

点群統計モデル構築のための q -正規分布からのモデル選択

山田 光統^{1,a)} 本谷 秀堅^{1,b)} 松添 博^{1,c)}

概要: 臓器表面の PDM(Point Distribution Model) の汎化性能を向上させるために、統計的多様性を表現する確率分布モデルを表面の部位ごとに選択する手法を提案する。モデルの汎化性能とは、学習データとは異なる未知のデータに対するモデルの適合能力のことである。PDM による統計モデル表現には、従来、正規分布が広く利用されてきた。正規分布表現は、学習データに基づくパラメータの推定が容易であり、推定されたパラメータに基づく未知データに対する推論も難しくない。しかし、学習データ数が少ない場合や学習データの分布がそもそも正規分布では説明しにくい場合に正規分布を採用してモデルを構築すると、十分な汎化性能を得ることができない。本稿では、 q -正規分布族をモデル表現に採用する。 q -正規分布は、正規分布や student's t -分布を含むモデルであり、パラメータ q の値を変えることにより分布型そのものを変えることができる。本稿では q -正規分布から学習データの表現に適したモデルを臓器の部位ごとに選択し、統計モデルを構築する手法を提案する。人工データに対する実験から、提案法により、汎化性能が向上することを確認した。また、実際に肝臓に本手法を適用した結果、体の内側の部位において、より裾野の広いモデルが選択されたことを報告する。

キーワード: 点群統計モデル, モデル選択, q -正規分布, 赤池情報量規準

Model Selection from the q -Normal Distribution for Constructing an Organ Point Distribution Model

YAMADA MITSUNORI^{1,a)} HONTANI HIDEKATA^{1,b)} MATSUZOE HIROSHI^{1,c)}

Abstract: The authors propose a method that selects an appropriate distribution model that represents the statistical variety for each part of a target organ in order to improve the generalization performance of a PDM(Point Distribution Model) of the surface of the organ. The generalization performance is the adaptation ability for unknown data that are not included in a set of the training data. Normal distributions are widely employed for representing the statistical models in PDMs because one can easily estimate the parameters of the normal distributions based on training data and because one can easily infer the posterior probability distributions on the models. However, when the number of the training data is not large enough and when the normal distributions do not represent the distribution of the training data, the authors employ normal distributions and construct a model, the authors cannot obtain sufficient the generalization performance. The authors employ a q -normal distribution. The q -normal distribution includes the normal distribution and the student's t -distribution, and has a parameter, q , which controls the tail length. Given a set of training data, the proposed method selects an appropriate distribution from the q -normal ones for each region of a target organ in order to represent the statistical model of the target organ accurately. Applying the proposed method to artificial data, the authors found the improvement of the generalization performance. Using the proposed method for constructing a statistical model of the liver, the authors found that distributions with longer tails were selected in the regions that faced the inside of the body.

Keywords: Point Distribution Model(PDM), Model Selection, q -normal distribution, Akaike's information criterion(AIC)

1. はじめに

医用画像より対象臓器領域を抽出するための、画像と臓器統計形状モデルの位置合わせ法が数多く提案されてきた(例えば [1]). これら手法は大きく二つの手続きにより構成されている. 最初の手続きでは学習用の臓器データより対象臓器の統計形状モデルを構築し, 2 番目の手続きでは与えられた画像とモデルの位置合わせを行う. 本稿で提案する手法は, これら二つの手続きのうち, 前者のモデル構築に関するものである.

本提案法では, 臓器表面の表現に PDM (Point Distribution Model) を採用する [2], [3]. PDM は, 臓器表面を N 個の点の配置により表現する. 各点の位置が (x, y, z) の 3 次元座標で表現されるため, N 点の PDM は $3N$ 個のパラメータにより曲面を記述する. 臓器の統計形状モデルは, 対象臓器にラベルの付された医用画像群より構築する. まず学習用の各臓器表面に N 個の対応点を生成し, 次に生成された対応点データより統計モデルを構築する. すなわち, i 番目 ($i = 1, 2, \dots, M$) の画像 I^i 中の臓器表面に生成された j 番目 ($j = 1, 2, \dots, N$) の対応点を P_j^i で表すとき, 臓器の統計形状モデルは対応点データ $\{P_j^i | i = 1, 2, \dots, M, j = 1, 2, \dots, N\}$ より PDM を構築する. いま, P_j^i の 3 次元座標を \mathbf{x}_j^i であらわすとき, 画像 i における臓器形状は $3N$ ベクトル $\mathbf{x}^i = (\mathbf{x}_1^i, \mathbf{x}_2^i, \dots, \mathbf{x}_N^i)$ により記述される. 従来の統計モデル構築法の多くにおいては, データ $\{\mathbf{x}^i | i = 1, 2, \dots, M\}$ に対して主成分分析を適用することにより構築する. 主成分分析を用いて構築されるモデルは, 全体形状 \mathbf{x} の多様性を以下のような線形部分空間で表現できる.

$$\mathbf{x}(\boldsymbol{\theta}) = \hat{\boldsymbol{\mu}} + \mathbf{U}\boldsymbol{\theta}, \quad (1)$$

ここで, $\hat{\boldsymbol{\mu}} = \sum_{i=1}^M \mathbf{x}^i / M$ は, 全体形状の平均ベクトルを表し, $\hat{\Sigma} = \sum_{i=1}^M (\mathbf{x}^i - \hat{\boldsymbol{\mu}})(\mathbf{x}^i - \hat{\boldsymbol{\mu}})^T / M$ は共分散行列を表す. また, $\hat{\Sigma}$ の固有ベクトルを, その固有値の大きい順に並べて $\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2, \dots, \mathbf{u}_{3N}$ と表すことにする. 従来法の多くは, 固有値の大きい r 個 ($r < 3N$) の固有ベクトルを並べた行列 $\mathbf{U} = [\mathbf{u}_1 | \mathbf{u}_2 | \dots | \mathbf{u}_r]$ が張る部分空間により臓器形状の多様性を表現する. 主成分分析は, データとの二乗誤差を最小にする部分空間を求める操作でもあり, 陰にデータの分布として正規分布を仮定している. 実際, 形状パラメータ $\boldsymbol{\theta}$ が平均 0, 共分散行列が単位行列である正規分布に従う場合には, 以下に示すように, 平均 $\hat{\boldsymbol{\mu}}$, 共分散行列 $\hat{\Sigma}$ の正規分布に従う.

$$p(\mathbf{x}) = N(\boldsymbol{\mu}, \Sigma), \quad (2)$$

¹ 名古屋工業大学
Nagoya Institute of Technology University
a) yamada@iu.nitech.ac.jp
b) hontani@nitech.ac.jp
c) matsuzoe@nitech.ac.jp

ただし, $\Sigma = \mathbf{U}\mathbf{U}^T$ である.

部分空間表現ではなく, 以下に示すようにグラフィカルモデルを用いて確率モデルを表現する手法も著者らにより提案されている [4], [5].

$$p(\{\mathbf{x}_j\}) = \prod_j p(\mathbf{x}_j) \prod_{e_{j,k} \in \epsilon} p(\mathbf{x}_j | \mathbf{x}_k), \quad (3)$$

これら手法 [4], [5] も $p(\mathbf{x}_j)$ と $p(\mathbf{x}_j | \mathbf{x}_k)$ の表現に正規分布を採用しており, グラフの構造 ϵ も含めて推定することにより PDM の画像に対する位置合わせ性能が向上することなどが報告されている [2]. これらグラフィカルモデル表現も, $p(\mathbf{x}_j)$, $p(\mathbf{x}_j | \mathbf{x}_k)$ の表現に正規分布を採用している限りは, 部分空間法と同様に $p(\{\mathbf{x}_j\})$ に正規分布を想定していることに変わりはない.

正規分布は, 平均から離れるにともない裾野が急速にゼロへと近づく分布である. データ数が少ない場合, 過学習の意味でモデルを信用できないことが多い [6]. さらに, データに外れ値が混入している場合, 推定されるパラメータの精度が低下する. 以上から, 構築されるモデルの汎化性能が低くなることが知られている. モデルの汎化性能とは, 学習データとは異なる未知のデータに対するモデルの適合能力のことである. そこで, 本研究では, 式 (3) に示すグラフィカルモデルを採用し, ただし, $p(\mathbf{x}_j)$, $p(\mathbf{x}_j | \mathbf{x}_k)$ の表現に正規分布ではなく, q -正規分布を採用する [7]. q -正規分布は, パラメータ q の値に応じて裾野の広さの異なる確率密度分布を表現することが可能であり, それら表現可能な分布には正規分布や student's t -分布も含まれる. 平均からの外れ値の有無などに応じて分布の裾野の広さの異なる関数型を自動的に選択し, モデル化することにより, 汎化性能を向上させることを試みる.

以下, 第 2 節で提案法を説明する. そして第 3 節で実験結果を示し, 第 4 節でまとめを述べる.

2. 提案法

臓器統計形状モデルの汎化性能の向上を目的として, 提案法の説明をする. q -正規分布を対象の統計表現に採用し, その分布型を制御するパラメータ q の値を AIC を利用して臓器の部位ごとに選択する. 以下, まず, 学習データの生成について説明する. 次に, q -正規分布を説明し, その平均と共分散の EM アルゴリズムを利用した推定法を説明したあと, AIC 規準について説明する.

2.1 学習データの生成

本節では, 臓器統計形状モデルを構築するための学習データの生成法について述べる. まず, 学習用の非造影 X 線 CT 画像を M 症例用意する. 各 CT 画像中の対象臓器領域を手動でラベリングする. 次に, 体内の臓器の位置と方向ならびに縮尺の自由度を軽減するために, 画像中の体

型の正規化をおこなう。体型正規化には、学習用の各医用画像よりランドマークを検出し、それらランドマークの位置が重なるように変形することによりおこなう。ランドマークの検出には、花岡らの手法 [8] を採用する。本稿で報告する肝臓の近辺では、肝右葉上端や肝下端よりランドマークが検出される。ランドマークの位置が互いに重なるように画像を変形する際には TPS(thin-plate spline) 変換を利用する。

次に、体型正規化後の臓器表面に対応点を生成する。対応点の生成法には、画像間の輝度値に基づく非剛体位置合わせ [9], [10] を採用する。まず、基準症例に対して、臓器表面に N 点生成する。次に、基準症例以外の臓器領域データを、基準症例の臓器領域データに非剛体位置合わせをおこなう。基準症例の対応点から、最近傍点を探索することにより、非剛体位置合わせ後の他症例の臓器表面で対応する点を決定する。非剛体位置合わせ後の対応点から、非剛体位置合わせによる各画素同士の対応関係を基に、他症例における臓器表面の対応点を獲得する。

以上の手順により臓器統計形状モデルを構築するための学習データ $\{\mathbf{x}_j^i | i = 1, 2, \dots, N, j = 1, 2, \dots, M\}$ を生成する。

2.2 点群統計モデルのグラフィカルモデル表現

本稿で構築するモデルは、臓器表面を $\{\mathbf{x}_j | j = 1, 2, \dots, N\}$ で表すとき、その同時事前分布 $p(\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_N)$ である。この同時分布を学習データ $\{\mathbf{x}_j^i | i = 1, 2, \dots, M, j = 1, 2, \dots, N\}$ により構築する。本手法では、同時事前分布は式 (3) に示したとおり、単一項 $p(\mathbf{x}_j)$ と条件付き確率項 $p(\mathbf{x}_j | \mathbf{x}_k)$ の積により表現する。このとき、同時分布は有向グラフィカルモデルにより表現することができる [6]。有向辺の集合 ϵ は、有向グラフィカルモデルに閉ループが生じないように、 q の小さい値から大きい値へと接続する。

単一項 $p(\mathbf{x}_j)$ はデータ $\{\mathbf{x}_j^i | i = 1, 2, \dots, M, j = 1, 2, \dots, N\}$ より推定する。また、条件付き確率項については $p(\mathbf{x}_j | \mathbf{x}_k) = p(\mathbf{x}_j - \mathbf{x}_k)$ を仮定し、その分布はデータ $\{\mathbf{x}_j^i - \mathbf{x}_k^i | i = 1, 2, \dots, M\}$ より推定する。推定に際してはいずれについても次節で説明する q -正規分布を仮定し、そのパラメータのうち q 以外を学習データに基づき最尤推定する。パラメータ q は分布型を決定するパラメータであり、その値は AIC により決定する。AIC については第 2.5 節で説明する。

2.3 q -正規分布

学習データの表現に適した分布を選択するために、 q -正規分布を採用する。 q -正規分布は次式で定義される。

$$p_q(\mathbf{x}; \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\Sigma}) \equiv Z \left[1 + \frac{1}{\nu} (\mathbf{x} - \boldsymbol{\mu})^T \boldsymbol{\Sigma}^{-1} (\mathbf{x} - \boldsymbol{\mu}) \right]^{1/1-q},$$

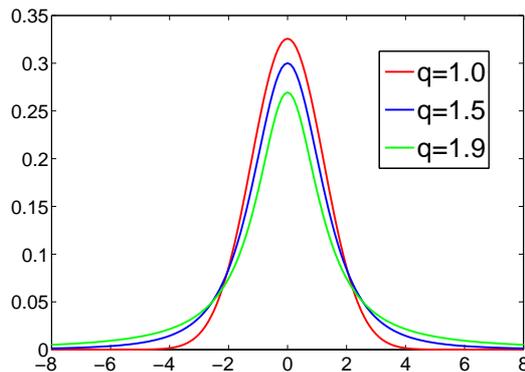


図 1 1 次元の q -正規分布

$$Z \equiv \frac{\Gamma((\nu + d)/2)}{(\pi\nu)^{d/2} \Gamma(\nu/2) |\boldsymbol{\Sigma}|^{1/2}}, \quad (4)$$

上式のパラメータ q の値を変化させると、図 1 のように分布型が変化する。図 1 は、上式における平均 $\boldsymbol{\mu}$ と共分散 $\boldsymbol{\Sigma}$ をそれぞれ $\boldsymbol{\mu} = 0$, $\boldsymbol{\Sigma} = 1.5$ で固定し、 q の値のみが異なる関数のグラフである。 $q=1.0$ のときには上式の分布は平均 $\boldsymbol{\mu}$ 、共分散 $\boldsymbol{\Sigma}$ の正規分布と一致し、 q を 1 より大きくすると、図に示すとおり裾野が広くなる。分布が定義される空間の次元を d であらわすとき、 $q < 1 + 2/d$ のときに $p_q(\mathbf{x})$ は可積分となる。また、 $\nu = -d - 2/(1 - q)$ である。式 (4) のパラメータ $\boldsymbol{\mu}$ と $\boldsymbol{\Sigma}$ の推定には EM アルゴリズムを利用する。

2.4 EM アルゴリズムによるパラメータの推定

学習データの分布の表現に式 (4) を採用し、そのパラメータ $\boldsymbol{\mu}$ と $\boldsymbol{\Sigma}$ の推定には最尤法を採用する。 $\boldsymbol{\mu}$ と $\boldsymbol{\Sigma}$ の、データ集合 $\{\mathbf{x}^i | i = 1, 2, \dots, M\}$ に対する対数尤度は次式のように表すことができる。

$$L_q(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\Sigma}) = M \log(Z) + \frac{1}{1-q} \sum_{i=1}^M \left(\frac{\nu + s^i}{\nu} \right), \quad (5)$$

但し、 $s^i = (\mathbf{x}^i - \boldsymbol{\mu})^T \boldsymbol{\Sigma}^{-1} (\mathbf{x}^i - \boldsymbol{\mu})$ である。式 (5) の対数尤度を最大化して、パラメータ推定式を導出すると次式が得られる。

$$\boldsymbol{\mu} = \frac{\sum_{i=1}^M w_i \mathbf{x}^i}{\sum_{i=1}^M w_i}, \quad (6)$$

$$\boldsymbol{\Sigma} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M w_i (\mathbf{x}^i - \boldsymbol{\mu})(\mathbf{x}^i - \boldsymbol{\mu})^T, \quad (7)$$

式に示すとおり、データ \mathbf{x}^i の重みを $w^i = (\nu + d)/(\nu + s^i)$ で表すとき、 $\boldsymbol{\mu}$ と $\boldsymbol{\Sigma}$ はそれぞれ重みを w^i とする加重平均と加重共分散行列となる。各データの重み w^i を事前に知る事はできないが、この重みを隠れ変数とみなせば、EM アルゴリズムにより各パラメータを推定することができる [11]。以下、 q の値を固定した上での、EM アルゴリズムによる各パラメータの推定法を簡潔に記す。

E-STEP :

$$w_i^{(m)} = \frac{\nu + d}{\nu + (\mathbf{x}^i - \boldsymbol{\mu}^{(m)})^T (\boldsymbol{\Sigma}^{(m)})^{-1} (\mathbf{x}^i - \boldsymbol{\mu}^{(m)})}. \quad (8)$$

M-STEP :

$$\boldsymbol{\mu}^{(m+1)} = \frac{\sum_{i=1}^M w_i^{(m)} \mathbf{x}^i}{\sum_{i=1}^M w_i^{(m)}}. \quad (9)$$

$$\boldsymbol{\Sigma}^{(m+1)} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^M w_i^{(m)} (\mathbf{x}^i - \boldsymbol{\mu}^{(m+1)}) (\mathbf{x}^i - \boldsymbol{\mu}^{(m+1)})^T. \quad (10)$$

2.5 AIC によるモデル選択

q -正規分布において、前述したとおり、 q の値を変化させると分布の形状が変化する。これから、与えられた同一の学習データから、各 q の値で、異なる $\hat{\boldsymbol{\mu}}_{ML}$ と $\hat{\boldsymbol{\Sigma}}_{ML}$ が推定される。これにより、各 q で統計モデルの汎化性能も変化する。そこで、汎化性能が最も良い統計モデルを選択する。本提案法では、臓器の部位ごとに適切な q の値を推定する。具体的には、 $p(\mathbf{x}_j)$ と $p(\mathbf{x}_j|\mathbf{x}_k) = p(\mathbf{x}_j - \mathbf{x}_k)$ のそれぞれについて、位置ごとに適切な q の値を AIC により選択する。

Akaike Information Criterion(AIC)[12] は、想定している分布族（本稿では q -正規分布）と真の分布との KL ダイバージェンスを起点に導出される。AIC は、汎化誤差を小さくするであろうモデルを想定している分布族より選択する際に利用される。学習データに対する対数尤度を式 (5) で表すとき、AIC は以下の式で定義される。

$$AIC_q = -2L_q(\hat{\boldsymbol{\mu}}_{ML}, \hat{\boldsymbol{\Sigma}}_{ML}) + 2l, \quad (11)$$

ただし、 l はモデルのパラメータ数である。本稿で採用する q -正規分布は、 q の値に依らずパラメータ数は一定であるため、AIC を最小とするモデルは学習データに対する対数尤度を最大とするモデルでもある。 $p(\mathbf{x}_j)$ も $p(\mathbf{x}_j|\mathbf{x}_k)$ も、 $d = 3$ 次元空間の分布である。このため、可積分の条件より、 q の定義域は $1 < q < 5/3$ である。提案手法において、各 q の値において、対数尤度を式 (5) に従って算出する。ただし、各 q における対数尤度は Leave-one-out によって求める。具体的には、 M 個の学習データを $M - 1$ 個の学習データと 1 個の評価データに分割し、 $M - 1$ 個の学習データからパラメータを推定し、1 個の評価データから対数尤度を算出する。これを M 回おこない、その総和をある q での対数尤度とする。各 q で対数尤度を算出し、対数尤度が最大となる q の値を、その部位における統計の表現に採用する。なお、モデル選択後の q^* で、 M 個の学習データから、EM アルゴリズムにより、 $\hat{\boldsymbol{\mu}}_{ML}$ と $\hat{\boldsymbol{\Sigma}}_{ML}$ の再推定をおこなう。

3. 実験結果

3.1 人工データに対する実験

本節では、AIC によるモデル選択によって、統計モデル

の汎化性能が向上するかどうかを検証するための実験をおこなう。はじめに、同一の d 次元の正規分布から独立に繰り返しサンプリングすることによって二つのデータを作成する。一つは、学習データを表す。もう一つは、学習データから構築したモデルを評価するための評価用のデータである。学習データの数と選択される q との関係調べるために、複数の学習データセットを用意する。

n_T 個の学習データの集合を $\mathcal{X}_{n_T} = \{\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2, \dots, \mathbf{x}_{n_T}\}$ により表す。ここで、 \mathbf{x}_n ($n = 1, 2, \dots, n_T$) は、 d 次元のベクトルの学習データを示す。統計的に構築されたモデルを評価するために、 n_T 個の学習データ群よりなる M_T 個の集合 $\mathcal{X}_{n_T}^1, \mathcal{X}_{n_T}^2, \dots, \mathcal{X}_{n_T}^{M_T}$ を同一の d 次元の正規分布からサンプリングすることにより生成する。学習データ数 n_T の値を $n_T = n_T^1, n_T^2, \dots, n_T^{N_T}$ のように変更して、 $N_T \times M_T$ の学習データ群を生成する。提案法を、各学習データに適用する。具体的には、各 q で Leave-one-out により、AIC を算出する。AIC が最小となる q^* を求める。

評価用のデータを使用して、構築したモデル $p_q(\mathbf{x}|\hat{\boldsymbol{\mu}}_{ML}, \hat{\boldsymbol{\Sigma}}_{ML})$ の汎化性能を評価する。評価用のデータ $Y = \{\mathbf{y}_1, \mathbf{y}_2, \dots, \mathbf{y}_{N_E}\}$ とする。ただし、 \mathbf{y}_i ($i = 1, 2, \dots, N_E$) は、学習データを生成した分布と同一の d 次元の正規分布から生成する。汎化性能の指標として、以下の式により、汎化性能の良し悪しを検証する。

$$E(q) = - \sum_{i=1}^{N_E} \log p_q(\mathbf{y}_i | \hat{\boldsymbol{\mu}}_{ML}, \hat{\boldsymbol{\Sigma}}_{ML}). \quad (12)$$

次に、実際の実験とその結果を説明する。真の分布に $d = 3$ の正規分布を仮定し、そのパラメータは、 $\boldsymbol{\mu} = [0, 0, 0]^T$, $\boldsymbol{\Sigma} = \text{diag}(10, 10, 5)$ とした。評価用データを $N_E = 1000$ 個生成し、実験をおこなった。また、 q の範囲は、 $q = 1.00$ から $q = 1.60$ とし、 q の刻み幅は、 $\Delta_q = 1/100$ と設定した。図 2 に、 $n_T = 10, 30, 50$ について、 q と汎化誤差 $E(\hat{\boldsymbol{\mu}}_{ML}, \hat{\boldsymbol{\Sigma}}_{ML})$ の関係を示す。図のエラーバーは、 $N_E = 1000$ による汎化誤差の標準偏差を示し、 $E(q = 1)$ は、従来通りの正規分布によるモデルにおける汎化誤差を示している。緑色の点は、汎化誤差 E が最小となる $q = \bar{q}$ の値を示す。青色の点は、 $M_T = 100$ から選択した q^* の平均の値を示す。ここで、平均の値は、すべての学習データでは、汎化誤差 E を最小としている \bar{q} と一致はしていない。しかし、すべてのデータが同一の 3 次元の正規分布に従って生成されているにもかかわらず、正規分布 ($q = 1$) をモデルとして選択した場合よりも、 $q = q^*$ を選択した場合の方が、汎化性能が向上していることが確認できる。また、図 2 に示した通り、 \bar{q} と q^* は、学習データの数が増加するにつれて、小さくなり、 $q = 1$ に近づくことを確認した。

以上の結果から、学習データが少ない時、提案法によって、正規分布 ($q = 1$) によるモデルよりも、汎化性能の良

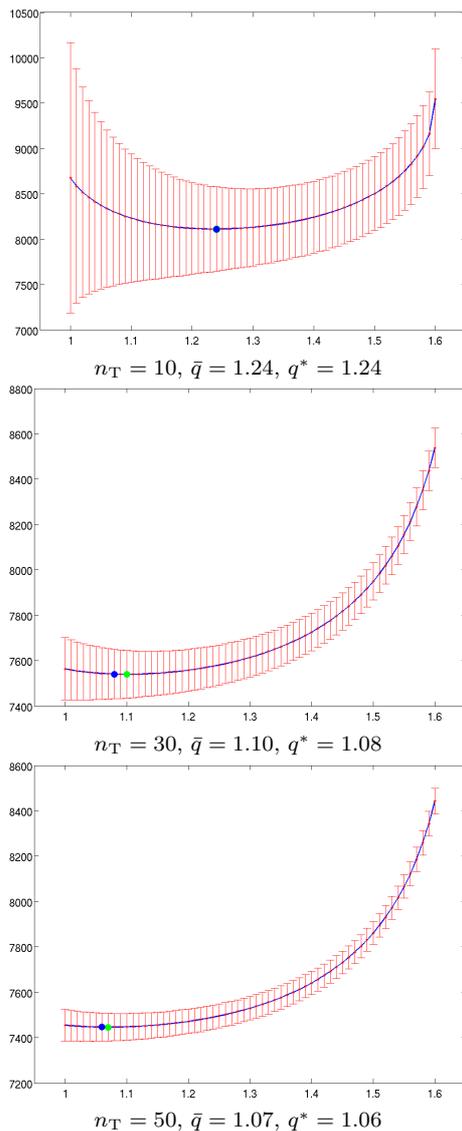


図 2 AIC によるモデル選択のシミュレーション実験結果. 各グラフの横軸は, q を表し, 縦軸は, 式 (12) の汎化誤差 E を表す. 緑色の点は, 汎化誤差 E が最小となる \bar{q} を示し, 青色の点は, q^* の平均の値を示す.

いモデルの選択に成功した. これから, 提案法を利用することで統計モデルの汎化性能を向上させることができる.

3.2 CT 画像に対する実験

本実験は, 正規分布を採用している従来法において, q -正規分布表現を採用し, AIC によるモデル選択を検証するために, 臓器を対象として, PDM による臓器統計形状モデルの構築をおこなう. 実験用データとして, 学習データ $M = 40$ 症例の非造影 X 線 CT 画像を基に本提案法により PDM の臓器統計形状モデルを構築した. 文献 [8] の手法により, 全身の解剖学的ランドマークは 198 点検出し, 体型正規化に利用した. 輝度値に基づく非剛体の位置合わせ [9], [10] を利用して生成した対応点 $N = 1300$ 点からモデル構築した結果を示す.

PDM の各単一項 $p(\mathbf{x}_j)$ について, EM アルゴリズムに

よるパラメータ推定と AIC による L_q の評価を行い, モデル選択を行った. モデル選択の範囲は, 実験的に $q = 1$ から $q = 1.50$ と設定した. 各単一項 $p(\mathbf{x}_j)$ について, モデル選択された q の値を図 3 に示す. $p(\mathbf{x}_j)$ のモデル選択結果の最大値は $q^* = 1.39$ であり, 最小値は $q^* = 1.00$ であった. 図 3 から, 体の内側の各点の q の値が外側と比べて高いことがわかる. 肝臓の体の内側における点の確率分布は, 従来よりも裾野の広い分布で表現すべきであることを示している. 体の内側は, 肝臓が他臓器や体組織と接触し, 肝臓の形状が大きく変化する. そして, 体型正規化のランドマークは体の内側の多様性を正規化できる位置からは抽出されない. これらのことから, 体の内側においては, 肝臓表面の多様性の表現に裾野の広い分布が採用されたと考える. ここで q の値は裾野の広さと関係する量であり, 分散の大小とは異なることに注意する. 実際に, 体の内側と体の外側の位置における学習データの点群を確認した. $q^* = 1.00$ と低い値を示す位置における学習データの点群を確認したところ, 例えば図 4(A) に示したような点群であった. $q^* = 1.39$ と高い値を示す位置における学習データの点群を確認したところ, 例えば図 4(B) に示したような外れ値を含む点群であった.

次に, 対応点の隣接関係より有向グラフィカルモデルを構築する. 辺の数は 3895 であった. 構築した有向グラフから PDM の条件付き確率項 $p(\mathbf{x}_j|\mathbf{x}_k)$ について, EM アルゴリズムによるパラメータ推定と AIC による L_q の評価を行い, モデル選択をした. モデル選択の範囲は, $p(\mathbf{x}_j)$ と同様に設定した. 結果を図 5 に示す. $p(\mathbf{x}_j|\mathbf{x}_k)$ のモデル選択後の最大値は $q^* = 1.48$ であり, 最小値は $q^* = 1.00$ であった. $q^* = 1.00$ と低い値を示す位置における学習データの相対位置ベクトルを確認したところ, 例えば図 6(A) に示したようなベクトルであった. $q^* = 1.48$ と高い値を示す位置における学習データの相対位置ベクトルを確認したところ, 例えば図 6(B) に示したような外れ値を含むベクトルであった. この結果から, $p(\mathbf{x}_j|\mathbf{x}_k)$ も裾野の広い分布で表すべき部位があることが分かる.

4. まとめ

本稿では, PDM の汎化性能の向上を目的として, 臓器統計形状を表現する関数形を臓器の部位ごとに適切な分布モデルを自動的に選択する手法を提案した. 臓器の統計形状表現には q -正規分布を採用する. 分布型を制御するパラメータ q の値を AIC を利用してモデル選択を行った.

人工データに対する実験から, AIC を用いた q -正規分布からのモデル選択法により汎化性能が向上することを確認した. 本提案法を肝臓に適用した結果, $p(\mathbf{x}_j)$ は, 体の内側の部位において正規分布よりも裾野の広い分布が選択された. $p(\mathbf{x}_j|\mathbf{x}_k)$ についても, 裾野の広い分布で表現すべき部位があることがわかった.

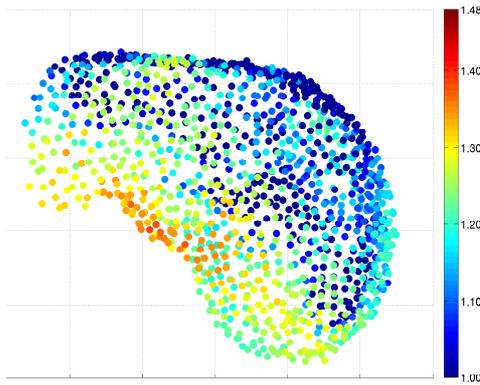


図 3 肝臓データ. 単一項 $p(\mathbf{x}_j)$ について q^* を選択した結果を示す. 右のカラーバーに従って, q の値に合わせて, 青から赤に変化するよう描画.

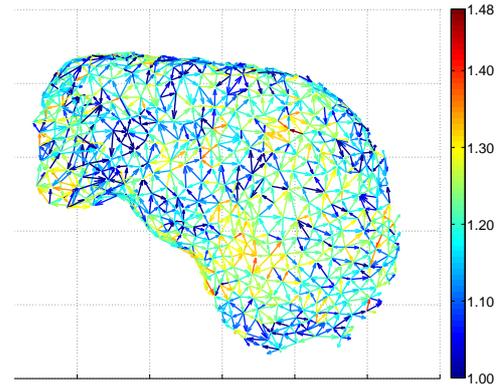
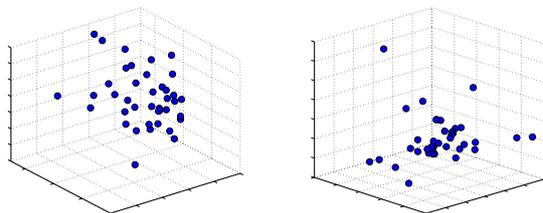
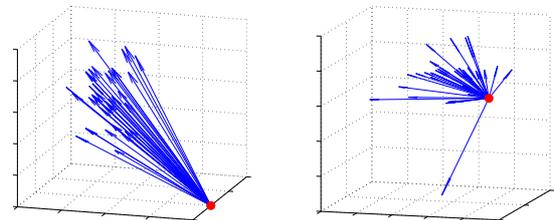


図 5 肝臓データ. 条件付き確率項 $p(\mathbf{x}_j|\mathbf{x}_k)$ について q^* を選択した結果を示す. 右のカラーバーに従って, q の値に合わせて, 青から赤に変化するよう描画.



(A) $q^* = 1.00$ (B) $q^* = 1.39$

図 4 各 q^* の値における学習データの点群例. (A) $q^* = 1.00$ は, 体の外側の位置の点におけるモデル選択の結果を示す. (B) $q^* = 1.39$ は, 体の内側の位置の点におけるモデル選択の結果を示す.



(A) $q^* = 1.00$ (B) $q^* = 1.48$

図 6 各 q^* の値における学習データのベクトルの例. (A) $q^* = 1.00$ とモデル選択された学習データのベクトルを示す. (B) $q^* = 1.48$ とモデル選択された学習データのベクトルを示す.

今後は, 統計モデルの構造決定法や, q -正規分布により表現した統計モデルによる推論法についてを検討する.

参考文献

- [1] Heimann, T. and Meinzer, H.-P.: Statistical shape models for 3D medical image segmentation: a review, *Medical image analysis*, Vol. 13, No. 4, pp. 543–563 (2009).
- [2] Sawada, Y. and Hontani, H.: A study on graphical model structure for representing statistical shape model of point distribution model, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2012*, Springer, pp. 470–477 (2012).
- [3] Cootes, T. F., Taylor, C. J., Cooper, D. H. and Graham, J.: Active shape models-their training and application, *Computer vision and image understanding*, Vol. 61, No. 1, pp. 38–59 (1995).
- [4] Sawada, Y. and Hontani, H.: A comparison study of inferences on graphical model for registering surface model to 3D image, *Machine Learning in Medical Imaging*, Springer, pp. 257–264 (2011).
- [5] Hontani, H. and Watanabe, W.: Point-based non-rigid surface registration with accuracy estimation, *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 446–452 (2010).
- [6] Bishop, C. M.: *Pattern recognition and machine learning*, springer (2006).
- [7] Matsuzoe, H. and Wada, T.: Deformed algebras and

- generalizations of independence on deformed exponential families, *Entropy*, Vol. 17, No. 8, pp. 5729–5751 (2015).
- [8] 花岡昇平, 増谷佳孝, 根本充貴, 野村行弘, 三木聡一郎, 吉川健啓, 林直人 and 大友邦: 撮像範囲外ランドマーク位置の高速推定アルゴリズムを用いた LM 検出システムの性能改善 (統計モデルとその応用, 統計モデルとその応用, 医用画像一般), 電子情報通信学会技術研究報告. MI, 医用画像, Vol. 111, No. 389, pp. 209–214 (2012).
- [9] Glocker, B., Komodakis, N., Paragios, N., Tziritas, G. and Navab, N.: Inter and intra-modal deformable registration: Continuous deformations meet efficient optimal linear programming, *Information Processing in Medical Imaging*, Springer, pp. 408–420 (2007).
- [10] Glocker, B., Komodakis, N., Tziritas, G., Navab, N. and Paragios, N.: Dense image registration through MRFs and efficient linear programming, *Medical image analysis*, Vol. 12, No. 6, pp. 731–741 (2008).
- [11] Kotz, S. and Nadarajah, S.: *Multivariate t-distributions and their applications*, Cambridge University Press (2004).
- [12] 赤池弘次, 甘利俊一, 北川源四郎, 樺島祥介, 下平英寿, 室田一雄 and 土谷隆: 赤池情報量規準 AIC- モデリング・予測・知識発見-, (2007).