

マウスの断面画像集合からの3次元臓器形状抽出

木下 利家[†] 三谷 純[‡] 福井 幸男[‡] 西原 清一[‡][†]筑波大学第三学群情報学類 [‡]筑波大学大学院システム情報工学研究科

概要

3次元内部構造顕微鏡によって得られる生体の連続高精細フルカラー断面画像群から3次元モデルを構築することで、組織の多面的な観察が可能となる。しかし現在、輪郭線の抽出は専門家の手作業に依っている。そこで本研究では、マウスの連続断面画像群から特定臓器の領域を自動抽出し、その結果を集積して3次元データを再構築することを目的とする。まずある断面画像内の1点を指定することで特定の領域を抽出する。この操作を繰り返していき画像群内の領域全体をビットマップ画像群として出力する。次にこの画像群からSTL形式の3次元ポリゴンモデルを構築する。これによって臓器の全体形状が立体的に容易に観察できるようになった。

1. はじめに

生体組織の高精細な3次元モデルの構築により、軟組織や複雑な形状の組織、組織の位置関係等が任意の視点から観察可能になり、生物学・医学、教育等、幅広い分野の飛躍的進歩が期待できる。しかし現在、その材料の1つであるフルカラー断面画像に対する組織の領域抽出は、解剖学の知識を持つ専門家の目視による手作業で行われている。よってこの分野では、いかに組織領域の抽出を自動化できるかが課題となっている。

3次元モデル構築の材料となる生体の断面データとしては、まず現在一般的なMRやCTによる画像が挙げられる。しかしこれらは白黒の画像であり、多数の組織が隣接している場合や組織同士の色が似ている場合に、領域を区別する事が困難である。また、特にMR画像には、対象情報と関係なく濃度値を変動させてしまう要因となる、ゲイン不均一性という問題もある。

これらに対し、近年理化学研究所において開発された3次元内部構造顕微鏡(3D-ISM)では、画像中心軸のずれないフルカラーの高精細な生体連続断面画像を取得することが可能である。これは、上端からナイフで試料を実際に切断しながら断面を観察していく装置で、観察後に対象物がなくなってしまうという欠点はあるが、MRやCTによる画像よりも細部まではっきりと観察することのできる高精細フルカラー画像が得られる。

本研究では、3D-ISMによって得られたマウスの連続断面画像群を用いて、特定の臓器の領域を自動抽出し、そのデータを集積して臓器の3次元モデルを再構築することを目的とする。これによって、マウスの系統間での臓器形状の比較等を容易に行うことができるようになる[1]。

2. 連続断面画像からの3次元モデル再構築

2-1. 領域の抽出

材料の画像群としては、先述の3D-ISMによって得られたマウスの連続断面画像を用いる。これは解像度 640×480 pixel、縦横方向の分解能 $50 \mu\text{m}/\text{pixel}$ 、垂直方向の断面間隔 $20 \mu\text{m}/\text{pixel}$ の、ビットマップ画像の集合である。断面はマウスの胴体を輪切りにする形の方向であり、その範囲は鼻の先端から後ろ足の先まで及び、1匹あたり約6000枚の断面で構成されている。また、このデータの取得には凍結包埋方法を用いている。凍結包埋方法とは、同一のポージングをとったマウスを凍結させ、青色に着色した凍結包埋剤を用いて同一形状の型枠内に包埋する方法である。この方法を用いることで、同一の条件(位置・解像度等)で観察を行うことができる。

マウスの断面画像データは1匹あたり約5ギガバイトあり、通常のPCでは容量が大きいため、各断面画像の解像度を 320×240 pixelへ落とし、更に約6000枚の断面のうち5枚に1枚を使用することとした。これによりマウス1匹あたりの画像データの大きさは260メガバイトとなり、縦横方向の分解能・垂直方向の断面間隔共に $100 \mu\text{m}/\text{pixel}$ となった。

1枚の断面画像に対する領域抽出アルゴリズムは、単純領域拡張法を基本としている。その処理の流れは、以下の通りである。

- i) 画像上の、抽出したい領域内の画素を1つ指定する。
- ii) その画素の濃淡レベルと、その4近傍でまだ領域に属していない画素の濃淡レベルを比較し、その差があるしきい値 θ 以下ならば1つの領域として統合する。
- iii) 新たに統合された画素に注目してii)の操作を行う。
- iv) ii)iii)の操作をそれ以上領域が広げられなくなるまで反復する。

しかしこの手法には、領域間の濃淡レベルの変化がなだらかな場合や、領域間のエッジに隙間が1点でもあったり、2つの領域が統合されてしまうという欠点がある。このため場合によっては、指定した1画素の濃淡レベルとの差が θ 以下の隣接画素を領域とする方法も併用する。

また、この処理だけでは領域内に無数の細かい孔が発生してしまうため、モルフォロジ演算による後処理を加える[2]。2値画像処理の1つであるモルフォロジ演算処理は、領域の収縮と膨張の2つの処理から成り立っており、収縮と膨張は一般的に組み合わせて用いられる(図

Reconstruction of 3D organ shapes from real cross-section images of a mouse

[†]Toshiie Kinoshita, [‡]Jun Mitani, [‡]Yukio Fukui, and [‡]Seiichi Nishihara

[†]College of Information Sciences, University of Tsukuba

[‡]Department of Computer Science, University of Tsukuba

1)。これを用いて小さな孔や溝を埋め、加えて領域の輪郭の微小突起も取り除く。また現段階では内側に空洞部分を含む形状の臓器は対象としないため、この操作によっても除くことのできない大きな孔があった場合には、領域の外側部分を塗り潰し、これを反転させることで対処する。

このようにして、対象とする臓器が存在する全ての断面画像に対して領域抽出を行う。そして抽出した領域群を垂直方向に連結し、1画素を1ボクセルとして3次元的に捉え、モルフォロジ演算を3次元空間へ拡張した処理を行い、形状を整える。最終的に得られた領域データは、断面毎のビットマップ画像群として出力する。

2-2. 3次元モデルの再構築

領域抽出データから3次元データを生成するには、RVエディタ(RIKEN) [3]を用いる。具体的には、得られたビットマップ画像群を読み込み、サーフェスレンダリング操作を行うことでデータを3次元ポリゴンモデル化する。そしてこれをSTL(Standard Triangulated Language)形式で出力する。最後に、モデルの表面に平滑化処理を加え、画面に表示する(図2)。

3. 結果とその評価

最終的に得られた領域データの精度を評価するため、専門家の手によって抽出した領域との比較を行う。専門家による領域の画素数 C 、本研究で抽出した領域の画素数 N 、これらの共通部分の画素数 R から、精度(precision)と再現率(recall)を求める。これらの値はそれぞれ

$$precision = \frac{R}{N}$$

$$recall = \frac{R}{C}$$

によって求められる。この評価実験は、2系統のマウスの左右の腎臓、計4つの臓器に対して行った。結果は以下の通りである。

表. 評価実験の結果

系統名	臓器	precision	recall
BALB_c ♀	腎臓(左)	0.94	0.83
	腎臓(右)	0.90	0.76
C57BL_6 ♂	腎臓(左)	0.97	0.79
	腎臓(右)	0.90	0.81

また、専門家による抽出領域と本研究による抽出領域を重ねて点群表示し、観察を行った(図3)。

領域抽出精度の向上が今後の課題である。より複雑なアルゴリズムの採用や、既知である臓器の位置情報を領域抽出の判断材料として取り入れること等を思案中である。

参考文献

[1] 覚正信徳, 横田秀夫, 吉木淳, 姫野龍太郎 “マウス 3次元データベースの作成と観察 ~第2報:野生型マウスの臓器について~” 理研シンポジウム:生体形状情報の

数値化及びデータベース構築研究, pp. 42-49

[2] 斗澤秀亮, 野村行弘, 山下哲孝, 呂建明, 関屋大雄, 谷萩隆嗣 “モルフォロジ処理を用いたスペクトルサブトラクションにおけるミュージカルノイズ除去” 第18回 回路とシステム 軽井沢ワークショップ 2005年4月

[3] RV エディタ

http://www.riken.go.jp/lab-www/V-CAD/katsudo/vcat_team/rveditor/

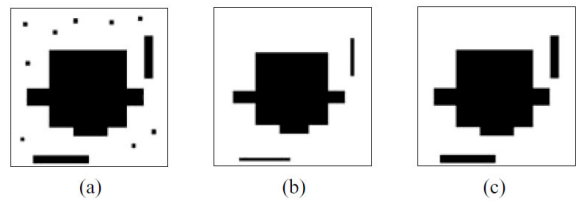


図1. モルフォロジ演算処理によるノイズ除去の例 ((a)→(b):収縮, (b)→(c):膨張)

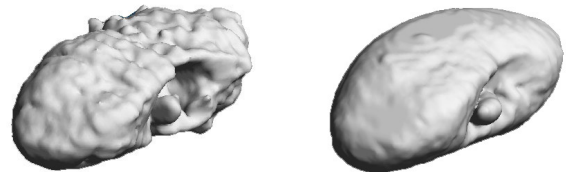


図2. 再構築したマウスの腎臓 (左:本研究による抽出, 右:専門家の手による抽出)

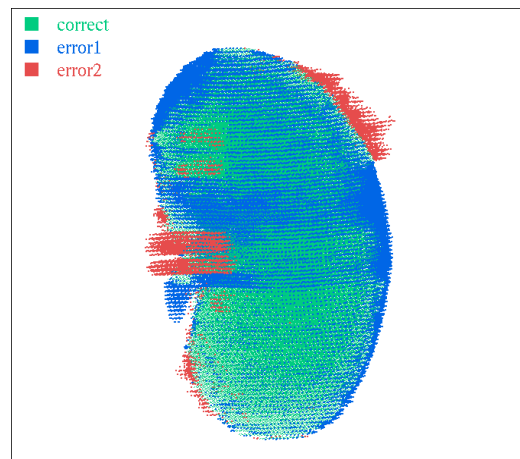


図3. 抽出領域の点群表示