

遺伝的アルゴリズムによる腎臓組織画像のエッジ抽出

念文† 岡崎耕三† 谷口慶治† 田村進一†

†福井大学工学部
〒910 福井市文京3-9-1

†大阪大学医学部
〒565 大阪府吹田市山田丘2-2

糸球体領域の抽出は腎炎診断自動化にとって、非常に重要な役割を持っている。しかし、標本中や画像取り込み過程で生じたむらが原画像に存在するだけでなく、糸球体領域と他の領域との違いがあまり明瞭でないため、糸球体領域を正確に抽出することは簡単ではない。本報告では糸球体の領域抽出について、GAによる新しい方法を提案する。まず、糸球体の境界をB-スプライン閉曲線で表現する。このB-スプライン閉曲線を定めるパラメータはGAにより探索する。これにより抽出した糸球体の境界エッジに対して更に節点数を8個から16及び32個の2段階で増加させることにより境界エッジの精密化を図った。

Extracting Edge of Nuclei in Glomeruli of Kidneys by GA

Wen Nian† Kozo Okazaki† Keiji Taniguchi† Shinichi Tamura†

†Fukui University
Bunkyo 3-9-1, Fukui, 910, Japan

†Osaka University
Yamadaoka 2-2, Suita, Osaka, 565, Japan

Extracting nuclei in glomeruli plays a very important role for diagnosing nephritis automatically. But, not only in the original image are there unevennesses that was brought when the specimen or the image is put into use, but also the difference between the region of nuclei and that of others is not obvious. So it is not easy to extract the region of nuclei correctly. In this paper, we propose a new method for extracting the region of nuclei in glomeruli of kidneys using GA. We express the border of nuclei in glomeruli by a closed B-spline's curve line and use GA to search the parameters that decide the closed curve line. To the edge of nuclei in glomeruli that we apply the method to extract, we again use the B-spline function and increase the node point's number to 16 and 32. The more correct edge is obtained by modifying the position of every node points in the algorithm. We demonstrate that the proposed method is effective for the real images.

key word: medical image, genetic algorithm, edge extraction, nuclei in glomeruli, B-spline

1 はじめに

多くの腎臓病では、腎組織中の糸球体と呼ばれる構造において濃染性の核を有するメサンギウム細胞が増殖する。この増殖程度を推定することにより腎臓病の状況を診断することができる。従って、腎組織画像からの糸球体領域の抽出及び糸球体領域内のメサンギウム細胞核領域の抽出は腎生検を支援するための基本的処理である。しかし、標本中や画像取り込み過程で生じたむらが原画像に存在するだけでなく、糸球体領域と他の領域との違いがあまり明瞭でないため、糸球体領域を正確に抽出することは簡単ではない。

糸球体領域(対象物)は人の目にはある程度識別可能な領域境界に囲まれている。Zhangらはこの点に注目して、糸球体領域を抽出する2つの方法を提案した。まず、糸球体囊のやや明るい周縁を利用して、ニューラルネットフィルタ(NNF)により糸球体領域を抽出した[1]。また、明るい周縁のない糸球体領域にも対応できる手法として、Gaussianフィルタによる動的閾値(DTG:Dynamic Thresholding by Gaussian)法を提案し、外側のエッジを糸球体領域の境界として抽出している[2][3]。更に、医学的に細胞核の平均サイズの分布範囲が既知であることを利用し、糸球体領域内のメサンギウム細胞核を対象物として抽出する方法を提案している。これらはいずれも境界領域の特徴を基本とした領域分割である。堀田ら[4]は領域分割についてGAをその初期値設定法として利用している。

本報告では糸球体の領域抽出法として、まず、糸球体が楕円状の幾何学的特徴を持つことに注目し、半径 R と幾つかの半径補正值 r_i 及び重心座標補正值を遺伝子として持つ生物を仮想し、形状にマッチングする生物をGA(遺伝的アルゴリズム)手法[5][6]により発生させる方法を提案する。長尾ら[7]はGAを用いて移動、拡大、縮小する複数図形からのマッチングによる図形抽出を行っているが、本報告のような特徴をもとにした図形生成によるマッチングではない。提案手法は糸球体の境界をB-スプライン閉曲線で表現し、このB-スプライン閉曲線を決定する節点座標をGAにより探索する。さらに、これにより抽出した糸球体の境界エッジの節点数を8個から16および32個の2段階で増加させることにより境界エッジの精密化を図った。

2 遺伝的アルゴリズムによる糸球体領域抽出

2.1 ゼロ交差法による2値化処理

図1に示すような原画像(256×256)に対して、ラプラシアンガウシアン演算子 $\nabla^2 G$ によりゼロ交差を求める[8][9]。ここに ∇^2 はラプラス演算子であり、 G は2次元ガウス関数である。ゼロ交差画像 I_z を利用して、原画像 $I(x, y)$ にあるゼロ交差付近の濃度平均値を求め、しきい値とする。すなわち、

$$V = \frac{1}{N_{sum}} \sum I(x, y), \quad I_z(x, y) = 1 \text{ の時} \quad (1)$$

N_{sum} は $I_z(x, y) = 1$ の点の総数である。

V をしきい値として、原画像を2値化した画像 $I_b(x, y)$ を得る:

$$I_b(x, y) = \begin{cases} 255; & I(x, y) < V \\ 0; & I(x, y) \geq V \end{cases} \quad (2)$$

実際にはこの2値化画像に対して更に細線化などの簡単な処理を加えておく。図2(a)、(b)に図1(a)、(b)の処理結果例を示す。ここでガウス関数の標準偏差 σ は小さくすると雑音が増加し、大きくすると大きく糸球体エッジの途切れが生ずる。実験的に $\sigma=(1.9\sim 2.2)$ が良好であったが、ここでは $\sigma=2.2$ とした。 σ が大きいため、境界線は途切れなどを生じているが、全体として糸球体領域を捉えている。この結果を利用して、遺伝的アルゴリズムによりエッジ抽出を行う。

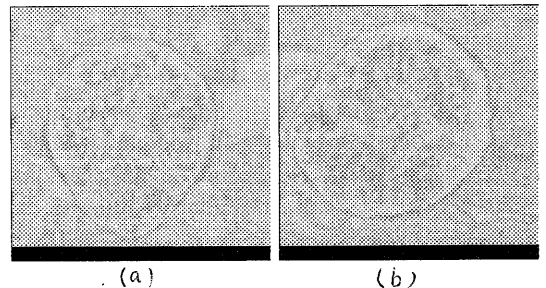


図1: 原画像

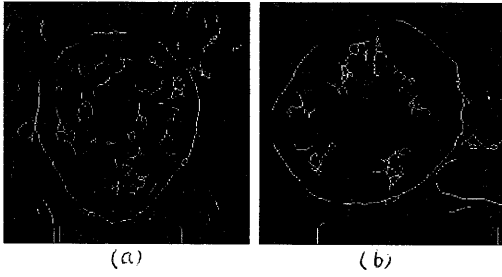


図 2: 2 値化した画像

2.2 遺伝子型の設定

個体は次の遺伝子型を持つとする。

$$G^k = (r_1^k, r_2^k, \dots, r_8^k, x^k, y^k, R^k) \quad (3)$$

ここに、 r_i^k は方向 i の半径補正值、 (x^k, y^k) は糸球体座標補正值、 R^k は大まかな概略半径である。(3) 式において各変数は全て (4)、(5) 式に示すように実画像上では 2 倍したものが対応するものとする。これにより (3) 式で定義した遺伝子の探索空間を縮小した。 G^k は (8+1) 個節点 (閉曲線であるので、最後の節点が最初の節点と同じである) を通る 1 つの B-スプライン閉曲線を表しており、これで輪郭を近似する。画像 I_b の重心を (x_0, y_0) としたとき、実際の糸球体重心 (x_0^k, y_0^k) は近似的に

$$\begin{aligned} x_0^k &= x_0 + 2 * x^k & y_0^k &= y_0 + 2 * y^k \\ (-16 < x^k, y^k < 16) \end{aligned} \quad (4)$$

で表されるものとする。糸球体重心点 (x_0^k, y_0^k) を極座標の原点とすると、各節点の極座標 (θ_i^k, ρ_i^k) は次式で与えられる。

$$\theta_i^k = \frac{i}{N} * 2 \pi, \quad \rho_i^k = 2 * R^k + 2 * r_i^k \quad (5)$$

ここで、 r_i^k は i 番目節点と糸球体の近似重心との距離の補正值である。

$$-16 < r_i^k < 16, 20 < R^k < 60,$$

$i = 0 \sim N - 1$, 分割数 $N = 8$ とした。

2.3 適応度の定義

まず、2 値化した画像の黒い点の明るさを 0、白い点の明るさを L に変換し、 L 段階にボカし処

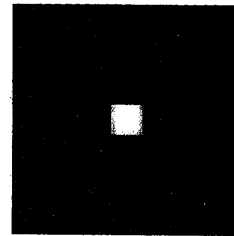
理変換 [6][7] した画像を $g(x, y)$ とする。例として図 3 に $L=3$ 段階にボカした画像を示す。このボカしにより、ずれに対しても解の安定が図れた。そこで、各個体の環境への適応度 $f(G^k)$ を式 (6) で定義した。

$$f(G^k) = \frac{\sum g(x_j^k, y_j^k)}{L * Bsum} \quad (6)$$

ここで、 (x_j^k, y_j^k) は G^k に対応する輪郭モデル図形の点座標であり、 $Bsum$ はボカした画像 $g(x, y) \neq 0$ の点の総数である。ボカしは実験的に $L=4$ とした。以下では誤解のない場合、 k は省略するものとした。

2.4 世代交代

世代交代は個体数を 20、交差率を実験的に 0.6 として、2 点交差で行う。



0	0	0	0	0	0	0
0	1	1	1	1	1	0
0	1	2	2	2	1	0
0	1	2	3	2	1	0
0	1	2	2	2	1	0
0	1	1	1	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0

図 3: ボカし処理

2.5 B-スプライン関数によるエッジの近似

M 個の節点を通る滑らかな曲線を B-スプライン関数 [10][11] で表現することができる。ここで、補間すべき節点列の座標 (x_i, y_i) に対してパラ

メータ t_i を決め、新しい点列 $((t_i, x_i), (t_i, y_i)) (i = 0, 1, \dots, M-1)$ をつくることができる。このとき、 x, y は t によって決まる関数

$$\begin{cases} x = x(t) \\ y = y(t) \end{cases} \quad (7)$$

となる。

M 個の節点上で $t_i (i = 0, 1, \dots, M-1)$ はそれぞれ $0, 1, \dots, M-1$ となる。

閉曲線は

$$\begin{cases} x(t) = \sum_{i=0}^{M-1} \alpha_i B_{i,K}(t) \\ y(t) = \sum_{i=0}^{M-1} \beta_i B_{i,K}(t) \end{cases} \quad (8)$$

と表すことができる。ここで、 $B_{i,K}$ は $(K-1)$ 次スプライン関数の基底である。 α_i, β_i は定数である。

そこでまず、 α_i, β_i を求める。これらは上式に節点の座標 $(t_i, x_i), (t_i, y_i)$ およびその点のパラメータ $t_i = i, (i = 0, 1, \dots, M-1)$ に対する $B_{i,K}(t_i)$ の値を代入して得られる α_i, β_i に関する連立方程式から得られる。ここで、

B-スプライン関数：

節点数 $M = N+1 = 9$

次数: $(K-1) = 2$

節点を結ぶ曲線はパラメータ t により決まる。すなわち、第 i 番目の節点では $t = i$ なる整数値をとり、節点の第 i 番目と $i+1$ 番目の間では

$$i \leq t < i+1 \quad (9)$$

の値をとるとする。節点間の分割個数を $Kubun$ とすると全体の点の個数が $M_p = (M-1) * Kubun + 1$ であるから、始点から終点 (ただし 始点 = 終点) までのパラメータの値は簡単に

$$t = j / Kubun \quad (j = 0, 1, \dots, M_p - 1) \quad (10)$$

と表すことができる。節点間の分割区分数 $Kubun = 15$ で行った。 j を 0 から $M_p - 1$ まで変化させることにより、滑らかな境界線抽出ができる。

3 実験結果

図1の2値化画像 (a)、(b) に対して GA による抽出例を図4の (a)、(b) に点線で示す。図から分かるように概ね滑らかな境界線の抽出ができているが、境界線周辺部の他の細胞などの影響により少し誤認識部も生じている。そこで、B-スプラインの節点を微調整することによりこの誤認識部を減らし、精密化を図る。

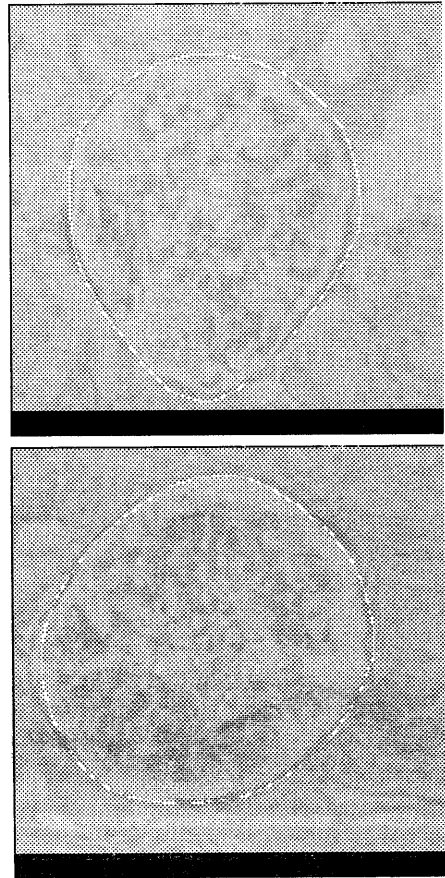


図 4: 処理結果

4 エッジの精密化

GA により抽出したエッジ画像に対して、節点数を $(16+1)$ と $(32+1)$ の2段階で増加させることで抽出領域の精密化を図る。各段階で抽出した

エッジの重心 (x_0, y_0) は求め直し、これを新たな原点とする。図5に示すように、各節点座標値は次式の直線

$$y = (\tan \theta_i) * x$$

ただし $\theta_i = \frac{2\pi}{N} * i$ (11)

$(i = 0, 1, \dots, N - 1), N = 16, 32$

とエッジ画像の交差点を求めることにより計算する。

step 1: (16+1) 個の節点

(2.1) 節で2値化処理した画像(図2)を再度利用する。座標原点を通る式(11)の直線上の境界エッジを節点とし、直線上その修正節点は該当直線上の節点付近で探す。付近の小さい範囲内で白点を探して、もしあれば、節点として用い、B-スプライン関数で閉曲線を求める。この閉曲線がよりエッジ画像と適合すれば、この白点を新たな節点として採用する。適合しなければ、この節点は変えない。もし、この白点が探し求められない時も、この節点は変えない。フローチャートを図6に示す。ここで、マッチング率を計算するために、2値化画像に対し、2、3節と同じようなボカし処理を行った。マッチング率 f は次式で計算する。

$$f = \frac{\sum g(x_i, y_i)}{L * Bsum} \quad (12)$$

$L = 4$: ボカしの段階数。
 $Bsum$: 補間した閉曲線を構成している点の総数。
 (x_i, y_i) : 補間した閉曲線上の点座標。

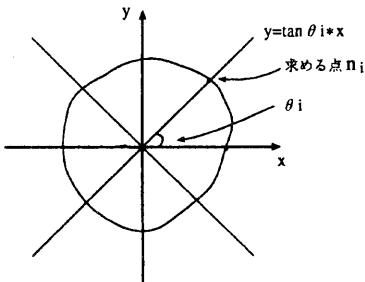


図5: 修正節点の求め方 ($N=8$ の場合)

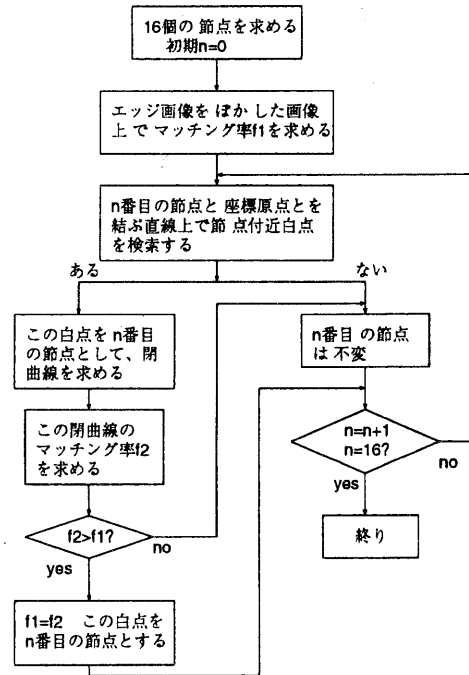


図6: (16+1) 個の節点時の修正方法

step2: (32+1) 個の節点

step 1 で得られたエッジ画像を新たに節点数を32にさせる。座標原点を通る直線上で原画像における各節点の付近の1番黒い点を探す。次にこの点の外側方向に隣接する2点の明度差が4より大きい点まで探して、この点を節点とする。全ての節点についてこの操作により節点の修正を行なう。求めた節点を通るB-スプライン閉曲線を最終の糸球体の境界線とする。結果は図7の(a)、(b)に示す。

step 1,2 の処理により、3節で得られた図4(a)、(b)に比べて糸球体領域がより正確に抽出されている。

5 まとめ

腎臓組織画像から糸球体領域を抽出するために、糸球体の境界エッジを遺伝的アルゴリズムにより求める新しい方法を提案した。すなわち、

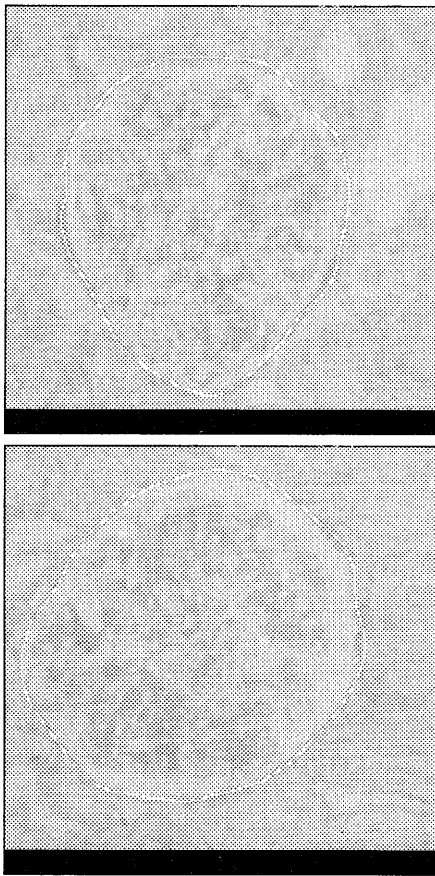


図 7: 精密化処理結果

(1) 糸球体楕円形状を半径 R と幾つかの半径補正值 r_i および重心座標補正值を遺伝子に組み込むことで領域を近似した。

(2) ボケ操作と B-スプラインの節点数の増加により抽出精度を向上させた。

本方法により、腎臓画像の糸球体エッジを精度よく抽出することができた。今後課題としては、

(1) ゼロ交差を行なうためのガウス関数の標準偏差 σ の最良値についての検討。

(2) GA の進化速度についての検討。

(3) GA のより優れた評価関数の検討。

(4) AR モデルと GA によるエッジ抽出との比較検討。

(5) GA による節点位置の最適化が挙げられる。

参考文献

- [1] X.M.Zhang, 谷口慶治, 仲野豊 “ニューラルネットワークを用いた腎臓糸球体領域の抽出方法” 医用電子と生体工学, 32, Suppl.2, 71, (第 8 回日本 ME 学会秋季大会論文集 1-3-13), 1994.
- [2] X.M.Zhang, 谷口慶治, 仲野豊 “腎臓組織画像からの糸球体領域の自動抽出”, Med. Imag. Tech., 14, 50-55, 1996
- [3] X.M.Zhang, 谷口慶治, 仲野豊 “特徴量フィードバックを持つ動的閾値法による腎臓糸球体内の細胞核領域の抽出”, 電気学会論文誌 C (1996 年 4 月号)
- [4] 堀田祐弘, 村井忠邦, 宮原 誠 “クラスタグと遺伝的アルゴリズムを用いたカラー画像の領域分割”, 信学技報 P R U 94-7, pp9-16, (1994-05)
- [5] L・デービス編, 嘉数侑昇等 共訳 “遺伝的アルゴリズムハンドブック”, 森北出版株式会社 (1994)
- [6] 安居院 猛, 長尾 智晴 共著 “ジェネティクアルゴリズム”, 昭晃堂 (1993)
- [7] 長尾, 安居院, 長橋 “遺伝的手法を用いた 2 値図形のパターンマッチング”, 信学論誌 D-2, Vo I, J76-D-2, No.3 pp.557-565, 1993.
- [8] デビッド・マー著, 乾敏郎, 安藤広志 共訳 “ビジョン - 視覚の計算理論と脳内表現 -”, 産業図書 (1992)
- [9] D.Marr and E.Hildreth: “Theory of edge detection”, Proc.R.Soc. Lond., B 207, 187-217, 1980.
- [10] 櫻井 明 編著 “スプライン関数入門”, 東京電機大学出版局 (1993)
- [11] 菅野敬祐, 吉村和美, 高山文雄 著 “C によるスプライン関数”, 東京電機大学出版局 (1993)