

論文の内容の要旨

論文題目 構造解析を用いた骨格CT画像領域分割

氏 名 菱田 寛之

(本文) 遺伝子の運動に及ぼす影響を、定量評価することを考えれば、筋肉モデルと骨モデルを作成し、これらを融合させる必要がある。筋肉モデルは、モーションキャプチャから構築可能であり、手法は確立されている。一方、骨の情報はX線CT計測で取得可能であるものの、画像から硬骨（皮質骨に囲まれた骨）に該当する画素を検出する必要があり、このプロセスが自動化されていないために、骨モデル作成に多大な時間を要している。骨モデル作成プロセスが自動化されれば、運動モデルの作成が効率化され、遺伝子解析に寄与する。

本研究では、X線CT計測を用いる骨モデル作成プロセスの効率化を行うために、骨に該当する画素から構成される画像を、軟骨（関節において皮質骨に挟まれている骨）に該当する部位で、分割するアルゴリズムを構築することを目的とする。

ヒトのX線CT画像を対象とする硬骨の検出は、Snakes法、Graph-cut法、Watershed法などの画像処理技術を応用し、硬骨が画像において示す特徴を関数として表現することで、行われる。しかし、画像の変化に対する頑健性は低く、自動化の観点から考えれば決定的な手法は存在しない。また、本研究で対象とするマウスの骨格CT画像の解像度は、ヒトのそれよりも低い。

一方、実際に骨格の分割を行う際には、引張りや曲げを行い、軟骨部分を破壊する。この行為は構造解析であり、この行為を画像に対して行うことを考える。すなわち、CT画像を密度が反映された画像とみなせば、骨格に相当する画像前景は構造体そのものであり、構造体に適切な境界条件を設定すれば、軟骨は最適化された形状を持つ硬骨より構造上弱いために、大きなvon Mises相当ひずみ（以後ひずみと略記）が発生する。構造解析には、画像を入力とすることから、画素と有限要素が一対一対応する画像ベースCAEを用いる。ひずみを画素値としてもつ解析結果（ひずみの分布）において、大きなひずみが発生している部位を軟骨とみなし、当該画素の画素値を0にする。これら構造解析と画素値を0にする処理を繰り返すことで、画像前景には構造上強い部位である硬骨のみが残る。このアイデアを実装し、各種骨格CT画像に適用した結果、良好な分割結果を得ることに成功し、アイデアの妥当性の検証が行えた。一方で、境界条件を設定する際に試行錯誤を伴う問題が発生し、以後境界条件の自動設定を行う問題に取り組む。ここで、境界条件は荷重条件と拘束条件の2種類のみ考慮する。

荷重条件の自動設定は、最適化問題として解く。望ましい荷重条件を与えれば、軟骨に相当する画素において大きなひずみを発生させることができるものとする。このとき問題は2つあり、軟骨に相当する画素が厳密にはわからないこと、そして、荷重条件からひずみを計算することができないことである。前者については、軟骨に相当する画素とこれに隣接する画素は、目視で判断可能とみなし、これらをROIとしてユーザが入力する。後者については、ひずみから荷重条件を直接計算することができないために、ROIに属する画素の持つひずみの二乗和を最大化させる。制約条件として、加重条件の大きさを固定し、そして、加重条件を画像前景の双対を作成することで得られる節点のうち、背景に接している節点に限定する。このアルゴリズムを、先の構造解析を用いた骨格CT画像領域分割手法と組み合わせ、実際のマウス骨格CT画像に適用したところ、良好な領域分割結果を得ることができた。このことから、荷重条件の自動設定手法は妥当なものであることが立証された。

続いて、拘束条件の自動設定を、最適化問題として解く。すなわち、目的関数は良いひずみの分布を得ることであり、制約条件は荷重条件と拘束条件を設定することになる。まず、マウスの骨格CT画像における軟骨に対応する画素が線分（扁平）状に並ぶ前提の元に、ひずみの分布において高いひずみを示す画素の並びを評価することで、ひずみ分布の評価とする。また、境界条件の組み合わせ削減のために、表面節点を連結節点（フラグメント）の集合とみなし、これらフラグメントに対して拘束条件か荷重条件を設定する。さらに、境界条件の組み合わせのうち、変位が生じにくい組み合わせを除外する。全ての境界条件の組み合わせの中で最もひずみ分布の評価が高かった組み合わせを、最適な境界条件とみなし、これまでの構造解析を用いた骨格CT画像領域分割手法と組み合わせる。実際のマウス骨格CT画像に適用したところ、良好な領域分割結果を得ることができた。このことから、拘束条件の自動設定手法は妥当なものであることが立証された。以上から、境界条件の最適化を伴う、骨格CT画像領域分割における構造解析の有用性が実証でき、マウスの骨格CT画像領域分割CT画像の領域分割が半自動で行えるようになり、遺伝子解析プロセスにおける問題の一部解消が行えた。併せて、解析手法の画像処理への応用が示された。

以上