

## 臓器位置検出と GrabCut による 3 次元 CT 画像からの 複数臓器領域の自動抽出

伊藤 隆晃<sup>†</sup> 周 向荣<sup>‡</sup> 原 武史<sup>‡</sup> 姜 慧研<sup>‡‡</sup> 横山 龍二郎<sup>‡</sup>  
陳 華岳<sup>‡‡‡‡</sup> 兼松 雅之<sup>‡‡‡,‡‡‡‡‡‡</sup> 星 博昭<sup>‡‡‡‡‡‡</sup> 藤田 広志<sup>‡</sup>

<sup>†</sup> 岐阜大学工学部応用情報学科 〒501-1194 岐阜市柳戸 1-1

<sup>‡</sup> 岐阜大学大学院医学系研究科 再生医科学専攻知能イメージ情報分野 〒501-1194 岐阜市柳戸 1-1

<sup>‡‡</sup> 中国東北大学 ソフトウェア学部 中国瀋陽市

<sup>‡‡‡</sup> 岐阜大学医学部附属病院放射線部 〒501-1194 岐阜市柳戸 1-1

<sup>‡‡‡‡</sup> 岐阜大学大学院医学系研究科 病態制御学講座解剖学分野 〒501-1194 岐阜市柳戸 1-1

<sup>‡‡‡‡‡</sup> 岐阜大学医学部附属病院放射線科 〒501-1194 岐阜市柳戸 1-1

<sup>‡‡‡‡‡‡</sup> 岐阜大学大学院医学系研究科 腫瘍制御学講座放射線医学分野 〒501-1194 岐阜市柳戸 1-1

E-mail: tito@fjt.info.gifu-u.ac.jp

**あらまし** コンピュータ支援診断システムの開発の分野において、複数臓器に対する汎用的な臓器領域抽出が求められている。本研究ではアンサンブル学習とパターンマッチングによって臓器位置検出を行い、得られた臓器位置情報と確率的アトラスから GrabCut アルゴリズムに基づいた手法にて臓器領域抽出手法を提案する。本研究では心臓 27 症例、肝臓 116 症例、脾臓 114 症例、右腎臓 120 症例、左腎臓 122 症例の CT 画像から臓器領域抽出を行い、正解画像と比較して 0.8 程度の平均一致度を得られ提案手法の有効性を確認できた。

**キーワード** CT 画像, GrabCut, 肝臓, 脾臓, 腎臓, 心臓

## Automatic segmentation of multiple organ regions from 3D CT images using GrabCut and organ detection

Takaaki ITO<sup>†</sup> Xiangrong ZHOU<sup>‡</sup> Takeshi HARA<sup>‡</sup> Huiyan JIANG<sup>‡‡</sup> Ryujiro YOKOYAMA<sup>‡</sup>  
Huayue CHEN<sup>‡‡‡‡</sup> Masayuki KANEMATSU<sup>‡‡‡,‡‡‡‡‡‡</sup> Hiroaki HOSHI<sup>‡‡‡‡‡‡</sup> and Hiroshi FUJITA<sup>‡</sup>

<sup>†</sup> Department of Information Science, Faculty of Engineering, Gifu University 1-1 Yanagido, Gifu, 501-1194 Japan

<sup>‡</sup> Department of Intelligent Image Information, Division of Regeneration and Advanced Medical Sciences,

Graduate School of Medicine, Gifu University, 1-1 Yanagido, Gifu 501-1194, Japan

<sup>‡‡</sup> Software College, Northeastern University, Shenyang, China

<sup>‡‡‡</sup> Department of Radiology Services, Gifu University Hospital, 1-1 Yanagido, Gifu 501-1194, Japan

<sup>‡‡‡‡</sup> Department of Anatomy, Division of Disease Control, Graduate School of Medicine,

Gifu University 1-1 Yanagido, Gifu, 501-1194 Japan

<sup>‡‡‡‡‡</sup> Department of Radiology, Gifu University Hospital, Gifu University, 1-1 Yanagido, Gifu 501-1194, Japan

**Abstract** Automatic segmentation of organs from CT images is one of very important issues in developing. GraphCut is useful for the automatic segmentation of organs. This method was detected organ position by the pattern matching ensemble learning, and extracted organ region by method based on the algorithm of GrabCut probabilistic atlas organs. In this paper, we detected 27 cases heart, 116 cases liver, 114 cases the spleen, 120 cases right kidney, 122 cases left kidney, confirmed the effectiveness of the proposed method obtained the matching degree of agreement about 0.8.

**Keyword** CT image, GrabCut, Liver, Spleen, Heart, Kidney

## 1. はじめに

近年、高速で撮影可能な X 線 CT 装置の普及により、従来の CT 像と比較し、撮像時間の短縮、スキャン領域の拡大、高分解能な CT 像を得ることが可能になった。これらは、患者への被曝を低減するため、侵襲性を抑えた検査を行うという点において、非常に有用である。従来は、医師が病変と疑わしい注目領域付近を詳細に撮影していたが、近年の CT 装置の性能向上に伴い、精密検査が必要な患者の体幹部領域を撮影することが多くなっている。この体幹部領域のデータには、撮影目的の疾病情報だけでなく、他の臓器の疾病情報が含まれていることがある。しかしながら、読影医師が数千枚にも及ぶスライス画像を読影し、画像に含まれる情報すべてを解析することは、時間的にも非常に困難であり、複数症例の読影においては、疲労などの原因による病変の見落としの危険性が考えられる。そこで、コンピュータを用いて医師の補助を行うコンピュータ支援診断(CAD: Computer-aided diagnosis)システムの開発が望まれている。

コンピュータ支援診断とは、放射線画像をはじめとする医療用画像に対して、コンピュータで定量的に解析された結果を「第二の意見」として利用する「医師による診断」である。その目的は、見落としやすい疾患領域をコンピュータによって検出し、これを医師に提示することによって見落としを減少させることである。また、検出された病巣についての良性か悪性かの識別が難しい場合には、コンピュータによる定量的なデータを示すことによって、医師が客観的データに基づいて判断することも可能であり、診断結果のばらつきを減少を期待するものである。

従来の CAD システムは、胸部や腹部などの限定された範囲における医用画像から、肺、乳房、肝臓、大腸など、特定臓器のセグメンテーションや、また、それらから特定の病変の検出を行うといった単機能的なものであった。これに対し、我々の研究グループでは、

人体の解剖学的な正常構造の理解に基づく知的 CAD システム[1]の開発を行っている。このシステムは、高精度な X 線 CT 像から組織ごとの解剖学的な正常構造を抽出及び認識し、その統計的な変動も考慮したモデル化に基づくアプローチでデータベース化されたモデル画像と、検査対象画像との比較により、異常部位を特定するというものであり、多臓器・多疾病を同時に解析することも可能になると期待されている。

しかし、現在の手動によるデータベース構築法である GraphCut は表 1 のように非常に時間がかかり [2]CAD 開発の妨げとなっている。

また、これまでの CT 画像からの臓器の自動領域抽出手法は臓器特有の特徴量を用いたものがほとんどであり、複数の臓器に対して汎用的な領域抽出を行えないなどの問題があった。

そこで、本研究では手入力による複数の臓器領域抽出法である GraphCut アルゴリズムを拡張した GrabCut[3]アルゴリズムを CT 画像に適用し、複数臓器に対する汎用的な臓器領域抽出を試みた。

GrabCut は抽出対象領域を囲む矩形を入力とする領域抽出手法であり、本研究ではこれを 3 次元に拡張した。抽出対象領域を囲む矩形の入力に CT 画像からの自動検出が可能である Bounding Box(以下 Box)[4]を利用することで臓器領域を自動抽出することができる。

表 1 画質の良悪による作業時間の変動[2]

|    | 画質 | 症例数 | 平均時間±標準偏差[分:秒] |
|----|----|-----|----------------|
| 脾臓 | 良  | 156 | 13:09±7:21     |
|    | 悪  | 79  | 16:03±8:57     |
| 肝臓 | 良  | 113 | 23:08±10:13    |
|    | 悪  | 69  | 26:17±13:24    |

## 2. 方法

### 2.1. 臓器存在領域検出

前段階として、CT 画像から対象の臓器存在領域を Box として自動的に検出する。検出器はアンサンブル学習で作成する。学習アルゴリズムは Ada-boosting を用いる。また、臓器を識別するための特徴量としては Haar-like features を用いる。具体的な検出処理の詳細は文献[4]に譲る。

### 2.2. GrabCutの概要

GrabCut は Box 及び与えられたラベルの画素に入力としてそれぞれの画素についての前景、背景の尤度を計算し、GraphCut を行う手法である。各画素についての尤度の計算には Gaussian Mixture Model (混合ガウスモデル、以下 GMM) を用いる。図 1 に GrabCut アルゴリズムのフローチャートを示す。

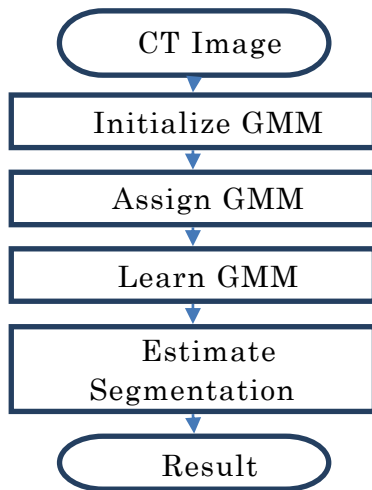


図 1. GrabCut アルゴリズム

#### 2.2.1. Initialize GMM

まず Box 入力の内側を「前景らしい領域」、外側を「背景領域」と仮定しそれぞれの画素値を k-means によって判別分析しその結果を初期値として「前景 GMM」、「背景 GMM」を生成する。クラスタ数は経験的に前景については 3、背景については 5 と設定した。

#### 2.2.2. Assign GMM

それぞれの画素に対して現在の GMM モデルのそれぞれのクラスタから尤度を計算しもっとも近いクラスタ(最もそれらしいクラスタ値)を算出して割り当てる。

#### 2.2.3. Learn GMM

前景、及び背景の GMM に対し「Assign GMM」で割り当てられたクラスタにもとづいて画素値を学習させ、GMM を再構築する。

### 2.2.4. Estimate Segmentation

すべての画素に対し、GMM にもとづいて背景らしさ、前景らしさの尤度をそれぞれ計算し、その尤度を入力として GraphCut を実行する。

まず、各画素に対応するノード、前景ノード S と背景ノード T からなる図 3 のようなグラフを構築する。

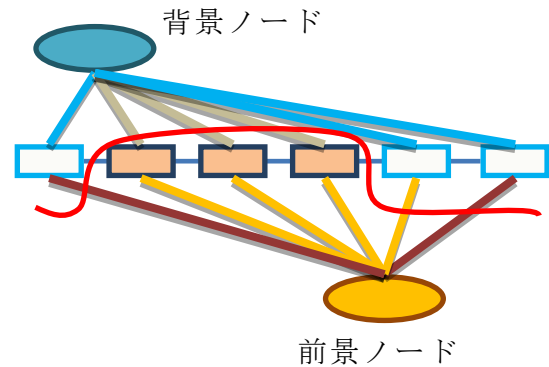


図 3. 構築する Graph

ここで t-link はノード T,S とすべての画素に対応したノード間をつなぐエッジであり式(1)で重みつけられる。

$$Pr(x|.) = -\log(p(x|\mu, \Sigma))$$

$$p(x|\mu, \Sigma) = \frac{1}{|\Sigma|^{1/2}} \exp - (x - \mu)^T \Sigma^{-1} (x - \mu) \quad (1)$$

ここで、 $\mu, \Sigma$  はそれぞれ前景及び背景 GMM によって割り当てられたクラスタにおける平均ベクトル、共分散行列である。

また、n-link は 3 次元画像における隣り合う 6 近傍の画素に対応したノード間をつなぐエッジであり式(2)にもとづいて重みつけた。

$$V(z) = \gamma \exp - \beta (z_m - z_n)^2$$

$$\beta = (2 \langle (z_m - z_n)^2 \rangle)^{-1} \quad (2)$$

ここで z は画素配列で (m, n) は隣り合う要素である。γ は n-link の影響を制御する定数であり γ の値を大きくした場合、n-link の影響が強くなり、逆に小さくすると n-link の影響は小さくなる。γ 定数の変化による抽出結果の変化を図 4 に示す。

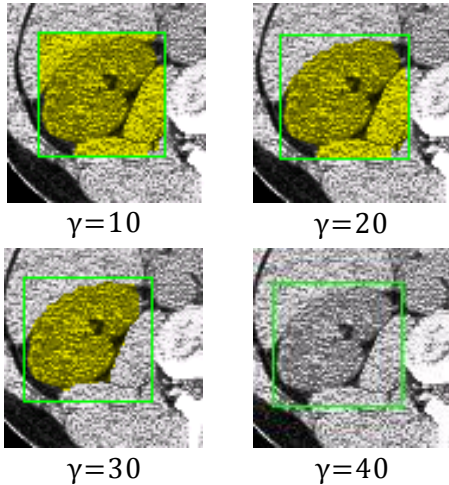


図 4.  $\gamma$  による影響

このように構築したグラフを最小カットアルゴリズム[5]によって前景ノード  $S$ , 背景ノード  $T$  をそれぞれ含む部分グラフに分割することで前景領域を抽出する。

### 2.3. 確率的臓器アトラスを用いた GrabCut の拡張

GrabCut に複数の正解画像から生成した確率的アトラスの情報を用いる。

確率的アトラスは原画像から自動的に検出された Box を用いて位置合わせをおこなって構築する。GrabCut において構築されるグラフの前景ノードの  $n$ -link を式(3), 背景ノード側の  $n$ -link を式(4)のようそれぞれ追加する。

$$Pr(x|.) = -\log(p(x|\mu, \Sigma) Pr(A_x)) \quad (3)$$

$$Pr(x|.) = -\log(p(x|\mu, \Sigma) (1 - Pr(A_x))) \quad (4)$$

ここで  $Pr(A_x)$  は確率的アトラスであり,  $(1 - Pr(A_x))$  は確率的アトラスに基づいた背景らしさとなる。

### 3. 実験

計算解剖学グループにより共有されている CT 画像データベースを用いた。東芝社製 Aquilion で撮像された胸部, 腹部, 体幹部等の画像であり, 濃度分解能は 12 [bit], 画像のマトリックスサイズは  $512 \times 512$  [voxel], 解像度は 0.625-1.148 [mm], スライス間隔は 1.00 [mm] の非等方性画像である。今回, 抽出対象とした臓器は心臓 27 症例, 肝臓 116 症例, 脾臓 114 症例, 右腎臓 120 症例, 左腎臓 122 症例である。

これらの画像から自動検出された Box を入力として GrabCut をおこなった。また, これらの症例の正解画像から leave-one-out 法により確率的アトラスをそれぞれ生成し, 確率的アトラスを利用した GrabCut をおこなった。GrabCut の際には, 定数パラメータ  $\gamma$  を 10, 20,

30, 40, 50, 60 と段階的に変化させた。

また, 検出された領域と正解画像を用いて式(5)から一致度を評価した。

$$J(G, R) = \frac{G \cap R}{G \cup R} \quad (5)$$

ここで,  $G$  は正解画像領域,  $R$  は抽出結果の領域である。

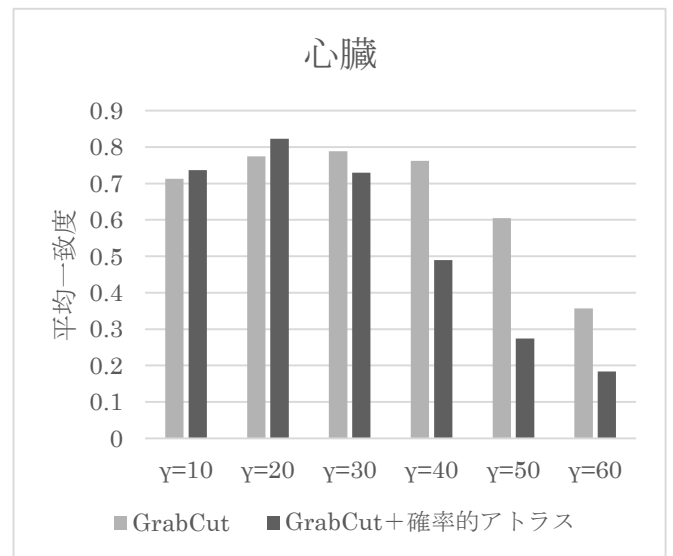
### 4. 結果と考察

図 6 に  $\gamma$  を変化させたときの各臓器における正解画像との平均一致度, 図 7, 図 8 に各臓器の抽出結果, 最も性能が良いときの平均一致度を表 2 に示す。

表 2 から GrabCut に確率的アトラスを付加したとき最も性能がよいときの平均一致度が高くなることが分かる。

また, 図 6 のグラフから  $\gamma$  の値が変化するにしたがって平均一致度が山を描いて変化しており, 領域抽出に適切な  $\gamma$  が存在し, 臓器ごとに異なっていることを示している。特に確率的アトラスを利用した場合, 最適な  $\gamma$  の値が低くなる傾向が見られた。

今回の実験において, GrabCut 処理の実行時間を計測したところ 8~100 秒程度であった。



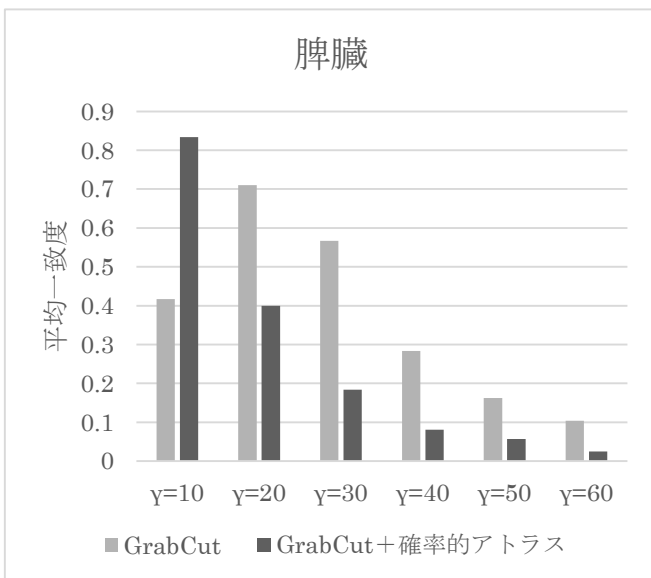
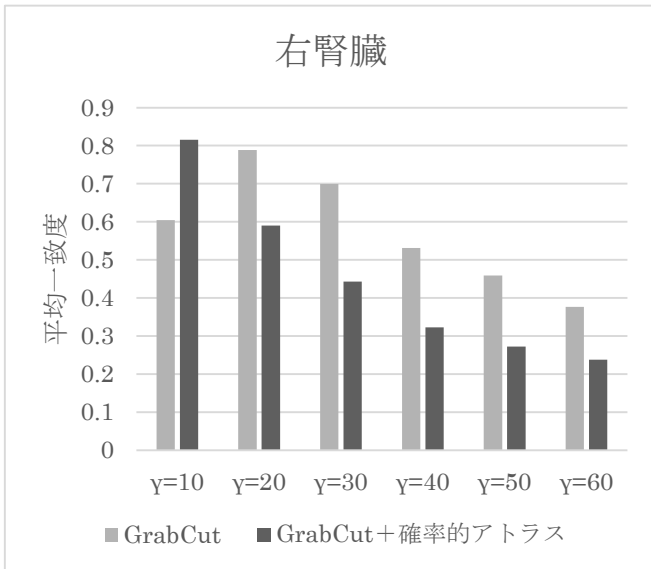
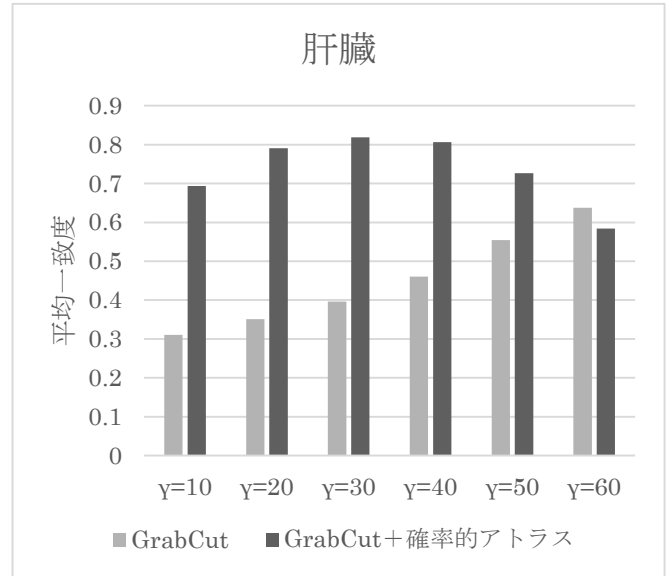
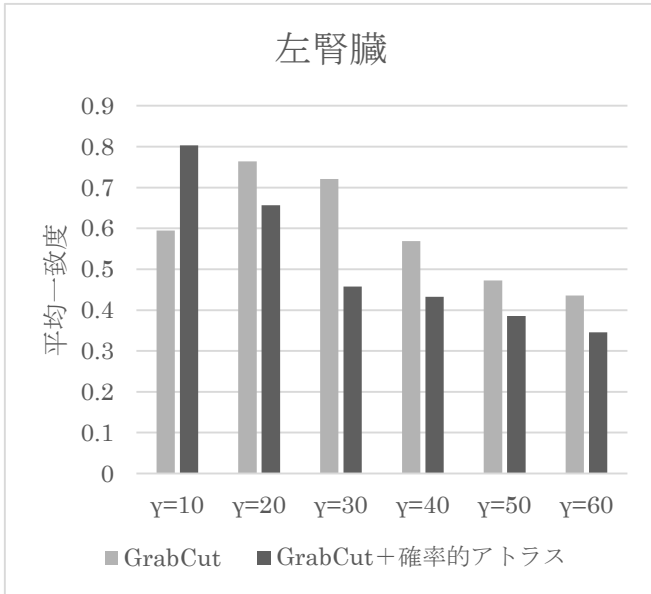
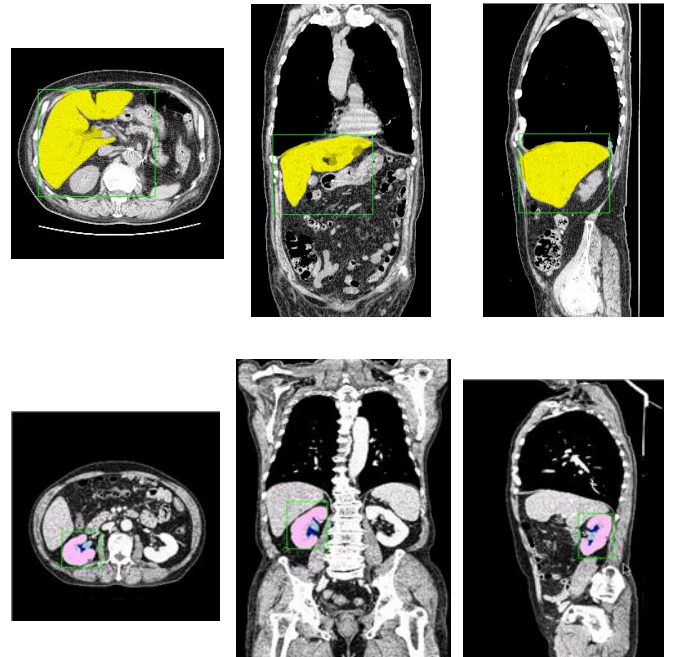


図 6 平均一致度

表 2 最も性能がよいときの平均一致度±標準偏差

|     | GrabCut + 確率的アトラス          | GrabCut                    |
|-----|----------------------------|----------------------------|
| 心臓  | 0.823±0.028( $\gamma=20$ ) | 0.789±0.035( $\gamma=30$ ) |
| 左腎臓 | 0.803±0.059( $\gamma=10$ ) | 0.764±0.087( $\gamma=20$ ) |
| 右腎臓 | 0.816±0.062( $\gamma=10$ ) | 0.788±0.107( $\gamma=20$ ) |
| 肝臓  | 0.819±0.082( $\gamma=30$ ) | 0.637±0.178( $\gamma=60$ ) |
| 脾臓  | 0.833±0.134( $\gamma=10$ ) | 0.710±0.243( $\gamma=20$ ) |



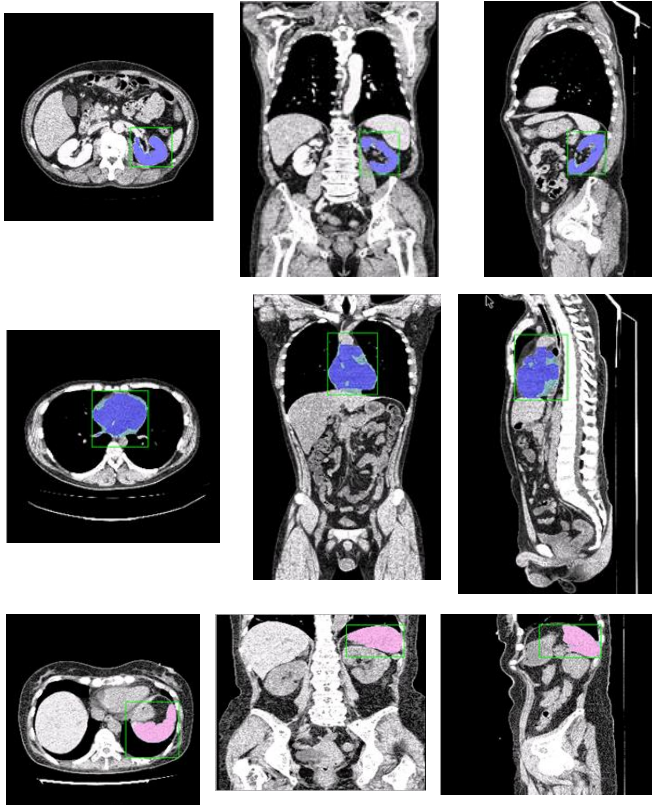


図 7 GrabCut と確率的アトラスを利用した抽出結果

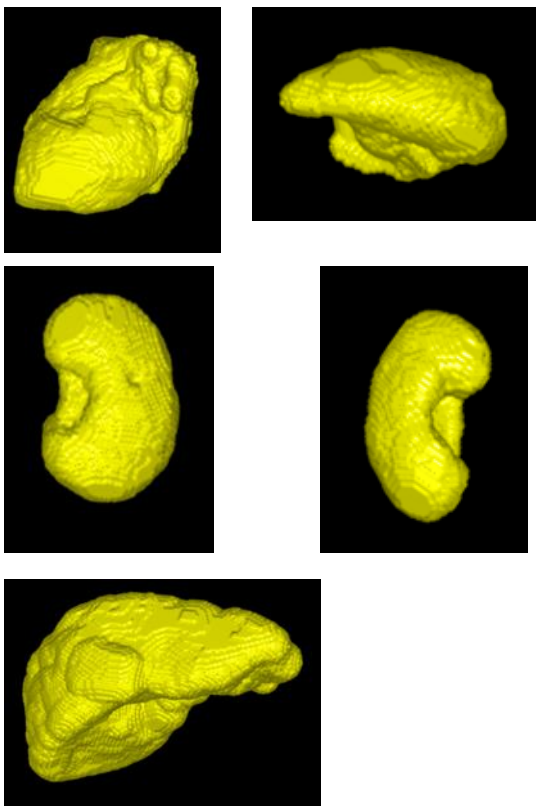


図 8 GrabCut と確率的アトラスを利用した抽出結果(3次元表示)

## 5. 結論

汎用的な臓器領域抽出法として臓器領域の確率的アトラスを用いた GrabCut の拡張を提案した。

GrabCut アルゴリズムに確率的アトラスを付加しグラフを構築する際のパラメータである  $\gamma$  を変化させながら、心臓、肝臓、脾臓、右腎臓、左腎臓を抽出した。確率的アトラスを用いて GrabCut を拡張した場合、GrabCut のみで抽出をおこなった場合より、最も性能がよいときの平均一致度が高くなることが分かった。

本手法を用いることにより GraphCut を用いた手入力より効率的に臓器領域抽出をおこなえることが期待できる。

## 謝辞

本研究の一部は、科学研究費新学術領域研究(課題番号 21103004)、及び文部科学省科学研究費補助金(基盤研究 C23500118)によって行われました。

## 文 献

- [1] 周向栄, 原武史, 藤田広志, “正常構造の理解に基づく CAD,” INNEVISION, vol.22, no.12, pp.21-25, 2007.
- [2] 山口昌太郎, 周向栄, 陳華岳, 原武史, 姜慧研, 横山龍二郎, 兼松雅之, 星博昭, 藤田広志, “CT画像における体幹部の解剖学的構造のデータベース構築法に関する考察”, 電子情報通信学会技術研究報告, Jan.2013
- [3] Carsten Rother, Vladimir Kolmogorov, and Andrew Blake. “GrabCut - Interactive Foreground Extraction using Iterated Graph Cuts”, ACM Transactions on Graphics (SIGGRAPH), Vol. 23, No. 3, pp. 309-314, 2004.
- [4] Xiangrong Zhou, Shoutarou Yamaguchi, Xinin Zhou, Huayue Chen, Takeshi Hara, Ryujiro Yokoyama, Masayuki Kanematsu, and Hiroshi Fujita. “Automatic organ localizations on 3D CT images by using majority-voting of multiple 2D detections based on local binary patterns and Haar-like features”, Proc. of SPIE Medical Imaging 2013: Computer-Aided Diagnosis, 8670, pp.86703A-1 - 86703A-7, 2013
- [5] Yuri Boykov, Vladimir Kolmogorov: An Experimental Comparison of Min-Cut/Max-Flow Algorithms for Energy Minimization in Vision. IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell. 26(9): pp.1124-1137, 2004