

研究論文

多時相腹部 X 線 CT 像の 時相間濃度特徴計測に基づく肝臓がん検出

脇田 悠樹*¹ 目加田 慶人*² 林 雄一郎*¹
井手 一郎*¹ 村瀬 洋*¹

要旨 本論文では、2 画像の濃度変化パターン解析に基づく腹部 X 線 CT 像からの肝臓がん検出手法を提案する。肝臓の診断では、通常の診断の CT 像に加えて、造影剤注入後の撮影時間が異なる 3 つの画像（早期相、門脈相、晩期相）を用いる。特に、早期相と晩期相の画像は、がんがはっきりと造影されることから、肝臓がん診断の重要な診断画像である。そこで、提案手法では早期相と晩期相の 2 画像の濃度変化特徴に着目する。最初に晩期相から周囲より濃度の低い領域を可変近傍型差分処理で候補領域を抽出し、次に早期相と晩期相の濃度変化を関心領域内での分布特徴として評価し、拾い過ぎ領域の削減を行う。本手法を多時相 X 線 CT 像 21 例に対して適用した結果、肝臓がんの検出率 100%のときに拾いすぎ領域は症例あたり 0.3 個であった。

Key words : Multi-dimensional image, Non-rigid registration, Liver cancer, Dynamic CT images

1. はじめに

がんの早期発見の手段として、超音波や X 線 CT、MRI などの画像診断の果たす役割は非常に大きい。特に X 線 CT は、他の画像診断に比べ検査費や検査所要時間、画像の質などの面において実用的な検査方法であるため、現行における主要な検査手段となっている。肝臓の診断においても、X 線 CT が用いられているが、通常の撮影方法では、がんの有無や個数、形状などについて明確な所見を得ることが難しいため、造影剤による血管造影と X 線 CT を組み合わせたダイナミック CT と呼ばれる撮影方法が広く利用されている [縄野 01]。

ダイナミック CT による検査は、造影剤を注入後に経時的に撮像した 3 つの時相画像（早期相、門脈相、晩期相）を用いて病変を診断する方法であり、非造影 CT による診断では発見しにくい肝腫瘍の診断に有効である [縄野 01, 山下 00]。肝腫瘍は、この 3 つの時相において固有の造影変化が現れることが分かっており、医師はその造影パターンを見て腫瘍の有無や良悪性鑑別を行う。この方法では、複数の時相画像の経時変化を比較読影する必要があるのであるため、患者一人あたりに要する読影量は通常の撮影の数倍に膨れ上がることとなる。さらに、CT 装置の高精度化に伴い、一度に撮影されるデータ量が激増しているため、読影負担は深刻な問題となっている。このような状況下で、医師が短時間に肝臓がんを見落とすことなく診断できる環境の整備が早急に必要なとされ、計算機支援診断 (CAD:Computer Aided

Diagnosis) システムの開発に対する要望が高まっている。そこで、本稿では肝臓を対象とした CAD システムの開発を目指し、ダイナミック CT から肝臓がんを検出する、存在診断支援システムのための基本手法を提案する。

これまでも、ダイナミック CT から肝臓がんを抽出する研究が行われている [榎本 00, 石黒 03, 中村 04]。これらの研究はいずれも、各時相画像上で造影特徴を利用して個別にがん候補領域を検出した後、がん候補領域の CT 値や形状特性など複数の特徴量を利用して拾い過ぎ領域を削減している。しかし、拾い過ぎ領域の削減に使用する特徴量の計測は、いずれも各時相画像上で独立に行ったものであり、造影パターンをもとに複数の時相間の濃度変化情報を利用した特徴の定量化は行われていなかった。また、文献 [Watanabe05] では、非造影画像も含めた 4 つの時相画像に対して人手による位置あわせを行った後に、画素単位での濃度変化パターンを用いて病変の検出を行っている。比較的良好な結果を得ているものの、病変特有の濃度変化パターンを学習する方法が確立していないという問題もある。

そこで、本論文では、ダイナミック CT で撮影された 3 つの時相画像から、がんが明瞭に造影される早期相と晩期相の画像のみを用い、その濃度情報を同時に利用することで拾い過ぎ削減を図る。

以下、2. ではダイナミック CT 画像における腫瘍の画像特徴と診断指針を、3. では提案手法について述べた後、4. において実際の症例に適用した結果を示す。

投稿受付：2005 年 6 月 2 日
最終稿受付：2006 年 9 月 11 日
採用決定日：2006 年 10 月 11 日

2. 肝臓がんの画像特徴と検出方針

ダイナミック CT では造影剤を血管に注入後、経時的に X 線 CT で撮影することにより血管に入った造影剤の動向を知ることができる。一般に、肝臓の診断では、造影剤を注入後、特徴的所見が得られる 3 つの時相（早期相、門脈相、晩期相）で撮影する。造影剤を静脈から注入すると、肺や心臓を経た後に大動脈を通り、肝動脈へと流れる。肝動脈に到達した造影剤は徐々に肝実質へと浸透していく。造影剤が肝実質へ染み出す頃、門脈からも遅れて造影剤が流れ込む。門脈から流れ込んだ造影剤も徐々に肝実質へと染み出し、時間が経過するにつれ肝臓全体へと広がり、最終的に造影剤濃度が均一な平衡状態となる。この状態は造影剤が肝静脈を経て腎臓より排泄されるまでの 10 分以上の間持続する。肝臓がんは、周辺の正常組織と比較して、早期相では濃く染まり（高 CT 値）、門脈相では同程度、晩期相では淡く染まる（低 CT 値）という特徴的な造影パターンを有することが知られている (Fig. 1) [縄野 01]。この経時的な造影変化の有無を調べることで、造影剤を利用しない通常の撮影方法（非造影 CT）では鑑別しにくい肝臓がんの発見やその他の病変との識別が可能となる。

早期相において、肝細胞がんは肝動脈とつながっていることから CT 値が肝動脈と類似している。そのため、がんの大きさが血管と同程度の場合、肝細胞がんと血管との分離が難しい。また、肝細胞がん内の造影剤が周辺組織へ浸透するため周囲の肝実質も CT 値が高くなり、濃度値情報から境界領域の正確な抽出は難しい。一方の晩期相では、肝細胞がんの境界領域が比較的鮮明かつ、がんとその周辺の組織との間に濃度差があるため、がん領域そのものの位置情報が得やすい。

以上のような画像特徴から、次のような方針で肝臓がんの検出を試みる。

1. 晩期相がん候補領域の検出
2. 早期相と晩期相の画像間位置合わせ
3. 時相間濃度変化情報からの拾いすぎ削減

3. 処理手順

処理の流れを Fig. 2 に示す。提案手法の入力は、早期相と晩期相の 3 次元腹部 CT 像である。はじめに、晩期相から肝臓領域を抽出し、さらに肝臓がんの造影特徴を利用してがん候補領域を抽出する。次に、非剛体レジストレーションにより早期相と晩期相の画像を位置合わせした後、晩期相で抽出した候補領域をもと

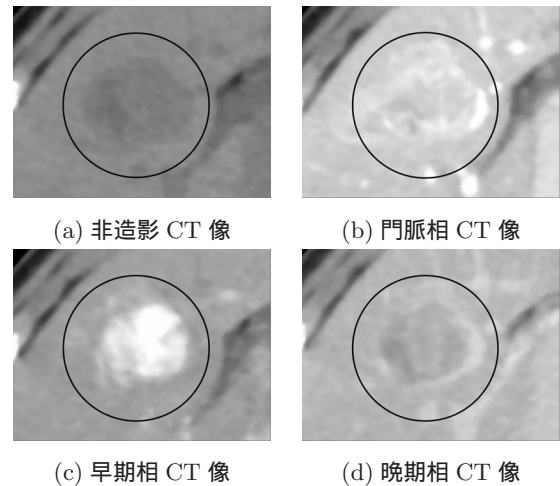


Fig. 1: 各時相ごとの肝臓がんの造影パターン。およそのがん領域を円で示す。

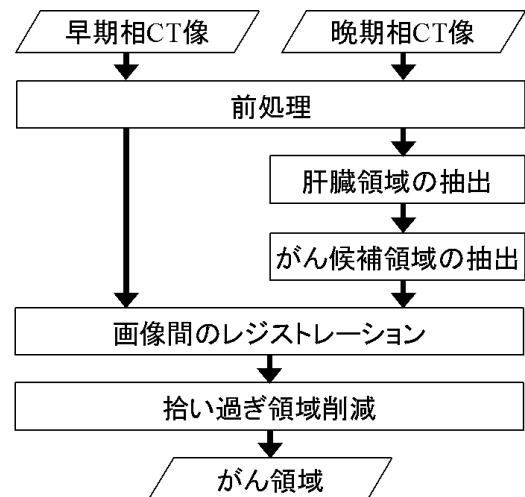


Fig. 2 処理の流れ

に、早期相と晩期相の濃度情報を調べることで拾いすぎ領域の削減を行う。以下、手順の詳細を説明する。

3.1 前処理

前処理では、平滑化と解像度変換を行う。入力画像には 4 列のマルチスライス CT で撮影した画像と 16 列のマルチスライス CT で撮影した画像の 2 種類を使用するが、この 2 つの装置で撮影した画像は空間解像度や、信号雑音比 (S/N: signal-to-noise ratio) が異なる。そこで、この 2 種類の入力画像を統一的に利用するため、S/N が目視でほぼ同程度となるよう入力画像に応じて異なる平滑化を適用し雑音除去処理を施し、また空間解像度も同等になるよう解像度変換を行う。平滑化は、入力が 4 列マルチスライス CT で撮影した画像ならば雑音除去に $3 \times 3 \times 3$ メディアンフィルタを、16

列マルチスライス CT で撮影した画像ならば $5 \times 5 \times 5$ のガウシアンフィルタを適用する．空間解像度は，計算コストや使用メモリを考慮して，ボクセスサイズが原画像のおよそ半分の 1.0mm^3 前後となるよう統一する．

3.2 晩期相肝臓領域の抽出

肝臓領域は，林・出口らの手法 [林 05] を使用する．まず，早期相と晩期相の CT 画像より得られる 2 次元濃度値ヒストグラムが肝臓，脾臓，筋肉及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，しきい値処理で晩期相の大まかな肝臓領域を得る．そして，輪郭を修正することで最終的な肝臓領域とする．処理の詳細は文献 [林 05] を参照．なお，この手法で肝臓領域の検出誤りがあった例では，手入力での修正を行った．

3.3 晩期相がん候補領域の検出

晩期相からのがん候補領域の抽出は，晩期相の CT 画像中の肝臓がんが肝臓内の正常組織よりも低 CT 値を示すという造影特徴を利用する．まず，初期候補領域の抽出によりおおまかな領域を抽出し，次に境界補正によりがん領域を精細抽出する．

3.3.1 初期候補領域の検出

先にも述べたように，晩期相画像では肝臓がん領域と周囲の濃度差は少なく，さらに造影剤の肝臓内密度も同様とはならないため，単一のしきい値のみですべての肝臓がんを抽出することは難しい．そこでまず，文献 [佐藤 03] のラディアルリーチフィルタ (RRF: Radial Reach Filter) のアイデアを応用した以下の手順により，周囲よりも相対的に CT 値の低い画素を検出する．

以下では，入力晩期相画像を f ，出力画像を g ，画素 p での濃度値を $f(p)$ とし，すべての肝臓領域内の画素 x に対して以下の処理を施す．

1. 注目画素 x の 26 近傍方向を探索方向として設定する．
2. すべての探索方向 $i (i = 1, \dots, 26)$ に対して，次の条件のいずれかを満たす x に最も近い画素 s を求める．
 - (条件 2.1) 探索画素 s が $f(s) - f(x) > T_1$ を満たす
 - (条件 2.2) s が肝臓領域外となる
 - (条件 2.3) x と s の距離 L が L_{max} を越える
 このうち，条件 2.1 と 2.2 を満たす探索画素をリーチ点 R_i と呼ぶ (Fig. 3)．条件 2.3 の判定

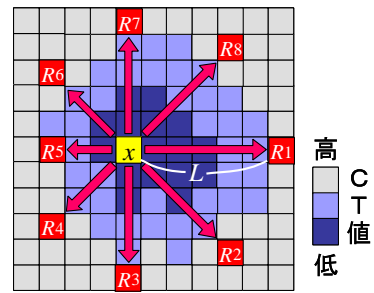


Fig. 3 低濃度画素検出の概念図 (2次元の場合)

で探索終了した場合はリーチ点とみなさないことに注意する．

3. 以下の条件をすべて満たす場合， $g(x) = 1$ ，それ以外の場合は $g(x) = 0$ とする．
 - (条件 3.1) すべての探索方向でリーチ点が存在．
 - (条件 3.2) 肝臓領域外に存在するリーチ点の数がしきい値 T_2 以下である．
 - (条件 3.3) x と同一直線上にある 2 つのリーチ点の内，少なくとも一方が肝臓領域外ではない．

この処理の基本アイデアは，注目画素から 26 近傍方向の各方向に画素を探索していき，条件 2.1 の注目画素との CT 値差が T_1 以上となる画素であるリーチ点が，全方向で見つかるかどうかを調べることにある．全方向でリーチ点が見つかった場合，周囲より CT 値が T_1 以上低い画素であると考えられることができる．なお，肝臓がんが肝臓境界に接している場合を考慮し，探索画素が肝臓領域外に出た画素 (条件 2.2) もリーチ点に加える．ただし，肺野や脂肪領域などの低 CT 画素が存在する肝臓領域外に出た場合については条件 3.2 と 3.3 において一定の制約を課すことで，拾い過ぎを抑制する．ある病変部分に対して得られた初期候補領域の例を Fig.4(a),(b) に示す．おおよその領域は抽出されているものの，

3.3.2 境界補正

初期候補領域検出処理では，周囲との濃度差の大きいがんの一部 (主にごん中心部) しか抽出されないため，境界を補正することで精細に抽出する．がん境界の濃度勾配は，肝臓内の造影むらや血管などの勾配との差がなく，がん領域周辺の造影むらや血管などにより，領域境界を完全に特定するのが困難であることが多い．ところで，文献 [佐藤 03] では，リーチ点はエッジ部分に集中しやすい特性を持つとされている．3.3.1 での肝臓がんの検出も同様の特性を持っており，がんの初期候補領域内の各画素におけるリーチ点は，そのがんの境界付近に多く分布する傾向にある (Fig.4(c))．

ただし、一つの画素に対して 26 個のリーチ点しかないため、リーチ点の分布が完全に境界線を網羅していないことも多い。そこで本手法では、Region forming from partial borders アルゴリズム [Sonka98] を参考に、リーチ点の分布が境界を部分的に網羅していることを利用し、その部分的境界から領域を構築する。以下に処理の内容を示す。

1. 画像中の各画素に対して、リーチ点として選択された回数を求める。
2. 初期候補領域内の各画素 x において、26 近傍の各方向に対して、最もリーチ点と選択された回数が多い画素と x の間の画素をマークする。
3. 画像中の各画素に対し、その画素がマークされた回数と、マークされた時の注目画素からのリーチ点の方向の内訳 (1~26) を調べる。 $b(x)$ を画素 x のマーク回数とする。ただし、マークされたときの探索方向が 1 種類の場合には $b(x) = 0$ とする。
4. 重み付け関数 $B(x)$ を次のように定義し、初期領域内の各画素に対し $B(x)$ を求める。

$$\begin{aligned} B(x) &= 0.0 \quad \text{for } b(x) = 0 \\ &= \frac{1}{27} \doteq 0.037 \quad \text{for } b(x) = 1 \\ &= \frac{2}{27} \doteq 0.074 \quad \text{for } b(x) = 2 \\ &= \frac{5}{27} \doteq 0.185 \quad \text{for } b(x) = 3 \\ &= \frac{10}{27} \doteq 0.37 \quad \text{for } b(x) > 3 \end{aligned}$$

5. 各画素に対し、 $3 \times 3 \times 3$ 近傍内画素における重み付け関数の値の中央値 $B_m(x)$ を求める。
6. 各画素に対し、 $3 \times 3 \times 3$ 近傍内画素における B_m の総和を求め、その値が 1.0 以上の場合、その画素を候補領域の画素とし、それ以外の場合は背景画素とする。

最終的に得られた候補領域の境界線を Fig.4(d) に示す。同図 (c) では、腫瘍内の濃度不均一により腫瘍内部にもリーチ点として選択された部分があるものの、最終的な境界領域は適切に得られていることがわかる。

3.4 早期相と晚期相の画像間位置合わせ

肝臓は軟組織であり、姿勢や呼吸により位置や形状が変化しやすい。特に、ダイナミック CT は数 10 秒から数分の時間間隔をおき、3 回に分けて CT 撮影を行い、全撮影には 1 分以上の時間を要するため、各時相間の肝臓形状や位置は変化する。前述した肝臓がん特

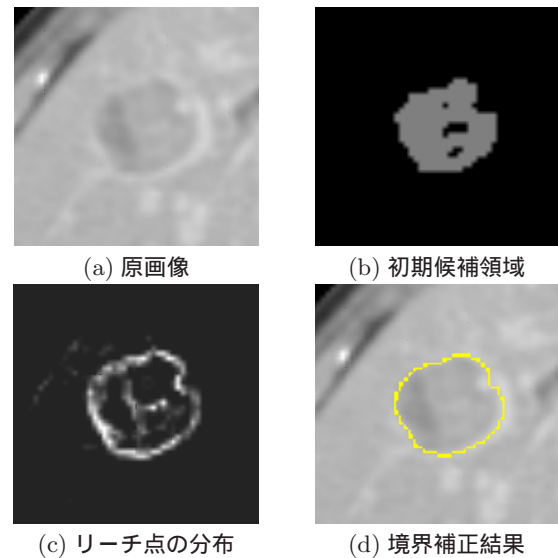
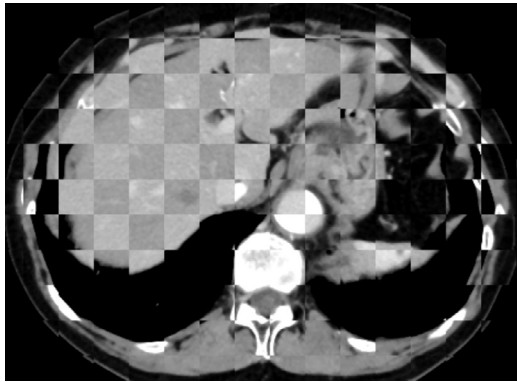


Fig. 4: 晩期相からのがん候補領域検出。初期候補領域と境界補正結果

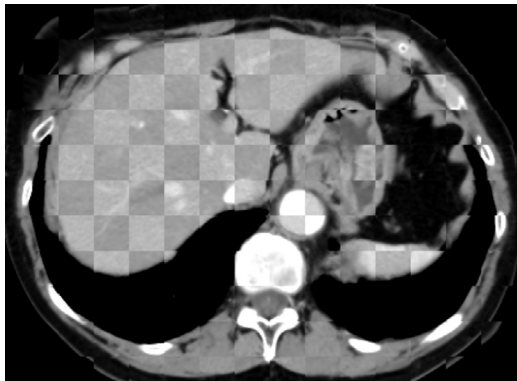
有の時相間の濃度変化を正確に解析するためには、時相間の位置の対応付けが必要となる。そこで次の処理の前に、位置ずれの補正として、文献 [Ruecert99] の B-Spline に基づく Free-Form-Deformation と正規化相互情報量を類似度に用いた非剛体レジストレーションを用い、晩期相画像を基準に早期相画像の変形を行う。Fig. 5(a) は、肝臓形状の変形が大きい症例について、早期相と晩期相の画像を重ね合わせたもの、Fig. 5(b) はレジストレーションを行った後に同様に重ね合わせたものである。市松模様状に見える領域の輝度が高いほうが晩期相に対応する領域である。この図より、十分な精度で位置合わせが実現されていることが分かる。

3.5 時相間濃度変化情報からの拾いすぎ削減

拾い過ぎ領域の多くは晩期相のみの情報からでは削減が困難である。そこで、早期相において、肝細胞がん領域は、周辺の肝実質よりも CT 値が高くなることに着目し、早期相の情報を併用して削減を図る。3.3 の処理後に存在する拾い過ぎ領域は、この時相間の濃度変化情報を利用して削減する。まず、(1) 候補領域周辺の正常組織を含めた関心領域 (ROI: Region of Interest) を設定した後、(2) ROI 内の早期相と晩期相の 2 次元濃度値ヒストグラムを作成し、(3) ROI 内の正常組織の濃度値の分布を推定する。そして、(4) 候補領域内の濃度値とその周辺の正常組織の濃度値関係を調べ、その濃度情報より拾い過ぎ領域を削除する。



(a) 変形前



(b) 変形後

Fig. 5: 早期相・晩期相間の画像レジストレーション例

3.5.1 ROIの設定

各候補領域において、候補領域を中心として周囲の正常組織が十分含まれるような大きさのROIを設定する。まず、候補領域の外接直方体を求め、外接直方体の体積が候補領域の体積の20倍を超えるまでROIを拡大する。ただし、拡大の中心は外接直方体の重心とし、ROIの体積には肝臓外の領域を含めない。

3.5.2 ROI内の2次元濃度値ヒストグラムの生成

晩期相画像とレジストレーションにより位置合わせした早期相画像を用いて、早期相のCT値、晩期相のCT値をそれぞれ x, y 軸に持つROI内の2次元濃度値ヒストグラムを生成する。生成したヒストグラムはFig. 6のように正常組織のCT値に対応する部分にピークが表れる。

3.5.3 正常組織の濃度値分布の推定

得られた2次元CT値ヒストグラムから、それぞれの軸に対し最大値投影(MIP: Maximum Intensity Projection)を行う。各MIPに対し、平均値 μ_x, μ_y と分散 σ_x, σ_y を求める。そして、各候補領域での早期相と晩期相の正常組織のCT値の範囲をそれぞれ、 $[\mu_x - 0.5 \times \sigma_x, \mu_x + 0.5 \times \sigma_x], [\mu_y - 0.5 \times \sigma_y, \mu_y + 0.5 \times \sigma_y]$

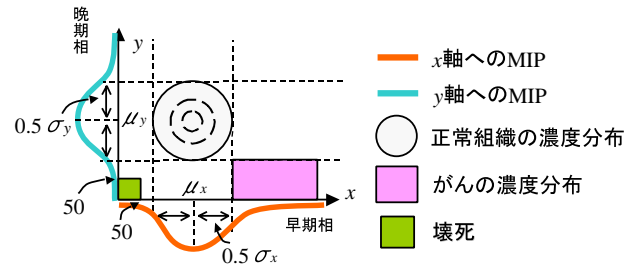


Fig. 6 早期相・晩期相の2次元CT値ヒストグラム

とする。

3.5.4 拾いすぎ領域削減

肝臓がんの濃度特徴は、早期相では周辺正常組織よりCT値が高く、晩期相では低いことから、候補領域内に肝臓がんがある場合、早期相では推定した正常組織の濃度値分布の上限 $\mu_x + 0.5 \times \sigma_x$ [H.U.]より高く、晩期相では推定した正常組織の濃度値分布の下限 $\mu_y - 0.5 \times \sigma_y$ [H.U.]より低い個所に多く分布する。そこで、この条件を満たす候補領域中の画素数 H を求め、候補領域内の全画素数 S に対する割合を調べ、次式で定義するROI内体積比が T_3 未満のものを拾いすぎ領域として削減する。

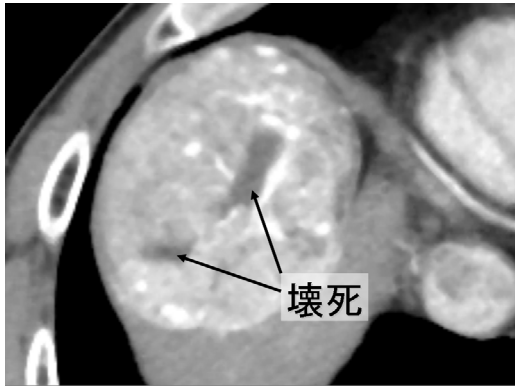
$$\frac{H}{S - C} \times 100$$

ただし、 C は、候補領域に存在する壊死部分の画素数である。壊死とは、血管が閉塞し細胞が死んでしまった部位(Fig. 7)であり、造影剤が浸透しないため各時相画像中でCT値が50 H.U.以下(正常組織よりも低い)である。壊死は肝臓がん内に存在することがあり、肝臓がん領域内に含まれる壊死部の割合が大きい場合、相対的に造影のある部位が少なくなり、拾いすぎ領域判定に悪影響を及ぼす。そのため、早期相、晩期相とともに50 H.U.以下となる候補領域中の画素を、拾いすぎ領域削減の判定に用いる候補領域内の画素数からあらかじめ除外している。

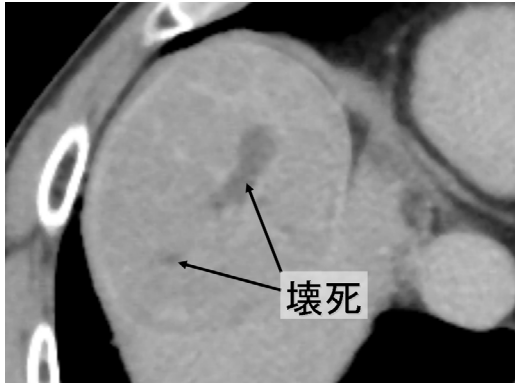
4. 実験

本手法をコンピュータ支援画像診断学会より配布されている多時相腹部X線CT像21例(4列マルチスライスCT: 19例, 16列マルチスライスCT: 2例)[CADMDB]の早期相CT像及び晩期相CT像の計42画像に適用した¹。画像の仕様をTable 1に示す。実験に使用したしきい値パラメータは実験的に $T_1 = 15$,

¹CADMが配布している症例より、病変の有無、位置が確定している3次元CT像データベースと、2003年肝臓領域抽出コンテスト、および病変検出プレコンテスト、2004年配布された16列CTデータを用いた。



早期相 CT 像



晚期相 CT 像

Fig. 7 肝臓がん内に存在する壊死部

Table 1 画像仕様

画素数	512 × 512
スライス枚数	161 ~ 464
画素サイズ [mm]	0.546 ~ 0.625
再構成間隔 [mm]	0.5 ~ 1.0
スライス厚 [mm]	1.0 ~ 2.0

$T_2 = 13, T_3 = 16$ とした .

5. 結果と考察

Table 2 に各症例の腫瘍領域数, 初期候補検出時と拾いすぎ削減後の検出領域数を示す . 実験で使用した症例に含まれる肝臓がんの個数は 0 個から 3 個であり, これは医師が指摘したものである . 肝臓がんの検出率が 100% の時に拾いすぎ領域数は症例あたり 0.3 個 (初期候補では 2.8 個) と非常に良好であった . このときの拾いすぎ領域の個数とその内訳を Table 3 に示す . 早期相と晚期相の時相間濃度情報を用いて拾いすぎ削減を行うことにより, 初期候補の時点から病変の見落としなく拾いすぎを 9 割近く削減できた . 表の上 19 例の 4 列マルチスライス CT 像に対しては 1 症例あたり

Table 2 症例ごとのがん検出個数と拾い過ぎ個数

症例	腫瘍数	候補領域		最終結果	
		TP	FP	TP	FP
3DABD_1	1	1	4	1	1
3DABD_2	0	0	2	0	0
3DABD_3	1	1	1	1	0
3DABD_4	0	0	1	0	0
3DABD_11	1	1	0	1	0
3DABD_12	1	1	0	1	0
3DABD_13	1	1	0	1	0
3DABD_14	1	1	5	1	1
3DABD_15	1	1	4	1	0
3DABD_16	1	1	2	1	0
3DABD_24	2	2	0	2	0
3DABD_25	1	1	6	1	0
3DABD_28	1	1	1	1	0
03L1C1	3	3	3	3	0
03L2C2	2	2	0	2	0
03L3C3	0	0	11	0	1
03L4C4	1	1	0	1	0
03case1	1	1	0	1	0
03case2	2	2	0	2	0
3DABD_41	0	0	3	0	0
3DABD_42	1	1	16	1	4
合計	22	22	59	22	7

の拾いすぎが 0.16 個と良好であった . 以下, 提案手法の拾いすぎ削減精度と検出された病変領域の正確さに関して考察する .

5.1 拾いすぎ削減処理の効果

ROI 内体積比を肝臓がんと拾い過ぎ領域別に積み上げヒストグラムとして Fig. 8 に示す . 肝臓がんの ROI 内体積比は, 最大で 85.4, 最小が 16.0, 平均が 52.2 であった .

肝臓がん領域で ROI 内体積比が最小 (=16.0) であっ

Table 3 拾い過ぎ領域の内訳

	候補領域検出時	拾い過ぎ削減後
肝臓境界	34	6
嚢胞	6	0
造影むら	17	1
良性腫瘍	1	0
合計	58	7

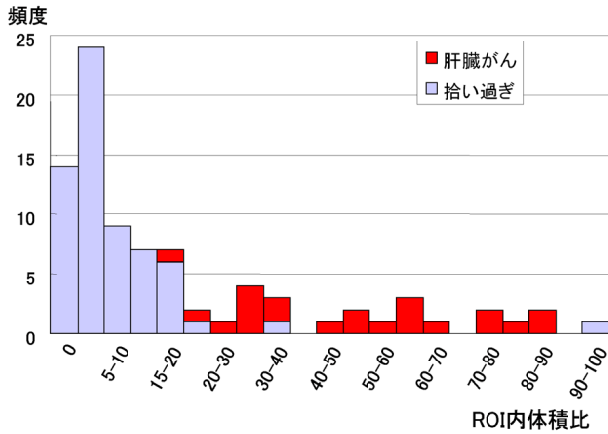
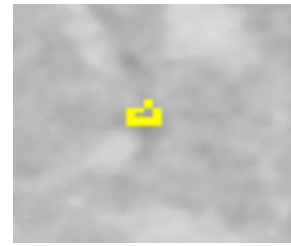


Fig. 8 領域ごとの特徴量分布

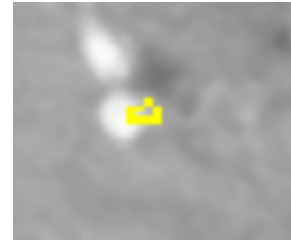
た症例は5.2で考察する肝臓全体に嚢胞が多い症例であり、がん領域境界が十分に検出できないものであった。この症例に対して手入力で正解がん領域を作成し、本手法を適用した場合でもこの値は18.3であり、その平均52.2にははるか及ばず、領域抽出の精度が向上しても拾い過ぎの大幅な削減は望めない。一方、拾い過ぎ領域でROI内体積比が20以上となるのは、Fig. 9のように、早期相において領域中に多くの血管を含む領域であり、この部分において肝臓内組織の位置合わせが十分でなかったことが原因である。ROI内体積比が20未満の拾い過ぎ領域においても位置ずれにより早期相の領域中に血管が含まれる例が多くあった。レジストレーション精度が向上すれば、ROI内体積比はより安定した特徴量となることが予想される。位置合わせに利用した非剛体レジストレーションは、相互情報量を利用して全体的な位置を合わせるには十分な結果であるが、局所的な肝臓内の組織においてはどうしてもずれが生じてしまう。肝臓内の組織における微細な位置ずれに対応するために、さらに局所的な位置合わせを組み合わせるなどの工夫が必要であろう。

5.2 肝臓がん領域の抽出精度

晚期相における境界補正後の候補領域の抽出精度を目視評価にておこなった (Table 4)。評価は、医師が確認した病変の外接直方体に関する情報と晚期相画像のみを用いた。正解がん領域と対比して抽出領域が、i) 良好 (過抽出、未抽出がともに5%未満)、その ii) 30%未満の未抽出、iii) 30%以上の未抽出、iv) 30%未満の過抽出、v) 30%以上の過抽出の5段階を目安に分けた。良好と判定された13個は、造影むらがなく周囲とのCT値差が比較的大きく境界がしっかりと造影されているものであった (Fig. 10)。一方、肝臓がんの領域内部に



(a) 晚期相



(b) 早期相

Fig. 9 位置ずれにより血管を肝臓がんと判定した例

Table 4 抽出した肝臓がん領域の精度評価

目視 良好	未抽出		過抽出	
	30%未満	30%以上	30%未満	30%以上
13	5	3	1	0

造影むらがある場合 (Fig. 11) には未抽出部分が増えた。これら、造影剤が抜けきれていないCT値の高い部分が肝臓がん領域内にあった場合、リーチ点の多くがその部分に多く集中してしまい、正しい領域境界に分布しないことが原因であった。また、肝臓領域の大半が嚢胞で占められた症例などではさらに未抽出部分が増えた (Fig. 13)。この症例では、肝臓がんは嚢胞と接触しているうえ、正常組織とのCT値差が非常に低く濃度差のある中心部以外は抽出できなかった。30%未満の過抽出が見られた1例は、肝臓境界付近の小さな隙間が肝臓がんと接触しており、その部分が結合して抽出された (Fig. 12)。抽出精度の総合的評価として、30%未満の過抽出と未抽出も許容すれば、本手法による抽出結果は良好といえる。

抽出精度の低下要因の多くは未抽出にあり、本手法が肝臓がん領域内における造影むらの存在を考慮していないことがその原因である。このため、今後はこの造影むらを加味した領域抽出手法を考えていくことが、抽出精度改善の一番の課題であるといえる。

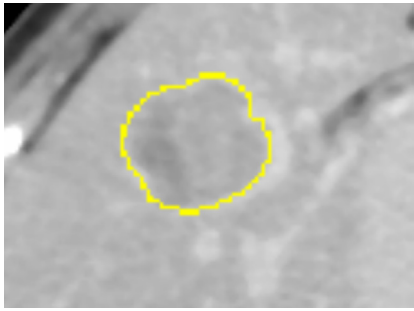


Fig. 10 目視結果が良好の例

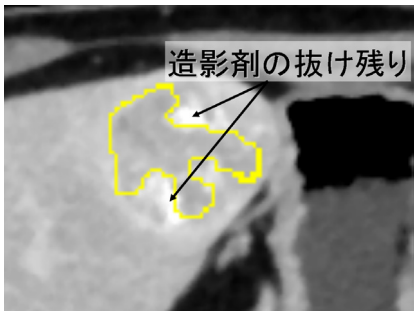
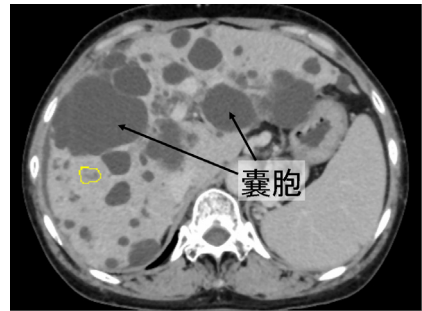
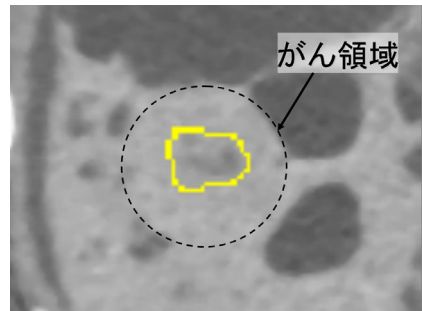


Fig. 11 30%未満の未抽出の例



(a)30%以上の未抽出



(b)30%以上の未抽出 (拡大)

Fig. 12 30%以上の未抽出の例

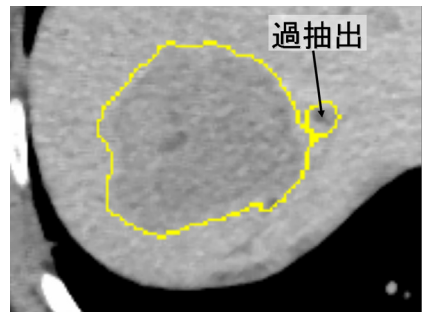


Fig. 13 30%未満の過抽出

6. むすび

本論文では、晩期相における造影特徴を利用した肝臓がん領域の抽出と、さらに非剛体レジストレーションにより位置あわせをした早期相と晩期相2画像の濃度分布解析に基づく拾い過ぎの削減を行った。本手法を多時相X線CT像21例に対して適用した結果、肝臓がんの検出率は100%の時に拾いすぎ領域数は症例あたり0.3個(初期候補では2.8個)と極めて良好であった。検出された領域は、造影むらや周囲の状況に影響されて実際の腫瘍領域に比べて小さくなる傾向にあった。

今後の課題では、肝臓がん領域抽出手法の改善や、拾い過ぎ領域削減手法の改良として自動パラメータ推定手法の検討、多症例への適用があげられる。

謝辞

本研究の一部に協力いただいた、名古屋大学出口大輔氏に深謝する。日頃熱心に討論して頂く村瀬研究室諸氏に感謝する。本研究の一部は、日本学術振興会科研費、21世紀COEプログラム社会情報基盤のための音声・映像の知的統合および厚生労働省がん研究会助成金によった。

参考文献

[縄野 01] 縄野繁, “造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, コンピュータ支援画像診断学会,

2001.
 [山下 00] 山下康行, “わかるヘリカル CT 撮影 読影の基本からマルチスライス CT まで”, メディカル・サイエンス・インターナショナル, 2000.
 [林 05] 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, “早期相・晩期相からの CT 値分布推定による肝臓領域抽出手法の開発”, 電子情報通信学会技術研究報告, MI2004-84, pp.19-24 2005.
 [樹本 00] 樹本潤, 堀雅敏, 佐藤嘉伸, 村上卓道, 上甲剛, 中村仁信, 田村進一, “X 線 CT 画像からの肝腫瘍自動抽出の検討”, 電子情報通信学会論文誌 (D-II), Vol.J83D-II, No.1 pp.219-227, 2000
 [石黒 03] 石黒正輝, 前田章雄, 村瀬一郎, 関口隆三, 森山紀之, “肝 CT 造影像の経時変化に基づく類似画像検索システムの開発”, 電子情報通信学会技術研究報告, MI2002-94, pp.95-100, 2003.
 [中村 04] 中村潤哉, 清水昭伸, 小畑秀文, “多時相の 3 次元マルチスライス CT 像からの肝腫瘍の自動抽出手法の開発”, 電子情報通信学会論文誌 (D-II), Vol.J87D-II, No.1 pp.260-270, 2004.
 [Watanabe05] S. Watanabe, Y. Mekada, J. Hasegawa and J. Toriwaki, “Liver cancer detection by using transition features obtained from multi-phase CT images”, Proceedings of SPIE, Vol.5747, pp.783-789, 2005.
 [縄野 01] 縄野繁, “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.
 [佐藤 03] 佐藤雄隆, 金子俊一, 丹羽義典, 山本和彦, “Radial Reach Filter(RRF)によるロバストな物体検出”, 電子情報通信学会論文誌 D-II, Vol. J86D- , No.5, pp.616-624, 2003.
 [Sonka98] M. Sonka, V. Hlavac, R. Boyle, “Image Processing, Analysis, and Machine Vision”, PWS Publishing, pp.174-176, 1998.
 [Rueckert99] D. Rueckert, L. I. Sonoda, C. Hayes, D. L. G. Hill,

M. O. Leach, and D. J. Hawkes, "Nonrigid Registration Using Free-Form Deformations: Application to Breast MR Images", IEEE Trans. Medical Imaging, Vol.18, No.8, pp.712-721, 1999.

[CADMDB] コンピュータ支援画像診断学会, "3次元腹部データベース", <http://www.tuat.ac.jp/simizlab/CADM/database.html>

著者紹介



脇田 悠樹 (わきだ ゆうき)

2003年名大・工・情報卒。2005年同大学院博士課程前期課程修了。3次元医用画像セグメンテーションに関する研究に従事。現在、オムロン株式会社勤務。



目加田 慶人 (めかだ よしと)

1991年名古屋大学・工・情報卒。1996年同大学院博士課程修了。同年、宇都宮大学工学部情報工学科助手。2001年名大学院工学研究科情報工学専攻助教授, 2004年中京大学生命システム工学部教授, 2006年10月より名大学院工学研究科特任教授を兼務。パターン認識, 3次元画像処理とその医用応用に関する研究に従事。博士(工学)。IEEE, 電子情報通信学会, 日本医用画像工学会, CADM学会各会員。



林 雄一郎 (はやし ゆういちろう)

1999年名大・工・情報卒。2005年同大学院工学研究科博士課程後前期課程修了。主に3次元医用画像処理に関する研究に従事。博士(工学)。電子情報通信学会, 日本生体医工学会, 日本医用画像工学会, 日本コンピュータ外科学会各会員。



井手 一郎 (いで いちろう)

平6東大・工・電子卒。平8同大学院工学系研究科情報工学専攻修士課程修了。平12同研究科電気工学専攻博士課程修了。博士(工学)。同年国立情報学研究所助手。平16より名古屋大学大学院情報科学研究科助教授, 情報・システム研究機構国立情報学研究所客員助教授(連携)兼任。この間, 平14~16総合研究大学院大学数物科学研究科助手併任, 平17フランス情報学・統計システム研究所(IRISA)招聘教授。映像メディア処理全般に興味を持っている。平7第51回情報処理学会全国大会奨励賞受賞。電子情報通信学会, 人工知能学会, 情報処理学会, IEEE Computer Society, ACM各会員。



村瀬 洋 (むらせ ひろし)

昭53名大・工・電気卒。昭55同大学院修士課程修了。同年日本電信電話公社(現NTT)入社。平4から1年間米国コロンビア大客員研究員。平15から名古屋大学大学院情報科学研究科教授。現在に至る。文字・図形認識, コンピュータビジョン, マルチメディア認識の研究に従事。工博。昭60本会学術奨励賞, 平6IEEE-CVPR最優秀論文賞, 平7情報処理学会山下記念研究賞, 平8IEEE-ICRA最優秀ビデオ賞, 平13高柳記念奨励賞, 平13本会ソサエティ論文賞, 平14本会業績賞, 平15文部科学大臣賞, 平16IEEE Trans. MM論文賞, 他受賞。電子情報通信学会, 情報処理学会, IEEE各会員。

Liver Cancer Detection based on a Temporal Density Feature from Abdominal Dynamic X-ray CT Images

Yuki Wakida*¹ Yoshito Mekada*² Yuichiro Hayashi*¹ Ichiro Ide*¹ Hiroshi Murase*¹

*¹ Graduate School of Information Science, Nagoya University, Furo-cho, Chikusa-ku,
Nagoya, 464-8603 Japan

*² School of Life System Science and Technology, Chukyo University, Tokodachi,
Toyata, 470-0391 Japan

Abstract

In this paper, we propose a method to detect liver cancers from dynamic X-ray CT images based on a two-dimensional histogram analysis. In the diagnosis of a liver, a doctor examines dynamic CT images. Dynamic CT images consist of three images, namely early phase, portal phase, and late phase, which are taken sequentially within a few minutes. Since the early and late phase images are important for diagnosing liver cancer, our method refers to both of them for detecting suspicious regions and eliminating false positives. At first, the proposed method extracts liver cancer candidates by applying an adaptive neighbor type difference filter from the late phase image. Most of the false positive regions are eliminated by two-dimensional histogram analysis of each region of interest. We applied the proposed method to 21 dynamic CT images. The result showed that sensitivity was 100% and false positives were 0.3 per case in average.