

MIP表示を用いたMRI・MRA画像の自動レジストレーション

高橋裕次郎[†] 高橋勤[‡] 松田浩一[†]

岩手県立大学ソフトウェア情報学部[†] 岩手県立大学ソフトウェア情報学研究科[‡]

1. はじめに

医療現場において、医師は頭部の血管走行・腫瘍の位置等の情報を知るために、CTやMRI等により体内の3次元情報を2次元断層で撮影した複数種のフィルムを使用する。手術の経路や切開位置の決定を行う術前検討会において、医師はフィルムを通じて手術対象となる患者の頭部の情報を正確に把握しておく必要がある。しかしフィルムは2次元画像であるため、複数ある断層フィルムから実際の頭部の3次元情報を把握することは医師にとって困難である。

この問題を解決するために、先行研究[1]では3次元像と2次元断層フィルムを対応させて表示することで、医師の患者象の正確な理解を支援することが可能になった。しかし問題点として、レジストレーションが手動であり、精度を主観で判断するしかなく、3次元像とフィルムとの正確な対応関係が十分に取れていないことが指摘されていた。レジストレーションは対応する画像間で、最も対応する位置を求める処理を指す。従来のレジストレーション手法として画像間の特徴点を算出する方法や、画像の相互情報量を類似評価として用いる方法、3次元像を剛体変換する方法が挙げられるが、対象がボリュームデータであるため計算コストが多くなる問題がある。

そこで本研究では、フィルムの3次元像を投影するMIP表示の最適化手法による自動レジストレーションを提案する。MIP (Maximum Intensity Projection: 最大輝度投影法) というボリュームデータ全体を2次元の平面に表示する方法を利用する。MIP表示を用いることで画像の解像度に依存することなく、従来のボリュームデータ同士で位置合わせを行う手法より計算量を削減することが可能になる。この手法の実現によって、レジストレーション精度と速度の向上が可能になる。

Automatic registration of MRI and MRA images by using MIP image.

Yujiro Takahashi[†], Tsutomu Takahashi[‡]
Koichi Matsuda[†]

[†]Iwate Prefectural University Faculty of Software and Information Science

[‡]Iwate Prefectural University Graduate School of Software and Information Science

2. 提案手法

2.1. MIP表示による自動位置合わせ

本研究では、異種断層フィルムのMIP画像を剛体変換(並行移動・回転)させることでレジストレーションを実現する。

2種の断層フィルムから構築した各方向のMIP画像の、最も正確な対応位置を取れる移動・回転量を最適化手法によって求める必要がある。そこで遺伝的アルゴリズムを使用し、個体の遺伝子を移動量・回転量とすることで繰り返し最適な染色体を決定していく。画像間の類似評価を決定する方法は、MRI・MRA画像間の差分を利用することによって実現する。またMIP画像には奥行き情報が存在しないため、X・Y・Z各方向から投影した画像を利用することで、正確な対応位置を算出可能とした。

2.2. 画像差分による評価

本研究で行うレジストレーション手法は、MRI・MRA画像のMIP画像を対象とする。MIP画像の特徴として「高輝度の部位は血管」であることが挙げられるが、本稿ではこの特性に注目し、画像差分を利用することで、画像の輝度情報の近さを忠実に捉え、正確な位置合わせが可能になる。



図1:画像差分を利用したレジストレーション

図1では、MRI画像(R:0, G:255, B:0)とMRA画像(R:255, G:0, B:0)の重ね合わさった画像の差分を画像としたものである。

各個体の遺伝子によって移動した後の描画結果から画像差分を求め、差分値を判定することで遺伝子の評価を行う。

画像差分は、各画像のサイズを $X \times Y$ 、MRI の画素値を $I(m, n)$ 、MRA の画素値を $A(m, n)$ と定義したとき、以下の式で求められる。

$$C = \sum_{m=1}^X \sum_{n=1}^Y |A(m, n) - I(m, n)|$$

以上の式で求められた差分値の総和 C が少ないほど、画像間は一貫していると定義する。

2.3. 遺伝的アルゴリズムによる位置合わせ

本研究では自動的なレジストレーションを実現する手法として、遺伝的アルゴリズムを使用し自動的に評価が最良となる位置を算出する。

レジストレーションを実現するため、個体を移動対象となる画像の $X \cdot Y \cdot Z$ 軸上における移動量及び回転量とし、独立した6つの遺伝子として定義する。移動可能である空間上の範囲は $0.0 \sim 1.0$ の間とする。

以下に(1)選択、(2)交叉、(3)突然変異における処理法を示す。

(1) 選択

最適解への収束を早めるために、現世代の染色体から上位を選択し次世代に残すエリート選択を行う。また、交叉対象となる2個体を決定するためにルーレット選択を用いた。

(2) 交叉

ルーレット選択によって選ばれた2個体において、それぞれ一つの遺伝子を交叉対象して乱数で選択し、交配を行う。残りの遺伝子は親のものを引き継ぐことで、新たな2個体を次世代として生む。

遺伝子の配合は、交叉対象として選ばれた遺伝子をそれぞれ I_1 、 I_2 と定義し、配合する割合を R_1 、 R_2 と定義としたとき、以下の式により実現する。 $Rand$ は発生した乱数であり、 R_{max} は乱数の最大値となる。

$$\begin{aligned} R_1 &= Rand / (R_{max} - 1) \\ R_2 &= 1.0 - R_1 \\ In_1 &= (I_1 * R_1) + (I_2 * R_2) \\ In_2 &= (I_1 * R_2) + (I_2 * R_1) \end{aligned}$$

以上の式によって求められた値 In_1 、 In_2 が、新たに生む2個体における1つの遺伝子となる。

(3) 突然変異

(1)、(2)の過程で生んだ次世代の個体を一定

確率により突然変異させる。選ばれた個体のうち乱数で選んだ1つの遺伝子に、乱数で選ばれたある一定の範囲内の値を加算する。

3. 実験結果

現段階の実験として、頭部を撮像した MRI・MRA 画像を対象として、作業に要する時間や精度について実験した。実験時のパラメータは総個体数を 200 個、エリートを 2 位以上、突然変異確率を 5% で設定した。また突然変異時に、遺伝子に加算する値の範囲を、移動量の場合は $0.0 \sim 0.25$ 、回転量は $0.0 \sim 0.1$ 度という条件の元で実験を行った。終了判定は、各世代の最上位個体の評価値が同じ値を 3 回連続して算出した場合と設定した。

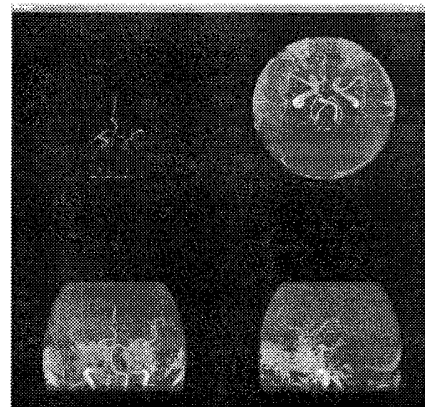


図2：本研究における位置合わせ後の結果

その結果が図2となり、位置算出までの時間は約2分となった。調査結果から、数分という早い時間でレジストレーションが可能となった。

4. おわりに

本研究では、MIP 表示を用いた MRI・MRA 画像間の自動レジストレーション手法の概要と必要性について述べ、実際の画像を用いて検証を行った。その結果、従来手法より算出時間を抑えたまま、高精度なレジストレーションが可能となり、本研究の目標とする効率的なレジストレーションの実現が可能になった。

なお、本研究で使用した MR データは、岩手医科大学先端医療研究センターに提供して頂いた。

参考文献

- [1] 高橋勤, 松田浩一, 井上敬, 小川彰, “脳神経外科術前検討に向けた異種医用画像の表示システム”, 2006 年映像情報メディア学会冬季大会, 2-8, 2006. 12.