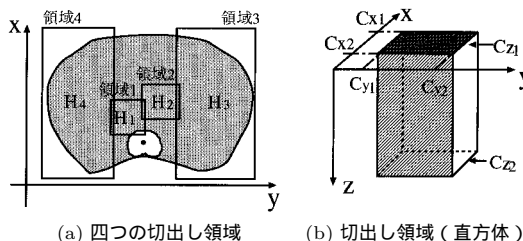


図 4 設定領域
Fig. 4 Preset regions.

表 1 各領域の位置
Table 1 Coordinates of regions.

領域	Cx_1	Cx_2	Cy_1	Cy_2	Cz_1	Cz_2
H_1	0.57	-0.03	-0.17	0.03	z_1	z_2
H_2	0.55	0.20	-0.03	0.13	z_1	z_2
H_{31}	0.0	0.8	0.07	0.5	z_1	0.44
H_{32}	0.0	0.8	0.07	0.5	0.56	z_2
H_4	0.0	0.8	-0.5	-0.09	z_1	z_2

表 2 各領域に含まれる臓器
Table 2 Organs in each region.

領域	認識対象臓器	他の臓器 (一部)
H_1	大動脈	脾臓
H_2	大静脈	肝臓
H_3	右腎	肝臓
H_4	左腎、脾臓、胃	脾臓、肝臓

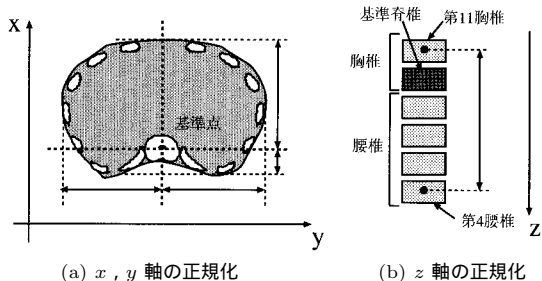


図 3 正規化の方法
Fig. 3 Method of normalization.

て RE (Recursive Erosion) と GI (Geodesic Influence) を用いて分離する．分離後，各分離片の大きさと重心位置を用いて名前を認識するが，これらの値の統計値を目視で分離した臓器をもとに平均値 (μ) 及び標準偏差 (σ) を計算しておく．これらの統計値はガウス分布するものと仮定する．

上に述べた領域の設定及び三つの臓器の大きさと位置の統計値において，5 例の CT 画像で設定を行ったが，より多くの CT 画像を用いれば，より精度の高い領域設定が行える．本研究では CT データの数が少ないために，この 5 個のデータを用いて設定 (学習) を行い，そのうち 4 個を認識に用いたが，元来領域の設定は前もって行われているべきであり，認識に使用したデータは使用されるべきではない．

3.2 臓器領域の抽出法 (抽出部)

臓器領域の抽出部は臓器の候補領域の抽出と臓器領域の復元から構成される [17]．臓器候補領域の抽出では，DTT 法を用いて輝度の高い領域を半径の異なる球状の構造化要素を内接させて求める．図 5 に構造化要素の例 (半径 2 及び 3) を示す．具体的には半径を一つずつ増大させて TT を行い，新しい領域を求め，前領域との差分をとり，その結果をしきい値により 2 値化した画像を一つの画像へ統合する．このように半径を次第に増大させ，ある程度の大きさまで続けることにより臓器候補領域の抽出を行う．この処理では目的とする領域を落とさず抽出し，かつノイズ領域を拾わないようにする．ここに用いるしきい値 (本論文では 0 から 255 のレンジで 10 の値) は実験的に求めたが，使用した CT 画像すべてで有効であった．

抽出部の出力画像は認識対象臓器を含んだ 2 値領域片であるが，各領域片にラベルすなわち名前を付けるのが以下に述べる認識処理である．

3.3 臓器の認識法 (認識部)

認識対象臓器は，大動脈，大静脈，右腎，左腎，脾臓，胃，肝臓の 7 個の臓器とする．下で述べる基準点を選ぶために脊椎 (上部は胸椎と下部は腰椎) と肋骨を加えて認識するため，認識臓器は 9 個ともいえる．

3.3.1 脊椎と肋骨の認識

基準点は脊椎と肋骨を利用して設定されるため，前章で述べたモフォロジー法により抽出した 3 次元画像をもとに，これらの骨を認識する．骨は濃度値が高いため，しきい値 t_1 を用いて容易に抽出できる (このしきい値 t_1 は CT 画像全体のヒストグラムの高い方に現れるピーク値をもとに選ぶ)．しかし，骨の内部

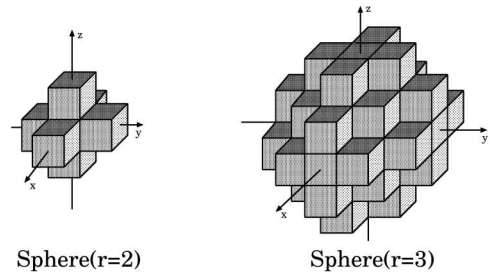


図 5 構造化要素の例 (半径 2, 3)

Fig. 5 Examples of structure elements ($r = 2, 3$).

特に中心部は骨密度が低く，欠損する傾向がある．そこで，少し低いしきい値 t_2 (本論文ではしきい値 t_1 よりヒストグラムで積算 3% に相当する濃度値を引いた値とした．この値は実験的に求めた) を使って，高いしきい値 t_1 を用いて得られた画像を核として，条件付き拡大演算 (2.2 参照) により骨の内部の穴埋めをする．はじめから低いしきい値 t_2 を用いると，不要な部分まで検出してしまいが，低いしきい値で検出された部分でかつ濃度値の高い部分を内包する部分とすることにより，穴埋めされた骨領域が抽出される．

上記の方法でなく Closing により穴埋めをすることも可能であるが，本論文では元来存在する穴まで埋めてしまうことを避けるために上の手法を採用した．

次に脊椎と肋骨の分別は脊椎のサイズが肋骨より大きいことを利用する．これには再帰的縮小演算 (RE) を肋骨の最大半径を少し超える回数行くと，すべての肋骨は消滅するがよりサイズの大きな脊椎部分の中心部は残留する．この中心部を核として，条件付き拡大演算を行うことにより，脊椎が復元される．肋骨は脊椎と肋骨を含む画像から脊椎部分を差し引いた部分として与えられる．このように大きさに差がある物体を再帰的縮小演算 (RE) と条件付き拡大演算の二つのモフォロジー演算により簡単に分離できる．

3.3.2 認識のための前処理及び領域の設定

まず，対象臓器とは考えられない小領域片の除去を行う．抽出部からの出力画像に，半径 n の球体を構造化要素として 3 次元 opening 処理を施す．この球体の半径 n は全臓器の Pattern Spectrum (2.4 参照) を求めることにより設定する．この処理によって半径 n 以下の領域片を除去できる．

脊椎と肋骨を認識することにより，基準点が設定される．次に，この基準点を含むスライスを用いて，既に述べたように横幅と前後の幅を検出して正規化され

た座標系を設定し、この座標系により、四つの領域 H_1 から H_4 が自動的に設定される。

3.3.3 大動脈, 大静脈, 右腎の認識

脊椎に沿って設定された H_1 領域では大動脈, H_2 領域には大静脈が含まれている。これらの臓器は血液の循環量が多いために、他の臓器よりも濃度値が高い。そこで、濃度値しきい値を用いて抽出を行う。 H_1 と H_2 領域での濃度値ヒストグラムは図 6 に示すように、明らかな双峰性を示す。二つのピークの間中間点にしきい値をおくことにより、しきい値より高い領域を抽出し、その領域を H_1 では大動脈とし、 H_2 では大静脈として認識する。

しかし、 H_3 領域での濃度値ヒストグラムは図 7 に示すように、明白な双峰性は見られない場合がある。そこで右腎の濃度値分布は肝臓の濃度値分布よりも濃度が低い傾向があることに着目して、次のような統計的手法によりしきい値を決める。

領域 H_3 全体での計算されたヒストグラムを正規化し $h(u)$ とおく。 u は濃度値、また正規化後、 u のすべての値での $h(u)$ の和が 1. となる。領域 H_3 には右腎と肝臓の一部が含まれている。前者は濃度値が低い値に分布しており、図 7 で大部分を占める低い濃度値の峰に相当し、後者は高い濃度値に分布する裾野部分に相当する。領域 H_3 の上部 H_{31} は、右腎を含まず肝臓のみが存在する領域であることに着目して、領域 H_3 を z 方向に 2 分し、領域 H_3 の上半分の領域 H_{31} で正規化されたヒストグラム $f_2(u)$ を計算しておく。ヒストグラム $h(u)$ と $f_2(u)$ は観測されたものであるが、右腎のみのヒストグラムは観測されない。そこで右腎の正規化されたヒストグラムを $f_1(u)$ とおくと、この 3 個のヒストグラムの間で、次の近似式が成立する。

$$h(u) \approx (1-p)f_1(u) + pf_2(u) \tag{1}$$

この p は領域 H_3 における肝臓片の占める割合、 $(1-p)$ は右腎の割合といえる。

割合 p は次のようにして求める。まず、肝臓ヒストグラム $f_2(u)$ における u の取り得る範囲 (図 7) を読み取る。この範囲で差分 $(h(u) - pf_2(u))$ の 2 乗を最小にするような割合 p を求める。したがって上の近似式を使って、右腎のヒストグラム $f_1(u)$ は次式で与えられる。

$$(1-p)f_1(u) \approx h(u) - pf_2(u) \tag{2}$$

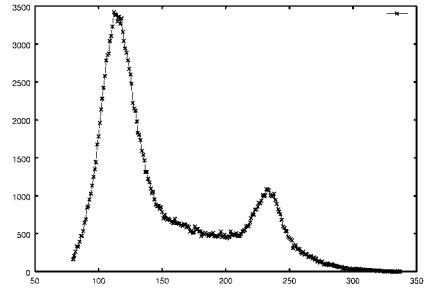


図 6 領域 H_1 の histogram 横軸：濃度値、縦軸：頻度
Fig.6 Histogram of H_1 .

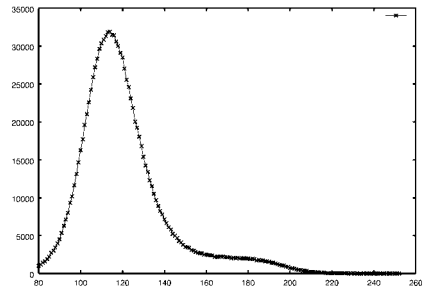


図 7 領域 H_3 の histogram 横軸：濃度値、縦軸：頻度
Fig.7 Histogram of H_3 .

ただし、 $f_1(u) < 0$ のとき $f_1(u) = 0$ 。

最後に、右腎と肝臓を分離する最適なしきい値 t は次式で与えられる。

$$p \sum_{u=0}^t f_2(u) \approx \sum_{u=t}^{255} (1-p)f_1(u) \tag{3}$$

左の値はしきい値 t を与えたとき、右腎の部分の中、誤って肝臓と認識される確率、右の値は肝臓の部分の中、誤って右腎と認識される確率であり、両者が同じ値になるとき、最適なしきい値 t が決定される。したがって、右腎領域は、領域 H_{32} において、このしきい値 t 以下の値をとる領域である。

3.3.4 左腎, 脾臓, 胃の認識

領域 H_4 に含まれる三つの臓器は接触している場合が多く、また各臓器の濃度値の差が少なく、しきい値による分離が困難である。このため、RE と GI の二つの手法を組み合わせで分離する。この手法を図 2 に示すように 2 次元図を用いて説明する。まず 2.3 で述べた再帰的収縮演算 (RE) を行い、残った seed までの回数を記憶しておく。これらの seed をもとに GI を施す。この処理により、近傍の二つの seed から記憶

した回数だけ拡大した場合この二つの領域が交わる領域を seed にほぼ直角となる方向で 2 分する線が分離線となる．具体的には上記の記憶回数で交わる点，それより 1 回少ない回数で交わる点というように円弧を狭めて交差する点を接続して得られる点列が分離線となる．

上に述べた方法を 3 次元に拡張して，接触している三つの臓器の分割を行った．領域 H_4 で取り出した臓器領域に対して，15 回の RE (すなわち，半径 9.3 mm (= 15×0.625 mm) 以下の臓器片は削り取り消去する) を行う．再帰的収縮演算の定義では，Erosion の繰返し回数 i は，各 seed のいずれかが，Erosion 処理によりすべて除去される一つ前までの回数を記憶しておく．分離面は各 seed から記憶されている回数だけ拡大してできる共通領域を 2 分する面が分離面となる．この出力には左腎，脾臓，胃以外の臓器も含まれているため，大きさ及び位置を用いて，出力された各領域片がどの臓器に最も類似しているか，これらの値の統計値をもとにゆう度 (likelihood) を計算して認識する．

3.3.5 肝臓の認識

肝臓は既に述べた 6 個の臓器の認識を行った後，抽出した臓器からこの 6 個の臓器を除外した領域片の中で連続した最大領域とする．

4. 実 験

4.1 CT 画像

実験は 5 例の中，4 例 (#1~#4) の CT 画像を使用した．肝臓，腎臓などに癌の疑いのある患者の CT であり，造影剤を注入後，撮影されたものである．

4.2 抽出，認識対象臓器

腹部臓器において，抽出，認識を行う対象臓器を表 3 に示す．表 3 において，印のものを抽出，認識の対象臓器とし，他は対象外臓器とする．

4.3 臓器認識実験

4.3.1 前 処 理

DTT により抽出した出力画像に 3 次元 Opening 処理により，まずノイズと考えられる小領域を除去した．この Opening 処理は，半径 $n = 5$ の球体構造化要素を用いた．この半径 $n = 5$ の値は，抽出臓器の Pattern Spectrum (図 8 参照) から得られた値で，抽出すべき臓器のサイズより小さくとった．図 8 の横軸は構造化要素のサイズ，縦軸は頻度であり，いくつかのピークは図中に示した臓器に相当するものと考えられる．前処理の結果を図 9 に示す．この図は，処理結果

表 3 抽出，認識対象臓器

Table 3 Organs for segmentation and recognition.

臓器	抽出	認識	臓器	抽出	認識
脊椎			脾臓		
肋骨			胃		
大動脈			肝臓		
大静脈			膀胱		-
腎臓			心臓		-
骨盤		-	腸	-	-

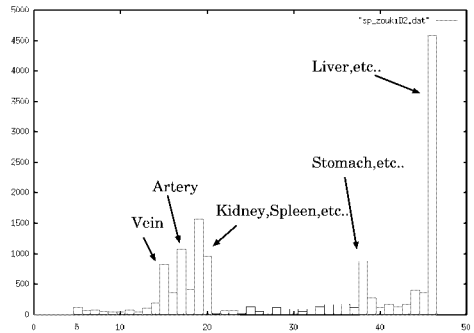


図 8 Pattern spectrum の調査結果 (CT 画像 #2)
Fig. 8 Observed pattern spectrum.

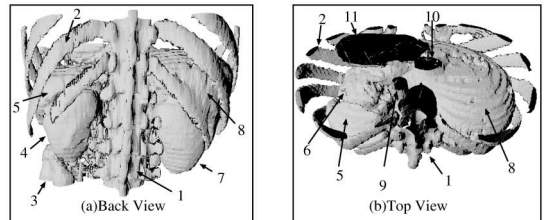


図 9 臓器の抽出結果 (CT 画像 #2) (1. 脊柱 2. 肋骨 3. 骨盤 4. 左腎 5. 脾臓 6. 胃 7. 右腎 8. 肝臓 9. 大動脈 10. 大静脈 11. 心臓)

Fig. 9 Segmentation result of organs.

の 2 値の 3 次元画像から，マーチン・キューブ法を用いて作成した 3 次元表面形状で，人体の後方及び上方から見た図である．腹部臓器の中，大腸，小腸を除く全目標臓器が抽出されていることを確認した．

4.3.2 大動脈，大静脈，右腎の認識

領域 H_1, H_2, H_3 では濃度値ヒストグラムを観測し，構成する二つの分布を推定し，最適しきい値を定めることにより各対象臓器の認識を行った．図 10 に大動脈，大静脈，右腎の認識結果を示す．

4.3.3 左腎，脾臓，胃の認識

この 3 個の臓器は接触しているため分離する必要がある．図 11 (a) に領域 H_4 で抽出された臓器を示す．これに $i = 15$ 回の RE を適用した結果を図 11 (b) に



図 10 大動脈, 大静脈, 右腎の認識結果 (CT 画像#2)
Fig. 10 Recognition result of main artery, vein, and right kidney.

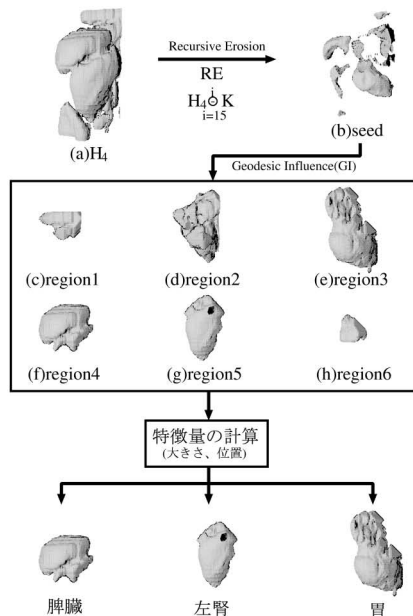


図 11 左腎, 脾臓, 胃の認識結果 (CT 画像#2)
Fig. 11 Recognition result of left kidney, spleen, and stomach.

示す. この seed 群をもとに GI を行い, 領域を分離すると, 六つの臓器片 (図 11 (c) ~ (h)) が出力される. 各片の大きさや重心位置を計算する. 大きさ及び位置は平均 (μ) と標準偏差 (σ) をもとに独立のガウス分布を仮定し, ゆう度 (likelihood) の最も高い臓器を認識臓器とした.

4.3.4 最終結果

表 4 に, CT 画像#1 ~ #4 の臓器の認識結果を示す. 表中の「 \square 」は正解, 「 \times 」は認識不正解を示す. また「-」は, 臓器抽出時に対象臓器が, 一部あるいは全体が含まれていない CT 画像を示す (臓器が切除された患者がいるため). 本実験では「-」の臓器は認識対象外とした. 表 4 では, 認識対象臓器は 34 個あり, そのうち 31 個の臓器の名前が正しく認識されており,

表 4 臓器の認識結果 (CT 画像#1 ~ #4)
Table 4 Recognition result of organs.

対象臓器	#1	#2	#3	#4
脊柱				
肋骨				
大動脈				
大静脈	\times			\times
右腎			-	
左腎				-
脾臓				
胃	\times			-
肝臓, etc				

臓器の名前の認識率は 91% である.

認識できなかった臓器は CT 画像#1 と #4 の大静脈と, #1 の胃であった. C 画像#1 と #4 の大静脈については, 造影剤の密度が十分でなく, 双峰性のヒストグラムが得られなかったことが原因であった. 今後, 双峰性が観測されない場合対応できる方法を考える必要がある. 一方, CT 画像#1 の胃は, 肝臓に広く接触して 1 個の凸物体をなし, 再帰的収縮演算 (RE) の際に 2 領域に分離できなかったことが原因であった. RE と GI の組合せで分離できないときにとる方法を考案する必要がある.

認識された領域が画素単位で目視で同定された領域とどれほどの差についてかは, 左腎, 脾臓, 胃以外は極めて小さい (数%以内) ことが確認されているが, 左腎, 脾臓, 胃では接触していることもあり, 大きくなる傾向が見られ, 今後定量的に分析し, 差を小さくする方法を重要な課題として検討したい.

5. むすび

腹部 CT を用いて, 脊柱, 肋骨を除く 7 個の臓器の, 3 次元モフォロジー技術を用いた自動認識法を提案した. 臓器の抽出部では, DTT (差分 Top-hats) 法を用いた. 腹部での基準点, 正規化法を提案し, この座標系を使って臓器を分別 (グループ化) する方法を提案した.

認識部では, 内臓部を四つの領域に分ける方法を提案し, 大動脈, 大静脈, 右腎については, しきい値法を用いることにより容易に認識できることを確認した. 接触している左腎, 脾臓, 胃については RE, GI 法を用いて分離する手法が有効であり, また分離した臓器片を認識するには, 大きさと位置に関する知識が利用できることを示した.

現在, 認識対象臓器は, 脊椎, 肋骨, 大動脈, 大静脈, 腎臓 (二つ), 脾臓, 胃, 肝臓の計 9 臓器として

いるが、脾臓などの他臓器の認識も必要となってくると考えられる。本研究で用いた CT 画像は肝臓を除いて、全臓器が完全に含まれているが、対象臓器の一部分しか含まれていない場合に対応できる認識法が望まれる。

用いた CT 画像が 5 個（認識はその中 4 個）と少ないので、更に多くのデータにより、性能を上げていきたい。今後、この認識システムを手術シミュレーション及び、個別臓器の癌の自動検出に応用する予定である。

文 献

- [1] 鳥脇純一郎（編），“次世代医用画像技術論文特集” 信学論（D-II），vol.J83-D-II，no.1，Jan. 2000.
- [2] 周 欣欣，安田孝美，横井茂樹，鳥脇純一郎，泉田良一，“股関節整形手術における人工股関節置換支援システム” 信学論（D-II），vol.J76-D-II，no.2，pp.374-381，Feb. 1993.
- [3] 山本真司，田中一平，千田昌弘，館野之男，飯沼 武，松本 徹，松本満臣，“肺癌検診用 X 線 CT（LSCT）の基本構想と診断支援用画像処理方式の検討” 信学論（D-II），vol.J76-D-II，no.2，pp.250-260，Feb. 1993.
- [4] 奥村俊昭，三輪倫子，奥本文博，増藤信明，山本真司，松本満臣，館野之男，飯沼 武，松本 徹，“肺がん検診用 CT（LSCT）の診断支援システム” コンピュータ支援画像診断学会論文誌，vol.2，no.3，1998.
- [5] 石川聖二，後藤昌昭，ブレドラグミノヴィッチ，佐藤圭一，加藤清史，“CT 像に基づく頭部形状の 3 次元対称性解析” 信学論（D-II），vol.J76-D-II，no.2，pp.334-341，Feb. 1993.
- [6] 川原敏一，坂本雄児，ザナムシイワ，“テクスチャ領域の大きさを可変とした MRI からの臓器自動抽出法” 信学論（D-II），vol.J80-D-II，no.7，pp.1651-1658，July 1997.
- [7] 金 華栄，小畑秀文，“乳房 X 線像における悪性腫瘤影の自動検出” 信学論（D-II），vol.J76-D-II，no.2，pp.288-295，Feb. 1993.
- [8] 磯部義明，大久保なつみ，山本真司，鳥脇純一郎，小畑秀文，“孤立性陰影抽出用 Quoit フィルタの性質とその乳癌 X 線陰影抽出への応用” 信学論（D-II），vol.J76-D-II，no.2，pp.279-287，Feb. 1993.
- [9] 佐野耕一，及川道雄，磯部義明，“リージョンローイング法による軟部組織の抽出と 3 次元表示” Medical Imaging Technology，vol.12，no.4，pp.379-383，1994.
- [10] K.H. Höhne and W.A. Hanson，“Interactive 3D segmentation of MRI and CT volumes using morphological operations,” J. Computer Assisted Tomography，vol.16，no.2，1992.
- [11] 小畑秀文，モルフォロジー，コロナ社，1996.
- [12] P.K. Ghosh and R.M. Haralick，“Mathematical morphology of three-dimensional objects, the slope diagrammatic approach,” Proc. SPIE-Int. Soc. Opt. Eng.，no.2060，pp.2-13，1993.
- [13] F. Cheng and A.N. Venetsanopoulos，“Feature ori-

ented image sequence processing and 3D adaptive morphology - Fast algorithm and applications,” Proc. SPIE-Int. Soc. Opt. Eng.，no.1702，pp.88-99，1992.

- [14] L. Vincent，“Morphological grayscale reconstruction in image analysis: Applications and efficient algorithms,” IEEE Trans. Image Processing，vol.2，no.2，pp.176-201，April 1993.
- [15] F. Meyer，“Contrast feature extraction,” in Quantitative Analysis of Micro-structures in Material Sciences, Biology and Medicine, ed. J.-L. Chermant, Special Issue of Practical Metallography, Riederer Verlag, Stuttgart, Germany, 1978.
- [16] 顧 力棚，田中直樹，金子豊久，R.M. Haralick，“表紙画像からの文字領域抽出方式” 信学論（D-II），vol.J80-D-II，no.10，pp.2690-2704，Oct. 1997.
- [17] 顧 力棚，金子豊久，“3D モルフォロジーを用いた腹部臓器の抽出法” 信学論（D-II），vol.J82-D-II，no.9，pp.1411-1419，Sept. 1999.
- [18] I. Pitas and A.N. Venetsanopoulos，“Mathematical shape decomposition,” IEEE Trans. PAMI，vol.12，no.1，pp.38-45，1990.

（平成 12 年 3 月 27 日受付，10 月 2 日再受付）



藤本 秀行（学生員）

1997 豊橋技科大・工・情報卒。同大大学院修士課程在学中。医用画像処理に関する研究に従事。



顧 力棚（正員）

昭 64 中国龍商院・工卒。平 8 神戸商船大・工・情報修士課程了。現在、豊橋技科大電子情報工学博士課程に在学中。パターン認識・画像処理に関する研究に従事。



金子 豊久（正員）

1962 東大・工・電気卒。1964 同大大学院電気工学専攻修士課程了。1970 プリンストン大学電気工学科博士課程了（Ph.D.），同年 IBM 入社ワトソン研究所研究員，1982 日本 IBM 東京基礎研究所に移り，東京サイエンティフィックセンター長など歴任，1994 豊橋技術科学大学情報工学系教授。主に医用画像処理と CG の応用に関する研究に従事。ACM，IEEE 各会員。