407 Cone-Beam 型 3 次元 CT データ画像を用いた骨内部構造モデリング手法

A Modeling Method for Bone Internal Structure Using Cone-Beam CT Images

準 中土 裕樹 (北大院) 正 但野 茂 (北大)
 正 東藤 正浩 (北大) 中土 幸男 (長野病院)
 森 慎一郎 (放医研) 遠藤 真広 (放医研)

Hiroki NAKATSUCHI, Doctor Course Student, Division of Mechanical Science, Hokkaido University
 N13 W8 Kita-ku, Sapporo

Shigeru TADANO, Masahiro TODOH, Division of Mechanical Science, Hokkaido University

Yukio NAKATSUCHI, Nagano National Hospital

Shinichiro MORI, Masahiro ENDO, National Institute of Radiological Sciences

1. 結 言

CT データから骨や軟組織の形状や領域を定量的に抽出する場合、ピクセル数と CT 値のヒストグラムから閾値を求め、二値化する方法が一般的である。ここで骨構造の皮質骨と海綿骨の分離を考える。CT 測定単位であるピクセルのサイズが大きいと、骨成分と非骨成分とが 1 ピクセル中に混在するため、分離には特別の数的処理が必要となる¹⁾²⁾。従来の CT 装置に比べ高解像度画像が得られるコーンビーム型 3 次元 CT 装置が開発された³⁾。そこで本研究では、同装置を用いて、得られた CT 画像から皮質骨と海綿骨領域を精度良く分離する手法を考案した。そして、本手法で測定された断面と試料より切り出した骨断面の皮質骨厚を比較し、画像分離精度を確認した。

2. 皮質骨領域の推定

皮質骨を緻密な均一材料とすると、理想的には皮質骨周辺の CT 値分布は図 1 上図で表される。CT 値は 1 ピクセル中に含まれる骨成分量に依存するため、皮質骨領域へスキャンすると連続的に CT 値が増加し、ピークに達した後に減少して海綿骨領域に達する (図 1 下図)。本研究ではこのプロファイルデータのみから皮質骨領域を判別する手法を検討した。まずプロファイルのピーク値を求め、皮質骨が明らかに存在する位置を特定する。このピーク値を基準に皮質骨の境界領域を推定する。その際に、皮質骨領域と非骨領域および海綿骨領域の境界 CT 値は同じ値とした。この場合、両境界を結ぶ直線は図 1 下図のように x 軸に平行な直線で表される。この直線をピーク値から徐々に下げていき、直線とプロファイルの 2 交点間の距離が骨試料から切り出した同一断面の計測皮質骨厚と一致したとき、その CT 値を閾値とした。そして、ピーク値と閾値との関係を求めた。

3. 牛大腿骨による画像分離精度の確認

実験には、高解像度のコーンビーム型 3 次元装置“Athena” (放射線医学総合研究所) を用いて、成牛 (5 歳, 雌) の左大腿骨を撮影した。撮影条件は X 線管電圧 120kV, 管電流 200mA, スキャン時間 1 秒である。撮影範囲は大腿骨骨頭から小転子下端までの約 190mm とした。1 ボクセルを $0.39 \times 0.39 \times 0.39\text{mm}$ として CT 画像を再構成した。得られた画像から、2 枚の CT 断面を選んだ。2 枚とも皮質骨厚が薄く、骨形状が複雑な断面である。選択した断面の位置を図 2 に

示す。断面 S_1 は大転子上端から 87mm, S_2 は 75mm の位置にある。これら断面の平均皮質骨厚は約 1mm であり、従来の CT 装置だと 1 ピクセルの大きさにほぼ一致する。このため、従来の CT 装置では 1 ピクセル中に皮質骨以外の成分が含まれることが多く、精度良く皮質骨領域を決めることが難しい。これに対し、今回用いたコーンビーム型 3 次元 CT 装置では 1 ピクセルのサイズが 0.39mm であるため、皮質骨領域に 2~3 個のピクセルが存在することになり、明確なピーク値が得られる。断面 S_1 を用いて皮質骨部上の任意の 15 点を選んだ。それらのピーク値と閾値をプロットし、その関係を求めた。また、断面 S_1 から得られたピーク値と閾値の関係式を用いて、断面 S_2 の CT 値分布から皮質骨の厚さを決めた。牛大腿骨から断面 S_2 と同一面を切り出した。そして、骨断面の皮質骨厚を実測し、本手法で得られた結果と比較した。

Fig. 1 X-ray CT profile of bone structure

4. 結果と考察

断面 S_1 の任意の 15 点のピーク値 P と閾値 T の関係を図 3 に示す. 相関係数の値は 0.98 となり, 明らかな線形性を示した. この関係が式(1)となった.

$$T = 0.524P + 1206 \quad \dots (1)$$

断面 S_2 の CT 値分布から得られた全ピーク値に式(1)を用いて, 皮質骨領域を求めた. これを図 4 の黒線で示す. 断面 S_2 と同一断面を牛大腿骨から切り出した (図 5). 外周の白い領域が皮質骨領域である. 図 5 に示した 21 点の計測点を選び, 本手法で測定された断面と切り出した骨断面の皮質骨厚を比較した. 表 1 にその結果を示す. 計測点 15 において最大誤差が 0.47mm となり, ピクセルに換算すると 1.2 ピクセルに相当する. 他の点はすべて 1 ピクセル以内の誤差に収まった. 以上より, 式(1)を用いることによって皮質骨領域を精度良く分離できた.

5. 結 言

本研究では, コーンビーム型 3 次元 CT 装置より得られた画像を用いて, 皮質骨と海綿骨領域を精度良く分離する手法を提案し, 次の結論を得た.

1. 高解像度のコーンビーム 3 次元 CT データから自動的に皮質骨領域を分離する方法を示した.
2. 本手法により求められた皮質骨領域は切り出した骨断面と比較し, 誤差 1.2 ピクセル以内で分離できた.

Fig. 2 Location of two cross sections (S_1 and S_2) measured in bovine proximal femur

Fig. 3 Relationship between CT value of peak and boundary

参考文献

- (1) Sven Prevrhal, Klaus Engelke and Willi A Kalender, Accuracy limits for the determination of cortical width and density: the influence of object size and CT imaging parameters, *Phy. Med. Biol.*, 44, (1999), 751-764.
- (2) Yan Kang, Klaus Engelke and Willi A Kalender, A new accurate and precise 3-D segmentation method for skeletal structures in volumetric CT data, *IEEE transactions on medical imaging*, vol. 22, No. 5, (2003), 586-589
- (3) 遠藤真広, 角尾卓紀他: 四次元 CT の開発の現状. *日獨医報* 第 48 巻第 2 号, (2003), 248-255.

Fig. 4 Cortical bone region in S_2 section

Fig. 5 Twenty-one evaluated points in S_2 section

Table 1 Comparison between true and measured cortical thickness

No	Cortical bone thickness [mm]		error [mm]	No	Cortical bone thickness [mm]		error [mm]
	True	Measured			True	Measured	
1	1.43	1.37	-0.06	12	1.35	1.30	-0.05
2	1.48	1.30	-0.18	13	1.37	1.30	-0.07
3	0.85	0.78	-0.07	14	0.8	0.65	-0.15
4	1.00	0.98	-0.02	15	2.42	1.95	-0.47
5	1.28	0.98	-0.30	16	2.06	1.95	-0.11
6	1.37	1.17	-0.20	17	1.48	1.17	-0.31
7	1.57	1.56	-0.01	18	1.6	1.56	-0.04
8	3.04	2.93	-0.11	19	1.36	1.17	-0.19
9	2.44	2.47	+0.03	20	1.31	1.17	-0.14
10	1.47	1.17	-0.30	21	1.83	1.95	+0.12
11	1.37	1.30	-0.07				