

Cartesian Genetic Programming による 3DCT 画像からの 4DCT 画像推定

崎津 実穂 †

長尾 智晴 †

† 横浜国立大学大学院環境情報学府

1 はじめに

近年、がん治療における放射線治療に対する期待がより高まっている。その理由として、患者への負担が少ない非侵襲的な治療であるという点が大きな理由として挙げられる。しかしその一方で、病変の周囲の正常組織に対する被曝が課題となっている。特にこの問題は、肺のような呼吸等による臓器の変形が大きい部位で顕著である。この問題を解決するために、昨今では 4DCT が注目されている。4DCT は、臓器等の 3 次元画像に時間軸を追加した CT であり、時間的に変動する臓器を可視化できる。病変の移動や臓器の変形を詳細に得ることができるため、放射線治療の精度向上に繋がることを見込まれる。しかし、4DCT の撮影自体が 3DCT よりも被曝量が多く、患者への負担を減らすためにも 4DCT の撮影自体はなるべく減らす必要がある。

提案手法では、3DCT 画像から 4DCT 画像を復元するために用いる特徴点を、SIFT[1] を 3 次元に拡張した 3DSIFT を用いて自動で抽出し、その特徴点が 3 次元空間内で描く移動軌跡を Cartesian Genetic Programming (CGP)[2] を用いて近似することで、特徴点の移動の推定を試みる。提案手法の評価を行うために肺の 4DCT 画像を含む DIR-lab データセット* に適用し、定量的評価を行った。

2 提案手法

2.1 特徴点の抽出と CGP の学習

提案手法では、4DCT 画像に含まれる全時刻の 3DCT 画像から自動で特徴点を抽出してその特徴点の軌跡を追跡し、CGP を用いてその移動軌跡を近似する関数を学習する。提案手法の概要を図 1 に示す。

4DCT 画像の呼吸 1 サイクルを $t = 0 \sim 9$ とする。まず 4DCT 画像の各時刻の画像である 3DCT 画像から、SIFT を 3 次元に拡張した 3DSIFT を用いて特徴点および特徴量を抽出する。次に時刻 $t = 0 \sim 8$ において、 t と

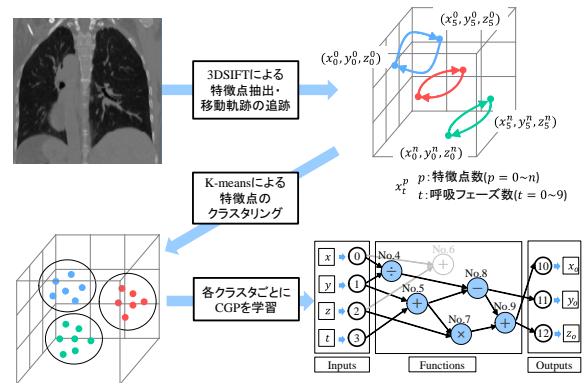


図 1: 提案手法の概要

$t+1$ 間における各特徴点の類似度を計算し、対応点マッチングを行う。この時、時刻 t と $t+1$ 間で対応付けられた特徴点と、 $t+1$ と $t+2$ 間で対応付けられた特徴点は同一の点であるとは限らない。そのため、各時刻で抽出した特徴点を $t = 0 \sim 9$ の全ての時刻で追跡するために、四面体内の線形補間を用いて 4DCT 画像の全ボクセルの移動ベクトルを計算することを考える。まず、時刻 t と $t+1$ で対応付けられた特徴点を基準に、ドロネー分割を用いて四面体メッシュを形成する。次に頂点である特徴点の移動ベクトルを基に四面体の内部の点を線形補間を用いて計算し、3DCT 画像の全ボクセルの移動ベクトルを計算する。これにより、どの四面体にも属さないボクセルデータの境界部付近以外の全点の移動ベクトルを得ることができる。この四面体内線形補間を $t = 0 \sim 8$ まで繰り返し行うことによって、時刻 t と $t+1$ 間のみで対応付けられた特徴点であっても全時刻で追跡可能となる。

次に、得られた特徴点を k-means を用いてクラスタリングを行う。クラスタリングに用いる特徴量は、特徴点の x, y, z 座標の 3 次元と、最大吸気と最大呼気間の x, y, z 方向の移動ベクトル 3 次元の計 6 次元である。

最後に、各クラスごとに特徴点の移動軌跡を CGP を用いて学習する。CGP の入力は $t = 0$ での各特徴点の座標値と、移動を推定したい時刻 t をそれぞれ $[0, 1]$ の値に正規化したものとし、出力は時刻 t における特徴点の座標値とする。

4DCT images estimation from 3DCT images by Cartesian Genetic Programming

†Miho Sakitsu †Tomoharu Nagao

†Graduate School of Environment and Information Sciences, Yokohama National University

*<http://www.dir-lab.com/index.html>

2.2 未知画像における4DCT画像の推定

次に、学習したCGPを用いて未知画像における特徴点の移動推定を行う方法について述べる。まず、相互情報量等を用いて、 $t=0$ に相当する最大吸気または最大呼気の3DCT画像と学習に用いた4DCT画像の位置合わせを行う。次に位置合わせを行った3DCT画像から3DSIFTを用いて特徴点の抽出を行う。その後、各特徴点と最もユークリッド距離の近い学習点を探索し、この学習点の属するクラスターで学習したCGPを用いて特徴点の移動軌跡を推定する。

3 CGPを用いた特徴点の移動推定実験

3.1 実験設定

提案手法を用いて、4DCT画像からの特徴点の自動抽出および追跡と、CGPを用いて特徴点の移動を推定する実験を行った。4DCT画像として、公開されているデータセットであるDIR-labデータセットを用いた。

本稿においては、DIR-labデータセットに含まれる患者1のデータを対象として実験を行った。患者1の4DCT画像のサイズは $256 \times 256 \times 94$ [voxel]であり、voxelサイズは $0.97 \times 0.97 \times 2.5$ [mm]である。まず、CGPによって生成された特徴点の移動軌跡関数の表現力を確かめるため、データセットに含まれる $t=0 \sim 5$ まで追跡可能な、移動軌跡の正解が存在する75点を15-fold cross validationで学習し、各時刻での特徴点の座標値を推定し評価を行った。

次に、学習データとして4DCT画像から3DSIFTを用いて自動で抽出した特徴点の移動軌跡を用いて、CGPの学習を行った。その後学習したCGPの精度を検証するため、未知データとしてデータセット内の時刻 $t=0 \sim 5$ まで追跡可能な正解のある75点の特徴点を利用し、各時刻でその特徴点の座標値を推定した。この際、クラスター数は実験的に決定し2とした。それぞれの評価およびCGPの適応度関数は、正解値と推定値のユークリッド誤差を用いた。

3.2 実験結果および考察

提案手法を用いて推定した特徴点の移動推定の正解値とのユークリッド誤差[mm]と、比較手法の文献値の精度を表1に示す。Proposal(1)は75点の15-fold cross validationの結果、Proposal(2)は3DSIFTで特徴点を抽出し学習を行った場合の結果であり、時刻 $t=1 \sim 5$ の推定値の誤差の平均である。

実験結果より、特徴点の移動軌跡の正解のある75点をCGPを用いてcross validationで学習、検証した場合、比較手法と同等程度の結果が得られることがわかった。

表 1: 提案手法と比較手法の結果

Proposal(1)	Proposal(2)	比較手法 [3]
0.79	0.93	0.74

しかし一方で、3DSIFTによって特徴点の追跡を自動で行ったデータの移動軌跡をCGPで学習した場合の精度は、比較手法に劣る結果となった。この結果から、特徴点の移動軌跡をCGPを用いて近似することは可能であるが、特徴点の自動抽出と追跡の精度に課題があるということがわかる。今後は特徴点の追跡の精度を上げることが、提案手法全体の精度を上げるために必要であると考えられる。そのために他の特徴点抽出法と組み合わせてより高精度に特徴点を追跡するなどの方法が考えられる。

4 まとめと今後の課題

本稿では、進化計算法の一種であるCartesian Genetic Programming(CGPP)を用いて3DCT画像から4DCT画像を推定するための手法を提案した。提案手法の有効性を評価するため、公開されている4DCT画像のデータセットであるDIR-labデータセットを使用し、CGPを用いた特徴点の移動推定実験を行った。実験結果より、提案手法を用いて移動軌跡の正解のあるデータを学習した場合、先行研究と同等程度の精度で特徴点の移動を推定できることが示された。その一方で、特徴点を3DSIFTを用いて抽出した場合の精度は先行研究に劣るものであったため、今後は特徴点の自動抽出の精度を高める必要があると考えられる。

参考文献

- [1] D. G. Lowe, "Object recognition from local scale-invariant features," *Computer Vision*, 1999. The Proceedings of the Seventh IEEE International Conference on, vol.2, pp.1150-1157, 1999.
- [2] J. F. Miller and P. Thomson, "Cartesian genetic programming," *Processing of the Third European Conference on Genetic Programming (EuropeGP2000)*, vol.1802, pp.121132, 2000.
- [3] J. Yi, X. Yang, G. Chen and Y. R. Li, "Lung motion estimation using dynamic point shifting: An innovative model based on a robust point matching algorithm," *Medical Physics*, vol.42, No.10, pp.5616-5632