


## 脳萎縮評価支援システム バイエスラド プラス



### <取扱説明書> ユーザーマニュアル

【総監修】  
国立精神・神経医療研究センター  
松田 博史

製造販売元

 エーザイ株式会社

東京都文京区小石川4-6-10

## 脳萎縮評価支援システム「ブイエスラド」とは

「ブイエスラド」は、MR 装置で得られた脳画像情報をコンピュータ処理して診断支援情報を提供するものであり、関心領域における萎縮程度等の情報を提供するプログラムです。

2005 年に初期バージョンをリリースした「VSRAD」は、画像解析精度の向上、機能強化、使い勝手の向上などの進化を続けてきました。2014 年 11 月改正薬機法施行により、一部の単体プログラムが医療機器として取り扱われることになったため、「ブイエスラド プラス」および「ブイエスラド アドバンス」として製造販売承認を取得いたしました。

本マニュアルは、下表の「ブイエスラド プラス」(以下、本プログラム)のユーザーマニュアルです。

[参考] ブイエスラドのバージョン推移

バージョン	バージョンアップ内容	医療機器承認バージョン
VSRAD Ver.2.0	初期バージョン	—
VSRAD plus	使い勝手(脳表表示、被検者脳表示、線形変換・トリミング自動補正などの追加とユーザビリティの改善)等の機能を強化	ブイエスラド プラス
VSRAD advance	画像解析精度を向上 (VSRAD plus の進化版)	ブイエスラド アドバンス
VSRAD advance 2	背側脳幹の関心領域、VOI 間萎縮比指標の追加、使い勝手の向上	

※ 本マニュアルにおける「ブイエスラド」とは、エーザイ株式会社が製造販売する脳萎縮評価支援システムである管理医療機器「ブイエスラド アドバンス」および「ブイエスラド プラス」を指します。

## マニュアルの構成について

本プログラムのマニュアルは、「ユーザーマニュアル」、「アプリケーションマニュアル」、「インストールマニュアル」の3部から構成されています。これらのマニュアルは「ブイエスラド」ホームページからご確認できます。

それぞれのマニュアルの内容は以下のようになっています。

初めて本プログラムを使用される方は、まずユーザーマニュアル(本マニュアル)のチュートリアルにしたがって、基本的な操作方法と確認ポイントを十分ご理解いただいてからご使用ください。

各画面の詳しい説明や、画像統計処理の仕様などについては、アプリケーションマニュアルを参照ください。

ユーザーマニュアル	アプリケーションマニュアル	インストールマニュアル
<ul style="list-style-type: none"> <li>● プログラム概要</li> <li>● チュートリアル</li> <li>● 画像統計処理について</li> <li>● 画像の確認ポイント</li> <li>● トラブルシューティング</li> <li>● 付録</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● プログラム概要</li> <li>● 目的別操作方法</li> <li>● 各画面の説明</li> <li>● 設定</li> <li>● 画像統計処理</li> <li>● 付録</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>● インストール</li> <li>● 起動</li> <li>● 従来版からの設定の引継ぎ</li> <li>● アンインストール</li> </ul>

※ 本プログラムで表示されるメッセージ・アラートには、結果の解釈にあたって重要なものが含まれておりますので、マニュアルにて十分ご確認ください。

## お問い合わせ

「バイエスラド」のシステム全般に関するお問い合わせは、下記窓口までご連絡ください。「バイエスラド」に関するその他のお問い合わせ（提供方法等）につきましては、弊社 MR にお問合せください。

【VSRAD システムサポートセンター】  
メールアドレス: systemhelp@vsrad.jp

※ 回答にはお時間を頂戴することがございます。あらかじめご了承ください。

## 「バイエスラド」ホームページのご案内

「バイエスラド」のホームページでは、「バイエスラド」に関する最新情報、Q&A を掲載しています。Web ブラウザでホームページにアクセスすることができます。アクセス先の URL は下記のもので。

【バイエスラドホームページ】  
<https://medical.eisai.jp/products/vsrad/index.html>

## バージョン確認方法

本プログラムのバージョン情報は、メニューから [ヘルプ]→[バージョン情報] で表示される画面で確認することができます。

詳細なバージョンはここで確認できます。

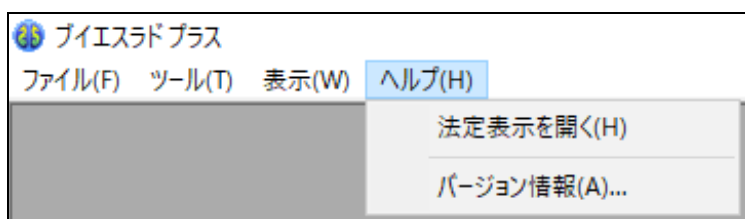


## 法定表示の確認方法

法定表示は、本プログラムのメニューから [ヘルプ]→[法定表示を開く] によって PDF ファイルとして確認することができます。

また、Windows のスタートメニューから「ブイエスラド プラス」→「法定表示」のショートカットからも開くことができます。

※ 法定表示の閲覧には PDF 表示用プログラムが必要となります。



## 目次

<b>1章 プログラム概要</b> .....	<b>5</b>
1.1. 特徴 .....	5
1.2. 全体概要 .....	6
1.3. 推奨動作環境 .....	7
<b>2章 チュートリアル</b> .....	<b>8</b>
2.1. 本チュートリアルについて .....	8
2.2. インストール .....	8
2.3. 処理を行う画像の準備 .....	8
2.4. 本プログラムの処理 .....	10
2.5. 途中処理結果の確認 .....	13
2.6. 処理結果の確認と評価（基本手順） .....	15
2.7. 被検者脳表示を含む処理 .....	19
2.8. レポートの印刷 .....	22
2.9. 処理済み画像ファイルの開き方 .....	35
<b>3章 画像統計処理について</b> .....	<b>37</b>
3.1. 萎縮を定量化する手法 VBM .....	37
3.2. 本プログラムにおける基本的な処理フロー .....	38
3.3. 処理フローの種類 .....	40
3.4. 関心領域 (ROI: Region of Interest) について .....	42
3.5. 対照画像について .....	43
<b>4章 画像の確認ポイント</b> .....	<b>44</b>
4.1. 画像確認画面 .....	44
4.2. 途中処理結果 (灰白質抽出) .....	45
4.3. 途中処理結果表示 (解剖学的標準化) .....	49
4.4. Zスコアマップ .....	50
<b>5章 トラブルシューティング</b> .....	<b>51</b>
<b>6章 付録</b> .....	<b>53</b>
6.1. 本プログラムで生成されるファイル .....	53
6.2. 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ .....	55
6.3. 処理経過ウィンドウのメッセージ .....	58
6.4. フォルダ構成 .....	59
6.5. 個人情報の削除について .....	61

- 本プログラムのご利用にあたってエラー等が発生する場合は、トラブルシューティングをご参照ください。
- 本マニュアルにおいて記載されている社名、各製品名は各社の登録商標または商標です。

## 1章 プログラム概要

### 1.1. 特徴

- コンピュータによる画像統計解析処理により、客観的に脳の萎縮を評価できます。
- アルツハイマー型認知症 (AD) 群と健常群の脳画像を統計解析した結果、AD 群で有意に萎縮がみられた領域を関心領域として組み込み、視覚的に萎縮を判定できるとともに、自動解析により萎縮の程度を算出します。
- 対照画像 (54 歳～86 歳の男女 80 名) を実装しています。
- Windows 上で動作するプログラムで、IT に関する専門知識や、専用ソフトウェアは必要ありません。  
画像統計解析で汎用される SPM(\*1)を使用するためには、MATLAB(\*2)が必要となりますが、本プログラムのインストーラーとは別途 MATLAB をご準備いただく必要なく、インストール後すぐにご使用いただけます。
- 被検者の DICOM(\*3)画像を入力し、簡単な操作で解析結果の画面表示および印刷を行うことができます。

(\*1) SPM: ロンドン大学脳画像学科によって開発された機能画像解析用ソフトウェア。SPM は Statistical Parametric Mapping の略。

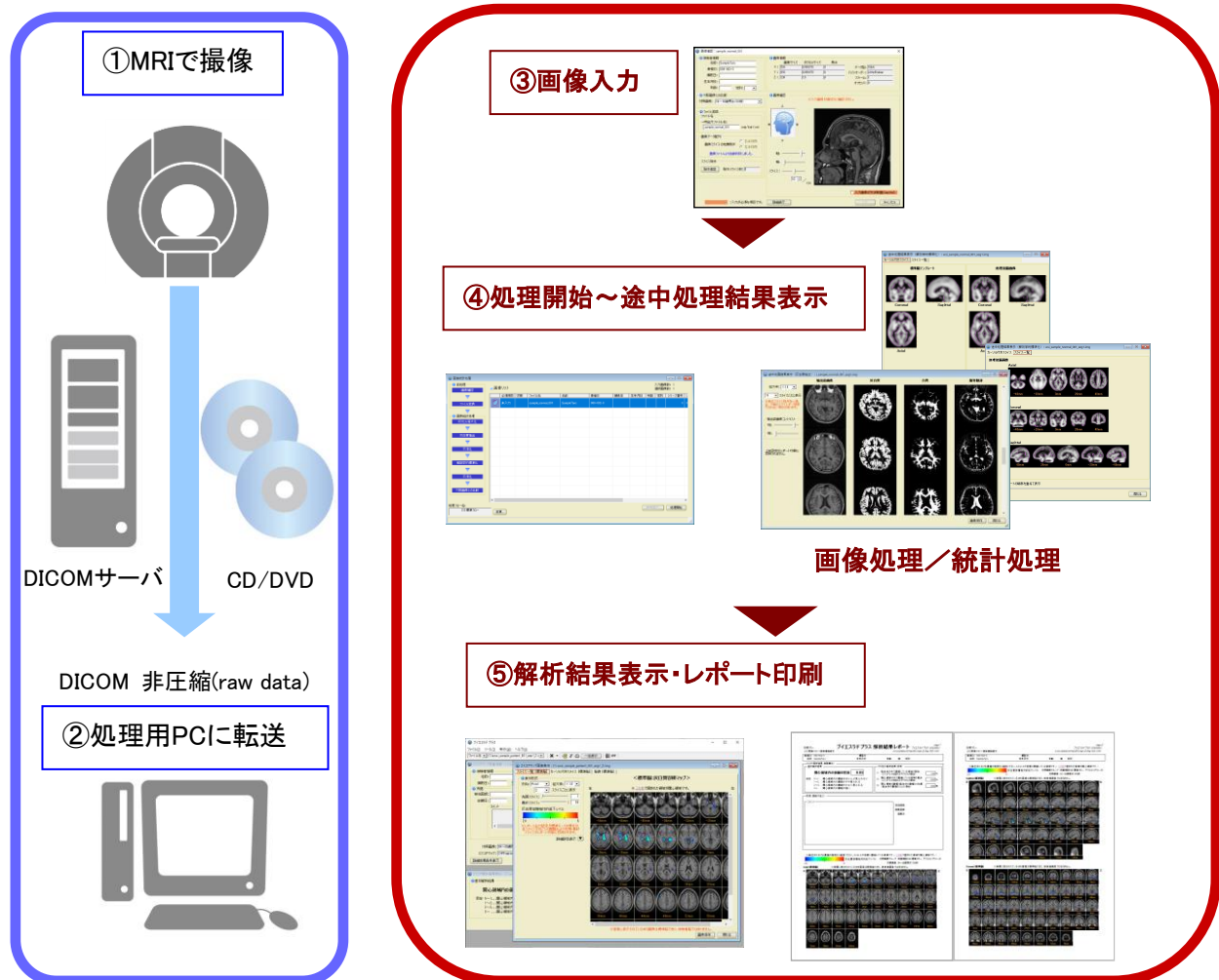
(\*2) MATLAB: 米国 MathWorks 社で開発された科学技術計算に使用されるソフトウェア。SPM は MATLAB 上で可動するスクリプトであるため、SPM を使用するために MATLAB が必要です。

(\*3) DICOM (Digital Imaging and COmmunications in Medicine): 様々なメーカーの医用画像関連機器 (CT、MRI、画像閲覧装置など) 間で自由に画像データをやり取りできるデータの記録形式。

## 1.2. 全体概要

本プログラムは、3D 撮像された被検者の脳 MR 画像を入力し、画像処理および統計処理によって、対照画像と比較した萎縮（脳容積の低下）を定量的に解析し、結果を画面に表示します。また、これに所見などを加えたレポートを作成して印刷することができます。

入力された MR 画像から、脳容積の低下を定量化するための解析の流れは、脳全体から灰白質組織を抽出し、さらに形態変換を行って、ある特定の“標準脳”にそろえることで、脳の大きさや形状といった個人間の差異を吸収します。このように処理された被検者の脳画像と、あらかじめ用意してある対照画像と統計的比較を行い、萎縮の度合いを画像化した Z スコアマップを作成します。さらに、関心領域内における萎縮程度など、診断の支援となる指標を算出します。



### 1.3. 推奨動作環境

本プログラムの推奨動作環境は次の通りです。

環境	推奨動作環境
● OS	Windows 7 SP1 (32bit 版、64bit 版／日本語版) Windows 10 (32bit 版、64bit 版／日本語版)
● CPU	Intel Core 2 Duo クラス以上
● 解像度	1280 × 1024 以上
● 色	HighColor (16bit) 以上
● メモリ	3.0GB 以上
● HDD 空き容量	インストール先ドライブの空き容量: 1GB 以上 (参考: パッケージの容量は約 100MB) ワークフォルダ用の空き容量: 3GB 以上 (参考: 256 × 256 × 140 枚の画像約 30 人分) 上記はあくまでも参考値であり、画像の解像度および枚数等により異なります。

- ※ 入出力される画像ファイルが多いため HDD の使用容量は増加します。使用状況によっては HDD の容量の確保が必要となる場合があります。
- ※ 本プログラムのインストールには、コンピュータ管理者の権限が必要です。
- ※ 本プログラムの動作には「.NET Framework 3.5」が必要です。
- ※ ハードウェア、メモリ容量、他のアプリケーションによる環境設定等により、正常に動作しない場合があります。
- ※ PC の画面設定における「テキスト、アプリ、その他の項目のサイズを変更する」という設定項目 (DPI 設定) は「100%」のみに対応しています。
- ※ 本プログラム上で法定表示を確認するには PDF 表示用プログラムが必要です。
- ※ OS の将来的なアップデートの影響やサポート期間の終了により、推奨動作環境の OS が変更となる可能性があります。



## 2章 チュートリアル

### 2.1. 本チュートリアルについて

本章では、本プログラムの基本的な処理の流れと、結果の見方について説明します。

☞ 各機能の詳細については、アプリケーションマニュアルを参照してください。

### 2.2. インストール

本プログラムをインストールする PC を用意してください。

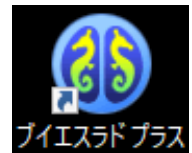
☞ 1.3推奨動作環境 をご確認ください。

※ 「バイエスラド」の以前のバージョンが入っている場合も、追加でインストールすることができます。

インストールメディア内の Setup.exe を実行し、画面の指示に従ってインストールを完了してください。

☞ 詳細はインストールマニュアルを参照してください。

デスクトップ上に「バイエスラド プラス」のアイコンが作成されます。



【医療機器承認前の VSRAD plus からの入れ替えにあたってのご注意】

医療機器版バイエスラドへの入れ替えにおいては、従来版からレポートレイアウト、処理結果出力先、健常者データベースの設定などの引き継ぎが自動では行われないため、初期設定から変更を加えられている場合、入れ替え前に従来版の設定状況をご確認いただくことを推奨いたします。詳しくは、インストールマニュアルをご確認ください。

なお、インストールパスワード／ライセンスキーも従来版から変わっておりますので、ご注意ください。何れもパッケージ貼付のシール記載のライセンスキーでインストール可能です。

### 2.3. 処理を行う画像の準備

本プログラムに入力する MR 画像を用意します。

※ 付属のサンプル画像でお試しいただけます。

サンプル画像は以下のフォルダにあります。

※ 初期設定のインストールフォルダ以外にインストールした場合は、C:\Program Files (x86)\VSRAD を実際のインストール先に読み換えてください。

ト Cドライブ	
ト Program Files (x86)	… (32ビット OS の場合は “Program Files” となります)
ト VSRAD	… (初期設定のインストールフォルダです)
ト plus_5	
ト sample	… サンプル画像フォルダ
ト mri_dicom	… サンプル DICOM 画像フォルダ (健常者1例 124 ファイル)
ト mri_analyze	… サンプル ANALYZE 画像フォルダ (健常者1例 3 ファイル)
ト result	… サンプル処理結果フォルダ (健常者、症例 各1例 計 22 ファイル)

## ✓ 【手順1】 撮像

MR 装置で、被検者の頭部 MR 画像を撮像します。本プログラムで前提としている画像は、次に示すような条件で撮像された画像です。入力画像が適切な条件で撮像されているかどうかは、本プログラムで有効な結果を得るための最も重要な要素ですので、既に撮像済みのデータを用いる場合は十分にご注意ください。また、本プログラムで対象とする被検者の年齢は 50 歳以上となっていますので、その点についてもご注意ください。

### 入力画像要件

本プログラムの入力画像は次の要件を満たすものとなります。灰白質と白質のコントラストが良いこと、画像に信号値ムラがないことも留意する必要があるため、次の要件とあわせてご確認ください。

- 3 次元 T1 強調画像
- 矢状断 (sagittal)
- 全脳をカバー (スラブ厚 16~18cm 程度)
- 画素数 256 × 256 程度
- スライス厚 0.8~1.5mm 程度
- AC-PC line が水平に近い (顎が上がっていると処理エラーを起こすことがあります)

### 推奨撮像条件

本プログラムは、推奨撮像条件によって撮像されたデータの処理において正常な動作が確認されています。機種ごとの撮像条件設定は、MR 装置メーカーによるブイエスラド (VSRAD) の推奨撮像条件パンフレット「テクニカルシリーズ 1」(1.5T 用) をご参照ください。

## ✓ 【手順2】 PC へのデータの取り込み

撮像した MR 画像を、DICOM 画像ファイルとして PC に取り込みます。MR 装置 (または DICOM 画像サーバ) から、CD、DVD、USB メモリ、ネットワークなどを介して、PC 上の適当なフォルダにコピーします (フォルダパスに全角・特殊文字が含まれないようにしてください)。

本プログラムで読み込むことのできる DICOM 画像のフォーマット上での条件は、「ブイエスラド プラス」の「DICOM 適合性宣言書」記載の条件となります。詳しくは「ブイエスラド」ホームページ (<https://medical.eisai.jp/products/vsrad/index.html>) をご参考ください。MR 画像を DICOM 画像ファイルとして取得する方法は、機器の種類や構成によって異なりますが MR 装置から直接取得する方法があればそれが確実です。具体的な方法については、MR 装置または DICOM サーバの管理者にご相談ください。

## 2.4. 本プログラムの処理

本プログラムで画像を処理します。ここでは、付属のサンプル DICOM 画像を処理する例を説明します。

### 【手順1】 起動

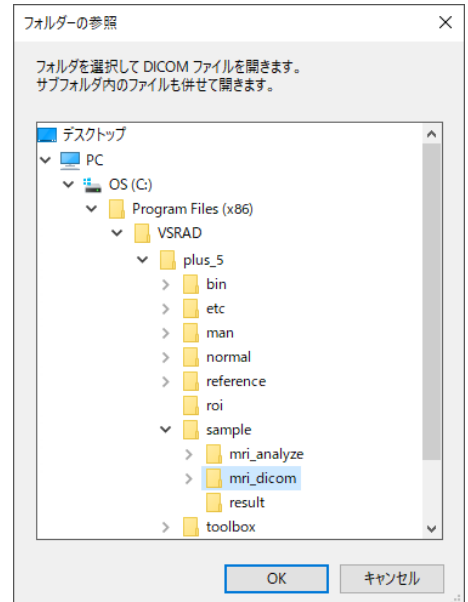
デスクトップ上にある「バイエスラド プラス」のアイコンをダブルクリックすると、プログラムが起動します。続いて、「ご利用にあたってのご注意」が表示されますので、表示内容をご確認し [OK] ボタンを押してください。

### 【手順2】 DICOM 画像を開く

メニューから[ファイル]→[DICOM フォルダを開く] を選択するとフォルダ選択ダイアログが表示されますので、サンプル画像があるフォルダ「C:\Program Files (x86)\VSRAD\plus\_5\sample\mri\_dicom」を選択してください（本プログラムが C:\Program Files (x86)\VSRAD にインストールされている場合）。サブフォルダも含めたフォルダ内の DICOM 画像がすべて読み込まれます。

- ※ フォルダ単位で指定する以外にも、DICOM をファイル単位で指定して開く方法もあります。また、DICOM 以外にANALYZE 画像ファイルを開くこともできます。

☞ 詳しくはアプリケーションマニュアルをご覧ください。

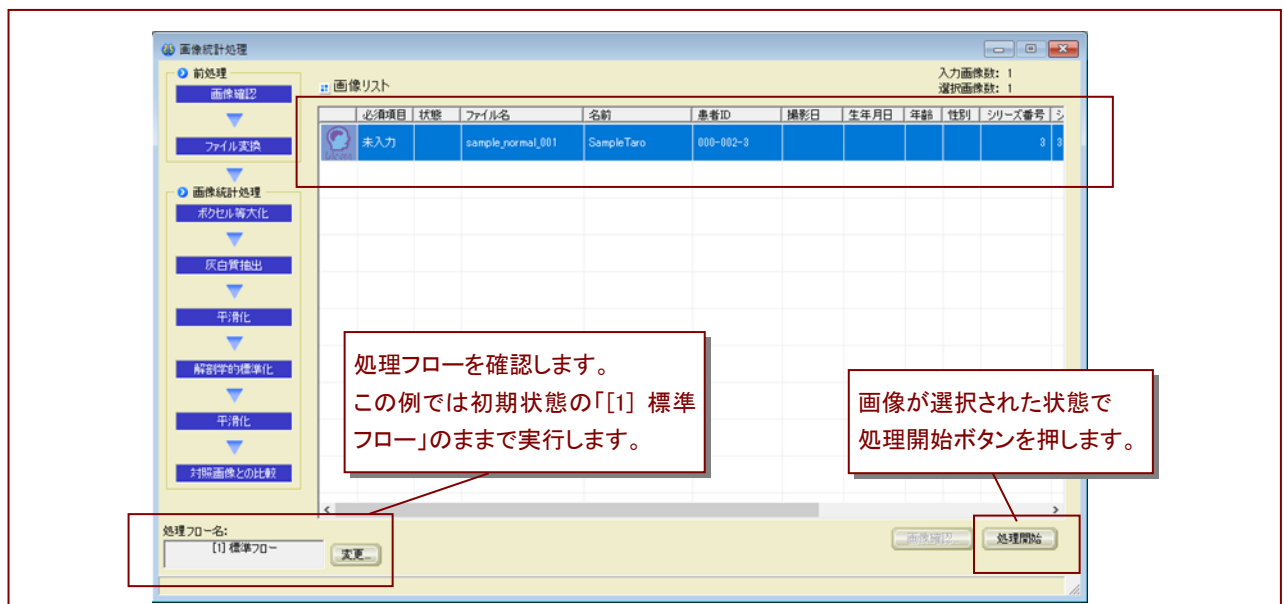


### 【手順3】 対象被検者の選択

[画像統計処理]ウィンドウが開き、読み込まれた画像リストが表示されます。選択された状態で[処理開始] ボタンを押すと [画像確認] ウィンドウが表示されます。

- ※ 複数の画像リストを一括して順次処理することもできます。

☞ 詳しくはアプリケーションマニュアルをご覧ください。



✓ 【手順4】 処理対象画像の確認・被検者情報の入力

画像確認ウィンドウでは以下のような確認・入力を行います。

- ① 「被検者情報」には、名前などの被検者情報の入力を行います。
- ② 「対照画像との比較」で、使用する「対照画像」を選択します。通常は初期設定の「54～86 歳男女(80 例)」を用います。
- ③ 画像確認には、左に見本、右に被検者画像が表示されます。画像の向きが正しいかよく確認してください。
- ④ 画像が矢状断面であることを確認したら、「入力画像が矢状断面(Sagittal)」にチェックを入れてください。
- ⑤ [OK]ボタンを押して処理を開始します。



重要ポイント

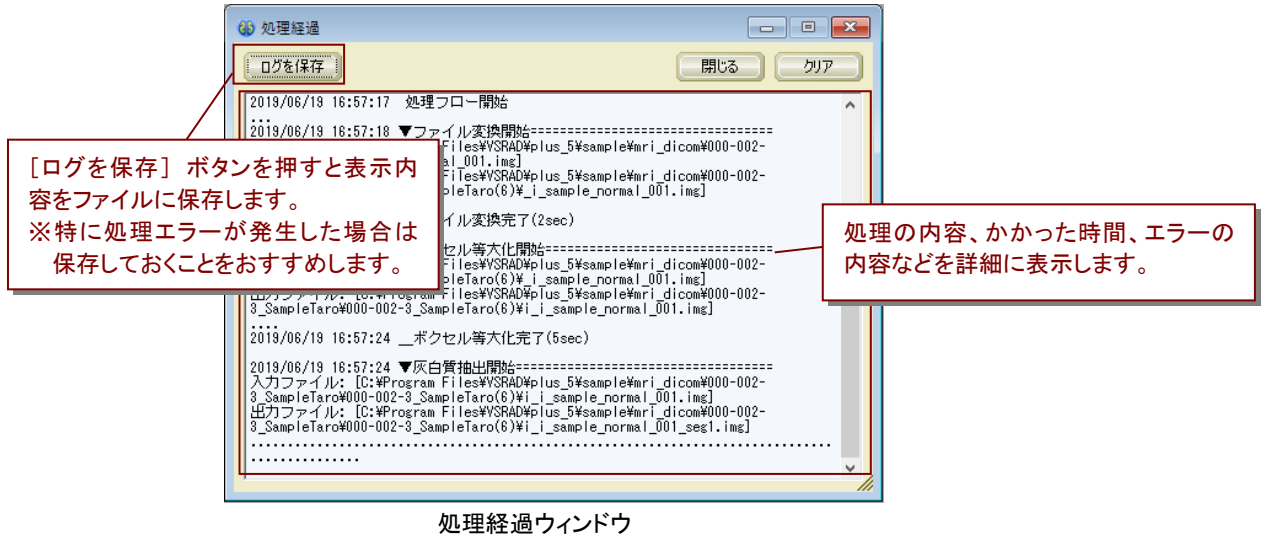
有効な処理結果を得るためには、入力画像が適切であることが重要です。  
入力画像をよくご確認ください。

☞ 確認の具体的なポイントは 4.1 画像確認画面  
をご参照ください。

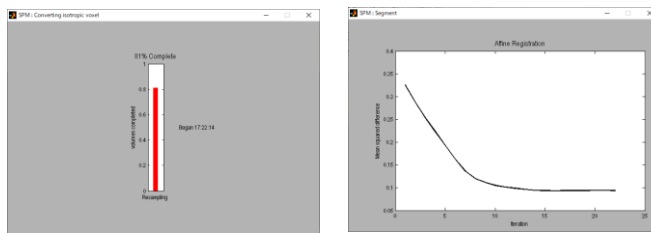
- ✓ 画像の向きは正しいか
- ✓ 全脳がカバーされているか
- ✓ 撮像範囲が広すぎないか
- ✓ AC-PC ラインが水平に近い(顎が極端に上がっていないか)
- ✓ 灰白質と白質のコントラストが良いか
- ✓ 画像にムラがないか
- ✓ アーチファクトがないか
- ✓ SNR が良いか
- ✓ T1 強調画像で低信号領域が広くみられないか
- ✓ 脳室が拡大していないか

✓【手順5】 画像統計処理状況と情報の確認

画像統計処理は、3～5 分程度かかります（推奨動作環境の場合）。  
 画像統計処理中には、以下のような情報を確認することができます。



処理経過ウィンドウ

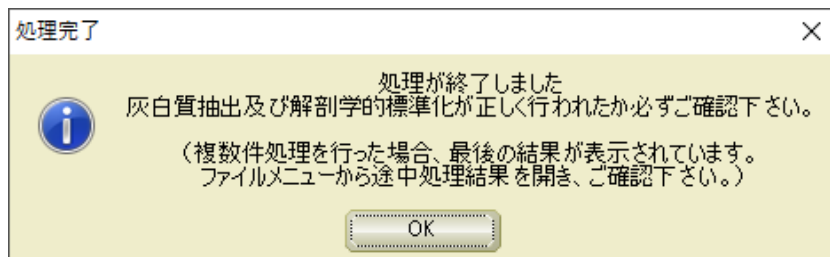


画像処理経過ウィンドウ  
 （処理ごとに異なるものが表示されます）

処理中に「画像統計処理」ウィンドウの右下の「処理中止」ボタンを押すことで実行中の処理を中止することができます。



処理が完了すると以下のようなダイアログが表示されます。

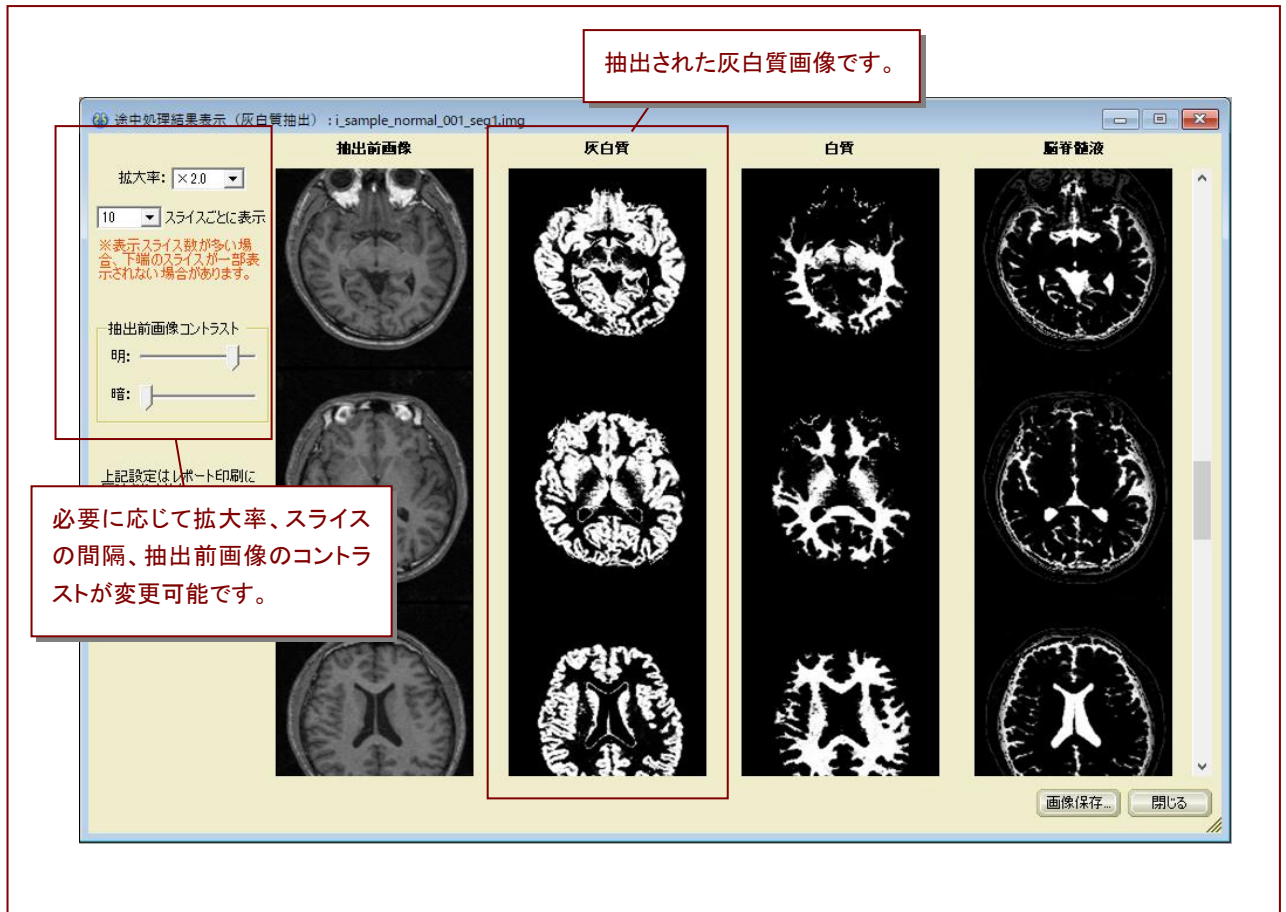


## 2.5. 途中処理結果の確認

処理完了後に表示される途中処理結果を確認してください。

### ✓【手順1】 途中処理結果の確認（灰白質抽出）

途中処理結果表示（灰白質抽出）ウィンドウに、灰白質抽出の処理結果が表示されています。処理が正常に行われたかご確認ください。



### 重要ポイント

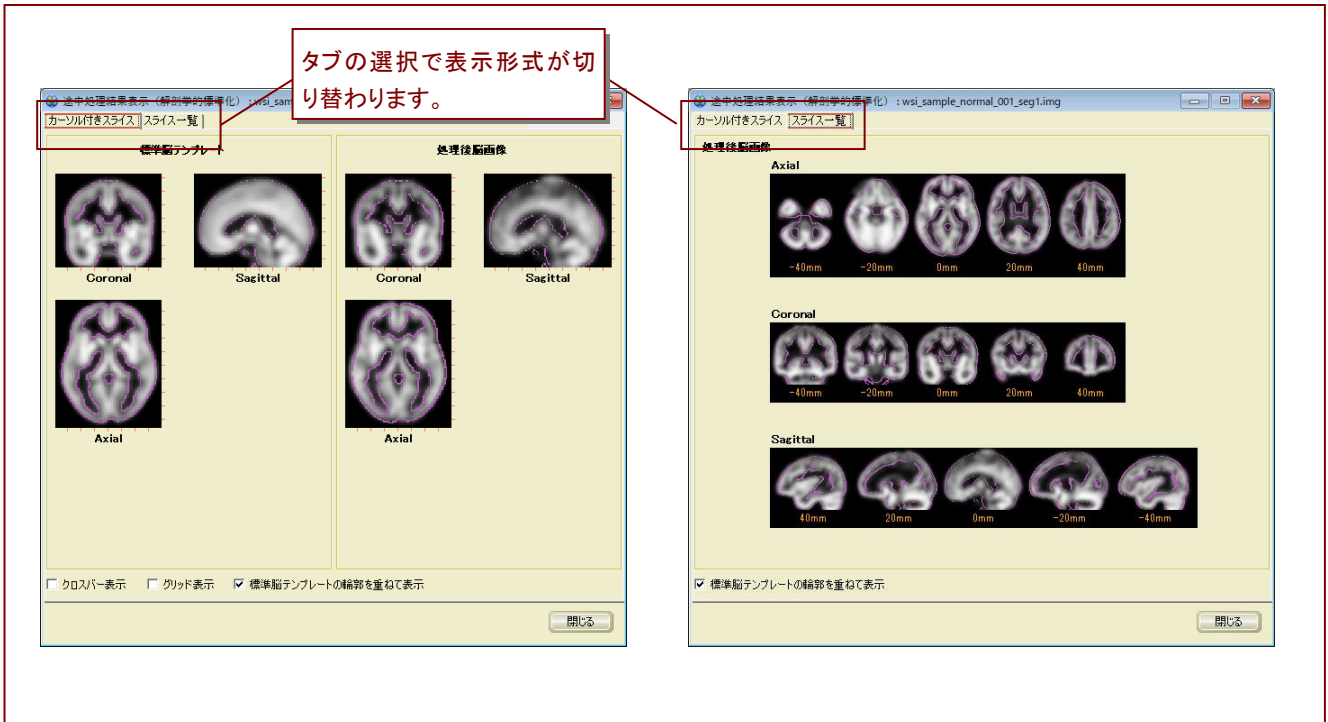
灰白質抽出の処理が正常に行われたか必ずご確認ください。

☞ 確認の具体的な事例は 4.2途中処理結果(灰白質抽出)をご参照ください。

✓ 各組織が不自然なく分割されているか

✓ **【手順2】 途中処理結果の確認（解剖学的標準化）**

途中処理結果表示(解剖学的標準化)ウィンドウに、解剖学的標準化の途中処理結果が表示されています。処理が正常に行われたかご確認ください。



**重要ポイント**

解剖学的標準化の処理が正常に行われたか必ずご確認ください。

☞ 確認の具体的な事例は 4.3途中処理結果表示(解剖学的標準化)をご参照ください。

✓ 脳全体が含まれているか

## 2.6. 処理結果の確認と評価（基本手順）

処理結果を確認し、レポート作成を行う最も基本的な手順を説明します。

### ✓ 【手順1】処理結果の確認

処理が完了すると、次ページ以降に示すような [Zスコアマップ画像表示]、[Zスコア解析結果表示]、[Zスコアマップ記載情報] の各ウィンドウが開かれます。

[Zスコアマップ画像表示] ウィンドウでは、対照画像と比較した被検者の灰白質容積低下(萎縮)レベルがZスコアマップとして表示されます。標準脳 MR 画像を背景にZスコアマップを表示する [スライス一覧 [標準脳]]、[カーソル付きスライス [標準脳]]、[脳表 [標準脳]] をタブ切り替えによって表示することができます。さらに、被検者脳表示を含む処理フローで処理した場合は、被検者脳 MR 画像の上にZスコアマップを表示する [スライス一覧 [被検者脳]]、[カーソル付きスライス [被検者脳]] も選択可能となります。(☞ 処理フローの詳細については 3.2 3.3 をご参照ください。)

[Zスコア解析結果表示] ウィンドウでは、Zスコアマップから「関心領域内の萎縮の程度」など、診断支援となる指標が定量的な数値として表示されます。

[Zスコアマップ記載情報] ウィンドウでは、所見などの文字情報を入力できます。これはレポート印刷に反映されます。

### ○ Zスコアマップとは

Zスコアとは、被検者画像と対照画像を統計比較した結果、平均値からの乖離が標準偏差の何倍あるかを示す値です。Zスコア『2』とは、平均値から標準偏差の2倍ということになり、統計学的に異常と解釈されます(P値で表示した場合 Z=1:P=0.317 Z=2:P=0.0455 Z=3:P=0.0027 Z=4:P=0.0001)。Zスコアは2mm立方(2mm×2mm×2mm)のボクセル単位ごとに求まるものですが、これを全ボクセルについて画像として表したものがZスコアマップです。

$$Z \text{ スコア} = \frac{\text{対照群平均ボクセル値} - \text{被検者ボクセル値}}{\text{対照群標準偏差}}$$

- ※ ボクセル値: 各ボクセルの灰白質容積密度を明るさ(輝度)で表した値
- ※ 撮像環境によって値は若干変動しますので、あくまで目安とお考えください。



### 重要ポイント

処理が正常に行われたか必ずご確認ください。

☞ 確認の具体的な事例は 4.4 Zスコアマップをご参照ください。

- ✓ Zスコアマップが全体的に異常に高くないか
- ✓ 関心領域内の萎縮の程度が異常に高くないか

※ 以下は、サンプル画像にある症例のZスコアマップを例に説明します。

メニューから [ファイル] → [Zスコアマップを開く] → [標準脳] を選択し、swsi\_sample\_patient\_000\_seg1\_Z.img を開くと同じものが参照できます。



■Zスコアマップ画像表示—スライス一覧[標準脳] タブ

紫線で囲まれた部分が関心領域として表示されます。

背景に表示されている MR 画像は標準脳です。(被検者の脳でないことに注意してください)

スライス位置の MNI 座標です。

画像の表示方法や範囲を変更できます。

※この色で囲まれた領域が関心領域

※レポート出力設定が標準モードの場合は、各スライス方向ごとの範囲および先頭・最終スライスがレポート印刷に反映されます。

標準脳: 灰白質容積マップ

※この色で囲まれた領域が関心領域

右

先頭スライス: 1  
最終スライス: 69

灰白質容積相対的低下レベル

2.0 6

※レポート出力設定が標準モードの場合は、各スライス方向ごとの範囲および先頭・最終スライスがレポート印刷に反映されます。

詳細設定表示

画像保存... 閉じる

■Zスコアマップ画像表示—カーソル付きスライス[標準脳] タブ

2つの標準座標系によりカーソル位置の解剖学的な座標を表示します。

カーソル位置のボクセルの Z スコアです。

カーソルを当てた場所で Z スコアが閾値以上のボクセル数が何ボクセル隣接しているか ⇒ 萎縮の空間的な大きさ、広さを示します。

カーソル位置の3断面において対応するスライスを表示します。

座標情報

MNI座標系 (mm)		Talairach座標系 (mm)	
X	0.00	X	0.00
Y	0.00	Y	0.00
Z	0.00	Z	0.00

Zスコア: 0.2 クラスサイズ: 0

表示形式

拡大率: ×2.5

クロスバー表示

グリッド表示

灰白質容積相対的低下レベル

2.0 6

詳細設定表示

右 左前 後

Coronal

右 左

Axial

Sagittal

※背景に表示されているMR画像は標準脳であり、被検者脳ではありません。

画像保存... 閉じる

■ Z スコアマップ画像表示－脳表[標準脳] タブ

表示形式  
拡大率: ×1.5

灰白質容積相対的低下レベル  
2.0 6

詳細設定表示 ▼

<標準脳:灰白質容積マップ>

左内側 右内側  
後 前  
右外側 左外側  
下 上

大脳皮質の内側面左右と、外側面前後左右上下の、計8方向の画像となります。  
表示される Z スコアは、脳表から投影面に垂直な方向に12mm(6 ボクセル)分の平均値です。

※背景に表示されているMRI画像は標準脳であり、被検者脳ではありません。

画像保存... 閉じる

### ■ Z スコア解析結果表示

「関心領域内の萎縮の程度」、およびその他の解析結果を数値化して表示します。関心領域は扁桃を含む両側海馬傍回付近に設定されています。

☞ 関心領域の詳細については 3.4 関心領域 (ROI: Region of Interest) について をご参照ください。

※ 撮像環境によって値は若干変動しますので、あくまで目安とお考えください。

「関心領域内の萎縮の程度」(関心領域内の正の Z スコアを平均したもの)を数値化して表示します。この例では、目安を参照すると、萎縮がかなり見られることが分かります。

各値右の「解説」ボタンを押すと各値の詳細な説明が表示されます。

この例では、(3)の値がかなり大きいことから、脳全体に対して関心領域内が特徴的に萎縮していることが分かります。なお (3) = (2) / (1) という関係になっています。

項目	値	単位
関心領域内の萎縮の程度	2.30	
(1) 脳全体の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア2.0を超えるボクセルの割合)	2.15	%
(2) 関心領域の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア2.0を超えるボクセルの割合)	62.57	%
(3) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較 (脳全体の萎縮を1とした場合)	29.06	倍

### ✓ 【手順2】 Z スコア記載情報の入力

[Z スコアマップ記載情報] ウィンドウの所見欄に、医師名、コメントを記入します。記入が完了したら [記載情報保存] ボタンを押して、Z スコアマップファイルとして保存してください。

所見欄に必要事項を記入します。

[記載情報保存] ボタンを押すとファイルに保存されます。

被検者情報

名前:  患者ID:

撮影日:  生年月日:  年齢:  性別:

所見

担当医師:  読影医師:

記載日:

コメント

対照画像: 54~86歳男女(80例)

Zスコアマップ: C:\Program Files (x86)\VSRAD\plus\_5\sample\resu\_\*.img/hdr/xml

詳細処理条件表示

記載情報保存

閉じる

## 2.7. 被検者脳表示を含む処理

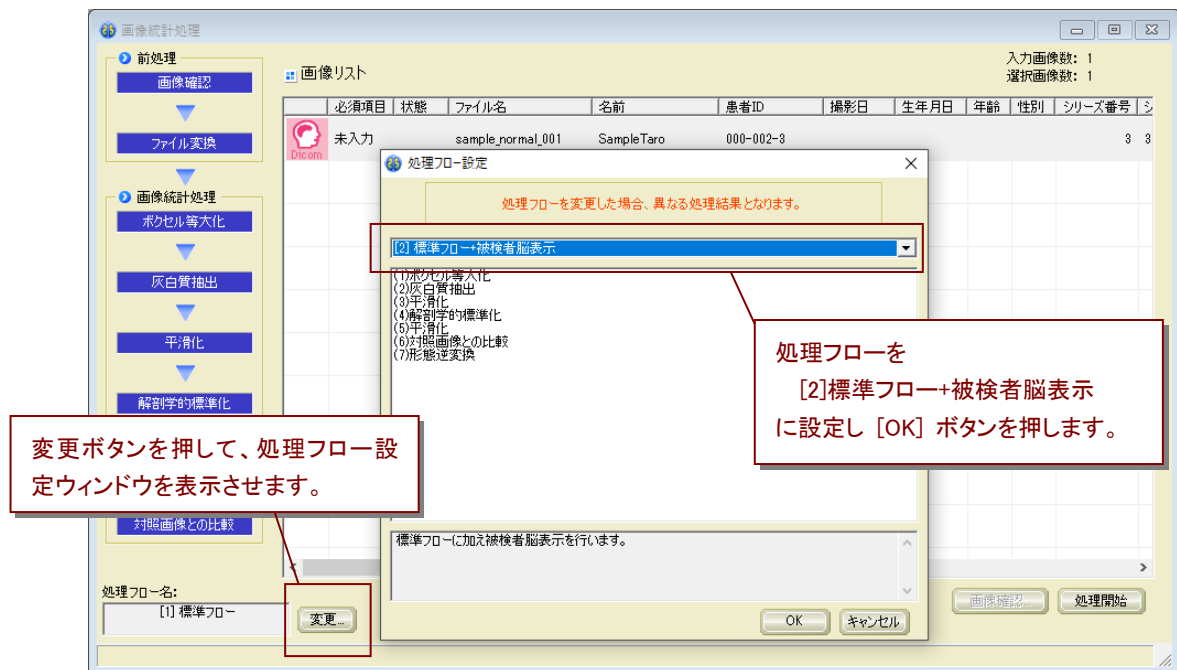
2.4 本プログラムの処理、2.6 処理結果の確認と評価（基本手順）までの流れで、処理フローを変更して被検者脳表示を行う場合の手順の違いを説明します。

### ✓【手順1】フローの選択～処理実行

本プログラムを起動し、DICOM 画像を読み込み、[画像統計処理] ウィンドウの [変更] ボタンを押して、[処理フロー設定] ウィンドウを表示させます。[処理フロー設定] ウィンドウにおいて、処理フローを「[2]標準フロー+被検者脳表示」に設定し [OK] ボタンを押します。

☞ それぞれの処理フローの違いに関しては 3.3 処理フローの種類 をご参照ください。

画像リストを選択し、[処理開始] ボタンを押すと [画像確認] ウィンドウが表示されますので、画像を確認後処理を開始します。



画像統計処理が完了したら、途中処理結果の確認を行ってください。

処理が完了すると、[Zスコアマップ画像表示]、[Zスコア解析結果表示]、[Zスコアマップ記載情報] の各ウィンドウが開かれます。

[Zスコアマップ画像表示] ウィンドウでは、標準脳 MR 画像を背景に Z スコアマップを表示する [スライス一覧 [標準脳]]、[カーソル付きスライス [標準脳]]、[脳表 [標準脳]] タブに加えて、被検者脳 MR 画像の上に Z スコアマップを表示する [スライス一覧 [被検者脳]]、[カーソル付きスライス [被検者脳]] も選択可能となります。

被検者脳 MR 画像の上に表示される Z スコアマップ（以下、「被検者脳 Z スコアマップ」と呼びます）は、標準脳の Z スコアマップ（以下、「標準脳 Z スコアマップ」と呼びます）に対して空間的な変換（形態逆変換）を行ったものです。

これによって、標準脳 Z スコアマップで萎縮として評価された領域が、被検者脳上でどこにあたるか目安として確認することができます。ただし、**被検者脳 Z スコアマップは、あくまで表示上としての目安であり、被検者脳での萎縮の程度を統計的に表しているものではありません。**

☞ 被検者脳表示の詳細については 3.3 処理フローの種類 の被検者脳表示の項もご参照ください。

### ■Z スコアマップ画像表示—スライス一覧[被検者脳] タブ

処理フロー名に「被検者脳表示」のあるもの([2][4][6][7]のフロー)で処理した場合にのみ表示されます。

標準脳座標系から被検者脳座標系に変換したZスコアマップを表示します。被検者脳表示では、関心領域およびMNI座標は表示されません。

「背景MRI画像」は被検者の脳画像です。

画像の表示方法や範囲を変更できます。

### ■Z スコアマップ画像表示—カーソル付きスライス[被検者脳] タブ

ボクセル座標系によりカーソル位置座標を表示します。

カーソル位置のボクセルのZスコアです。

クラスタサイズは表示されません。

カーソル位置の3断面において対応するスライスを表示します。

実際の委縮

処理フロー名に「被検者脳表示」のあるもの([2][4][6][7]のフロー)で処理した場合にのみ表示されます。

### ■Z スコアマップ画像表示の詳細設定

Z スコアマップ画像表示ウィンドウの左下部分で、表示に関する詳細な設定ができます。各タブに関して共通の設定となります。(標準脳 Z スコアマップの表示のみの場合でも利用できます。)

**詳細設定表示ボタンを押すと詳細設定の表示／非表示が切り替わります。**

**Z スコアマップの表示／非表示を切り替えます。  
Z スコアマップ非表示機能は、被検者脳表示で、被検者の MR 画像で Z スコアマップに隠れた部分を確認するのに便利です。**

**Z スコアマップの表示範囲を切り替えます。  
・低下部位のみ表示(初期設定)  
Z スコア > 0 の領域、すなわち対照画像と比較して被検者の方の容積が低い(萎縮している)領域のみを色付けして表示します。  
・増加部位のみ表示  
Z スコア < 0 の領域、すなわち対照画像と比較して被検者の方の容積が高い領域のみを色付けして表示します。  
・同時表示  
低下部位、増加部位の両方の領域を色付けして表示します。**

**Z スコアマップの色付けの範囲と、色の変化を変更します。**

**クラスタサイズの閾値を変更します。(脳表以外の標準脳のみで有効)**

**Z スコアマップの色の透明度を変更します。  
被検者脳表示で、被検者の MR 画像と Z スコアマップを重ねて両方を見るのに便利です。**

**ROI の表示／非表示を切り替えます。(脳表以外の標準脳でのみ有効)**

**Z スコアマップ画像表示 : (1) swsi\_sample\_normal\_00**  
スライス一覧 [標準脳] カーソル付きスライス [標準脳]

**座標情報**  
MNI座標系(mm) Talairach座標系(mm)  
X 0.00 0.00  
Y 0.00 0.00  
Z 0.00 0.00  
Zスコア: -1.25 クラスタサイズ: 0

**表示形式**  
拡大率: ×2.5  クロスバー表示  グリッド表示  
灰白質容積相対的低下レベル  
2.0 6

**詳細設定(共通)**  
Zスコアマップ  
 表示する  
表示範囲: 低下部位のみ表示  
表示域  
閾値: 2.0 最大値: 6  
クラスタサイズ(単位: ボクセル数)  
閾値: 0  
透明化  
透過率: 0  
ROI  
 表示する ROI for AD:T=6.5 flow1(...)  
※詳細設定の設定が印刷に反映されます。  
標準設定に戻す 設定を保存

## 2.8. レポートの印刷

レポートの印刷方法について説明します。

本バージョンでは、レポートの出力形式を「標準モード」、「拡張モード」のいずれかから選択できます。

### ●標準モード(初期設定)

2枚のレポートが出力される標準的な出力形式です。

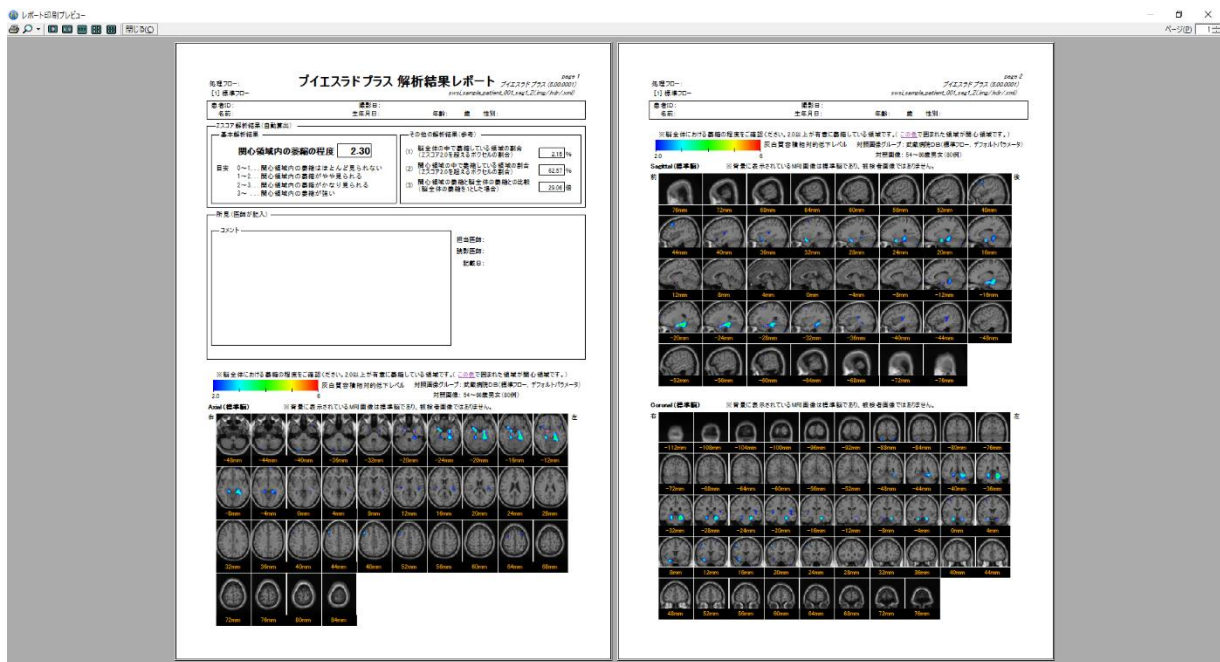
### ●拡張モード(1枚で完結した解析結果レポート)

「バイエスラド プラス シンプルレポート」が出力される形式です。レイアウトの変更等も可能です。

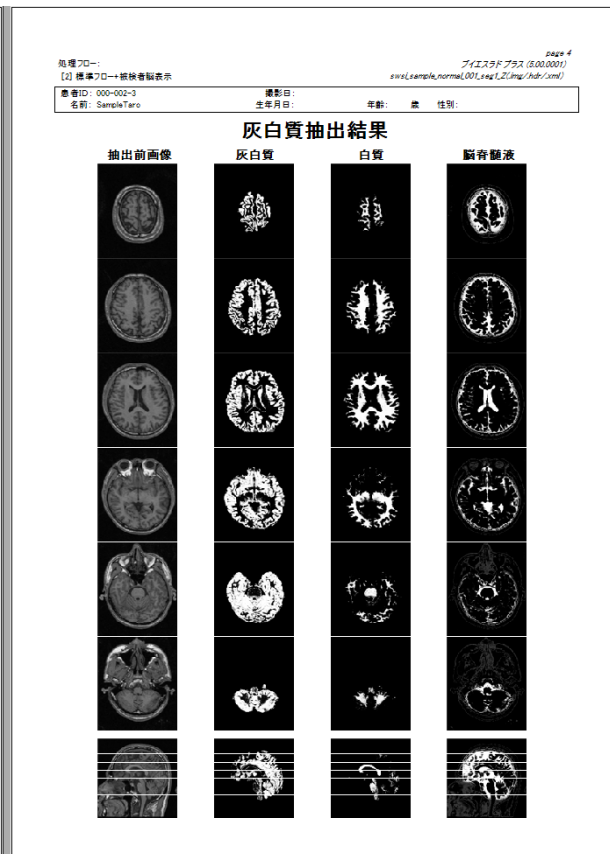
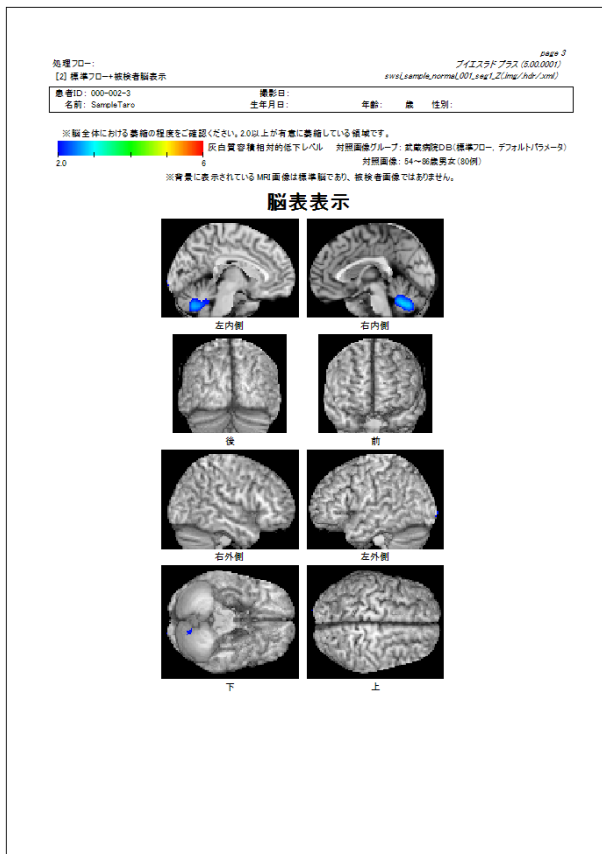
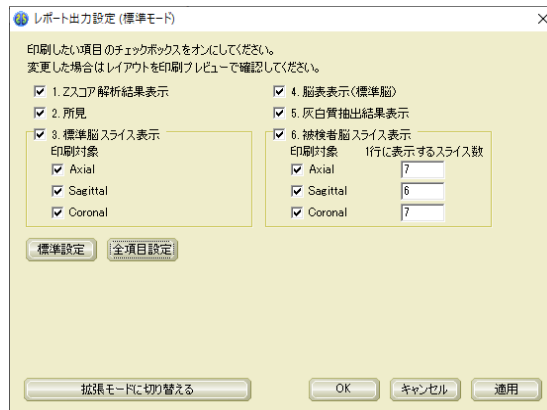
※ 医療機器承認前のVSRAD plus では、VSRADの解析結果をふまえた所見として、ADに特徴的な萎縮が認められるかどうか、といった観点で5段階でチェックする所見評価欄が設けられていました(「シンプルレポート設定」では脳表表示解析結果の下に出力)が、医療機器版の「バイエスラド プラス」では削除されました。

### 2.8.1. 標準モード(初期設定)のレポート印刷

Zスコアマップを開いている状態で、メニューから [ファイル] → [レポート印刷プレビュー] を選ぶと、レポートを印刷した場合のイメージが表示されます。表示されたイメージで問題なければレポート印刷プレビュー画面を一度閉じて、メニューから [ファイル] → [レポートの印刷] を選ぶと印刷されます。またメニューから [ファイル] → [レポートを画像として保存] を選ぶと、ビットマップ形式などの画像ファイルとして保存することもできます。

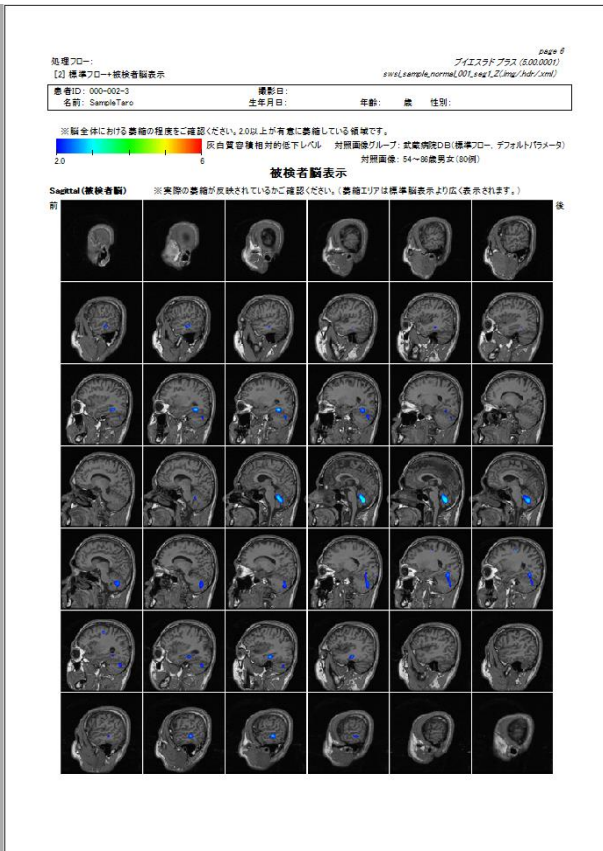
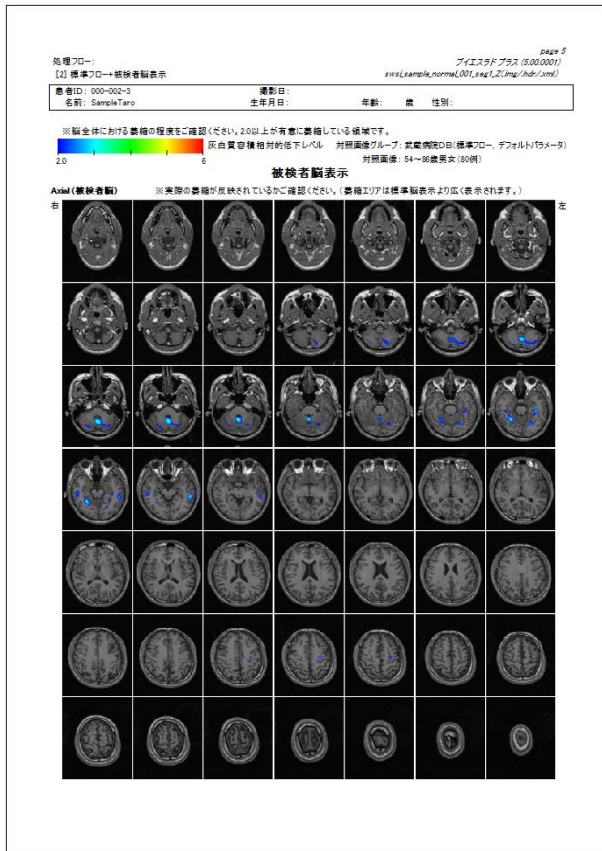


レポートは標準設定では、Zスコア解析結果、所見、標準脳スライス3断面の2ページが出力されます。さらに、[レポート出力設定]で、脳表表示、灰白質抽出結果表示、被検者脳スライス表示(被検者脳表示を含むフローで処理した画像のみ)にチェックを入れるとこれらもレポートとして出力するように設定できます。

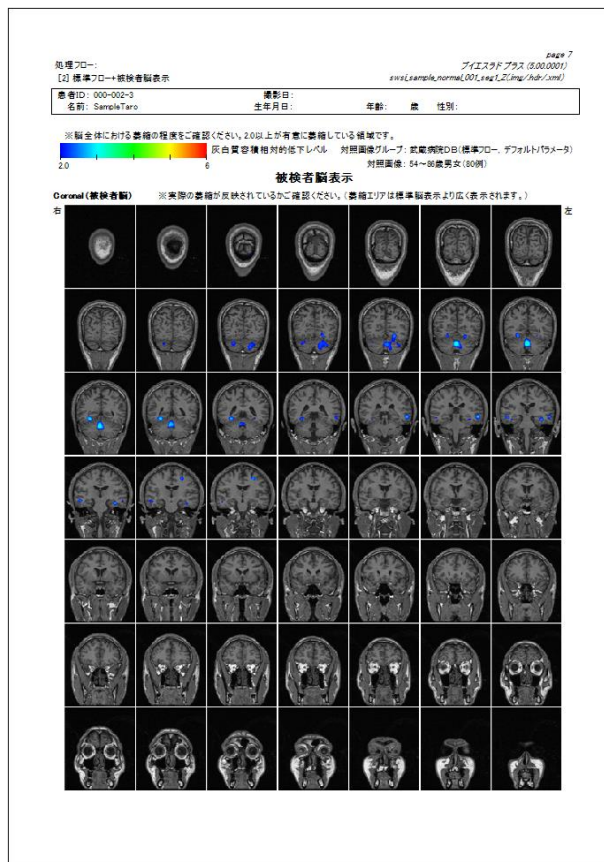


左:脳表表示(標準脳)、右:灰白質抽出結果





左:被検者脳スライス(axial)、右:被検者脳スライス(sagittal)



被検者脳スライス(coronal)

### ※レポートに印刷されるスライスの範囲について

レポートに印刷されるスライスとは、[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウの [スライス一覧] タブで表示されている範囲のスライスとなります。

標準脳については、見開き 2 ページとなるように(各断面あたり約半ページ)、被検者脳については、各断面1ページとなるように調整されています。

特に被検者脳については、画像によって全スライス枚数が不定であるため、1 ページに表示可能なスライス数となるように、中心スライスを対称として、先頭スライスおよび最終スライスまでのスライス数が等しくなるように、表示の範囲が自動で調整されています。

そのため、表示スライスの間隔、先頭スライス、最終スライスの数値を手動で変更した場合や、[レポート出力設定]で「1 行に表示するスライス数」を Z スコアマップ表示後に変更した場合には、レポートの印刷枚数が変動することがあります。

### 2.8.2. 拡張モードのレポート印刷

拡張モードには以下のような特長があります。

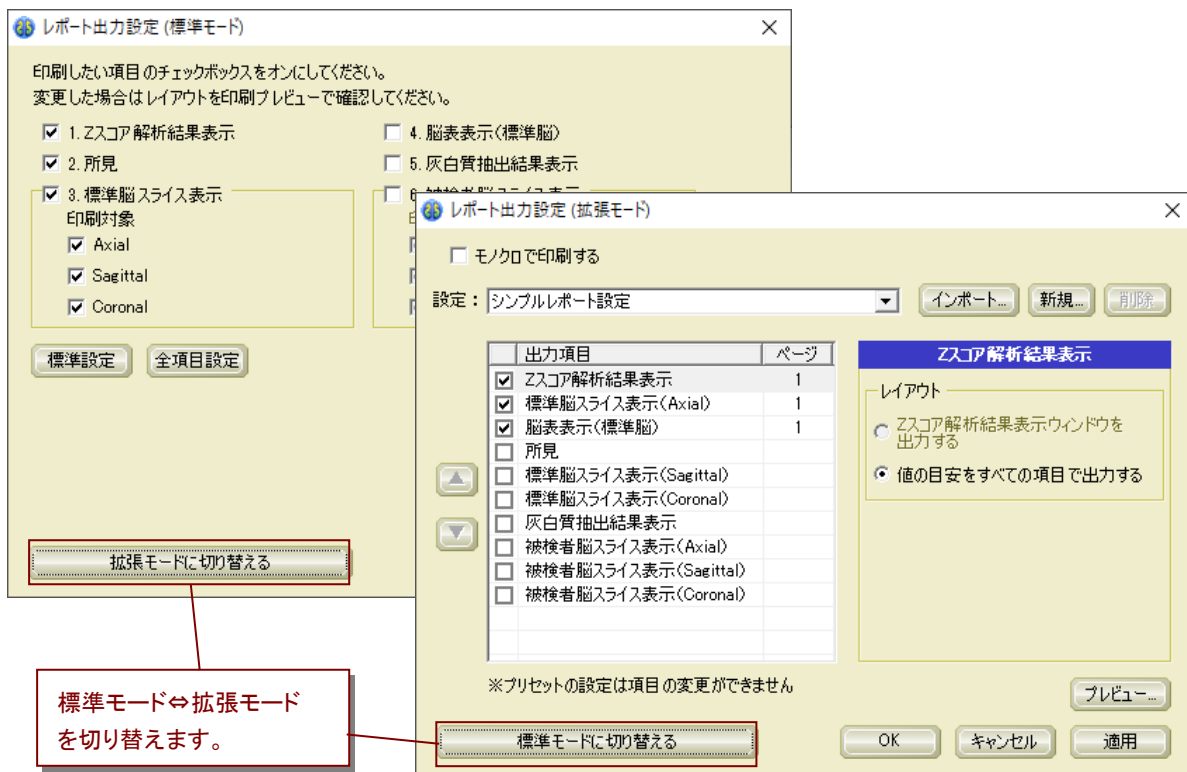
- 解析結果の4つの数値、標準脳 axial、脳表を1枚で印刷できます。
- 解析結果の4つの数値の解説が確認できます。
- モノクロ印刷モードにより、モノクロで印刷されたレポートでも萎縮表示がみやすくなります。

#### ■ 拡張モードの設定

メニューから [ファイル]→[レポート出力設定] を選ぶと [レポート出力設定] ウィンドウが表示されます。初期状態ではウィンドウタイトルが「レポート出力設定 (標準モード)」となっていますが、[拡張モードに切り替える] ボタンを押し、ウィンドウタイトルが「レポート出力設定 (拡張モード)」となるよう変更します。

この画面の「設定:」欄で「シンプルレポート設定」が選ばれていることを確認したうえで、[OK] ボタンを押して設定を保存します。

※ 設定を元に戻す場合は、[標準モードに切り替える] ボタンを押して、「レポート出力設定 (標準モード)」を表示させた状態で [OK] ボタンを押してください。



■ レポート印刷を行う

メニューから [ファイル]→[レポート印刷] を選ぶと [印刷]ダイアログが表示されます。所望のプリンタを選択し [OK]ボタンを押すと印刷が行われます。

拡張モードの「シンプルレポート設定」では、以下のように、解析結果の 4 つの数値、標準脳 axial、脳表の順でレイアウトされます。

page 1  
バイエスラド プラス (5.00.0001)  
swsi\_sample\_normal\_001\_seg1\_Z(img/hdr/.xml)

処理フロー: [1] 標準フロー

患者ID: 000-002-3  
名前: SampleTaro

撮影日:  
生年月日:                      年齢:    歳    性別:

---

Zスコア解析結果(自動算出)

<p><b>(1) 関心領域内の萎縮の程度</b> <span style="float: right; border: 1px solid black; padding: 2px;">0.85</span></p> <p><small>【解説】関心領域内の萎縮の強さを表す指標です。 [参考] 0~1... 関心領域内の萎縮はほとんど見られない 1~2... 関心領域内の萎縮がやや見られる 2~3... 関心領域内の萎縮がかなり見られる 3~... 関心領域内の萎縮が強い</small></p>	<p><b>(3) 関心領域の中で萎縮している領域の割合</b> <span style="float: right; border: 1px solid black; padding: 2px;">0.00 %</span></p> <p><small>【解説】関心領域内の萎縮の広がりを表す指標です。 [参考] 0~30... 萎縮している面積が狭い 30~50... 萎縮している面積がやや広い 50~... 萎縮している面積が広い</small></p>
<p><b>(2) 脳全体の中で萎縮している領域の割合</b> <span style="float: right; border: 1px solid black; padding: 2px;">1.56 %</span></p> <p><small>【解説】脳全体の状態を表す指標です。 [参考] 10~... 脳全体の萎縮が強い</small></p>	<p><b>(4) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較</b> <span style="float: right; border: 1px solid black; padding: 2px;">0.00 倍</span></p> <p><small>【解説】関心領域内の選択的な萎縮を表す指標です。 [参考] 0~4... 選択性があるとはいえない 4~8... 選択性が認められる 8~... 選択性が強い</small></p>

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。2.0以上が有意に萎縮している領域です。(この色で囲まれた領域が関心領域です。)

灰白質容積相対的低下レベル    対照画像グループ: 武蔵病院DB(標準フロー、デフォルトパラメータ)  
対照画像: 54~86歳男女(80例)

**Axial (標準脳)**                      ※背景に表示されているMRI画像は標準脳であり、被検者画像ではありません。

右
左

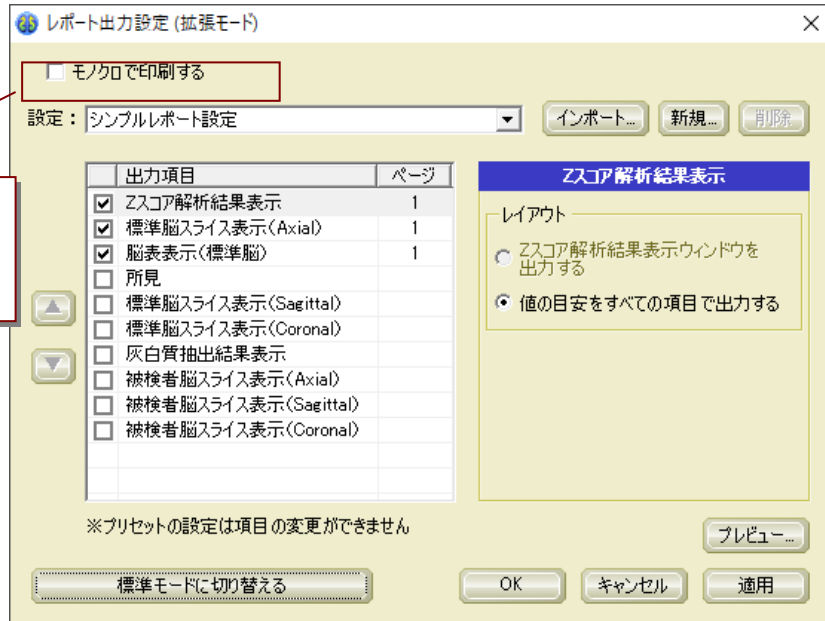
**脳表表示(標準脳)**                      ※背景に表示されているMRI画像は標準脳であり、被検者画像ではありません。

■ モノクロプリンタに適した形式でレポートを印刷する

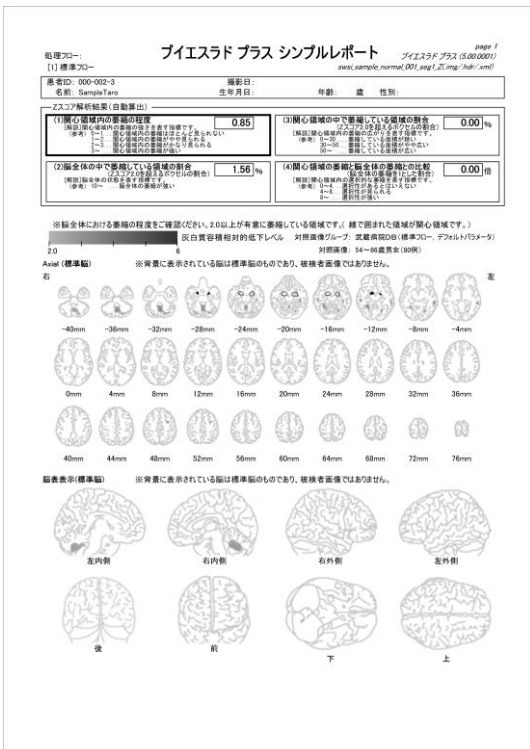
モノクロ印刷用の出力方法について説明します。モノクロ印刷用の設定では、標準脳スライス表示、脳表表示がモノクロ印刷に最適化された形式になります。

メニューから [ファイル]→[レポート出力設定] を選び、画面左上の「モノクロで印刷する」にチェックを入れ、[OK] ボタンを押します。この状態でレポート印刷を行うとモノクロ印刷に最適化された印刷が行われます。

チェックするとモノクロプリンタに適した印刷になります。



左図のように、標準脳スライス表示と脳表表示について、「背景MRI」が線画で表され、萎縮マップは Z スコアが高いほど濃い黒で印刷されるため、モノクロ印刷でも見やすいものとなります。ROI は萎縮マップよりさらに濃い黒で印刷されます。



- ※ 被検者脳スライス表示、灰白質抽出結果表示については、モノクロ印刷に最適化された形式はありません。
- ※ Z スコアマップの表示範囲を「同時表示」としている場合はモノクロ印刷を行うことはできません。
- ※ ROIの表示は、ROIの境界ボクセルを黒色で出力しているため、境界部が面状に現れるスライス(axial では-28mm や -12mm のスライス)では黒い塊に見える部分がありますのでご注意ください。

## ■ オリジナルのレイアウトでレポートを印刷する

拡張モードのシンプルレポート設定は 1 ページの固定レイアウトですが、オリジナルのレポート出力設定を作成することで自由度が高い多彩なレイアウトも作成可能です。

標準モードでは項目別の印刷有無が設定できますが、拡張モードではさらに以下のような特徴があります。

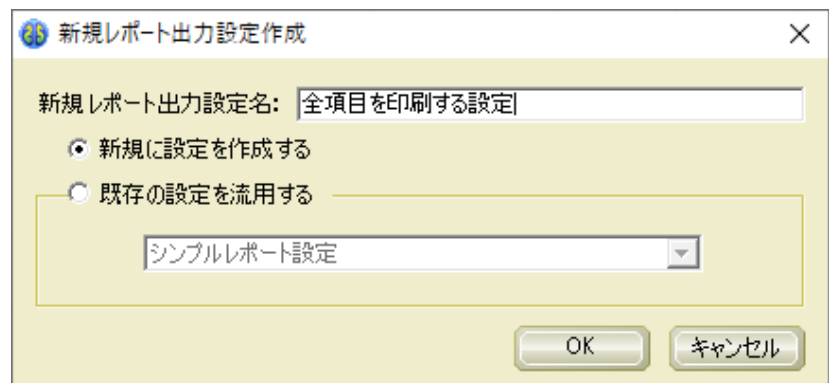
- 各出力項目について、1 ページに占める割合など設定可能な要素が多くなりました。(出力項目によって設定可能な要素が異なります)
- 各出力項目の順序を自由に設定できます。
- 各出力項目が何ページに出力されるか即座にわかり、さらにプレビューで確認することも可能です。

ここでは、オリジナルのレポート出力設定を作成して印刷する例を示します。

### ✓ 【手順1】 レポート出力設定を新規作成する

[レポート出力設定 (拡張モード)] ウィンドウで、[新規] ボタンを押すと [新規レポート出力設定作成] ウィンドウが表示されます。

「新規レポート出力設定名:」に任意の名称を入力し、すでに登録してある設定をコピーして作り始める場合は「既存の設定を流用する」にチェックを、そうでない場合は「新規に設定を作成する」にチェックを入れ、[OK] ボタンを押します。



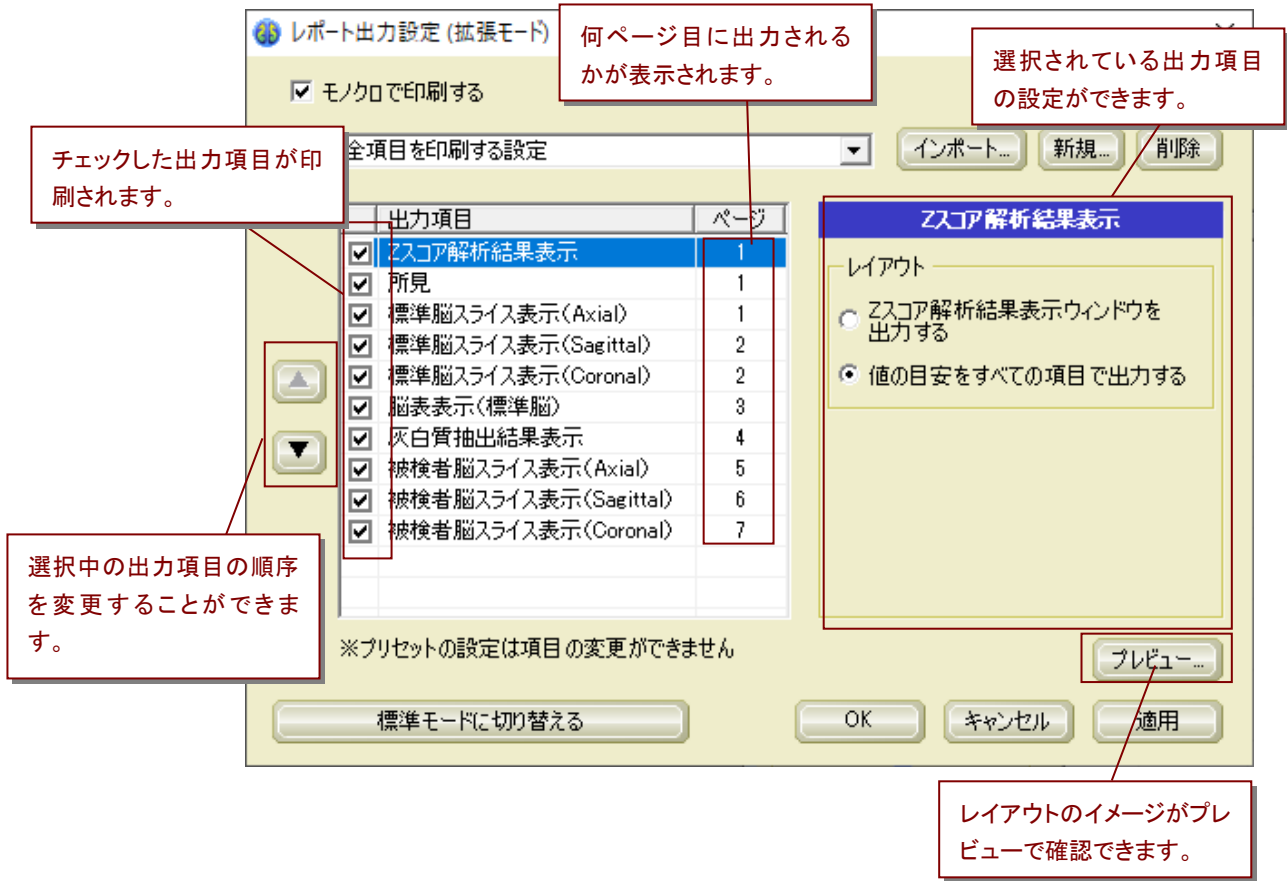
### ✓ 【手順2】 出力項目を選択する

[レポート出力設定 (拡張モード)] ウィンドウで、出力項目名の左のチェックボックスで印刷の有無を設定します。チェックしたものが印刷対象となります。

さらに、上下矢印ボタンで印刷される順序を変更することができます。

出力項目には次のものがあります。

- ・ Z スコア解析結果表示
- ・ 所見
- ・ 標準脳スライス表示 (Axial)
- ・ 標準脳スライス表示 (Sagittal)
- ・ 標準脳スライス表示 (Coronal)
- ・ 脳表表示 (標準脳)
- ・ 灰白質抽出結果表示
- ・ 被検者脳スライス表示 (Axial)
- ・ 被検者脳スライス表示 (Sagittal)
- ・ 被検者脳スライス表示 (Coronal)



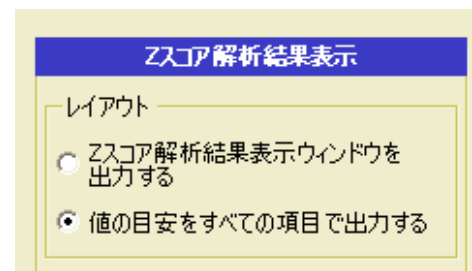
✓ 【手順3】各出力項目の詳細を設定する

出力項目には、それぞれに異なる設定要素があります。必要に応じて設定を行います。

■ Zスコア解析結果表示

Zスコアマップ解析結果である4つの値を表示します。次の2通りの形式から選択できます。

- (1) Zスコア解析結果表示ウィンドウを出力する
- (2) 値の目安をすべての項目で出力する



(1)は、下図のように、本プログラムのZスコア解析結果表示の画面と同じレイアウト形式です。

Zスコア解析結果(自動算出)		その他の解析結果(参考)	
基本解析結果			
関心領域内の萎縮の程度	0.85	(1) 脳全体の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア2.0を超えるボクセルの割合)	1.56%
目安 0~1... 関心領域内の萎縮はほとんど見られない		(2) 関心領域の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア2.0を超えるボクセルの割合)	0.00%
1~2... 関心領域内の萎縮がやや見られる		(3) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較 (脳全体の萎縮を1とした場合)	0.00倍
2~3... 関心領域内の萎縮がかなり見られる			
3~ ... 関心領域内の萎縮が強い			

(2)は、以下のように 4 つの値すべてについて値の目安が表示され、それぞれが同じ大ききで表示される形式です。

Zスコア解析結果(自動算出)	
<b>(1)関心領域内の萎縮の程度</b> [解説]関心領域内の萎縮の強さを表す指標です。 (参考) 0~1...関心領域内の萎縮はほとんど見られない 1~2...関心領域内の萎縮がやや見られる 2~3...関心領域内の萎縮がかなり見られる 3~...関心領域内の萎縮が強い	<b>0.85</b>
<b>(2)脳全体の中で萎縮している領域の割合</b> (Zスコア2.0を超えるボクセルの割合) [解説]脳全体の状態を表す指標です。 (参考) 10~...脳全体の萎縮が強い	<b>1.56 %</b>
<b>(3)関心領域の中で萎縮している領域の割合</b> (Zスコア2.0を超えるボクセルの割合) [解説]関心領域内の萎縮の広がりを表す指標です。 (参考) 0~30...萎縮している面積が狭い 30~50...萎縮している面積がやや広い 50~...萎縮している面積が広い	<b>0.00 %</b>
<b>(4)関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較</b> (脳全体の萎縮を1とした割合) [解説]関心領域内の選択的な萎縮を表す指標です。 (参考) 0~4...選択性があるとはいえない 4~8...選択性が見られる 8~...選択性が強い	<b>0.00 倍</b>

■ 所見

Z スコアマップ記載情報の所見欄を出力します。次の 2 通りの形式から選択できます。

- (1) コメント(最大 15 行)
- (2) コメント(最大 5 行)

**所見**

所見出力項目

コメント(最大15行)

コメント(最大5行)

※ 「所見」項目においてはコメントのみ入力可能です。医療機器承認前の VSRAD plus にあった、AD に特徴的な萎縮がみられるかどうかを 5 段階でチェックする「所見評価欄」の項目は、本プログラムでは搭載されていません。

(1)は下図のようにコメントを 15 行で出力する形式です。所見記入に際して、コメントを 5 行以上記入される場合に適しています。

所見(医師が記入)

コメント

コメントのサンプル 1 行目です。  
 コメントのサンプル 2 行目です。  
 コメントのサンプル 3 行目です。  
 コメントのサンプル 4 行目です。  
 コメントのサンプル 5 行目です。  
 コメントのサンプル 6 行目です。  
 コメントのサンプル 7 行目です。  
 コメントのサンプル 8 行目です。  
 コメントのサンプル 9 行目です。  
 コメントのサンプル 10 行目です。  
 コメントのサンプル 11 行目です。  
 コメントのサンプル 12 行目です。  
 コメントのサンプル 13 行目です。  
 コメントのサンプル 14 行目です。  
 コメントのサンプル 15 行目です。

担当医師:  
 読影医師:  
 記載日:

(2)は下図のようにコメントを 5 行で出力する形式です。スペースがコンパクトであるため、所見記入に際してコメントを 5 行以内で記入される場合に適しています。

所見(医師が記入)

コメント

コメントのサンプル 1 行目です。  
 コメントのサンプル 2 行目です。  
 コメントのサンプル 3 行目です。  
 コメントのサンプル 4 行目です。  
 コメントのサンプル 5 行目です。

担当医師:  
 読影医師:  
 記載日:



■ 標準脳スライス表示 (axial, sagittal, coronal)

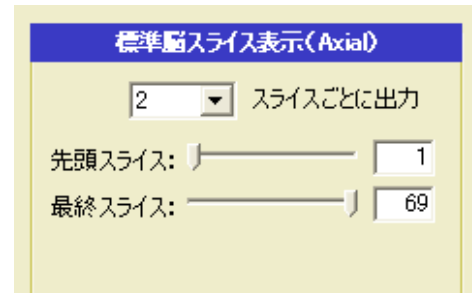
Z スコアマップ画像表示のスライス一覧[標準脳] で表示される axial、sagittal、coronal の各断面画像の出力を行います。

各断面について、

- ・ 何スライスごとに出力するか
- ・ 先頭スライス
- ・ 最終スライス

が指定できます。

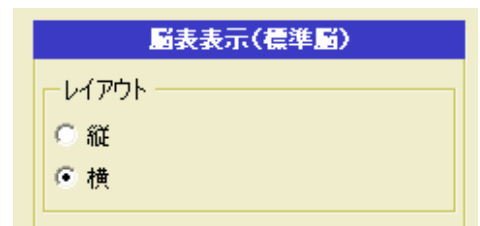
初期設定では、Z スコアマップ画像表示のスライス一覧と同じ見え方である、2 スライスごとに出力で、先頭スライスは 1、最終スライスは選択可能な最大値となっています。



■ 脳表表示 (標準脳)

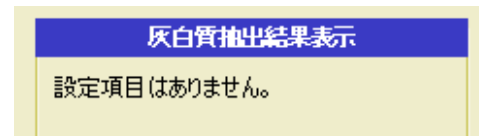
Z スコアマップ画像表示の脳表表示[標準脳] で表示される画像を出力します。レイアウトが以下の 2 通りから選択できます。

- ・ 縦 …紙面の 1 ページ全体を使用します
- ・ 横 …紙面の約 1/4 ページを使用します



■ 灰白質抽出結果表示

灰白質抽出結果を、抽出前画像、灰白質、白質、脳脊髄液の並びで紙面 1 ページにわたって出力します。設定可能な項目はありません。



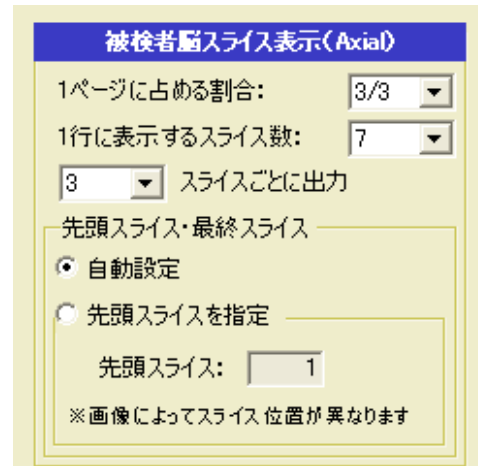
■ 被検者脳スライス表示 (axial, sagittal, coronal)

Z スコアマップ画像表示のスライス一覧[被検者脳] で表示される axial、sagittal、coronal の各断面画像の出力を行います。

各断面について以下の項目が指定できます。

- ・ 1 ページに占める割合 …1/4~1 ページ まで 5 段階から選べます。
- ・ 1 行に表示するスライス数 …1 行に何枚のスライスを並べるか。値を大きくすると画像 1 スライスの面積が小さくなります。
- ・ 何スライスごとに出力するか
- ・ 先頭スライス・最終スライス
  - － 自動設定
  - － 先頭スライスを指定

…紙面に表示可能なスライス枚数 N は、1 ページに占める割合、1 行に表示するスライス数、何スライスごとに出力するかの 3 つの設定および被検者脳画像の縦横比から一意に決まります。自動設定の場合は、全スライスの中央スライスを中心として N 枚の表示スライスが選択されます。先頭スライスを指定した場合はそのスライス位置から N 枚の表示スライスが選択されます。



✓ 【手順4】レイアウトのイメージを確認する

[レポート出力設定(拡張モード)]ウィンドウで、[プレビュー]ボタンを押すとレイアウトのイメージを確認することができます。

※ [プレビュー]ボタンを押して表示されるイメージは、各項目が印刷される紙面中での位置を確認するための簡易的なものであり、Z スコアマップなど個々の画像により異なる要素は反映されていません。特に、被検者脳スライス表示の縦方向の枚数は、画像の縦横比によって変動するため、実際に印刷されるものとは異なる場合があります。現在選択中の Z スコアマップの完全な印刷プレビューを確認したい場合は、メニューから [ファイル]→[レポート印刷プレビュー] を選択してください。

✓ 【手順5】レポート印刷を行う

メニューから [ファイル]→[レポート印刷] を選ぶと [印刷]ダイアログが表示されます。所望のプリンタを選択し [OK]ボタンを押すと印刷が行われます。

ここでは、全出力項目を出力し、以下のように設定した例を示します。

- ・ Z スコア解析結果表示: 「レイアウト」を「Z スコア解析結果表示ウィンドウを出力する」に設定
- ・ 脳表表示(標準脳): 「レイアウト」を「縦」に設定
- ・ 被検者脳表示(Axial, Sagittal, Coronal): 「1 ページに占める割合」を「1/3」に設定

バイエスラド プラス 解析結果レポート page 1

患者ID: 000-002-3 撮影日: 生年月日: 年齢: 性別:

名前: SampleTaro 標準脳: 001\_seg1\_Zimg/hdr.xml

Zスコア解析結果(自動算出) 基本解析結果

関心領域内の萎縮の程度 **0.85**

目安 0~1... 関心領域内の萎縮はほとんど見られない  
1~2... 関心領域内の萎縮がやや見られる  
2~3... 関心領域内の萎縮がかなり見られる  
3~... 関心領域内の萎縮が強い

その他の解析結果(参考)

(1) 脳全体の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア2.0を超える部分の割合) 1.50%

(2) 関心領域の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア2.0を超える部分の割合) 0.00%

(3) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較 (脳全体の萎縮を比した割合) 0.00%

所見(医師が記入)  
コメント 担当医師:  
読影医師:  
記載日:

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。2.0以上が有意に萎縮している領域です。(この色で囲まれた領域が関心領域です。)  
底白質容積相対的低下レベル 対照画像グループ: 乳癌検診DB(標準フロー: デフォルトフロー)

Axial(標準脳) ※背景に表示されているMRI画像は標準脳であり、被検者画像ではありません。

バイエスラド プラス 解析結果レポート page 2

患者ID: 000-002-3 撮影日: 生年月日: 年齢: 性別:

名前: SampleTaro 標準脳: 001\_seg1\_Zimg/hdr.xml

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。2.0以上が有意に萎縮している領域です。(この色で囲まれた領域が関心領域です。)  
底白質容積相対的低下レベル 対照画像グループ: 乳癌検診DB(標準フロー: デフォルトフロー)

Sagittal(標準脳) ※背景に表示されているMRI画像は標準脳であり、被検者画像ではありません。

Coronal(標準脳) ※背景に表示されているMRI画像は標準脳であり、被検者画像ではありません。

page 3  
バイエスラド プラス (5.00.0001)  
sssi\_sample\_normal\_001\_eng\_L2.0mg/ldr/xm0

船程フロー: [2] 標準フロー→被検者脳表示

患者ID: 000-002-3 撮影日: 生年月日: 年齢: 歳 性別: 性別:  
名前: SampleTaro

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。2.0以上が有意に萎縮している領域です。  
対照画像: 対照画像: 54~66歳男女(80例)

2.0 0 8  
※背景に表示されているMRI画像は標準脳であり、被検者画像ではありません。

### 脳表示

page 4  
バイエスラド プラス (5.00.0001)  
sssi\_sample\_normal\_001\_eng\_L2.0mg/ldr/xm0

船程フロー: [2] 標準フロー→被検者脳表示

患者ID: 000-002-3 撮影日: 生年月日: 年齢: 歳 性別: 性別:  
名前: SampleTaro

### 灰白質抽出結果

抽出前画像 灰白質 白質 脳脊髄液

page 5  
バイエスラド プラス (5.00.0001)  
sssi\_sample\_normal\_001\_eng\_L2.0mg/ldr/xm0

船程フロー: [2] 標準フロー→被検者脳表示

患者ID: 000-002-3 撮影日: 生年月日: 年齢: 歳 性別: 性別:  
名前: SampleTaro

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。2.0以上が有意に萎縮している領域です。  
対照画像: 対照画像: 54~66歳男女(80例)

2.0 0 8

### 被検者脳表示

※実際の萎縮が反映されているかご確認ください。(萎縮エリアは標準脳表示より広く表示されます。)

矢状 (被検者脳) 後

冠状 (被検者脳) 右 左

軸状 (被検者脳) 右 左

## 2.9. 処理済み画像ファイルの開き方

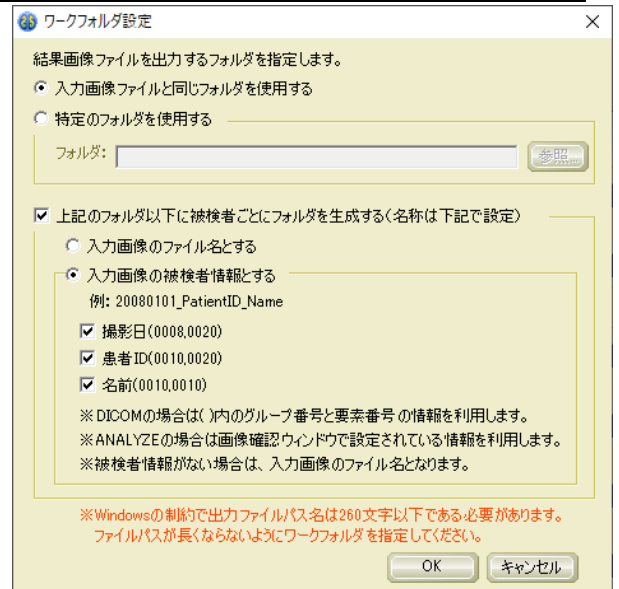
既に処理済みの画像ファイルを開く操作手順を説明します。

**※結果ファイルの出力先(ワークフォルダ)について**  
 処理済み画像ファイルの出力先は、ワークフォルダ設定(メニューから[ツール]→[ワークフォルダ設定])によって設定されています。

初期状態では、毎回処理するたびに、入力ファイルと同じ階層に被検者ごとに新規フォルダを作成し、その下にすべての結果ファイルが出力されます。

新規フォルダ名は、入力画像のファイル名か、入力 DICOM 画像に記録されている撮影日、患者ID、名前が使用可能であり、初期状態では撮影日、患者ID、名前を連結したものに なっています。

設定により、特定のフォルダに出力したり、被検者ごとのフォルダを作成しないようにしたりすることができます。



※ 特定のフォルダに出力する設定を行う場合は、フォルダ名に全角・特殊文字が含まれるフォルダ、および「C:¥」など書き込み権限のないフォルダを指定することはできません。

※ 「上記のフォルダ以下に被検者ごとにフォルダを生成する」のチェックを外した場合、指定した「結果画像ファイルを出力するフォルダ」に、処理結果が指定フォルダの直下に並列に出力されます。この際、すでに指定フォルダに同一ファイル名のファイルが存在している場合、アラートが表示されることなく、新しいファイルで上書きされますのでご注意ください。

### ■ Z スコアマップの開き方

標準脳 Z スコアマップのみを開く方法と、被検者脳 Z スコアマップも同時に開く方法があります。

標準脳 Z スコアマップのみを開く場合は、メニューから [ファイル]→[Z スコアマップを開く] →[標準脳] を選択し、ファイルダイアログから開きたい Z スコアマップファイルを指定し [開く] ボタンを押してください。

被検者脳 Z スコアマップが存在する場合は、メニューから [ファイル]→[Z スコアマップを開く] →[標準脳+被検者脳] を選択し、ファイルダイアログから開きたい被検者脳の Z スコアマップファイルを指定し [開く] ボタンを押すことで、標準脳と被検者脳の Z スコアマップを同時に開くことができます。

標準脳、被検者脳の Z スコアマップのファイル名は、次のような規則にしています。

標準脳 Z スコアマップ:

→ 拡張子の直前の文字列が “\_Z”

例 1) swsi\_<元ファイル名>\_seg1\_Z.img

例 2) swsli\_<元ファイル名>\_seg1\_Z.img

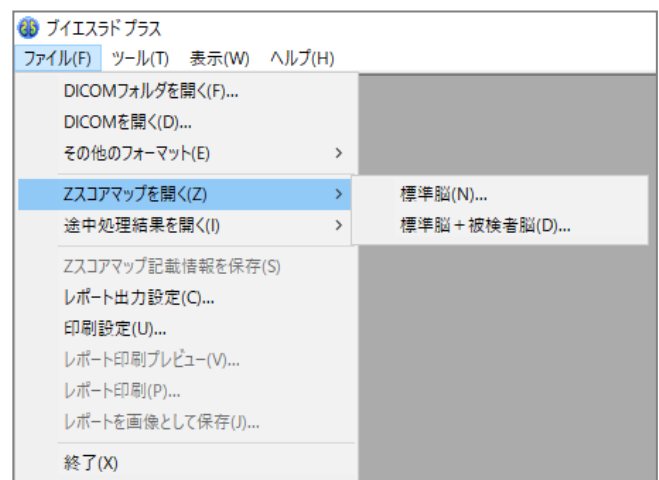
被検者脳 Z スコアマップ:

→ 拡張子の直前の文字列が “\_uw” または “\_ulw”

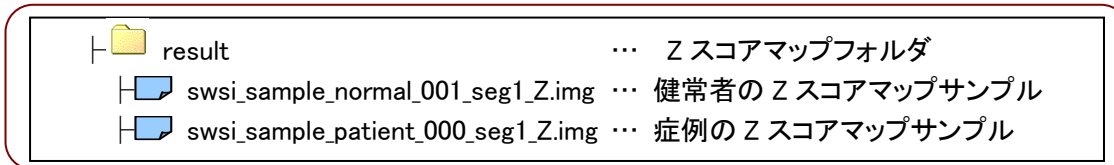
例 1) swsi\_<元ファイル名>\_seg1\_Z\_uw.img

例 2) swsli\_<元ファイル名>\_seg1\_Z\_ulw.img

例 3) swsli\_<元ファイル名>\_seg1\_Z\_uw.img



なお、サンプルの Z スコアマップファイルは「C:\Program Files (x86)\VSRAD\plus\_5\sample\result¥」以下にあります。



### 途中処理結果ファイルの開き方(その1)

メニューから [ファイル] → [途中処理結果を開く] を選択し、さらに [灰白質抽出] か [解剖学的標準化] のいずれかを選択してください。

ファイルダイアログから開きたい途中処理結果ファイルを指定し [開く] ボタンを押してください。

なお、ここで開くフォルダの場所は、必ずしも表示されている処理結果のフォルダではなく、直近に実施した「DICOM を開く」または「Z スコアマップを開く」処理で指定したフォルダとなりますので、該当ファイルの指定の際にはフォルダの場所もあわせて問題ないことをご確認ください。

ファイル名は、次のような規則にしたがっています。

灰白質抽出結果:

→ 拡張子の直前の文字列が“\_seg1”

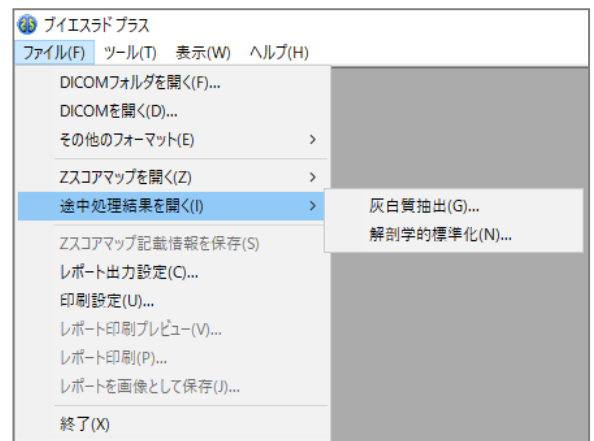
例) i\_<元ファイル名>\_seg1.img

解剖学的標準化結果:

→ ファイル名の先頭文字が“ w”

例) wsi\_<元ファイル名>\_seg1.img

なお、サンプルの途中処理結果ファイルは「C:\Program Files (x86)\VSRAD\plus\_5\sample\result¥」以下にあります。

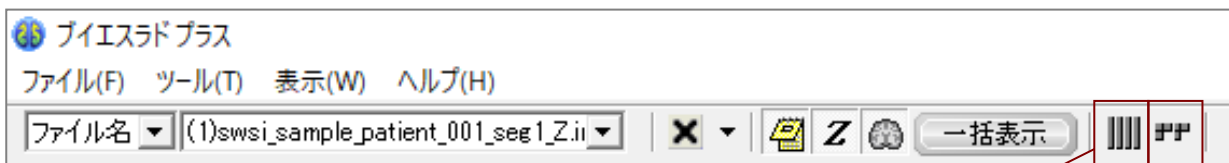


### 途中処理結果ファイルの開き方(その2)

Z スコアマップを表示しているときに、その途中処理結果を開くには Z スコアマップツールバー上のショートカットボタンが便利です。

例えば、灰白質抽出結果を開く場合は、対応する Z スコアマップを選択した状態で、図の右から2つめのボタンを押すと、途中処理結果を表示させることができます。

また、解剖学的標準化結果を開く場合は、同様に一番右のボタンを押すと、表示させることができます。



表示されている Z スコアマップに対応する灰白質抽出結果を開きます。

表示されている Z スコアマップに対応する解剖学的標準化結果を開きます。

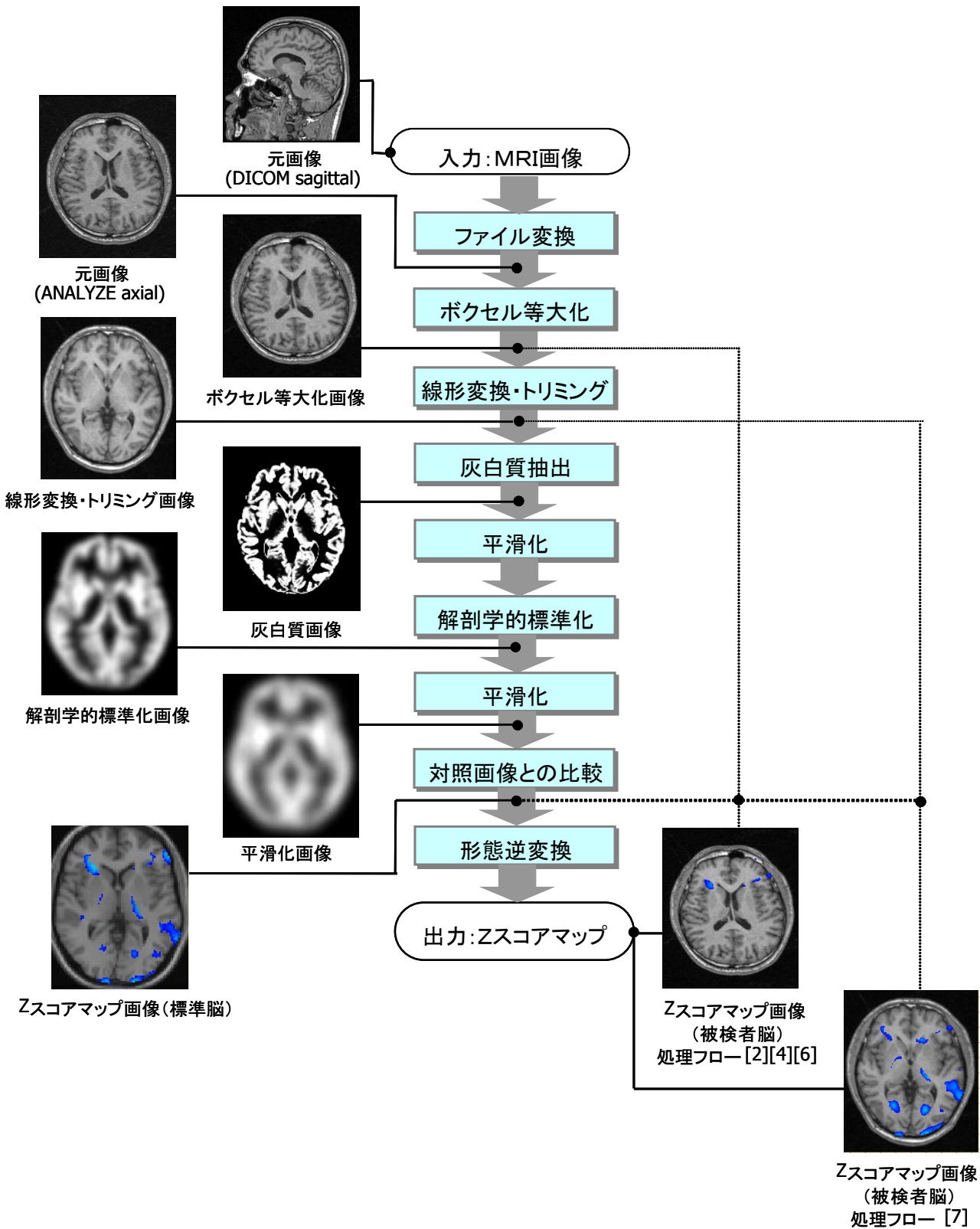
## 3章 画像統計処理について

### 3.1. 萎縮を定量化する手法 VBM

本プログラムは、入力された脳 MR 画像について、対照画像群と比較したときにアルツハイマー型認知症に特徴的な萎縮があるかどうかを、定量的に出力することを目的としていますが、その理論的な背景は、VBM(Voxel Based Morphometry) に基づいています。VBM の基本となる考え方は、被検者の脳画像について、注目する特定の組織のみを抽出したものについて、形態変換を行ってある特定の“標準脳”にそろえることで、脳の大きさや形状といった個人間の差異を吸収することです。これによって、複数の異なる被検者の脳容積を、共通の画像空間上で、ボクセル単位での統計比較を行うことが可能となります。これらを実装したものとしては、ロンドン大学から配布されている研究用のソフトウェアである SPM(Statistical Parametric Mapping) が有名です。SPM は、科学計算ソフトウェアの MATLAB 上で動作し、もともとは機能的 MRI など脳賦活試験データの解析を目的として開発されたツールですが、様々な汎用画像処理アルゴリズムが実装されており、VBM を行うためのツールとしても広く活用されています。「バイオスラド プラス」では、灰白質抽出、解剖学的標準化、平滑化のアルゴリズムをロンドン大学の許可を得た上で SPM2 から移植しています。

### 3.2. 本プログラムにおける基本的な処理フロー

本プログラムの基本的な画像統計処理のフローは次の図のようになります。



各処理の役割は以下のようになっています。(\*)の処理は、処理フローによって有無の違いがあるものです。

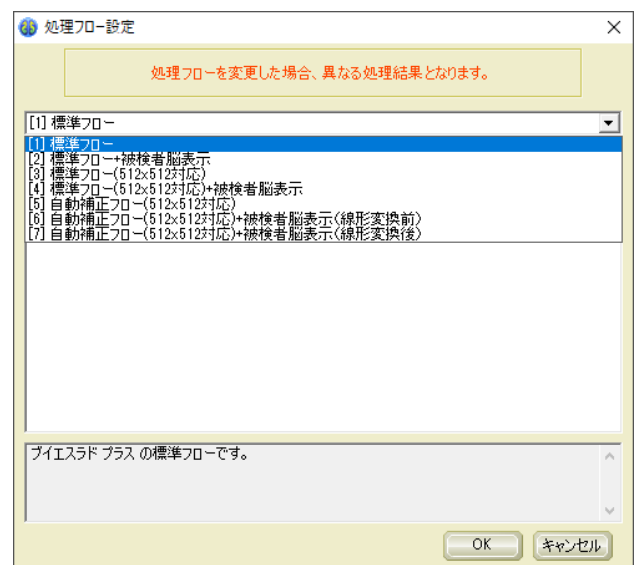
処理名	説明
ファイル変換	3次元的に撮像された MR 画像(撮像方法:T1 強調, 画像方向:矢状断(sagittal))を、画像方向について横断(axial)に変換します。
ボクセル等大化	処理精度を均一化するため、ボクセル(画像を構成する最小単位)の3方向の長さがそれぞれ等しくなるように変換します。 ボクセルの大きさは 1.2mm 立方としています。
(*) 線形変換・トリミング	入力された脳について、標準脳画像の領域で切り出し、大きさ、向きをそろえることで、AC-PC ラインを水平にし、また解析に不要な領域が除去されます。
灰白質抽出	脳を組織成分ごとに分割し、灰白質のみを抽出します。
平滑化	解剖学的標準化の前処理として平滑化を行います。平滑化とは画像上の濃度の急激な変化を除去する処理です。
解剖学的標準化	脳全体が標準的な大きさおよび形状になるように、空間的な形態変換を行います。
平滑化(2回目)	対照画像との比較の前処理として平滑化を行います。
対照画像との比較	信号値の補正を行ってから、対照画像の画像群と統計的比較を行い、萎縮の度合いを画像化した Z スコアマップを作成します。
(*) 形態逆変換	線形変換・トリミング、解剖学的標準化で行った形態変換の逆の変換を行うことで、標準脳の Z スコアマップを被検者脳に戻します。 ボクセル等大化の直後(フロー[2] [4] [6])、または線形変換・トリミングの直後(フロー[7])まで戻すことができます。



### 3.3. 処理フローの種類

本プログラムの画像統計処理のフローは、全7種類が用意されており、メニューの [ツール]→[処理フロー設定] から選択できます。  
 それぞれに特徴がありますので、用途に応じた処理フローを選んでください。  
 以下、各フローのもつ機能・特徴について説明します。

※ 本設定は処理結果に影響がありますので、設定を変更する場合はご注意ください。



処理フロー名	機能・特徴		
	512×512 画像対応	自動補正	被検者脳 表示
[1] 標準フロー			
[2] 標準フロー+被検者脳表示			○(*1)
[3] 標準フロー(512x512 対応)	○		
[4] 標準フロー(512x512 対応)+被検者脳表示	○		○(*1)
[5] 自動補正フロー(512x512 対応)	○	○	
[6] 自動補正フロー(512x512 対応)+被検者脳表示(線形変換前)	○	○	○(*1)
[7] 自動補正フロー(512x512 対応)+被検者脳表示(線形変換後)	○	○	○(*2)

「512×512 画像対応」、「自動補正」、「被検者脳表示」については、○は処理フローにその機能があることを表します。

(\*1) ボクセル等大化の直後の被検者脳 MR 画像を背景として、被検者脳 Z スコアマップを表示します。

(\*2) 自動補正(線形変換・トリミング)を行った後の被検者脳 MR 画像を背景として、被検者脳 Z スコアマップを表示します。

#### ✓ 512×512 画像対応

処理フロー[1]、[2]では、ボクセル等大化の処理において、入力画像の1スライスあたりのピクセルサイズが 256×256 ピクセルまでの画像の処理を前提としており、これより大きい画像になると、メモリ不足が発生してエラーになる場合があります。

処理フロー[3]～[7]では、ボクセル等大化のアルゴリズム変更により、入力画像のピクセルサイズが 512×512 ピクセルの場合でも処理が可能となっています。512×512 非対応の処理フローに対して、処理時間、解析結果の違いはほとんどありませんが、画像によっては解析結果にわずかな誤差が生じる場合があります。

#### ✓ 自動補正

入力画像の顎が上がっている場合、処理エラー(処理が途中で止まってしまう)または処理失敗(処理は完了するが Z スコアマップが真っ赤など明らかにおかしい結果になる)となる場合があります。これに対して、処理フロー [5] [6] [7]では、灰白質抽出の前に線形変換・トリミング処理を行うことによって、顎が上がっているものを自動補正することで正常に処理することができます。

処理結果は、自動補正のないフローと比較して、多少の変動がある場合があります。

自動補正のないフローと比較したときの処理時間は、その増減は入力画像によって異なりますが、一般に脳以外の部位が広く写っている画像の場合は、トリミングの効果によって処理時間が短くなる傾向があります。

※ AC-PC ラインが水平から 30° を超えて大きく顎が上がっているものについては、自動補正フローでも正常に処理できない場合があります。

### ✓ 被検者脳表示

Z スコアマップについて、標準脳表示に加えて被検者脳表示を行います。処理フロー[2]、[4]、[6]、[7]で対応しています。標準脳表示に関する処理結果については、被検者表示を行わないものと同一になります。処理時間については、形態逆変換処理を追加で実行するため、その分の処理時間が増加します。

標準脳の Z スコアマップは、元の MR 画像から解剖学的標準化や線形変換・トリミングの形態変換によって標準脳座標系(MNI 座標系)に変換されたものとなっています。被検者脳表示の Z スコアマップは、標準脳 Z スコアマップについて、形態変換の逆変換を実行することで、被検者脳座標系に戻したものであり、次のような特徴・性質があります。

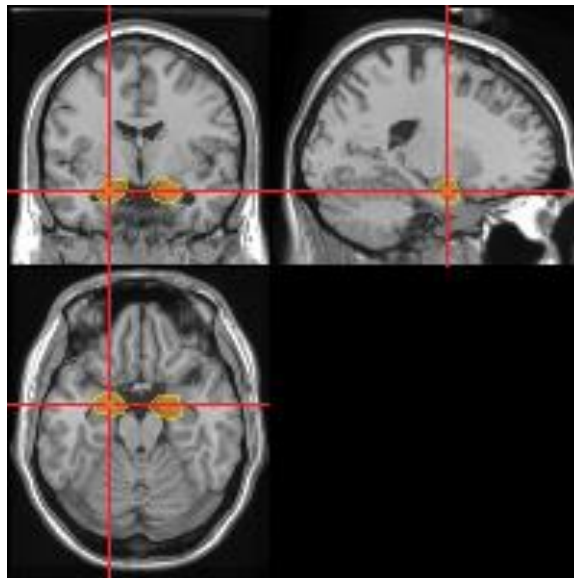
- 標準脳 Z スコアマップで萎縮として評価された領域が、被検者脳上でどこにあたるか目安として確認することができます。
- 標準脳 Z スコアマップ導出の過程で平滑化(ぼかし)処理を行っているため、被検者脳 Z スコアマップもぼかしが入ったものとなっています。そのため、実際には局所的な萎縮であっても、Z スコアの高い領域がその周辺に広がる傾向があります。
- 解剖学的標準化の精度により、位置のズレが生じる場合があります。
- 被検者脳 Z スコアマップは、単に標準脳 Z スコアマップからの空間写像であり、各ボクセルの Z スコアの値そのものに統計的な意味はありません。

表中(\*1)で示した[2]、[4]、[6]は、ボクセル等大化の直後の被検者脳 MR 画像を背景として Z スコアマップを表示します。この場合の被検者脳の位置、大きさ、角度は、DICOM で入力された MR 画像の状態と同一となります(ボクセルサイズのみ等大化されています)。

表中(\*2)で示した[7]は、自動補正(線形変換・トリミング)を行った後の被検者脳 MR 画像を背景として Z スコアマップを表示します。この場合の被検者脳の位置、大きさ、角度はテンプレートの標準脳に揃えられた状態となります。被検者脳の DICOM 元画像から線形変換を伴っているため、厳密には被検者脳を変形したものとなっていますが、異なる症例どうしても、互いに対応する断面で比較しやすいなどの利点があります。

### 3.4. 関心領域 (ROI: Region of Interest) について

本プログラムでは扁桃を含む海馬傍回の一部の領域を関心領域に設定しています。本プログラムに組み込まれている関心領域は、健常群 80 例、アルツハイマー型認知症 (AD) 群 61 例について、SPM2 を用いたグループ解析 (2 標本 t 検定) を行い、AD 群で有意 ( $T=6.5$ ) に萎縮している部位を求めました。その結果、この部位は扁桃を含む両側海馬傍回付近に位置することがわかりました。



《アルツハイマー型認知症群で有意 ( $T=6.5$ ) に萎縮がみられる部位: 扁桃を含む両側海馬傍回付近》

#### 解析対象

**AD群:** 国立精神・神経センター武蔵病院 (現国立精神・神経医療研究センター病院)「もの忘れ外来」を受診し、2~6 年間の経過観察にて、NINCDS-ADRDA で臨床的に probable AD と診断された男性 32 名、女性 29 名、年齢 48 歳~87 歳 ( $70.6 \pm 8.4$ )、初診時の MMSE スコア  $26.0 \pm 1.6$ 。

**健常群:** 男性 40 名、女性 40 名、年齢 54 歳~86 歳 ( $70.2 \pm 7.3$ )、MMSE: 正常 ( $28.7 \pm 1.5$ )、HDS-R: 正常、Wechsler Memory Scale-Revised (WMS-R): 正常、Wechsler Adult Intelligence Scale-Revised (WAIS-R): 正常、年齢相応の白質の高信号が T2 強調画像で見られるのみ、糖尿病などの脳血管障害の危険因子がない。

### 3.5. 対照画像について

本プログラムに実装されている対照画像は、年齢別に作成された次の3種類です。これらは、各画像について、本プログラムによる標準化処理(ボクセル等大化→灰白質抽出→平滑化→解剖学的標準化→平滑化)を行い、ボクセル値の全脳平均を50にスケールリングしたもから、各群の平均画像、標準偏差画像を算出したものです。

- (1) 54歳～86歳 男女 80名
- (2) 54歳～69歳 男女 40名
- (3) 70歳～86歳 男女 40名

※ 通常は(1)54歳～86歳男女80名の対照画像を使用します。

#### 【対照画像群の条件】

- ◇年齢54歳から86歳(平均±SD:70.2±7.3)
- ◇MMSE正常 28.7±1.5
- ◇HDS-R正常
- ◇Wechsler Memory Scale-Revised (WMS-R) 正常
- Wechsler Adult Intelligence Scale-Revised (WAIS-R) 正常
- ◇年齢相応の白質の高信号がT2強調画像で見られるのみ
- ◇糖尿病などの脳血管障害の危険因子がない

※ 国立精神・神経センター武蔵地区の倫理委員会で承認を得た上で、全例において文書による同意が得られています。

#### 《対照画像提供元》

国立精神・神経医療研究センター病院、  
東京医科歯科大学 脳統合機能研究センター／メモリークリニックお茶の水 朝田 隆

## 4章 画像の確認ポイント

各処理のアルゴリズムにはそれぞれ前提条件があり、どんな画像でも常に正常に処理できるものではありません。本プログラムが前提としていない画像が入力された場合は、誤った結果が出力される場合があります。処理が正常に行えたかどうかについて、最終結果だけを見るのではなく、画像確認ウィンドウにおける入力画像、および途中処理結果ウィンドウにおける途中処理結果画像をよく確認する必要があります。

### 4.1. 画像確認画面

#### ■ 確認ポイント

画像確認画面で、ご確認いただくポイントを示します。

##### ✓ 画像の向きは正しいか

見本画像と同じように矢状断(sagittal)の左向きであることを確認してください。これ以外の画像については、正しい処理が行えません。

##### ✓ 画像に全脳がカバーされているか

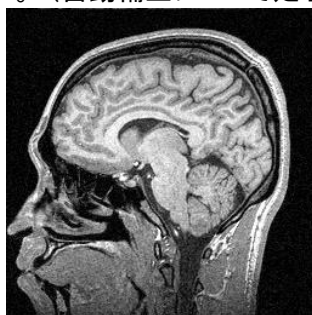
画像は脳全体が含まれていることが必要です。一部が欠けている場合は正常に処理できません。単一スライス画像だけでなく、トラックバーを動かしてスライス方向においても脳全体が含まれていることをご確認ください。画像の撮像時に、必要に応じて FOV、スラブ厚を調節して被検者の脳全体が含まれるようにしてください。

##### ✓ 撮像範囲が広すぎないか

頭部の大きさに対して撮像範囲が広すぎる場合は、正常に灰白質抽出処理が行われない場合があります。画像の撮像時に撮像範囲を適切に設定してください。

##### ✓ AC-PC ラインが水平に近いか(顎が極端に上がっていないか)

顎が上がっていると正常に灰白質抽出処理が行われない場合があります。画像の撮像時に極端に顎が上がらないようにしてください。(自動補正フローで処理可能な場合があります。)



正しい例



顎が上がっている例

##### ✓ 灰白質と白質のコントラストが良いか

画像の信号値の差を利用して灰白質、白質を分割する関係上、白質と灰白質のコントラストが悪いもの(画像上の信号値に明確な差がないもの)は正常に処理できない場合があります。

##### ✓ 画像にムラがないか

画像に大きなムラがある場合は、正常に灰白質抽出が行われない場合があります。

✓ **アーチファクトがないか**

アーチファクトがある MR 画像は正常に処理できない場合があります。例えば、被検者が撮像中に大きく動いた場合は、モーションアーチファクトが生じ、得られる画像は非常に品質の悪いものとなります。このような画像は、正常に処理できないか、処理できたとしても、結果における信頼性が低いものとなります。また、磁化率アーチファクトの影響を比較的受けやすく、その周辺の灰白質 Z スコアが高くなる場合があります。

✓ **T1 強調画像で低信号領域が広くみられないか**

本プログラムでは T1 強調画像で梗塞などによる白質低信号領域が広くみられる画像は正しく処理できないことがわかっています。MR 画像において、梗塞部分は正常な組織と信号値の差がありますが、これが原因で灰白質抽出処理が正しく行えないためです。

## 4.2. 途中処理結果(灰白質抽出)

灰白質抽出が正常に処理できたかどうかは、処理フローの最終結果の妥当性に大きく影響する、たいへん重要な処理です。途中処理結果はしっかりとご確認ください。

### ■ 確認ポイント

灰白質抽出の途中処理結果で、ご確認くださいポイントを示します。

✓ **各組織が不自然なく分割されているか**

抽出前画像と見比べて、灰白質、白質、脳脊髄液のそれぞれの組織について不自然なく分割されているかどうかを確認してください。分割された結果が、いずれかの組織に集中している場合は、正しく処理できていないことが考えられます。後述する「処理結果の実例」も参考にしてください。

### ■ 正常に行えない原因

灰白質抽出が正常に行えない原因には主に次のようなものがあります。多くは画像確認における確認ポイントと重なります。

✓ **AC-PC ラインが水平でない(顎が極端に上がっている)**

正常な処理結果が得られない、または処理が途中で停止する場合があります。これは、灰白質抽出処理における、回転パラメータの補正角度には限界があるためです。(自動補正フローで処理可能な場合があります。)

✓ **灰白質と白質のコントラストが悪い**

画像のコントラストが悪いと、各組織を信号値で区別することが難しく、正常な処理結果が得られない場合があります。これは、灰白質、白質、脳脊髄液の信号値の差によって分割処理を行うためです。

✓ **画像にムラがある**

画像にムラある場合は、灰白質と他の組織を見誤ることから、正常な処理結果が得られない場合があります。これは、灰白質抽出処理では、灰白質、白質、脳脊髄液の信号値の差によって分割処理を行うためです。

✓ **アーチファクトがある**

アーチファクトがある MR 画像は正常に処理できない場合があります。例えば、被検者が撮像中に大きく動いた場合は、モーションアーチファクトが生じ、得られる画像は非常に品質の悪いものとなります。このような画像は、正常に処理できないか、処理できたとしても、結果における信頼性が低いものとなります。

✓ **T1 強調画像で低信号領域が広くみられる**

本プログラムでは T1 強調画像で梗塞などによる白質低信号領域が広くみられる画像は正しく処理できないことが分かっています。MR 画像において、梗塞部分は正常な組織と信号値の差がありますが、これが原因で灰白質抽出処理が正しく行えないためです。

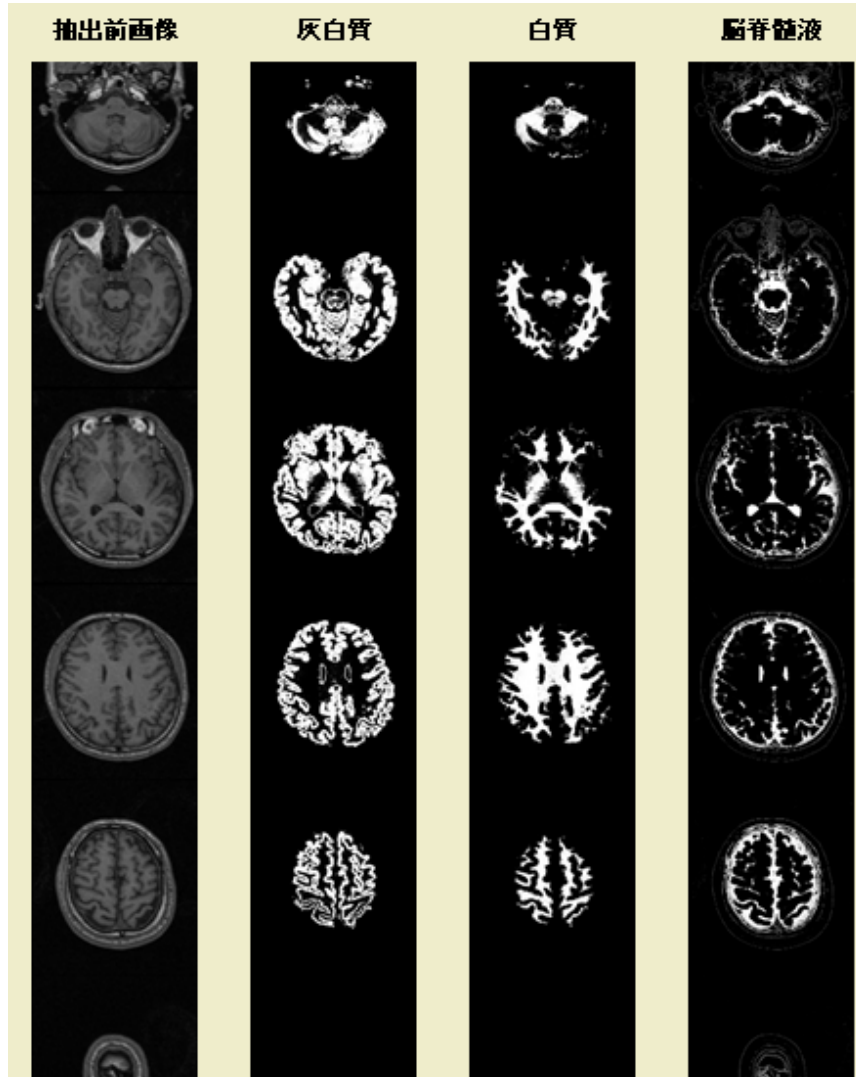
✓ **脳室が拡大している**

脳室が拡大している画像は灰白質抽出が正しく行われない場合があります。灰白質抽出の途中処理結果において、脳室が正しく脳脊髄液に分割されているかどうかポイントとなりますのでご確認ください。

■ **処理結果の実例**

具体的に灰白質抽出処理が正常に行われた例と、失敗した例を挙げます。

まず正常に行われた例を下図に示します。灰白質、白質、脳脊髄液がきれいに分割されています。



灰白質抽出が正常に行われた例(上)と入力画像(下)

次に失敗した例を示します。

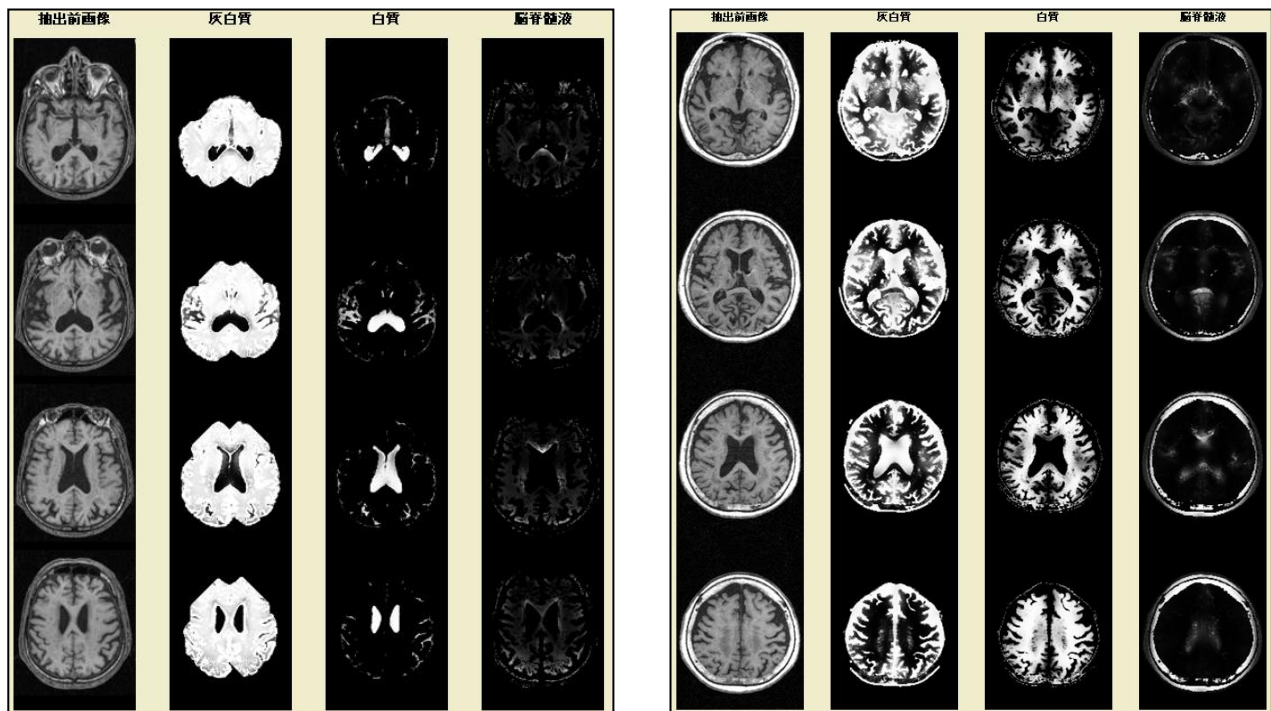
左の例は、他の組織が誤って灰白質とされた例です。灰白質が大きな塊になってしまい、白質と脳脊髄液がたいへん少なくなっていました。一方、右の例では、灰白質に脳室など本来脳脊髄液として分割されるべきところが含まれてしまっています。

この2つの失敗例について、入力画像を見てください。

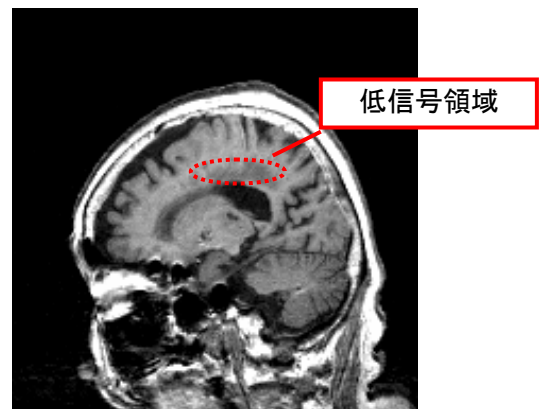
左の例では顎が大きく上がっていることが分かります。顎が上がっている画像を正常に処理できないことは前述の通りです。

右の例では、脳室周囲の白質部分に低信号領域がみられます。T1 強調画像において白質である部分に広範囲の低信号領域が生じていると、灰白質の信号値と区別がつかなくなり、これによって画像全体にわたって灰白質抽出に失敗する可能性が高くなります。

ここで示したような例は、画像確認では見逃してしまう場合があります。そのため、灰白質抽出の結果をよく確認することが重要です。



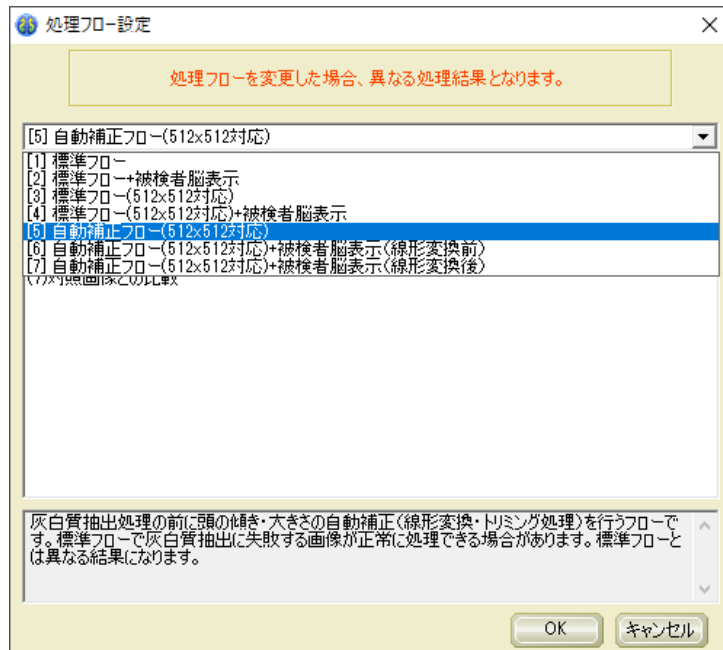
灰白質抽出失敗例(その1:左、その2:右)



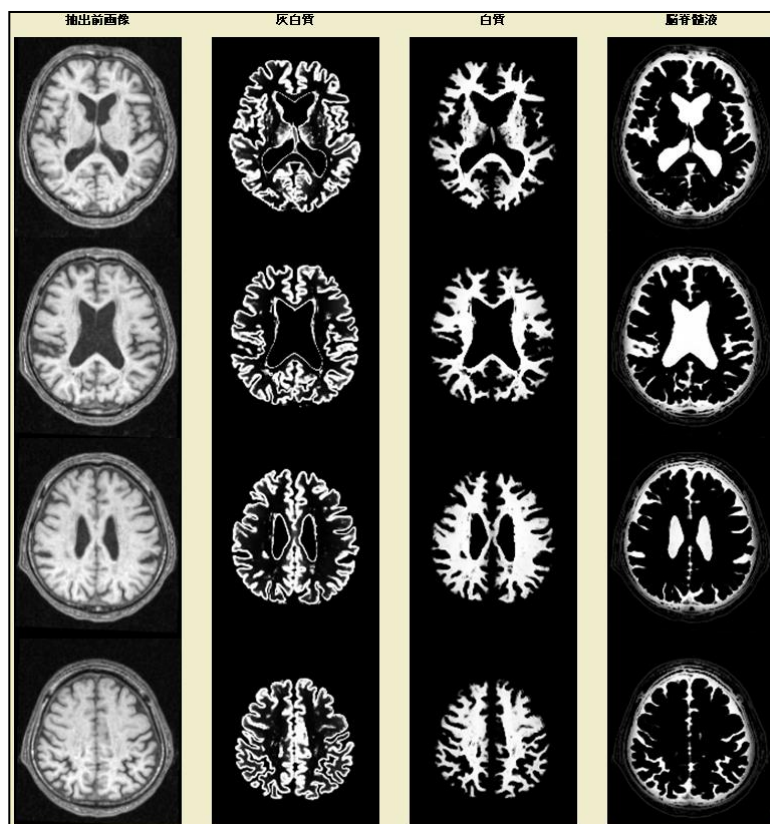
失敗例の入力画像  
(その1:左、その2:右 上の灰白質抽出失敗例と対応)



前ページの左の例は、顎が上がっていたため灰白質抽出に失敗しました。顎が上がっていることが原因と考えられる場合は、自動補正フローを用いることで、灰白質抽出が正しく処理することができる場合があります。前ページ右の画像を [5]自動補正フロー(512x512 対応) で処理したものを以下に示します。



処理フロー設定



灰白質抽出成功例

(前ページ右の画像を [5]自動補正フロー(512x512 対応) で処理したものの)

### 4.3. 途中処理結果表示(解剖学的標準化)

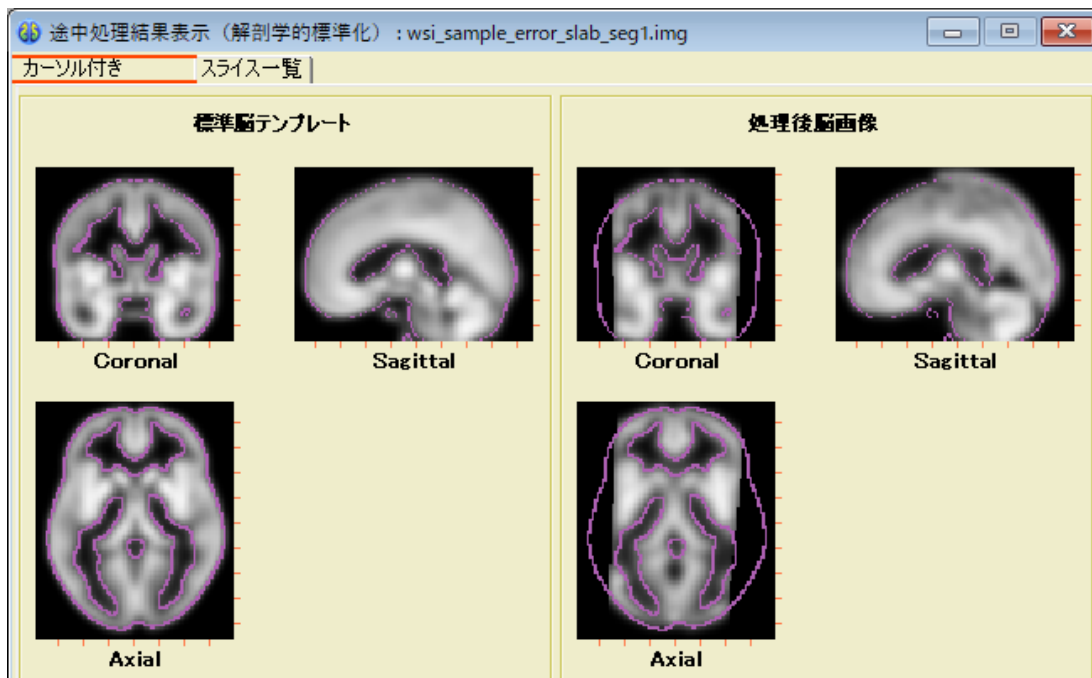
解剖学的標準化の処理は、灰白質抽出処理の後に行われますので、灰白質抽出が正常に行われていることが前提となります。

#### ■ 確認ポイント

解剖学的標準化の途中処理結果で、ご確認いただくポイントを示します。

#### ✓ 脳全体が含まれているか

撮像時のスラブ厚が十分でなかった画像を処理すると、標準脳に対して脳の一部が大きく欠けたような画像になることがあります。このような画像から Z スコアマップを求めると、本来萎縮がないところにひどく萎縮があるように見えます。脳全体が含まれるような画像を入力する必要があります。



スラブ厚が十分でない画像の例  
(標準脳の輪郭に対して両端が欠落している)

## 4.4. Zスコアマップ

### ■ 確認ポイント

解剖学的標準化の途中処理結果で、ご確認いただくポイントを示します。もし該当するものがある場合は、入力画像や途中処理結果に遡ってご確認ください。

#### ✓ Zスコアマップが全体的に異常に高くないか

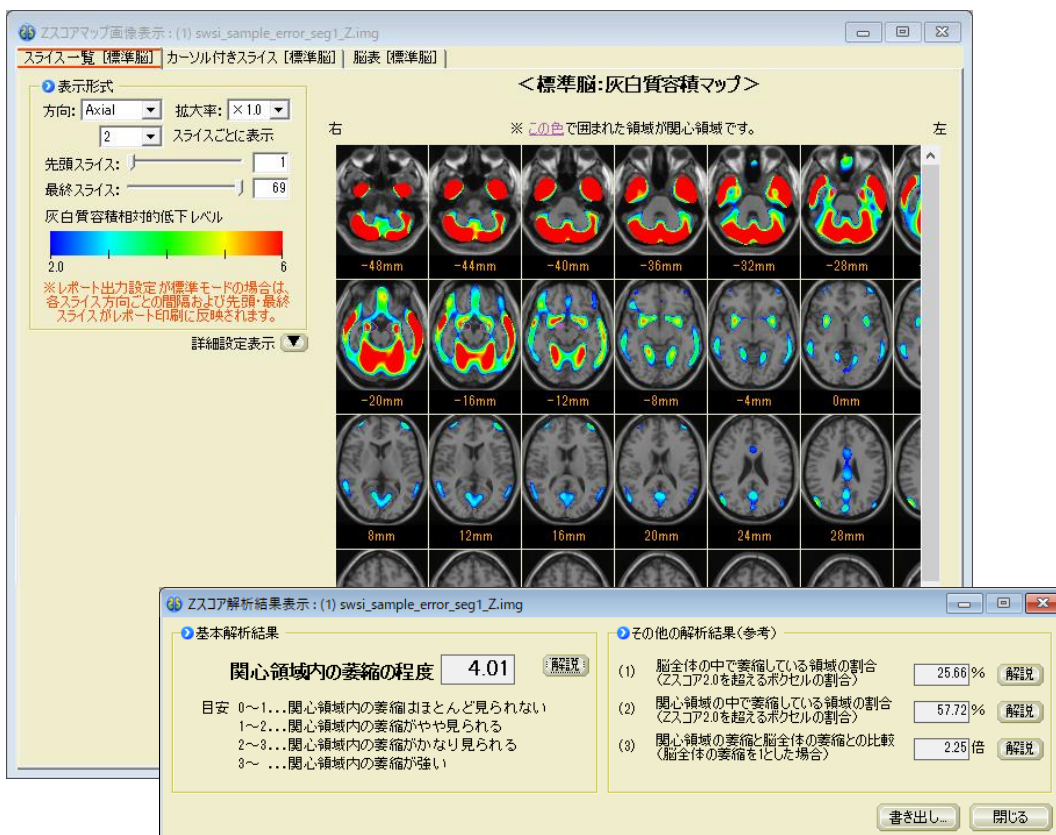
脳全体において、6を超える部分が多い場合は、途中の処理が正常に行われていない可能性があります。

#### ✓ 関心領域内の萎縮の程度が異常に高くないか

「関心領域内の萎縮の程度」は、ほとんどの場合0~6の範囲内に入っています。この範囲を超えるような場合は途中の処理が正常に行われていない可能性があります。

### ■ 処理結果の実例

処理がうまくいかなかった場合の一例を下図に示します。スライス一覧表示で、脳全体の多くの部分のZスコアが非常に高いことが分かります(赤い部分は6前後です)。Zスコア解析結果表示では、「関心領域内の萎縮の程度」は4程度で、これだけでは異常とはいえませんが比較的高いものです。実は、このZスコアマップは4.2途中処理結果(灰白質抽出)の中で、失敗例として挙げている画像(その1)から得られたものです。なお、正常に処理が行われたZスコアマップの例については、サンプルフォルダにあるZスコアマップが参考になります。



Zスコアマップの失敗例

## 5章 トラブルシューティング

本プログラムをご使用するにあたり、想定される主なトラブルおよびその対処方法を示します。

症状	対処・説明	他の参照先
インストールできない	対応 OS は Windows 7 SP1 (32bit 版、64bit 版／日本語版)、Windows 10 (32bit 版、64bit 版／日本語版) です。動作環境をご確認ください。	1.3 推奨動作環境
DICOM ファイルが開けない	開けなかったファイルについては「不明フォーマット検出」にメッセージが表示されますので、それに従って 6.2 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージをご参照ください。 ※本プログラムで対応外の DICOM を指定した場合、またはフォルダパスに全角・特殊文字が含まれている場合などが考えられます。	6.2 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ
処理がエラーになる	処理エラーに関しては「処理経過」ウィンドウにメッセージが表示されますので、それに従って 6.3 処理経過ウィンドウのメッセージをご参照ください。 ※PC 環境によっては、一括処理機能によって多数の画像を連続処理した場合に、「メモリが足りません」というエラーが出る場合があります。その場合は、プログラムを再起動したのち、エラーになった画像を再度処理してください。	6.3 処理経過ウィンドウのメッセージ
処理に時間がかかる	被検者 1 例の画像の処理を完了するのに、推奨動作環境で 10 分前後、スペックの低い PC では 1 時間以上かかる場合があります。 ・本プログラムの実行中は、他のアプリケーションをなるべく実行しないようにしてください。 ・なるべくスペックの高い PC の使用をおすすめします。推奨動作条件を満たしている場合は、特に CPU の性能が良いほど処理時間短縮に効果があります。また、マルチ CPU には最適化されていません。	1.3 推奨動作環境
同じ画像を入力しているのに解析結果が違う	〔原因1〕 処理フロー、対照画像、スライス除外指定を変更した場合は、生成される Z スコアマップは異なります。これらの設定を変更する場合はご注意ください。 〔原因2〕 異なる CPU の PC で実行した結果を比較すると、まれに Z スコアに若干の誤差が生じる場合があります。これは、CPU ごとに最適化された内部演算を行っているために生じる現象であり、プログラムの不具合ではありません。	—
レポートの印刷プレビューができない	印刷プレビューを行うためには、何らかのプリンタドライバがインストールされている必要があります。適当なドライバをインストールしてください。	—
レポートの画像保存ができない	印刷プレビューができない場合と同様です。	—
レポートの体裁が崩れる	メニューから [ファイル]→[印刷設定] で、選択されているプリンタの設定において、用紙サイズが A4 でない場合、A4 に設定してください。（用紙サイズの設定方法はプリンタの機種によって異なります。）	—

プログラムの画面の体裁が崩れる	PC の画面設定において、「テキスト、アプリ、その他の項目のサイズを変更する」という設定項目 (DPI 設定) を「100%」以外にすると、プログラムの画面内の表示レイアウトが崩れる場合があります。当該設定を「100%」にしてご使用ください。	1.3 推奨動作環境
-----------------	---	------------

## 6章 付録

### 6.1. 本プログラムで生成されるファイル

本プログラムでは各処理において生成されたファイルがディスクに残ります。そこで、本節ではファイルの命名規則と各処理において生成されるファイルを示します。なお、“○○○.img/hdr/xml”は、“○○○.img”と“○○○.hdr”と“○○○.xml”の3枚のファイルのことを示します。

※ 処理後に生成されるファイルと同名のファイルがワークフォルダに存在した場合には、既にあるファイルが上書きされます。

#### ■ ファイル名の命名規則

“○○○.img/hdr”が入力された場合のそれぞれの処理後に生成されるファイルを示します。なお、灰白質抽出、平滑化、解剖学的標準化に関しては、SPM2と同様の命名規則となっています。

- ファイル変換
  - ・ \_○○○.img/hdr/xml ...ファイル変換の処理結果画像
  - ※ 上記は初期設定のものであり画像確認画面で変更することができます。
- ボクセル等大化
  - ・ i○○○.img/hdr/xml ...ボクセル等大化の処理結果画像
- 線形変換・トリミング
  - ・ ○○○\_sn.mat ...線形変換・トリミングの変換行列(形態逆変換で使用されます)
  - ・ l○○○.img/hdr/xml ...線形変換・トリミングの処理結果画像
- 灰白質抽出
  - ・ ○○○\_seg1.img/hdr/xml ...灰白質画像
  - ・ ○○○\_seg2.img/hdr/xml ...白質画像
  - ・ ○○○\_seg3.img/hdr/xml ...脳脊髄液画像
  - ※ 次の処理の入力画像は「灰白質画像」となります。
- 平滑化
  - ・ s○○○.img/hdr/xml ...平滑化の処理結果画像
- 解剖学的標準化
  - ・ ○○○\_sn.mat ...解剖学的標準化の変換行列(形態逆変換で使用されます)
  - ・ w○○○.img/hdr/xml ...解剖学的標準化の処理結果画像
  - ※ 次の処理の入力画像は「解剖学的標準化の処理結果画像」となります。
- 対照画像との比較
  - ・ ○○○\_Z.img/hdr/xml ... (標準脳) Z スコアマップファイル
  - ・ ○○○\_Z.csv ... (Z スコア解析結果ファイル)
- 形態逆変換
  - 処理フロー[2] [4] [7]
  - ・ ○○○\_uw.img/hdr/xml ...被検者脳 Z スコアマップファイル
  - 処理フロー[6]
  - ・ ○○○\_ulw.img/hdr/xml ...被検者脳 Z スコアマップファイル

- その他
  - ・ ProcessLog\_〇〇〇.txt ...ログファイル

## ■ 本プログラムのフローで生成されるファイル

一時出力ファイル名を “\_sample\_normal\_001.img/hdr/xml” とした場合、処理を実行すると、選択されている処理フローによって次のファイルが生成されます。

### □ 処理フロー[1] [2] [3] [4] の場合

- ・ \_sample\_normal\_001.img/hdr/xml (ファイル変換の処理結果画像)
- ・ i\_sample\_normal\_001.img/hdr/xml (ボクセル等大化の処理結果画像)
- ・ i\_sample\_normal\_001\_seg1.img/hdr/xml (灰白質画像) ※1
- ・ i\_sample\_normal\_001\_seg2.img/hdr/xml (白質画像)
- ・ i\_sample\_normal\_001\_seg3.img/hdr/xml (脳脊髄液画像)
- ・ si\_sample\_normal\_001\_seg1.img/hdr/xml (1 回目の平滑化の処理結果画像)
- ・ si\_sample\_normal\_001\_seg1\_sn.mat (解剖学的標準化の変換行列)
- ・ wsi\_sample\_normal\_001\_seg1.img/hdr/xml (解剖学的標準化の処理結果画像) ※2
- ・ swsi\_sample\_normal\_001\_seg1.img/hdr/xml (2 回目の平滑化の処理結果画像)
- ・ swsi\_sample\_normal\_001\_seg1\_Z.img/hdr/xml (Z スコアマップファイル)
- ・ swsi\_sample\_normal\_001\_seg1\_Z.csv (Z スコア解析結果ファイル)
- ・ swsi\_sample\_normal\_001\_seg1\_Z\_uw.img/hdr/xml (被検者脳 Z スコアマップファイル) ※3

※1 メニューの、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [灰白質抽出] で選択する灰白質抽出画像はこの画像となります。

※2 メニューの、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [解剖学的標準化] で選択する解剖学的標準化画像はこの画像となります。

※3 被検者脳表示を行うフロー[2]、[4]でのみ生成されます。

### □ 処理フロー[5] [6] [7] の場合

- ・ \_sample\_normal\_001.img/hdr/xml (ファイル変換の処理結果画像)
- ・ i\_sample\_normal\_001.img/hdr/xml (ボクセル等大化の処理結果画像)
- ・ i\_sample\_normal\_001\_seg1\_sn.mat (線形変換・トリミングの変換行列)
- ・ li\_sample\_normal\_001.img/hdr/xml (線形変換・トリミングの処理結果画像)
- ・ li\_sample\_normal\_001\_seg1.img/hdr/xml (灰白質画像) ※4
- ・ li\_sample\_normal\_001\_seg2.img/hdr/xml (白質画像)
- ・ li\_sample\_normal\_001\_seg3.img/hdr/xml (脳脊髄液画像)
- ・ sli\_sample\_normal\_001\_seg1.img/hdr/xml (1 回目の平滑化の処理結果画像)
- ・ sli\_sample\_normal\_001\_seg1\_sn.mat (解剖学的標準化の変換行列)
- ・ wsli\_sample\_normal\_001\_seg1.img/hdr/xml (解剖学的標準化の処理結果画像) ※5
- ・ swsli\_sample\_normal\_001\_seg1.img/hdr/xml (2 回目の平滑化の処理結果画像)
- ・ swsli\_sample\_normal\_001\_seg1\_Z.img/hdr/xml (Z スコアマップファイル)
- ・ swsli\_sample\_normal\_001\_seg1\_Z.csv (Z スコア解析結果ファイル)
- ・ swsli\_sample\_normal\_001\_seg1\_Z\_ulw.img/hdr/xml (被検者脳 Z スコアマップファイル) ※6
- ・ swsli\_sample\_normal\_001\_seg1\_Z\_uw.img/hdr/xml (被検者脳 Z スコアマップファイル) ※7

※4 メニューの、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [灰白質抽出] で選択する灰白質抽出画像はこの画像となります。

※5 メニューの、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [解剖学的標準化] で選択する解剖学的標準化画像はこの画像となります。

※6 被検者脳表示を行うフロー[6]でのみ生成されます。

※7 被検者脳表示を行うフロー[7]でのみ生成されます。

## 6.2. 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ

[DICOM フォルダを開く]、[DICOM を開く]、[ANALYZE を開く]、[ANALYZE フォルダを開く] において、フォーマットに問題がある場合に、次のような [不明フォーマット検出] ウィンドウが表示されます。

※ ファイルが存在するフォルダおよびファイル名に日本語が含まれているとファイルを開くことができませんのでご注意ください。



不明なフォーマットがリストで表示されます。ファイルパス名と、不明なフォーマットと判断された理由が表示されます。表示されるメッセージの詳細については、次ページ以降をご参照ください。[保存] ボタンによって、表示されている内容をファイルに保存することができます。



## ■ DICOM フォルダを開く・DICOM を開く

メニューから、[ファイル] → [DICOM フォルダを開く] を選択すると、フォルダ内にあるすべての DICOM ファイルを開き、グループ化を行います。メニューから [ファイル] → [DICOM を開く] を選択すると、選択された DICOM ファイルと、名前、撮像日、シリーズ番号、シリーズ内容が同一のファイルすべてがまとめて読み込まれ、グルーピングされます。

不明なフォーマットリストで表示されるメッセージと原因・対処方法は次の通りです。

メッセージ	原因・対処方法
ファイルパスに全角・特殊文字が含まれているため、開けません。	ファイル名およびフォルダ名に全角・特殊文字が含まれていると読むことができません。フォルダ名を変更するか別のフォルダにファイルを移動することで対処してください。
画像データの長さが取得できない DICOM ファイルは、このプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、画像サイズが取得できない場合、画像統計処理の際に障害を起こす恐れがあるため、未対応としています。
画素あたりのサンプル数が 1 以外の DICOM ファイルは、このプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、画素あたりのサンプル数が 1 以外の DICOM ファイルには対応していません。
背景黒のモノクロ画像以外の DICOM ファイルは、このプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、背景黒のモノクロ画像以外の DICOM ファイルには対応していません。
割り当てビットが 8 または 16 以外の DICOM ファイルは、このプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、割り当てビットが 8 または 16 以外の DICOM ファイルには対応していません。
RLE 圧縮された DICOM ファイルはこのプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、RLE 圧縮された DICOM ファイルには対応していません。DICOM ファイルは、画像が非圧縮 (raw データ) であるものを入力してください。
JPEG 圧縮された DICOM ファイルはこのプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、JPEG 圧縮された DICOM ファイルには対応していません。DICOM ファイルは、画像が非圧縮 (raw データ) であるものを入力してください。
DICOM ファイルとして認識できなかったため、スキップしました。	DICOM ファイルが本プログラムで対応していない場合 (例えば、DICOM3.0 以前のファイル)、もしくは DICOM ファイル以外のファイルの場合に表示します。
ファイルが開けません。	ファイルが存在しない場合や他のプログラムで使用中の場合に表示します。
既に読み込まれたファイルなので、読み込みません。	既に読み込んだファイルを開こうとした場合に発生します。同一ファイルを複数回読み込むことはできません。
スライス数が 30 枚未満であったため、画像の入力を行いませんでした。	グルーピングした結果、30 枚未満の画像で構成されたファイルであった場合に表示します。[画像確認設定] ウィンドウで入力可能な設定に変更することができますが、処理を行うことはできません。
DICOMDIR をスキップしました。	DICOMDIR 形式には対応していません。
インスタンス番号が無いファイルは読み込みません。	インスタンス番号がない DICOM ファイルが読み込まれたときに表示します。
インスタンス番号が同じファイルは読み込みません。	インスタンス番号が同じ DICOM ファイルが既に読み込まれているときに表示します。

## ■ ANALYZE を開く・ANALYZE フォルダを開く

メニューから、[ファイル] → [ANALYZE を開く] を選択し、ANALYZE ファイルの『img』ファイルである“○○○.img”を選択すると、“○○○.img/hdr/xml” が読み込まれます。[ANALYZE フォルダを開く] の場合は、フォルダ内の拡張子が『img』であるファイルすべてを読み込みます。

不明なフォーマットリストで表示されるメッセージと原因・対処方法は次の通りです。

メッセージ	原因・対処方法
ファイルパスに全角・特殊文字が含まれているため、開けません。	ファイルパスに全角・特殊文字が含まれていると読むことができません。フォルダ名を変更するか、別のフォルダにファイルを移動することで対処してください。
既に読み込まれたファイルなので、読み込めません。	既に読み込んだファイルを開こうとした場合に発生します。同一ファイルを複数回読み込むことはできません。
ヘッダファイルが読み込めません。	ANALYZE ファイルが本プログラムで対応していない場合に発生します。ファイルをご確認ください。
イメージファイルが読み込めません。	ANALYZE ファイルが本プログラムで対応していない場合に発生します。ファイルをご確認ください。
ヘッダファイルが存在しません。	『img』ファイルを開く際に、対応している『hdr』ファイルが存在しない場合に発生します。『img』ファイル名と『hdr』ファイル名をご確認ください。
スライス数が30枚未満であったため、画像の入力を行いませんでした。	Z 方向が 30 枚未満の画像で構成されたファイルであった場合に表示します。[画像確認設定] ウィンドウで入力可能な設定に変更することができますが、処理を行うことはできません。

### 6.3. 処理経過ウィンドウのメッセージ

【処理経過】ウィンドウの処理経過表示エリアには処理に関する様々なメッセージが表示されます。表示メッセージ、原因・対処方法、一括処理時の動作に関して、下記の表に示します。一括処理時の動作には、メッセージ表示後に一括処理が停止するのか継続するのを示します。

メッセージ	原因・対処方法	一括処理時の動作
ユーザー操作により処理フローが中止されました。	処理中止ボタンを押して、処理を中止すると表示されます。	停止
【エラー発生】途中処理結果表示(灰白質抽出／解剖学的標準化)に失敗しました。 原因:[エラーの原因]	途中処理結果表示(灰白質抽出／解剖学的標準化)ウィンドウの表示に失敗した場合に表示されます。 ※括弧内は、灰白質抽出または解剖学的標準化のいずれかが表示されます。	継続
【エラー発生】Zスコア表示の表示に失敗しました。 原因:[エラーの原因]	Zスコア表示(スライス一覧表示、カーソル付きスライス表示、Zスコア解析結果表示、Zスコアマップ表示)に失敗した場合に表示されます。	継続
【エラー発生】処理画像が出力されるフォルダ[出力先]に書き込み権限がありません。 【ヒント】[ツール]メニューの「ワークフォルダ設定」で書き込み権限のあるフォルダを指定してみてください	主に、ワークフォルダ設定で「入力画像フォルダと同じフォルダを使用する」が指定されている場合に、入力画像のフォルダに書き込み権限がない場合に発生します。ワークフォルダ設定で対応してください。	継続
処理を行うには最低 100 [MB]以上のハードディスク空き容量が必要です。	ワークフォルダで使用できる残りの容量が 100 [MB] に満たない場合に発生します。HDD 空き容量を増やすことで対応してください。	継続
【エラー発生】画像のサイズが小さすぎるか、処理できない種類のデータです。	解剖学的標準化などで画像領域が十分でない場合などに表示されます。画像を確認してください。	継続
【エラー発生】画像ファイルが読み込めません。	画像ファイルが開けない場合などに表示されます。	継続
【エラー発生】メモリが足りません。プログラムの再起動が必要です。	メモリが足りない場合に発生します。本プログラムを再起動することで動作する場合もありますが、度々発生する場合は、他のアプリケーションの終了や、メモリの増設が必要な場合もあります。	停止
【エラー発生】このプログラムでは正常に処理できない画像です(計算上無限大が発生しました)。次のような原因が考えられます。 ・画像の向きに誤りがある。 ・画像の角度にズレがある(顎が大きく上がっている場合等) ・画像領域が不足している(スラブ厚が十分でない場合等) ・その他想定外の画像(頭部以外の画像等) 元画像をよく確認した上で、画像を変更したのち実行してください。	処理できない画像が入力された場合に表示されます。メッセージに従って画像の確認を行ってください。	継続
【エラー発生】画像に何らかの問題があるため演算ができませんでした。画像を確認してください。	画像に問題がある場合に表示されます。画像に十分なスラブ厚がない場合などが考えられます。	継続
【エラー発生】予期せぬエラーです。プログラムの再起動が必要です。	上記以外で、画像処理でエラーが発生したときに表示されます。	停止
【エラー発生】実行中にエラーが発生しました。 [エラー詳細内容]	上記以外のエラーが処理中に発生した場合に表示されます。	停止

## 6.4. フォルダ構成

本節では、本プログラムをインストールすることで作成されるファイルについて説明します。

### ■ インストール先のフォルダ構成

インストール後、インストール先のフォルダ構成は次のようになります。

plus_5	.....	プログラムルートフォルダ
└ bin	.....	ライブラリ用フォルダ
└ toolbox	.....	MATLAB ライブラリ用フォルダ
└ etc	.....	その他用フォルダ
└ man	.....	マニュアル用フォルダ
└ normal	.....	対照画像用フォルダ
└ roi	.....	ROI 用フォルダ
└ reference	.....	リファレンス画像用フォルダ
└ sample	.....	サンプルデータ用フォルダ

### ■ サンプルデータについて

添付のサンプルデータについて説明します。サンプルデータ用フォルダ以下のフォルダ構成は次のようになります。

└ sample	.....	サンプルデータ用フォルダ
└ mri_analyze	.....	ANALYZE 画像フォルダ
└ mri_dicom	.....	DICOM 画像フォルダ
└ result	.....	結果画像フォルダ

mri\_analyze フォルダには、被検者1人分(健常者)の ANALYZE ファイルがあります。

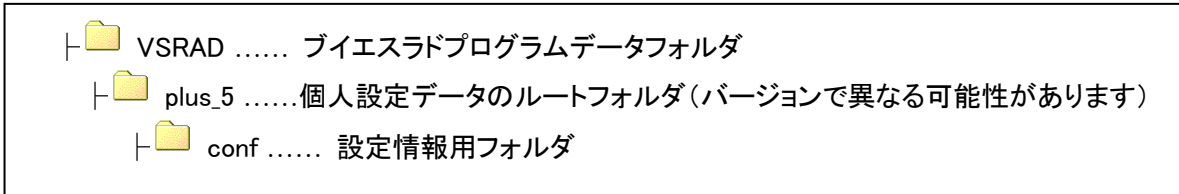
mri\_dicom フォルダには、被検者1人分(健常者)の DICOM ファイルがあります。124 枚のファイルから構成されます。

result フォルダには、被検者2人分(健常者、症例)の Zスコアマップファイルと、被検者1人分(健常者)の途中処理結果ファイルがあります。

- ※ インストール先のフォルダは、基本的に管理者ユーザー以外は書き込みができませんが、サンプルデータ用フォルダ以下のフォルダについては、処理結果データ出力ができるよう全ユーザーが書き込み可能(フルコントロール)になっています。

## ■ 個人設定データについて

個人設定ファイルは、OS のアプリケーションデータ領域に次のフォルダが作成され、この中にファイルが生成されます。



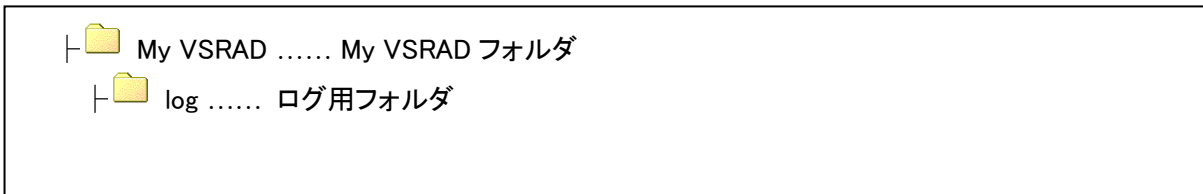
※ 上記フォルダは通常の Windows 環境において、次のフォルダにユーザーごとに作成されます。

C:\Users\ユーザー名\AppData\Roaming

このフォルダは、OS のバージョンや設定によって異なりますので、ご了承ください。

## ■ My VSRAD フォルダについて

本プログラムの実行中に「My VSRAD」フォルダがユーザーごとのマイドキュメントに作成されます。「log」フォルダがログファイルの保存先となっています。



※ 上記フォルダは通常の Windows 環境において、次のフォルダにユーザーごとに作成されます。

C:\Users\ユーザー名\Documents

このフォルダは、OS のバージョンや設定によって異なりますので、ご了承ください。

## 6.5. 個人情報の削除について

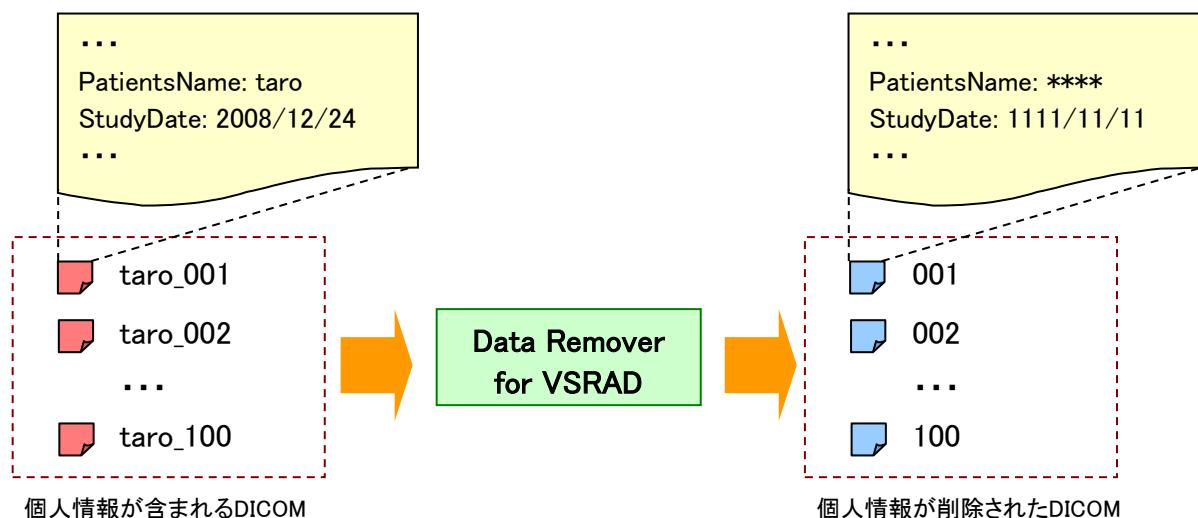
MR 画像ファイルには、被検者の方の名前や患者 ID、生年月日といった個人情報が含まれていることが多いですが、個人情報以外の画像情報があればよいこともあります。ここでは、入力 MR 画像 (DICOM)、処理結果ファイル (ANALYZE) のそれぞれについて個人情報削除方法を説明します。

### ■ 入力 MR 画像 (DICOM)

DICOM には MR 装置の設定パラメータなど、撮像における様々な情報が含まれており、これらを保持したまま個人情報のみを削除したい場合に有効な方法です。

DICOM ファイルは枚数が多く、ヘッダー領域に個人情報が記録され容易には個人情報が削除できないため、個人情報削除・書き換え、ファイル名の変更などが簡便にできるアプリケーション「Data Remover for VSRAD」をご用意しております。

※ 「Data Remover for VSRAD」は「バイエスラド」のホームページより入手できます。詳しい使用方法については、「Data Remover for VSRAD」のマニュアルをご参照ください。



### ■ 処理結果ファイル (ANALYZE)

本プログラムで出力された画像ファイルは、被検者脳表示の Z スコアマップを除き、画像情報から個人情報を容易に分離することができ、分離された画像情報はそれぞれ単独で表示することができます。

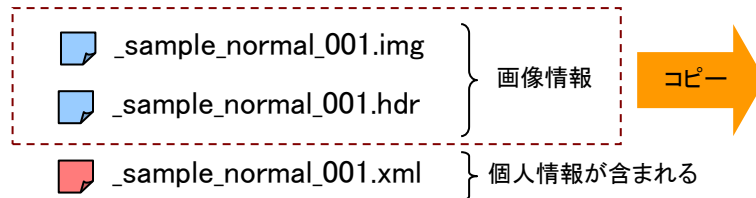
ここでは、サンプル DICOM 画像を本プログラムによって処理して生成されたいくつかのファイルから、個人情報を分離して画像情報のみを別のフォルダにコピーする方法を示します。

#### ✓ ファイル変換直後の画像

本プログラムでは、入力 DICOM 画像について、「ファイル変換」処理によって、ファイル形式 (DICOM → ANALYZE) と断面方向 (sagittal → axial) が変換されますが、画像を構成するボクセルの値は変更されないため、画像全体で見れば入力画像と同じものとみなすことができます。そのため、「ファイル変換」を行った画像は、入力画像から個人情報を取り除くためにも利用できます。

「ファイル変換」を行った画像ファイルは ANALYZE フォーマットなので、メニューから [ファイル] → [その他のフォーマット] → [ANALYZE を開く] で読み込んで画像を確認することができます。

- ① ワークフォルダに、ファイル名の先頭が「\_」(アンダースコア)で始まる同名ファイルで、ファイル名の拡張子が「img」、「hdr」、「xml」で異なる3つのファイルがあることを確認します(\*1)。
- ② 拡張子が「img」、「hdr」の2ファイルのみを別のフォルダにコピーします。
- ③ ファイル名にも名前など個人情報が含まれる場合はファイル名を変更してください。このとき、「img」「hdr」の2ファイルの拡張子を除いたファイル名が同じになるようにしてください。

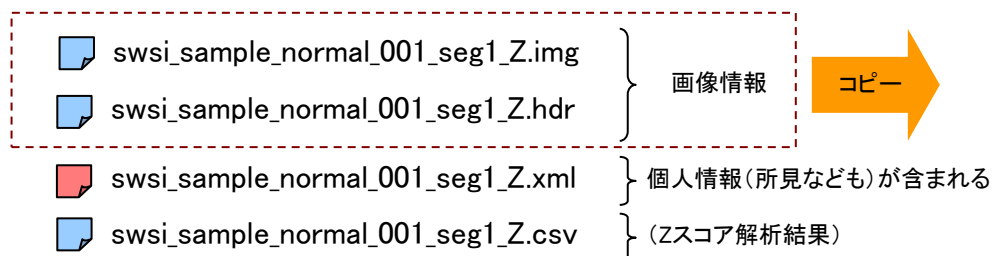


### ✓ Zスコアマップ

Zスコアマップの場合は、「xml」ファイルに所見や対照画像などの情報が記載されています。他にZスコア解析結果の「csv」(カンマ区切り)ファイルも出力されています(画像情報があれば後で作成できます)。これらを除いた画像情報のみを分離する方法を示します。

なお、この方法は、標準脳 Z スコアマップ(拡張子の前が「Z」で終わっているファイル)の場合にのみ有効です。被検者脳 Z スコアマップ(「Z」の後に「u」「uw」「ulw」などが付いているファイル)の場合は、xml ファイルを削除しても個人情報が残る場合があります(\*2)のでご注意ください。

- ① ワークフォルダに、ファイル名の先頭が「sws」、拡張子を除いた最後が「\_seg1\_Z」の同名ファイルで、ファイル名の拡張子が「img」、「hdr」、「xml」、「csv」で異なる4つのファイルがあることを確認します(\*1)。
- ② 拡張子が「img」、「hdr」の2ファイルのみを別のフォルダにコピーします。
- ③ ファイル名にも名前など個人情報が含まれる場合はファイル名を変更してください。このとき、「img」、「hdr」の2ファイルの拡張子を除いたファイル名が同じになるようにしてください。



- (\*1) ファイルの拡張子が表示されない場合は、エクスプローラーのメニューから[ツール]→[フォルダオプション]の[表示]タブの詳細設定において、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。
- (\*2) 被検者脳 Z スコアマップの hdr ファイルに、標準脳 Z スコアマップのファイル名が書き込まれます。そのため、標準脳 Z スコアマップのファイル名に患者名などの個人情報が入っている場合には、上記手順に従ってもそれが残ります。また、上記手順で xml ファイルを除外していますが、xml ファイルには「背景 MRI 画像」などの情報が含まれているため、本プログラムによる被検者脳 Z スコアマップ表示が正常にできなくなります。以上のことから、被検者脳 Z スコアマップについては本手順を適用することはできません。







プログラム 1 疾病診断用プログラム  
管理医療機器 MR装置ワークステーション用プログラム 40940012

# ブイエスラド® プラス

承認番号：30200BZX00061000

## 形状・構造及び原理等

本プログラムは、磁気共鳴画像診断装置(MR装置)で得られた脳画像情報をコンピュータ処理して診断支援情報を提供するものであり、関心領域における萎縮程度等の情報を提供するプログラムである。

本プログラムは、推奨動作環境を満たした汎用PCにインストールして使用する。記録媒体で提供される。

### 〈機能〉

項目	仕様
画像や情報の処理機能	●ファイル変換 ●ボクセル等大化 ●線形変換・トリミング ●灰白質抽出 ●解剖学的標準化 ●対照画像を用いた統計解析 ●領域内の統計値の解析 ●形態逆変換
画像表示機能	「画像や情報の処理機能」の処理結果の表示

### 〈付帯機能〉

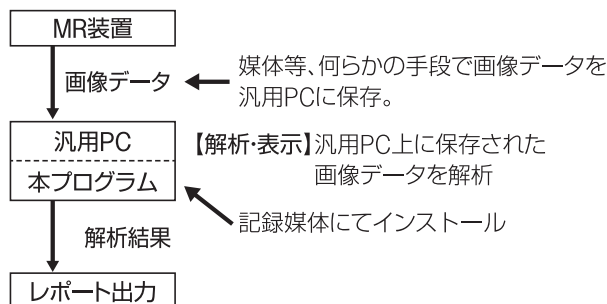
項目	仕様
保存機能	処理結果データを保存及び印刷する機能。
その他の表示機能	診断に参考となるその他の情報を表示する機能。入力MR画像のDICOMヘッダー情報や処理結果の情報の表示機能等がある。
高度な表示及び処理の機能	画像データに対する高度なデジタル画像処理機能。各処理機能との組み合わせもある。ウィンドウレベル/幅設定、マルチフレーム表示、カラー表示、自動レイアウト表示、画像Filter処理、画像間演算処理(透明度の指定等)、重ね合わせ等がある。
3次元画像処理機能	一連の画像データを3次元画像処理し、表示する機能として、入力画像データのMPR処理、処理結果画像の平均値投影表示機能等がある。

### 〈動作原理〉

#### 1. 全体フロー

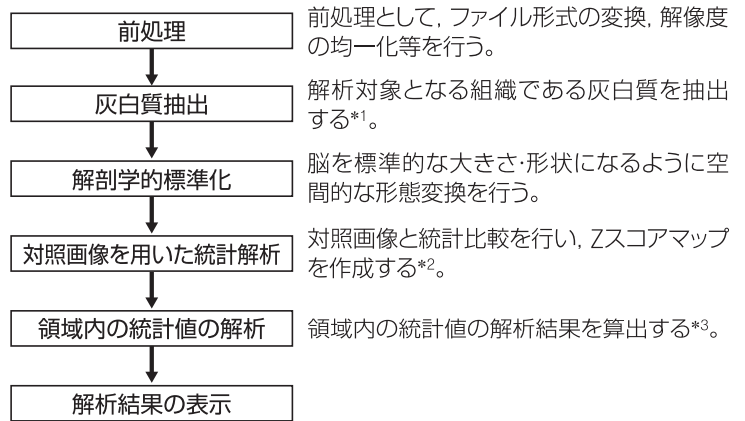
入力画像要件を満たしたMR画像を、推奨動作環境を満たした汎用PCに取り込む。その後汎用PCにて本プログラムを起動後、MR画像を入力し、コンピュータ処理を行い、結果を保存及び表示する。

接続例：汎用PCは「使用方法等」に記載した推奨動作環境及び入力画像要件を満たすものであること。



#### 2. 本プログラム内でのフロー

本プログラム内の標準的な処理フローの概略は次のとおりである。また、処理フローは選択が可能である。



\*1：処理「灰白質抽出」は、脳を灰白質・白質・脳脊髄液の3組織成分に分割する処理である。入力MR画像の信号値の分布と、脳の位置ごとに3組織のいずれの組織に属する可能性が高いかという事前情報に基づいて、各ボクセルがそれぞれの組織をどれだけ含むか算出する。

\*2：処理「対照画像を用いた統計解析」において、画像内の各ボクセルについて以下の計算式より統計値(Zスコア)を算出する。

$$Zスコア = \frac{\bar{X} - X}{\sigma}$$

ただし、 $X$ ：入力画像のボクセル値、 $\bar{X}$ ：対照群の対応するボクセル値の平均値、 $\sigma$ ：対照群の対応するボクセル値の標準偏差、ボクセル値：ボクセル内の解析対象とする組織の容積密度に相当する値

\*3：処理「領域内の統計値の解析」において、「関心領域内の萎縮の程度」は、関心領域内におけるZスコアが正の値となるボクセルのZスコア平均値として算出される。

## 使用目的又は効果

MR装置から収集された脳画像情報をコンピュータ処理し、処理後の画像情報を診療のために提供すること。

## 使用方法等

### 1. 推奨動作環境及び入力画像要件

本プログラムは、製造販売業者又は製造業者が指定した推奨動作環境を満たす汎用PCにインストールして使用する。

汎用PCは、患者環境外に設置する。

また、本プログラムは入力画像要件を満たすMR画像を準備する必要がある。

#### 〈推奨動作環境〉

OS	Windows 7 SP1 (32 bit版, 64 bit版/日本語版) Windows 10 (32 bit版, 64 bit版/日本語版)
CPU	Intel Core 2 Duoクラス以上
解像度	1280×1024以上
色	HighColor (16bit)以上
メモリ	3.0GB以上
HDD 空き容量	インストール先のドライブの空き容量：1GB以上 ワークフォルダ用の空き容量：3GB以上

#### 〈入力画像要件〉

- 3次元T1強調画像 ●矢状断(sagittal)
- 全脳をカバー(スラブ厚16～18cm程度)
- 画素数256×256程度 ●スライス厚0.8～1.5mm程度
- AC-PC lineが水平に近い

機種ごとの撮像条件設定は、本プログラムの取扱説明書等を参照すること。

### 2. セットアップ

①上記の推奨動作環境を満たした汎用PCを用意する。

②インストーラを起動し、画面の指示に従ってインストールする。

### 3. MR画像準備

- ③入力画像要件を満たしたMR画像を準備する。
- ④上記③で準備した画像を、DICOM画像ファイルとして汎用PCに取り込み、汎用PC上の適当なフォルダにコピーする。

### 4. 操作

- ⑤デスクトップ上のアイコン、あるいは、スタートメニューから本プログラムを起動する。
- ⑥初回起動時は、起動時に表示される注意事項に同意する。
- ⑦上記③で準備した画像を、本プログラムのメニューから画像を入力する項目を選び入力する。
- ⑧本プログラム上で、入力画像の断面に間違いがないか等を確認する。
- ⑨本プログラム処理を行う画像を選択し、処理開始を行うボタンを押下し、処理を開始する。
- ⑩処理が完了すると、結果が画面表示される。必要に応じてレポート出力もできる。
- ⑪その他、本プログラムに含まれる各種機能を使用できる。

### 5. 終了

- ⑫本プログラムを終了させるメニューから終了項目を選択し、終了する。

#### 使用上の注意

- 本プログラムは、医師の読影の代用となることを目的としていないことに留意すること。
- 本プログラムが提供する脳萎縮の度合いの情報のみで診断及び鑑別を行わないこと。
  - ①本プログラムは、臨床的にアルツハイマー型認知症(以下AD)が疑わしい症例において参考にするを想定したプログラムであることに留意すること。
  - ②健常者においても、「関心領域内の萎縮の程度」の評価において萎縮がみられる評価となることがあるため、経過観察や他の検査も参考とすること。
- 本プログラムの「関心領域内の萎縮の程度」は、脳全体に対する関心領域の相対的な萎縮を示す解析であり、脳の他の部位の萎縮との相互関連によって、結果が修飾されることに留意すること。
  - ①視覚評価で関心領域に萎縮があると思われても、他の脳領域で萎縮が高度な場合、「関心領域内の萎縮の程度」は低く算出される。
  - ②対照画像と比較して、全脳における灰白質容積が大きい場合、萎縮に関して偽陽性を呈することがある。
- 本プログラムの関心領域は、必ずしも医師が読影する際に確認する領域と一致していないことに留意すること。なお、性能試験の結果、医師の読影による萎縮評価結果と本プログラムの「関心領域内の萎縮の程度」の相関係数は、次に示す〈読影結果との相関分析結果〉のとおりであった。ただし、本結果は限定的な評価用データにおける評価結果であり、あくまで参考情報であることに留意すること。

#### 〈関心領域〉

扁桃を含む両側海馬傍回付近	健常群80例、AD群61例についてグループ解析(2標本t検定)を行った結果、AD群で有意(T=6.5)な萎縮がみられた領域。扁桃を含む両側海馬傍回付近に位置する。
---------------	---

#### 〈読影結果<sup>a</sup>との相関分析結果〉

解析結果	画像例数(人)	相関分析結果		
		相関係数	p値	相関有意性
関心領域内の萎縮の程度	68	0.70	<0.0001	*

\*：有意水準(p<0.05両側)を満たす

a：読影結果：医師3名が読影基準に従って独立に視覚評価した結果の中央値。読影基準は、coronal断面でchoroid fissure幅・下角幅・海馬体高さから5段階で評価。

処理フロー：[2]標準フロー+被検者脳表示

- 脳の検診(いわゆる脳ドック等)においても、まず神経心理学的検査(MMSE、HDS-R等)を行い、ADが疑わしい症例においてのみ本プログラムの結果を参考にすること。
- 解析終了後、灰白質抽出画像の確認等、クオリティコントロールを実施すること。
- 検証機種又はMR装置メーカーの推奨が得られている機種、磁場強度で撮像すること。
- 入力画像は、推奨される画質レベルを満たすこと。また、次のような画像では、灰白質抽出、解剖学的標準化等の処理に失敗し、正常に解析できないことがあるので、留意すること。
  - ①灰白質と白質のコントラストが不十分な画像
  - ②SNR(信号対雑音比)が好ましくない画像(ノイズが目立つ画像)
  - ③信号ムラがある画像
  - ④アーチファクト(磁化率、体動、折り返し等に起因する)がある画像
  - ⑤顎が極端に上がって撮像された画像(自動補正機能で修復できないことがある)
  - ⑥撮像範囲が必要以上に広く、頭部外側の空中、もしくは頭部より下部の組織が広範囲に含まれる画像
- 正常圧水頭症等、脳室拡大が目立つ画像では、正常に解析できないことがあることに留意すること。
- 梗塞等によりT1強調画像で白質低信号領域が広くみられる画像では、正常に解析できないことがあることに留意すること。
- 本プログラム付属の対照画像(対照画像の収集条件及び収集時期は下表)を使用すること。

#### 〈対照画像の収集条件及び収集時期〉

収集条件	年齢：54～86歳(平均±SD：70.2±7.3歳) MMSE：正常(平均±SD：28.7±1.5) 改訂長谷川式簡易知能評価スケール(HDS-R)：正常 ウェクスラー記憶検査法(WMS-R)：正常 ウェクスラー成人知能検査法(WAIS-R)：正常 年齢相応の白質の高信号がT2強調画像でみられるのみ 糖尿病などの脳血管障害の危険因子がない
収集時期	1996～2001年頃

- 本プログラムをインストールした汎用PCを他の機器・ネットワーク等に接続して使用する場合は、コンピュータウイルス及び情報の漏洩に注意すること。

## ●取扱説明書等を必ずご参照ください。

2020年3月作成(第1版)

T-VSRAD201 VSRAD-P・2003・A-S

#### 製品情報お問い合わせ先：

- システム全般に関するお問い合わせ先 VSRADシステムサポートセンター メールアドレス：systemhelp@vsrad.jp  
※回答にはお時間を頂戴することがございます。あらかじめご了承ください。 VSRAD公式ホームページのQ&Aもご活用ください。
- 製品に関するお問い合わせ先 エーザイ株式会社 VSRADダイヤル フリーダイヤル 0120-877-230(平日：9:00～17:00)  
※会社休業日を除く

製造販売元



エーザイ株式会社  
東京都文京区小石川4-6-10

製造元

大日本印刷株式会社 C&I 事業部

