

胸部X線ヘリカルCT画像における  
コンピュータ支援診断システムの開発に関する研究

A study on development of a  
computer-aided diagnosis system  
for  
chest X-ray helical CT images

平成13年1月  
January, 2001

李 鎔範  
Lee Yongbum

胸部X線ヘリカルCT画像における  
コンピュータ支援診断システムの開発に関する研究

A study on development of a  
computer-aided diagnosis system  
for  
chest X-ray helical CT images

平成13年1月  
January, 2001

李 鎔範  
Lee Yongbum

# 胸部X線ヘリカルCT画像における コンピュータ支援診断システムの 開発に関する研究

李 鎔範

岐阜大学大学院  
工学研究科 電子情報システム工学専攻  
〒501-1193 岐阜県岐阜市柳戸1-1

TEL: 058-293-2746, FAX: 058-230-1895  
E-mail: lee@fjt.info.gifu-u.ac.jp

指導教官: 藤田 広志 教授

## 要旨

本研究の目的は、画像処理手法や画像認識手法を用いて胸部X線ヘリカルCT画像におけるコンピュータ支援診断(Computer-Aided Diagnosis: CAD)システムを開発することである。本論文は7章で構成されている。第1章には、本研究の背景と概観が述べられている。第2章では、医用画像処理の研究例を紹介するとともに画像におけるパターンマッチングについて述べている。第3章から第6章までは、胸部X線ヘリカルCT画像におけるCADシステムの開発について述べている。第4章では、肺野内の肺腫瘍陰影を検出するために新しい手法を提案している。その手法は、球形と円形のテンプレートパターンを用いた遺伝的アルゴリズムに基づいたテンプレートマッチング法である。第3章では、その手法の有効性をシミュレーションによって示している。第5章では胸壁上の半円形の腫瘍陰影を検出する手法について述べている。その手法は半円形のテンプレートパターンを用いた胸壁沿いのテンプレートマッチングである。第6章では、グラフィックユーザインタフェースを付加したヘリカルCT画像用のCADシステムに関して述べている。最後に、第7章では本研究全体のまとめと今後の課題について議論している。

# A study on development of a computer-aided diagnosis system for chest X-ray helical CT images

Yongbum LEE

Department of Information Science, Faculty of Engineering  
Gifu University  
Yanagido 1-1, Gifu, Gifu 501-1193, JAPAN

TEL: 81-58-293-2746, FAX: 81-58-230-1895

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

Thesis adviser: Professor Hiroshi FUJITA

## **Abstract**

The focus of this thesis is to develop a computer-aided diagnosis (CAD) system for chest X-ray helical CT images by employing image processing and recognition methods. This paper consists of seven chapters. Chapter 1 describes the background and overview of this study. Chapter 2 introduces studies for medical image processing and describes pattern recognition for images. Chapters 3 to 6 illustrate the developments of CAD system for chest X-ray helical images. To detect pulmonary nodule shadows within lung area, a new method is proposed in Chapter 4, which is a template-matching technique based on genetic algorithm (GA) with spherical and circular template patterns. Chapter 3 describes validity of the new method with simulations. In Chapter 5, a method for detecting semi-circular nodule shadows on lung wall is described. The method is a conventional template matching along lung wall by using semicircular template patterns. Chapter 6 focuses on an application of a CAD system for helical CT images with graphic user-interface. Finally, Chapter 7 summarizes all of these studies and discusses on future works.

## <目次>

第1章 緒論	1
第2章	
医用画像の知的情報処理と画像のパターン認識	3
2.1 緒言	3
2.2 医用画像を用いた知識処理の研究例	4
2.3 画像におけるパターン認識	4
2.3.1 標準パターンの作成過程	
2.3.2 未知パターンの識別過程	
2.4 医用画像における知的情報処理の例	9
2.5 結言	10
参考文献	10
第3章	
シミュレーションによる遺伝的アルゴリズムに基づいた テンプレートマッチング法の評価	15
3.1 緒言	15
3.2 GATM法の概要	16
3.3 シミュレーション実験	17
3.3.1 実験方法	
3.3.1.1 シミュレーション実験(I)	
3.3.1.2 シミュレーション実験(II)	
3.3.2 結果	
3.3.2.1 シミュレーション実験(I)の結果	
3.3.2.2 シミュレーション実験(II)の結果	
3.4 考察	25
3.5 結言	27
参考文献	28

## 第4章

遺伝的アルゴリズムに基づいたテンプレートマッチング法 による胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出	29
4.1 緒言	29
4.2 検出対象とする腫瘍陰影	30
4.3 GATM法による腫瘍陰影の検出	30
4.3.1 参照画像のパターン	
4.3.2 GAの処理	
4.4 偽陽性候補の削除	36
4.4.1 特徴量	
4.4.1.1 平均, 標準偏差	
4.4.1.2 面積, 円形度, 不整度	
4.4.1.3 コントラスト, 最大平均CT値	
4.4.1.4 濃度勾配の方向の分散, 濃度勾配の方向の相関	
4.4.2 偽陽性候補削除のまとめ	
4.5 結果と考察	40
4.6 結言	46
参考文献	46

## 第5章

胸壁に沿ったテンプレートマッチングによる胸部ヘリカル CT画像における胸壁周辺の腫瘍陰影の検出	49
5.1 緒言	49
5.2 方法	49
5.2.1 使用画像と処理の概要	
5.2.2 半円形モデルを用いたテンプレートマッチング	
5.2.3 偽陽性候補の削除処理	
5.2.3.1 エントロピー, 逆差分モーメント	
5.2.3.2 面積, コントラスト	
5.3 結果と考察	54
5.4 結言	56
参考文献	56

第 6 章	
胸部ヘリカル CT 画像用の CAD システムの構築	59
6.1 緒言	59
6.2 胸部ヘリカル CT 画像用 CAD システムの試作	59
6.2.1 開発環境	
6.2.2 システムの機能	
6.3 検出性能についての考察	60
6.4 結言	60
参考文献	62
第 7 章 結論	63
謝辞	65
本論文で用いた論文リスト	67
研究業績	69

# 第 1 章

## 緒 論



## 第1章 緒論

1895年にRoentgenがX線を発見して以来、X線は医療において重要な役割を担い続けてきた。特にX線を用いて得られる画像による診断は現在の医療では必要不可欠なものになっている。医用X線画像の進歩は、X線の発見後しばらくは増感紙/フィルムの進歩であったが、近年はCTやCRなどで代表されるようなデジタル技術の進歩がめざましい。特にX線CTは1972年にHounsfieldによって発表され、それまでにない高い濃度分解能を実現し、RoentgenのX線発見以来の画期的な向上を放射線診断学にもたらした。当初のX線CTスキャナは、1枚の断層像の撮影に数分を要した。以来、X線CTは、被検体をより短時間にかつ広範囲に撮影することを強く要望され、その後、連続回転する回転体に電力を伝送するスリッピング機構とX線管が被検体の周囲をらせん状に連続回転運動しながらX線を連続照射し投影データを収集するヘリカルスキャン方式の確立によってさらに画期的な進歩を遂げた。ヘリカルCTでは、肺のX線断層検査が約15秒程度で行えるようになり、X線の被爆量も従来のCTスキャナに比べ少なくなった。ヘリカルCTはCT生情報をボリュームで採取するというアイデアに基づいており、最近はさらに広範囲のボリュームデータを少ない回転数で取得できるマルチスライスCTが目ざされている。こうしたX線CTのめざましい進歩によってさらに低被爆、短時間での高解像度の断層像の取得が可能となり、医療分野におけるX線CTの重要度は今後益々増加すると予想される。

一方、近年のコンピューターのハードウェア/ソフトウェアの飛躍的な進歩に伴ない、画像情報をデジタル信号として蓄積することや画像処理、人工知能などの工学的な知見を医用画像分野に応用することが容易になった。その例として、パターン認識を用いて医用X線画像から病変の疑いのある部位を自動検出し、その結果を医師に提示するコンピュータ支援診断 (Computer-Aided Diagnosis: CAD) システムがある。CADは、コンピュータによる定量的な解析結果を「第2の意見」として医師が利用する医師による診断である。つまり、コンピュータの定量的な解析結果を画像診断時に医師が参考にすることによって、診断効率の向上や診断の質の向上が期待される。また、近年は集団検診などで大量の医用画像が発生することがあり、医師はそれらの画像を短時間に効率良く読影しなければならない。CADは大量の医用画像に対し、診断の質を下げることなく医師の読影労力を軽減させる意味でもその期待度は高い。

## 第1章 緒論

本論文では、パターン認識の一手法であるテンプレートマッチングや最適解探索などで利用される遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) などの工学的な手法を胸部ヘリカルX線CT画像のためのコンピュータ支援診断システムに応用し、その構築に至るまでの一連の研究をまとめて述べる。

まず第2章では、医用画像に関する知的情報処理と一般的なパターン認識について述べる。ここでは、医用画像を用いた知的情報処理に関する研究例を参考文献を挙げ紹介し、その知的情報処理の代表例として一般的な画像におけるパターン認識について述べる。また、その具体例として、第3章、第4章で詳しく述べる胸部X線CT画像における腫瘍陰影の自動検出法について若干触れる。

第3章では、第4章で述べる胸部X線ヘリカルCT画像での腫瘍陰影の自動検出に応用される手法の有効性について述べる。その手法は遺伝的アルゴリズムに基づいたテンプレートマッチング法 (Genetic Algorithm Template Matching: GATM法) であり、シミュレーションによりその有効性の評価を行う。シミュレーションの具体的な実験法と評価結果について述べ、GATM法の性質やその有効性について考察を行う。

第4章では、胸部X線ヘリカルCT画像上で類円形に写る腫瘍陰影の自動検出法について述べる。ここでは、第3章で述べたGATM法を用いて腫瘍陰影の自動認識を行い、特徴抽出によってそれらの候補を分類して病変の疑いのある部位を自動検出する手法について述べる。そして、その自動検出法を実際の臨床画像に適用し、性能評価を行う。

第5章では、胸部X線ヘリカルCT画像上で胸壁に接触している半円形の腫瘍陰影を選択的に検出する手法について述べる。ここでは、胸壁に沿ったテンプレートマッチングを行うことで腫瘍陰影を認識し、そして特徴抽出によってそれらの候補を分類して半円形の腫瘍陰影を検出する手法について述べる。この手法を実際の臨床画像に適用し、性能評価を行う。

第6章では、第4,5章のシステムを統合し、グラフィックユーザーインタフェースを持たせた総合的な胸部X線ヘリカルCT画像用のCADシステムの試作について述べる。

第7章では、本論文の結論をまとめ、今後の展望について述べる。

## 第2章

# 医用画像の知的情報処理と画像のパターン認識

## 第2章 医用画像の知的情報処理と画像のパターン認識

### 2.1 緒言

OCR (optical character reader) ソフトウェアが普及を始めている。名刺に書かれている会社、役職、氏名などの読取を自動で行ったり、FAXで送られてきた文章を自動的にワープロで読めるように文書ファイルを作る製品もある。印刷された原稿なら、かなりの精度で文字が識別される。このほかにも、郵便番号の自動読取システム、図面自動読取システムなど画像認識の技術を利用した装置は、コンピュータの性能向上とともに数多く開発されている。これらの基礎には、画像計測や画像認識（あるいは画像理解）に関する技術の進歩があり、それらが総合的に機能することで、機械（コンピュータ）が人間の知能（知的情報処理能力）の一部を実現していると考えられる。特に文字認識に関しては、研究としても文字認識に特化した手法が提案され、社会的にも成功していると考ええて良いであろう。

一方、医用画像に関する知的情報処理 (intelligent information processing) については、最近ようやく活発な研究が広く進められるようになった状況で、画像処理・解析、パターン認識、知識処理などの各技術が開発されている。一般画像に比べてこのように研究が遅れている原因の一つは、画像診断におけるパターンは非常に複雑であり、その分類（読影）の難しさによるものである。しかし、コンピュータの性能向上や医用画像のデジタル化が進み、この状況に変化が生じてきた。特に、MRI、ヘリカルX線CT、コーンビームX線CTの出現によって容易に3次元(3D)画像が収集され、そのための新しい画像処理手法が開発され始めている。

こうした医用画像の知的情報処理の中で最も重要な画像技術は、パターン認識 (pattern recognition) 技術である。人間が目で物体を認識する場合には、目からの入力が入力が脳に蓄えられている知識とどのように対応づくかを判断していると考えられる。脳にはすべての事柄が記憶されているのではなく、典型的なパターン(概念)として記憶されており、そのパターンと入力との対応づけを行うことによって認識している。また、ときには既存のパターンから推論を行うことにより認識を行う。このように、コンピュータに人間の知的情報処理能力をもたせるための技術の一部が、パターン認識技術である。

本章では、まずCADを含めた医用画像での知的情報処理の研究例を参

考文献により紹介し、その知的情報処理の基礎として、パターン認識技術の基本的な概念を簡単に説明する。その後、医用画像でのパターン認識例として、第3,4章で詳細を述べる予定の胸部X線CT画像における腫瘍陰影の自動検出についてその概要を簡単に紹介する。

以下、2.2において医用画像を用いた知識処理の研究例を、2.3において画像におけるパターン認識の基礎的な概念について述べる。2.4では第3,4章で詳しく述べる胸部X線ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出法の概要を述べ、そして、2.5において結言を述べる。

### 2.2 医用画像を用いた知識処理の研究例

医用知的情報処理に関して進められている研究には、2次元X線画像を取り扱うものとして、血管の計測[1]・追跡[2]や心臓の計測[3]などから、胸部X線写真における間質性疾患の識別[4]や結節状陰影の検出[5]、乳房X線写真における腫瘍陰影や微小石灰化クラスタの検出[6~11]などがあり、医師の知識や判断をコンピュータで実現したり、画像の読影を支援することが試みられている[12]。これらの技術を用いる診断は、コンピュータ支援診断 (computer-aided diagnosis, CAD) と呼ばれ、これまでにない新しい画像診断法である。特に、3次元X線画像に関しては、ヘリカルX線CT画像における癌候補陰影[13]、CTスライス面の自動分類[14]、解剖学的知識を利用した胸部リンパ節の自動検出[15]、気管支内視鏡シミュレーション[16]など、高度な知的処理、知的支援を行うことのできる手法が報告されている。また、血管造影系の画像については、2方向 (ステレオ、または90度異なる2方向) から撮像された画像などに対して、知識処理を行う手法がたくさん開発されている[2, 17~20]。さらに、X線像に限らず、核医学画像 (SPECT) におけるブルズ・アイ画像や[21~23]、3次元超音波画像[24]におけるCADシステムの開発も行われている。これらの諸々の研究では、それぞれの検出対象に固有な画像処理・解析手法が、高度な知識処理技術[25,26]に基づいて、幅広く開発されている。

### 2.3 画像におけるパターン認識

パターン認識は、標準パターンを作成する過程と未知パターンを識別する2つの過程に分けられる (図2.1)。標準パターンの作成とは、識別したいパターンに対応するように、多くの標本から複数の代表的なパターンを決定することである。また、未知パターンの識別は、未知の入

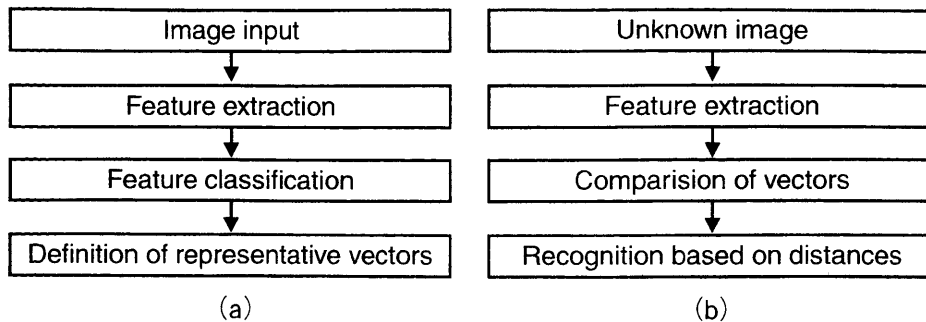


図2.1 パターン認識の処理の概要 (a)標準パターンを作成する過程 (b)未知パターンを識別する過程

力と先に決定した標準パターンとを比較して、未知パターンを識別することである。なお、それぞれの過程において画像の特徴量抽出と特徴量評価という2つの処理が存在する。

まず特徴量抽出とは、対象とする画像を計測して得られる結果である。特徴量には、例えば、画素値の平均、標準偏差のような基礎的な統計量から、同時生起行列を用いたテクスチャ解析による一様性、コントラスト、相関、エントロピーなど多くの特徴量がある[27]。3次元画像処理における特徴量などに関する特集も報告されている[28]。

次に特徴量評価とは、得られた特徴がどのように密集し(または散在)しているのかを判断し、分類することである。すなわち、特徴量評価とは特徴量抽出によって得られた結果を解析することであり、複数の特徴量を1つのベクトルとして扱うことが多い。そして、それらの値に対して、主成分分析や判別分析などの多変量解析に基づく統計的な手法を適用する場合が多い。

画像のパターン認識についての多くの手法は、2次元画像を基本に開発されたものである。この背景には、文字認識、顔画像認識、動画中における特定の対象の識別など、2次元画像を基本として進められてきたことがあげられる。そして、3次元画像についてはあまり本格的には取り扱われてこなかった。しかし、パターン認識は、画像の次元数にはそれほど影響を受けず、画像から効果的な特徴量をどのように抽出できるかが認識精度の向上につながる。すなわち、立体構造など3次元画像の特性を十分反映できる特徴量を見つけ出すことが重要である。

### 2.3.1 標準パターンの作成過程

標準パターンを作成する過程においては、特徴量を分類して入力がい

くつのグループに分けられるのかを判定する。そして、それらグループの代表点を決めることによって標準パターンを作成する。

4つの画像  $\{A, B, C, D\}$  に対して、ある特徴量抽出方法によって3つの特徴量が抽出され、その値が特徴ベクトル  $A:(1, 0, 0)$ ,  $B:(0, 1, 0)$ ,  $C:(0, 0, 1)$ ,  $D:(1, 1, 1)$  であったとする。ここで、3つの特徴量  $\alpha, \beta, \gamma$  を軸とする特徴量空間を考えると、各画像は空間内の4点として表される[図2.2(a)]。画像をさらに増やしたとき、その中

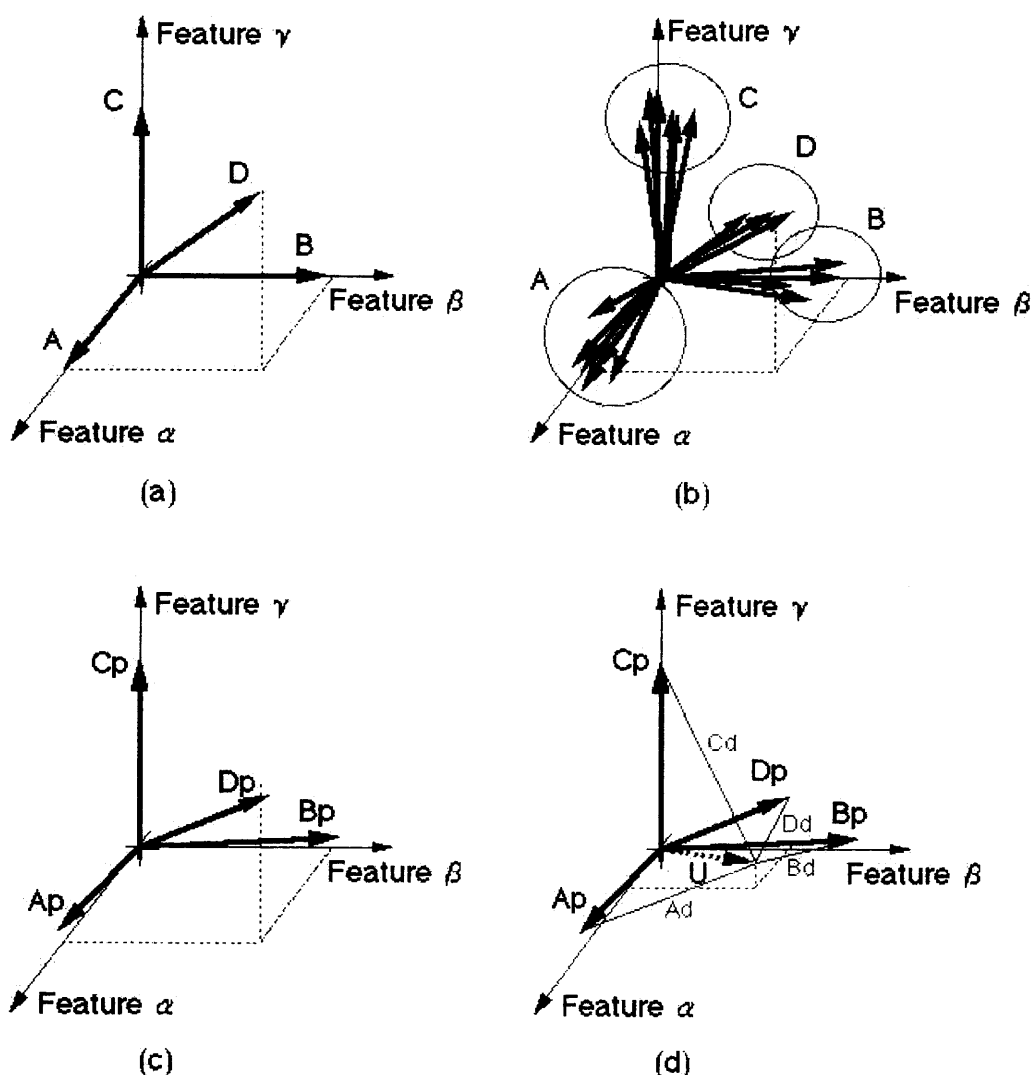


図2.2 3次元特徴量空間における特徴量ベクトル。(a) 3つの特徴量空間内の4つのベクトルA-D。(b) 標準ベクトルを決定するためのベクトル群。(c) 画像A, B, C, Dを表す標準ベクトル  $A_p, B_p, C_p, D_p$ 。(d) 未知ベクトル  $U$  は、 $A_d-D_d$  ベクトルの中で  $B_d$  が最も近い距離にあることからパターンBとして認識される。

に4枚のどれかに類似した画像が存在したとすると、その画像の特徴量空間における位置は、類似した画像の位置に近くなると予想され、4つのベクトルのグループ(クラスター)として表される[図2.2(b)]. すなわち、十分な量の入力を与えられ、適切な特徴量が算出できていれば、入力した画像をいくつかのグループに分類することが可能であり、それぞれのグループの代表点を標準パターン(代表ベクトル:  $A_p$ ,  $B_p$ ,  $C_p$ ,  $D_p$ )とすることは容易に予想ができる[図2.2(c)].

しかし、どのような特徴量が適切であるのかを事前に判断することは非常に困難である。一般には、多くの特徴量(数十から数百)を計算し、それらの値と分類との相関や統計的な有意差を計ることによって重要な特徴量を決定することが多い。

特徴量の種類を減らす方法には、多変量解析における主成分分析が用いられることがある。これは、特徴ベクトルの分散共分散行列を計算し、その固有値と固有ベクトルを用いて特徴量空間の軸を減らす手法である。Karhunen-Loeve展開の応用としても知られている手法である。これにより、特徴量の数を分類したいグループの数程度に減らすことも可能である。高次局所自己相関関数から得られる特徴量にこの手法を組み合わせて顔画像の認識を行った結果が報告されており、良好な結果が得られている[29].

自己相関関数は平行移動に関して出力が不変であることが知られているが、その性質を高次へ拡張した手法が高次局所自己相関関数である。例えば、2次元の2値画像に関する利用を試みた場合、次元数をたかだか2次とし、その局所領域を $3 \times 3$ 画素とすると、その特徴(局所パターン)の数は25となる[29]. これらパターンとの相関によって得られた特徴は25次のベクトルとして表され、原画像の平行移動には不変である。

この手法は濃淡画像や3次元画像にも容易に拡張できる。3次元の3値画像を考えた場合、局所パターンは平面や2次曲面などとして表現すれば良いからである。曲面分類に基づく手法として、Kawata[30]らは、線形補間処理で得られた0.33mm間隔のCT画像について、陰影の周辺部の曲面分類を行い、結節状陰影の形状解析法を提案している。ここでは、曲面を頂点型、くぼみ型、尾根型、谷型の4つに分類し、それぞれの型から3つの特徴量を計算し、計12個の特徴量を利用して、腫瘍陰影の質的診断の支援を試みている。

また、従来、3次元画像について利用していた特徴量を3次元に拡張する試みも報告されている。目加田ら[31]は、2次元画像における線画像の



局所集中性を評価する集中度を3次元に拡張して3次元集中度を提案しており、シミュレーション結果や胸部CT画像における腫瘍影の自動検出について適用例を示している。

### 2.3.2 未知パターンの識別過程

未知パターンを識別する過程においては、特徴量抽出は同様に行われ、その特徴量が先に求めた標準パターンのどのパターンに最も近いのかをパターン間の距離によって判別する。その距離を求める手法は非常に多く、未知パターンの特徴ベクトルとすべての標準パターンの代表ベクトルとの距離を求めその距離に基づいて判別する方法などがある。

先の例において、未知画像Uが入力されたとすると、4つの代表ベクトルとの距離  $A_d$ ,  $B_d$ ,  $C_d$ ,  $D_d$  のどれと最も距離が近いかによって判別される。Fig.2(d)では、 $B_p$  との距離がもっとも近いため、未知入力UはBであると判別される。

ここで、ベクトル間の距離を求める方法には、最も基本的なユークリッド距離の他にハミング距離、レーベンシュタイン距離などがあり、特徴ベクトルの種類によって使い分けられる[32]。さらに、標準パターンが決定されていない場合に用いられるマハラノビス距離や、パターン間の相互相関により評価されることもある。

パターン間の距離を用いて識別する方法でもっとも基礎的な方法はテンプレートマッチングである。これは、標準パターン（参照画像）を対象画像（観察画像）の上に1画素ずつ走査しながらパターン間の距離を求める手法である。

また、このほかに人工ニューラルネットワークを用いて判別する方法もしばしば用いられる。これは、画像から得られた特徴量をニューラルネットワークであらかじめ学習し、未知の入力に対してその出力値によって識別するものである。学習に用いた標準パターンがその識別性能を左右するため、入力する特徴量を十分に検討する必要があるが、非常に多くの研究者がその利用を試みている[33]。従来は、コンピュータのハードウェア的な制約やその学習の難しさなどから、画像をニューラルネットワークに直接入力することは避けられていた。しかし、関ら[34]は微小石灰化の検出において、淡い石灰化の識別には有効であったと報告している。なお、ニューラルネットワークによる認識は、計算アルゴリズムが比較的単純であるためハードウェア化が可能であり、コンピュータ用の拡張ボードも数多く市販されているのが現状である。

## 2.4 医用画像における知的情報処理の例

3次元画像に対する知的情報処理の例として、胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出法の概要について述べる[35, 36]。なお、その詳細は第3, 4章で述べる予定である。

腫瘍陰影の検出方法には、パターン間の距離を用いて識別する方法として基礎的な手法であるテンプレートマッチングを用い、さらにその拡張として、遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm, GA) とテンプレートマッチングを組み合わせる手法 (GAテンプレートマッチング法) を提案している[5, 37]。GAは、生物の進化過程にヒントを得た確率的探索方法であり、テンプレートマッチングと組み合わせることによって、すべての点を探索することなく、効率よく探索できる[38]。

テンプレートマッチングでは、検索対象を最小限に含む標準パターン(以下、参照画像)をあらかじめ作成し、探索の対象となる画像(以下、観察画像)の中を参照画像を走査することによって画像の認識を行う。

認識の評価には、参照画像と走査した場所との共通領域の間で、画像の類似性の計算を行う。計算にはパターン間の距離であるユークリッド距離なども用いることができるが、パターンのある程度の変形にも対応できる相互相関を利用する。これは、一般的な相互相関の式を、コーシー・シュバルツの不等式を用いて正規化した式である。

観察画像には胸部ヘリカルCT画像の各スライスで構成される3次元画像を用い、参照画像には3次元のガウス分布に基づく模擬腫瘍を利用する。これは、腫瘍陰影は一般に球に近い形状であると考えられ、そのCT値はガウス分布状に分布している傾向が見られたためである。このとき、さまざまな大きさの腫瘍陰影を効率よく検出するために、参照画像には大きさの異なるパターンを4つ用いる。

観察画像中の位置と複数の参照画像からの選択は、GAにおける各個体の染色体によって決定する。その後、決定した位置における画像と参照画像との間で類似度の計算を実行する。その類似度の値をGAにおける個体の適応度とし、各個体を進化させることによって腫瘍陰影部の検出を行う。

以上の処理を実際の症例の胸部ヘリカルCT画像(スライス間隔10mm)に適用した結果、類円形の陰影を多く検出することができた。本手法では検出できない陰影があり、そのうち約半数は胸壁に接している陰影である。その改善策として、陰影の形状が半球形であるような標準パター

ンをもつテンプレートを用いることによって、検出性能が向上することが確認されている[39]。この手法の詳細は第5章で述べる。

## 2.4 結言

本章では、知的情報処理（具体的には、知的画像処理）の主要技術の中で非常にわずかな事例ではあるが、それらの研究例を紹介し、パターン認識技術について記述した。ここでは、特徴量の抽出からその分類に関する手法を概念的に説明した。そして、その一例としてわれわれが現在研究を進めている胸部X線CT画像における腫瘍陰影の自動検出の概要を紹介した。なお、本章はCADを含めた医用画像での知識処理の研究例の紹介と画像でのパターン認識について述べており、以降の章で説明する胸部ヘリカルCT画像用のCADシステムの開発に関する本研究全体の導入部に相当する章として位置付ける。

## 参考文献

- [1] Fujita H., Doi K., Fencil L.E., et al.: Image feature analysis and computer-aided diagnosis in digital radiography. 2. Computerized determination of vessel sizes in digital subtraction angiographic images, *Med. Phys.* 14, 549-556, 1987.
- [2] Hoffmann K., Doi K., Chan H., et al.: Computer reproduction of the vasculature using an automated tracking method, *Proc. SPIE* 767, 449-453, 1987.
- [3] Nakamori N., Doi K., Sabeti V., et al.: Image feature analysis and computer-aided diagnosis in digital radiography: Automated analysis of sizes of heart and lung in digital chest images, *Med. Phys.* 17, 342-350, 1990.
- [4] Katsuragawa S., Doi K, MacMahon H.: Image feature analysis and computer-aided diagnosis in digital radiography: Detection and characterization of interstitial lung disease in digital chest radiographs, *Med. Phys.* 15, 311-319, 1988
- [5] 原 武史, 藤田広志, 吉村 仁, 他: 胸部X線写真における結節状陰影の自動検出—遺伝的アルゴリズムの適用, *Med. Imag. Tech.*, 15, 73-81, 1997.
- [6] Giger M.L., Yin F.F., Doi K., et al.: Investigation of methods

- for the computerized detection and analysis of mammographic masses, Proc. SPIE 1233, 183-184, 1990.
- [7] Nishikawa R.M., Giger M.L., Doi K., et al.: Computer-aided detection of clustered microcalcifications on digital mammograms, *Medi. and Biol. Eng. and Comput.* 33, 174-178, 1995.
- [8] 平子賢一, 藤田広志, 原 武史, 他: コントラスト補正処理と可変リングフィルタ解析を導入した微小石灰化クラスタ検出法, *Med. Imag. Tech.*, 14, 665-679, 1996.
- [9] 松原友子, 笠井 聡, 関 和泰, 他: マンモグラムのためのコンピュータ診断支援システムの開発—腫瘍陰影の自動検出における低濃度領域抽出法の改善, *日本乳癌検診学会誌*, 7 (1), 87-101, 1998.
- [10] 金 華栄, 小畑秀文: 多重構造要素を用いたモルフォロジフィルタによる微小石灰化像の抽出, *電子情報通信学会論文誌D-II*, J75-D-II, 1170-1176, 1992.
- [11] 松本一男, 金 華栄, 小畑秀文: DR画像における腫瘍影検出—アイリスフィルター, *電子情報通信学会論文誌D-II*, J75-D-II, 663-670, 1992.
- [12] 鳥脇純一郎, 館野之男, 飯沼 武 編: 医用X線画像のコンピュータ診断, シュプリンガー・フェアラーク東京, 東京, 1994.
- [13] Kanazawa K., Kawata Y., Niki N., et al.: Computer-aided diagnosis for pulmonary nodules based on helical CT images, *Comput. Med. Imag. Graph.*, 22(2), 157-167, 1998.
- [14] 原 武史, 藤田広志, 津坂昌利, 他: 胸部X線CT画像のスライス面の自動分類—遺伝的アルゴリズムを用いた手法, *医用画像情報学会雑誌*, 11, 91-95, 1994.
- [15] 津坂昌利, 藤田広志, 宇野光雄, 他: 胸部X線CT画像における縦隔リンパ節の自動検出アルゴリズムの開発, *医用電子と生体工学*, 36(4), 343-350, 1998.
- [16] 森 健策, 長谷川純一, 鳥脇純一郎, 他: 3次元胸部CT像に基づく気管支内視鏡シミュレーションシステム(仮想化気管支内視鏡システム), *BME*, 33, 43-51, 1995.
- [17] Hoffmann K., Metz C., Chen Y.: Determination of 3D imaging geometry and object configurations from two biplane views: An enhancement of the Metz-Fencil technique, *Med. Phys.* 22,

- 1219-1227, 1995.
- [18] Wahle A., Wellnhofer E., Mugaragu I., et al.: Assessment of diffuse coronary artery disease by quantitative analysis of coronary morphology based upon 3-D reconstruction from biplane angiograms, *IEEE Trans. Med. Imag.*, 14, 230-241, 1995.
  - [19] Chen S., Hoffmann K., Carroll J.: Three-dimensional reconstruction of coronary arterial tree based on biplane angiograms, *Proc. SPIE 2710*, 103-114, 1996.
  - [20] Fiebich M., Tomiak M., Engelmann R. et al.: Computer assisted diagnosis in CT angiography of abdominal aortic aneurysms, *Proc. SPIE 3034*, 89-94, 1997.
  - [21] Fujita H., Katafuchi T., Uehara T., et al.: Application of artificial neural network to computer-aided diagnosis of coronary artery disease in myocardial SPECT bull's-eye images, *The Journal of Nuclear Medicine*, 33, 272-276, 1992.
  - [22] 片渕哲朗, 藤田広志, 植原敏勇, 他: 複数ニューラルネットワークを用いた心臓核医学のためのコンピュータ診断支援システムの開発, *電子情報通信学会論文誌D-II*, J76-D-II, 2436-2439, 1993.
  - [23] Fujita H., Katafuchi T., Shinoda M., et al.: Neural network approach for the computer-aided diagnosis of coronary artery diseases in myocardial SPECT bull'-eye images, *Radiologia Diagnostica* 35, 15-18, 1994.
  - [24] 福岡大輔, 原 武史, 藤田広志, 他: 乳房超音波断層像における腫瘍像の自動検出法, *医用画像情報学会誌*, 14, 148-154, 1997.
  - [25] 長谷川純一: 3次元画像とエキスパートビジョン, *Med. Imag. Tech*, 15, 339-348, 1997.
  - [26] 大須賀節雄: 知識情報処理, オーム社, 東京, 1986.
  - [27] 谷口慶治: 画像処理工学, 共立出版, 東京, 1996.
  - [28] 特集: 医用3次元画像処理の技法と応用ー現状と応用. *BME*, 3: 1989.
  - [29] 大津展之, 栗田多喜夫, 関田 巖: パターン認識ー理論と応用ー, 朝倉書店, 東京, 1996.
  - [30] Kawata Y., Niki N., Ohmatsu N., et al. : Shape analysis of pulmonary nodules based on thin section CT images. *SPIE 3034*, 964-974, 1997.

- [31] 目加田慶人, 平野 靖, 長谷川純一, 他: 3次元デジタル線図形解析のための3次元集中度とそのX線CT像への応用, 電子情報通信学会論文誌A, J80-A, 1162-1170, 1997
- [32] 安居院猛, 長尾智晴: 画像の処理と認識, 昭晃堂, 東京, 1994.
- [33] Kupinski M., Giger M.L., Lu P., et al.: Computerized detection of mammographic lesions: Performance of artificial neural network with enhanced feature extraction, Proc. SPIE 2434, 598-605, 1995.
- [34] 関 和泰, 藤田広志, 平子賢一, 他: ニューラルネットワークを用いた乳房X線写真における微小石灰化像の検出, Med. Imag. Tech. 15, 639-651, 1997.
- [35] 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 他: 遺伝的アルゴリズムを用いた胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出, 胸部CT検診, 4, 207-210, 1997.
- [36] Lee Y., Hara T., Fujita H., et al.: Nodule detection on chest helical CT scans by using a genetic algorithm, Proc. of IASTED international conference on intelligent information systems 1997, 67-70, 1997.
- [37] 原 武史, 藤田広志: 遺伝的アルゴリズムによる濃淡画像のプレートマッチング, 電子情報通信学会論文誌D-II, J78-D-II, 385-388, 1995
- [38] 坂和正敏, 田中雅博: 遺伝的アルゴリズム, 朝倉書店, 東京, 1995.
- [39] 児島敦司, 李 鎔範, 原 武史, 他: GAプレートマッチングによる胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出, 平成9年度日本エム・イー学会東海支部学術集会予稿集, 39, 1997

## 第2章 医用画像の知的情報処理と画像のパターン認識

### 第3章

## シミュレーションによる遺伝的アルゴリズムに 基づいたテンプレートマッチング法の評価



## 第3章 シミュレーションによる遺伝的アルゴリズムに基づいたテンプレートマッチング法の評価

### 3.1 緒言

パターン認識の代表的な手法にテンプレートマッチング (Template Matching: TM) があるが, その処理時間は探索空間の広さとテンプレートのサイズに強く依存している. また, テンプレートマッチングの高速化手法の一例として残差逐次検出法[1]が挙げられるが, この手法は探索空間内の検出対象の位置によって検索回数が大きく変化する[2]. 一方, 遺伝的アルゴリズム (Genetic Algorithm: GA) は生物の進化過程を模倣した最適解探索アルゴリズムであり, 広い探索空間において全探索を行うことなく準最適解を得ることができる. この準最適解が真の最適解である保証はないが, 多くの問題では真の最適解に十分に近い準最適解の検出で実用の上で間に合う場合が多い[3]. ここでは, 広い探索空間 (特に3次元画像) 内を効率良く探索する手法として, 遺伝的アルゴリズムとテンプレートマッチングを組合せたGAテンプレートマッチング法 (以下, GATM法) について検討する. なお, GATM法は乳房X線画像での腫瘍検出[2]や胸部単純X線画像での結節状陰影検出[4]へ既に適用されているが, それらの画像はいずれも2次元画像であった. そこで, ここではGATM法を3次元の医用画像である胸部ヘリカルX線CT画像における腫瘍陰影検出へ応用することを考え, 広範囲の探索空間内でのGATM法の有効性を実際の胸部ヘリカルX線画像を用いたシミュレーションで示す[5].

本章では, シミュレーション実験によるGATM法の性能評価からその有効性を明確に示し, また, その結果から胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の自動検出に用いるためのGATM法の妥当性を考察する. シミュレーション実験は二つ (I, II) 行う. (I) は, 観察画像中のノイズおよび検出対象のサイズ, 位置に基づいた単一の検出対象に対するGATM法の検出能と探索効率を評価するために行う. (II) は, 実際の胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出を想定し, 複数の検出対象に対する偽陽性候補の数を含めた検出性能を評価するために行う. また, ここで提案するGATM法の特性を考慮し, ランダム探索と比較し考察を行う.

以下, 3.2において提案するGATM法の概要, 3.3においてシミュレーション実験の方法と結果, 3.4において考察, そして, 3.5において結言を述べる.

### 3.2 GATM法の概要

従来のテンプレートマッチング法では、検出対象を含む観察画像（図3.1では胸部ヘリカルCT画像）内をラスタ走査により探索点を決めながらマッチングを行う。一方、GATM法では、GAにより探索点を決定し、また、テンプレートが複数の場合はテンプレートの選択もGAにより行う。Fig.1にGATM法のイメージ図を示す。GATM法では、個体の遺伝子によって決定される観察画像内の探索点でテンプレートと同じ大きさの領域を切出し、同様に個体の遺伝子によって選択されるテンプレートとその領域間でマッチングを行い、類似度を計算する[図3.1(a)]。また、その類似度をその個体の適応度として定義する。図3.1(b)にわれわれの胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出で用いたGATM法での個体の染色体例を示す。染色体はビット列で表され、それらは観察画像中の探索点とテンプレート選択の情報を含む遺伝子で構成されている。図3.1(b)の例では、一個体の染色体は全体で25ビットであり、そのうち23ビットを採

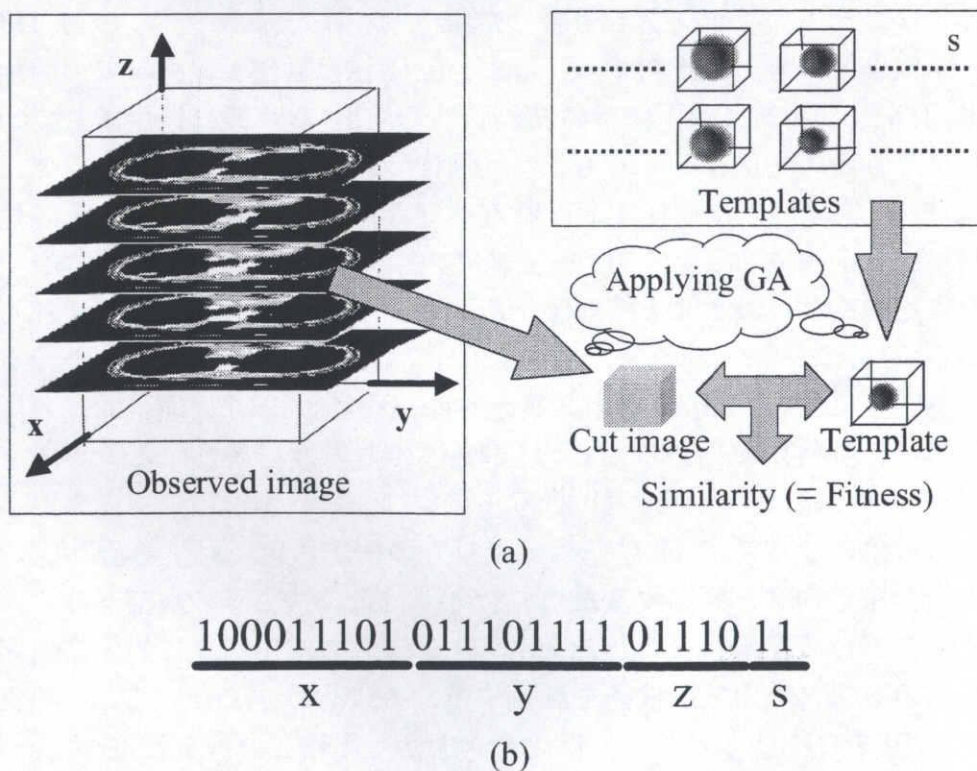


図3.1 GAテンプレートマッチング法の概念図。(a) 胸部ヘリカルX線画像へのGATM法の適用例。(b) GAにおける染色体例。(x, y, z)は3次元空間内の座標に相当し、sはテンプレートの選択を行うためのパラメータである。

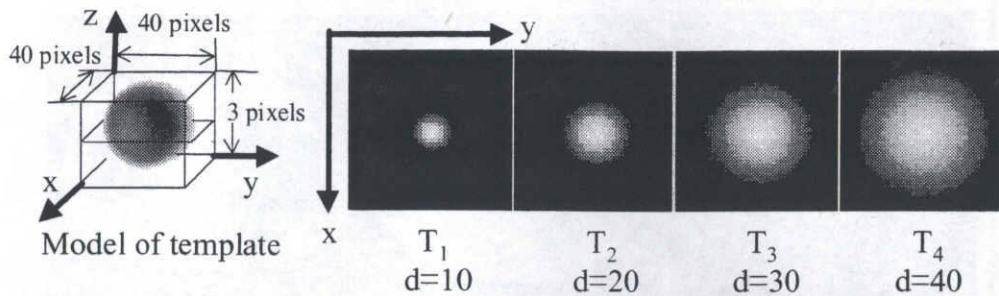


図3.2 サイズの異なる4つの検出対象(テンプレート).  $T_1 \sim T_4$ は球を構成するスライス画像中, 球の中心を通るスライスである.  $d$ は対象の直径を表しており, その単位はピクセルである.

索点の決定, 残り2ビットをテンプレートの選択に用いる. また, 探索点決定のための23ビットは, さらに9ビット, 9ビット, 5ビットに分割され, それぞれ3次元空間内の  $x, y, z$  軸上の各座標値に相当する. ここで, 染色体のビット列の長さは探索空間の大きさとテンプレートの数によって決定するものであり, 図3.1(b)の染色体では,  $512 \times 512 \times 32$  ( $x$  軸方向,  $y$  軸方向,  $z$  軸方向の順) 画素の観察画像内を探索可能であり, テンプレートの数は4つ以内に限定されている.

### 3.3 シミュレーション実験

#### 3.3.1 実験方法

シミュレーション実験では, 人工的に作成した検出対象を観察画像内に埋め込み, その検出対象をテンプレートとして用いてGATM法により検出を行う. 検出対象(テンプレート)はガウス分布状の4つの球を用いた(図3.2). これらの球( $T_1 \sim T_4$ )は  $40 \times 40$  画素のスライス画像3枚で構成され, その大きさはそれぞれ直径を10, 20, 30, 40画素とした. ここで, 1画素はわれわれがデータベースとして持っている胸部ヘリカルCT画像の分解能と同じ0.68mmとした. この仮定から, 検出対象の実空間での大きさは直径で約5mm~30mmとなる. これらの検出対象は, 実際の腫瘍陰影を模倣したものであり, われわれが既に報告している胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出で用いたテンプレート画像である. なお, これらの球は, CT値-850~-400間でガウス分布を形成しており, これらの値はわれわれの有する胸部ヘリカルCT画像中の実際の腫瘍陰影の

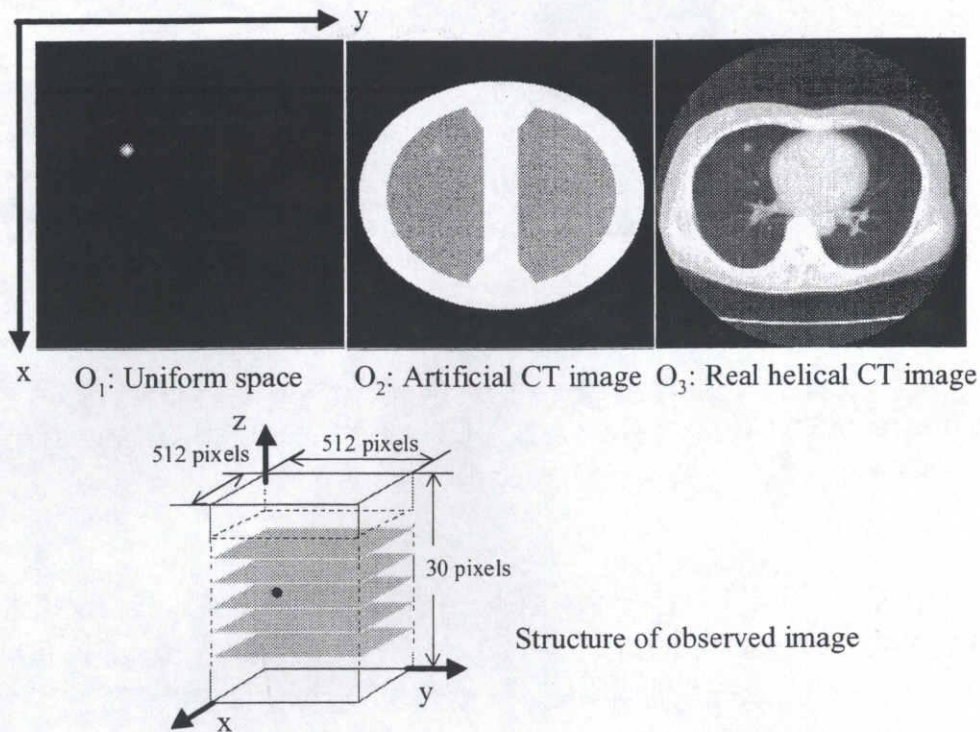


図3.3 シミュレーションで用いる3種類の観察画像.  $O_1 \sim O_3$ はそれぞれの観察画像中で $T_3$ が埋め込まれているスライス画像例.

CT値を参考に経験的に決定した.

観察画像には一様空間, 擬似胸部CT像, 実際の胸部ヘリカルCT画像の3つを用いた(図3.3). 一様空間は空気領域のみのCT像と仮定し, 各画素値は空気領域のCT値にノイズ成分 $\alpha$  ( $-20 < \alpha < 20$ の範囲内のランダムな整数値)を加えた $-1000 \pm \alpha$ とした. 擬似胸部CT像では, 人工的に作成した脂肪領域(胸壁, 縦隔, 骨などを含む)と肺野領域を一様空間内に配置した. 脂肪領域のCT値は一様に0とした. また, アフィン変換により肺門部から肺底部に向け, 肺野領域の大きさを少しずつ大きくした. なお, 心臓, 肝臓, 気管支, 血管などは肺野内における一種の「ノイズ」(structured noise)であると仮定し, 肺野領域内はノイズ成分としてCT値 $\beta$  ( $-1000 < \beta < -400$ の範囲内のランダムな整数値)とした. 一様空間と擬似胸部CT像は $512 \times 512$ 画素のスライス画像30枚で構成される. また, 実際の胸部ヘリカルCT画像にはスライス画像26~32枚で構成される20症例を用いた. ここで, これらの症例は医師によって腫瘍陰影の存在が指摘された異常例15症例と腫瘍陰影の存在が指摘されなかった正常

例5例で構成されている。なお、本シミュレーションでは、異常症例中の実際の腫瘍陰影が本手法によって検出された場合、それらは偽陽性候補とみなす。

図3.4に本シミュレーションで用いるGAの基本的なフローチャートを示す。はじめに初期世代の個体の遺伝子を乱数で発生させた後、適応度  $f$  (実数) の計算を行い、GAのオペレータとして淘汰、交叉、突然変異を適用した。ここで、各世代における各個体の適応度が一定値以上のとき、その個体を検出候補として残す。適応度はテンプレートマッチングにおける画像間の類似度とし、類似度の計算には画像間の相互相関を用いた。そのため  $f$  は  $-1.0 \leq f \leq 1.0$  の範囲をもつ。また、各世代における劣勢50%の個体は淘汰され、優性50%の個体間で一点交叉した個体を淘汰された個体に置き換えた。突然変異の確率は染色体中の各遺伝子列に対しそれぞれ10%とした。ただし、各世代の優性10%の個体には突然変異は適用しない。一世代の個体数は300とし、世代交代数は15000～20000とした。

### 3.3.1.1 シミュレーション実験(1)

このシミュレーションでは、一つの検出対象に対するGATM法の検出能

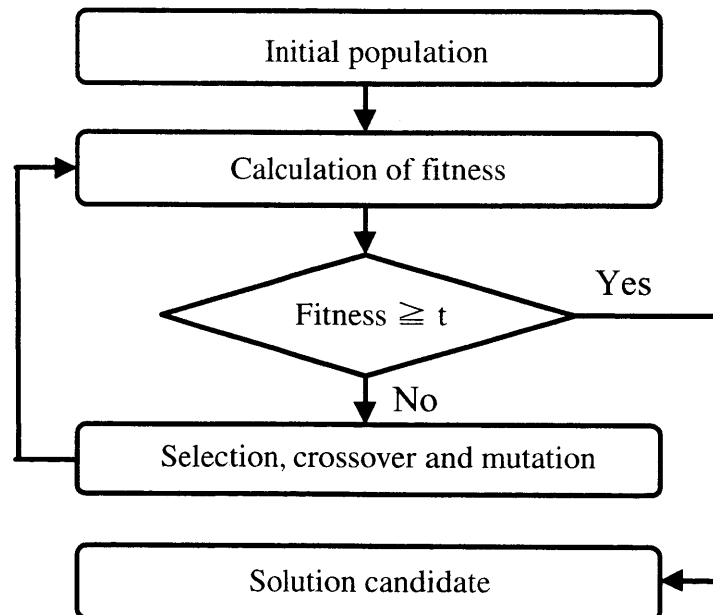


図3.4 GA処理のフローチャート。  $t$  は適応度  $f$  に対する  $-1 \leq t \leq 1$  の範囲にあるしきい値である。

と探索効率の評価を三種類の観察画像に対して行った。具体的には、検出対象として $T_1 \sim T_4$ のいずれか一つを選択し、それを観察画像 $O_1, O_2, O_3$ （正常5症例の中からランダムに1症例のみを選択）に埋め込み、その埋め込んだ検出対象をテンプレートとしてGATM法を実行した。埋め込む場所は、実際の胸部ヘリカルCT画像におけるノジュールの存在位置を参考に、経験的に決定した。具体的には、肺尖部2カ所、肺底部2カ所、胸壁周辺4カ所、縦隔周辺2カ所、肺野中央部4カ所の計14カ所とした。これらの各部位に $T_3$ を埋め込んだ例を図3.5に示す。なお、 $O_1, O_2$ の観察画像に対しても、 $O_3$ と同じ座標上に検出対象を置いた。このシミュレーションでは、検出対象 $T_1 \sim T_4$ 、観察画像 $O_1 \sim O_3$ 、埋め込み場所 $P_1 \sim P_{14}$ の各組み合わせ168通りの処理を、GAにおける初期値への依存度を考慮し、初期世代の個体発生を含むすべての乱数のシードを変えながら各30回ずつ実行した。なお、これらの乱数のシードは処理の開始時刻とした。また、GATM法における個体の適応度が0.9以上となった場合、その個体を検出候補とし、処理を終了した。なお、世代交代は最大20000までとした。

#### 3.3.1.2 シミュレーション実験(II)

シミュレーション実験(II)では、実際の胸部ヘリカルCT画像中の腫瘍陰影の検出を想定し、複数（ここでは8個）の検出対象に対するGATM法の検出性能と探索効率を偽陽性候補の数も考慮して評価を行った。具体的には検出対象として $T_1 \sim T_4$ の同一サイズのもの各2つずつ（計8つ）を各症例の観察画像中に埋め込み、GATM法でそれらの検出を行った。観察画像には、 $O_3$ の20症例の胸部ヘリカルCT画像を用いた。テンプレートには $T_1 \sim T_4$ の4種を用い、GAの遺伝子中にテンプレートを選択するためのビット列を追加した。検出対象の埋め込み位置は肺尖部、肺底部、胸壁付近、縦隔付近、肺野中央の各部位を経験的に決定し、各観察画像中の同じ座標上とした。なお、これらの位置は実際の胸部ヘリカルCT画像におけるノジュールの存在位置を参考に決定した。実際に検出対象を埋め込んだ画像例を図3.6に示す。埋め込み位置 $Q_1 \sim Q_8$ と埋め込まれる検出対象 $T_1 \sim T_4$ の組み合わせはランダムに決定し、すべての観察画像に対して同一の組み合わせを用いた。ここで、偽陽性候補を含めた評価を行うために、検出条件となる個体の適応度（類似度）を0.3～1.0まで0.1きざみで変えながらGATM法の検出率と症例あたりの偽陽性候補数を算出した。また、全探索および適応度共有法[6]を適用したGATM法、適応度共有法を適用しなかったGATM法を各観察画像に対して実行し、その結果を

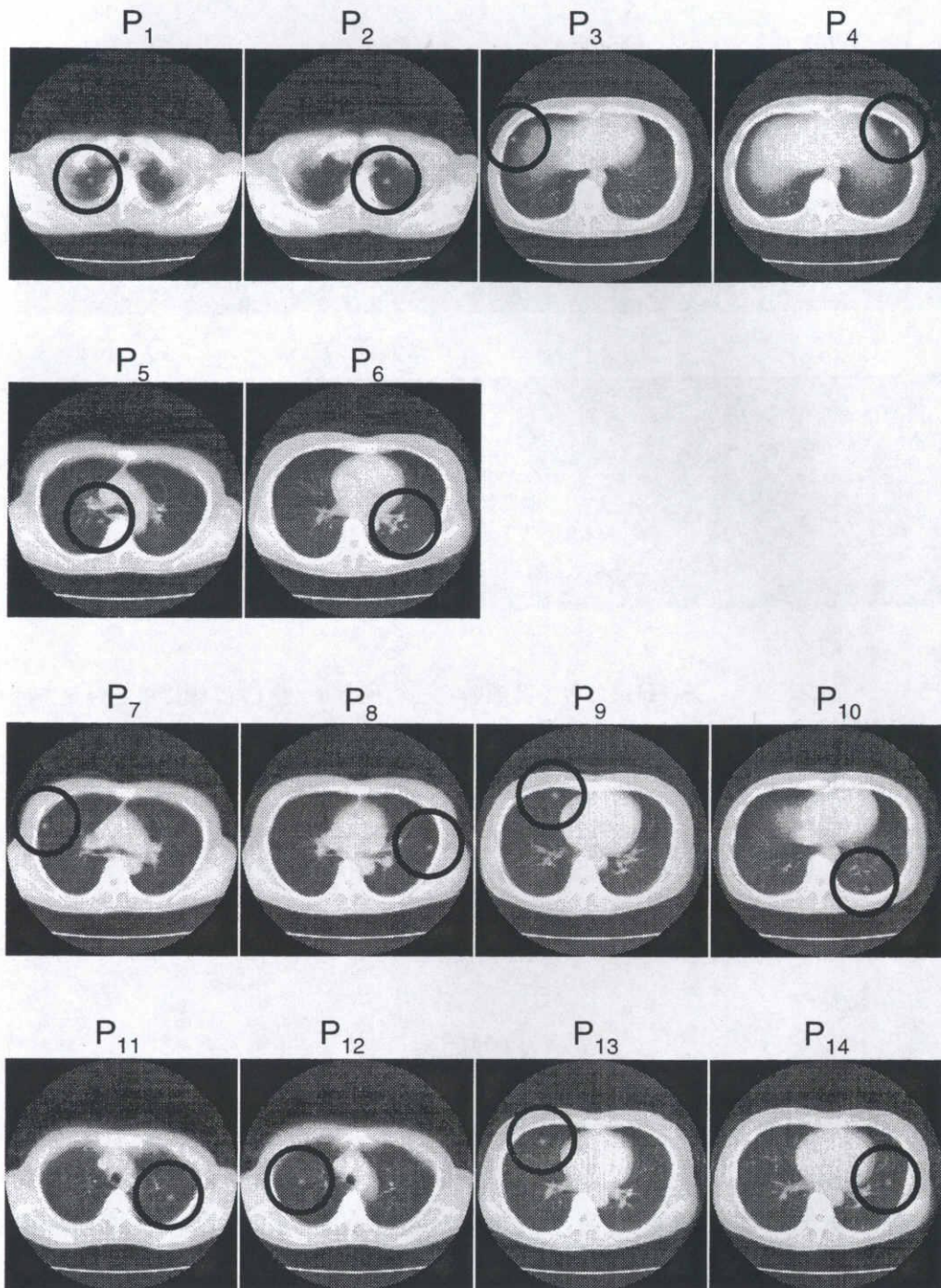


図3.5 シミュレーション(I)における実際の胸部ヘリカルX線CT画像に検出対象(図3.3の $T_3$ )を埋め込んだ14箇所的位置( $P_1, P_2$ :肺尖部.  $P_3, P_4$ :肺底部.  $P_5, P_6$ :縦隔周辺.  $P_7 \sim P_{10}$ :胸壁周辺.  $P_{11} \sim P_{14}$ :肺野中央部.). 円の中央付近に検出対象が埋め込まれている.

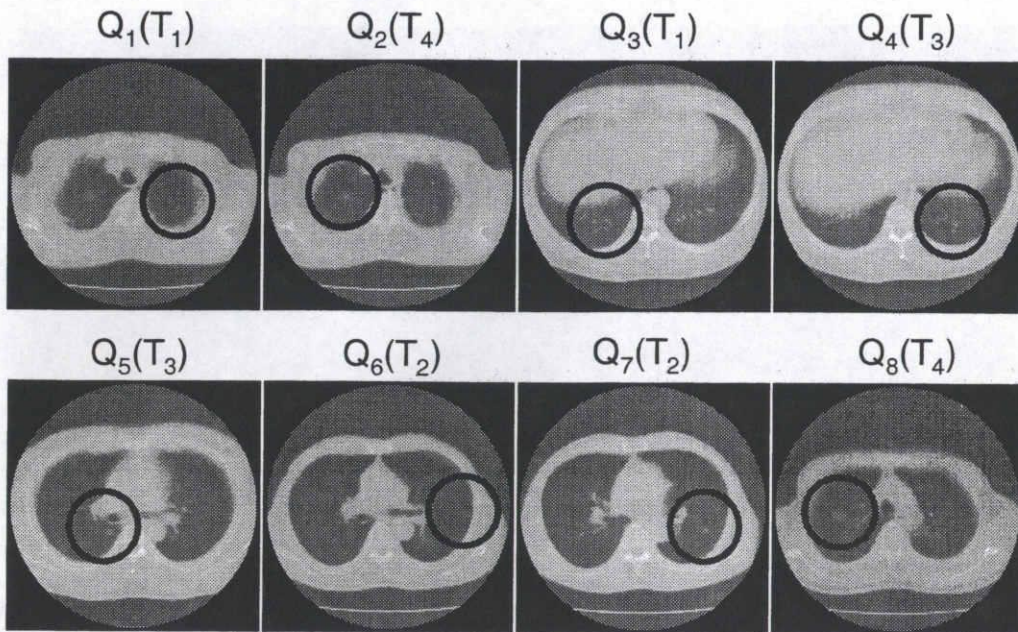


図3.6 シミュレーション(II)における実際の胸部ヘリカルX線CT画像に検出対象を埋め込んだ8箇所的位置 ( $Q_1, Q_2$ : 肺尖部,  $Q_3, Q_4$ : 肺低部,  $Q_5$ : 縦隔周辺,  $Q_6$ : 胸壁周辺,  $P_7, P_8$ : 肺野中央部.). 円の中央付近に検出対象が埋め込まれている.

比較した. GATM法における世代交代数は15000とした. なお, 適応度共有法に関する詳細は次の3.3.2で述べる.

### 3.3.2 結果

#### 3.3.2.1 シミュレーション実験(I)の結果

シミュレーション実験(I)の結果を表3.1に示す. 表3.1では, 4つの検出対象ごとに, 30回の実行のうち正しく検出できた割合(回数)を上段に, 検出に至るまでの平均世代数を下段に示している. 観察画像に一樣空間, 擬似胸部CT像を用いたとき, 全体の検出率は両方とも100%であり, 検出までの平均世代数はそれぞれ230世代, 675世代であった[表3.1(a)および(b)]. これらの世代数は検出に至るまでの探索回数に換算した場合, 全探索の3%未満であった. また, 観察画像に胸部ヘリカルCT画像を用いたときには, 検出率は全体で98.6%, 検出までの平均世代数は1752世代であった[表3.1(c)]. なお, 表3.1(c)では, 検出率が100%でなかった箇所に影をつけて示している. このように検出に失敗するのは, 検出



表3.1 シミュレーション(I)の結果. 各行の上段は検出率 (30回の処理中正しく検出できた個数), 下段は検出に至るまでの平均世代数を表している.

(a) 観察画像に $O_1$  (一様空間) を用いたときの結果.

	Hilus pulmonis		Basis pulmonis		Around mediastinum		Around lung wall				Within lung area			
	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	P <sub>7</sub>	P <sub>8</sub>	P <sub>9</sub>	P <sub>10</sub>	P <sub>11</sub>	P <sub>12</sub>	P <sub>13</sub>	P <sub>14</sub>
T <sub>1</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	226	247	278	1076	387	153	557	450	869	272	380	392	95	174
T <sub>2</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	333	238	256	459	297	89	384	525	583	281	344	392	80	309
T <sub>3</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	95	115	112	133	93	80	165	161	185	121	108	102	52	80
T <sub>4</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	69	69	78	132	67	61	112	140	102	68	91	72	39	57

(b) 観察画像に $O_2$  (擬似CT像) を用いたときの結果.

	Hilus pulmonis		Basis pulmonis		Around mediastinum		Around lung wall				Within lung area			
	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	P <sub>7</sub>	P <sub>8</sub>	P <sub>9</sub>	P <sub>10</sub>	P <sub>11</sub>	P <sub>12</sub>	P <sub>13</sub>	P <sub>14</sub>
T <sub>1</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	1517	841	2309	1104	661	242	1675	1655	783	635	970	737	139	426
T <sub>2</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	314	174	3361	1007	536	135	908	720	519	400	674	357	139	425
T <sub>3</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	643	799	1261	515	652	237	1194	1147	751	511	1349	616	179	556
T <sub>4</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	298	272	823	299	260	84	267	300	313	152	453	289	82	144

(c) 観察画像に $O_3$  (実際のヘリカルCT画像) を用いたときの結果.

	Hilus pulmonis		Basis pulmonis		Around mediastinum		Around lung wall				Within lung area			
	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	P <sub>4</sub>	P <sub>5</sub>	P <sub>6</sub>	P <sub>7</sub>	P <sub>8</sub>	P <sub>9</sub>	P <sub>10</sub>	P <sub>11</sub>	P <sub>12</sub>	P <sub>13</sub>	P <sub>14</sub>
T <sub>1</sub>	57% (17/30)	93% (28/30)	100% (30/30)	97% (29/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	97% (29/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	97% (29/30)	97% (29/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	3205	3155	2889	1965	2203	586	1824	2993	2561	4032	4170	3560	352	2159
T <sub>2</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	97% (29/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	97% (29/30)	97% (29/30)	97% (29/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	5754	3556	1110	1143	3635	822	1279	1805	1152	2630	3981	3902	205	2686
T <sub>3</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	1901	872	2946	2486	1210	375	1252	608	1048	1487	612	681	137	762
T <sub>4</sub>	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	3162	1004	827	1111	968	510	545	463	293	1209	1251	560	55	464

### 第3章 シミュレーションによる GATM 法の評価

表 3.2 観察画像  $O_3$  (実際の胸部ヘリカル CT 画像) において適応度共有法を用いた時のシミュレーション (I) の結果.

	Hilus pulmonis		Basis pulmonis		Around mediastinum		Around lung wall				Within lung area			
	$P_1$	$P_2$	$P_3$	$P_4$	$P_5$	$P_6$	$P_7$	$P_8$	$P_9$	$P_{10}$	$P_{11}$	$P_{12}$	$P_{13}$	$P_{14}$
$T_1$	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	4490	2061	1260	1268	1571	2263	1638	1580	1557	3790	2378	2292	1133	1239
$T_2$	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)	100% (30/30)
	4524	3541	826	1297	2644	1702	1535	740	3234	2114	2701	1584	1467	1293

対象が  $T_1, T_2$  と小さい場合である. その原因としては, テンプレートが  $T_1, T_2$  と小さい球体である場合, 胸部ヘリカル CT 画像中の小さな血管部位などで局所解に落ちることが考えられる.

このような GA における局所解を回避するための一手法として, 適応度共有法 (Sharing) が挙げられる [6]. この手法は, 一つの解候補に複数の個体が集中したとき, それらの個体間で適応度を共有させる (適応度を下げる) ことによって, 他の解候補を探索させる手法である. そこで, 適応度共有法を適用した GATM 法を用いて, 検出対象  $T_1, T_2$ , 観察画像  $O_3$  における検出実験を行った. その結果を表 3.2 に示す. 適応度共有法によって局所解に落ちることなく, すべて検出できたことがわかる. なお, このとき, 検出に至るまでの平均世代数 2062 を探索回数に換算した場合, 全探索の約 8% 程度であった.

このシミュレーションによって, GATM 法が観察画像のノイズ, 検出対象のサイズと位置, また GA における初期値に依存しないで, 広い探索空間内において高速に検出対象を抽出できることを示した. なお, われわれの胸部ヘリカル CT 画像における腫瘍陰影の検出のための GATM 法にも適応度共有法を適用している.

#### 3.3.2.2 シミュレーション実験 (II) の結果

20 症例の観察画像に対する検出率と症例あたりの偽陽性候補数を表 3.3 に示す. 検出条件の適応度 (類似度)  $Th$  が 0.6 以上のとき, 適応度共有法を適用した GATM 法の検出率は 100% であり, 偽陽性候補数も全探索とほぼ同数である. これは, GATM 法が全探索より大幅に少ない探索回数で全探索と同等の検出性能をもっていることを示唆している. 実際に 512 ×

表 3.3 シミュレーション(II)の結果. 適応度 (類似度) が  $Th$  以上となる部位を検出対象として検出した.

	Conventional TM		GATM without sharing		GATM with sharing	
	TP rate	No. of FPs per case	TP rate	No. of FPs per case	TP rate	No. of FPs per case
$Th = 0.3$	100% (160/160)	3760.1 (75201/20)	99% (159/160)	2653.9 (53077/20)	100% (160/160)	337.1 (6742/20)
$Th = 0.4$	100% (160/160)	1638.6 (32752/20)	99% (158/160)	1015.3 (20306/20)	100% (160/160)	333.6 (6672/20)
$Th = 0.5$	100% (160/160)	486.1 (9722/20)	99% (159/160)	249.0 (4979/20)	100% (160/160)	266.5 (5330/20)
$Th = 0.6$	100% (160/160)	99.1 (1981/20)	96% (153/160)	40.0 (800/20)	100% (160/160)	79.4 (1588/20)
$Th = 0.7$	100% (160/160)	10.0 (199/20)	89% (142/160)	2.7 (84/20)	96% (153/160)	8.6 (171/20)
$Th = 0.8$	100% (160/160)	0.6 (12/20)	79% (126/160)	0.2 (3/20)	89% (143/160)	0.5 (10/20)
$Th = 0.9$	100% (160/160)	0 (0/20)	53% (85/160)	0 (0/20)	84% (134/160)	0 (0/20)
$Th = 1.0$	100% (160/160)	0 (0/20)	24% (38/160)	0 (0/20)	73% (116/160)	0 (0/20)

512 × 30 画素の観察画像中を 4 種類のテンプレートを用いて全探索した場合の探索回数は 512 × 512 × 30 × 4 回となる. 一方, 個体数 300, 世代交代数 15000 の GATM 法での探索回数は 300 × 15000 回となり, その探索回数は全探索のわずか約 14% に過ぎない. また, 検出率と偽陽性候補数の両面で, GATM 法単独より GATM 法に適応度共有法を適用した方が良好な結果を得ていることがわかる. 特に検出すべき対象が複数のときには, 適応度共有法の適用が効果的であると考え. 実際にわれわれが有する胸部ヘリカル CT 画像の 1 症例中の腫瘍陰影の数は, 多いものでは 20 個以上であり, それらの複数候補の検出のために GATM 法への適応度共有法の適用は有用であると考え.

### 3.4 考察

シミュレーション (I), (II) により GATM 法の有効性はほぼ示された. しかし, 今回用いた GATM 法では, GA における突然変異の確率が各遺伝子列に対して 10% と高い. これは 25 ビットの遺伝子列をもつ 1 個体が突然変異を起こす確率に換算すると  $1 - (0.9)^{25} \approx 0.93$  となり, ほとんどランダム探索に近い処理となっている. そこで, 観察画像に  $O_1$ , 検出対象 (テンプレート) に  $T_1$  を用いて, シミュレーション (I) と同様に乱数のシードを

変えながら30回の処理を実行し、探索点をすべて乱数で決定するランダム探索 (RDTM) と比較し、GATM法の有効性を考察した。GATM法における個体数は300、世代交代数は最大20000とし、ランダム探索においても300箇所を同時に探索し、探索回数は最大20000とした。また、適応度または類似度が0.9以上になった場合、その部位を検出候補とし処理を終了した。ここで、本論文ではテンプレートのサイズに応じて観察画像の端を探索領域から除いているため、本手法のGAの遺伝子にはその分だけ冗長性が含まれている。そのため、上述の1個体が突然変異を起こす確率はもう少し低い。しかし、本論文ではその値は無視できる範囲にあると考えた。また、ランダム探索とGATM法の厳密な比較評価のために、ランダム探索にも同様の冗長性をもたせた。具体的には、GATM法における染色体と同じ長さのランダムなビット列から探索点を決定した。

結果を表3.4に示す。ランダム探索では30回の処理のうち7回は検出対象を検出することができなかった。また、検出に至るまでの探索回数もGATM法に比べ多い。なお、表3.4中の探索回数は、1世代に300箇所を同時に探索することを考慮し $300 \times$  (検出までの平均世代数) で示した。ここで、検出までの平均世代数には検出にいたらなかった処理は考慮していない。また、GATM法の各世代における個体の適応度とそれに対応するランダム探索時の類似度の変移グラフを図3.7に示す。ランダム探索において最大類似度が突出しているところでは検出対象の周辺を探索していることが予想されるが、図3.7(a)ではまだ検出には至っていない。一方、GATM法では少ない世代数で検出にいたっていることがわかる [図3.7(b)]。

ランダム探索でもある程度検出はできるが、確率的に検出率が100%を満たすためには全探索と同等の探索回数が必要となる。一方、GATM法ではシミュレーション(I)により全探索に比べ大幅に少ない探索回数で検出率が100%になることが示されている。ここで、広い探索空間では探索空間内を一様な確率で大局的に探索し、同時にその中から類似度の高くなる部位の周辺を集中的に探索することによって探索効率が向上すると考えられる。今回用いたGATM法では、各世代における優性10%の個体には突然変異は適用しておらず、ランダム探索とGAによる探索がうまく融合した形となっている。そのため、今回のシミュレーション(I),(II)では、本GATM法により検出対象を効率よく抽出できた考える。また、探索空間がさらに広がった場合でも、GATM法は全探索に比べ、現実的に有効な探索手法であると考えられる。しかし、全探索時の検出率と同等の性能

表3.4 RDTM法とGATM法による結果の比較.

	Detection rate	Average number of searching iterations
RDTM*	77%(23/30)	300 × 6632
GATM	100%(30/30)	300 × 95

\*RDTM: “random” template matching

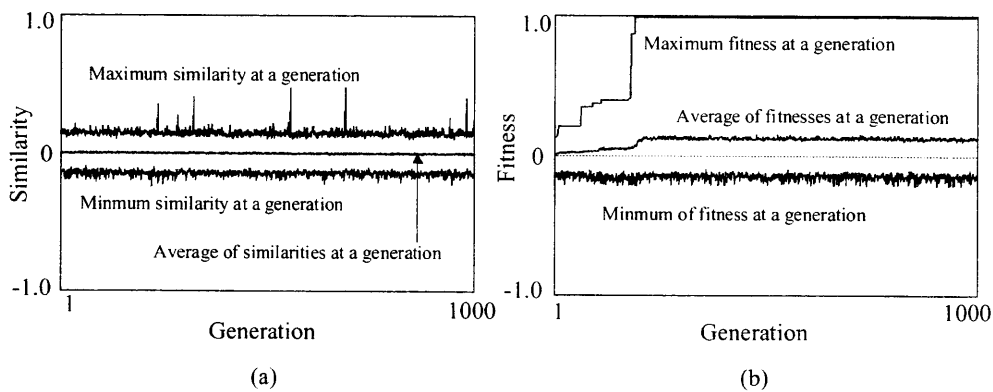


図3.7 RDTMとGATMにおける世代毎の類似度（適応度）の変移の比較. (a)RDTM法における1000世代までの類似度の変移グラフ. (b)GATM法における1000世代までの適応度の変移グラフ.

を保証するためには、探索空間の大きさに比例して探索回数（処理時間）が増大することが予想される. ここで、この考察で用いたGATM法を最大世代数である20000世代まで実行したとき（個体数は300）、その処理時間は約22分であった. なお、CPUはPentiumIII 700MHz、OSはSolaris8、コンパイラーにはgccのversion 2.95.2を用いた.

### 3.5 結言

本章では、GATM法が広い探索空間内において高速に精度よくテンプレートマッチングを行うことができることを二つのシミュレーション実験によって示した. また、今回用いたGATM法がランダム探索に近い性質をもっていることを考察し、それを踏まえた上でのGATM法の有効性を示した. さらに、これらの結果と考察から、GATM法が3次元医用画像において効率良くテンプレートマッチングを行う一手法になり得る可能性を

示した。

本章でのシミュレーション実験は、将来の胸部ヘリカルCT画像用のCADシステムに必要な腫瘍陰影の検出技術にGATM法を応用することを展望して行ったものであり、本実験結果からGATM法の有用性と可能性はおおよそ確認できたと結論付ける。この結論から胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出へのGATM法の適用を検討していく（第4章）。

#### 参考文献

- [1] 内田 勝：デジタル放射線画像，オーム社，1998.
- [2] 原 武史，藤田広志：遺伝的アルゴリズムによる濃淡画像のテンプレートマッチング（研究速報），電子情報通信学会論文誌D-II，J78-D-II(2)，385-388，1995.
- [3] 安居院猛，長尾智晴：ジェネティックアルゴリズム，昭晃堂，1993.
- [4] 原 武史，藤田広志，吉村 仁，松本常男：胸部X線写真における結節状陰影の自動検出－遺伝的アルゴリズムの適用－，Med. Imag. Tech.，15(1)，73-81，1997.
- [5] 李 鎔範，原 武史，藤田広志：胸部ヘリカルCT画像を用いたシミュレーションによるGAテンプレートマッチング法の評価，医用画像情報学会誌，17(3)，118-129，2000.
- [6] 坂野 鋭，斎藤英雄：パターン認識における遺伝的アルゴリズム，電子情報通信学会誌，79(10)，961-966，1996.

## 第4章

遺伝的アルゴリズムに基づいたテンプレート  
マッチング法による胸部ヘリカルCT画像に  
おける腫瘍陰影の検出

## 第4章 遺伝的アルゴリズムに基づいたテンプレートマッチング法による胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出

### 4.1 緒言

喫煙をはじめとした様々な要因により、現在、肺がんによる罹患率は世界的に増加傾向にある。日本における肺がんによる死亡率は男性、女性ともに高い割合を示しており、1993年以降は肺がんは男性死亡要因の第1位になっている[1]。肺がんの最善の予防法は疑わしい病変部の早期発見とされており、早期発見によりその後の生存率が飛躍的に向上すると報告されている[2-5]。こうした背景のもと、日本では従来より肺がん検診に胸部単純X線写真を用いているが、最近ではハイリスクの喫煙者を対象に肺がんの早期発見を目的としたヘリカルCTスキャンによる集団検診も行われている[6]。

ヘリカルCT画像では、従来の単純X線写真では検出が困難であった小さな病変部やX線学的に低濃度な病変部も比較的容易に検出でき、肺がんの早期発見に有効であると期待されている[7-10]。しかしながら、ヘリカルCTでは一患者あたり約30枚という多くの画像が生成され、特に集団検診においては、それらを読影する医師には大きな負担がかかることが予想される。そこで、われわれは多量に発生する医用画像に対し、読影精度の維持・向上や医師の読影労力の軽減を支援するために、医師の読影を補助するコンピュータ支援診断(Computer-Aided Diagnosis: CAD)システムの開発を行っている。特に胸部ヘリカルX線CT画像において肺がんを疑うべき所見である腫瘍陰影を検出する手法として、遺伝的アルゴリズムに基づいたテンプレートマッチング法(Genetic Algorithm Template Matching: GATM)を提案している[11-18]。

われわれの腫瘍陰影の検出アルゴリズムでは、GATM法で検出された候補に対し特徴量解析により偽陽性候補を削除し、最終的に真陽性候補を得る。本章では、これらの検出アルゴリズムを小規模なデータベースに適用して性能評価を行い、本検出アルゴリズムの有効性について検討する。

4.2において本実験で検出対象とする腫瘍陰影について、4.3においてGATM法の詳細とGATM法による腫瘍陰影の検出、4.4において偽陽性候補の削除処理、4.5において結果と考察を述べる。そして、4.6で結言を述べる。



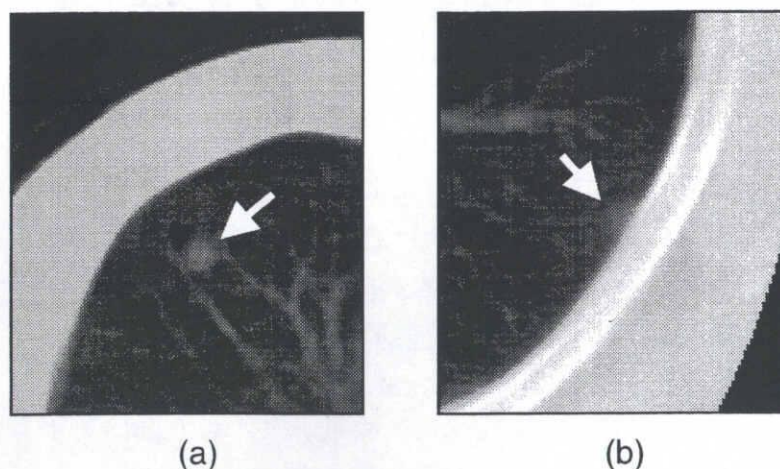


図4.1 胸部ヘリカルCT画像上の腫瘍陰影. (a)胸壁に接触していない円形の腫瘍陰影の例. (b)胸壁に接触している半円形の腫瘍陰影の例.

#### 4.2 検出対象とする腫瘍陰影

肺がんは医学的には、腺癌、扁平上皮癌、小細胞癌、大細胞癌などに分類されるが、本検出アルゴリズムを構築するにあたっては、こうした医学的分類は考慮せず、単に胸壁に接していないものと（以下、肺野内にある）、胸壁に接しているもの（以下、胸壁上にある）というその存在位置によってヘリカルCT画像上の肺腫瘍陰影を分類する。肺野内にある腫瘍陰影は一般に球状であり、小さな陰影は1スライスにのみ（2D）、また大きな陰影は連続したスライス（3D）に円形として現れる（図4.1(a)）。胸壁上の腫瘍陰影も同様に単一スライスまたは連続したスライスに現れるが、その形状は半円形である（図4.1(b)）。本章では、肺野内の腫瘍陰影のみを検出対象とし、球（円）モデルをテンプレートとして用いたGATM法によって検出を行う。胸壁上の腫瘍陰影には小さいものが多く、それらを検出するために半円形の小さなテンプレートをGATM法に適用し肺野内を探索した場合、微小な血管やノイズなどの偽陽性候補が爆発的に増える。そのため、胸壁上の半円形の腫瘍陰影の検出は別手法（第5章参照）により行い、本実験では肺野内の腫瘍陰影のみを検出対象とする。

#### 4.3 GATM法による腫瘍陰影の検出

4.3.1においてGATM法で用いるテンプレートについて、4.3.2においてGAのパラメータ設定を含めた検出処理全般について説明する。

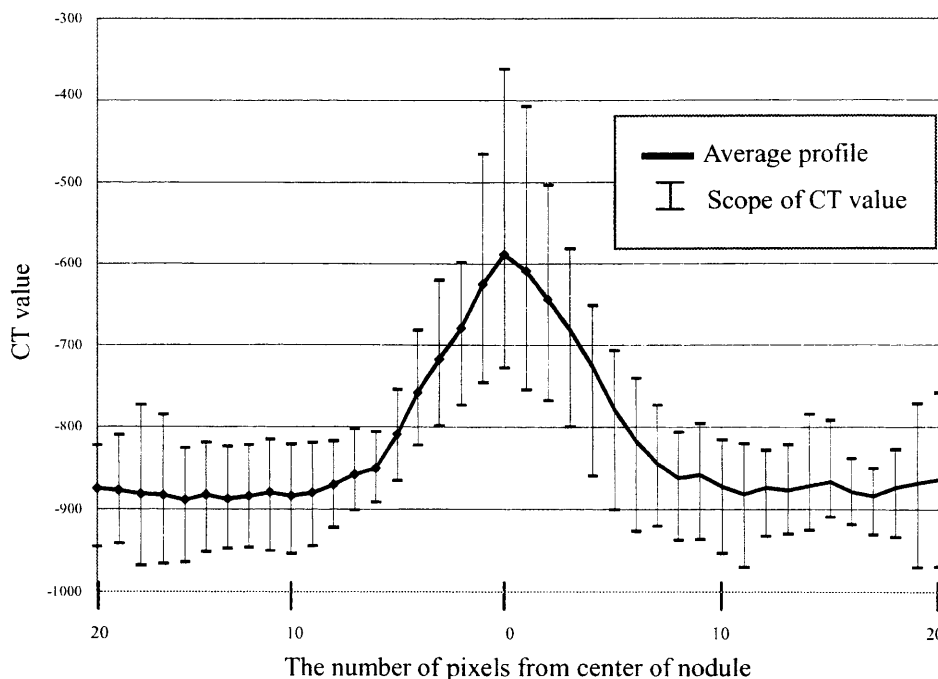


図4.2 ランダムに選択した10個の腫瘍陰影のCT値のプロファイル。

#### 4.3.1 参照画像パターン

参照パターンを作成するために、はじめに実際の腫瘍陰影の濃度分布を観察した。具体的には、保持しているデータベース中の胸部ヘリカルCT画像からランダムに10個の腫瘍陰影を選択し、それらの濃度プロファイルを見る。その平均プロファイルと分散幅のグラフを図4.2に示す。このグラフから胸部ヘリカルCT画像中の腫瘍陰影の濃度分布はガウス分布に類似していると経験的に仮定した。また、その形状は球であると仮定し、腫瘍モデルを式(4.1)で示す分布関数を用いて作成した。

$$pv_{x,y,z} = m \cdot e^{-(x^2+y^2+k \cdot z^2)/n} \quad (4.1)$$

$m$ は分布の最大値を、 $n$ は分布の大きさを決定するパラメータ、 $k$ は $z$ 軸方向のスケールを調節するパラメータである。なお、分布の大きさは、式(4.1)で作成される分布の $p_1 < pv_{x,y,z} < p_2$ 範囲における大きさと定義する。また、本稿ではこれ以降、この分布の大きさを腫瘍モデルの大きさ、または腫瘍モデルの直径と記述する。なお、 $p_1$ 、 $p_2$ 、 $m$ 、 $n$ 、 $k$ は経験的に決定した。

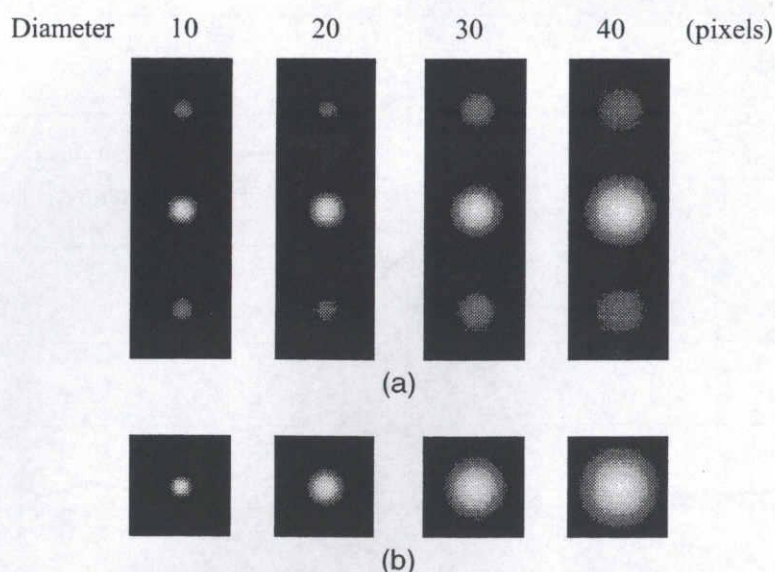
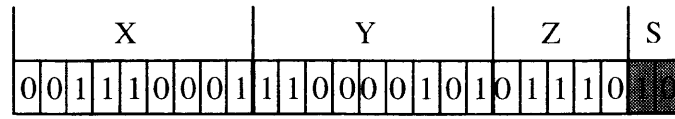


図4.3 参照画像パターン。(a)連続した3スライスで構成される球形モデル。(b)円形モデル。

ここで、本研究で用いられたヘリカルCT画像内の腫瘍陰影のサイズは、50mmを越える一つの巨大ながん陰影以外はすべて直径が30mm以下であった。そこで、腫瘍陰影を識別するためのテンプレートとして、図4.3(a)に示すような4つの球を式(4.1)を用いて作成する(連続した3スライス)。それらの直径は10, 20, 30, 40画素(1画素=0.68mm)とし、参照画像自体の大きさは40×40画素とした。これらの4つの腫瘍モデルを用いることによって、直径が約5～30mmの腫瘍陰影の検出が期待される。また、本研究で用いられたヘリカルCT画像のスライス厚は10mmであったので、球形モデルだけでは10mmより小さな腫瘍陰影の抽出は困難であると予想される。そこで、われわれは図4.3(b)に示すような図4.3(a)の中央のスライスのみを抽出した円形モデルも作成した。ここで、本実験では、球形モデルをテンプレートとしたGATM処理と円形モデルをテンプレートとしたGATM処理をそれぞれ独立して実行して腫瘍陰影の検出を行った。

#### 4.3.2 GAの処理

GAにおける各個体は3次元のヘリカルCT画像内の位置情報と最適な参照画像を選択するための情報を含む染色体を持っている。染色体はビット列で表現され、遺伝子を構成する。ここで、遺伝子の例を図4.4に示す。遺伝子は、探索点の決定に23 bits, 参照画像の選択に2 bits, 計



- : 23 bits for determining a search point
- : 2 bits for selecting a reference pattern

$$(X, Y, Z, S) = (113, 389, 14, 2)$$

A variable X : 9 bits (Max value 512)

A variable Y : 9 bits (Max value 512)

A variable Z : 5 bits (Max value 32)

A variable S : 2 bits (Max value 4)

図 4.4 GA における個体の染色体例

25 bits で表現される。探索点の決定に使われる 23 bits は 9 bits, 9 bits, 5 bits に分割され、それぞれ座標 (x, y, z) に対応づけられる。遺伝子によって決定された観察画像内の探索座標を中心に、参照画像と同サイズの画像が切り出される (以下、切り出し画像)。この切り出し画像と遺伝子によって選択された参照画像間でテンプレートマッチングが行われ類似度が計算される。この計算された類似度はその遺伝子を

$$Similarity_{a,b} = \frac{\sum_{i=0}^{n-1} (a_i - m_a) \cdot (b_i - m_b)}{\sqrt{\sum_{i=0}^{n-1} (a_i - m_a)^2} \cdot \sqrt{\sum_{i=0}^{n-1} (b_i - m_b)^2}}, \quad (4.2)$$

$$m_a = \frac{1}{n} \cdot \sum_{i=0}^{n-1} a_i, \quad m_b = \frac{1}{n} \cdot \sum_{i=0}^{n-1} b_i$$

持つ個体の適応度とした。

ここで、画像間の類似度の評価には式(4.2)で示すような相関係数を用いた[19, 20]。この相関係数は、コーシー・シュバルツの不等式により -1 から 1 の値をとる。a は画像 a の i 番目の画素値を、b は画像 b の i 番

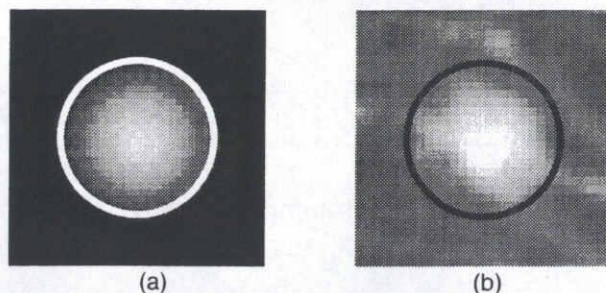


図4.5 類似度の計算を行う共通領域(円の内部)。(a)参照画像における領域。(b)切り出し画像における領域。

目の画素値をそれぞれ表している。

また,参照画像や切り出し画像にはそれぞれ異なる背景成分が存在し,類似性の評価はその背景差の影響を受ける。そこで,この背景差の影響を軽減するために,参照画像と切り出し画像間で共通な領域を決め,その領域間でのみ画像の類似性を計算した。その共通領域の例を図4.5に示す。図4.5(a)の参照画像における領域は,参照モデルを画像上で最小限に含むようにしきい値処理で決定した。図4.5(b)の切り出し画像での領域は,図4.5(a)の参照画像で決定した領域と画像上で位置と大きさが等しい領域とした。これにより背景差に大きく依存しない評価が可能であった。

図4.6にGAの処理の流れを示す。初めに初期集団が0または1の乱数

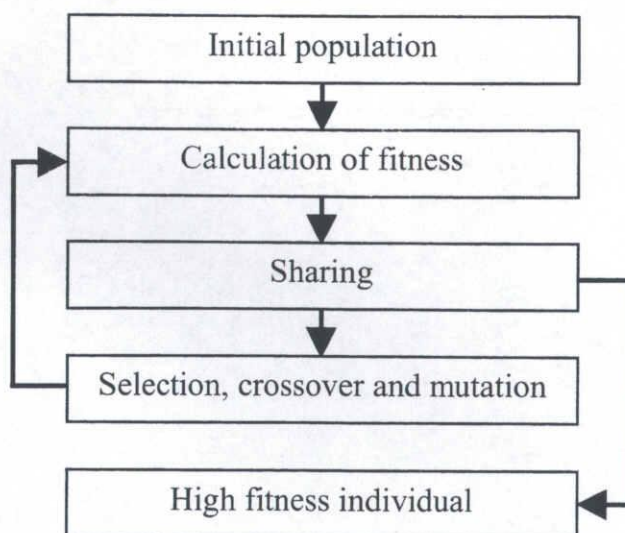


図4.6 GA処理のフローチャート

で生成される。次に各個体の適応度が計算され、それらに適応度共有法 [21] が適用される。適応度共有法とは多くの個体と同じような局所解におちたとき、それらの個体間で適応度を共有するという考え方に基づくもので、これらの個体の適応度を下げ、複数の解候補を得る手法である。具体的には、適応度が一定値以上となる部位に一定個数以上の個体が集まった場合、その部位を検出候補として残し、以降、その部位に集まる個体の適応度を意図的に下げる処理を行う。これにより、適応度が高くなる一局所に個体が集中するのを回避することができ、形状や大きさの異なる検出対象を複数同時に検出することが可能になる。GAのオペレータとして各個体には淘汰、交叉、突然変異が適用される。各世代において適応度の下位50%の個体を淘汰した後、上位50%の個体に対して2個体間での1点交差を行い、それらを淘汰されたものに代わる個体とした。突然変異はビットの反転で表され、その発生確率は遺伝子内の各ビットに対し、それぞれ10%とした。ここで、適応度の高い上位10個体には突然変異は適用しない。また、各世代において最も適応度が高い個体の遺伝子は、無条件で次世代に受け継がれるものとした。ここまでの処理で、初期集団の生成を除いた一連の処理を1世代とする。各世代における個体数は124であり、世代交代は最大200回までとした。それぞれの世代において  $\text{適応度} > f$  ( $0 \leq f \leq 1$ ) を示す個体が抽出され、その個体が持つ位置情報を検出位置とみなす。ここで、 $f$ は経験的に決定した定数であり、参照画像に円形モデルと球形モデルを用いたそれぞれの場合で異なる値とした。特に円形モデルを用いた検出処理では、式(4.3)に示す探索点の上下スライスにおける適応度も検出条件に加えた。これは、われわれが保持しているヘリカル画像において、スライス間隔の10mmより小さな腫瘍陰影が複数のスライスにまたがって写っている症例が経験的に多く確認されたからである。なお、こうした現象は、ヘリカルCTの再構成アルゴリズムに起因するものと考えられる。

$$(f_{(x,y,z-1)} + f_{(x,y,z+1)}) \times 0.5 > f_{(x,y,z)} - 0.1 \quad (4.3)$$

$f_{(x,y,z)}$ : 探索点  $(x, y, z)$  における適応度

ここで、本手法ではGAの染色体のコーディングを簡易化するために、肺野領域を厳密に抽出し探索するのではなく、肺野領域を最小限に含む立方領域を探索領域とした。はじめに、各スライス画像において、肺野の粗領域を2値化処理で抽出し、その肺野領域を最小限に含む方形領域

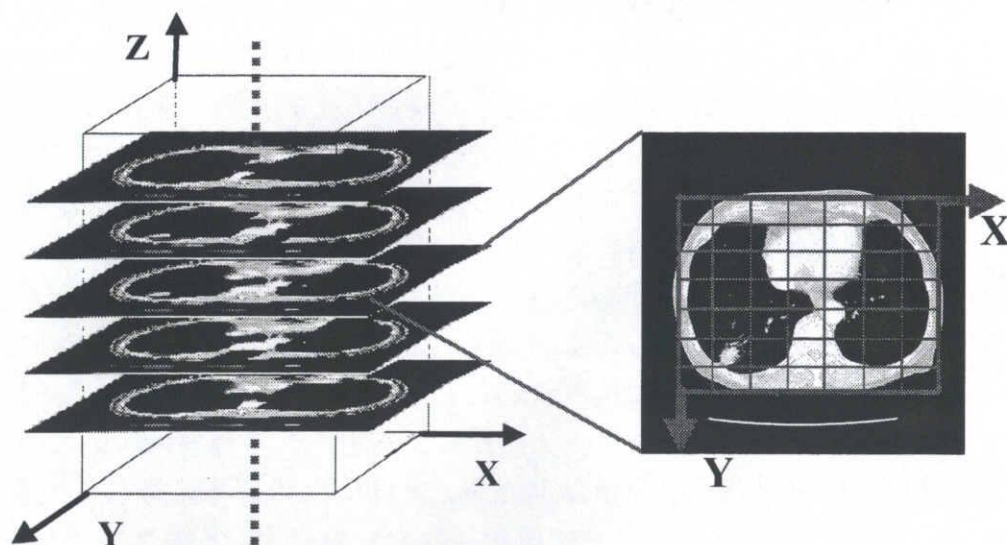


図4.7 肺野を最小限に含む立方領域と分割された49の小領域.

を決定した. そして, 1症例中の全スライスで面積が最大となる方形領域 (以下, 最大方形領域) をその症例における探索 (立方) 領域の断層面とし, この最大方形領域を症例中の全スライスの方角領域に置き換えることによって, 肺野全体を最小限に含む立体領域を得た (図4.7). 最後に, 立方領域を  $x$ ,  $y$  軸の各方向に等間隔で7分割して得られる49の小領域において, それぞれGATM法を実行し腫瘍陰影の検出を行った.

#### 4.4 偽陽性候補の削除

4.3の検出処理では, 真陽性候補である腫瘍陰影以外の部位を多く偽陽性候補として検出してしまふ. そこで, 検出された候補に対し, 9個の特徴量を用いて真陽性候補 (True-Positive: TP) と偽陽性候補 (False-Positive: FP) の分類を行い, 偽陽性候補を削除する. 以下にそれらの特徴量と削除法の詳細を述べる.

##### 4.4.1 特徴量

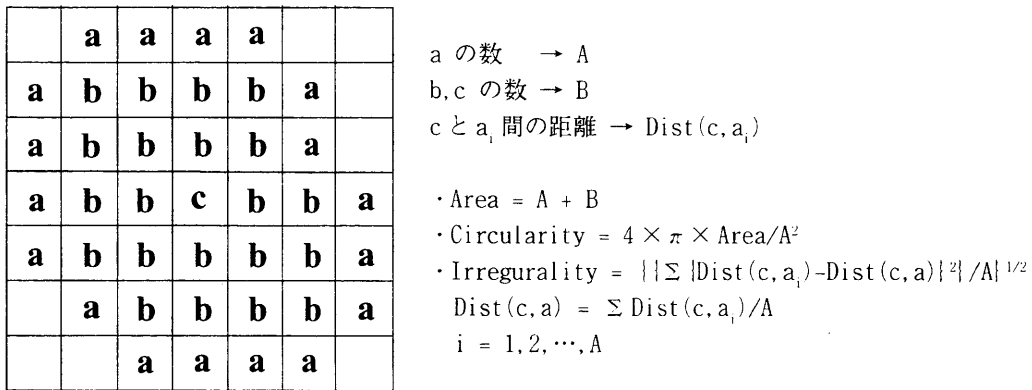
###### 4.4.1.1 平均, 標準偏差

GATM法では探索領域を肺野を最小限に含む立方領域としており, 肺野以外に, 骨や皮膚, 縦隔部なども探索領域に含まれている. これら肺野以外の領域において, テンプレートに用いた腫瘍モデルの濃度分布に類似した部位は偽陽性候補として検出される. ここで, これらの偽陽性候

補は腫瘍陰影に比べ、明らかにそのCT値が高く、また値が分散している。そこで、検出候補を含む領域(40×40画素)内の平均値と標準偏差値を用いて偽陽性候補の識別を行う。

4.4.1.2 面積、円形度、不整度

胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影は一般に単一スライスで円形に写る。また、本手法では検出対象とする腫瘍陰影の大きさを5~30mm程度と限定しているため、腫瘍モデルとの濃度分布の類似に起因した偽陽性候補を検出候補の形状や大きさから識別することができる。そこで、



2値化, ラベリングによって得られた候補領域. a: 候補の周囲領域. b: 候補の内部領域. c: 候補領域の重心.

図4.8 面積、円形度、不整度の定義とその計算式.

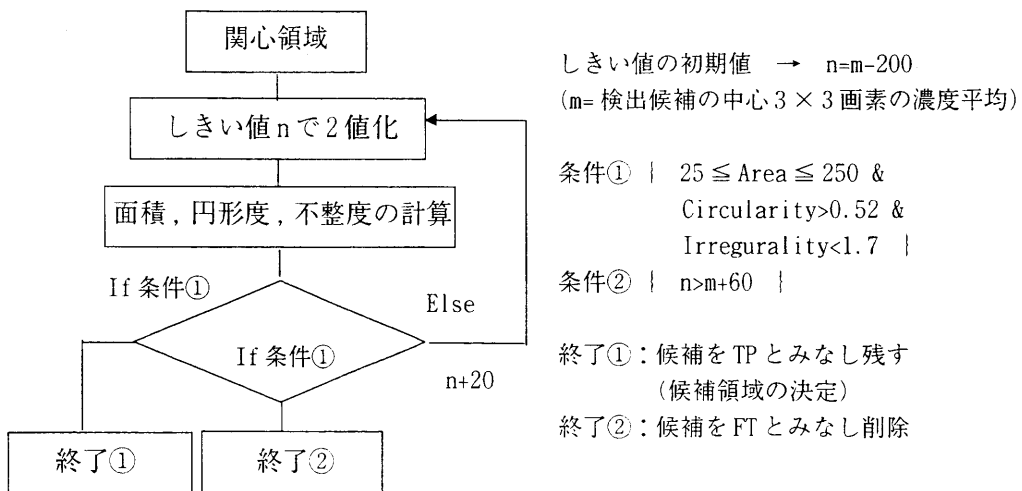


図4.9 面積、円形度、不整度を用いた偽陽性候補削除のフローチャート.





図4.10 しきい値による検出候補領域の変化. 円の中心付近が検出された候補 (TP).  $n, c_1, c_2$  は整数 ( $c_1 < c_2$ ).

面積, 円形度, 不整度を用いて偽陽性候補の削除を行った. 図4.8に面積, 円形度, 不整度の定義と算出式を示す. ここでは, 検出された候補を中心とした $100 \times 100$ 画素の関心領域の中で, しきい値を変えながら2値化とラベリング処理により検出候補の領域を決め, 面積, 円形度, 不整度の計算を行う. 面積, 円形度, 不整度が一定の条件を満たしたとき, その領域を検出した候補自体を表す候補領域と定義し, その候補を真陽性候補として残す. 面積, 円形度, 不整度がどのしきい値においても一定の条件を満たさなかった場合, その候補は偽陽性候補とみなし削除する. これらの一連の処理のフローチャートを図4.9に, また, その実行例を図4.10に示す.

#### 4.4.1.3 コントラスト, 最大平均CT値

体軸方向または直交する血管影はCT画像では円形に写り, その形状で腫瘍陰影と識別することは困難である. ここで, ヘリカルCTでは, 腫瘍陰影のような球状のものを撮影したとき, その辺縁にボケが生じる. また, 体軸方向の血管影のように径が急変しない管状物体においては比較的そのボケが少ない. こうした違いを定量的に評価するためにコントラストを用いた. 本手法では, コントラストを検出候補領域内の平均CT値 ( $C_m$ ) と周辺領域の平均CT値 ( $A_m$ ) の比 ( $C_m/A_m$ ) と定義する. この比が小さいとき, その候補のコントラストは強く, 偽陽性候補である可能性が高い.

一方, 小さい腫瘍陰影ではボケが像全体に及ぶ. そのため, 同程度の大きさの血管影に比べ, 小腫瘍影では全体的にCT値が低くなることが多い. このことから, 検出候補領域内の画素値の上位5画素の平均値を最

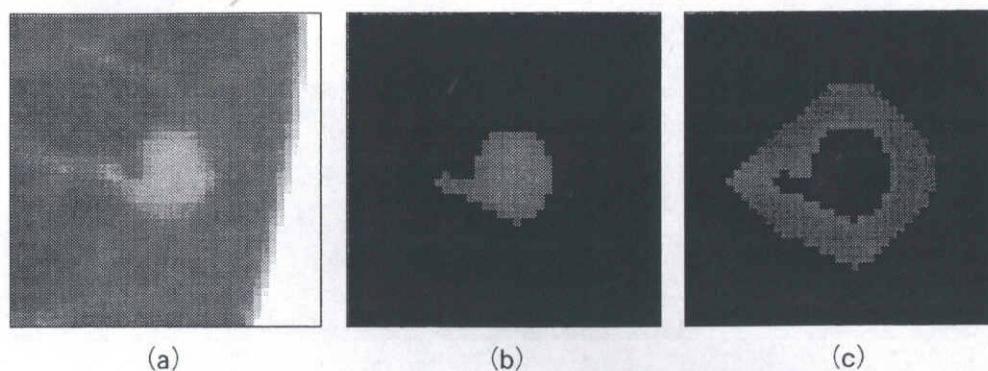


図4.11 コントラス計算のための検出候補 (TP) 領域とその周辺領域. (a) 検出された候補. (b) 検出候補領域. (c) 検出候補の周辺領域.

大平均CT値と定義し、この値から偽陽性候補の削除を行った。この最大平均CT値は、ある程度の大きさまでは検出候補領域の面積と比例関係にあることが経験的にわかっている。

なお、検出候補領域は4.4.1.2で決定した候補領域とした。また、検出候補の周辺領域は検出候補領域を膨張させることによって求めた(図4.11)。

#### 4.4.1.4 濃度勾配の方向の分散、濃度勾配の方向の相関

孤立性の腫瘍陰影の周辺には強い濃度勾配を持つ線上の血管影が写ることは少ない。しかし、偽陽性候補(特に交差している血管影)の周辺には強い濃度勾配を持つ線上の血管影が写る可能性が高い。そこで、検出候補を含む $40 \times 40$ 画素の領域と検出候補を含む $20 \times 20$ 画素の領域内の濃度勾配の方向の分散値の差を見ることによって偽陽性候補の削減を試みた。この濃度勾配の方向の分散値の差は、真陽性候補では大きく、偽陽性候補では小さい。ここで、濃度勾配の方向はKirschのオペレータを用いて算出し、同時に計算される濃度勾配の強さが一定値以上の方向のみに注目するものとした。

また、腫瘍陰影の濃度勾配の方向は均等な割合で中心に向かっていて考えられるが、偽陽性候補では濃度勾配の方向の割合にバラツキが見られると予想される。そこで、ガウス分布状の円形モデル(図4.3(b)の直径40pixelsのモデル)と検出された候補間の濃度勾配の方向の相関を見ることによって、偽陽性候補の削減を試みた。この濃度勾配の方向の相関は、真陽性候補において偽陽性候補より高い値を示す。ここで、濃

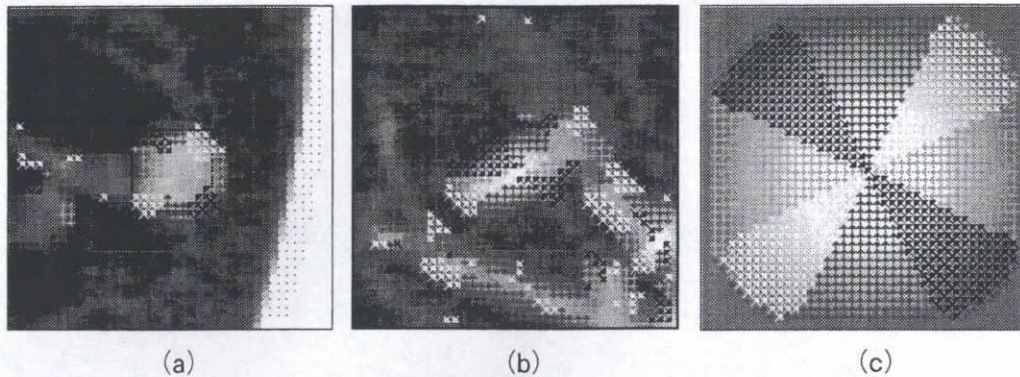


図4.12 Kirschのオペレータの実行例. (a)真陽性候補(胸壁上の濃度勾配の方向成分は削除済み). (b)偽陽性候補. (c)ガウス分布状の円形モデル.

度勾配の方向は、上と同様にKirschのオペレータを用いて求めるが、濃度勾配の強さによる制限はないものとした。

なお、関心領域の $40 \times 40$ 画素内に胸壁がある場合、これらの特徴量は有効に機能しない。そこで、胸壁の濃度勾配の方向の様子から胸壁の削除を行った。具体的には、胸壁における濃度勾配の方向は肺野に向かう傾向が見られたので、関心領域内の端である一方向を向いている濃度勾配の固まりは胸壁とみなし削除した。この処理により関心領域内の胸壁をほぼ削除することができた。図4.12に腫瘍陰影(真陽性候補)と血管影(偽陽性候補)および濃度勾配の方向の相関で用いた円形モデルへのKirschのオペレータの適用例(濃度勾配の強さによる制限あり)を示す。

#### 4.4.2 偽陽性候補削除のまとめ

図4.13(a)にTPとFPにおける各特徴量の傾向を示す。本手法では、こうした傾向に基づいた各特徴量における検出条件を論理積・論理和で組み合わせることによって偽陽性候補の削除を行った。具体的な検出条件を図4.13(b)に示す。なお、これらの検出条件で用いている数値は経験的に決定した。図4.13(c)に特徴量の実際の分布例として、平均と標準偏差の分布グラフを示す。

#### 4.5 結果と考察

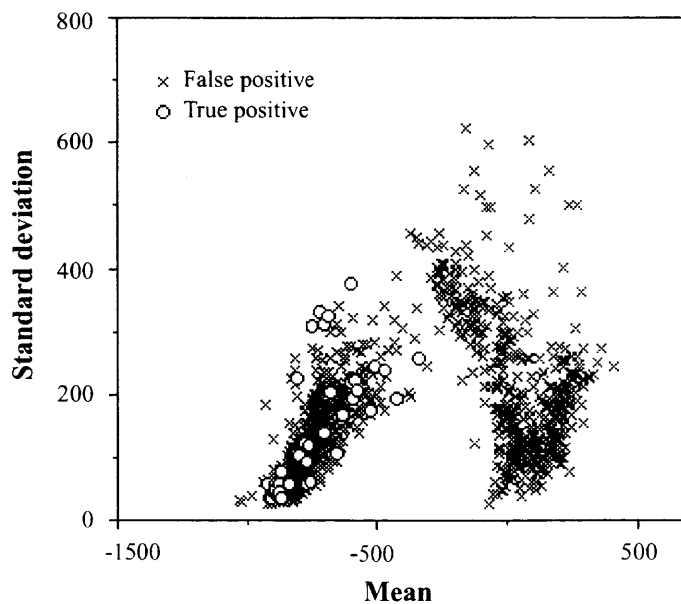
本手法は表1の条件で撮影された20症例(異常例15, 正常例5:計557枚)の胸部ヘリカルCT画像に適用した。15の異常例には医師によって98個の腫瘍陰影が確認されており、そのうち、胸壁に接していない腫瘍陰影は74個であった。GATM法ではその74個中56個の腫瘍陰影が検出でき、

	Features	Tendency
Detected candidates	・ Mean	TP < FP
	・ Standard deviation (SD)	TP < FP
	・ Area	small FP < TP < large FP
	・ Circularity (Cir)	TP > FP
	・ Irregularity (Irr)	TP < FP
	・ Contrast (Cont)	TP < FP
	・ Max mean of CT value (MMCT)	TP < FP
	・ Variance of direction of pixel gradient (VDPG)	TP > FP
	・ Cross-correlation of direction of pixel gradient (CDPG)	TP > FP

(a)

Mean > -320 or  
 SD > 400 or  
 VDPG < |30| or  
 (25 < Area or Area > 250) or  
 Cir < 0.52 or  
 Irr > 1.7 or  
 Cont (Cm/Am) < 0.65 or  
 (CDPG < 0.16 and MMCT > Area × 8.5-1095)

(b)



(c)

図4.13 各特徴量の傾向とFP削除のための条件式. (a)特徴量の傾向. (b)偽陽性候補削除に用いた各特徴量の条件式. (c)検出された候補の平均と標準偏差の分布グラフ.

表4.1 本実験でも用いた胸部ヘリカルCT画像の撮影条件

Tube Voltage	120 kV
Tube Current	50 mA
Slice Thickness	10 mm
Scan Time	1 sec/round
Table Feed Rate	20 mm/sec

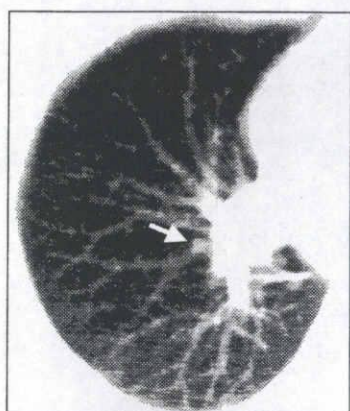


図4.14 偽陽性候補削除処理で削除された縦隔に接触している真陽性候補例。

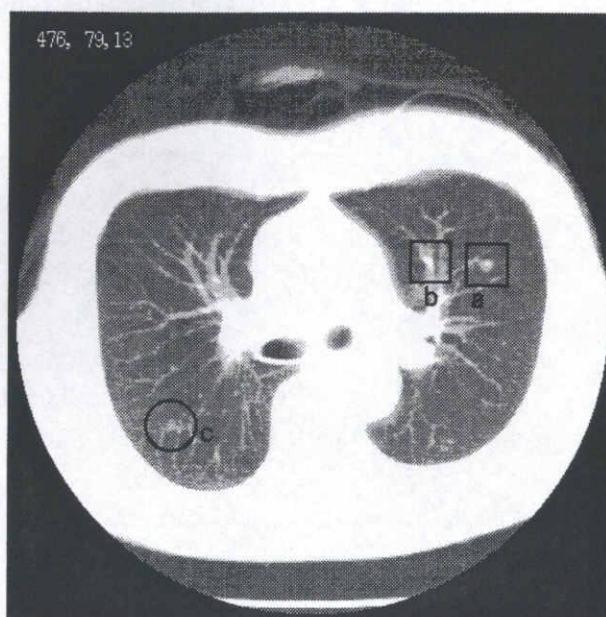


図4.15 本手法による検出例（偽陽性候補の削除処理後）。a:真陽性候補. b:偽陽性候補. c:検出できなかった淡い腫瘍陰影。

その時の偽陽性候補の数は3224個であった。これらの検出候補に9つの特徴量を用いた偽陽性候補の削減処理を適用した結果、333個までに偽陽性候補の数を減らすことができた。しかし、そのときTP（腫瘍陰影）も1つ削除された。その例を図4.14に示す。この陰影は縦隔に接した腫瘍陰影であり、4.4.1.2のFP削除処理で検出候補と縦隔部が分離されなかったため偽陽性候補と判断された陰影である。図4.15に検出例と検出できなかった淡い陰影の例を示す。また、検出性能を表4.2にまとめて示す。

表 4.2 検出性能.

(a) 腫瘍陰影の大きさによる分類とその検出率.

(本手で検出できた腫瘍/医師が指摘した胸壁に接していない腫瘍)

Diameter(mm)	~10	11~20	21~	Total
Number of detected nodules	36/51	13/16	6/7	55/74

(b) 偽陽性候補数. (全偽陽性数/全症例数)

Before decreasing	After decreasing
161.2 (3223/20)	16.7 (333/20)

本実験で用いた症例には、1症例中に1~20個の腫瘍陰影が医師によって指摘されており、その大きさは約5mm~50mm以上とバラツキが大きい。表2によると、本研究で用いた症例には直径が10mm以下(5mm前後のものが約半数)の小さな腫瘍陰影が多く含まれていることがわかる。直径が10mm以下の腫瘍陰影に対し70%(36/51)の検出率を持つ本手法は、こうした小さな腫瘍陰影の検出においても有効な手法になり得る可能性がある。なお、表2の大きさによる分類は本研究で用いた胸部ヘリカルCT画像から目安となる定規を作成し計測したものである。

直径が10mm以下で検出されなかった腫瘍陰影は15個あった。それらの内訳は淡い陰影3個[図4.16(a)]、縦隔に接触している陰影2個(図4.14の腫瘍陰影は除く)[図4.16(b)]、そして肺尖部と肺底部に存在する腫瘍陰影10個[図4.16(c), 図4.16(d)]であった。淡い腫瘍陰影を検出できなかった理由は、その濃度分布がテンプレートとして用いたガウス分布と著しく異なったためである。縦隔に接触して陰影は、半円に近いため検出できなかった。また、肺尖部や肺底部ではヘリカルCTの撮影特性上アーチファクトが生じやすく、そのアーチファクトが検出を困難にしている原因と考えられる。

また、直径が10mm以上の腫瘍陰影の検出率は約82%(19/23)であった。検出できなかった腫瘍陰影は、淡い陰影が1個[図4.16(e)]、肺尖部に存在する陰影が1個[図4.16(c)]、気管支分岐部の肺門側の血管に接した腫瘍陰影が2個[図4.16(f)]であった。淡い陰影と肺尖部に存在する腫瘍を検出できなかった理由は、先に述べた直径10mm以下での理由と同じである。気管支分岐部の血管に接した腫瘍陰影は、図4.16(e)が示すようにその認識は極めて難しいと考える。

#### 第4章 GATM法による肺腫瘍陰影の検出

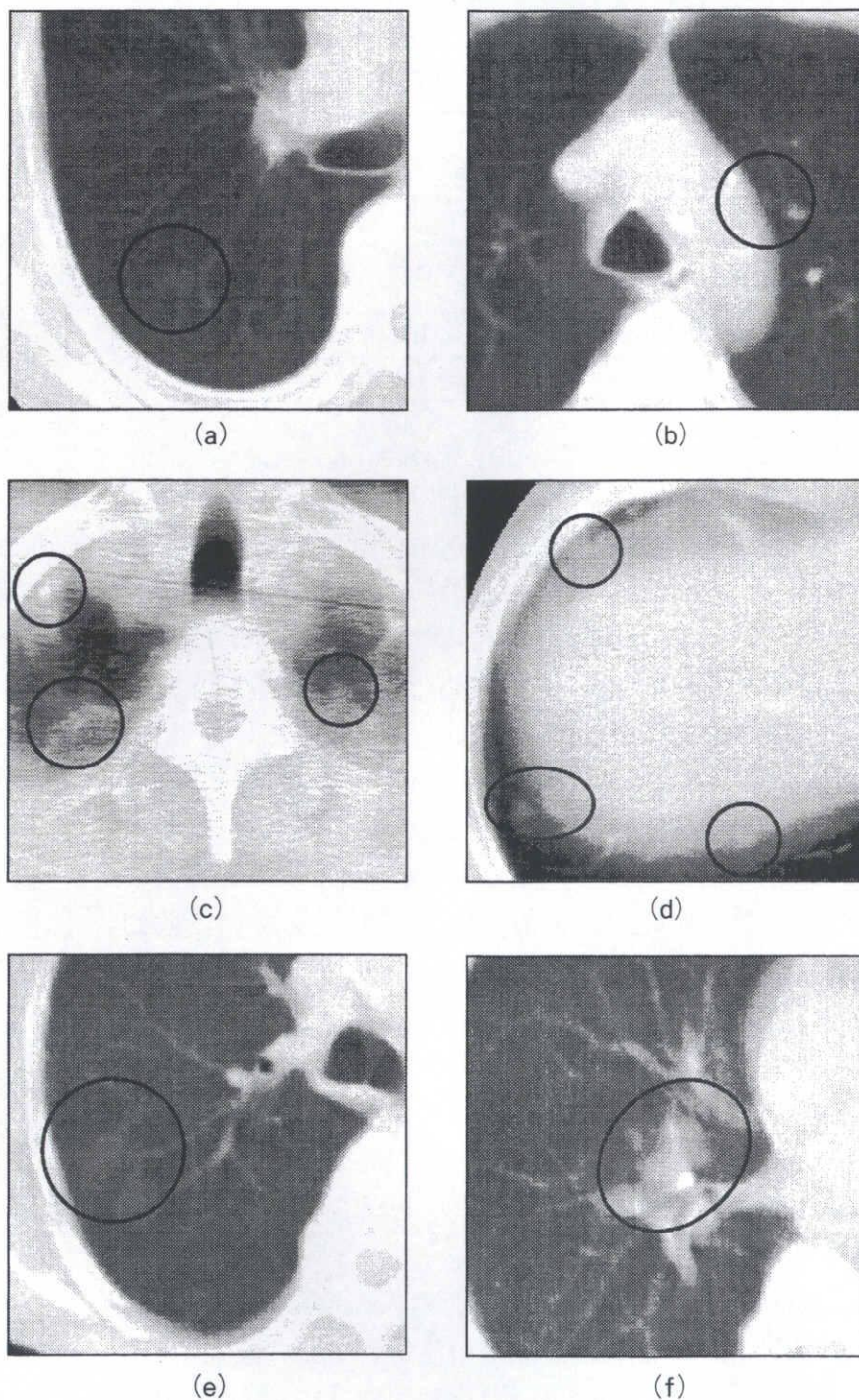


図4.16 検出できなかった腫瘍陰影(円の中心付近)の例。(a)淡い10mm以下の腫瘍陰影。(b)縦隔に接している10mmより小さな腫瘍陰影。(c)肺尖部に存在する腫瘍陰影。左下の腫瘍陰影は10mmより大きく、それ以外の二つは10mmより小さい。(d)肺底部に存在する腫瘍陰影。(e)10mm以上の淡い腫瘍陰影。(f)10mm以上の気管支分岐部の血管に接触した腫瘍陰影。

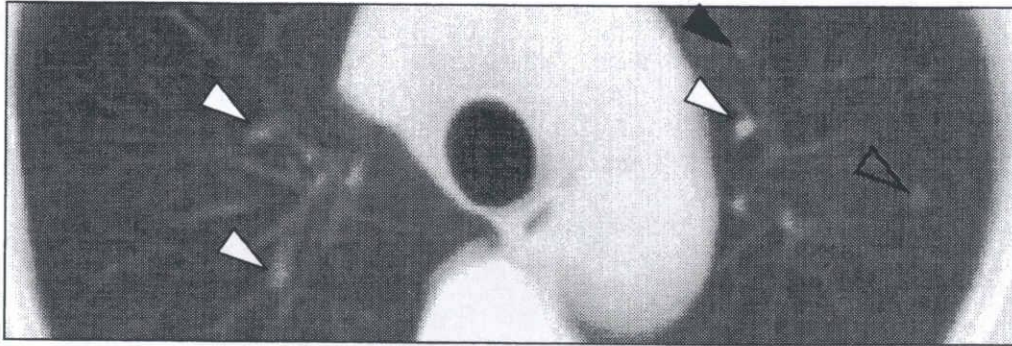


図4.17 削除できた偽陽性候補と削除されずに残った偽陽性候補の例。白い三角は偽陽性削除処理で削除できた候補を、黒い三角は削除されずに残った偽陽性候補を示している。透明な三角は検出された真陽性候補（実際の腫瘍陰影）を示している。

図4.16で示したように、今回検出に失敗した腫瘍陰影はその形状または濃度分布が用いたテンプレートと著しく異なっている。このことから本手法による検出率が70%程度に留まっているのは、用いたテンプレートの単純さが主な原因であると考えられる。この他に画質の悪さ（特に肺尖部、肺底部のアーチファクト）もその要因の一つであると考えている。しかしながら、こうしたシンプルなテンプレートのみで典型的な円形（球形）の腫瘍陰影をすべて検出できたことは、本手法の原理的な有効性を示唆しているともいえる。

また、残った偽陽性候補には比較的小さな血管影が多かった（図4.17）。これらの偽陽性候補の原因として、5mm程度の腫瘍陰影も検出対象としていることが考えられる。

#### 4.6 結言

本章では、ガウス分布状の腫瘍モデルを参照画像としたGATM法を胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出に適用した。画像上で胸壁に接触していない類円形の腫瘍陰影のみを検出対象としたとき、GATM法による真陽性率は約74%、偽陽性候補は1症例あたり約161個であった。また、9個の特徴量を用いた検出候補領域内の詳細解析によって、全偽陽性候補の約90%を削除することができ、1症例あたり約17個まで減らすことができた。本実験の結果はおおよそ良好であったと考えるが、偽陽性候補の数はまだ多く、また、淡い陰影や肺尖部、肺底部周辺の腫瘍陰影の検出は困難であった。今後、データベースの充実、検出できない腫瘍陰影



および削除できない偽陽性候補の検討などを行うことで、より実用的な検出アルゴリズムへの発展が期待される。なお、本手法で検出対象外とした胸壁上の半円形の腫瘍陰影の検出法については第5章で論じる。

#### 参考文献

- [1] 松本満臣：肺癌のCT検診，新医療，23(10)，60-64，1996.
- [2] J. W. Vance, C. A. Good, C. H. Hodgson, et al. :The solitary circumscribed pulmonary lesion due to bronchogenic carcinoma: a 3-year follow-up study of 94 surgically treated patients, Dis. Chest, 36, 231-237, 1959.
- [3] J. D. Steele, W. P. Kleitsch, J. E. Dunn, and P Buell : Survival in males with bronchogenic carcinomas resected as asymptomatic solitary pulmonary nodules, Ann. Thorac. Surg., 2, 368-376, 1966.
- [4] P. E. Buell :The importance of tumor size in prognosis for resected brochogenic carcinoma, J. Surg. Oncolo., 3, 539-551, 1971.
- [5] R. T. Heelan, B. J. Flehinger, M. R. Melamed, et al. :Non-small-cell lung cancer: Results of the New York screening program, Radiology, 151, 289-293, 1984.
- [6] 松本満臣, 堀越浩幸, 茂木孝夫, 他 :らせんCTによる肺癌二次検診-肺癌検診用CT (LSCT) のパイロットスタディと診断結果-, 55(3), 172-179, 1995.
- [7] P. Costello, W. Anderson, D. Blume:Pulmonary nodules: evaluation with spiral volumetric CT, Radiology, 179, 875-876, 1991.
- [8] 竹村俊哉, 酒井英郎, 楠本昌彦, 他 ;ヘリカルCTの肺癌2次検診への応用, 日本医放会誌, 52, 1322-1324, 1992.
- [9] M. Remy-Jardin, J. Remy, F. Giraud, et al:Pulmonary nodules: detection with thich-section spiral CT versus conventional CT, Radiology, 187, 513-520, 1993.
- [10] M. Kaneko, K. Eguchi, H. Ohmatsu, et al:Peripheral lung cancer: Screening and detection with low-dose spiral CT versus Radiography, Radiology, 201, 798-802, 1996.

- [11] 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 他: 遺伝的アルゴリズムを用いた胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出, 胸部CT検診, 4(3), 207-210, 1997.
- [12] Y. Lee, T. Hara, H. Fujita, et al.: Nodule detection on chest helical CT scans by using a genetic algorithm, Proc. of IASTED IIS97, 67-70, 1997.
- [13] 李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 他: 遺伝的アルゴリズムを用いた画像認識 - ヘリカルX線CT画像における腫瘍像の自動検出 -, 電子情報通信学会技術報告 CAS97-118, 49-52, 1998.
- [14] 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志: 医用3次元画像と知的情報処理の基礎, Med. Ima. Tech., 16(2), 103-110, 1998.
- [15] Y. Lee, T. Hara, H. Fujita, et al.: Automated pulmonary nodule detection on helical CT images, Proc. of the 12th International Symposium and Exhibition on Computer Assisted Radiology and Surgery (CAR98), 978, 1998.
- [16] 李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 他: GAを用いた画像認識とそのヘリカルX線CT画像における肺腫瘍陰影検出への適用, 画像の認識・理解シンポジウム (MIRU98) 論文集 II, 233-238, 1998.
- [17] 児島敦司, 李 鎔範, 原 武史, 他: 胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の自動検出法の開発, JAMIT Frontier' 99, 22-27, 1999.
- [18] Y. Lee, T. Hara, H. Fujita, et al.: Automated detection of pulmonary nodules in helical CT images, Proc. of the 14th International Congress and Exhibition on Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS2000), 1044, 2000.
- [19] D. H. Ballard: Computervision, PrenticeHall Inc., 65-70, 1982.
- [20] W. K. Patte: Digital image processing, A Wiley-Interscience publication, 651-673, 1991.
- [21] 坂野 鋭, 斎藤英雄: パターン認識における遺伝的アルゴリズム, 電子情報通信学会誌, 79(10), 961-966, 1996.

#### 第4章 GATM法による肺腫瘍陰影の検出

## 第5章

# 胸壁に沿ったテンプレートマッチングによる 胸部ヘリカルCT画像における胸壁周辺の 腫瘍陰影の検出

## 第5章 胸壁に沿ったテンプレートマッチングによる胸部ヘリカルCT画像における胸壁周辺の腫瘍陰影の検出

### 5.1 緒言

最近、肺がんの罹患率はますます増加してきており、検査のための胸部X線写真の数も大きく増加している。そこで、医師の読影の補助を目的としたコンピュータ支援診断(Computer-Aided Diagnosis: CAD)システムの開発が要望されている。特に、胸部ヘリカルX線CT画像において肺がんを疑うべき陰影である腫瘍陰影の自動検出法については既にいくつかの手法が提案されており、実用化に向けて開発が本格的に進んでいる[1-4]。われわれも第4章で述べたように、遺伝的アルゴリズム(Genetic Algorithm:GA)とテンプレートマッチングを組み合わせた手法(“GAテンプレートマッチング法”)を提案し、その検出法を報告してきた。これらの文献で取り扱われる腫瘍陰影は、肺野領域内部に孤立して存在する腫瘍陰影の検出が中心であるが、現実の腫瘍陰影には胸壁に接する場合も多く、またそのような陰影は小さく半円形に写ることが多い。これらは、大きさによっては孤立性の陰影の検出アルゴリズムによって検出されることもあるが、小さな陰影の場合にはほとんど検出されることはない。しかしながら、そのような陰影を選択的に検出する手法はまだ報告されていないのが現状であり、こうした手法の開発は重要であると考えられる。したがって、本章では、孤立した腫瘍陰影とは別に、胸壁に接し半円形に写る腫瘍陰影の自動検出について述べる[5]。

本章では、半円形の腫瘍モデルを参照画像として、自動抽出した胸壁に沿ってテンプレートマッチングを実行することで一次候補の検出処理を行う。そして、特徴量解析によって拾いすぎ候補の削除処理を行い、実験用画像データベースを用いて検出性能の評価を行う。なお、対象とする腫瘍陰影の大きさは、肺野内の微小な血管影と区別することは非常に困難であるとされる直径が約5mm程度のものから平均的な大きさである15 mm程度のものまでとする。

5.2において手法の詳細、5.3において結果と考察、5.4において結言を述べる。

### 5.2 方法

#### 5.2.1 使用画像と処理の概要

利用した画像は、第5章で用いた20症例(正常例5, 異常例15, 計557

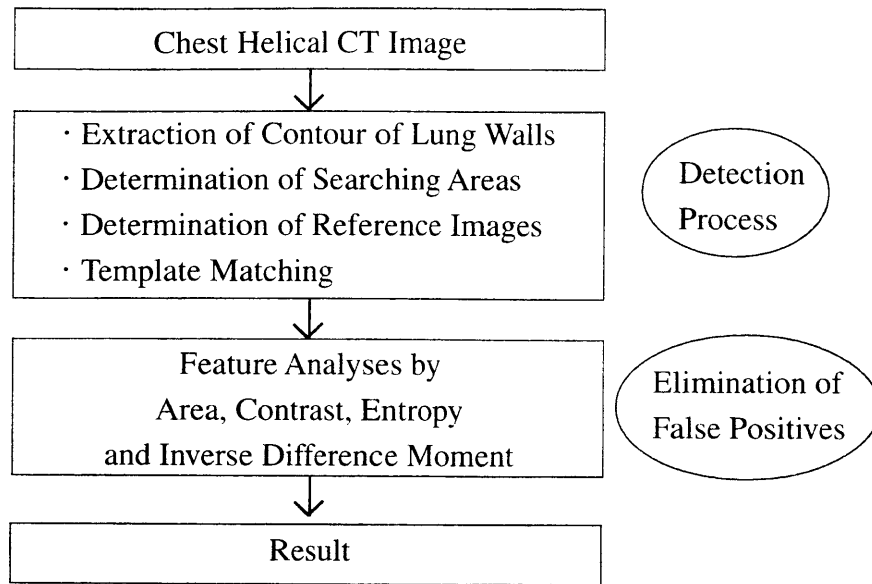


図5.1 胸壁上の腫瘍陰影検出の流れ

枚)の胸部ヘリカルCT画像である。ここには医師によって98個の腫瘍陰影(一症例当たり平均5個の腫瘍陰影)が確認されており、そのうち24個が胸壁に接した腫瘍陰影である。その直径は5mmから20mm程度である。一般的には一症例の中にこれほど多くの肺がんが発生することは稀である。しかし、転移性の肺がん患者の画像を利用することによって、一症例の中に非常に多くの腫瘍陰影のパターンを観察することができる。

本研究で開発した処理の流れを図5.1に示す。はじめに胸壁に接した腫瘍陰影の自動検出を行い、次に候補領域内の特徴解析によって腫瘍陰影とその他の陰影を判定することによって、偽陽性候補の削除を行った。腫瘍陰影の検出処理は、胸壁の輪郭抽出、抽出された輪郭に沿った探索領域の決定、参照画像の決定、そしてテンプレートマッチングの各処理によって行われる。また、偽陽性候補の削除は腫瘍陰影の検出処理で抽出された候補領域内の4つの特徴量(エントロピー、逆差分モーメント、面積、コントラスト)を用いて行った。以下に本手法の詳細を示す。

### 5.2.2 半円形モデルを用いたテンプレートマッチング

胸壁上の腫瘍の形状は一般に半円形であり、寸法は小さいものが多い。また、ヘリカルCTにおける断層像では、寸法の小さな腫瘍ほど辺縁がボケる[6]。実際にわれわれの有する胸部ヘリカルCT画像中の比較的小さな腫瘍陰影の濃度分布はガウス分布である傾向が見られたので、直径10

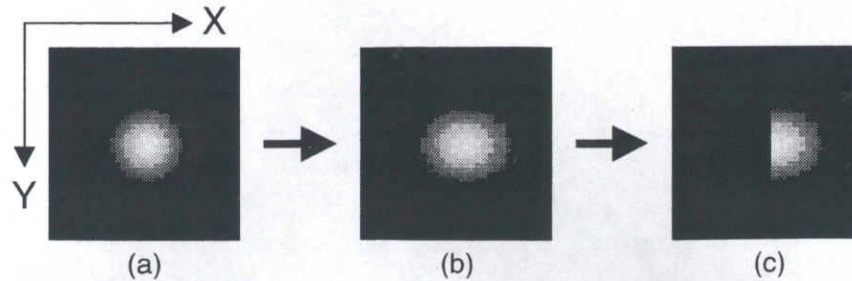


図5.2 半円形モデルの作成過程. (a) ガウス分布状の円形モデル. (b) (a) をY方向に0.8倍した楕円形モデル. (c) (b) を分割した半(楕)円形モデル.

または20画素の等方ガウス分布状の円形モデルから2つの半円形モデルを作成した(1画素は0.68mm). この2つのモデルを使うことによって、直径が約5~15mmの胸壁に接した腫瘍陰影を検出対象とした. ここで、一般に腫瘍の形状は球状であると仮定し、この仮定からガウス分布状の球形モデルを作成し、その中心を含む断層像を等方ガウス分布状の円形モデルとした. また、半円形モデルは円形モデルを縦方向に0.8倍した後、これを半分に分割して作成した(図5.2). これは、胸壁上の腫瘍陰影が経験的に半楕円形に近いことが多かったからである. 半円形の腫瘍モデルを含む参照画像の大きさは20×20画素とした.

胸壁の輪郭抽出のためにしきい値処理とラベリング処理を用いて肺野の粗領域を決定した. この粗領域全体を含むような方形領域を定め、その各辺から肺野へ向かって(辺の垂直方向)走査し、最初の領域上の点を胸壁の輪郭点とした. また、抽出された輪郭に沿って、テンプレートマッチングのための探索領域を決定した. ここでは図5.3に示すように、抽出された輪郭上の注目点(図5.3の点A)から図5.3のa,b方向に各5画素、図5.3のc方向に7画素、図5.3のd方向に1画素の距離をもつ方形領域とした. また、隣り合う注目点(図5.3の点B,C)との間隔はa,b方向に各5画素とした. ここで、テンプレートマッチングのための半円形の腫瘍モデルは、方形領域内の胸壁の角度に応じて図5.3に示すように回転させる. 胸壁の角度は注目点(図5.3の点A)からa,b方向に3画素離れた輪郭上の2点(図5.3の点D,E)を結ぶ直線の傾きとする. 回転した腫瘍モデルはその方形領域内での参照画像として用い、図5.3の領域内の各画素を中心とした20×20画素の領域と参照画像間でテンプレートマッチングを行った. 方形領域内のいずれかの画素において類似度が一定値以上であったとき、その部位に腫瘍陰影の疑いがあるとして

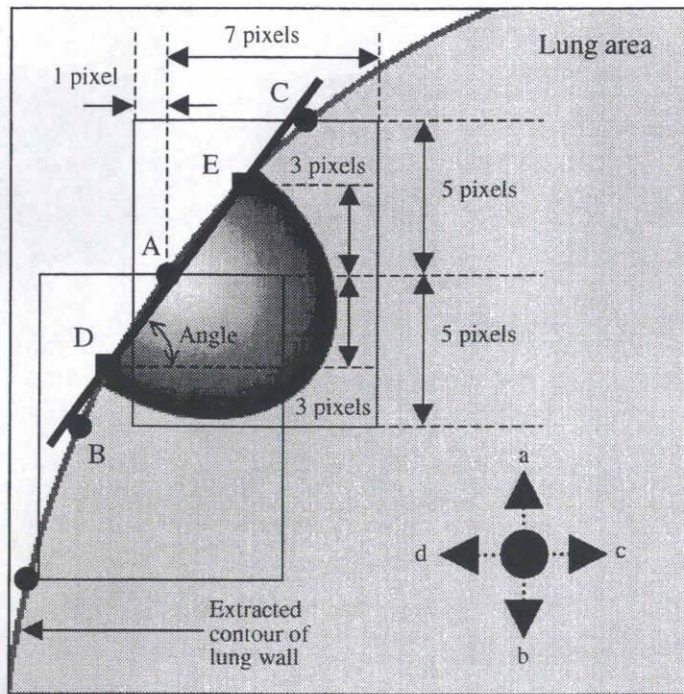


図5.3 胸壁沿いの探索領域と半円形モデルの回転角。

検出候補とした。なお、画像間の類似度の評価には第4章で述べた相互相関関数を用いた。

### 5.2.3 偽陽性候補の削除処理

5.2.2の腫瘍陰影の検出処理では、1症例当たり100個近くの一次候補が検出される。しかし、このように検出された候補の多くは偽陽性候補といわれる拾いすぎ候補であり、それらを削除する処理が必要となる。本手法で対象とする偽陽性候補は、濃度分布が部分的に平坦であるもの、検出対象とした腫瘍の寸法範囲から大きく外れたもの、また真陽性候補に比べコントラストが高い傾向にあるものである。そこで、検出された候補の特徴量解析に基づいた偽陽性候補の削除法を考案した。以下に、用いた特徴量について記す。また、これらの特徴量における真陽性候補 (TP) と偽陽性候補 (FP) の傾向を表5.1に示す。

#### 5.2.3.1 エントロピー、逆差分モーメント

胸壁に接している領域では、淡く写る他の組織の影響によりその形状を正しく把握することが困難となる場合が多い。そこで、検出された候



補のテクスチャの相違に注目し、テクスチャ解析における代表的な手法である同時濃度生起行列(gray-level cooccurrence matrix)を用いた偽陽性候補の削除処理を行う。同時濃度生起行列からは、角度別2次モーメント(angular second moment)、エントロピー(entropy)、逆差分モーメント(inverse difference moment)、コントラスト(contrast)などのいくつかの特徴量が求められる[7]。本手法では、その中から特に胸壁周辺の偽陽性候補削除において実験的に有効であった逆差分モーメント(IDM)とエントロピー(ENT)の2つを用いた。同時濃度生起行列Qにおける逆差分モーメントとエントロピーの式を、式(5.1)と式(5.2)にそれぞれ示す。

$$IDM = \sum_{i,j} \frac{Q(i,j)}{1+(i-j)^2} \quad (5.1)$$

$$ENT = - \sum_{i,j} Q(i,j) \cdot \log Q(i,j) \quad (5.2)$$

式(5.1)は、行列の*i*と*j*における要素の差が小さいところに要素が固まっていると値は大きくなる。濃度分布の平坦な画像はその一例である。式(5.2)は、行列の要素値が均等に割り当てられているほどその値が大きくなり均一性とは逆の性質を示す。つまり、画像内の画素値のバラツキ度を示す特徴量といえる。これらの特徴量により、胸壁付近の単調な、また他の淡く写る組織の影響から形状の把握が困難である候補陰影中の偽陽性候補を削除できる。

### 5.2.3.2 面積およびコントラスト

検出候補の面積とコントラストを用いて偽陽性候補の削除を行う。検出候補は候補周辺の胸壁を取り除いた後に、しきい値処理を用いて大ま

表5.1 特徴量の傾向。

	Features	Tendency
Detected candidates	・ Inverse difference moment (IDM)	TP < FP
	・ Entropy (ENT)	TP < FP
	・ Area	small FP < TP < large FP
	・ Contrast (Cont)	TP < FP

かに抽出されるものとする。検出候補の面積により、検出対象とした腫瘍の寸法範囲から大きく外れたものを削除する。また、検出候補の内部の平均CT値とその周辺領域の平均CT値との差を本手法におけるコントラストと定義する（第4章で述べたコントラストと同じ）。偽陽性候補では腫瘍陰影に比べ、コントラストが高くなる傾向がある。

### 5.3 結果と考察

本手法を前述の画像に適用した。これらの症例には98個の腫瘍陰影が確認されており、そのうち24個が胸壁に接し半円形に写る腫瘍陰影である。この24個はGATM法では検出されない陰影である。そのうち本手法では17個が検出された。直径別に分類した検出結果を表5.2に示す。また、検出例を図5.4に示す。図中に示された線が抽出された胸壁の輪郭であり、方形領域の中心が本手法によって検出された候補（直径：14mm）である。また、検出対象外の大きさである直径15mm以上の腫瘍陰影は3個あるが、そのうち2個が検出できた。この理由は、腫瘍の内部領域のみでの類似度が上昇したためと考えられる。検出できなかった6個の腫瘍陰影は、肺門部、肺底部の淡く写る他の組織に埋もれた陰影が3個、扁平した淡い陰影が3個であった。図5.5にこれらの例を一部示す。(a)は肺底部付近に存在する腫瘍陰影、(b)は扁平した腫瘍陰影でありいずれも検出できなかった。

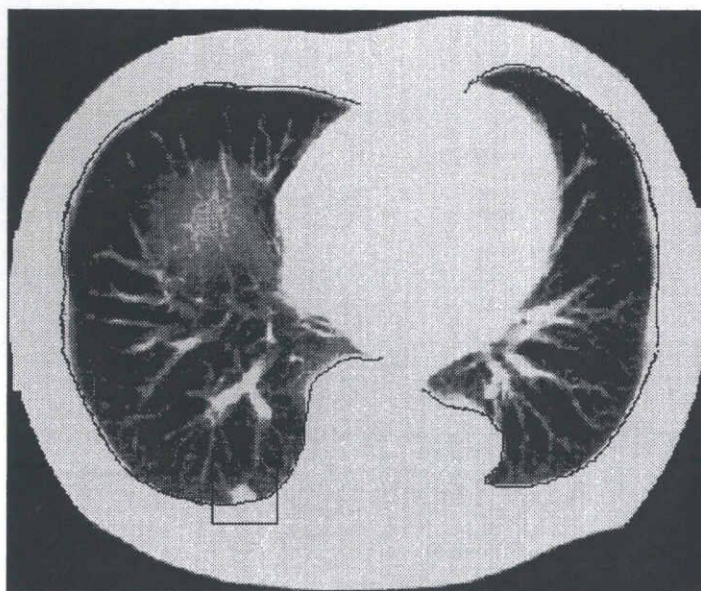


図5.4 抽出された胸壁と腫瘍陰影

表5.2 検出された腫瘍陰影の寸法別の分類

Diameter (mm)	~5	6~10	11~15	16~	Total
Number of nodules	2/3	8/12	5/6	2/3	17/24

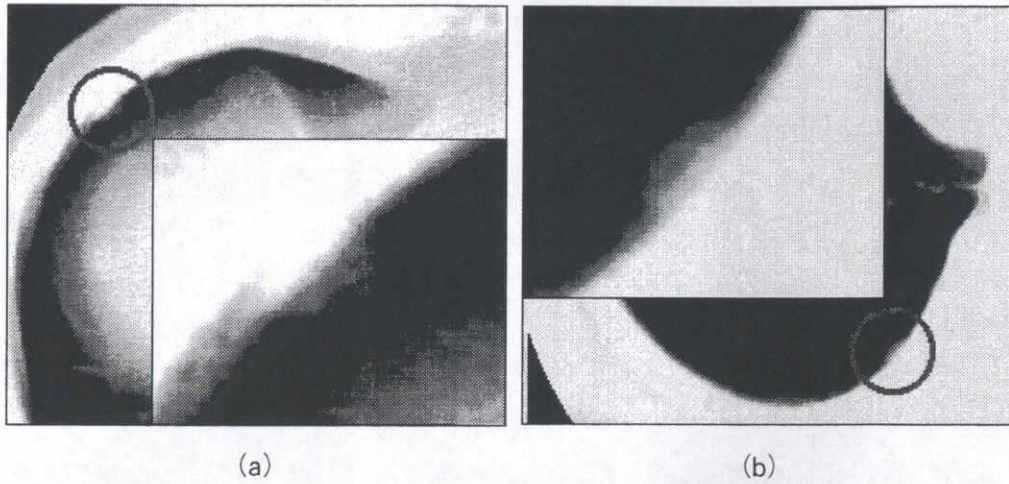


図5.5 検出されなかった腫瘍陰影. (a)肺底部付近の腫瘍陰影. (b)扁平した腫瘍陰影.

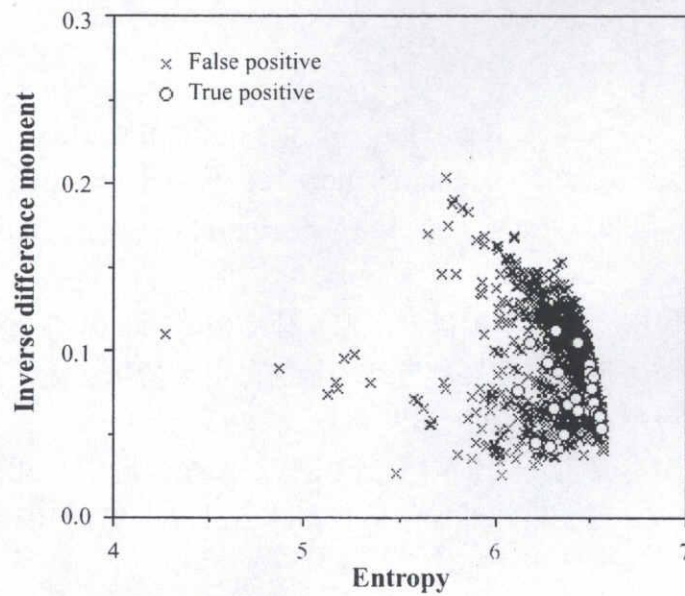


図5.6 逆差分モーメントとエントロピーの分布図.

一次検出処理における偽陽性候補は、1スライス当たり3.4個あったが、面積、コントラストなどの4つ特徴量による削除処理によって、1スライス当たり0.5個まで削減できた。図5.6に削除に用いた特徴量の2つであるエントロピーと逆差分モーメントの分布例を示す。偽陽性候補は真陽性候補に比べ同時濃度生起行列の要素値が均等ではないためエントロピーの値は低くなる傾向がある。そして、行列の*i*と*j*の要素の差が小さいところに分布が集中するため、逆差分モーメントの値は高くなる傾向があることが分かる。

### 5.4 結言

本章では、これまで取り扱われることがなかった胸壁上の腫瘍陰影の検出について新しい手法を提案し、その性能の検討を行った。ここでは、半円形腫瘍モデルの胸壁に沿ったテンプレートマッチングという比較的単純な手法を考案した。この手法を20症例の胸部ヘリカルCT画像に適用した結果、従来では検出できなかった胸壁に接する24個の腫瘍陰影のうち17個の検出が新たに可能となり、初期の結果として手法の有効性を示すことができた。また、拾いすぎ候補の削除法についても述べた。なお、画像の特殊性のため収集できた画像数が少なくしきい値の設定は経験的に行ったが、今後さらに症例を収集することにより各種設定値の自動化を行う予定である。

### 参考文献

- [1] Y.Kawata, N.Niki, H.Ohmatsu, et al.: Quantitative surface characterization of pulmonary nodules based on thin-section CT images, IEEE Trans. Nuclear Science, 45(4), 2132-3138, 1998.
- [2] 山本眞司, 田中一平, 千田昌弘, 他: 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, 電子情報通信学会論文誌D-II, J76D-II(2), 250-260, 1993.
- [3] 奥村俊昭, 山本眞司, 松本満臣, 他: 肺がん検診用CT(LSCT)の診断支援システム, 電子情報通信学会技術報告 PRMU 97 -101, 45-52, 1997.
- [4] 森 雅樹, 高島博嗣, 三谷正信, 他: 胸部CT画像における肺腫瘍影の自動検出システムの開発, 胸部CT検診, 4(3), 227-230, 1997.

- [5] 李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 他: 半円形モデルのテンプレートマッチングによる胸部ヘリカルCT画像における胸壁周辺の腫瘍陰影の自動検出法, 電子情報通信学会D-II, J83-D-II(1), 419-422, 2000.
- [6] 木村和衛, 古賀佑彦, “ヘリカルスキャンの基礎と臨床,” 医療科学社, 東京, 1993.
- [7] 高木幹雄, 下田陽久, “画像解析ハンドブック,” 東京大学出版会, 東京, 1991.

## 第5章 胸壁沿いのTMによる肺腫瘍陰影の検出

## 第6章

### 胸部ヘリカルCT画像用のCADシステムの構築

## 第6章 胸部ヘリカルCT画像用のCADシステムの構築

### 6.1 緒言

これまでの章では、胸部ヘリカルCT画像でのCADシステムのための腫瘍陰影の検出について述べた[1-5]。こうしたCADの結果は”第2の意見”として医師の診断を補助するものであるが、その結果をモニター上で医師が参照するにはグラフィックユーザインタフェース (GUI) があると便利である。また、CT画像はデジタルデータであることからフィルター処理、拡大縮小などの画像処理も容易に行うことができる。そこで、本章では胸部ヘリカルCT画像でのCADシステムのためのGUIを作成し、フィルター処理などの簡単な画像処理アルゴリズムを加えた胸部ヘリカルCT画像用のCADシステムを試作する。また、4、5章の胸部ヘリカルCT画像での腫瘍陰影の検出結果を統合しCADシステムの検出能として報告する。

6.2においてGUIを利用した胸部ヘリカルCT画像用のCADシステムの構築について説明し、6.3において本CADシステムの検出能について考察を行う。そして、6.4で結言を述べる。

### 6.2 胸部ヘリカルCT画像用CADシステムの試作

ここでは、Motifを基本としたGUIを利用し、臨床現場などで医師や放射線科技師が使いやすい実用化システムを構築することを目的とする。このシステムはマウス操作のみでデータベース内のCADの検出結果の表示や計算、画像処理などが可能である。

#### 6.2.1 開発環境

本CADシステムは、OSにSolaris8を搭載したPC/AT互換機 (PentiumII 650MHz) 上で構築された。その他のハードウェアには、CRTモニター (21inch カラー)、ハードディスク (20GB) がある。プログラミングは、GUI作成にXツールキットのMotifウィゼットセットを、腫瘍陰影の検出などの処理実行部にC言語を用いた[6,7]。

#### 6.2.2 システムの機能

本システムでは、データベース内の未計算の画像に対し、腫瘍陰影の検出処理を自動で行い、ハードディスク上に検出結果を保存する。保存された結果は、患者情報、画像情報とともにシステム上で表示することができる (図6.1)。特にCT画像では、注目する画像だけでなくその上下



スライスも同時に観察しながらで画像診断を行う。そのため、本システムでは連続したスライス画像(256×256画素)4枚を縮小して一つのウィンドウ内で表示できるようにした。また、任意のスライス画像をマウスで選択することにより、注目するスライス画像(512×512画素)を元画像サイズで表示することができる。これらの画像上ではCADが検出した候補は赤のV印で表示される。また、体の正面方向から腫瘍陰影の位置を見ることで、どのスライスに腫瘍陰影があるか容易に確認することができる。この他、MIP像の表示、コントラスト変更(Window Level, Window Width)、画像の拡大縮小、プロファイルの参照、対象のサイズ測定、各種フィルタ処理(ソーベル、プレヴィットなど)などを行うことができる。

### 6.3 検出性能についての考察

20症例(正常5例, 異常15例:計557スライス画像)の胸部ヘリカルCT画像に対する本CADの検出能を表6.1に示す。この結果は異常15症例中で医師が指摘した98箇所の腫瘍陰影を対象とし4章, 5章で述べた手法による結果を統合したものである。まとめると、真陽性率(TP)は73%(72/98)、1症例あたりの偽陽性数(FP)は約31個(1画像あたり約1.1個)であった。CT画像は他のX線画像に比べ一般に高解像であるが、われわれが用いている10mm厚のスライス画像では肺尖部、肺底部で強いアーチファクトが生じる。現状で検出できない腫瘍陰影には、こうした肺尖部と肺底部周辺のものも多く、これらを選択的に検出する手法が別途必要であると考えられる。また、現在の検出性能ではFPが非常に多く、今後のCADの性能向上のためには、新たなFP候補の分類と削減法の追加が必須であると考えられる。さらに、症例数を増加しての本システムの性能評価も必要であり、GUI化された今回のCADシステムの構築により、今後新たな症例が増えたとき性能評価を即時に行える点において有効なシステムを構築できたといえる。

### 6.4 結言

本章では、4章, 5章で述べた胸部ヘリカルX線CT画像における腫瘍陰影の検出システムを統合した。正常例5例, 異常例15を用いたときの本システムの性能は、真陽性率約73%のとき、偽陽性数は1画像あたり約1.1個であった。また、腫瘍陰影の検出システムにGUIを付加することで、検出結果の表示や今後の臨床現場での実用化を想定したCADシステムを

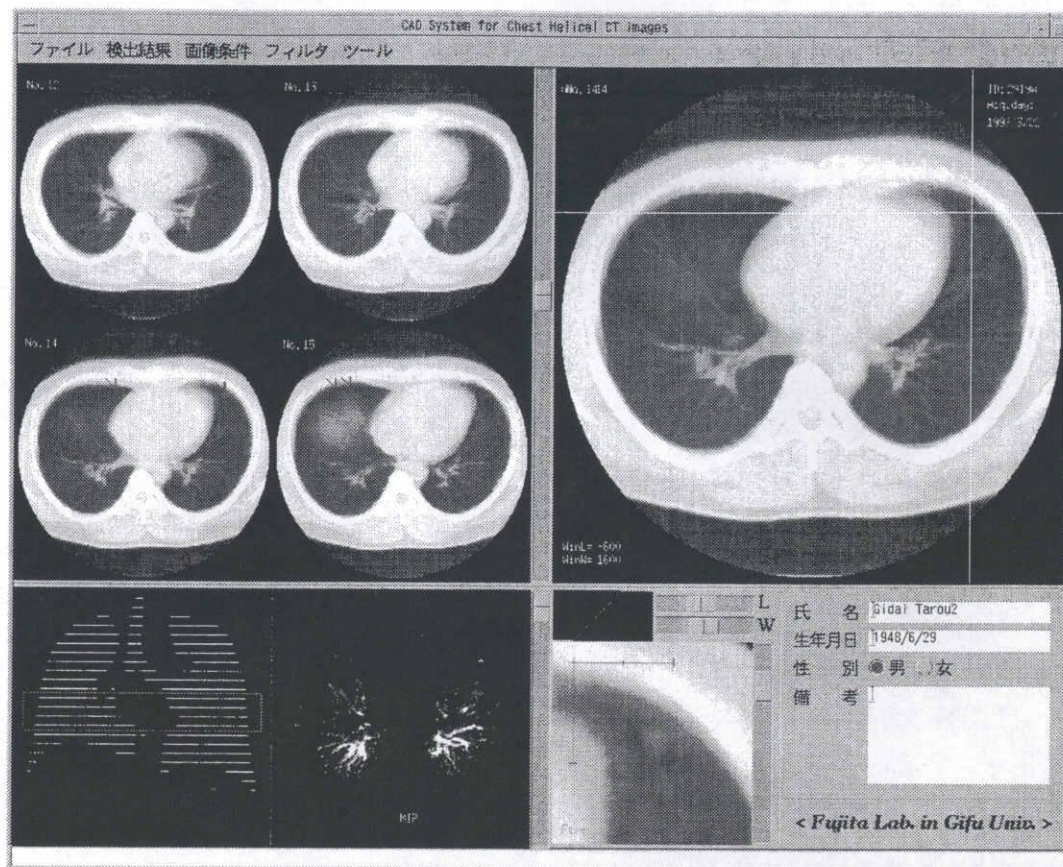


図6.1 本システムの概観

表6.1 統合した検出性能.

(a) 腫瘍陰影の大きさによる分類とその検出率.

(本手で検出できた腫瘍/医師が指摘した胸壁に接していない腫瘍)

Diameter(mm)	~10	11~20	21~	Total
GATM 法	36/51	13/16	6/7	55/74
胸壁沿いのTM 法	10/15	6/7	1/2	17/24
Total	46/66	19/23	7/9	72/98

(b) 偽陽性候補数。(偽陽性数/症例数)

	Before decreasing	After decreasing
GATM 法	161.2 (3223/20)	16.7 (333/20)
胸壁沿いのTM 法	96.5 (1930/20)	14.2 (283/20)
Total	275.7 (5153/20)	30.8 (616/20)

構築した。

今後CADシステムに関しては、ポリウムレンダリングなどの3次元画像表示や3次元的解析が行えるツールなどを追加することでさらに有用になると考える。また、本システムを臨床への応用が可能な支援診断システムへ発展させるには、今後データベースの充実、検出できない腫瘍陰影および削除できない偽陽性候補の解析などがさらに必要であると考ええる。

### 参考文献

- [1] 原 武史, 李 鎔範, 藤田広志: 医用3次元画像と知的情報処理の基礎 (特集/3次元画像と知的画像処理), Med. Ima. Tech., 16(2), 103-110, 1998.
- [2] Y. Lee, T. Hara, H. Fujita, et al.: Nodule detection on chest helical CT scans by using a genetic algorithm, Proc. of IASTED IIS97, 67-70, 1997.
- [3] 李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 他: 半円形モデルのテンプレートマッチングによる胸部ヘリカルCT画像における胸壁周辺の腫瘍陰影の自動検出法, 信学論(D-II), J83-D-II(1), 419-422, 2000.
- [4] 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志: 胸部ヘリカルCT画像を用いたシミュレーションによるGAテンプレートマッチング法の評価, 医用画像情報学会誌, 17(3), 118-129, 2000.
- [5] Y. Lee, T. Hara, H. Fujita, et al.: Automated detection of pulmonary nodules in helical CT images based on an improved template-matching technique, IEEE Trans. Med. Ima., submitting, 2000.
- [6] D.A. ヤング: XToolkitプログラミング OFS/Motif版 第2版, 株式会社トッパン, 1995.
- [7] 朝火秀樹: Motifプログラミング 第1版, オーム社, 1995.

## 第7章 結 論

## 第7章 結論

本論文では、胸部ヘリカルCT画像におけるコンピュータ支援診断システムの構築を目的として、主にその要素技術となる腫瘍陰影の自動検出法について述べた。本論文は7章から構成されており、2章ではCADや医用画像に関する研究例および画像のパターン認識について述べ、3章から6章までは胸部ヘリカルCT画像のためのCADシステムの構築に関する研究成果を述べてきた。本章では、さらに全般的な立場から各章の要点をまとめ、本論文の結論とする。

2章では、CADや医用画像におけるパターン認識の研究例を参考文献により紹介し、また、画像におけるパターン認識を事例をあげながら概念的に説明した。さらに、それらの具体例として、3章、4章で詳細を論じたGATM法による胸部ヘリカルCT画像での腫瘍陰影の検出についてふれ、胸部ヘリカルCT画像用のCAD開発を目的とした本研究全般にわたる導入部分を述べた。

3章では、GATM法の有効性を示すためのシミュレーション評価について述べた。探索領域内のノイズと検出対象の大きさ、位置を考慮したシミュレーションを行い、GATM法が従来のTMより高速な処理が可能であることを示した。また、実際の胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出を想定したシミュレーションにより、GATM法が実際の臨床画像での腫瘍陰影検出としても有効な一手法になり得ることを示した。さらに、GATM法がランダム探索に近い性質を持っていることを考察した上で、実験によりGATM法の有意性を確認した。

4章では、胸部ヘリカルX線CT画像において胸壁に接触していない類円形の腫瘍陰影の検出アルゴリズムの構築について述べた。このアルゴリズムでは、GATM法により腫瘍陰影候補を検出し、その後、9個の特徴量を用いた特徴量解析によって偽陽性候補の削除を行った。本手法を20症例の胸部ヘリカルCT画像に適用した結果、胸壁に接触していない腫瘍陰影74個のうち55個を検出することができた。特に10mm以下の小さな腫瘍陰影の検出においても本手法は有効であることが確認できた。また、偽陽性削除処理により全偽陽性数の約90%の削除に成功し、このとき、偽陽性数は1症例あたり約17個（1画像あたり約0.6個）であった。今後、データベースの充実、検出できない腫瘍陰影および削除できない偽陽性候補の検討などを行うことで、より実用的な検出アルゴリズムへの発展が期待される。

## 第7章 結論

5章では、これまで取り扱われることがなかった胸壁上の腫瘍陰影の検出について新しい手法を提案した。その手法は半円形の腫瘍モデルを用いた胸壁沿いのテンプレートマッチングという比較的単純な手法であった。この手法を20症例の胸部ヘリカルCT画像に適用した結果、従来では検出できなかった胸壁に接する24個の腫瘍陰影のうち17個の検出が新たに可能となった。また、拾いすぎ候補の削除法として4つの特徴量を用いた削除法を導入した。これにより、最終的に偽陽性候補数は1症例あたり14個（1画像あたり0.5個）であった。実験に用いた症例は少ないが、初期の結果としては良好な結果が得られ、手法の原理的な有効性が確認できた。

6章では、4章、5章で述べた胸部ヘリカルCT画像での腫瘍陰影の検出アルゴリズムを統合し、さらにグラフィックユーザインタフェースを付加した胸部ヘリカルCT画像用のCADシステムの構築について述べた。構築したシステムの性能は、真陽性率約73%（72/98）のとき、1症例あたりの偽陽性数（FP）は約31個（1画像あたり約1.1個）であった。今後CADシステムに関しては、ボリュームレンダリングなどの3次元画像表示や3次元解析ツールの追加などにおいて改良の余地があるとした。また、本システムを臨床へ応用可能な支援診断システムへ発展させるには、データベースの充実、検出できない腫瘍陰影および削除できない偽陽性候補の解析などがさらに必要であると結論付けた。

以上、胸部ヘリカルX線CT画像用のコンピュータ支援診断システムの構築を行い、その要素技術から幅広い分野に渡る知見、画像処理技術、システム実装技術を得ることができた。今後、本研究がコンピュータ支援診断システムの開発に関する技術の一助になることを期待する。

## 謝 辞

本研究を遂行および本論文の作成にあたり，懇切なるご指導とご鞭撻を賜りました岐阜大学工学部・教授 藤田廣志先生に心から厚くお礼申し上げます。

また，岐阜大学工学部・教授 後藤宗弘先生ならびに教授 池田尚志先生には，本論文のご校閲を賜り，深く感謝いたします。

本研究の遂行にあたり，画像データの提供やご指導を賜りました，名古屋大学医学部・教授 石垣武男先生ならびに伊藤茂樹先生に心より感謝します。

本研究の共同研究者としてご協力いただいた，岐阜大学工学部応用情報学科・助手 原 武史先生および藤田研究室の卒業生である児島敦司氏に感謝します。また，数々の有益なご討論を頂いた岐阜大学工学部応用情報学科藤田研究室の皆様感謝します。

謝辭



## 本論文で用いた論文リスト

## 本論文で用いた論文リスト

本学位論文は以下の各論文の内容をまとめたものであり、ここにこれらの一覧を示します。

- ・ Yongbum Lee, Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Shigeki Itoh and Takeo Ishigaki: Nodule detection on chest helical CT scans by using a genetic algorithm, Proceedings of IASTED International Conference on Intelligent Information Systems (IIS'97), 67-70, 1997.
- ・ 李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男: 半円形モデルのテンプレートマッチングによる胸部ヘリカルCT画像における胸壁周辺の腫瘍陰影の自動検出法, 電子情報通信学会論文誌D-II, J83-D-II(1), 419-422, 2000.
- ・ 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志: 胸部ヘリカルCT画像を用いたシミュレーションによるGAテンプレートマッチング法の評価, 医用画像情報学会誌, 17(3), 118-129, 2000.
- ・ Yongbum Lee, Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Shigeki Itoh and Takeo Ishigaki: Automated detection of pulmonary nodules in helical CT images based on an improved template-matching technique, IEEE Transactions on Medical Imaging, submitted, 2000.

## 本論文で用いた論文リスト

## 研究業績

## 研究業績

### 学術論文：

- [1] Nodule detection on chest helical CT scans by using a genetic algorithm (Yongbum Lee, Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Shigeki Itoh and Takeo Ishigaki), Proceedings of IASTED International Conference on Intelligent Information Systems (IIS'97), 67-70, 1997.
- [2] 半円形モデルのテンプレートマッチングによる胸部ヘリカルCT画像における胸壁周辺の腫瘍陰影の自動検出法 (李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 電子情報通信学会論文誌 D-II, J83-D-II(1), 419-422, 2000.
- [3] 胸部ヘリカルCT画像を用いたシミュレーションによるGAテンプレートマッチング法の評価 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志), 医用画像情報学会誌, 17(3), 118-129, 2000.
- [4] Automated detection of pulmonary nodules in helical CT images based on an improved template-matching technique (Yongbum Lee, Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Shigeki Itoh and Takeo Ishigaki), IEEE Transactions on Medical Imaging, submitted, 2000.

### 資料：

- [1] ダイナミックレンジ圧縮を適用したマンモグラムCADにおける乳房辺縁領域の強調処理 (技術資料) (原 武史, 李 鎔範, 藤田広志), 医用画像情報学会雑誌, 13(2), 78-82, 1996.
- [2] 遺伝的アルゴリズムを用いた胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 胸部CT検診, 4(3), 207-210, 1997.

## 研究業績

- [3] 遺伝的アルゴリズムを用いた画像認識－ヘリカルX線CT画像における腫瘍像の自動検出－ (李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 電子情報通信学会技術研究報告, 97(581), 49-52, 1998.
- [4] 医用3次元画像と知的情報処理の基礎 (特集/3次元画像と知的画像処理) (原 武史, 李 鎔範, 藤田広志), Medical Imaging Technology, 16(2), 103-110, 1998.
- [5] GAを用いた画像認識とそのヘリカルX線CT画像における肺腫瘍陰影検出への適用 (李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 画像の認識・理解シンポジウム (MIRU'98) 論文集 II (情報処理学会), 233-238, 1998.
- [6] Pattern recognition for chest CAD system (Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Seiji Goto, Yongbum Lee, Hitoshi Yoshimura and Jing Xu), Proceedings of the First International Workshop on Computer-Aided Diagnosis, 57-61, 1998.
- [7] 胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の自動検出法の開発 (児島敦司, 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 医用画像工学研究会 (JAMIT Frontier'99) 講演論文集, 22-27, 1999.
- [8] Automated lesion detection methods for 2D and 3D chest x-ray images (Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Yongbum Lee, Hitoshi Yoshimura and Shoji Kido), Proceedings of 10th International Conference on Image Analysis and Processing (IEEE Computer Society), 768-773, 1999.

## 学会等における発表:

- [1] GAテンプレートマッチング法による胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 第15回日本医用画像工学会大会, 東京 (1996.7).
- [2] GAテンプレートマッチング法による胸部ヘリカルCT画像における腫

- 瘤陰影の検出法の検討 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 平成8年度日本エム・イー学会東海支部学術集会, 名古屋 (1996.10).
- [3] 遺伝的アルゴリズムを用いた胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 第4回胸部CT検診研究会, 東京 (1997.2).
- [4] 胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の自動検出 (李 鎔範, 原武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 医用画像情報学会平成9年度年次大会 (第118回研究会), 厚木 (1997.6).
- [5] 遺伝的アルゴリズムを用いた胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 第16回日本医用画像工学会大会, 東京 (1997.7).
- [6] GAテンプレートマッチングによる胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の検出 (児島敦司, 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 平成9年度日本エム・イー学会東海支部学術集会, 名古屋 (1997.11).
- [7] Nodule Detection on Chest Helical CT Scans by Using a Genetic Algorithm (Yongbum Lee, Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Shigeki Itoh and Takeo Ishigaki), FIATED International Conference on Intelligent Information Systems, Grand Bahama Island, Bahamas (1997.12).
- [8] 遺伝的アルゴリズムを用いた画像認識—ヘリカルX線CT画像における腫瘍像の自動検出— (李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 電子情報通信学会デジタル信号処理研究会 (DSP), 草津 (1998.3).
- [9] Automated pulmonary nodule detection on helical CT images (Yongbum Lee, Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Shigeki Itoh and Takeo Ishigaki), 12th International Symposium and Exhibition on Computer Assisted Radiology and Surgery (CAR'98), Tokyo (1998.6).

## 研究業績

- [10] GA テンプレートマッチング法による胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の自動検出 (児島敦司, 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 第17回日本医用画像工学会大会, 東京 (1998.7).
- [11] GA を用いた画像認識とそのヘリカルX線CT画像における肺腫瘍陰影検出への適用 (李 鎔範, 児島敦司, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 画像の認識・理解シンポジウム (MIRU'98), 岐阜 (1998.7).
- [12] Pattern recognition for chest CAD system (Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Seiji Goto, Yongbum Lee, Hitoshi Yoshimura and Jing Xu), First International Workshop on Computer-Aided Diagnosis, Chicago (1998.9).
- [13] 胸部ヘリカルCT画像における腫瘍陰影の自動検出法の開発 (児島敦司, 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 医用画像工学研究会 (JAMIT Frontier'99), 豊橋 (1999.1).
- [14] 2次元および3次元胸部X線画像における腫瘍陰影の検出 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志), 第17回日本医用画像工学会大会, 東京 (1999.7).
- [15] Automated lesion detection methods for 2D and 3D chest x-ray images (Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Yongbum Lee, Hitoshi Yoshimura and Shoji Kido), 10th International Conference on Image Analysis and Processing (IEEE Computer Society), (1999.9).
- [16] 胸部ヘリカルX線CT画像における腫瘍陰影の自動抽出 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 伊藤茂樹, 石垣武男), 医用画像情報学会平成11年度秋季大会 (第125回大会), 三原 (1999.10).
- [17] 胸部ヘリカルCT画像を用いたGAテンプレートマッチング法のシミュレーション評価 (李 鎔範, 原 武史, 藤田広志), 医用画像情報学会平成12年度年次大会 (第127回大会), 名古屋 (2000.6).



- [18] 脳MRI画像におけるラクナ梗塞の自動検出(横山龍二郎, 水野晋二, 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志), 医用画像情報学会平成12年度年次大会(第127回大会), 名古屋(2000.6).
- [19] Automated detection of pulmonary nodules in helical CT images (Yongbum Lee, Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Shigeki Itoh and Takeo Ishigaki), 14th International Congress and Exhibition on Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS'2000), San Francisco (2000.6).
- [20] 頭部MRI画像におけるラクナ梗塞および動脈瘤の自動検出(李 鎔範, 横山龍二郎, 藤田広志, 原 武史, 水野晋二, 星 博昭), 第19回日本医用画像工学会大会, 大阪(2000.8).
- [21] MR(axial, T2)画像におけるラクナ梗塞領域の自動検出(横山龍二郎, 李 鎔範, 原 武史, 藤田広志, 浅野隆彦, 星 博昭), 平成12年度日本エム・イー学会東海支部学術集会, 名古屋(2000.10).
- [22] Pulmonary nodule detection in helical X-ray CT images based on an improved template-matching technique (Yongbum Lee, Takeshi Hara, Hiroshi Fujita, Shigeki Itoh, Takeo Ishigaki, Masatoshi Tsuzaka), 86th Scientific Assembly and Annual Meeting of Radiological Society of North America, Chicago (2000.11).