

全身人体の CT/MRA 画像データベースによる臓器の重ね合わせ表示

徳久 宗一郎[†] 金子 邦彦[‡]

[†]九州大学大学院システム情報科学府 〒819-0395 福岡市西区元岡 744 番地

[‡]九州大学大学院システム情報科学研究院 〒819-0395 福岡市西区元岡 744 番地

E-mail: [†] tokuhisa@db.is.kyushu-u.ac.jp, [‡] kaneko@ait.kyushu-u.ac.jp

あらまし 全身人体の CT 画像と MRA 画像の 2 次元粘性流体位置合わせにおいて、隣り合う臓器の輪郭線が似ている場合、隣接する別の臓器の輪郭線と一致してしまうことがある。本稿では、このような位置合わせに失敗してしまう箇所がどのように分布しているかを把握するために、位置合わせ後の全身の CT 画像と MRA 画像の輝度値の対応関係から臓器の重なりを調べ、異なる臓器と重なっている個所を位置のずれとして強調して表示する重ね合わせ表示を試みる。

キーワード CT 画像, MRA 画像, 粘性流体位置合わせ, 重ね合わせ

Whole-body CT/MRA image Fusion for precise image registration

Soichiro Tokuhisa[†] and Kunihiko Kaneko[‡]

[†] [‡] Graduate School of Information Science and Electrical Engineering, Kyushu University

744 Motooka, Nishi, Fukuoka, 819-0395 Japan

E-mail: [†] tokuhisa@db.is.kyushu-u.ac.jp, [‡] kaneko@ait.kyushu-u.ac.jp

1. はじめに

医用画像の撮影機器の発展に伴い、人体内部の画像を複数種類撮影する機会が増加している。異なる撮影機器から得た複数の医用画像を診断や治療計画に用いるために、複数の画像の位置合わせ処理と、重ね合わせ表示による特定領域の強調処理を行うことがある。本稿では、この医用画像の重ね合わせ表示で位置合わせが上手くいっていない箇所を強調して表示することで、位置のずれの分布を特定できるかを実験により確認する。実験には全身人体の CT 画像と MRA 画像を用いる。

位置合わせとは、片方の画像に対して幾何変換や画素単位での変形処理を行うことで、2 つの画像の臓器の位置が重なるようにする手法である。本稿での画像の位置合わせ処理は 4 段階で行っている。これは 3 次元剛体位置合わせ、2 次元粘性流体位置合わせ、上手くいっていない断面画像に対してパラメータを一部変更して再度行う 2 次元の粘性流体位置合わせ、そして特定臓器を囲む矩形領域を対象とした部分領域での 2 次元粘性流体位置合わせの 4 段階である。3 段階目までは著者の書いた文献[3]に、4 段階目の部分領域の位置合わせの手順は次節で説明する。この手法を用いた場合の心臓内部の血液領域の位置のずれは、3 段階目までで平均 12.8mm であり、4 段階目では平均 9.4mm となっており、大動脈内の血液領域の位置のずれは、3 段階目までで平均 9.2mm であり、4 段階目が平均

6.2mm となっており、臓器の重なり具合を改善させることができている。

重ね合わせとは、2 つの画像の輝度値を数式で結合し、2 つの画像の特徴を併せ持つ 1 つの画像として出力するものである。臓器の構造情報を持つ CT 画像に臓器の機能情報を持つ PET 画像などをカラーで重ね合わせて表示し、病巣や臓器の機能を視覚化することがしばしば行われている。本稿では CT 画像と MRA 画像の胴体や血液と位置のずれている領域を重ね合わせて表示する。

我々はこれまで、CT 画像と MRA 画像を透過度で重ね合わせ、位置のずれを目視で確認していた(図 1 左)。しかし、透過度を変更して輪郭の位置のずれを確認するため、時間のかかる作業であったため、CT 画像の輪郭を Sobel フィルタで抜き出し赤くして重ね合わせ表示を行い(図 1 右)、臓器の輪郭の重なりを確かめる作業を行った。

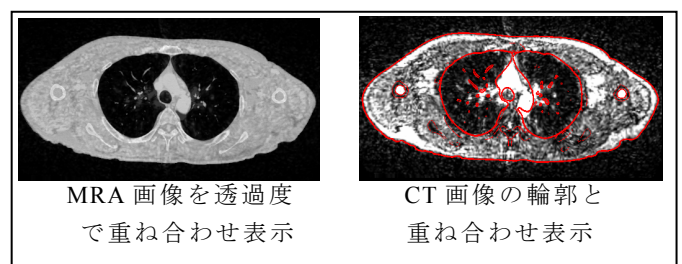


図 1 重ね合わせ表示によるずれの有無の確認

しかし、これでは断面の輪郭のずれは逐一調べることができても、位置合わせに失敗しやすい領域の特徴や、分布等の3次元的な情報を得ることができない。医用画像診断支援共通プラットフォーム PLUTO を用いて画素毎に透過度を設定し、ボリュームレンダリングを行うことで、3次元的な情報を得ることができる。本稿では輝度値の対応関係を用いて位置のずれた領域を特定し、PLUTO を用いてボリュームレンダリングを行うことで可視化し、位置合わせに失敗する箇所を調べる。そして、今後はそのずれの3次元的な方向を特定し、その情報を用いることで、位置合わせの更なる精度向上が望めるかを検討していきたいと考えている。

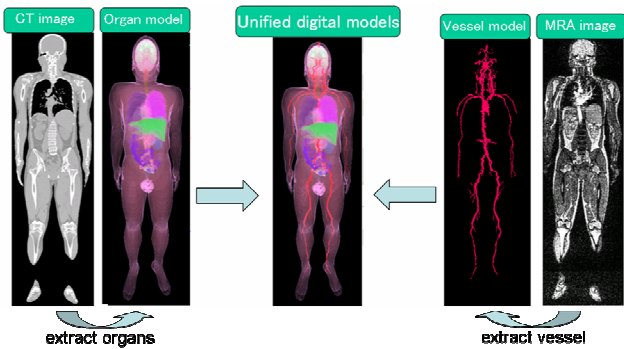


図2 3次元ボリュームレンダリングによる臓器と血液の重ね合わせ表示

2. 位置合わせ

はじめに、位置合わせに用いる CT 画像と MRA 画像について説明する。画像の大きさは $490 \times 265 \times 1687$ であり、解像度 $0.98 \times 0.98 \times 1.0$ (mm) である。MRA 画像は図3中央のように、閾値によって血液領域とそれ以外の領域に分割することが容易である。また、CT 画像の臓器と重ねられるよう、輝度値を適切に変換し調節を行った図3右の MRA 画像を使用している。

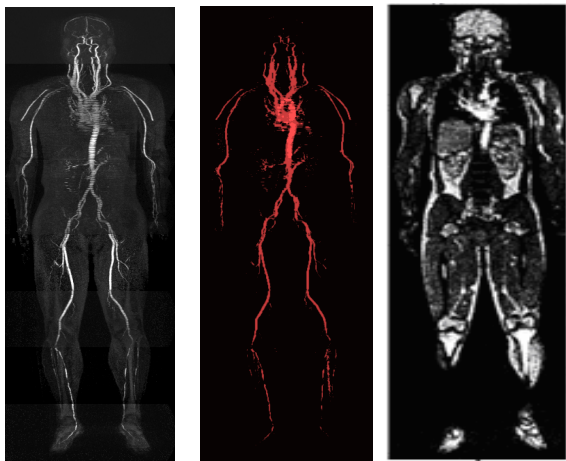


図3 全身 MRA 画像(左)と血液(中央)と輝度値調節 MRA 画像(右)

本稿では、4つの手順で CT 画像と MRA 画像の位置合わせを行っている。まず初めに全身人体の CT 画像と MRA 画像に対して平行移動と回転を行う3次元剛体位置合わせを適用する。これにより、CT 画像と MRA 画像の人体の位置と体の向きを揃えることができる。次に、全身を頭頂部、頭部、顎部、肩部、胸部、横隔膜部、腹部、腰部、下腿部、足部の10個に分割し、構造毎にパラメータを変えて2次元の粘性流体位置合わせを行う。2次元粘性流体位置合わせは、図4のように CT 画像と MRA 画像の2つの画像と粘性に関するパラメータを与えることで、MRA 画像を CT 画像と輪郭が一致するように変形させるものである。その後の3つ目の手順で、失敗した断面の画像についてパラメータを調節し、再度粘性流体位置合わせを行っていく。3手順目までに行った全身の詳細な分割箇所や構造毎のパラメータの決定方法については筆者の文献[3]に記載しているため、ここでは説明を省略する。

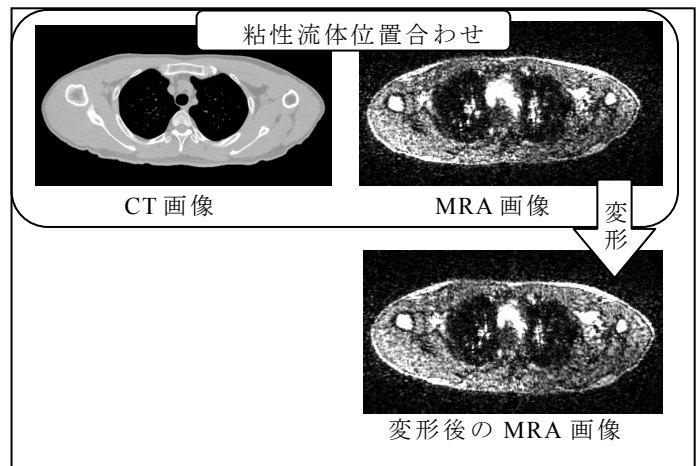


図4 CT 画像と MRA 画像の2次元粘性流体位置合わせ

最後に4つ目の手順では、断面の画像中にある臓器の輪郭が大きくずれている領域を計算の対象領域として指定し、その領域内に対して2次元の粘性流体位置合わせを行っている。計算の対象領域には、輪郭のずれた箇所を十分に含むような矩形領域を設定している。そして、その内部の画像に対して2次元粘性流体位置合わせを行った後、矩形領域の内と外で変形量が大きく異ならないよう、矩形領域内部の変形量に対して標準偏差1のガウシアンカーネルを畳み込むことで外周の変形量を抑える処理を行っている。

図5では血液のみみ出ている領域を囲む最小の矩形領域に対して周囲15ピクセルを余分に加えた領域を計算の対象領域として設定し、2次元粘性流体位置合わせを行っている。つまり、図5における計算の対象領域は水色の矩形領域で表される。3手順まで行った画像の矩形領域を拡大して表示した図5の左下図を見ると、白い色で表される MRA 画像の血液が赤い心臓

の輪郭線をはみ出ていることが分かる．そして，4 手順まで行った MRA 画像では，図 5 の右下図のように，白色で表される MRA 画像の血液が赤い心臓の輪郭線内に収まるよう変形が行われることが分かる．

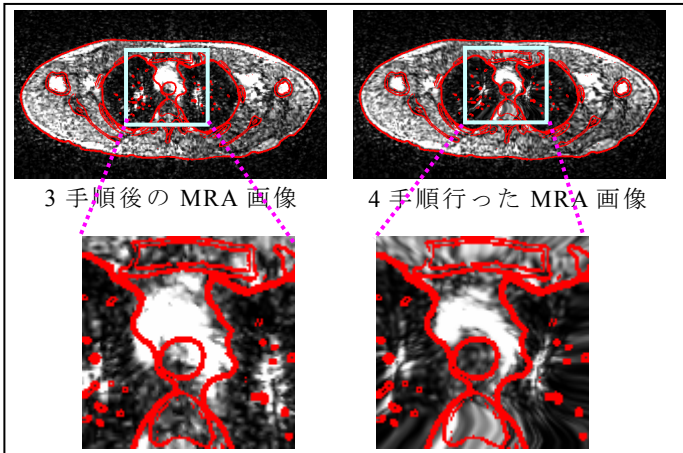


図 5 4 段階目の位置合わせ前後における部分領域

図 5 を見ると，赤色の心臓の輪郭内部に MRA 画像の白色で示された血液領域が含まれてはみださなくなっていることが分かる．心臓内部の赤色の小円気管であり，3 段階の変形後の MRA 画像では血液が重なっているが，4 段階目を終えた部分領域後の MRA 画像では空気の黒色で充満されており，4 段階目を終えることで更に位置合わせの精度が向上していることが分かる．

3. 重ね合わせ

重ね合わせとは，同じ対象を撮影した異なる特徴を有する 2 枚の画像を統合することで，お互いの特徴を併せ持つ 1 枚の画像を生成する技術のことである．例えば図 5 は，CT 画像の輪郭を赤い線で表した画像と MRA 画像を重ね合わせることで，CT 画像の輪郭情報を持った MRA 画像が得られている．本稿では，臓器の領域と臓器の輪郭のずれを 3 次元ボリュームレンダリングで重ね合わせて表示を行う．これを行うためには，臓器の輪郭がずれているところを選別する必要がある．

3.1. 臓器の対応関係を表す共起ヒストグラム

臓器の輪郭のずれている領域は，共起ヒストグラムから求めることができる．共起ヒストグラムとは，同じ座標に存在する輝度値の組を数え上げたものである．2 つの画像の同じ座標における輝度値の組 (i_1, i_2) の総数が画像全体で a 個となる場合，輝度値の組 (i_1, i_2) の共起ヒストグラムの値は $J(i_1, i_2) = a$ となる．256 色の CT 画像と 256 色の MRA 画像の共起ヒストグラムの場合， 256×256 の共起ヒストグラムの配列となり，各配列の要素が画素の総数となっている．この画素の総数を高

さ情報として描画することで，図 6 のグラフや，図 7 の画像として表示することができる．

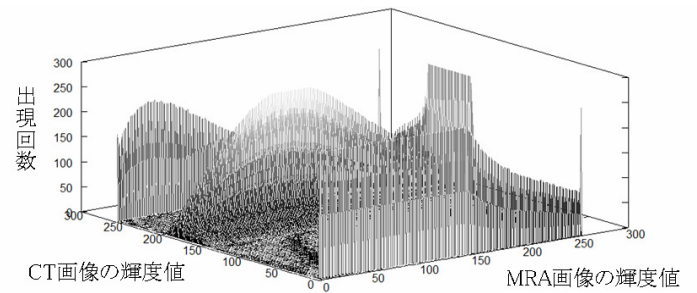


図 6 共起ヒストグラムの 3 次元グラフ表示

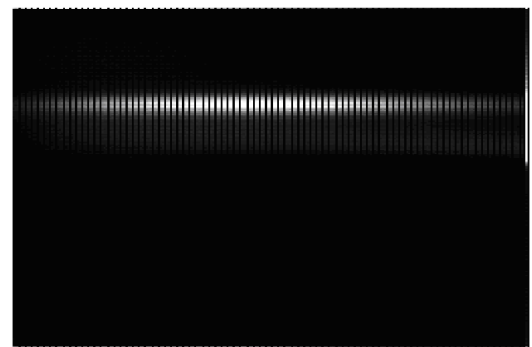


図 7 共起ヒストグラムの 2 次元画像表示

この共起ヒストグラムを用いて臓器の重なっていない領域を見つけるためには，両方の画像の臓器の輝度値の分布を調べる必要がある．例えばある特定の臓器は 1 つの輝度値で表される場合がある．また，輝度値 a から輝度値 b のように特定の範囲で分けられる場合もある．この特定の値や，特定の範囲の輝度値を共起ヒストグラムの片方の画像に対して限定することで，もう片方の画像の輝度値が対応する臓器の輝度値となっているかどうかで特定の臓器の重なり具合を調べることができる．つまり，重なり合う臓器は同じ輝度値の組となるという仮定に基づき，臓器がはみ出ている領域を特定するのである．

具体的を挙げて説明すると，MRA 画像の輝度値 255 は脂肪や血液を表している．脂肪や血液を表す CT 画像の輝度値は，脂肪の場合は 140 から 160，血液の場合は 170 から 180 の数値となっている．つまり，脂肪と血液が正しく重なり合っているならば，MRA 画像での輝度値が 255，それと重なる CT 画像の輝度値が 140 から 160 と，170 から 180 の範囲の輝度値が多く現れるはずである．そして，CT 画像のそれ以外の輝度値と重なっている場合は脂肪か血液の領域が正しく重なりあっていないと考えられるのである．

このように，重なり合う臓器は共起ヒストグラムから片方の画像の輝度値を指定して，その輝度値と対応

するもう片方の画像の対応する臓器の輝度値を調べ、輝度値の組から臓器が重なっているかどうかを判別する。表 1 に、構造毎に出現する主要臓器とその輝度値の分布の表を示す。CT 画像の輝度値の分布は CT 値を 255 色に輝度変換した数値を用いているので、全身で同一の輝度分布となっている。そのため、この数値を全身に使用して実験を行う。しかし、本稿で使用している MRA 画像はその輝度分布が必ずしも一定ではなかった。そのため、表 1 の輝度値の範囲を全身に使用することができない。そこで次章では、共起ヒストグラムから輝度分布の取得を試みる。

表 1 胸部に出現する主要構造とその輝度値分布

	空気	脂肪	心筋	筋肉	血液	骨
CT 画像	0	140-160	140-160	170-180	170-180	255
MRA 画像	0-40	255	100-130	100-130	255	0-40

3.2. ヒストグラムから臓器の分布を調べる

CT 画像の場合は、図 7 の CT 画像の輝度値のヒストグラムの谷間を閾値とすることで、臓器と対応する輝度値の分布を特定することは不可能ではない。しかし、図 8 の MRA 画像の輝度値のヒストグラムを見ると、血液を表す 255 の数値以外がなだらかな 2 次曲線を描いており、筋肉と脂肪のような構造の境目を見つけ出し、その閾値を調べるのに適していないことが分かる。そこで、共起ヒストグラムより輝度値の対応を調べ、そこから特定の臓器と重なる輝度値を調べることを試みる。

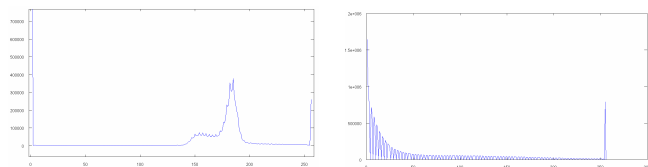


図 8 CT 画像 (左) と MRA 画像 (右) のヒストグラム

また、前述の臓器の輝度値の分布は幾つかの画像から筆者が数ピクセルの輝度値を調べまとめた閾値であるため、正確な閾値であるとはいえない。そこで本稿では、10 分割した領域毎に共起ヒストグラムを求め、そこから MRA 画像の血液や CT 画像の骨等、数値が 255 に固定されるものを限定する領域とし、それに対応するヒストグラムを求め多値化することで、MRA 画像の血液や CT 画像の骨と対応する臓器の分布を調べる。このヒストグラムの多値化は手動で閾値を定めるが、文献[8]の P-tile 法を用いて元画像を多値化し得られた閾値と近い数値の閾値を選択することで、より正確な臓器の閾値を得られるようにしている。P-tile 法

の詳細な説明は次章で行う。

共起ヒストグラムから片方の画像の輝度値を固定することで、片方の輝度値 i_1 が固定されたときの i_2 に関する出現頻度のヒストグラムとみなすことができる。 i_1 を CT 画像の輝度値、 i_2 を MRA 画像の輝度値としたとき、 $J(255, i_2)$ を CT 画像の輝度値が 255 である骨と重なり合う MRA 画像の輝度値のヒストグラム、 $J(i_1, 255)$ を MRA 画像の輝度値 255 である血液と重なり合う CT 画像の輝度値のヒストグラムと表すことができる。これらのヒストグラムに対して多値化を行い、対応する画素の集合に分割し、骨や血液と重なるもう片方の画像の臓器を調べ、臓器がはみ出ているか、正しく重なり合っているかを調べていく。

図 9 は MRA の血液と重なる CT 画像の輝度値のヒストグラムであるが、これを P-tile 法を用いて多値化した閾値と比較して閾値を定め、前述の臓器の輝度値の分布と照らし合わせることで、各構造における正確な閾値を特定し、臓器の輪郭がずれて正しく重なり合っていない領域を特定することができる。

このように共起ヒストグラムから特定の画素と重なる輝度値を調べ、対応関係を調べるには、閾値が決まっていなければならないという問題点が存在する。つまり、輝度分布が明確な CT 画像や、輝度値が 255 である MRA 画像の血液のように、閾値が明確な領域と重なり合う構造の分布しか調べることができない。この問題を解決するために、次章では MRA 画像の構造を P-tile 法を拡張した多値化法によって輝度分布を調べ、血液以外の分布を調べることを試みる。

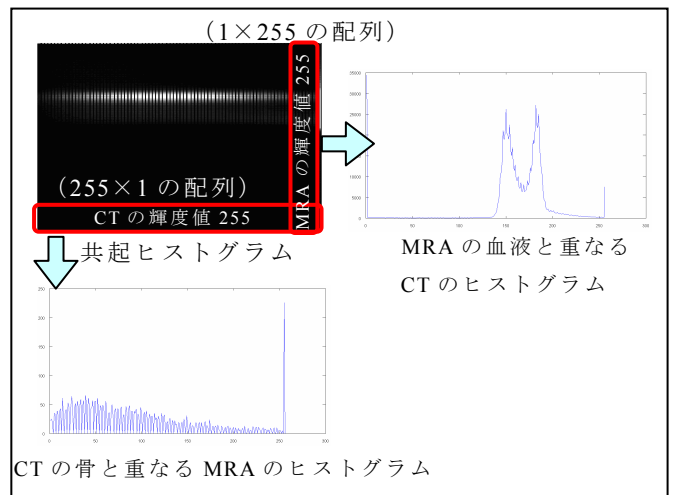


図 9 胸部の構造と重なる領域の輝度値のヒストグラム作成

3.3. P-tile 法

P-tile 法は画像を白と黒の 2 値で表す 2 値画像を生成する手法のひとつである。この手法は入力として画像と、2 値画像の黒色としたい面積の割合の 2 つを与え、その面積の割合に最も近くなる閾値をヒストグラムから計算によって求める。その後、得られた閾値を用いて 2 値画像を生成することができる。図 10 は P-tile 法のアルゴリズムである。

```

H(i) ← Histogram(img)
s ← sum( H(i) ) #total image area #
f ← s #initialize all area as object area #
for k ← 1 to n
    f ← f - H(k-1) # remove k-1 from object area #
    if (f / s) < P then stop
T ← k # final threshold value #
    
```

図 10 P-tile 法のアルゴリズム

ここで *img* は入力のひとつで 2 次元配列のデータで画像データである。関数 `Histogram()` は 2 次元配列を入力としヒストグラムを出力とする関数である。*H(i)* は画像のヒストグラムで、配列の $i=0\dots n$ には輝度値 i となる画素の総数を数え上げた数値が格納されている。*s* は画像の画素数を画像の面積として持たせている。*f* は 2 値化後の黒色の画素数で、計算によって値が更新される。*k* は現在調べている輝度値で、*n* は画像の輝度値の数で、本稿では 255 色の濃淡画像を用いているため 255 と設定している。*P* はもうひとつの入力で、画像を 2 つに分けたときの片方の面積の割合で 0 から 1 の間の小数值で与えている。この P-tile 法のアルゴリズムは、図 10 の通りに、面積の割合 f/s が割合 *P* 以下になったら計算を終了し、得られた閾値を変数 *T* に出力する。

文献[8]ではさらにこの P-tile 法を関数 `Ptile()` として利用し、P-tile 法の入力のひとつである面積の割合 *P* を自動で求める方法を提案している。このアルゴリズムは面積の割合 *P* を 0 から 1 まで与え、その中から最適な面積の割合を計算するものである。ここでの最適な面積の割合は、元画像の勾配画像と、2 値化後の勾配画像が似ているほど良いと判断して決定している。つまり、画像に Canny フィルタを用いた後 2 値化した画像と、P-tile 法より得られた 2 値画像の勾配画像の差分を求め、その差が最も少ないものを閾値とする。差分は差の自乗誤差 `MSE(Mean Squared Error)` で求めている。このアルゴリズムの概要を図 11 に、この手法を CT 画像の胸部断面に用いた結果を図 12 に示す。この図 12 より、得られた 2 値画像が人体の領域と空気の領域の 2 つに正しく分けられていることが分かる。

```

O ← CannyEdge( img )
e ← 1.0e+100; #Initial value to get min value#
for P ← 1 to 99
    threshold ← Ptile( img, P/100 )
    B ← Thresholding( img, threshold )
    C ← CannyEdge( B );
    r ← MSE( O, C ); #Calculate Mean Squared Error#
    if ( r < e ) then e ← r
T ← e # final threshold value #
    
```

図 11 自動で P-tile 法の閾値を求めるアルゴリズム

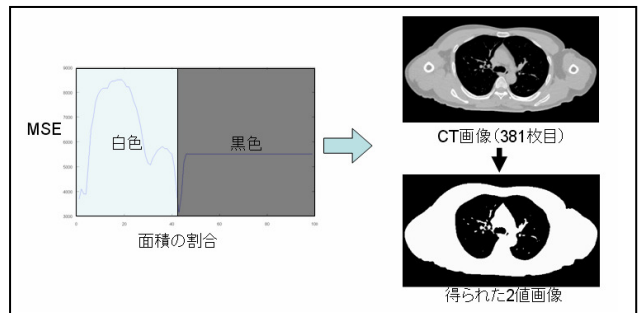


図 12 自動で P-tile 法の閾値を求めた結果

3.4. P-tile 法の多値化

P-tile 法の閾値を自動で求める手法において、MSE の極小値の最小値を閾値として求めていたが、ここで極小値全てを探索し複数個所を閾値として用いることで P-tile 法を用いて画像を多値化することができる。つまり、先ほどの文献[8]の自動で閾値を求めるアルゴリズムでは極小値の最小を求め 2 値化の際の閾値として出力していたが、ここでは得られた極小値全てを閾値として出力するよう変更することで複数の閾値を得ることができ、それを元に画像の多値化を行うことができるということである。私はこの手法を `Octave` 言語で実装して `MRA` 画像の閾値取得に利用している。動作例として、ここでは閾値の発見が容易な CT 画像を例に挙げる。図 13 のようにヒストグラムを複数の閾値で切り分け 2 値化し、得られた 2 値画像を組み合わせることで画像の多値化を実現させることができていることが分かる。

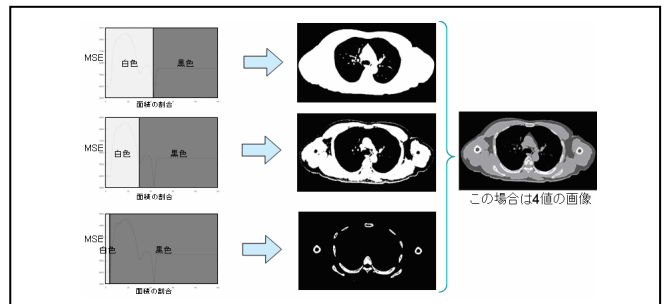


図 13 MSE の極小値から 2 値画像を複数生成し足し合わせることで多値画像を生成

4. 実験

位置合わせに失敗してしまう箇所がどの様に分布しているかを把握するために、臓器の位置がずれている領域を探し可視化を試みる。本稿では、CTの胴体のずれとMRAの血液のずれに焦点を当てて実験を行った。実験では、初めにCT画像とMRA画像の閾値を求める。求めた閾値でCT画像とMRA画像の領域を分割し、重なって良い領域と重なってはいけない領域を調査し、同じ座標で重なってはいけない輝度値の組となっている領域を異なる数値で分類する。その後、胴体であればCT画像とMRA画像で胴体同士が正しく重なった胴体領域とCT画像の胴体とMRA画像の空気領域が重なった領域と、MRA画像の胴体とCT画像の空気領域が重なった領域とそれ以外の領域の4値画像を生成し胴体領域の重なり具合を強調して表示する。また、血液の場合は、CT画像とMRA画像で血液が正しく重なっている血液領域とMRA画像の血液とCTの血液以外の領域が重なった領域とそれ以外の領域の3値画像を生成し強調表示を行う。強調表示には医用画像診断支援共通プラットフォームPLUTOを用いており、通常の臓器領域と臓器の位置がずれている領域を異なる色で表示し、それ以外の領域を透過させることで、位置のずれた領域を強調して表示し位置のずれの分析を行うことを試みる。

4.1. 対象臓器の閾値推定

まず初めに、CT画像とMRA画像の閾値を求める。これは胴体や血液が確実にずれていると分かる輝度値を見つけるためである。臓器が確実にずれている箇所は、ある座標の輝度値が表す臓器とは異なる輝度値が別の画像の同じ座標に表れている。例えば、同じ座標においてCT画像では胴体の輝度値が現れており、MRA画像では空気の輝度値が現れている場合、その座標では異なる臓器が重なっており位置がずれているといえる。空気と胴体を分ける閾値は、空気とそれ以外の領域に分ける輝度値のことである。血液も同様に、血液の輝度値とそれ以外の輝度値に分けられれば良いのだが、血液の場合、表1の血液の範囲を見ると分かるように、CT画像では血液と筋肉が同じ輝度値分布を持ち、MRA画像では脂肪と同じ輝度値を持っている。そのため正確に輝度値の閾値を見分けることができない。そこで、MRA画像の血液と脂肪を含む輝度値と、CT画像の血液と筋肉の輝度値が同じ座標に現れる場合に位置が合っていると判断し、それ以外の領域と重なっている場合を位置が合っていないとする。

CT画像の閾値についてはCT値より求めた表1の閾値を用いることができる。これはCT画像が組織によってCT値が変動しないため、胸部で求めた表1の範

囲を全身で使いまわしても問題がないからである。しかし、MRA画像の閾値は全身で使いまわすことは難しい。例えば、図14の左右の手の色に注目すると、同じ筋肉の組織であっても輝度値が異なっていることがあることが分かる。これはMRA画像の輝度の線形変換と幾何変換による人体の3次元回転等、幾つかの処理が問題の原因と考えられるが、本稿ではこの問題の直接的な解決には取り組まず、全身を10個に分割して部分毎に求めた複数の閾値の平均をとることで、自動で尤もらしい閾値を定めることに注力した。

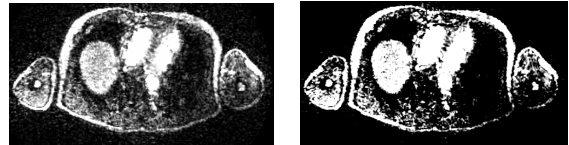


図14 輝度分布が一定でない胸部MRA画像の1例
左：MRA画像 右：コントラスト強調画像

MRA画像の閾値をP-tile法の多値化を用いて自動的に複数の閾値を求めた。MRA画像に対して1枚ずつヒストグラムを求め、そのヒストグラムをP-tile法で閾値を求め、その閾値の平均を求める。平均を取る場合、空気と胴体の閾値と、胴体と血液の閾値の2つの閾値を求める必要がある。本稿では閾値をヒストグラムで並べ、グラフの隙間を手動で設定して2つに分類し、2つの閾値を平均より求めている。図15は頭頂部の閾値とその出現頻度を表すグラフである。水色と薄緑色の二つの領域に手動で分類し、それぞれの平均値を赤い線で表している。その結果、頭頂部において空気と胴体の閾値が43、胴体と血液の閾値が190となっている。この自動で求めた閾値では、図16のようにノイズを多く胴体領域に含んでしまう。そこで、胴体と空気の閾値のみ手動で調整を行っている。こうして頭頂部、頭部、顎部、肩部、胸部、横隔膜部、腹部、腰部、下腿部、足部の10箇所について閾値を求めた結果が図17である。分割領域の番号は頭頂部から順に1から10の数値で表している。

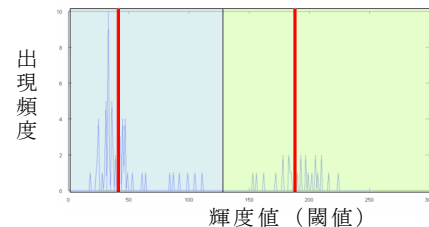


図15 頭頂部の閾値の頻度分布とその平均値

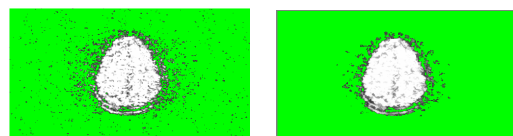


図16 空気と胴体の閾値で分けた空気領域を緑色で表示
左：多値化P-tile法で求めた空気の閾値で分割した結果
右：手動で閾値を調整しノイズを空気に分類した結果

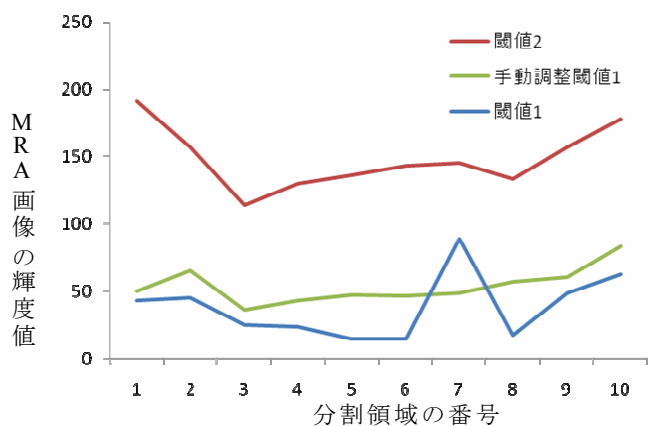


図 17 分割領域毎の閾値

閾値 1 は空気と胴体の閾値，閾値 2 は血液・脂肪とそれ以外を分ける閾値，手動調整閾値 1 は閾値 1 を手動で調整した閾値

4.2. 重ね合わせ表示の結果

4.1 で得られた分割領域毎の閾値より，CT 画像と MRA 画像の対応関係が分かる．これにより，胴体や血管の位置のずれている箇所を特定することができる．

まず CT 画像と MRA 画像の胴体の位置のずれを可視化する．胴体を肌色で表示し，CT 画像から MRA 画像がはみ出している領域を赤色で，CT 画像の胴体と MRA 画像の空気が重なっている凹んだ領域を青色で表示すると，図 18 の左図のように表される．胸部中央が赤く，手や足の指，鼻などにおいて青く表示されていることが確認できる．

次に CT 画像と MRA 画像の血液の位置のずれを可視化する．CT 画像と MRA 画像で正しく重なっている血液領域を青で表示し，位置のずれている領域を赤で表示すると図 18 の右図のように表される．赤く表示される箇所には，これまでに分かっていた脇の血液の位置のずれや心臓のはみ出した領域の他にも多くの細かい位置のずれが表示されていることが分かる．また，位置のずれた領域が細かく点在しているのではなく，ある程度まとまった領域で生じているということが分かる．これが粘性流体位置合わせの問題なのか，MRA 画像の輝度分布の違いの問題なのかは定かではないが，今後の位置合わせにおいて役立つはずである．

図 18 右図より腕や足先の血液が位置のずれと判断されているが，図 19 のように断面画像を 1 枚 1 枚目視で確認すると十分に位置が合っていることが分かった．まず腕の前側の血液については，血液が元々脂肪の内側に位置したため誤って位置のずれと判断されていた．続いて膝より下側の足の血液についてだが，CT 画像の輝度値を確認すると 180 を超える数値であり，胸部の閾値と多少違った数値を持っていた．今後 CT 画像の閾値も全身を考慮して設定する必要があると分かった．

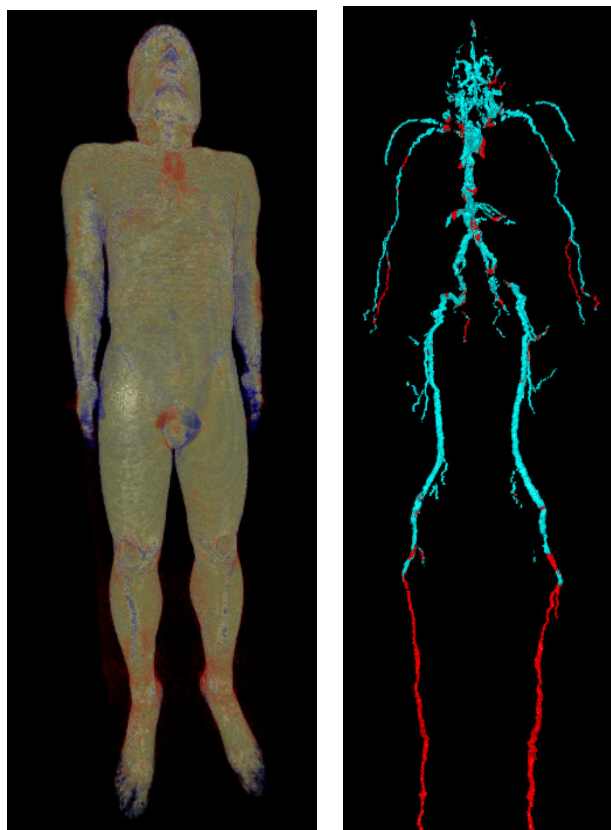


図 18 位置のずれを強調した重ね合わせ表示

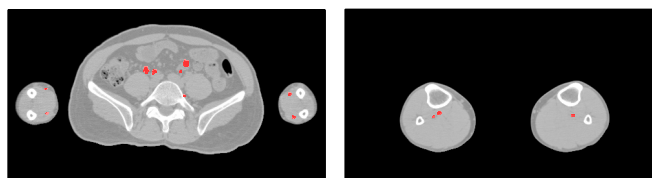


図 19 腕や足先の位置のずれ（赤色）

5. まとめ

位置合わせにおいて生じる臓器の位置のずれの問題に対して，位置のずれを強調表示することで位置のずれの可視化を試みた．まず CT 画像の閾値を胸部から特定し，次に全身を 10 個の構造に分割し，構造毎に胴体と血液と空気を分けることで MRA 画像の閾値を特定した．その結果，CT 画像の胴体の位置のずれや，MRA 画像の血液の位置のずれた領域が得られ，位置のずれを強調して表示することに成功した．今後は，重なり合っていない領域に対して位置のずれの方向を特定することで，さらなる位置合わせの精度向上に取り組んでいきたい．

謝辞

本研究は科研費（22500092）の助成を受けたものです．本研究において全身 CT 画像と全身 MRA 画像のデータを提供して下さった理化学研究所の横田秀夫先生と姫野龍太郎先生に深く感謝の意を表します．

参 考 文 献

- [1] E. D'Agostino, F. Maes, D. Vandermeulen, P. Suetens, "A Viscous Fluid Model for Multimodal Non-rigid Image Registration Using Mutual Information", *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol.2489, pp.541-548, 2002.
- [2] M. Bro-Nielsen and C. Gramkow, "Fast fluid registration of medical images", *Visualization in Biomedical Computing*, pp.267-276, 1996.
- [3] S. tokuhisa, K. Kaneko, "Representative Slice Method for Viscous Fluid Registration of Three-Dimensional Whole-Body Human Images", *International Conference on Ubiquitous Information Management and Communication*, pp.516-523, 2009.
- [4] C. Studholme, D. L. G. Hill, D. J. Hawkes, "Automated 3-D registration of MR and CT images of the head", *Medical Image Analysis*, vol.1, no.2, pp.163-175, 1996.
- [5] C. Studholme, D. L. G. Hill, D. J. Hawkes, "An overlap invariant entropy measure of 3D medical image alignment", *Pattern Recognition*, vol.32, no.1, pp.71-86, 1998.
- [6] B. Zitova, J. Flusser, "Image registration methods: a survey", *Image and Vision Computing*, vol.21, pp.977-1000, 2003.
- [7] C. S. Pattichis, M. S. Pattichis and E. Micheli-Tzanakou, "Medical imaging fusion applications: An overview", *The 35th Asilomar Conference on Signals, Systems and Computers*, vol.2, pp. 1263-1267, 2001.
- [8] F. Samopa and A. Asano, "Hybrid Image Thresholding Method using Edge Detection", *International Journal of Computer Science and Network Security*, vol.9 no.4, April 2009.