


脳萎縮評価支援システム バイエスラド アドバンス



<取扱説明書> アプリケーションマニュアル

【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

目次

1章 プログラム概要	5
1.1. 全体概要.....	5
1.2. 画像統計処理フロー.....	6
1.3. 対応する入力画像フォーマット.....	7
1.4. 起動.....	9
2章 目的別操作方法	10
2.1. 被検者 1 例の DICOM ファイルを処理する.....	10
2.2. 被検者 1 例の NIFTI ファイルを処理する.....	24
2.3. 被検者 1 例の ANALYZE ファイルを処理する.....	28
2.4. 複数の画像リストの一括処理をする.....	32
2.5. 処理結果を確認する.....	35
2.6. 途中処理結果ファイルを確認する.....	39
2.7. シンプルレポート+VOI 間萎縮比解析結果表示の形式でレポートを印刷する.....	40
2.8. モノクロプリンタに適した形式でレポートを印刷する.....	43
2.9. オリジナルのレイアウトでレポートを印刷する.....	45
2.10. レポート出力設定プリセットを追加する.....	51
3章 各画面の説明	53
3.1. 全体画面構成.....	53
3.2. ウィンドウ一覧.....	54
3.3. トップウィンドウ.....	56
3.4. 画像統計処理ウィンドウ.....	61
3.5. 画像確認ウィンドウ.....	64
3.6. 処理経過ウィンドウ.....	68
3.7. 途中処理結果表示.....	69
3.8. 処理結果表示.....	72
3.9. 印刷と保存.....	88
3.10. 処理結果の検索.....	93
4章 設定	97
4.1. 処理フロー設定.....	97
4.2. 処理結果表示設定.....	98
4.3. 画像確認設定.....	101
4.4. 対照画像設定.....	103
4.5. ワークフォルダ設定.....	105
4.6. カラー設定.....	107
4.7. サウンド設定.....	108
5章 絶対評価表示	109
5.1. 絶対評価表示とは.....	109
5.2. 絶対評価表示の有効化.....	110
5.3. 処理結果表示.....	111
5.4. レポート出力.....	114
6章 画像統計処理	116
6.1. ボクセル等大化.....	116
6.2. 線形変換・トリミング.....	116
6.3. 高信号値抑制.....	117
6.4. 組織分割.....	118
6.5. DARTEL.....	119
6.6. 対照画像との比較.....	120
6.7. 形態逆変換.....	120
7章 付録	121
7.1. 本プログラムで生成されるファイル.....	121
7.2. 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ.....	124

7.3. 処理経過ウィンドウのメッセージ.....	127
7.4. フォルダ構成.....	128
7.5. 索引.....	131

はじめに

本マニュアルは「バイエスラド アドバンス」(以下、本プログラム)のアプリケーションマニュアルです。

※本マニュアルにおける「バイエスラド」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「バイエスラド アドバンス」および「バイエスラド プラス」を指します。

■ 本マニュアルの構成

本マニュアルは、7つの章で構成されています。

1章 プログラム概要

全体概要と標準フローの説明、また用語の解説を行います。

2章 目的別操作方法

操作を一連の手順として説明します。

3章 各画面の説明

各画面についてそれぞれ説明します。

4章 設定

設定可能な項目について説明します。

5章 絶対評価表示

絶対評価表示について説明します。

6章 画像統計処理

画像統計処理について説明します。

7章 付録

- ・ 本プログラムで生成されるファイル
本プログラムで生成されるファイルの命名規則および生成されるファイルについて示します。
- ・ 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ
DICOM/NIFTI/ANALYZE ファイルが開けない場合のメッセージについて説明します。
- ・ 処理経過ウィンドウのメッセージ
処理経過ウィンドウで表示されるメッセージについて説明します。
- ・ フォルダ構成
フォルダ構成を示します。
- ・ 索引

■ 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

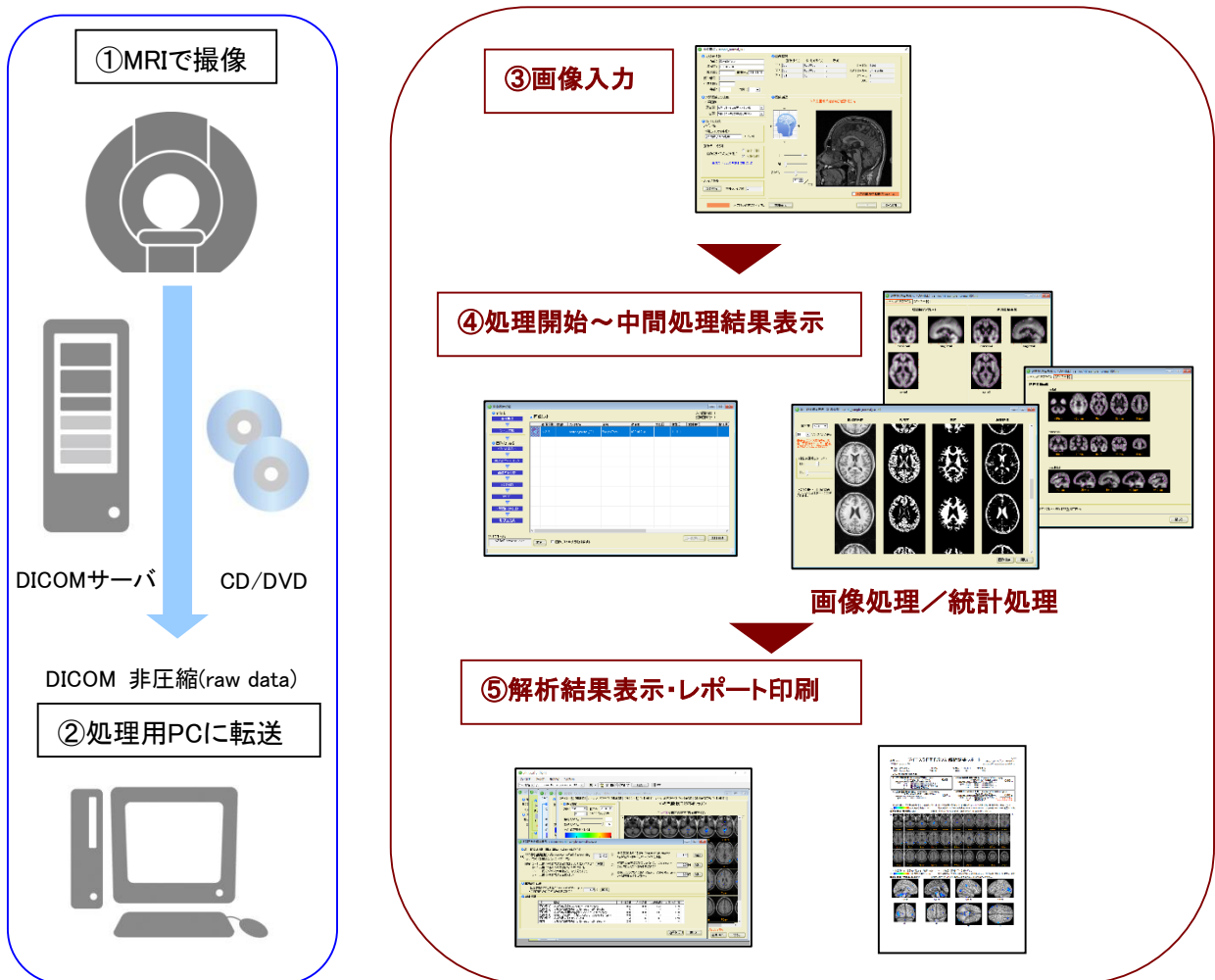
※ 回答にはお時間を頂戴することがございます。あらかじめご了承ください。

1章 プログラム概要

1.1. 全体概要

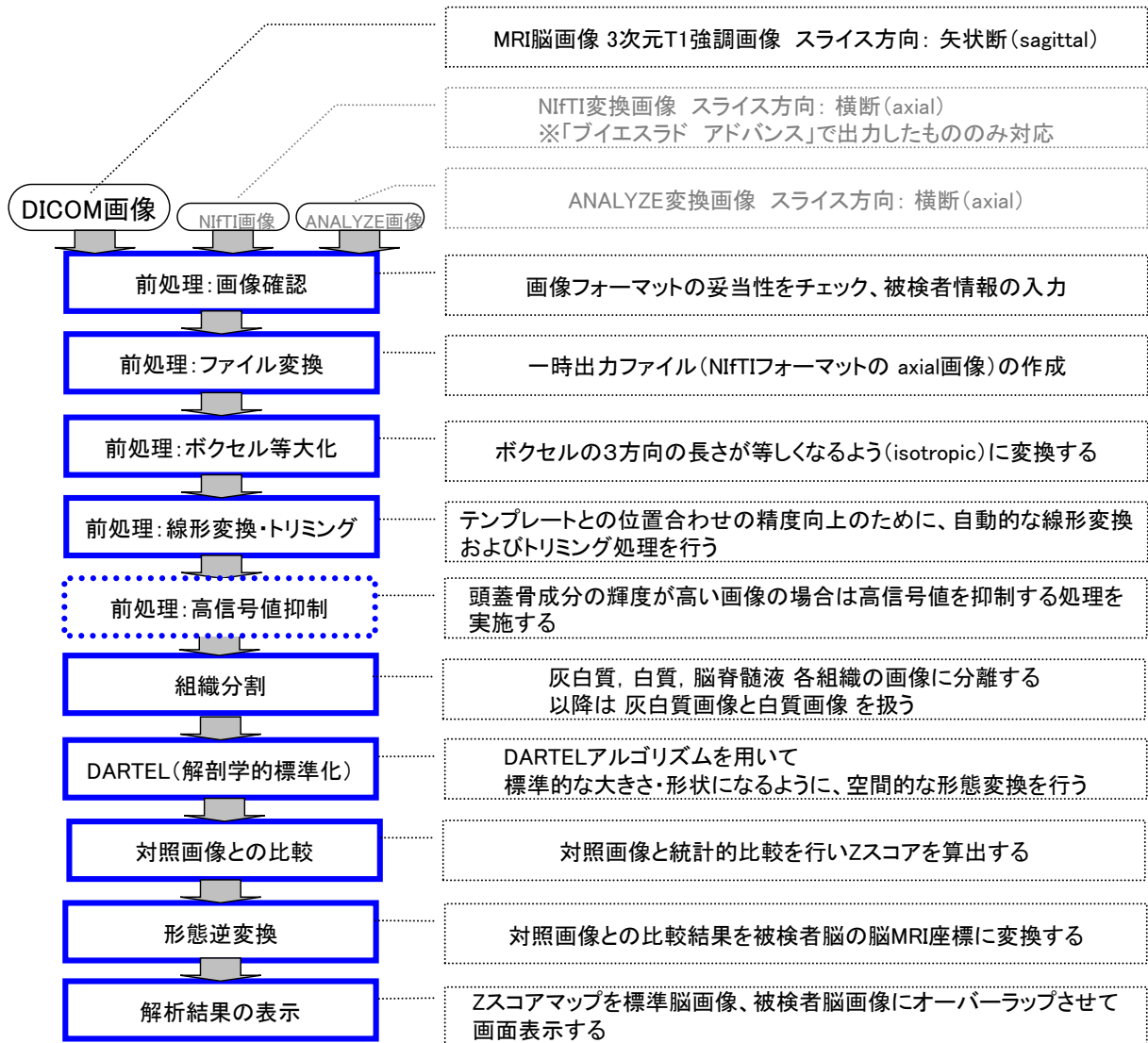
本プログラムは、3D 撮像された被検者の脳 MRI 画像を入力し、画像処理および統計処理によって、対照画像と比較した萎縮（脳容積の低下）を定量的に解析し、結果を画面に表示します。また、これに所見などを加えたレポートを作成して印刷することができます。

入力された MRI 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・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。



1.2. 画像統計処理フロー

本プログラムの画像統計処理フローは次のようになります。



※ 高信号値抑制処理を実施しないフローを選択することも可能です。

※ 処理フローに関する詳細は、【 4.1. 処理フロー設定】 97 ページをご覧ください。

1.3. 対応する入力画像フォーマット

本プログラムで対応する入力画像フォーマットは、矢状断(sagittal)のDICOMファイルと横断(axial)のNIFTIファイルおよび横断(axial)のANALYZEファイルです。以下に、それぞれのフォーマットについて述べます。

■ DICOM フォーマットについて

DICOMファイルは、1ファイルに1スライス画像の2次元情報を格納するため、被検者1人分の脳全体の3次元情報を数10~数100のファイルで構成します(次ページ参照)。本プログラムで読み込むことができるDICOMファイルは、DICOM 3.0に基づき、以下の項目を満たすファイルが対象となります。

- 矢状断(sagittal)であること
- Rows(縦画素数) および Columns(横画素数) の取得が可能であること
- Pixel Spacing(画素間隔)の取得が可能であること
- Bits Allocated(割り当てビット)が8ビット・16ビットであること
- Samples per Pixel(画素あたりサンプル)が1(グレースケールを示す値)であること
- 画像データ部が非圧縮(raw data)であること
- 1ファイルあたり1スライスであること
- Photometric Interpretation(光度測定解釈)がMONOCHROME2であること

■ NIFTI フォーマットについて

標準のNIFTIファイルは、被検者1人分の脳全体の3次元情報を、ヘッダファイル(拡張子『hdr』)とイメージファイル(拡張子『img』)の2枚1組のファイルに格納する方法と、ヘッダとイメージを1枚のファイル(拡張子『nii』)に組み込む方法があります。本プログラムで読み込むことができるNIFTIファイルは、1枚のファイルに組み込む方法(拡張子『nii』)のみに対応しています(次ページ参照)。

なお、本プログラムでは、上記のファイル(nii)に加えて、独自にXMLファイル(拡張子『xml』)を生成します。XMLファイルには、本プログラムによって入力された被検者の情報や処理経過情報などが記録されます。

※本プログラムで読み込み可能なNIFTIフォーマットファイルは、本プログラムで出力したNIFTIファイルのみに限定されます。

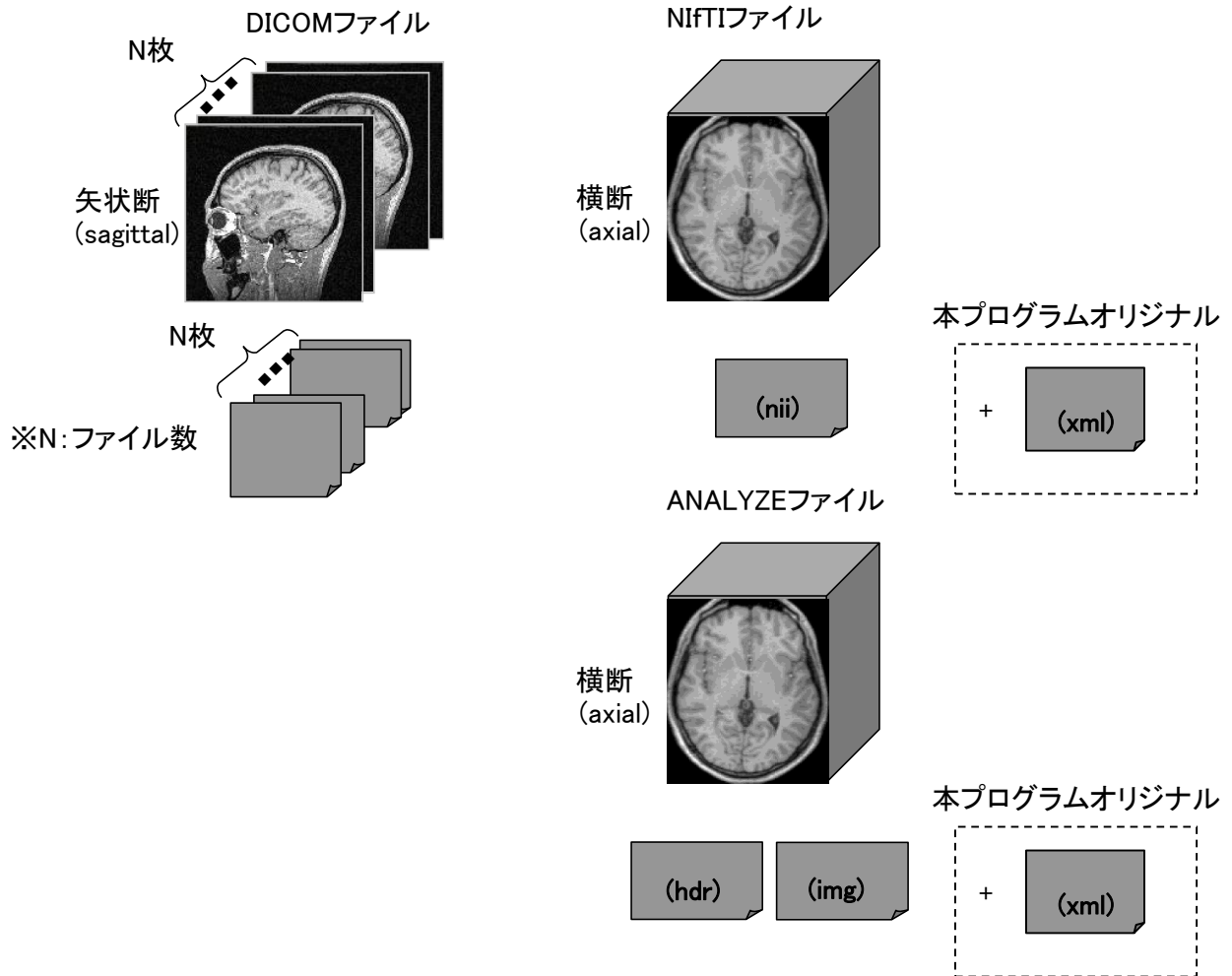
※本プログラムで出力されたNIFTIフォーマットファイルは、他のアプリケーションでは正しく認識されないことがあります。

■ ANALYZE フォーマットについて

標準のANALYZEファイルは、被検者1人分の脳全体の3次元情報を、ヘッダファイル(拡張子『hdr』)とイメージファイル(拡張子『img』)の2枚1組のファイルに格納します(次ページ参照)。本プログラムで読み込むことができるANALYZEファイルは、ANALYZE 7.5のファイルフォーマット(MAYO FOUNDATION社のソフトウェア「ANALYZE」で生成される画像フォーマットやSPMで使用される画像フォーマット)に基づいたファイルを対象としています。

なお、本プログラムでは、ヘッダファイル、イメージファイルに加えて、独自にXMLファイル(拡張子『xml』)を生成します。XMLファイルには、本プログラムによって入力された被検者の情報や処理経過情報などが記録されます。

■ DICOM、NIFTI、ANALYZE のファイル構成について



本プログラムでは矢状断 (sagittal) 方向で入力された DICOM 画像を、内部的に横断 (axial) 方向の NIFTI に変換しています。

1.4. 起動

本プログラムは 2 通りの方法で起動することができます。

☞ インストールに関しては、インストールマニュアルを参照してください。

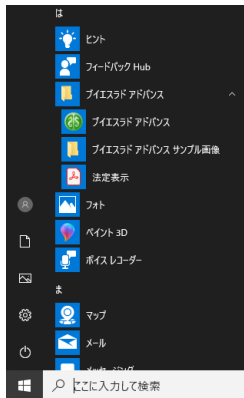
■ 起動

<方法1> デスクトップアイコンからの起動



デスクトップ上のアイコンをダブルクリックしてください。

<方法2> スタートメニューからの起動



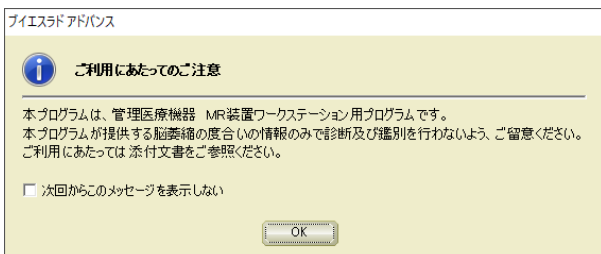
スタートメニューから以下を選択してください。

スタート (Windows ロゴ) → プログラムの一覧から「は」の段
→ バイエスラド アドバンス → バイエスラド アドバンス

※OS の設定により異なることがあります。

Windows 10 の場合

■ 起動時の表示



本プログラムを起動すると、[ご利用にあたってのご注意] ウィンドウが表示されます。内容を確認後、[OK] ボタンを押してください。本プログラムを利用できるようになります。

2章 目的別操作方法

この章では、目的ごとの操作方法を説明します。

本プログラムで対応していない画像ファイルの場合、正常に動作しないことがあります。

☞ 対応する入力フォーマットに関しては、【 1.3. 対応する入力画像フォーマット】7 ページをご覧ください。

2.1. 被検者 1 例の DICOM ファイルを処理する

DICOM ファイルの読み込みから解析結果の表示までの基本的な手順について説明します。

なお、本プログラムで入力できる DICOM ファイルの画像断面方向は、**矢状断 (sagittal) のみ**です。

☞ 各ウィンドウの詳細は、【 3章 各画面の説明】53 ページ をご覧ください。

処理の流れ

- 手順1. DICOM ファイルを開く
- 手順2. 対象被検者の選択
- 手順3. 処理対象画像の確認・被検者情報の入力
- 手順4. 画像統計処理状況と情報の確認
- 手順5. 画像解析結果の確認

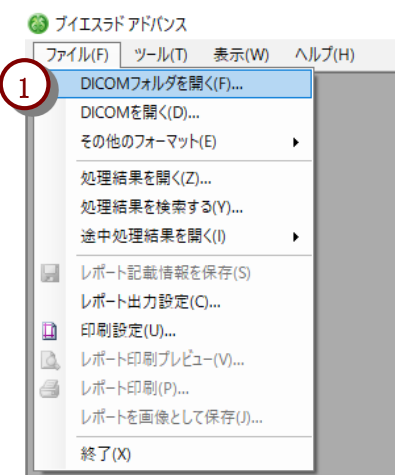
✓ 【手順1】 DICOM ファイルを開く

DICOM ファイルを開くには、フォルダ指定とファイル指定の 2 通りの方法があります。

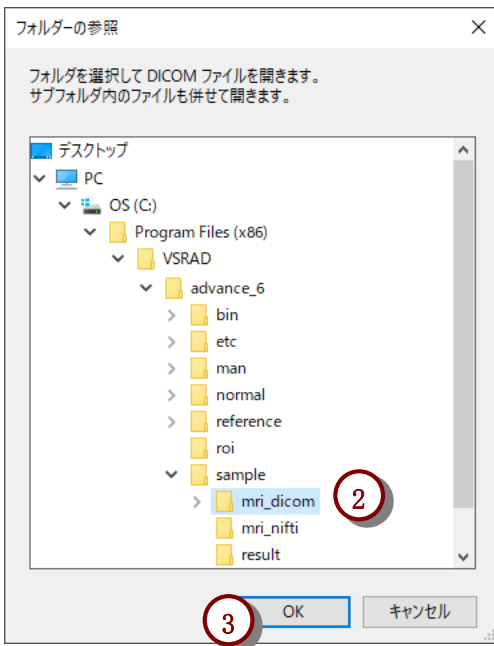
※ 多くの DICOM ファイルを開くと、多くのメモリを使用するため、エラーが発生することがあります。

■ フォルダ指定の場合

サブフォルダも含めたフォルダ内の DICOM 画像をすべて読み込みたい場合は、フォルダを指定して画像を一括して開くことが可能です。



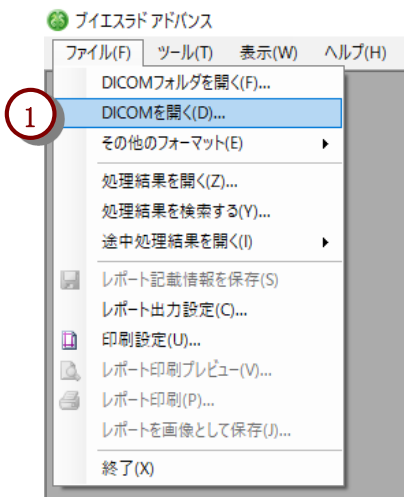
①メニューから、[ファイル] → [DICOM フォルダを開く] を選択してください。



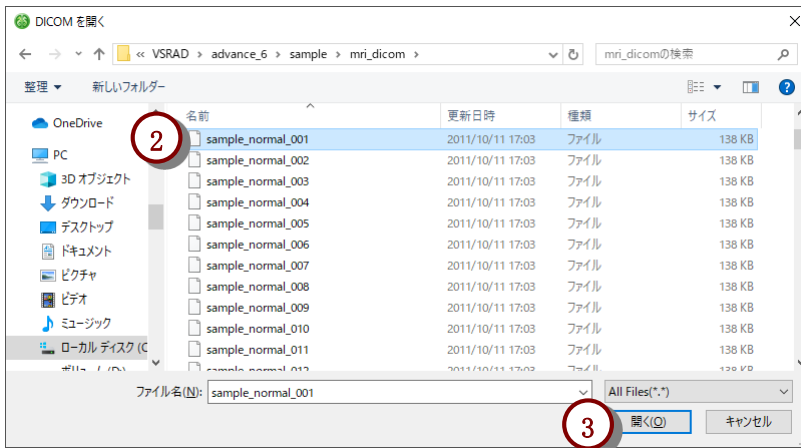
- ②[フォルダーの参照] ダイアログが表示されますので、対象となる DICOM ファイルが存在するフォルダを選択してください。
- ③選択後、[OK] ボタンを押してください。

■ ファイル指定の場合

ファイル指定を行うことで、特定の被検者のファイルのみを開くことが可能です。



- ①メニューから、[ファイル] → [DICOMを開く] を選択してください。



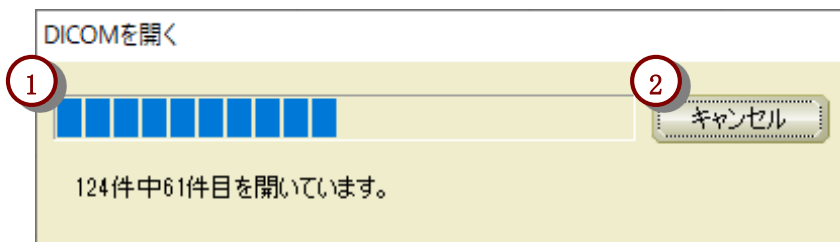
- ②DICOM ファイルが保存されているフォルダを選択し、そのフォルダの中から対象となるファイル 1 つを指定します。
- ③[開く] ボタンを押してください。選択されたファイルが存在するフォルダの中から、選択されたファイルと名前、検査日、収集日、シリーズ番号、シリーズ内容、シリーズインスタンス UID が等しいファイル群が同時に読み込まれます。

※不要なスライスは、[画像確認] ウィンドウの「スライス除外」を使用して除外することができます。

※複数のシリーズが存在する場合でも選択したファイルと等しいシリーズ内容のファイル群だけが読み込まれます。

☞ 上記ファイルを開く画面で表示される初期フォルダは【 3.3 トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】 56 ページを参照してください。

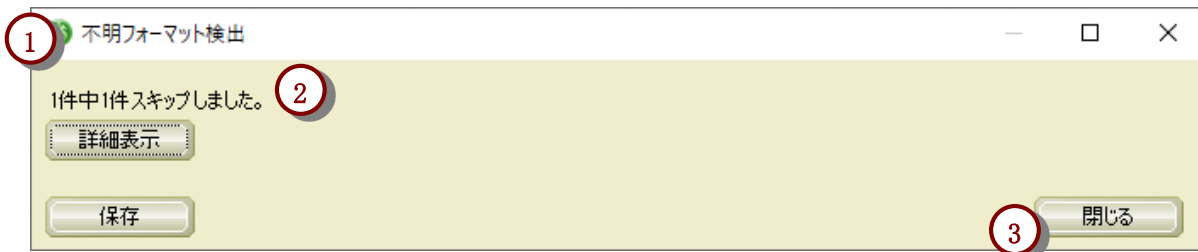
■ ファイルの読み込み



- ①読み込み中は、進行状態が表示されます。しばらくお待ちください。
- ②[キャンセル] ボタンを押すことで、読み込みを中止することができます。

※[キャンセル] ボタンを押すことで読み込みを中止しても、途中まで読み込んだファイルは入力されます。

■ 不明フォーマット検出ウィンドウ

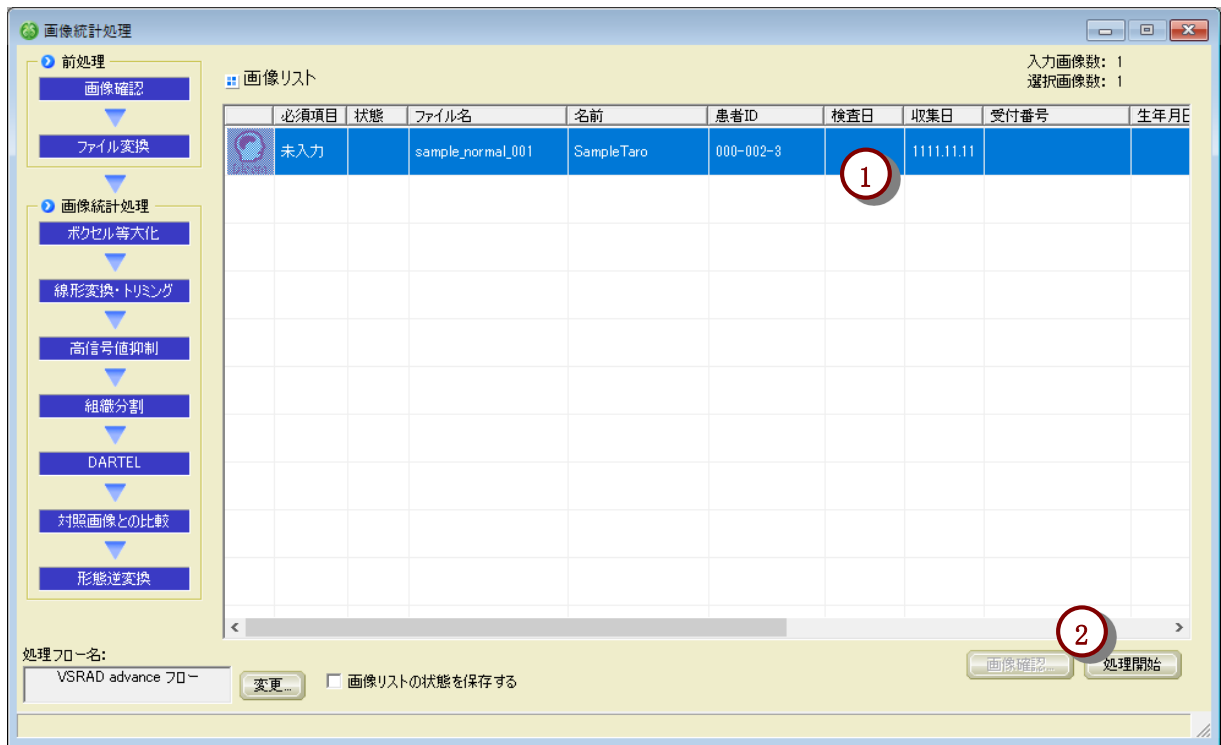


- ①不明なフォーマットが読み込まれた場合は、[不明フォーマット検出] ウィンドウが表示されます。
- ②検索した件数と、不明なフォーマットであったためにスキップされた件数が表示されます。
- ③確認後に [閉じる] ボタンを押してください。
- ☞ 不明なフォーマットに関する詳細は【 7.2. 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ】 124 ページ をご覧ください。

※不明フォーマットが 1 件でも含まれると、必要ファイルの読み込みが行えていても「不明フォーマット検出ウィンドウ」が表示されます。[閉じる]ボタンを押した後、読み込まれたファイルの確認が可能です。

✓【手順2】対象被検者の選択

ファイルを開いた後、[画像統計処理] ウィンドウが開きます。



①「画像リスト」表示エリアに画像リストが表示されます。処理を行う画像リストを選択してください。

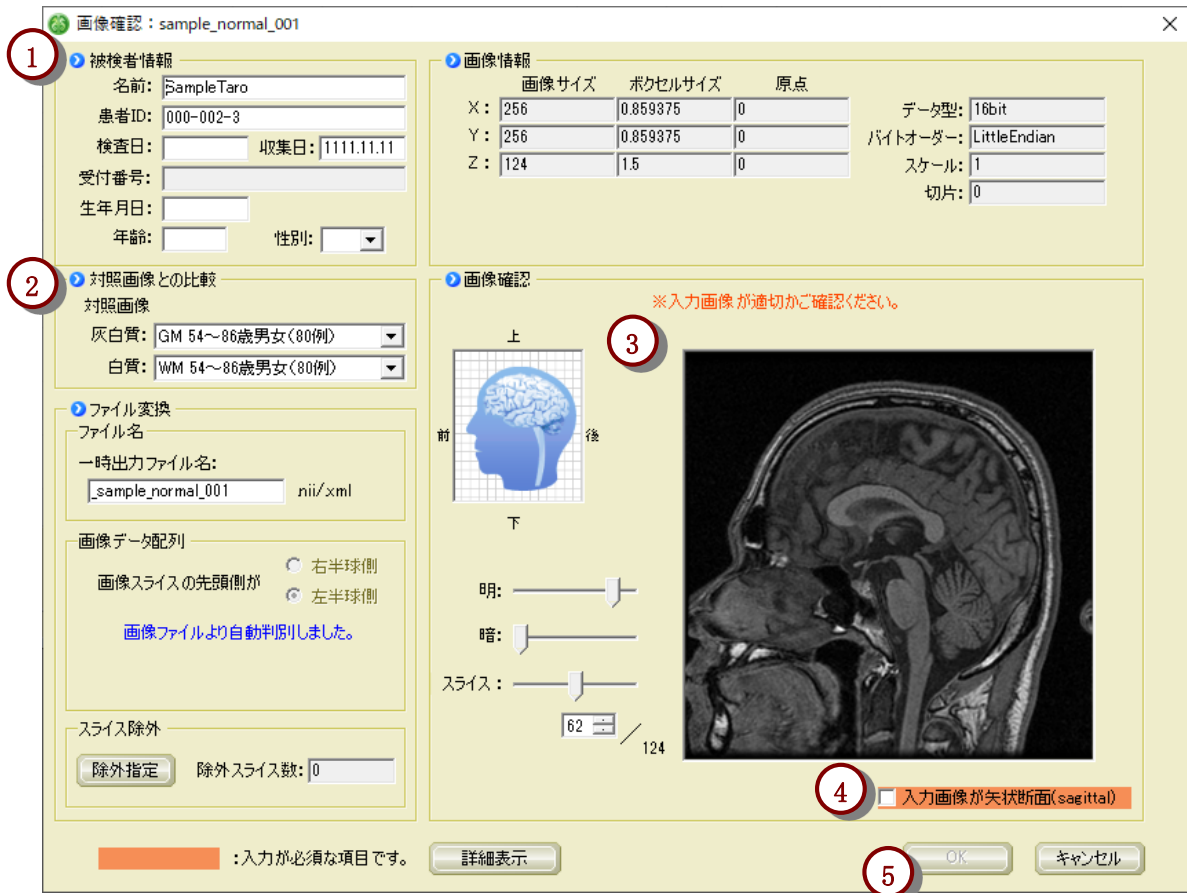
※ ファイルを読み込んだ直後は選択状態になっています。

※ 「画像リストの状態を保存する」をオンにすると、画像統計処理ウィンドウを閉いても画像リストの状態が保持されます。

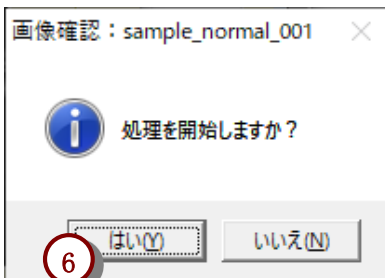
②[処理開始] ボタンを押すと、[画像確認] ウィンドウが表示されます。

✓【手順3】 処理対象画像の確認・被検者情報の入力

1 件の画像リストを選択して [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。



- 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」では、使用する灰白質と白質の「対照画像」をそれぞれ選択します。
※初期設定では以下が選ばれます。
灰白質:「GM 54～86 歳男女(80 例)」
白質:「WM 54～86 歳男女(80 例)」
- ③「画像確認」には、左にサンプル、右に被検者画像が表示されます。
- 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。
※ここまでの操作を行わないと処理を開始することができません。
- ⑤「被検者情報」の入力、画像の確認が終わったら、[OK] ボタンを押してください。



- ⑥処理の開始を尋ねるウィンドウが表示されます。[はい] ボタンを押すことで、処理が開始されます。

✓ 【手順4】 画像統計処理状況と情報の確認

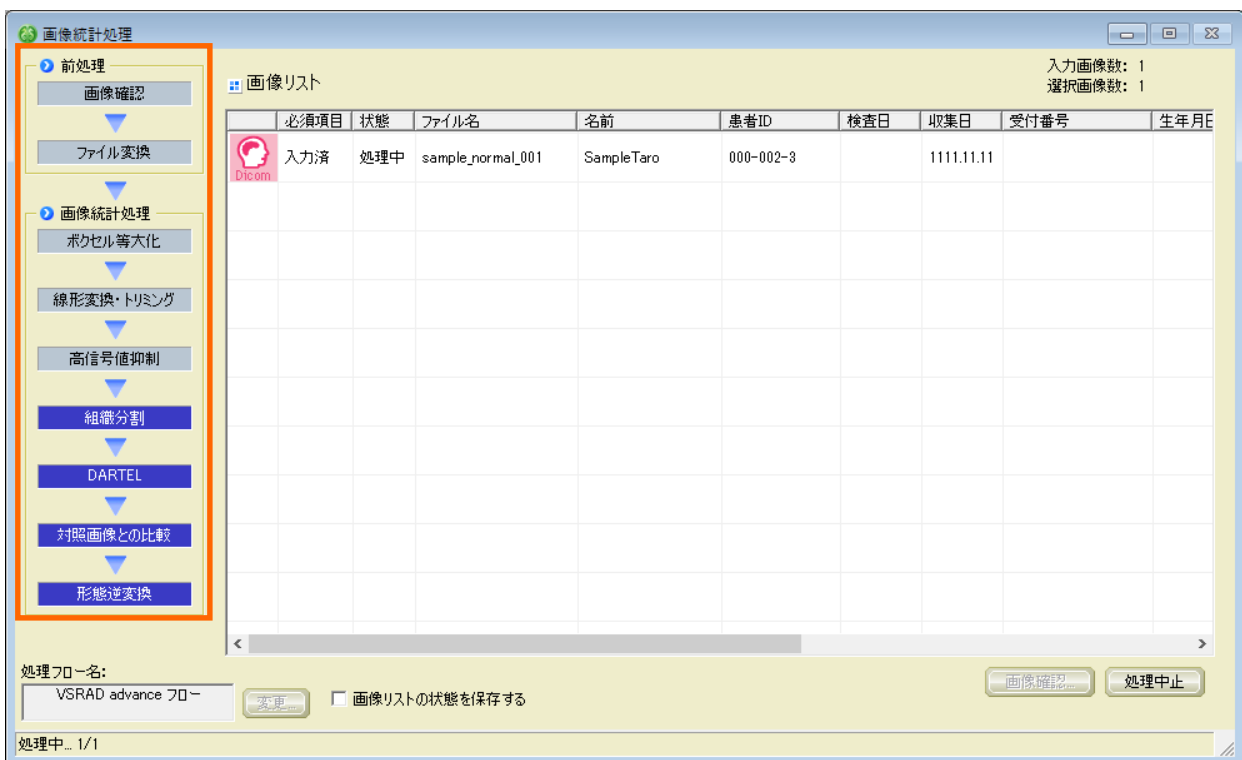
画像統計処理中には、以下のような情報を確認することができます。

- 処理フロー上の完了状況表示
- 処理経過ウィンドウ
- 画像処理経過ウィンドウ
- 途中処理結果表示ウィンドウ

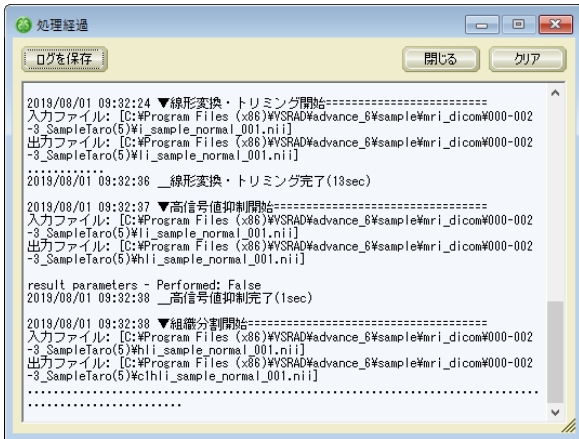
※ 画像統計処理中でもウィンドウを操作することが可能です。

■ 処理フロー上の完了状況表示

処理中は [画像統計処理] ウィンドウ内の処理フローの色が完了したものから順に変わりますので、現在の処理状況を確認することができます。

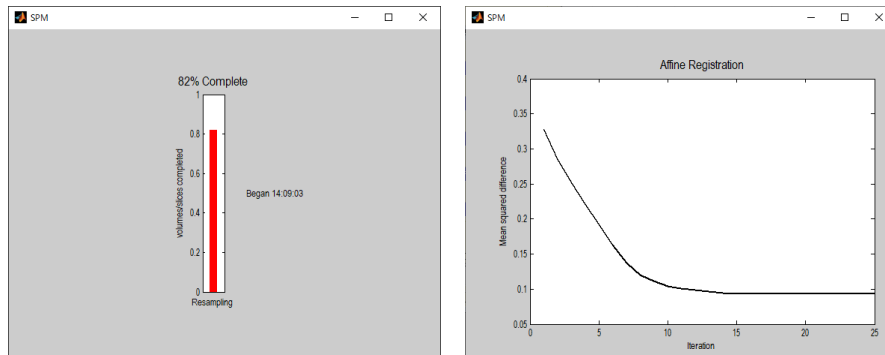


■ 処理経過ウィンドウ



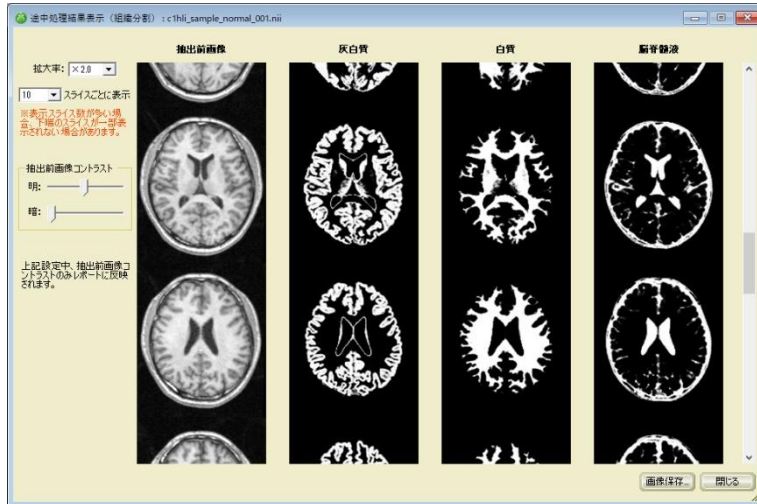
処理を開始すると「処理経過」ウィンドウが表示されます。このウィンドウでは現在の処理状況と入出力ファイルおよび処理フロー全体にかかった時間を確認することができます。

■ 画像処理経過ウィンドウ



処理中に画像の処理経過を表示する「画像処理経過」ウィンドウが表示されます。これらのウィンドウは、処理完了後自動的に閉じます。（初期設定では表示されません。メニューから[ツール]→[処理フロー設定]を開き、「処理中に画像処理経過ウィンドウを表示する」にチェックを入れる则表示されます。）

■ 途中処理結果表示(組織分割)ウィンドウ



組織分割処理が終了した時点で「途中処理結果表示(組織分割)」ウィンドウが開き、組織分割の処理結果が表示されます。

※左から抽出前画像・灰白質・白質・脳脊髄液の順に表示されます。

■ 途中処理結果表示(DARTEL)ウィンドウ

DARTEL 処理が終了した時点で「途中処理結果表示(DARTEL)」ウィンドウが表示されます。

- ①「カーソル付きスライス」表示と「スライス一覧」表示を、タブで切り替えることができます。
- ②「標準脳テンプレート」と「処理後脳画像」が表示されます。
- ③処理後脳画像のスライスが一覧で表示されます。

カーソル付きスライス表示

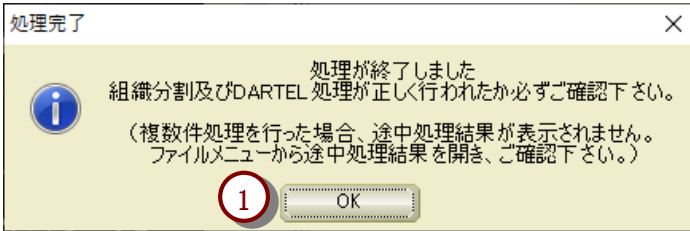


スライス一覧表示



✓ **【手順5】 画像解析結果の確認**

処理が終了すると終了を知らせる画面が表示されます。



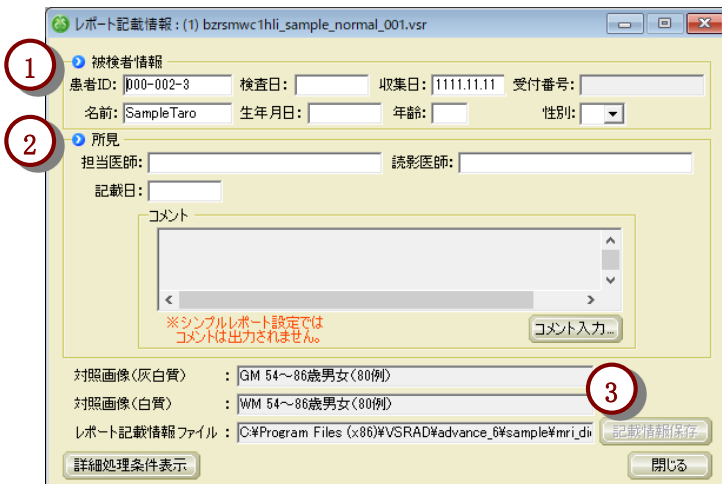
①内容を确认后、[OK] ボタンを押してください。

[レポート記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[[灰白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウ、[[灰白質]Zスコアマップ脳表表示] ウィンドウ、[[白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウ、[VOI間萎縮比解析結果表示]ウィンドウが開かれます。

☞ 各ウィンドウの詳細は【 3.8 処理結果表示】72 ページ をご覧ください。

■ **レポート記載情報ウィンドウ**

被検者情報の入力を行う [レポート記載情報] ウィンドウです。



①「被検者情報」では被検者の名前などの入力・確認を行います。この情報は [画像確認] ウィンドウの情報を引き継ぎます。

②「所見」では、医師名やコメントなどの入力を行います。

③①および②の入力後は、[記載情報保存] ボタンを押すことで、『xml』ファイルに情報を保存することができます。

■ Zスコア解析結果表示ウィンドウ

解析データを確認する [Zスコア解析結果表示] ウィンドウです。

① 灰白質解析結果 [関心領域: VOI for AD:T=7.0]

(1) VOI内萎縮度: **Severity of VOI atrophy** **0.43**
 (VOI内の0を超えるZスコアの平均)
 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

(2) 全脳萎縮領域の割合: *Extent of GM atrophy*
 (全灰白質内のZスコア>2の領域の割合) **1.57%**

(3) VOI内萎縮領域の割合: *Extent of VOI atrophy*
 (VOI内のZスコア>2の領域の割合) **0.00%**

(4) 萎縮比(VOI内/全脳): *Ratio of VOI/GM atrophy*
 (全脳萎縮を1とした割合) **0.00倍**

② 白質解析結果

全脳萎縮領域の割合: *Extent of WM atrophy*
 (全白質内のZスコア>2の領域の割合) **2.59%**

③ 詳細情報

項目	指標	全体の値	右側の値	左側の値	右側-左側
灰白質(1)	VOI内萎縮度: Severity of VOI atrophy	0.43	0.38	0.47	-0.09
灰白質(2)	全脳萎縮領域の割合: Extent of GM atrophy	1.57	-	-	-
灰白質(3)	VOI内萎縮領域の割合: Extent of VOI atrophy	0.00	0.00	0.00	0.00
灰白質(4)	萎縮比(VOI内/全脳): Ratio of VOI/GM atrophy	0.00	-	-	-
灰白質(5)	VOI内最大値: Max in VOI	1.60	1.02	1.60	-0.59
白質	全脳萎縮領域の割合: Extent of WM atrophy	2.59	-	-	-

④ 書き出し... 閉じる

①Zスコアマップファイルから算出される「灰白質解析結果」を確認することができます。なお、関心領域は、内側側頭部(海馬・扁桃・嗅内野の大部分)としています。

②Zスコアマップファイルから算出される「白質解析結果」を確認することができます。

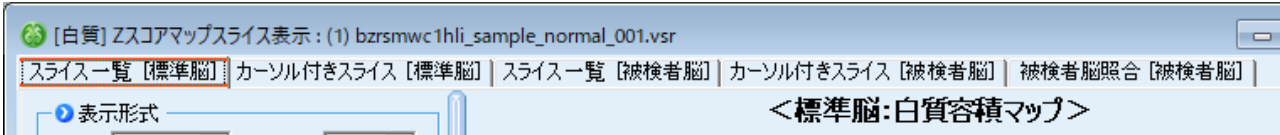
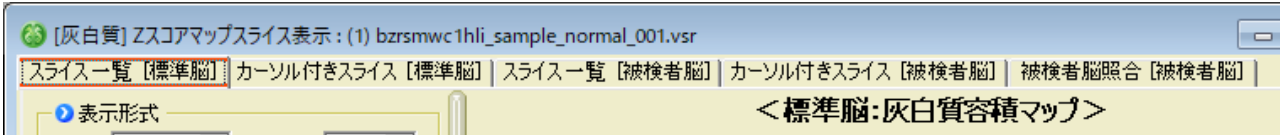
③各指標の解析結果詳細情報をリストで示します。上記①②の値を「全体の値」としてリストで表示し、さらに「右側の値」、「左側の値」、「右側-左側」についてもリストで表示します。

④[書き出し] ボタンを押すことでZスコア解析結果をCSV(カンマ区切り)形式のファイルとして保存することができます。

※ 上記のCSV形式のファイルは、処理の「対照画像との比較」が終わった時点で、ワークフォルダに自動的に保存されます。

※ このウィンドウではVOI間萎縮比の結果は表示されません。同様に [書き出し] ボタンで出力されるCSVファイルにも、VOI間萎縮比の結果は出力されません。

■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ



[[灰白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウおよび[[白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウは、[スライス一覧[標準脳]] タブ、[カーソル付きスライス[標準脳]] タブ、[スライス一覧[被検者脳]] タブ、[カーソル付きスライス[被検者脳]] タブ、[被検者脳照合[被検者脳]] タブを切り替えて表示することができます。初期設定では、処理結果ファイルを開いた直後、[スライス一覧[標準脳]] タブが選択されています。

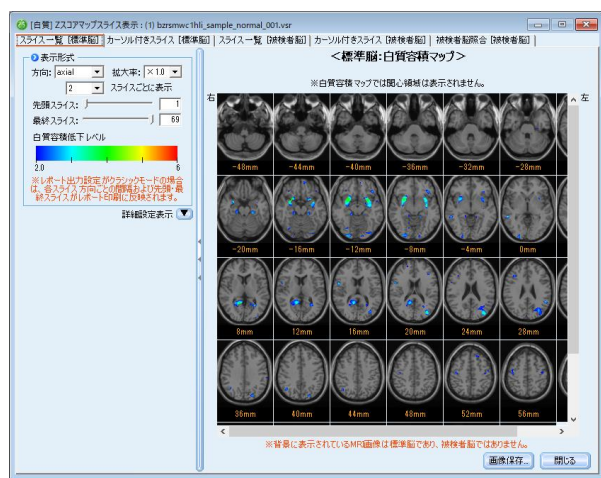
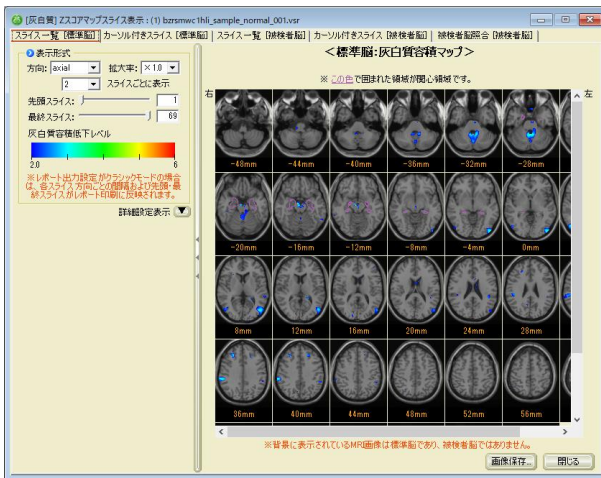
※[灰白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウとの区別のため、[白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウの背景色は水色となっていますのでご注意ください。

■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - スライス一覧[標準脳]タブ

スライス一覧で処理結果画像を確認する [スライス一覧[標準脳]] タブです。

MRI 画像、関心領域 (VOI)、Zスコアをスライス一覧で確認することができます。

※表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。

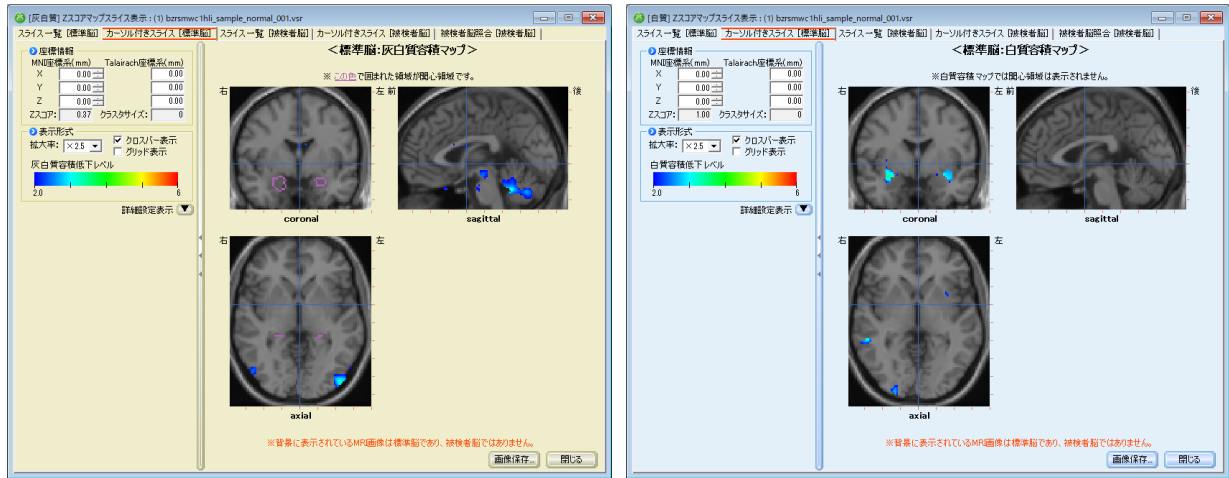


■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - カーソル付きスライス[標準脳]タブ

画像の座標とスライスを確認する [カーソル付きスライス[標準脳]] タブです。

スライス画像の表示位置を画像へのマウスクリックで変更して、MRI 画像、関心領域 (VOI)、Z スコア、解剖学的座標、クラスタサイズの確認を行う画面です。

※表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。

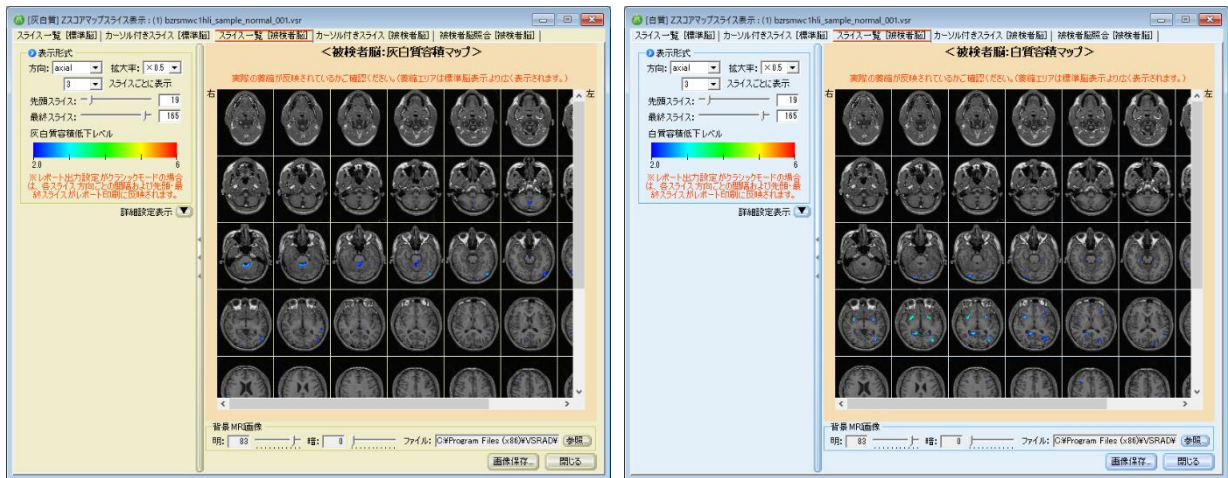


■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - スライス一覧[被検者脳]タブ

被検者脳を背景として、スライス一覧で処理結果画像を確認する [スライス一覧[被検者脳]] タブです。

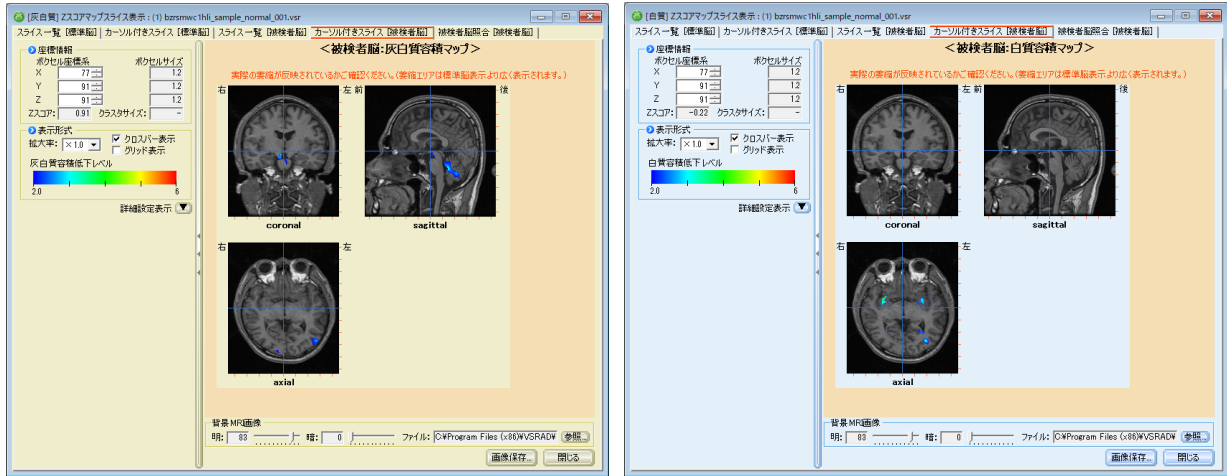
MRI 画像、Z スコアをスライス一覧で確認することができます。

※標準脳の画面と区別するため、背景を薄いオレンジ色で表示しています。



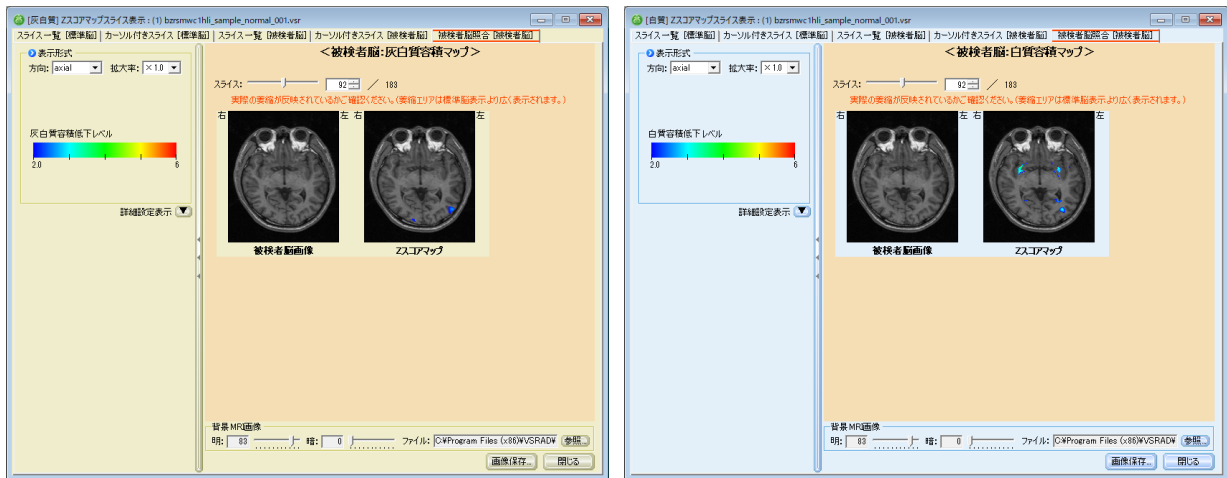
- [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - カーソル付きスライス [被検者脳] タブ
被検者脳を背景として画像の座標とスライスを確認する [カーソル付きスライス[被検者脳]] タブです。スライス画像の表示位置を画像へのマウスクリックで変更して、MRI 画像、Z スコア、ボクセル座標の確認を行う画面です。

※標準脳の画面と区別するため、背景を薄いオレンジ色で表示しています。

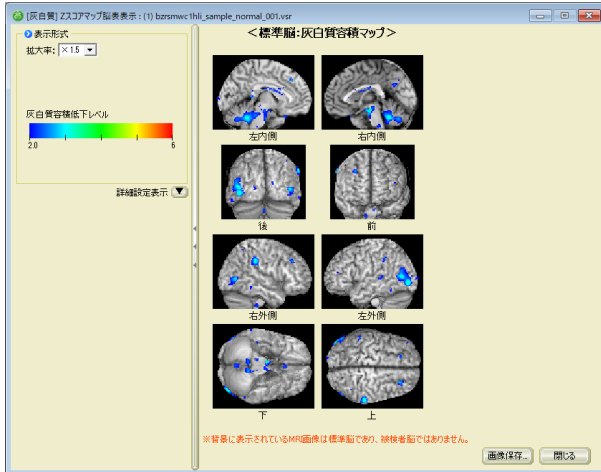


- [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - 被検者脳照合 [被検者脳] タブ
被検者脳の MRI 画像と Zスコアマップ画像を同時に確認するための [被検者脳照合[被検者脳]] タブです。画像の上のトラックバーを操作することで、表示するスライス位置を変化させることができます。

※標準脳の画面と区別するため、背景を薄いオレンジ色で表示しています。



[灰白質]Z スコアマップ脳表表示ウィンドウ



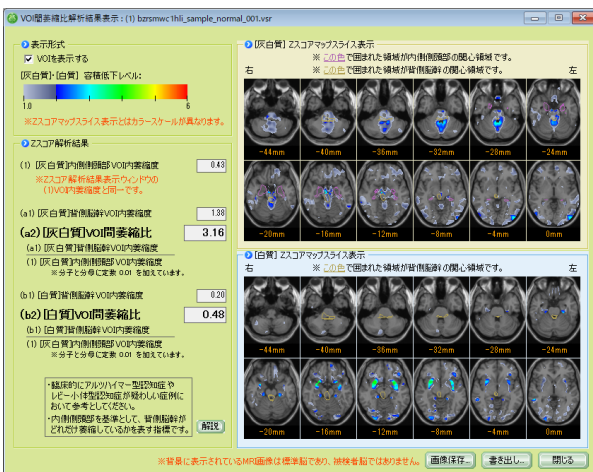
脳表表示で処理結果画像を確認する [[灰白質]Z スコアマップ脳表表示] ウィンドウです。

脳表を 8 方向で表示し、処理結果を確認することができます。

※白質の脳表表示はありません。

※表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。

VOI 間萎縮比解析結果表示ウィンドウ



VOI 間萎縮比 (背側脳幹萎縮と内側側頭部萎縮との比率) を確認する [VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウです。

左側には各 VOI の萎縮の程度と VOI 間萎縮比の算出結果を表示します。右側には、各 VOI の萎縮の程度をカラーマップで表示します。上は灰白質、下は白質の結果です。

※表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。

※Zスコアマップのカラースケールが、他のZスコアマップスライス表示とは異なります。Z スコアが 1.0~2.0 の値のボクセルにも着色されていることにご注意ください。

※[VOI間萎縮比解析結果表示]ウィンドウの背景色は黄緑色となっています。

2.2. 被検者 1 例の NIFTI ファイルを処理する

NIFTI ファイルの読み込みから解析結果の表示までの基本的な手順について説明します。
 なお、本プログラムで入力できる NIFTI ファイルの画像断面方向は、**横断(axial)**のみです。

☞ 各ウィンドウの詳細は、【3章 各画面の説明】53 ページをご覧ください。

※本プログラムで読み込み可能な NIFTI ファイルは、本プログラムで処理したもののみとなります。

他の作成方法による NIFTI ファイルを入力画像とした場合の動作を保証するものではありません。

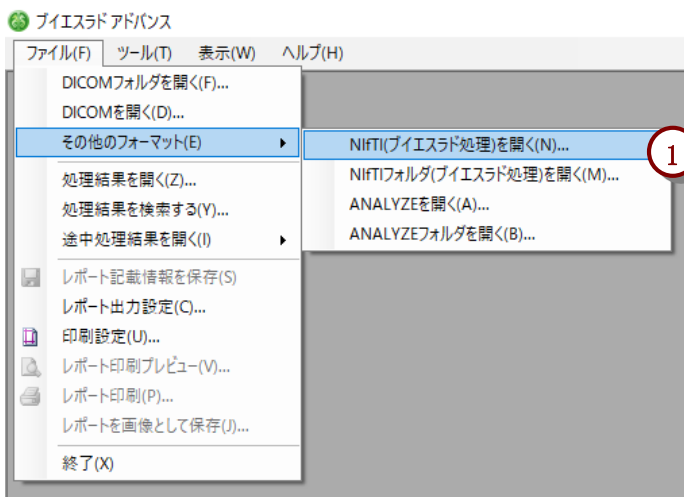
処理の流れ

- 手順1. NIFTI ファイルを開く
- 手順2. 対象被検者の選択 (DICOM ファイルと同様)
- 手順3. 処理対象画像の確認・被検者情報の入力
- 手順4. 画像統計処理状況と情報の確認 (DICOM ファイルと同様)
- 手順5. 画像解析結果の確認 (DICOM ファイルと同様)

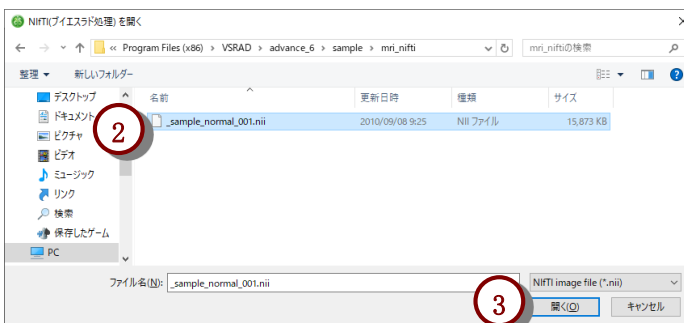
✓ 【手順1】NIFTI ファイルを開く

NIFTI ファイルを開く場合も、ファイル指定とフォルダ指定の 2 通りの方法があります。

■ ファイル指定の場合



①メニューから、[ファイル]→[その他のフォーマット] →[NIFTI(バイエスラド処理)を開く]を選択してください。



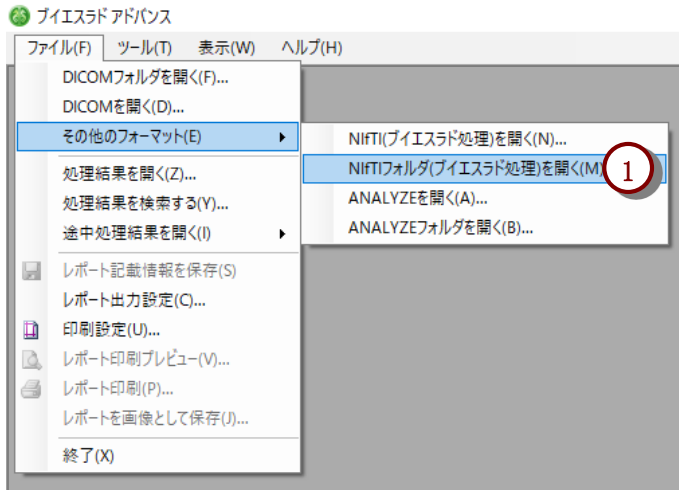
②NIFTI ファイルが保存されているフォルダから、対象となるファイルを選択してください。

③[開く]ボタンを押してください。

※入力画像用 NIFTI ファイルと異なるフォーマットの画像を指定した場合、[不明フォーマット検出] ウィンドウが表示されることがあります。

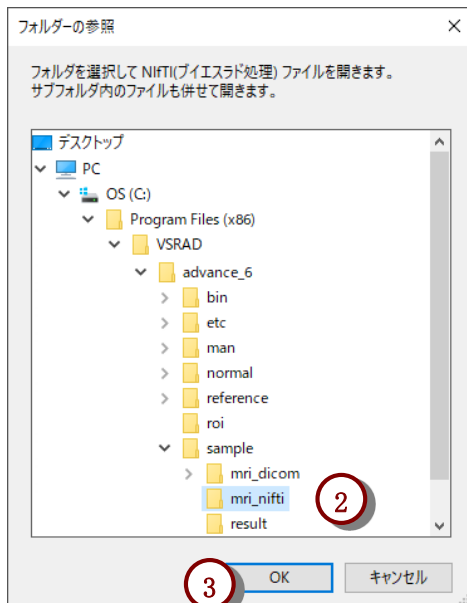
☞ 上記ファイルを開く画面で表示される初期フォルダは【3.3 トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】56 ページを参照してください。

■ フォルダ指定の場合



サブフォルダも含めたフォルダ内の NIFTI 画像をすべて読み込みたい場合は、フォルダを指定して画像を一括して開くことが可能です。

①メニューから、[ファイル]→[その他のフォーマット]→[NIFTIフォルダ(バイエスラド処理)を開く]を選択してください。



②[フォルダーの参照] ダイアログが表示されますので、対象となる NIFTI ファイルが存在するフォルダを選択してください。

③選択後、[OK] ボタンを押してください。

※読み込み中は DICOM の場合と同様に、進行状況が表示されます。

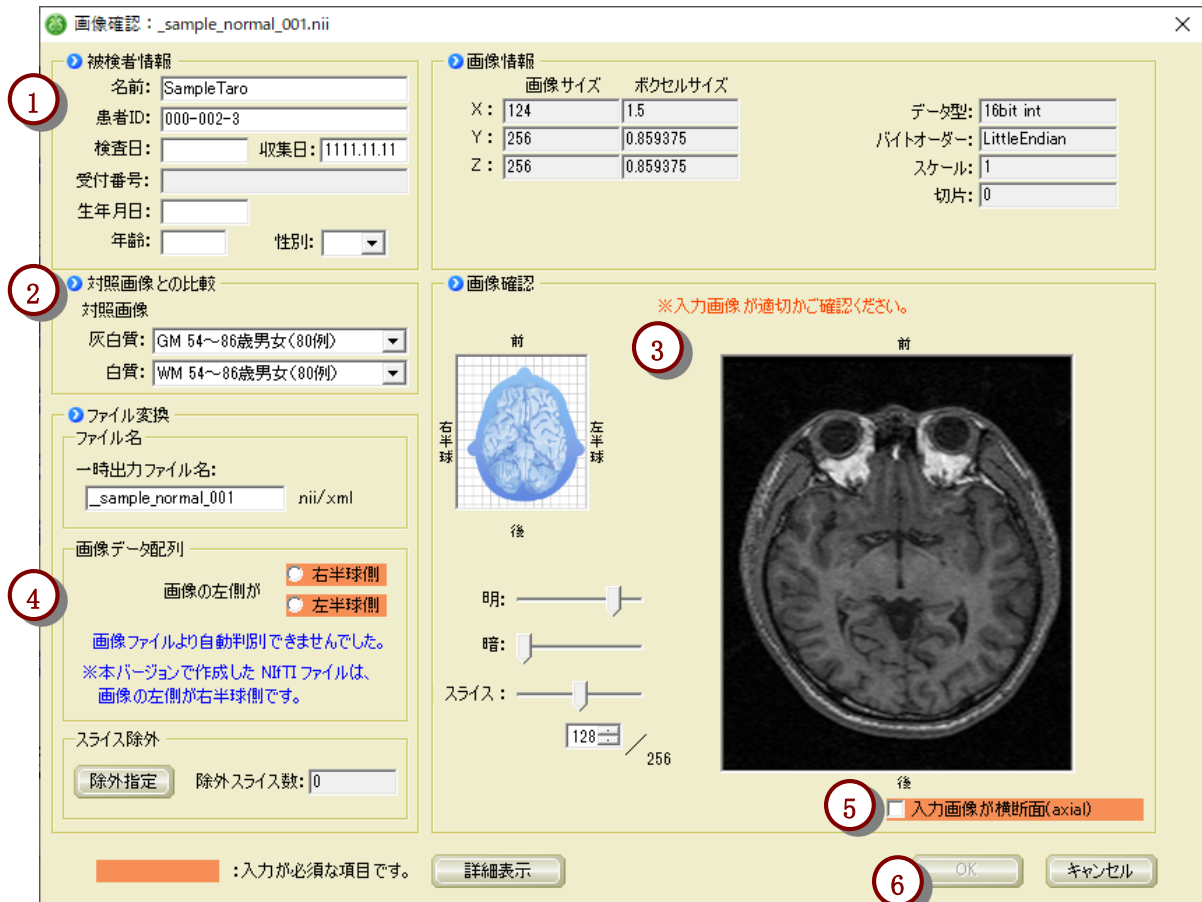
※入力画像用 NIFTI ファイルと異なるフォーマットの画像を指定した場合、[不明フォーマット検出] ウィンドウが表示されることがあります。

✓ 【手順2】 対象被検者の選択

[画像統計処理] ウィンドウの「画像リスト」に画像ファイルの被検者情報が表示されます。DICOM ファイルの【手順2】と同様に、「画像リスト」内の被検者を選択し、[処理開始] ボタンを押してください。

✓ 【手順3】 処理対象画像の確認・被検者情報の入力

1 件の画像リストを選択して [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。



①「被検者情報」では、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」では、使用する灰白質と白質の「対照画像」をそれぞれ選択します。

※初期設定では以下が選ばれます。

灰白質:「GM 54~86 歳男女(80 例)」

白質:「WM 54~86 歳男女(80 例)」

③「画像確認」には、左にサンプル、右に被検者画像が表示されます。

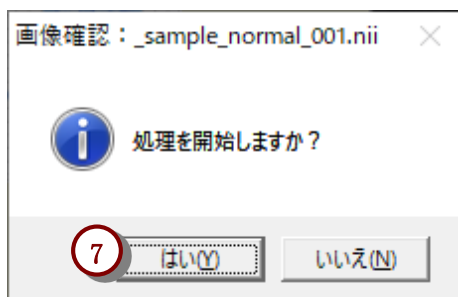
④画像の左側が「右半球側」か「左半球側」かを、ラジオボタンで選択してください。

※本プログラムで生成された NIFTI 画像はすべて左側が右半球の画像となっているため、「右半球側」にチェックを入れてください。

⑤画像が横断面であることを確認したら、「入力画像が横断面(axial)」にチェックを入れてください。

※ここまでの操作を行わないと処理を開始することができません。

⑥「被検者情報」の入力、画像の確認が終わったら、[OK] ボタンを押してください。



⑦処理の開始を尋ねるウィンドウが表示されます。[はい] ボタンを押すことで、処理が開始されます。

☞ 処理開始以降は DICOM ファイルの【手順 4】、【手順 5】の処理と同様となります。

2.3. 被検者 1 例の ANALYZE ファイルを処理する

ANALYZE ファイルの読み込みから解析結果の表示までの基本的な手順について説明します。
 なお、本プログラムで入力できる ANALYZE ファイルの画像断面方向は、**横断 (axial) のみ**です。

☞ 各ウィンドウの詳細は、【 3章 各画面の説明】 53 ページ をご覧ください。

※本機能はバイエスラドの従来版にて DICOM ファイルを ANALYZE 変換した画像について動作確認を行っております。
 他の作成方法による ANALYZE ファイルを入力画像とした場合の動作を保証するものではありません。

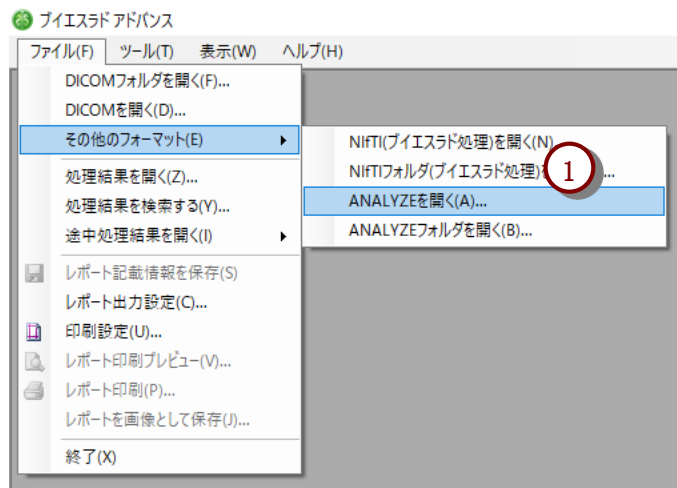
処理の流れ

- 手順1. ANALYZE ファイルを開く
- 手順2. 対象被検者の選択 (DICOM ファイルと同様)
- 手順3. 処理対象画像の確認・被検者情報の入力
- 手順4. 画像統計処理状況と情報の確認 (DICOM ファイルと同様)
- 手順5. 画像解析結果の確認 (DICOM ファイルと同様)

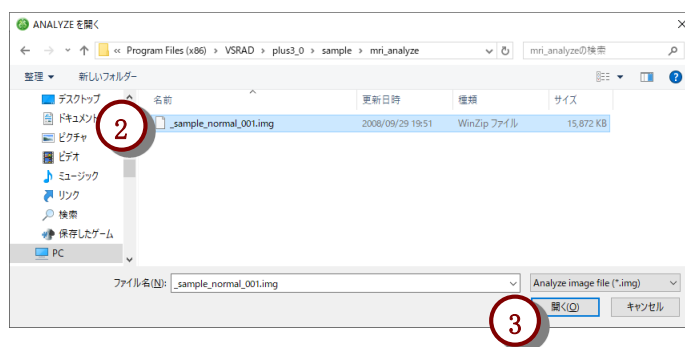
✓ 【手順1】ANALYZE ファイルを開く

ANALYZE ファイルを開く場合も、ファイル指定とフォルダ指定の 2 通りの方法があります。

■ ファイル指定の場合



①メニューから、[ファイル] → [その他のフォーマット] → [ANALYZE を開く] を選択してください。



②ANALYZE ファイルが保存されているフォルダから、対象となるファイルを選択してください。

③[開く] ボタンを押してください。

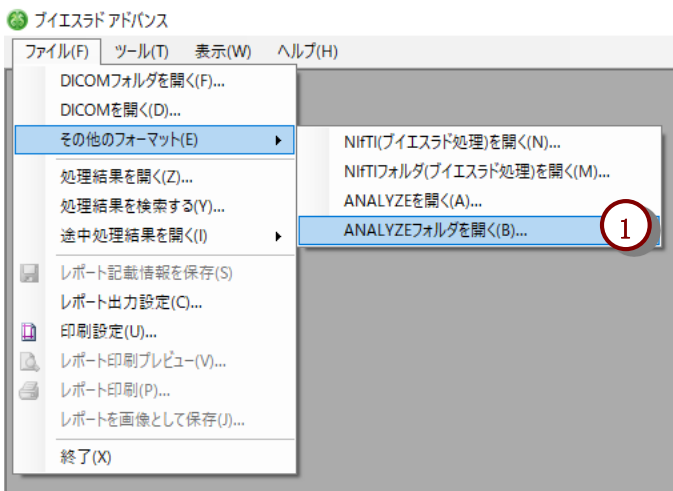
※ANALYZE フォーマットは拡張子が『img』と『hdr』の 2 枚のファイルで構成されていますが、ファイルを開くダイアログには拡張子が『img』のファイルのみ表示されますので、拡張子が『img』のファイルを選択してください。

※入力画像用 ANALYZE ファイルと異なるフォーマットの画像を指定した場合、[不明フォーマット検出] ウィンドウが表示されることがあります。

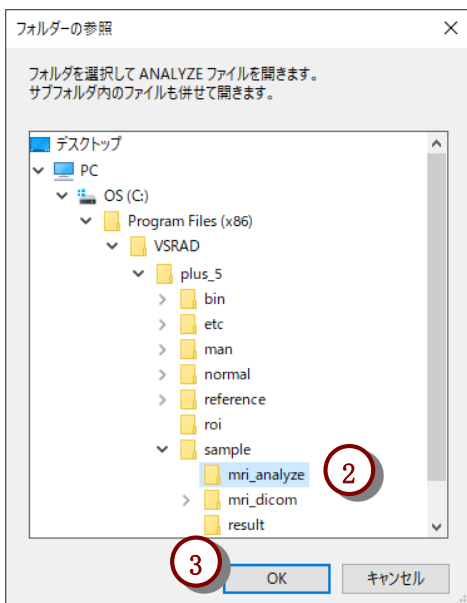
☞ 上記ファイルを開く画面で表示される初期フォルダは【 3.3 トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】 56 ページを参照してください。

■ フォルダ指定の場合

サブフォルダも含めたフォルダ内の ANALYZE 画像をすべて読み込みたい場合は、フォルダを指定して画像を一括して開くことが可能です。



①メニューから、[ファイル] → [その他のフォーマット] → [ANALYZE フォルダを開く] を選択してください。



②[フォルダーの参照] ダイアログが表示されますので、対象となる ANALYZE ファイルが存在するフォルダを選択してください。

③選択後、[OK] ボタンを押してください。

※読み込み中は DICOM の場合と同様に、進行状況が表示されます。

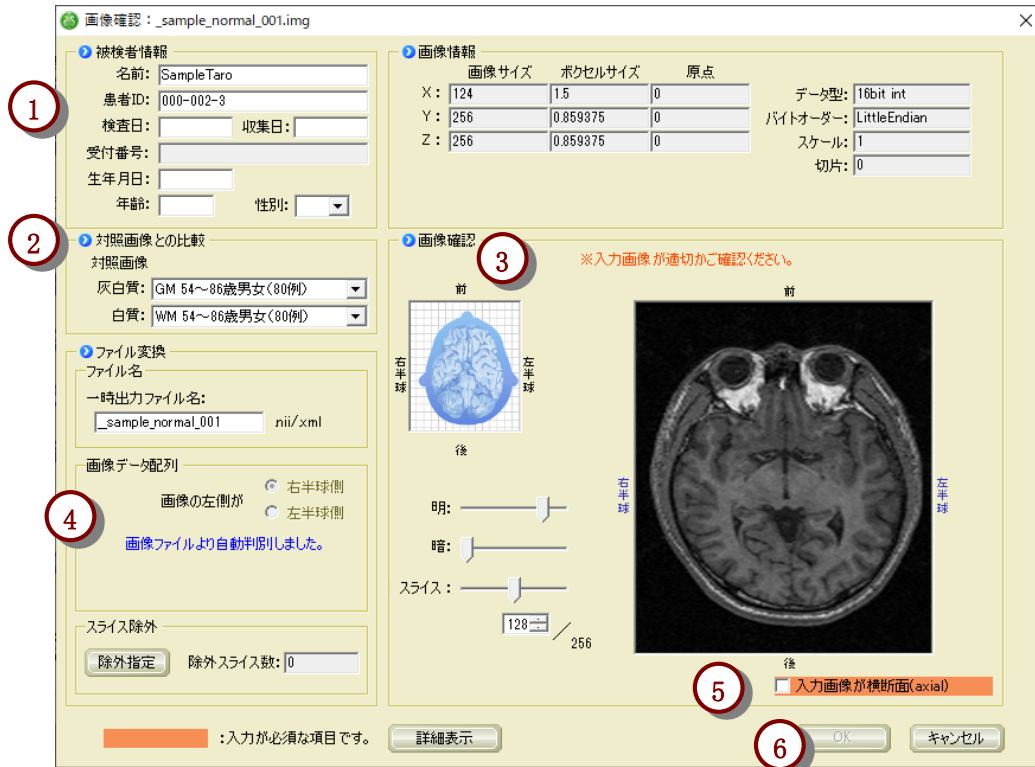
※入力画像用 ANALYZE ファイルと異なるフォーマットの画像を指定した場合、[不明フォーマット検出] ウィンドウが表示されることがあります。

✓ 【手順2】 対象被検者の選択

[画像統計処理] ウィンドウの「画像リスト」に画像ファイルの被検者情報が表示されます。DICOM ファイルの【手順2】と同様に、「画像リスト」内の被検者を選択し、[処理開始] ボタンを押してください。

✓ 【手順3】 処理対象画像の確認・被検者情報の入力

1 件の画像リストを選択して [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。



①「被検者情報」では、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」では、使用する灰白質と白質の「対照画像」をそれぞれ選択します。

※初期設定では以下が選ばれます。

灰白質:「GM 54～86 歳男女(80 例)」

白質:「WM 54～86 歳男女(80 例)」

③「画像確認」には、左にサンプル、右に被検者画像が表示されます。

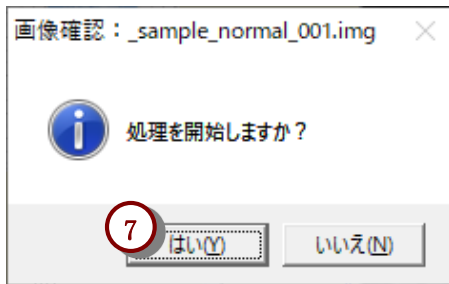
④画像の左側が「右半球側」か「左半球側」かを、ラジオボタンで選択してください。(画像ファイルから自動判別される場合もあります。)

※バイエスラドの従来版で生成された ANALYZE 画像はすべて左側が右半球の画像となっており、自動的にラジオボタンが選択されます。

⑤画像が横断面であることを確認したら、「入力画像が横断面(axial)」にチェックを入れてください。

※ここまでの操作を行わないと処理を開始することができません。

⑥「被検者情報」の入力、画像の確認が終わったら、[OK] ボタンを押してください。



⑦処理の開始を尋ねるウィンドウが表示されます。[はい] ボタンを押すことで、処理が開始されます。

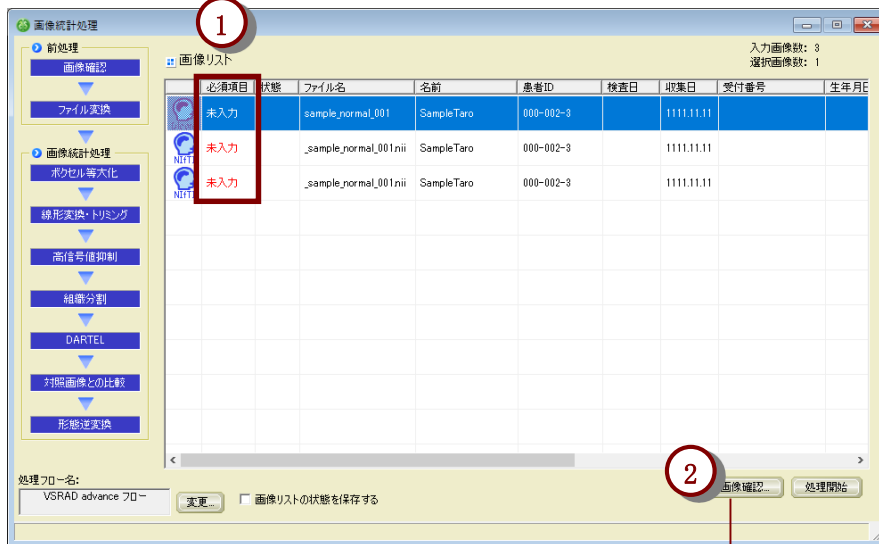
☞ 処理開始以降は DICOM ファイルの【手順 4】、【手順 5】の処理と同様となります。

2.4. 複数の画像リストの一括処理をする

複数の画像リストを一括処理する手順について説明します。

ここでは、メニューから [ファイル] → [DICOM フォルダを開く]、[DICOM を開く]、[NIFTI(バイエスラド処理)を開く]、[NIFTI フォルダ(バイエスラド処理)を開く]、[ANALYZE を開く]、[ANALYZE フォルダを開く] によって、[画像統計処理] ウィンドウに画像リストが複数読み込まれている状態から説明します。

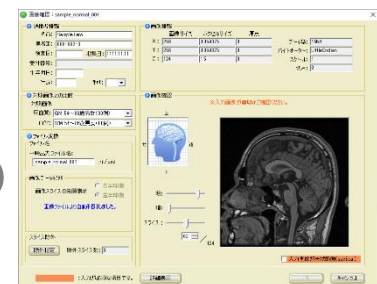
☞ 各ウィンドウの詳細は、【3章 各画面の説明】53 ページ をご覧ください。



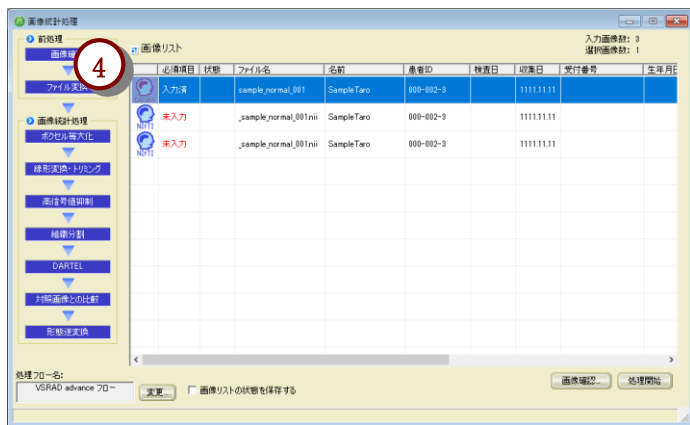
①画像ファイルを読み込んだ直後、通常は必須項目が「未入力」となっています。

②処理を行いたい被検者の画像リストを選択し、[画像確認] ボタンを押します。

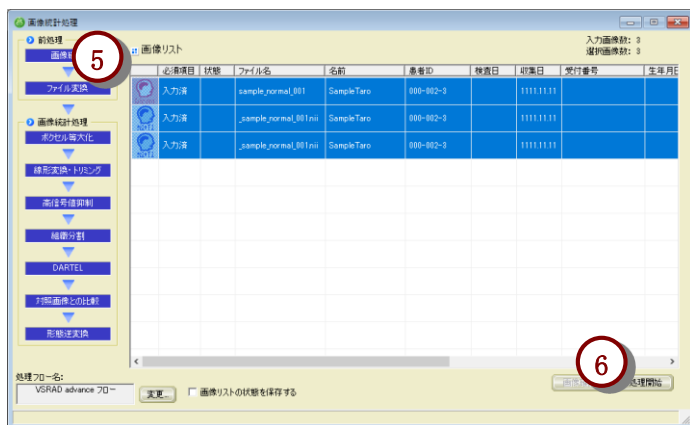
③[画像確認] ウィンドウで必須項目の入力を行い、[OK] ボタンを押します。



- ※ 処理を行いたいすべての画像を読み込んでから、画像確認を行ってください。
- ※ 必須項目の設定は、[画像確認設定] ウィンドウで変更できます。



④必須項目が「入力済」に変わります。処理を行いたいすべての画像リストに関し、[画像確認] ウィンドウで必須項目の入力を行います。



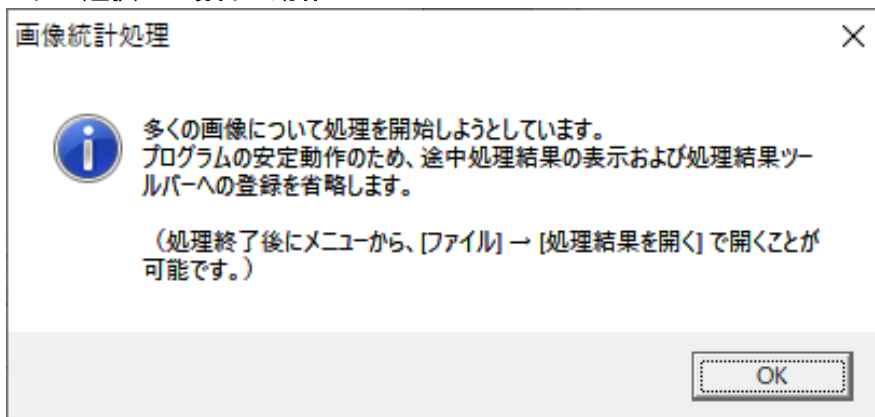
⑤Ctrl キーを押しながら、画像リストをマウスで選択することで、必須項目の入力を終えた複数画像リストを選択状態にします。

※Ctrl キーを押しながら'A'キーを押すことで、すべての被検者を同時に選択することが可能です。

⑥[処理開始] ボタンを押すと、複数画像リストの処理が開始されます。

- ※ 画像統計処理開始以降は【 2.1. 被検者 1 例の DICOM ファイルを処理する】の【処理フロー上の完了状況表示】15 ページ以降の処理と同様となります。
- ※ 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、メモリが足りない旨のエラーが出る場合があります。その場合は、本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。
- ※ 処理結果ファイルを開いている状態で複数の画像を処理すると、エラーが発生することがあります。

■ 画像リストを 5 以上選択した場合の動作



画像リストを 5 以上選択して一括処理を行う場合は、上のメッセージが表示されます。安定動作のために途中処理結果の表示および処理結果ツールバーへの登録が省略されます。

処理終了後に、【 3.8. 処理結果表示】 72 ページを参考にして、各ウィンドウの表示を行ってください。

2.5. 処理結果を確認する

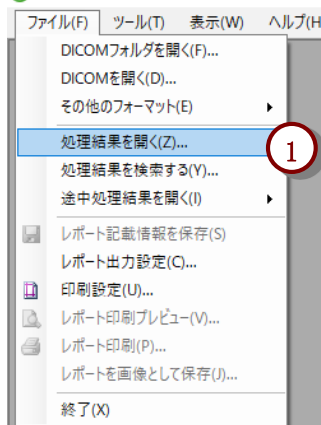
本プログラムでは画像解析終了後に処理結果が生成されます。ここでは過去に生成された処理結果をメニューから開く操作手順を説明します。

本プログラムだけでなく、「VSRAD advance」、「VSRAD advance 2」で処理したファイルも開くことが可能です。途中処理結果をメニューから開く操作手順は、【2.6 途中処理結果ファイルを確認する】39 ページをご覧ください。

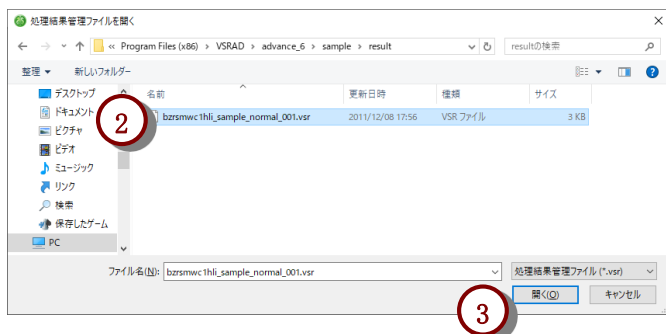
※ 複数の処理結果ファイルを開くとエラーが発生することがあります。一度に開く処理結果は4件程度までを目安にしてください。

■ ファイル指定の場合

バイエストラドアドバンス



①メニューから、[ファイル] → [処理結果を開く] を選択してください。



②処理結果管理ファイル(VSR)が格納されているフォルダを選択し、その中から対象となるファイル1つを指定してください。

③[開く] ボタンを押してください。

☞ 処理結果管理ファイルの保存先は【4.5. ワークフォルダ設定】105 ページを参照してください。

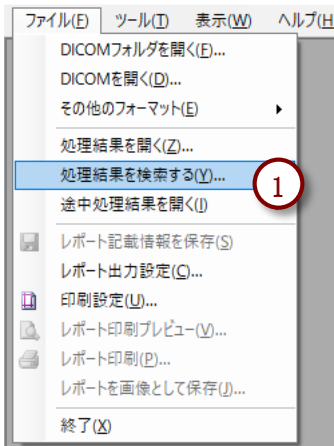
☞ 処理結果管理ファイルの構成は【3.3. トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】56 ページを参照してください。

☞ 上記ファイルを開く画面で表示される初期フォルダは【3.3 トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】56 ページを参照してください。

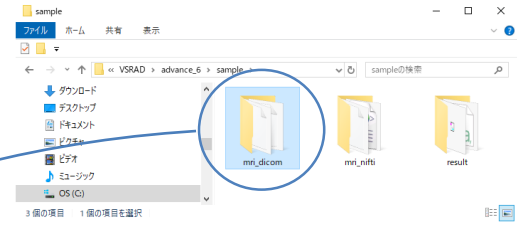
処理結果を開くと [レポート記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[[灰白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウ、[[灰白質]Z スコアマップ脳表表示] ウィンドウ、[[白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウ、[VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウが表示されます。

■ フォルダから処理結果を検索する場合

バイエスラドアドバンス



①メニューから、[ファイル] → [処理結果を検索する] を選択すると[処理結果の検索]ウィンドウが開きます。



(2') エクスプローラーからドラッグアンドドロップでも追加可

② 追加... 削除 ※エクスプローラーからドラッグアンドドロップすることも追加できます。

③ 検索対象フォルダ

フォルダ名
C:\medical\dicom
C:\Program Files (x86)\VSRAD

③ 検索条件

検索条件を指定しない

検索条件を指定する

名前 Taro

患者ID

検索条件クリア ※部分一致で検索します。

④ 処理結果を検索する

フォルダ名	ファイル名	処理日	名前	患者ID	検査日	収集日	受付番号	生年月
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrsmwc_thli_sample_normal_001.vsr	2019.07.24	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrsmwc_thli_sample_normal_001.vsr	2019.07.25	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrsmwc_thli_sample_normal_001.vsr	2019.07.24	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrsmwc_thli_sample_normal_001.vsr	2011.12.08	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		

⑤ 検索結果書き出し... ⑥ 処理結果を開く

※検索結果一覧(値を含む)を CSV形式で出力します。 ※選択行の処理結果を表示します。(4件まで) ※処理結果を開くと、本ウィンドウは閉じられます。

入力画像数: 4
選択画像数: 3

②[追加...]ボタンを押すとフォルダダイアログが表示されるので、対象となる処理結果管理ファイル(VSR)が存在する検索対象フォルダを選択してください。検索対象フォルダは複数指定することができます。また、(2')のように[追加...]ボタンの代わりに、検索対象フォルダのリストにエクスプローラーからフォルダを直接ドラッグアンドドロップすることによっても追加可能です。

③必要に応じて検索条件を指定します。ここでは、「検索条件を指定する」にチェックを入れ、名前に「Taro」を指定しています。

④[処理結果を検索する]ボタンを押すと、検索が実行され⑤に検索結果が表示されます。

⑤検索された検索結果から、開きたいファイルを選択します(一度に開けるのは最大4例までです)。

⑥[処理結果を開く]ボタンを押すと、選択した処理結果が開かれます。

- ☞ 処理結果管理ファイルの保存先は【 4.5. ワークフォルダ設定】 105 ページを参照してください。
- ☞ 処理結果管理ファイルの構成は【 3.3. トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】 56 ページを参照してください。

処理結果を開くと [レポート記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[[灰白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウ、[[灰白質]Zスコアマップ脳表表示] ウィンドウ、[[白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウ、[VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウが表示されます。

■ 処理結果を検索して CSV 出力を行う

上記の①～④までの操作を行ったのち、[検索結果書き出し]ボタンを押すと、リストに表示されているすべてのデータが 1 つのまとまった CSV ファイル(カンマ区切りのフォーマットのファイル)として出力されます。このときリスト上で選択されている行に関わらず、全行の内容が出力されます。

- ☞ [検索結果書き出し]ボタンの機能詳細については【 3.10.処理結果の検索】 93 ページを参照してください。

The screenshot shows a window titled "検索結果" (Search Results) containing a table with the following data:

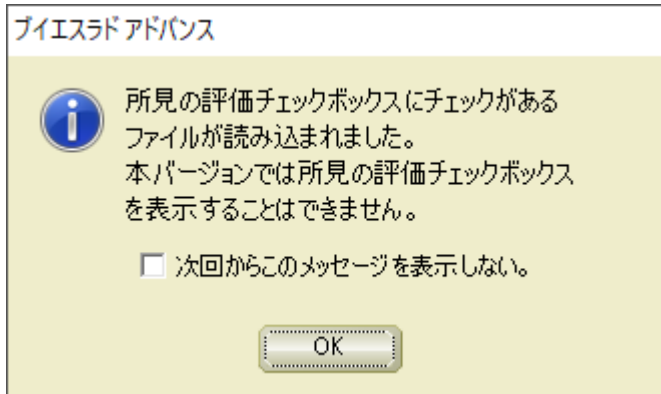
フォルダ名	ファイル名	処理日	名前	患者ID	検査日	収集日	受付番号	生年月
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr	2019.07.24	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr	2019.07.25	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr	2019.07.24	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr	2011.12.08	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		

Below the table are two buttons: "検索結果書き出し..." (Export Search Results) and "処理結果を開く" (Open Results). The "検索結果書き出し..." button is highlighted with a red box. A red arrow points from this button to a text box that says: "[処理結果書き出し]ボタン 検索された処理結果の一覧がすべて CSV 形式で出力されます。" (The [Export Search Results] button outputs the list of searched processing results in CSV format.) Another red arrow points from the "処理結果を開く" button to a grey box labeled "CSV ファイル" (CSV File).

Additional information in the window footer: 入力画像数: 4 (Number of input images: 4), 選択画像数: 0 (Number of selected images: 0). Notes: ※検索結果一覧(値を含む)を CSV形式で出力します。 (Output search results list (including values) in CSV format.) ※選択行の処理結果を表示します。(4件まで) ※処理結果を開くと、本ウィンドウは閉じられます。 (Display processing results of the selected row. (Up to 4 items) ※When opening processing results, this window will close.)

■ 従来版で所見の評価をオンにした処理結果を開いた場合

本プログラムでは従来版における所見の評価チェックがなくなりました。そのため、従来版で生成された、所見の評価チェックが1つでもオンになっている処理結果を開くと、以下のアラートウィンドウが表示されます。



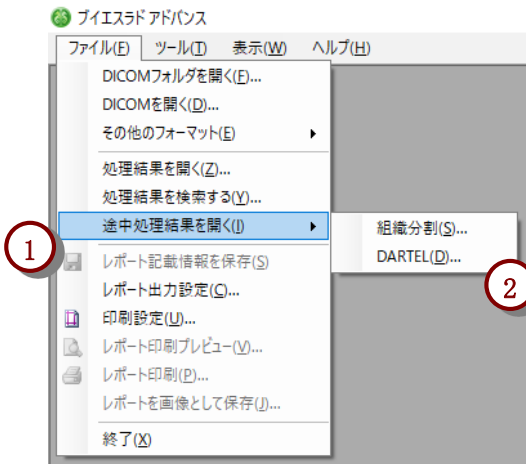
「次回からこのメッセージを表示しない。」をオンにすることで、次回以降はアラートウィンドウが表示されなくなります。

再度表示させたい場合は、処理結果表示設定ウィンドウの「レポートの仕様変更に伴うメッセージ設定」→「Ver.6.00 で削除された機能「レポートの所見の評価チェック」を以前のバージョンで使用していた場合に、ファイル読み込み時に使用していた旨のメッセージを表示する。」をオンにしてください。

☞ 処理結果表示設定ウィンドウの詳細については【 4.2 処理結果表示設定】 98 ページを参照してください。

2.6. 途中処理結果ファイルを確認する

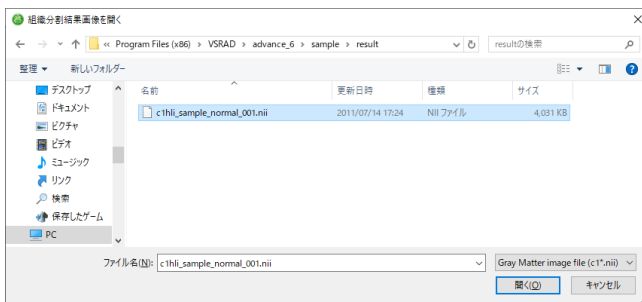
画像解析処理の途中処理結果である組織分割と DARTEL 処理結果画像をメニューから開く操作手順を説明します。



- ①メニューから、[ファイル] → [途中処理結果を開く] を選択してください。
- ②[組織分割] と [DARTEL] が表示されます。表示したい途中処理結果を選択してください。

選択するファイルは、組織分割と DARTEL で異なります。

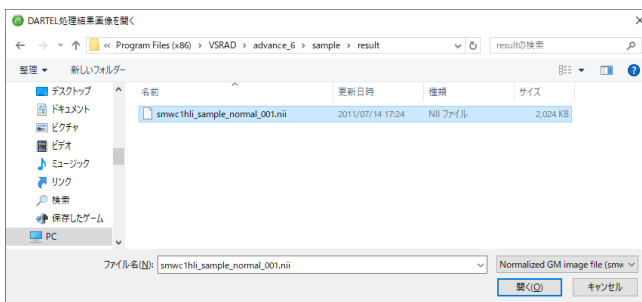
■ 組織分割



組織分割の途中処理結果表示では、抽出前画像、灰白質画像、白質画像、脳脊髄液画像の表示を行います。灰白質画像の『nii』ファイルを選択してください。
 ※組織分割の処理結果灰白質画像のファイル名は、“c1○○○.nii/xml”です(入力画像が○○○.nii/xml の場合)。
 ☞ 組織分割結果画像の保存先は【 4.5. ワークフォルダ設定】105 ページを参照してください。
 ☞ 詳細は【 7.1. 本プログラムで生成されるファイル】の【ファイル名の命名規則】121 ページをご覧ください。

☞ 上記ファイルを開く画面で表示される初期フォルダは【 3.3 トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】56 ページを参照してください。

■ DARTEL



DARTEL の途中処理結果表示では、標準脳テンプレートと処理後脳画像の表示を行います。DARTEL の処理後灰白質画像である『nii』ファイルを選択してください。
 ※DARTEL 処理結果灰白質画像のファイル名は、“smw●●●.nii/xml”です(入力灰白質画像が●●●.nii/xml の場合)。
 ☞ DARTEL 処理結果画像の保存先は【 4.5 ワークフォルダ設定】105 ページを参照してください。☞ 詳細は【 7.1. 本プログラムで生成されるファイル】の【ファイル名の命名規則】121 ページをご覧ください。

☞ 上記ファイルを開く画面で表示される初期フォルダは【 3.3 トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】56 ページを参照してください。

2.7. シンプルレポート+VOI 間萎縮比解析結果表示の形式でレポートを印刷する

レポート印刷の手順を説明します。ここでは、シンプルレポート+VOI 間萎縮比解析結果表示の設定で、付属のサンプル処理結果ファイル为例にします。

✓【手順1】 処理結果を開く

メニューから [ファイル]→[処理結果を開く] を選び、ファイルダイアログから付属のサンプル処理結果ファイル (※)を選択します。

※ 本プログラムが初期設定のフォルダにインストールされている場合のファイルパスは下記となります。

・32bit OS の場合

C:\Program Files\VSRAD\advance_6\sample\result\bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr

・64bit OS の場合

C:\Program Files (x86)\VSRAD\advance_6\sample\result\bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr

✓【手順2】 レポート出力設定を行う

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。ウィンドウタイトルが「レポート出力設定(クラシックモード)」となっている場合は、[advance 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(advance 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+VOI 間萎縮比解析結果表示(2ページ)」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。

※ 【手順2】はレポート出力設定を変更しない場合は毎回行う必要はありません。

レポート出力設定 (クラシックモード)

印刷したい項目のチェックボックスをオンにしてください。
変更した場合はレイアウトを印刷プレビューで確認してください。

1. Zスコア解析結果表示
 2. 所見
 3. [灰白質] 標準脳スライス表示
印刷対象
 axial
 sagittal
 coronal
 4. [灰白質] 脳表表示(標準脳)
 5. 組織分割結果表示
 6. [灰白質] 被検者脳スライス表示
印刷対象 1行に表示するスライス数
 axial 7
 sagittal 6
 coronal 7
 9. VOI間萎縮比解析結果表示

標準設定 全項目設定

advanceモードに切り替える

レポート出力設定 (advanceモード)

モノクロで印刷する

設定: シンプルレポート設定+VOI間萎縮比解析結果表示(2ページ) インポート... 新規... 削除

出力項目	ページ
<input checked="" type="checkbox"/> Zスコア解析結果表示(一般情報)	1
<input checked="" type="checkbox"/> [灰白質]標準脳スライス表示(axial)	1
<input checked="" type="checkbox"/> [灰白質]脳表表示(標準脳)	1
<input checked="" type="checkbox"/> VOI間萎縮比解析結果表示	2
<input type="checkbox"/> Zスコア解析結果表示(詳細情報)	
<input type="checkbox"/> 所見	
<input type="checkbox"/> [灰白質]標準脳スライス表示(sagittal)	
<input type="checkbox"/> [灰白質]標準脳スライス表示(coronal)	
<input type="checkbox"/> 組織分割結果表示	
<input type="checkbox"/> [灰白質]被検者脳スライス表示(axial)	
<input type="checkbox"/> [灰白質]被検者脳スライス表示(sagittal)	
<input type="checkbox"/> [灰白質]被検者脳スライス表示(coronal)	
<input type="checkbox"/> [白質]標準脳スライス表示(axial)	
<input type="checkbox"/> [白質]標準脳スライス表示(sagittal)	
<input type="checkbox"/> [白質]標準脳スライス表示(coronal)	
<input type="checkbox"/> [白質]被検者脳スライス表示(axial)	
<input type="checkbox"/> [白質]被検者脳スライス表示(sagittal)	
<input type="checkbox"/> [白質]被検者脳スライス表示(coronal)	

※プリセットの設定は項目の変更ができません

プレビュー...

OK キャンセル 適用

Zスコア解析結果表示(一般情報)

レイアウト

灰白質と白質の値を表示する
 灰白質の値のみ表示する

必ずページの先頭から始める

クラシックモードに切り替える

advance モードとクラシックモードを切り替えます。

【手順3】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。

「シンプルレポート設定+VOI間萎縮比解析結果表示(2 ページ)」では、以下のように、1 ページ目には解析結果の4つの数値、灰白質標準脳 axial、脳表の順でレイアウトされます。2 ページ目には VOI間萎縮比解析結果表示ウインドウで表示される解析結果の数および灰白質・白質のスライス画像がレイアウトされます。

<p>処理フロー: バイオスタドアドバンス 解析結果レポート page 1 VSRAD advance フォー バイオスタドアドバンス (6.00.0001) bsrsmw/m/sample_normal/001.vsr</p> <p>患者ID: 000-002-3 検査日: 収束日: 1111.11.11 受付番号: 名前: SampleTaro 生年月日: 年齢: 性別:</p> <p>2.3.7スライス結果表 (自動算出)</p> <table border="1" style="width:100%;"> <tr> <td style="width:50%;"> (1) VOI内萎縮比: Severed VOI atrophy 0.43 <small>VOI内の各スライスごとの平均値</small> <small>(黄色) 脳内各領域の萎縮が著しい</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small> </td> <td style="width:50%;"> (3) VOI間萎縮比の割合: Extent of VOI atrophy 0.00 % <small>VOI内2スライス間の領域の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small> </td> </tr> <tr> <td> (2) 全脳萎縮比の割合: Extent of GM atrophy 1.57 % <small>全脳内各スライスごとの領域の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small> </td> <td> (4) 萎縮比 (VOI内/全脳): Ratio of VOI/GM atrophy 0.00 倍 <small>脳萎縮の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small> </td> </tr> </table> <p><small>※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。</small></p> <p>2.0 6 灰白質萎縮低下レベル 対照画像グループ GM 武蔵病院DB for VSRAD advance 対照画像 GM 54~84歳男女 (80例)</p> <p>■ 灰白質 ■ /標準脳/axial ※黄表示されているMRI画像は標準脳であり、脳検査値は正常範囲内です。</p>	(1) VOI内萎縮比: Severed VOI atrophy 0.43 <small>VOI内の各スライスごとの平均値</small> <small>(黄色) 脳内各領域の萎縮が著しい</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small>	(3) VOI間萎縮比の割合: Extent of VOI atrophy 0.00 % <small>VOI内2スライス間の領域の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small>	(2) 全脳萎縮比の割合: Extent of GM atrophy 1.57 % <small>全脳内各スライスごとの領域の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small>	(4) 萎縮比 (VOI内/全脳): Ratio of VOI/GM atrophy 0.00 倍 <small>脳萎縮の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small>	<p>処理フロー: バイオスタドアドバンス page 2 VSRAD advance フォー バイオスタドアドバンス (6.00.0001) bsrsmw/m/sample_normal/001.vsr</p> <p>患者ID: 000-002-3 検査日: 収束日: 1111.11.11 受付番号: 名前: SampleTaro 生年月日: 年齢: 性別:</p> <p style="text-align: center;">VOI間萎縮比 解析結果表示(参考)</p> <p>2.3.7スライス結果表 (自動算出)</p> <p><<背側頭幹萎縮と内側側頭部萎縮の比率>></p> <table border="1" style="width:100%;"> <tr> <td style="width:50%;"> (a2) [灰白質]VOI間萎縮比 3.16 <small>(a1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>※分子と分母に定数 0.01 を加えています。</small> </td> <td style="width:50%;"> (b2) [白質]VOI間萎縮比 0.48 <small>(b1) [白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>※分子と分母に定数 0.01 を加えています。</small> </td> </tr> </table> <p><<参考値>></p> <table border="1" style="width:100%;"> <tr> <td>(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)</td> <td style="text-align: right;">0.43</td> </tr> <tr> <td>(a2) [灰白質]背側頭幹VOI間萎縮比 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)</td> <td style="text-align: right;">1.38</td> </tr> <tr> <td>(b2) [白質]背側頭幹VOI間萎縮比 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)</td> <td style="text-align: right;">0.20</td> </tr> </table> <p><small>※10以上に色が付きます。(2.0以上で囲まれた領域が背側頭幹の関心領域です。)</small></p> <p>1.0 6 灰白質萎縮低下レベル 対照画像グループ GM 武蔵病院DB for VSRAD advance 対照画像 GM 54~84歳男女 (80例)</p> <p>■ 灰白質 ■ /標準脳/axial ※黄表示されているMRI画像は標準脳であり、脳検査値は正常範囲内です。</p> <p><small>※10以上に色が付きます。(2.0以上で囲まれた領域が背側頭幹の関心領域です。)</small></p> <p>1.0 6 白質萎縮低下レベル 対照画像グループ WM 武蔵病院DB for VSRAD advance 対照画像 WM 54~84歳男女 (80例)</p> <p>□ 白質 □ /標準脳/axial ※黄表示されているMRI画像は標準脳であり、脳検査値は正常範囲内です。</p>	(a2) [灰白質]VOI間萎縮比 3.16 <small>(a1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>※分子と分母に定数 0.01 を加えています。</small>	(b2) [白質]VOI間萎縮比 0.48 <small>(b1) [白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>※分子と分母に定数 0.01 を加えています。</small>	(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)	0.43	(a2) [灰白質]背側頭幹VOI間萎縮比 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)	1.38	(b2) [白質]背側頭幹VOI間萎縮比 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)	0.20
(1) VOI内萎縮比: Severed VOI atrophy 0.43 <small>VOI内の各スライスごとの平均値</small> <small>(黄色) 脳内各領域の萎縮が著しい</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small>	(3) VOI間萎縮比の割合: Extent of VOI atrophy 0.00 % <small>VOI内2スライス間の領域の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small>												
(2) 全脳萎縮比の割合: Extent of GM atrophy 1.57 % <small>全脳内各スライスごとの領域の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small>	(4) 萎縮比 (VOI内/全脳): Ratio of VOI/GM atrophy 0.00 倍 <small>脳萎縮の割合</small> <small>(赤) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ広範囲にわたる</small> <small>(紫) 脳内各領域の萎縮が著しく、かつ全領域にわたる</small>												
(a2) [灰白質]VOI間萎縮比 3.16 <small>(a1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>※分子と分母に定数 0.01 を加えています。</small>	(b2) [白質]VOI間萎縮比 0.48 <small>(b1) [白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度</small> <small>※分子と分母に定数 0.01 を加えています。</small>												
(1) [灰白質]背側頭幹VOI内萎縮度 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)	0.43												
(a2) [灰白質]背側頭幹VOI間萎縮比 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)	1.38												
(b2) [白質]背側頭幹VOI間萎縮比 (背側頭幹VOI内の各スライス平均)	0.20												

advance モードの「シンプルレポート設定+VOI 間萎縮比解析結果表示(白質含む詳細 3 ページ)」では、以下のよ
うに、2 ページの場合に加えて、間の 2 ページ目に白質標準脳 axial、Z スコア解析結果の詳細情報がレイアウトさ
れます。

機種名: バイエストラドアドバンス 解析結果レポート PAGE 1
バイエストラドアドバンス (R.00.0001)
bzsmvch/sample_normal/001.var

患者ID: 000-002-3 検査日: 検査日 1111.11.11 受付番号: 受付番号
名前: SampleTaro 生年月日: 年齢: 性別:

Zスコア解析結果 (自動算出)

(1) VOI内萎縮度: Severity of VOI atrophy
VOI内の萎縮をZスコアの平均値
【単位】: 各領域の萎縮をZスコアで評価する。
【参考】: 0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度
0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度
0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度

0.43

(2) VOI内萎縮領域の割合: Extent of VOI atrophy
VOI内の萎縮領域の割合をZスコアの平均値
【単位】: 各領域の萎縮領域の割合をZスコアで評価する。
【参考】: 0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度
0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度

0.00%

(3) 全脳萎縮領域の割合: Extent of GM atrophy
全脳萎縮領域の割合をZスコアの平均値
【単位】: 全脳萎縮領域の割合をZスコアで評価する。
【参考】: 0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度
0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度

1.57%

(4) 萎縮比(VOI内/全脳): Ratio of VOI/GM atrophy
全脳萎縮領域の割合をZスコアの平均値
【単位】: 全脳萎縮領域の割合をZスコアで評価する。
【参考】: 0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度
0: 正常 1: 軽度 2: 中等度 3: 重度

0.00%

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。Z0以上が有意に萎縮している領域です。
Z0 10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 白質萎縮低下レベル 対照画像グループ: GM 武蔵病院DB for VSRAD advance 対照画像: WM 54~88歳男女(80例)

■灰白質線 / 標準脳/axial ※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。

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。Z0以上が有意に萎縮している領域です。
Z0 10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 白質萎縮低下レベル 対照画像グループ: GM 武蔵病院DB for VSRAD advance 対照画像: WM 54~88歳男女(80例)

■灰白質線 / 標準脳/axial ※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。

機種名: バイエストラドアドバンス 解析結果レポート PAGE 2
バイエストラドアドバンス (R.00.0001)
bzsmvch/sample_normal/001.var

患者ID: 000-002-3 検査日: 検査日 1111.11.11 受付番号: 受付番号
名前: SampleTaro 生年月日: 年齢: 性別:

Zスコア解析結果 (自動算出)

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。Z0以上が有意に萎縮している領域です。
Z0 10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 白質萎縮低下レベル 対照画像グループ: WM 武蔵病院DB for VSRAD advance 対照画像: WM 54~88歳男女(80例)

■灰白質線 / 標準脳/axial ※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。

Zスコア解析結果 (自動算出)

項目	指標	全体の値	右側の値	左側の値	右側-左側
灰白質(1)	VOI内萎縮度: Severity of VOI atrophy	0.43	0.36	0.47	-0.09
灰白質(2)	全脳萎縮領域の割合: Extent of GM atrophy	1.57	-	-	-
灰白質(3)	VOI内萎縮領域の割合: Extent of VOI atrophy	0.00	0.00	0.00	0.00
灰白質(4)	萎縮比(VOI内/全脳): Ratio of VOI/GM atrophy	0.00	-	-	-
灰白質(5)	VOI内最大値: Max in VOI	1.60	1.02	1.80	-0.58
白質	全脳萎縮領域の割合: Extent of WM atrophy	2.59	-	-	-

機種名: バイエストラドアドバンス 解析結果表示(参考) PAGE 3
バイエストラドアドバンス (R.00.0001)
bzsmvch/sample_normal/001.var

患者ID: 000-002-3 検査日: 検査日 1111.11.11 受付番号: 受付番号
名前: SampleTaro 生年月日: 年齢: 性別:

Zスコア解析結果 (自動算出)

VOI間萎縮比 解析結果表示(参考)

<<背側脳幹萎縮と内側頭部萎縮の比率>>

(a2) [灰白質]VOI間萎縮比 **3.16**

(a1) [灰白質]背側脳幹VOI内萎縮度
(1) [灰白質]内側頭部VOI内萎縮度
※分子と分母に定数 0.01 を加えています。

(b2) [白質]VOI間萎縮比 **0.48**

(b1) [白質]背側脳幹VOI内萎縮度
(1) [白質]内側頭部VOI内萎縮度
※分子と分母に定数 0.01 を加えています。

<<参考値>>

(1) [灰白質]内側頭部VOI内萎縮度 (内側頭部VOI内のZスコアの平均)

(a1) [灰白質]背側脳幹VOI内萎縮度 (背側脳幹VOI内のZスコアの平均)

(b1) [白質]背側脳幹VOI内萎縮度 (背側脳幹VOI内のZスコアの平均)

0.43

1.38

0.20

※10以上に色が付きます。(0.00で囲まれた領域が背側脳幹の関心領域です。0.00で囲まれた領域が内側頭部の関心領域です。)
10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 白質萎縮低下レベル 対照画像グループ: GM 武蔵病院DB for VSRAD advance 対照画像: WM 54~88歳男女(80例)

■灰白質線 / 標準脳/axial ※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。

※10以上に色が付きます。(0.00で囲まれた領域が背側脳幹の関心領域です。0.00で囲まれた領域が内側頭部の関心領域です。)
10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 白質萎縮低下レベル 対照画像グループ: GM 武蔵病院DB for VSRAD advance 対照画像: WM 54~88歳男女(80例)

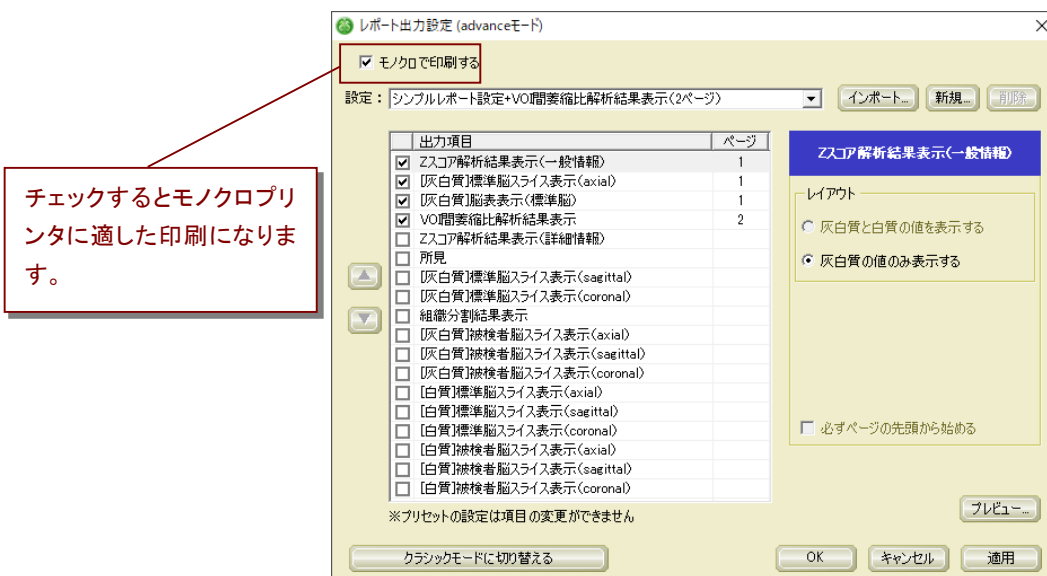
■灰白質線 / 標準脳/axial ※背景に表示されているMR画像は標準脳であり、被検者脳ではありません。

2.8. 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。

✓【手順1】レポート出力設定を行う

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。ウィンドウタイトルが「レポート出力設定(クラシックモード)」となっている場合は、[advance 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(advance モード)」となるよう変更します。そして、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。



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。

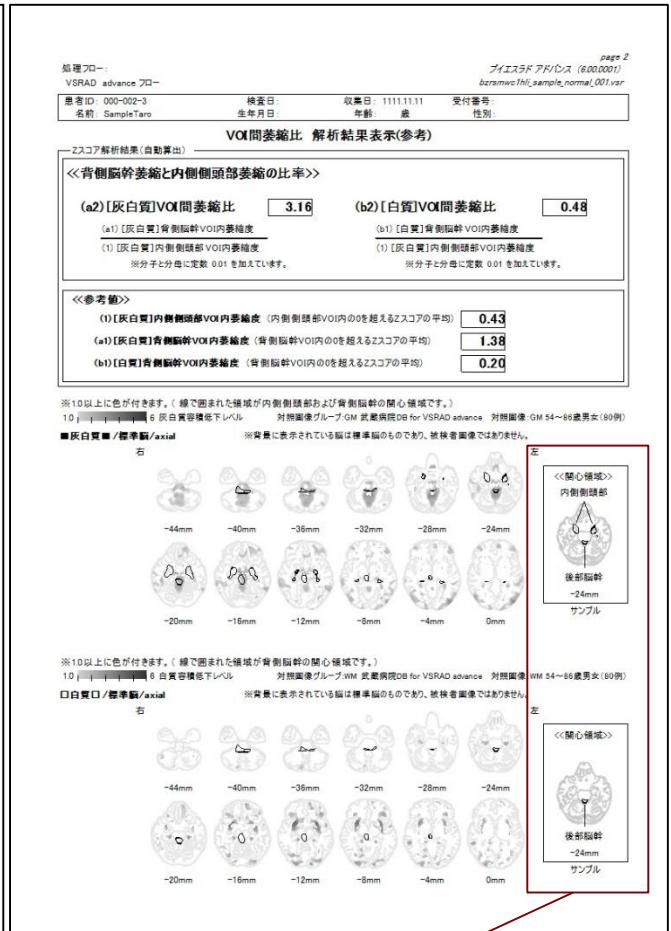
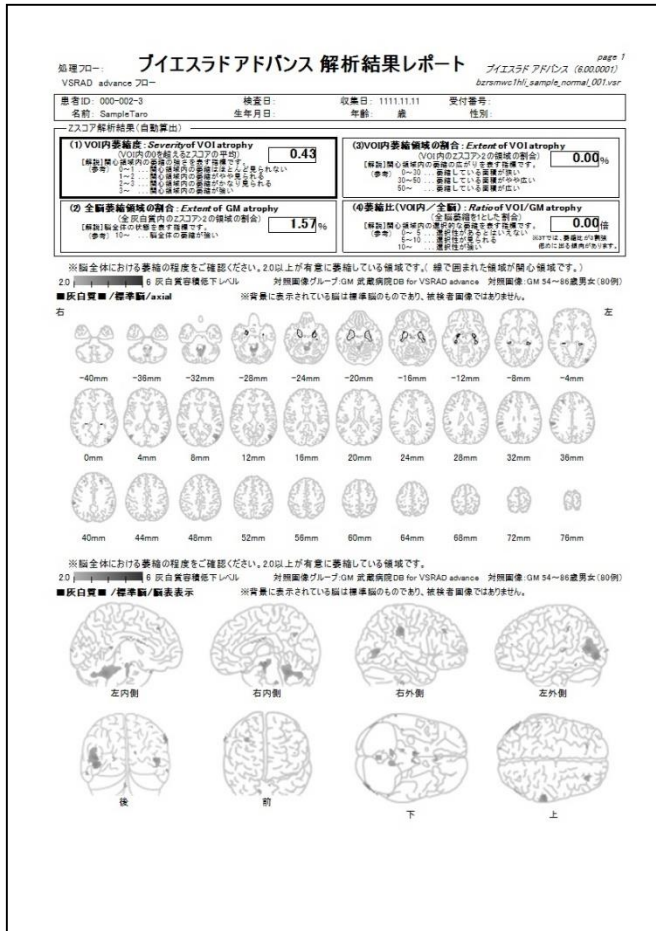
✓【手順2】レポート印刷を行う

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。

次ページのように、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。VOI 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、組織分割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。
- ※ VOI の表示は、VOI 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。

「シンプルレポート設定+VOI間萎縮比解析結果表示(2 ページ)」でモノクロプリンタに適した印刷設定で出力した例を以下に示します。



モノクロ印刷に適したモードの場合は複数の VOI を色分けできないため、VOI 間萎縮比解析結果表示の右側に VOI の見本が出力されます。

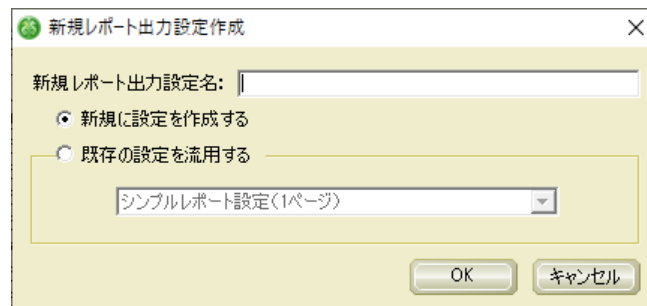
2.9. オリジナルのレイアウトでレポートを印刷する

advance モードのシンプルレポート設定は 1 ページから 3 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。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 (advance 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。



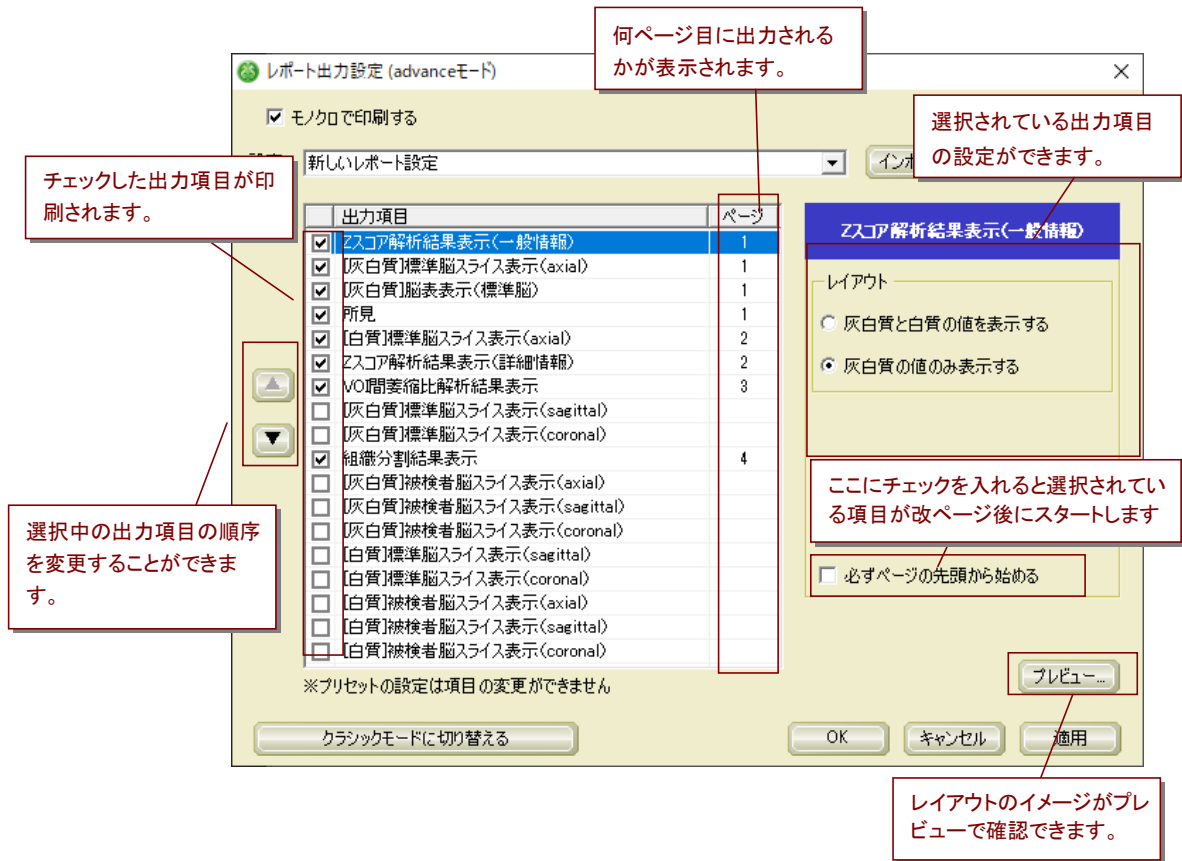
✓ 【手順2】 出力項目を選択する

[レポート出力設定 (advance 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 (一般情報)
- ・ Z スコア解析結果表示 (詳細情報)
- ・ 所見
- ・ [灰白質] 標準脳スライス表示 (axial)
- ・ [灰白質] 標準脳スライス表示 (sagittal)
- ・ [灰白質] 標準脳スライス表示 (coronal)
- ・ [灰白質] 脳表表示 (標準脳)
- ・ 組織分割結果表示
- ・ [灰白質] 被検者脳スライス表示 (axial)
- ・ [灰白質] 被検者脳スライス表示 (sagittal)
- ・ [灰白質] 被検者脳スライス表示 (coronal)
- ・ [白質] 標準脳スライス表示 (axial)
- ・ [白質] 標準脳スライス表示 (sagittal)
- ・ [白質] 標準脳スライス表示 (coronal)
- ・ [白質] 被検者脳スライス表示 (axial)
- ・ [白質] 被検者脳スライス表示 (sagittal)
- ・ [白質] 被検者脳スライス表示 (coronal)
- ・ VOI 間萎縮比解析結果表示



✓【手順3】各出力項目の詳細を設定する

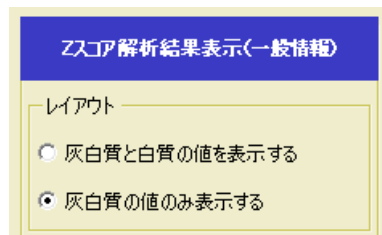
出力項目には、それぞれに異なる設定要素があります。必要に応じて設定を行います。

■Z スコア解析結果表示(一般情報)

Z スコアマップ解析結果の一般情報を表示します。

次の 2 通りの形式から選択できます。

- (1) 灰白質と白質の値を表示する
- (2) 灰白質の値のみ表示する



(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。

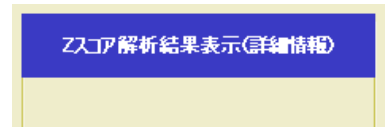
Zスコア解析結果 (自動算出)	
灰白質解析結果 [関心領域: VOI for AD:T=7.0]	
(1) VOI内萎縮度: <i>Severity of VOI atrophy</i> (VOI内の0を超えるZスコアの平均)	0.43
目安 0~1... 関心領域内の萎縮はほとんど見られない 1~2... 関心領域内の萎縮がやや見られる 2~3... 関心領域内の萎縮がかなり見られる 3~ ... 関心領域内の萎縮が強い	
白質解析結果	
全脳萎縮領域の割合: <i>Extent of WM atrophy</i> (全白質内のZスコア>2の領域の割合)	2.59%
(2) 全脳萎縮領域の割合: <i>Extent of GM atrophy</i> (全灰白質内のZスコア>2の領域の割合)	1.57%
(3) VOI内萎縮領域の割合: <i>Extent of VOI atrophy</i> (VOI内のZスコア>2の領域の割合)	0.00%
(4) 萎縮比 (VOI内/全脳): <i>Ratio of VOI/GM atrophy</i> (全脳萎縮を1とした割合)	0.00倍

(2)は、以下のように灰白質解析結果の4つの値について値の目安が表示され、それぞれが同じ大きさで表示される形式です。

Zスコア解析結果(自動算出)	
(1)VOI内萎縮度:Severity of VOI atrophy (VOI内の0を超えるZスコアの平均) [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 0.43	(3)VOI内萎縮領域の割合:Extent of VOI atrophy (VOI内のZスコア>2の領域の割合) [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 0.00%
(2)全脳萎縮領域の割合:Extent of GM atrophy (全灰白質内のZスコア>2の領域の割合) [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 1.57%	(4)萎縮比(VOI内/全脳):Ratio of VOI/GM atrophy (全脳萎縮を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) 0~5 ... 選択性があるとはいえない 5~10 ... 選択性が見られる 10~ ... 選択性が強い ※3Tでは、萎縮比が9割強 低めに出現傾向があります。 0.00倍

■Zスコア解析結果表示(詳細情報)

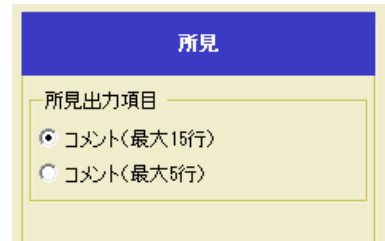
Zスコアマップ解析結果の詳細情報を表示します。
設定可能な項目はありません。



■所見

レポート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)



(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:

■[灰白質/白質] 標準脳スライス表示(axial, sagittal, coronal)

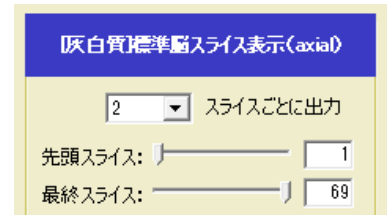
Z スコアマップスライス表示のスライス一覧[標準脳] で表示される axial、sagittal、coronal の各断面画像の出力を行います。

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。

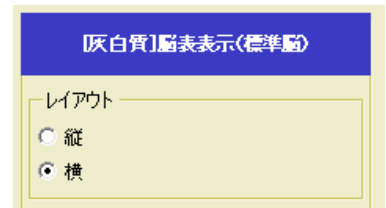
初期設定では、Z スコアマップスライス表示のスライス一覧と同じ見え方である、2 スライスごとに出力で、先頭スライスは 1、最終スライスは選択可能な最大値となっています。



■[灰白質] 脳表表示(標準脳)

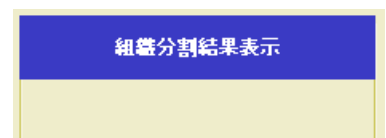
Zスコアマップ脳表表示で表示される画像を出力します。レイアウトが以下の 2 通りから選択できます。

- ・ 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



■組織分割結果表示

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。



■[灰白質/白質]被検者脳スライス表示(axial, sagittal, coronal)

Z スコアマップスライス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。

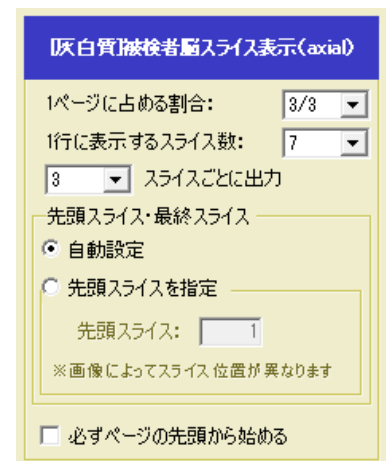
- ・ 1 ページに占める割合 …1/4~1 ページ まで 5 段階から選べます。
- ・ 1 行に表示するスライス数 …1 行に何枚のスライスを並べるか。値を大きくすると画像 1 スライスの面積が小さくなります。
- ・ 何スライスごとに出力するか
- ・ 先頭スライス・最終スライス

— 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。



■VOI 間萎縮比解析結果表示

VOI 間萎縮比解析結果を、Z スコア解析結果、[灰白質]標準脳スライス、[白質]標準脳スライスの順に表示します。設定可能な項目はありません。



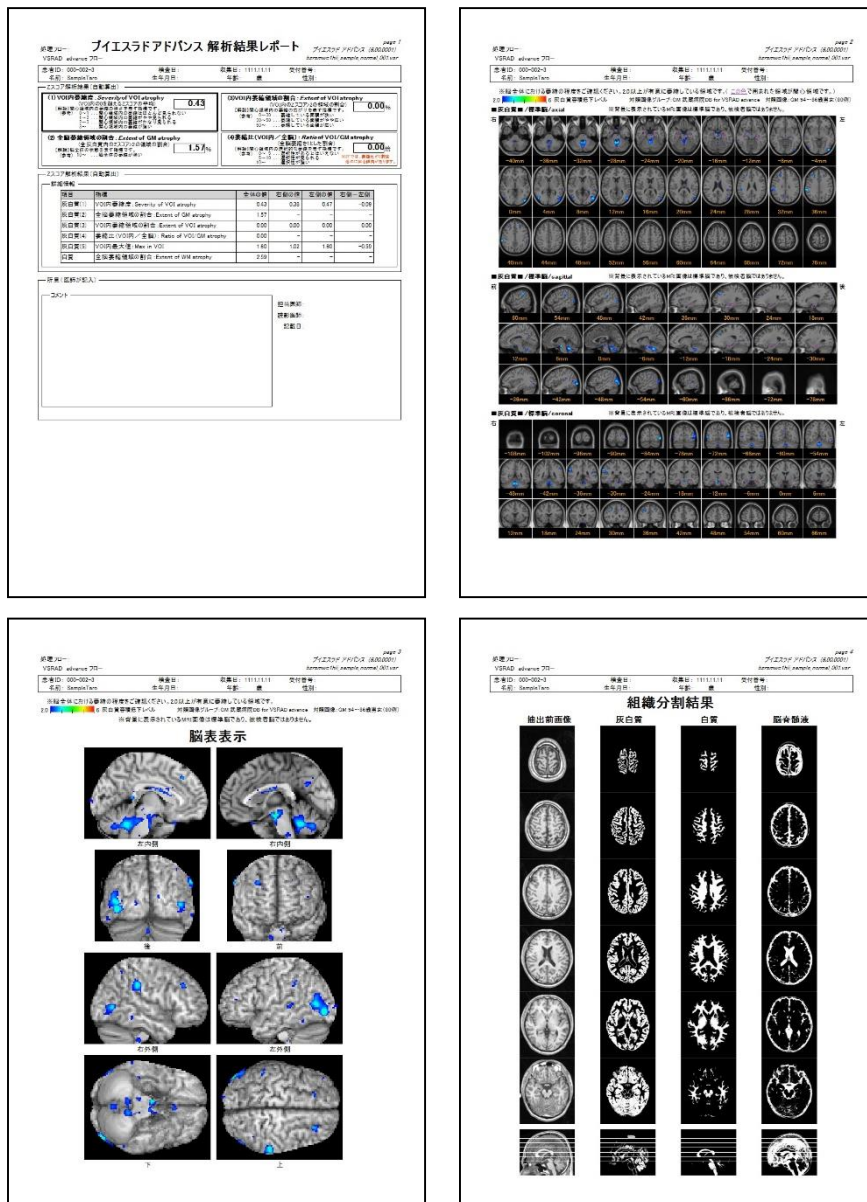
✓ 【手順4】レイアウトのイメージを確認する

[レポート出力設定 (advance 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、8 ページに収まるように設定した例を示します。



研究用 - VERAD advance 700

患者ID: 100-020-3 検査日: 19111111 実行番号: 10000001
 名前: SampleUser 年齢: 68 性別: 男性

※検査条件はCT値と骨密度計測値とを併用して、CT値と骨密度計測値の両方を検出します。
 CT値はCT値と骨密度計測値の両方を検出します。骨密度計測値はCT値と骨密度計測値の両方を検出します。

検査結果の表示方法を選択してください。

検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

研究用 - VERAD advance 700

患者ID: 100-020-3 検査日: 19111111 実行番号: 10000001
 名前: SampleUser 年齢: 68 性別: 男性

※検査条件はCT値と骨密度計測値とを併用して、CT値と骨密度計測値の両方を検出します。
 CT値はCT値と骨密度計測値の両方を検出します。骨密度計測値はCT値と骨密度計測値の両方を検出します。

検査結果の表示方法を選択してください。

検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

研究用 - VERAD advance 700

患者ID: 100-020-3 検査日: 19111111 実行番号: 10000001
 名前: SampleUser 年齢: 68 性別: 男性

※検査条件はCT値と骨密度計測値とを併用して、CT値と骨密度計測値の両方を検出します。
 CT値はCT値と骨密度計測値の両方を検出します。骨密度計測値はCT値と骨密度計測値の両方を検出します。

検査結果の表示方法を選択してください。

検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

研究用 - VERAD advance 700

患者ID: 100-020-3 検査日: 19111111 実行番号: 10000001
 名前: SampleUser 年齢: 68 性別: 男性

※検査条件はCT値と骨密度計測値とを併用して、CT値と骨密度計測値の両方を検出します。
 CT値はCT値と骨密度計測値の両方を検出します。骨密度計測値はCT値と骨密度計測値の両方を検出します。

検査結果の表示方法を選択してください。

検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

■ 検査結果表示 / 検査結果表示 / 検査結果表示

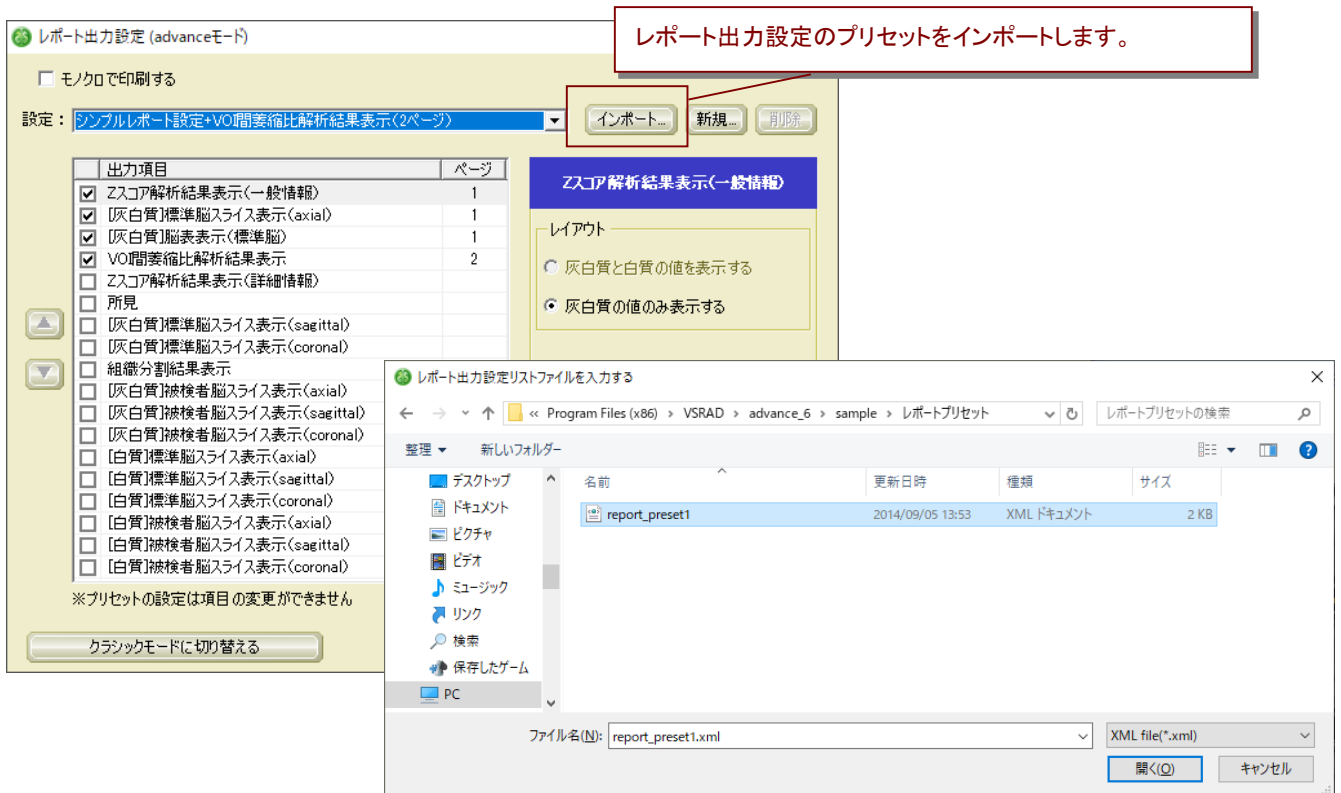
2.10. レポート出力設定プリセットを追加する

本プログラムリリース後に、おすすめのレポート出力設定のプリセットがバイエスラドホームページにアップされる可能性もあるため、参考までに説明します。

このようにダウンロードしたプリセットを登録する方法について説明します。

【手順 1】 レポート出力設定をインポートする

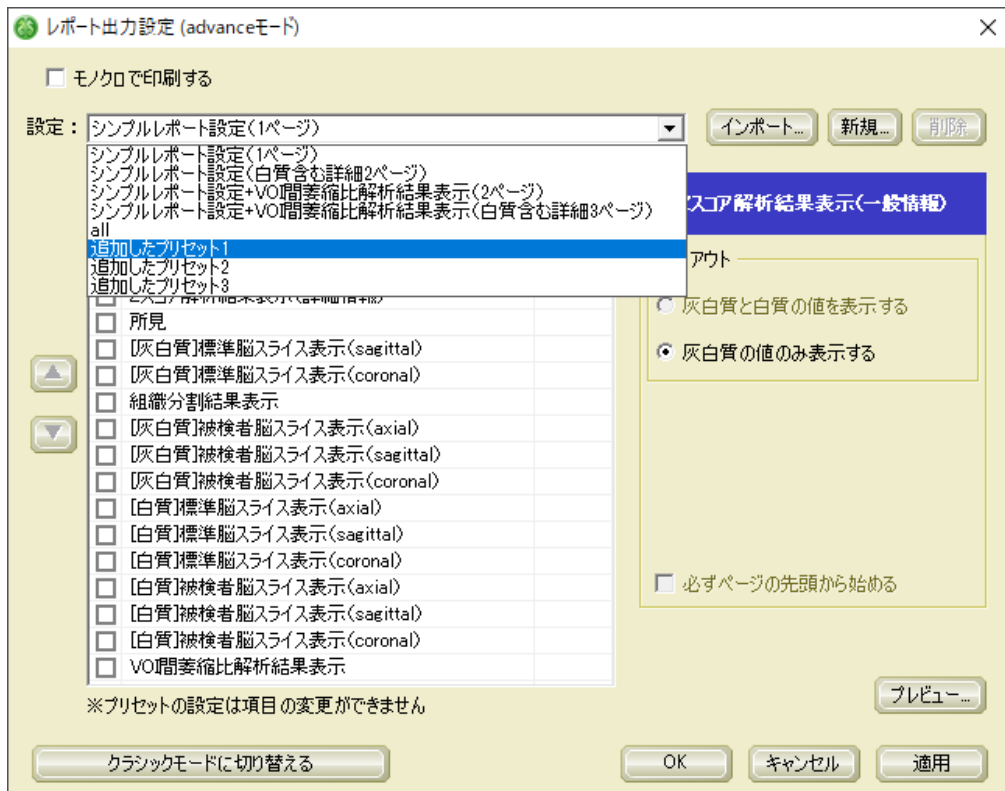
[レポート出力設定 (advance モード)] ウィンドウで、[インポート] ボタンを押すとファイルダイアログが表示されます。ここで、追加したいプリセットファイル (拡張子: 『xml』) を選択してください。



※ すでに登録されている設定名と同名の設定を追加しようとすると、すでに登録されているものが優先され追加は行われません。

✓ 【手順2】 設定でプリセットを選択する

「設定:」 から新しく追加されたプリセットから使用したいものを選びます。



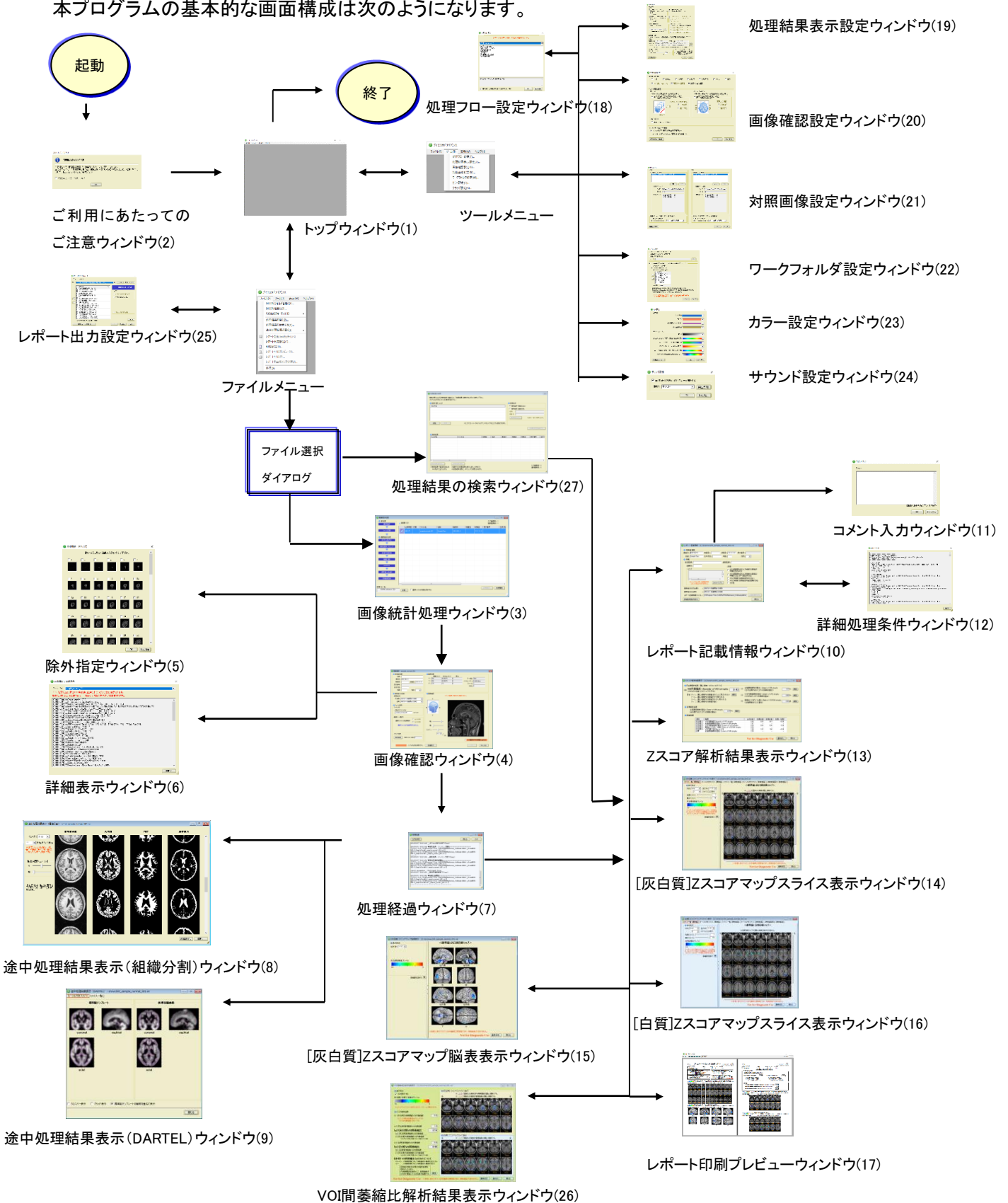
✓ 【手順3】 レポート印刷を行う

メニューから [ファイル]→[処理結果を開く] を選び、処理結果ファイルを開いたのち、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えます。

3章 各画面の説明

3.1. 全体画面構成

本プログラムの基本的な画面構成は次のようになります。



3.2. ウィンドウ一覧

本プログラムのウィンドウに関して説明します。

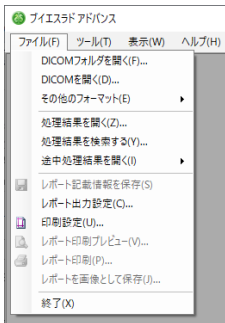
No.	ウィンドウ名	備考	ページ
1	トップウィンドウ	メニューから処理を選択します。	56
2	ご利用にあたってのご注意ウィンドウ	ご利用にあたっての注意事項が表示されます。	9
3	画像統計処理ウィンドウ	リストから処理対象を選択します。	61
4	画像確認ウィンドウ	選択した画像の確認と被検者情報の変更を行います。	64
5	除外指定ウィンドウ	処理に使用しない画像を選択します。	67
6	詳細表示ウィンドウ	画像ファイルの情報が表示されます。	67
7	処理経過ウィンドウ	処理の経過表示を行います。	68
8	途中処理結果表示(組織分割)ウィンドウ	組織分割処理を行った抽出前画像および処理結果画像を表示します。	69
9	途中処理結果表示(DARTEL)ウィンドウ	DARTEL 処理を行った標準脳テンプレートおよび処理結果画像を表示します。	70
10	レポート記載情報ウィンドウ	被検者情報・所見情報の入力・確認と処理結果表示設定を行います。	74
11	コメント入力ウィンドウ	所見のコメントの入力を行います。	74
12	詳細処理条件ウィンドウ	処理結果ファイル生成までの詳細な処理手順が表示されます。	74
13	Z スコア解析結果表示ウィンドウ	Z スコアマップファイルから算出される詳細な数値データを表示します。	75
14	[灰白質]Z スコアマップスライス表示ウィンドウ	<ul style="list-style-type: none"> ・スライス一覧タブ(標準脳、被検者脳) Z スコアマップファイルを、表示形式を指定して一覧で表示します。 ・カーソル付きスライスタブ(標準脳、被検者脳) Z スコアマップファイルを、冠状断(coronal)、矢状断(sagittal)、横断(axial)の3方向で表示します。 ・被検者脳照合タブ(被検者脳) 被検者脳 Z スコアマップと被検者脳 MRI 画像を並べて表示します。 	80
15	[灰白質]Z スコアマップ脳表表示ウィンドウ	灰白質の Z スコアマップファイルから脳の表面を、内側面左右、外側面左右、前後、上下の 8 方向から捉え、表示します。	85
16	[白質]Z スコアマップスライス表示ウィンドウ	<ul style="list-style-type: none"> ・スライス一覧タブ(標準脳、被検者脳) Z スコアマップファイルを、表示形式を指定して一覧で表示します。 ・カーソル付きスライスタブ(標準脳、被検者脳) Z スコアマップファイルを、冠状断(coronal)、矢状断(sagittal)、横断(axial)の3方向で表示します。 ・被検者脳照合タブ(被検者脳) 被検者脳 Z スコアマップと被検者脳 MRI 画像を並べて表示します。 	80
17	レポート印刷プレビューウィンドウ	印刷のプレビューを行います。	91
18	処理フロー設定ウィンドウ	処理フローの選択を行います。	97
19	処理結果表示設定ウィンドウ	処理結果表示の際に用いる背景 MRI 画像の指定と、関心領域(VOI)画像の確認を行います。	98
20	画像確認設定ウィンドウ	画像確認における、必須入力項目の設定を行います。	101
21	対照画像設定ウィンドウ	「対照画像との比較」処理で使用する「対照画像グループ」の選択および「対照画像」のデフォルト設定を行います。	103
22	ワークフォルダ設定ウィンドウ	本プログラムで使用される作業用フォルダを設定します。処理結果の出力フォルダを設定します。	105
23	カラー設定ウィンドウ	各処理結果画像や、画像に重ねて表示する関心領域(VOI)の線の色、	107

		スケールの色を設定します。	
24	サウンド設定ウィンドウ	処理終了後のサウンドの設定を行います。	108
25	レポート出力設定ウィンドウ	レポート出力の設定として、出力したい項目の指定と被検者脳表示の 1 行に表示するスライスの指定を行います。	89, 90
26	VOI 間萎縮比解析結果表示ウィンドウ	Z スコアマップファイルから背側脳幹 VOI と内側側頭部 VOI の萎縮比を算出します。また、灰白質および白質の Z スコアマップ(スライス画像)を表示します。	86
27	処理結果の検索ウィンドウ	フォルダ・検索条件を指定して処理結果を検索し、処理結果の表示および検索結果の書き出しを行います。	36, 93

3.3. トップウィンドウ

トップウィンドウの4つのメニューについて各メニューのコマンドを説明します。

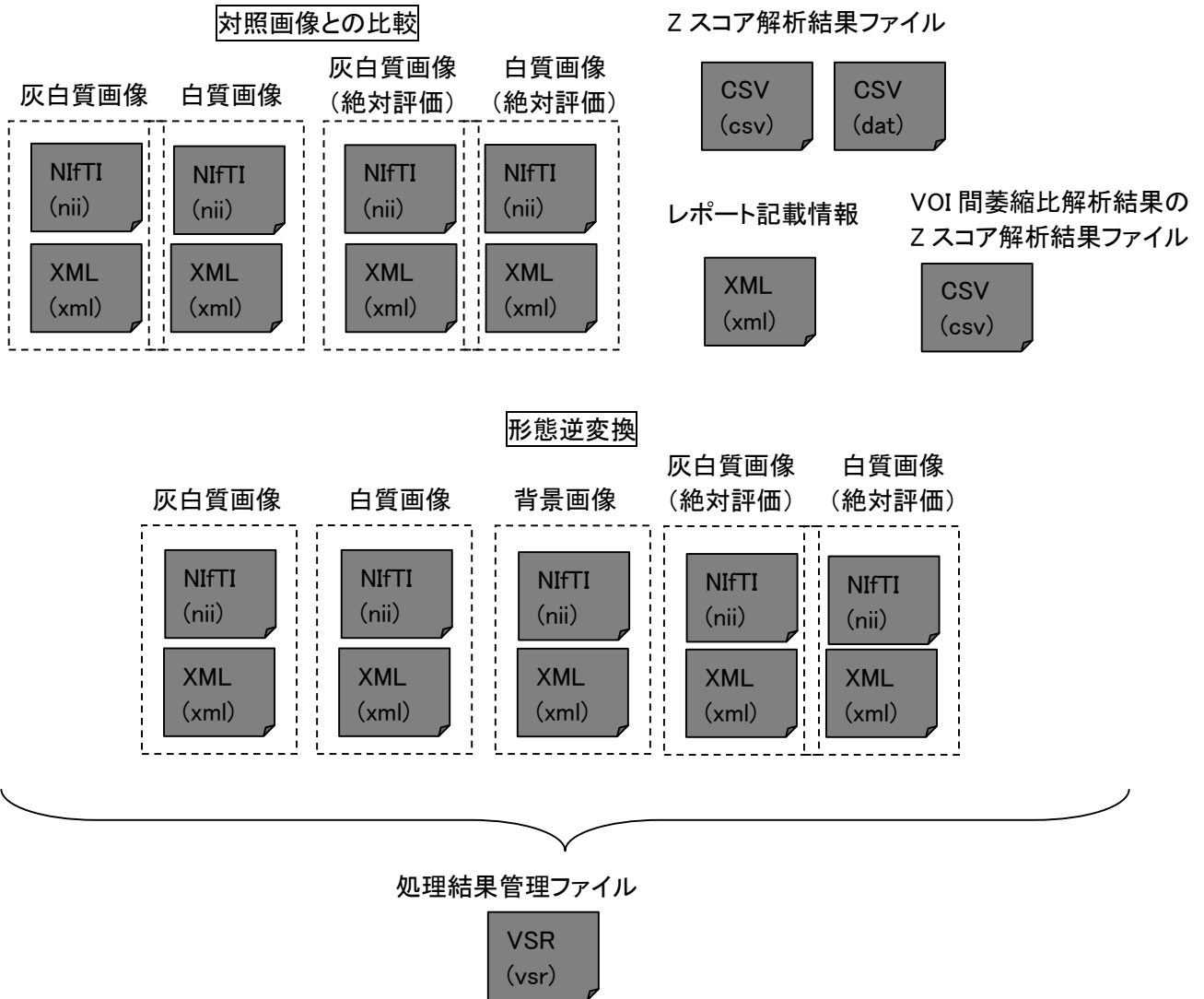
■ ファイルメニュー



コマンド名	目的	ページ
DICOMフォルダを開く	フォルダにあるすべてのDICOMフォーマットの入力画像ファイルを開きます。サブフォルダのファイルも開きます。	10
DICOMを開く	DICOMフォーマットの入力画像ファイルを開きます。選択されたファイルが存在するフォルダの中から、選択されたファイルと、名前、検査日、収集日、シリーズ番号、シリーズ内容、シリーズインスタンスUIDが等しいファイルを同時に開きます。	11
その他のフォーマット→NIFTI(バイエスラド処理)を開く	NIFTIフォーマットの入力画像ファイルを開きます。	24
その他のフォーマット→NIFTIフォルダ(バイエスラド処理)を開く	フォルダにあるすべてのNIFTIフォーマットの入力画像ファイルを開きます。サブフォルダのファイルも開きます。	25
その他のフォーマット→ANALYZEを開く	ANALYZEフォーマットの入力画像ファイルを開きます。	28
その他のフォーマット→ANALYZEフォルダを開く	フォルダにあるすべてのANALYZEフォーマットの入力画像ファイルを開きます。サブフォルダのファイルも開きます。	29
処理結果を開く	処理結果管理ファイル(VSRフォーマット)を開きます。	35
処理結果を検索する	フォルダ・検索条件を指定して処理結果を検索し、処理結果の表示および検索結果の書き出しを行います。	36,93
途中処理結果を開く→組織分割	組織分割ファイル(NIFTIフォーマット)を開きます。	39
途中処理結果を開く→DARTEL	DARTEL ファイル(NIFTIフォーマット)を開きます。	39
レポート記載情報を保存	現在、処理結果ツールバーの処理結果選択コンボボックスで選択されているファイルに関して、被検者情報、所見情報を保存します。	74
レポート出力設定	レポート出力設定ウィンドウを表示します。	89, 90
印刷設定	印刷の設定を行います。	90
レポート印刷プレビュー	レポートの印刷プレビューを表示します。	91
レポート印刷	レポートを印刷します。	92
レポートを画像として保存	レポートを画像ファイルとして保存します。	92
終了	すべてのウィンドウを閉じて本プログラムを終了します。	-

○処理結果を開く

処理結果は処理結果管理ファイル『vsr』が複数のファイルを管理する構成になっています。メニューから、[ファイル] → [処理結果を開く] を選択し、処理結果管理ファイルである“〇〇〇.vsr”を選択すると、このファイルが管理する“〇〇〇.nii/xml”が開かれます。また、レポート記載情報『xml』ファイルが存在しない場合でもZスコアマップとして開くことが可能です。この場合、レポート記載情報ウィンドウで[記載情報保存] ボタンを押すことで、レポート記載情報『xml』ファイルが生成されます。



○途中処理結果を開く(組織分割)

組織分割の途中処理結果を開くには、抽出前画像、灰白質画像、白質画像、脳脊髄液画像の4枚のNIFTIファイルが必要です。メニューから、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [組織分割] を選択し、灰白質の『nii』ファイルである“c1hli_〇〇〇.nii”を選択すると、抽出前画像の“〇〇〇.nii/xml”、灰白質画像の“c1hli_〇〇〇.nii/xml”、白質画像の“c2hli_〇〇〇.nii/xml”、脳脊髄液画像の“c3hli_〇〇〇.nii/xml”が同時に開かれます。

○途中処理結果を開く(DARTEL)

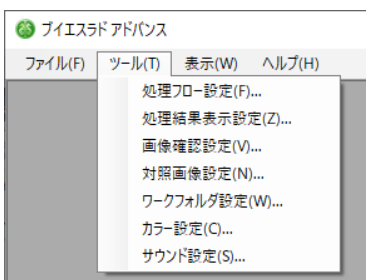
DARTEL 処理の途中処理結果を開くには、標準脳テンプレートと DARTEL 処理結果画像が必要です。メニューから、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [DARTEL] を選択し、DARTEL 処理結果画像の『nii』ファイルである“smwc1hli_〇〇〇.nii”を選択すると、“smwc1hli_〇〇〇.xml”に書かれた標準脳テンプレート画像と、DARTEL 処理結果画像の“smwc1hli_〇〇〇.nii/hdr”が開かれます。

○ファイルを開く機能で表示される初期フォルダ

ファイルメニューには 6 つのファイルを開く機能がありますが、選択するとファイルを選択する画面が表示されま
す。ファイルを選択する画面で表示される初期フォルダは次のとおりです。

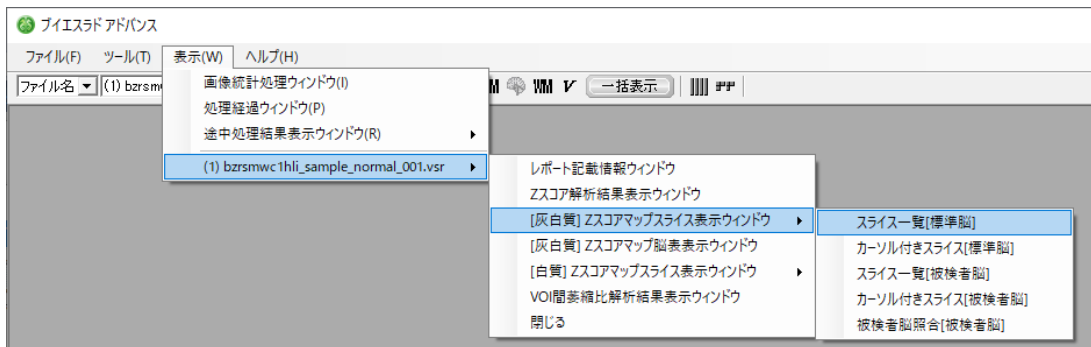
ファイルを開く機能	初期フォルダ
DICOMを開く	本プログラムで直前に開かれたフォルダ
その他のフォーマット→ NIFTI(バイエスラド処理)を開く	本プログラムで直前に開かれたフォルダ
その他のフォーマット→ ANALYZEを開く	本プログラムで直前に開かれたフォルダ
処理結果を開く	本プログラムで直前に開かれたフォルダ
途中処理結果を開く→ 組織分割	ワークフォルダ設定の「特定のフォルダを指定する」で指定されたフォルダ (指定されていない場合は、本プログラムで直前に開かれたフォルダ)
途中処理結果を開く→ DARTEL	ワークフォルダ設定の「特定のフォルダを指定する」で指定されたフォルダ (指定されていない場合は、本プログラムで直前に開かれたフォルダ)

■ ツールメニュー



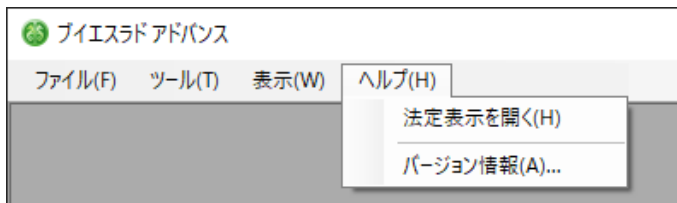
コマンド名	目的	ページ
処理フロー設定	処理フロー設定ウィンドウを表示します。	97
処理結果表示設定	処理結果表示設定ウィンドウを表示します。	98
画像確認設定	画像確認設定ウィンドウを表示します。	101
対照画像設定	対照画像設定ウィンドウを表示します。	103
ワークフォルダ設定	ワークフォルダ設定ウィンドウを表示します。	105
カラー設定	カラー設定ウィンドウを表示します。	107
サウンド設定	サウンド設定ウィンドウを表示します。	108

■ 表示メニュー



コマンド名	目的	ページ
画像統計処理ウィンドウ	[画像統計処理] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	61
処理経過ウィンドウ	[処理経過] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	68
途中処理結果表示ウィンドウ →組織分割	[途中処理結果表示(組織分割)] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが開かれている場合は、前面に表示します。	69
途中処理結果表示ウィンドウ →DARTEL	[途中処理結果表示(DARTEL)] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが開かれている場合は、前面に表示します。	70
"処理結果管理ファイル名" → レポート記載情報ウィンドウ	処理結果ファイルの [レポート記載情報] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	74
"処理結果管理ファイル名" →Z スコア解析結果表示ウィンドウ	処理結果ファイルの [Zスコア解析結果表示] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	75
"処理結果管理ファイル名" → [灰白質]Zスコアマップスライス 表示ウィンドウ	処理結果ファイルの [[灰白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウを表示します。[スライス一覧[標準脳]]タブ、[カーソル付きスライス[標準脳]]タブ、[スライス一覧[被検者脳]]タブ、[カーソル付きスライス[被検者脳]]タブ、[被検者脳照合[被検者脳]]タブを選択して、表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	77
"処理結果管理ファイル名" → [灰白質]Zスコアマップ脳表 表示ウィンドウ	処理結果ファイルの [[灰白質]Zスコアマップ脳表表示] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	77
"処理結果管理ファイル名" → [白質]Zスコアマップスライス 表示ウィンドウ	処理結果ファイルの [[白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウを表示します。[スライス一覧[標準脳]]タブ、[カーソル付きスライス[標準脳]]タブ、[スライス一覧[被検者脳]]タブ、[カーソル付きスライス[被検者脳]]タブ、[被検者脳照合[被検者脳]]タブを選択して、表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	77
"処理結果管理ファイル名" → VOI間萎縮比解析結果表示ウ ィンドウ	処理結果ファイルの [VOI間萎縮比解析結果表示] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	86
閉じる	対象の処理結果ファイルを閉じます。	-

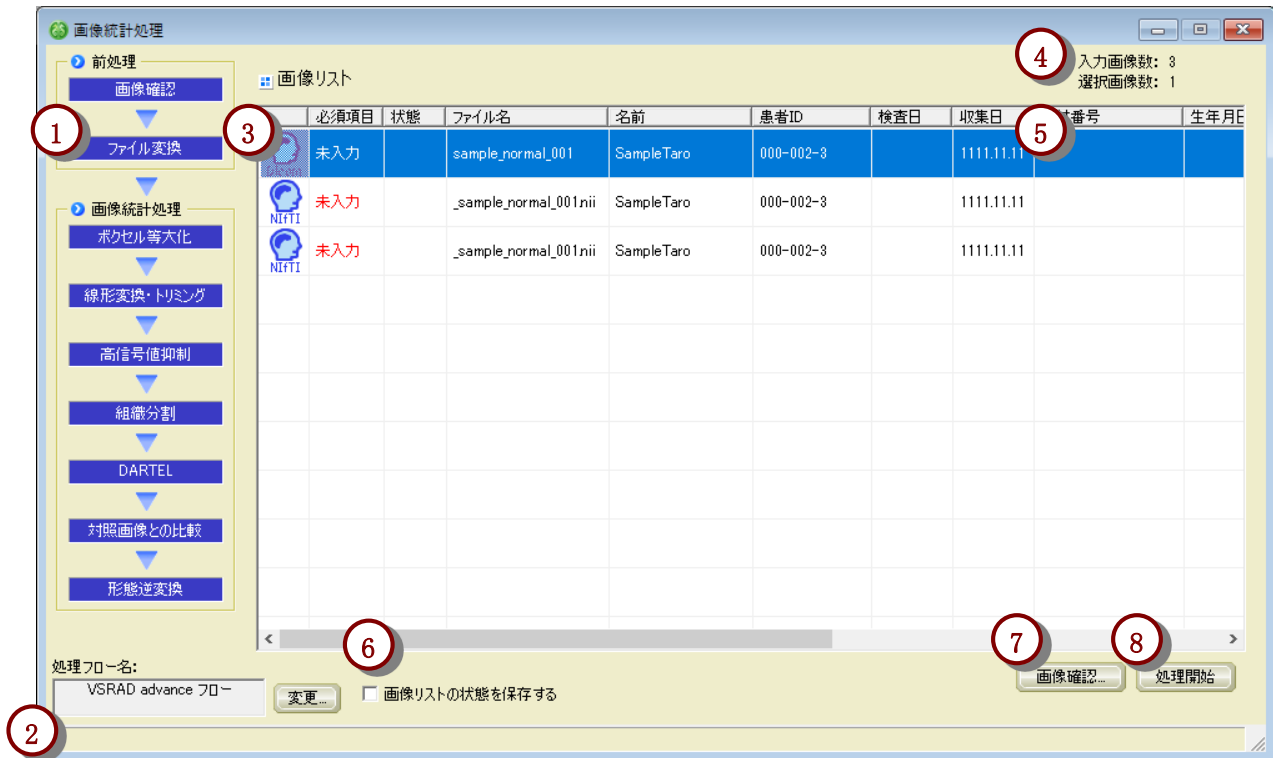
■ ヘルプメニュー



コマンド名	目的	ページ
法定表示を開く	法定表示を開きます。閲覧するにはPDF表示用プログラムが必要です。	-
バージョン情報	バージョン情報の表示を行います。	-

3.4. 画像統計処理ウィンドウ

DICOM・NIFTI・ANALYZE の入力画像を開くと、図のように [画像統計処理] ウィンドウに画像リストが表示されます。図は複数の画像リストが表示された例です。



※ シリーズ内容が等しい画像リストのファイル数が 30 以上でなければ、初期設定では読み込めない設定となっております。読み込みたい場合は、[画像確認設定] ウィンドウで設定を変更することが可能です。ただし、30 枚未満のファイルは処理できません。

① 処理フロー状況表示エリア

処理フローの状況を確認するエリアです。処理中の処理は点滅表示され、処理の完了したものに順に色が淡い色に変わります。

② 処理フロー名テキストボックス

処理フロー名が表示されます。

③画像リスト表示エリア

画像ファイルを開くと、画像リスト表示エリアに被検者情報が表示されます。

※ [画像統計処理] ウィンドウが小さいためにすべての情報を確認できないときは、[画像統計処理] ウィンドウを大きくするか、画像リスト下部のスクロールバーを動かすことで他の情報も確認することができます。

「画像リスト」に表示される情報は次の表の通りです。

項目名	意味
アイコン	DICOM画像かNIFTI画像かANALYZE画像かを表すアイコン
必須項目	すべての必須入力項目が入力済かどうか(「入力済」、「未入力」のいずれか)
状態	処理の状態(「表示なし」、「待ち」、「処理中」、「完了」、「エラー」のいずれか)
ファイル名	画像ファイルのファイル名(DICOMフォーマットの場合は先頭スライス、NIFTIフォーマットの場合は『nii』ファイル、ANALYZEフォーマットの場合は『img』ファイル)
名前	被検者の名前
患者ID	被検者のID
検査日	画像の検査日
収集日	画像の収集日
受付番号	画像の受付番号
生年月日	被検者の生年月日
年齢	被検者の年齢
性別	被検者の性別
シリーズ番号	DICOMフォーマットのシリーズ番号
シリーズ内容	DICOMフォーマットのシリーズ内容
ファイル数	1画像リストを構成するためのファイル数
処理経過	入力画像について、これまでの処理経過を各処理の頭文字の並びで表現 例) フ-ボ-高-線-組-D-対-形 (各処理の詳細なパラメータは、[詳細表示] ウィンドウで確認することができます)

画像リストを選択し、[画像確認]、[処理開始] ボタンを押すことで、各処理を行うことができます。

複数の画像で一括処理を行いたいときは、画像確認画面で必須項目を入力後、Ctrl キーを押しながらマウスクリックして複数画像を選択し、[処理開始] ボタンを押してください。

画像リストで右クリックすることで、次のようなメニューが表示されます。



- ・ すべて選択 ……すべての画像リストを選択します。
- ・ 削除 ……読み込んだ画像をリストから削除することができます(実際の画像ファイルは削除されません)。
- ・ エクスプローラーで開く ……画像が存在するフォルダをエクスプローラーで開きます。
- ・ フォルダへコピー ……フォルダへ画像ファイルをコピーすることができます。
- ・ 画像確認 ……[画像確認] ボタンと同様の動作をします。
- ・ 処理開始 ……[処理開始] ボタンと同様の動作をします。
- ・ 処理結果を開く ……状態が「完了」になっている画像について処理結果を開きます。

④入力画像数

現在読み込まれている画像数を確認することができます。

⑤選択画像数

画像リスト上で選択状態にある画像数を確認することができます。

⑥画像リストの状態を保存する チェックボックス

チェックの状態により、画像統計処理ウィンドウを閉じたときの動作が変わります。

- ・チェックがオフの場合

画像統計処理ウィンドウを閉じたとき、読み込んだ画像がクリアされます。

- ・チェックがオンの場合

画像統計処理ウィンドウを閉じたとき、読み込んだ画像が保持され、再び画像統計処理ウィンドウを開いたときに読み込んだ画像が復帰します。本プログラムを終了した場合も保持されます。

※ チェックがオンの状態で大量の画像を読み込んだ場合、本プログラムの終了および起動で時間がかかる場合があります。

⑦[画像確認] ボタン

入力された画像リストが複数の場合に有効になります。

画像リストを選択後、このボタンを押すことで、[画像確認] ウィンドウが表示されます。処理をせずに画像確認のみを行うときや、複数画像リストの一括処理を行うために必須入力項目の入力を行いたいときに使用します。

⑧[処理開始] ボタン ([処理中止] ボタン)

処理を開始するときに、このボタンを押します。選択された画像リストが1つの場合と複数の場合で動作が異なります。

- ・画像リストを1つ選択した場合

[画像確認] ウィンドウが表示されます。画像確認を行った後、画像統計処理を行います。

- ・画像リストを複数選択した場合

選択されたすべての画像リストの必須入力項目が「入力済」になるまで [処理開始] ボタンが有効になりません。選択されたすべての画像リストの必須入力項目が入力済になっているときに [処理開始] ボタンを押すことで、直接処理を開始することができます。([画像確認] ウィンドウは表示されません。)

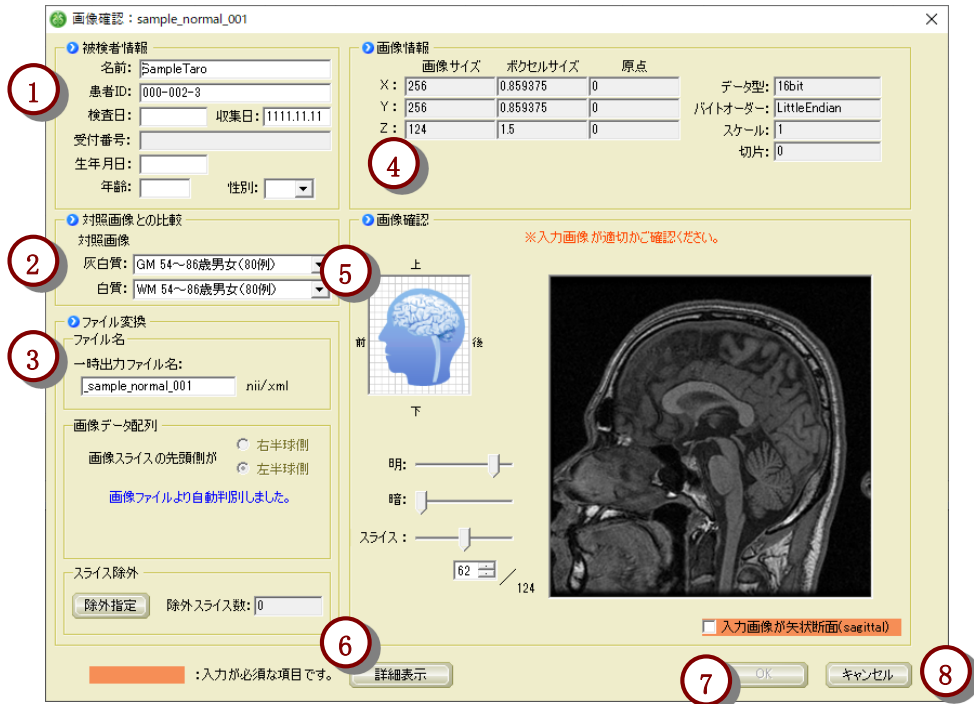
処理の実行中は、[処理開始] ボタンが [処理中止] ボタンに変わります。このボタンを押すと処理フローを中止することができます。

※ 処理の中止が完了するまでに、ある程度時間がかかる場合があります。

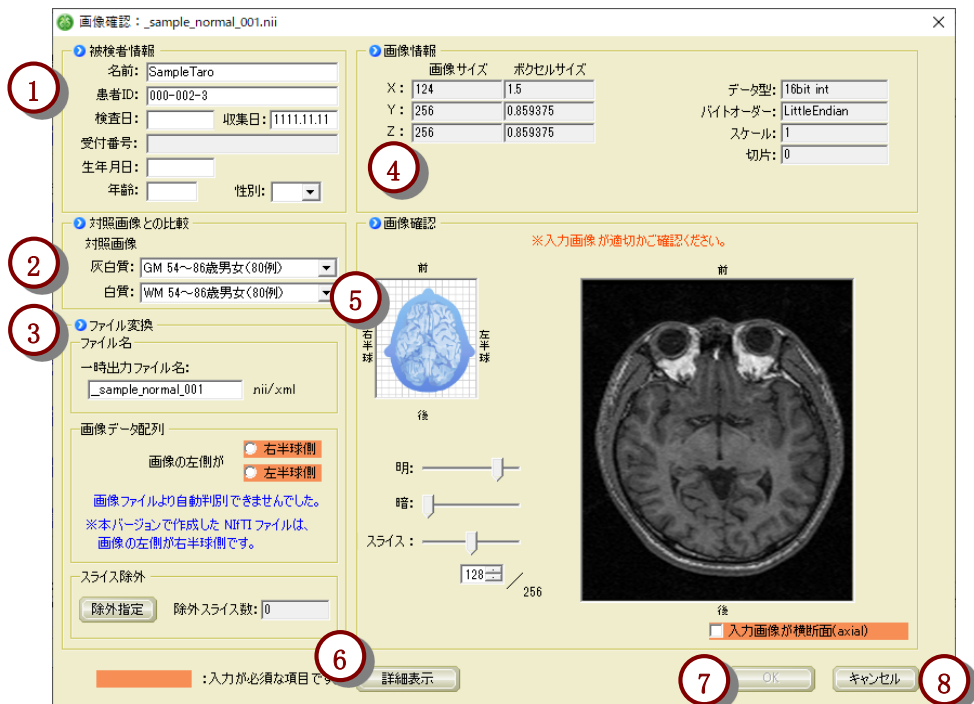
3.5. 画像確認ウィンドウ

[画像統計処理] ウィンドウで処理対象を選択すると、次のような [画像確認] ウィンドウが表示されます。

DICOM ファイルの場合の画像確認ウィンドウ



NIFTI ファイルおよび ANALYZE ファイルの場合の画像確認ウィンドウ



各項目の説明は、DICOM、NIFTI、ANALYZE で共通して行います。

①被検者情報

「被検者情報」は、画像ファイルの「被検者情報」の表示・変更・追加・入力を行うグループです。画像ファイルに情報が含まれている場合は、画像ファイルの情報が表示されます。

項目名	入力形式
名前	任意の文字で入力(最大 64 文字・全角、半角とわず)
患者ID	任意の文字で入力(最大 64 文字・全角、半角とわず)
検査日	“YYYY.MM.DD”形式(YYYY:西暦、MM:月、DD:日)
収集日	“YYYY.MM.DD”形式(YYYY:西暦、MM:月、DD:日)
受付番号	入力不可
生年月日	“YYYY.MM.DD”形式(YYYY:西暦、MM:月、DD:日)
年齢	半角数字
性別	未設定、または、“M”、“F”からの選択

②対照画像との比較

対照画像との比較処理で使用する灰白質と白質の「対照画像」をそれぞれ指定します。

※ 初期設定では以下が選択されるようになっています。

灰白質:「GM 54~86 歳男女(80 例)」

白質:「WM 54~86 歳男女(80 例)」

※ [対照画像設定] ウィンドウにおける「対照画像との比較で使用するデフォルトの対照画像」の設定によってデフォルト設定が可能です。

③ファイル変換

「ファイル変換」グループでは、ファイル変換後に生成される出力ファイルの設定を行います。ファイル変換処理の結果、入力画像が DICOM 画像と NIFTI 画像と ANALYZE 画像のいずれの場合も、画像データ配列とスライス除外の設定を反映した NIFTI 画像が生成され、被検者情報に関しては、『xml』形式の NIFTI 付加情報ファイルに書き込まれます。

「ファイル変換」グループでは次の 3 項目を変更できます。

・ファイル名

ファイル変換時の出力ファイルのファイル名を指定します。初期設定として、入力画像ファイル(DICOM の場合は、先頭スライス)の先頭にアンダースコア(_)を付けたファイル名が設定されます。

・画像データ配列

[DICOM の場合]

入力画像の先頭側が右半球か左半球かを選ぶラジオボタンです。ここで画像スライスの先頭側とは、スライスのトラックバーの左端に対応するスライスです。通常は、このラジオボタンは DICOM ファイルから自動認識され変更はできません。ただし DICOM ファイルから自動認識できない場合はどちらかを選択する必要があります。

[NIFTI および ANALYZE の場合]

入力画像の左側が右半球か左半球かを選ぶラジオボタンです。PIESLAD の従来版で生成された ANALYZE ファイルは、画像の左側が右半球となっており、自動認識され変更はできません。それ以外の ANALYZE ファイルおよびすべての NIFTI ファイルは自動認識されませんので、よく確認して選択してください。

※ [画像確認設定] ウィンドウにおける「ファイル変換設定」で画像データ配列のデフォルト設定が可能です。

・スライス除外

処理に使用しない画像を選択することができます。[除外指定] ボタンを押すと [除外指定] ウィンドウが表示されます。

※ [画像確認設定] ウィンドウにおける「スライス除外」で最終スライスのみを除外をデフォルト設定とすることが可能です。

④画像情報

「画像情報」は、画像に関する情報の確認を行うグループです。

画像情報として、「画像サイズ」、「ボクセルサイズ」、「原点」、「データ型」、「バイトオーダー」、「スケール」、「切片」の値を確認することができます。

※ NIFTI の場合は原点は表示されません。

⑤画像確認

「画像確認」には左に見本画像、右に入力画像が表示されます。

入力画像の白と黒のコントラストと、どのスライスを表示するのかを、トラックバーにより変化させることができます。

DICOM ファイルの場合は、入力画像が矢状断面 (sagittal) であることを確認したら、チェックボックスにチェックを入れてください。NIFTI ファイルおよび ANALYZE ファイルの場合は、入力画像が横断面 (axial) であるかを確認したら、チェックボックスにチェックを入れてください。

※ [画像確認設定] ウィンドウの設定により、矢状断面・横断面であるかの確認を、必須入力項目とするかどうかを選択できます。

⑥[詳細表示] ボタン

画像の詳細表示を行いたいときは、このボタンを押してください。[詳細表示] ウィンドウが表示されます。

⑦[OK] ボタン

画像確認と必須入力項目の入力が終わったら、[OK] ボタンを押してください。入力情報が有効になります。[処理開始] ボタンで [画像確認] ウィンドウを表示した場合は、このあとの指示に従って処理を開始してください。

⑧[キャンセル] ボタン

入力を有効にしない場合は、[キャンセル] ボタンを押してください。

※ 入力した情報は保存されませんので、ご注意ください。

除外指定ウィンドウ

[除外指定] ウィンドウでは、処理に使用しない画像を先頭もしくは後方から連続で選択することができます。



①除外したい画像のチェックボックスにチェックを入れてください。

②選択を適用したい場合は、[OK] ボタンを、適用しない場合は[キャンセル] ボタンを押してください。

※画像処理に使用する画像が30枚未満の場合は、画像確認ウィンドウで処理開始を行うことができません。

詳細表示ウィンドウ

[詳細表示] ウィンドウでは、画像ファイルの情報を表示します。



①DICOM 画像の場合は複数ファイルから構成されるので、表示したいファイル名を上部のコンボボックスで選択してください。NIFTI ファイルの場合は『nii』ファイルのファイル名が表示されます。ANALYZE ファイルの場合は『img』ファイルのファイル名が表示されます。

②画像ファイルの情報が表示されます。

③確認したら [閉じる] ボタンを押してください。

※DICOM 画像の場合、すべてのタグは表示されません。プログラムに付属のDICOM 辞書に記載されているものだけが表示されます。

3.6. 処理経過ウィンドウ

処理フローが始まると [処理経過] ウィンドウが表示されます。[処理経過] ウィンドウでは、処理経過の表示、ログの保存を行います。



①処理経過表示エリア

現在行っている処理や、入力ファイル、出力ファイルなどが表示されます。

※ 最後に実行した処理でエラーがあった場合は、次回本プログラム起動時にエラーの内容が再表示されます。

②[ログを保存] ボタン

「処理経過表示エリア」に表示されている内容を、『txt』形式で保存することができます。

③[閉じる] ボタン

このボタンを押すと、[処理経過] ウィンドウを閉じることができます。閉じた後は、メニューから、[表示] → [処理経過ウィンドウ] を選択することで再び表示することができます。

④[クリア] ボタン

このボタンを押すと、「処理経過表示エリア」に表示された内容をクリアすることができます。

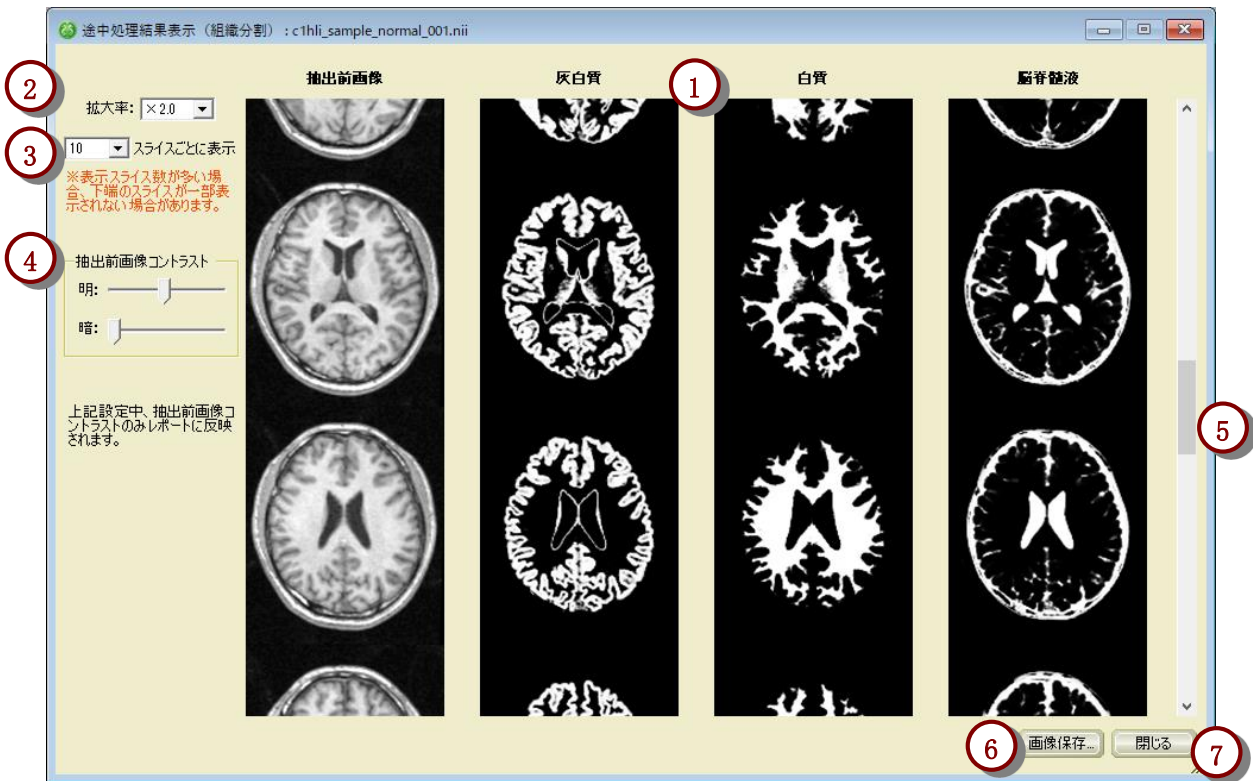
※ 処理経過ウィンドウの内容は ProcessLog_〇〇〇.txt というファイル名で自動的にワークフォルダに保存されます。このときファイルパスは“*”に置換されて出力されます。

3.7. 途中処理結果表示

途中処理結果表示には、[途中処理結果表示(組織分割)] ウィンドウと、[途中処理結果表示(DARTEL)] ウィンドウの2種類があります。それぞれ、組織分割および DARTEL 処理結果を確認するウィンドウです。

■ 途中処理結果表示(組織分割)ウィンドウ

[途中処理結果表示(組織分割)] ウィンドウは、組織分割処理の終了時に表示されます。



- ①左から抽出前画像、灰白質、白質、脳脊髄液の順に表示されます。
- ②拡大率を変更することで、表示する画像の拡大率を変更することができます。
- ③何スライスごとに表示するのを変更することができます。
- ④入力画像の白と黒のコントラストをトラックバーにより変化させることができます。
- ⑤スクロールバーを移動することで、表示するスライスを変更することができます。
- ⑥[画像保存] ボタンを押すと、表示されている処理結果を画像ファイル(ビットマップ、JPEG、TIFF 形式)として保存することができます。
- ⑦[閉じる] ボタンを押すと、ウィンドウを閉じます。

- ※ 表示するスライス数が多い場合、下端のスライスが一部表示されない場合があります。
- ※ ②～④を変更したときに、表示に時間がかかる場合があります。
- ※ [画像保存] ボタンで保存される画像は画像中央に表示されているスライスに前後 9 スライス分を加えた画像となります。

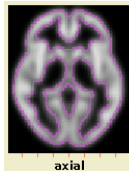
途中処理結果表示(DARTEL)ウィンドウ



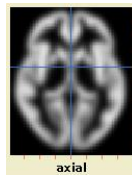
[途中処理結果表示(DARTEL)] ウィンドウは、DARTEL 処理の終了時に表示されます。

- ①DARTEL は「カーソル付きスライス」と「スライス一覧」を、タブで切り替えることが可能です。
- ②「カーソル付きスライス」か「スライス一覧」のいずれかで画像が表示されます。

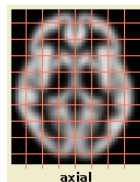
[途中処理結果表示(DARTEL)] ウィンドウには、画像の上にオーバーレイ表示する機能があります。「カーソル付きスライス」と「スライス一覧」どちらでも、「標準脳テンプレートの輪郭を重ねて表示」(標準脳画像のアウトラインと処理後脳画像とを重ね合わせた画像表示)を行うことができます。また、「カーソル付きスライス」表示では、クロスバー、グリッドの表示も可能です。クロスバー、グリッド表示により、標準脳と比較する際に、対応する座標位置がわかりやすくなります。



標準脳テンプレートの輪郭を重ねて表示



クロスバー表示



グリッド表示

○カーソル付きスライス

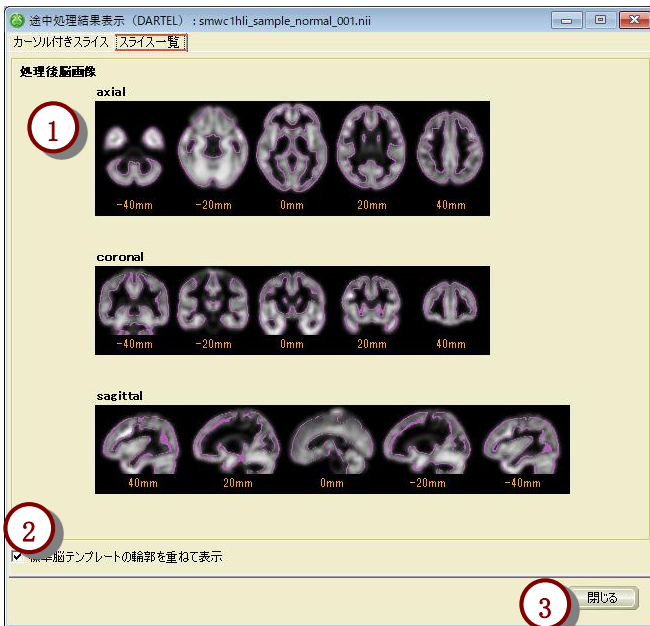


①標準脳テンプレートと処理後脳画像のズレがどの程度あるのかを確認することができます。ある方向の画像をクリックすると、別の2方向の画像が対応する座標の表示に切り替わります。

②「クロスバー表示」、「グリッド表示」、「標準脳テンプレートの輪郭を重ねて表示」の有無を選択することができます（通常は「標準脳テンプレートの輪郭を重ねて表示」のみオンとなっています）。

③[閉じる] ボタンを押すと、ウィンドウが閉じます。

○スライス一覧



①横断(axial)、冠状断(coronal)、矢状断(sagittal)で処理後画像が表示されます。画像の下には MNI 座標系で座標が表示されます。

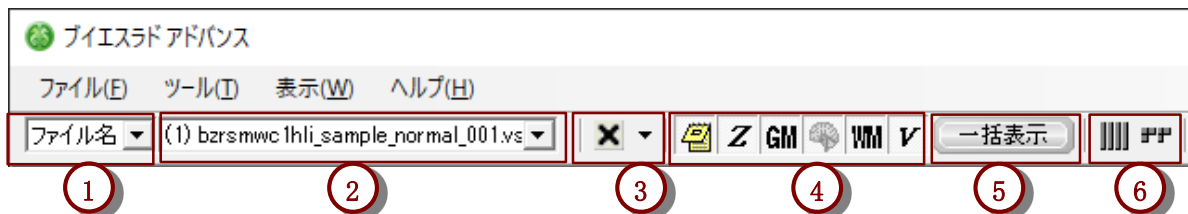
②チェックを入れることで、「標準脳テンプレートの輪郭を重ねて表示」を行うことができます。

③[閉じる] ボタンを押すと、ウィンドウが閉じます。

3.8. 処理結果表示

処理フローが終了したときおよび、メニューの [ファイル] → [処理結果を開く] で処理結果を開いたときに、[レポート記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[[灰白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウ、[[灰白質]Z スコアマップ脳表表示] ウィンドウ、[[白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウ、[VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウが表示されます。また、全体画面上部に処理結果ツールバーが表示されます。

■ 処理結果ツールバー



①表示情報選択

②のコンボボックスおよび各ウィンドウのタイトルに表示する表示形式を選択します。
ファイル名、名前、患者 ID、検査日、収集日、生年月日、年齢から選択します。

②処理結果選択

③④⑥の操作の対象となる処理結果管理ファイルを選択します。
何らかの処理結果が表示されている場合は、選択された処理結果のウィンドウを前面に表示します。

③[閉じる] ボタン

②で選択されている処理結果を閉じます。
また、右側の▼で表示される[すべて閉じる] メニューにより、すべての処理結果を閉じることができます。

④[処理結果表示] ボタン

[レポート記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[[灰白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウ、[[灰白質]Z スコアマップ脳表表示] ウィンドウ、[[白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウ、[VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウの表示状態の変更(表示・非表示の切り替え)、および確認ができます。表示されているときは、ボタンが押されている状態になります。

⑤[一括表示] ボタン

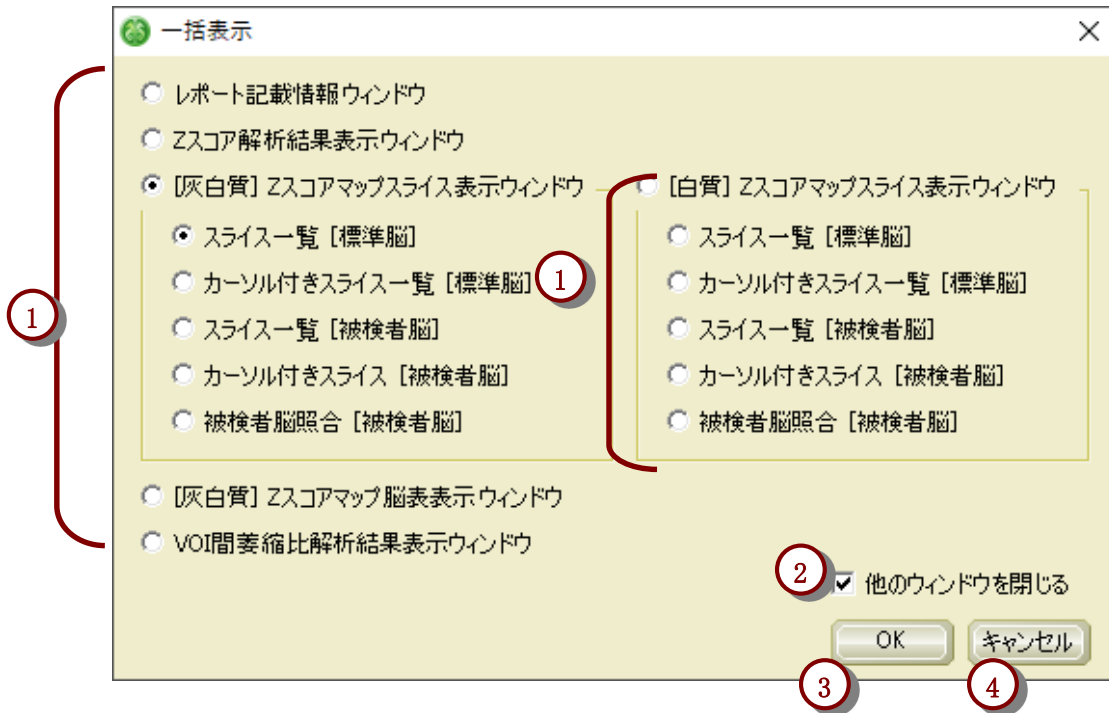
このボタンが押されると、[一括表示] ウィンドウ (73 ページ)を表示します。

⑥[途中処理結果表示] ボタン

左から、[途中処理結果表示(組織分割)] ウィンドウ、[途中処理結果表示(DARTEL)] ウィンドウを表示するボタンです。処理結果管理ファイルに対応した途中処理結果ファイルが存在する場合のみ、表示することができます。

■ 一括表示ウィンドウ

[一括表示] ウィンドウは、ツールバーの「処理結果選択」に表示される処理結果に関して、一括して画面出力する機能です。複数の処理結果を同時に表示するときにご利用します。



①ウィンドウ選択ラジオボタン

表示するウィンドウを選択します。[[灰白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウおよび[[白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウの場合は、表示するタブの選択も行います。

②他のウィンドウを閉じる

このチェックボックスがオンの場合は、すでに表示されている処理結果のウィンドウに関して、①で選択されなかったものに関しては閉じられます。

③[OK] ボタン

このボタンを押すと、この画面を閉じて一括表示が実行されます。

④[キャンセル] ボタン

このボタンを押すと、この画面が閉じて一括表示は実行されません。

■ レポート記載情報ウィンドウ

[レポート記載情報] ウィンドウでは、開いている処理結果ファイルに対して、記載情報の確認・入力を行うことができます。

レポート記載情報: (1) bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr

1 被検者情報
 患者ID: 000-002-3 検査日: 収集日: 1111.11.11 受付番号:
 名前: SampleTaro 生年月日: 年齢: 性別: [dropdown]

2 所見
 担当医師: 読影医師:
 記載日:
 コメント
 ※シンプルレポート設定ではコメントは出力されません。
 コメント入力...

3 対照画像(灰白質) : GM 54~86歳男女(80例)
 対照画像(白質) : WM 54~86歳男女(80例)

4 レポート記載情報ファイル : C:\Program Files (x86)\VSRAD\advance_6\sample\mri_dir
 5 記載情報保存

6 詳細処理条件表示 7 閉じる

①被検者情報

被検者情報の入力・確認を行います。処理フローで処理結果を表示した場合は、[画像確認] ウィンドウで入力された情報があらかじめ入力されています。

②所見

診断情報の入力・確認を行います。コメントに関しては、[コメント入力] ボタンを押すことで表示される、[コメント入力] ウィンドウで入力します。入力形式は次の通りです。

項目名	入力形式
担当医師	任意の文字で入力(最大 64 文字・全角、半角とわず)
読影医師	任意の文字で入力(最大 64 文字・全角、半角とわず)
記載日	“YYYY.MM.DD”形式(YYYY:西暦、MM:月、DD:日)
コメント	任意の文字で入力(印刷時の制限として、半角 70 文字×15 行まで)

※ 初期設定のレポート設定では、所見は印刷されません。

③対照画像

対照画像との比較処理で使用された、灰白質の対照画像と白質の対照画像を確認することができます。

④レポート記載情報ファイル

レポート記載情報ファイルのファイルパスを確認することができます。

⑤[記載情報保存] ボタン

このボタンを押すと、①および②に書かれた内容がレポート記載情報ファイルに書き込まれます。

⑥[詳細処理条件表示] ボタン

このボタンを押すと、[詳細処理条件] ウィンドウが表示されます。[詳細処理条件] ウィンドウでは、処理結果が作成されるまでに実行された処理手順が表示されます。

⑦[閉じる] ボタン

このボタンを押すと、このウィンドウが閉じます。

■ Zスコア解析結果表示ウィンドウ

[Zスコア解析結果表示] ウィンドウでは、Zスコアマップファイルから算出される詳細な数値データが表示されます。

Zスコア解析結果表示: (1) bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr

① 灰白質解析結果 [関心領域: VOI for AD:T=7.0]

(1) VOI内萎縮度: **Severity of VOI atrophy** **0.43** (2) 全脳萎縮領域の割合: *Extent of GM atrophy* (全灰白質内のZスコア>2の領域の割合) **1.57%** [解説]

目安 0~1...関心領域内の萎縮がほとんど見られない [解説]

1~2...関心領域内の萎縮がやや見られる (3) VOI内萎縮領域の割合: *Extent of VOI atrophy* (VOI内のZスコア>2の領域の割合) **0.00%** [解説]

2~3...関心領域内の萎縮がかなり見られる (4) 萎縮比 (VOI内/全脳): *Ratio of VOI/GM atrophy* (全脳萎縮を1とした割合) **0.00** 倍 [解説]

3~ ...関心領域内の萎縮が強い

② 白質解析結果

全脳萎縮領域の割合: *Extent of WM atrophy* (全白質内のZスコア>2の領域の割合) **2.59%** [解説]

④ 詳細情報

項目	指標	全体の値	右側の値	左側の値	右側-左側
灰白質(1)	VOI内萎縮度:Severity of VOI atrophy	0.43	0.38	0.47	-0.09
灰白質(2)	全脳萎縮領域の割合:Extent of GM atrophy	1.57	-	-	-
灰白質(3)	VOI内萎縮領域の割合:Extent of VOI atrophy	0.00	0.00	0.00	0.00
灰白質(4)	萎縮比 (VOI内/全脳):Ratio of VOI/GM atrophy	0.00	-	-	-
灰白質(5)	VOI内最大値:Max in VOI	1.60	1.02	1.60	-0.59
白質	全脳萎縮領域の割合:Extent of WM atrophy	2.59	-	-	-

⑤ [書き出し...] ⑥ [閉じる]

①灰白質解析結果を表示します。

②白質解析結果を表示します。

③解析結果項目ごとの [解説] ボタンを押すと、演算方法の説明をブラウザで確認することができます。

※ 対応するブラウザは、Internet Explorer、Edge、Chrome、Firefox です。2019年8月現在の最新バージョンで検証しています。

④詳細情報を表示します。灰白質解析結果、白質解析結果の値についてリストで表示します。

⑤[書き出し] ボタンで、表示内容を CSV(カンマ区切り)ファイルに出力することが可能です。

⑥[閉じる] ボタンを押すと、このウィンドウが閉じます。

[Z スコア解析結果表示] ウィンドウで表示される項目は次の 3 項目です。(詳しくは解説で表示される内容をご確認ください。)

○灰白質解析結果

- (1) VOI 内萎縮度 : Severity of VOI atrophy
- (2) 全脳萎縮領域の割合 : Extent of GM atrophy
- (3) VOI 内萎縮領域の割合 : Extent of VOI atrophy
- (4) 萎縮比 (VOI 内 / 全脳) : Ratio of VOI/GM atrophy

○白質解析結果

- 全脳萎縮領域の割合 : Extent of WM atrophy

○詳細情報

各項目の値が表形式で表示されます。各項目の「全体の値」は、「灰白質解析結果」および「白質解析結果」で表示されている値と同じです。「灰白質解析結果」については「(5) VOI 内最大値 : Max in VOI」についても表示されます。

これらについて、脳の右半球側のみおよび左半球側のみに限定して算出したものが、「右側の値」「左側の値」となります。

「右側 - 左側」は「右側の値」から「左側の値」を引いたものとなっています。

なお、灰白質解析結果表示の標準設定では、内側側頭部を関心領域としています。白質解析結果表示では関心領域は設定していません。

※ Z スコア解析結果の CSV 形式のファイルは、処理の「対照画像との比較」が終わった時点で、ワークフォルダに自動的に保存されます。

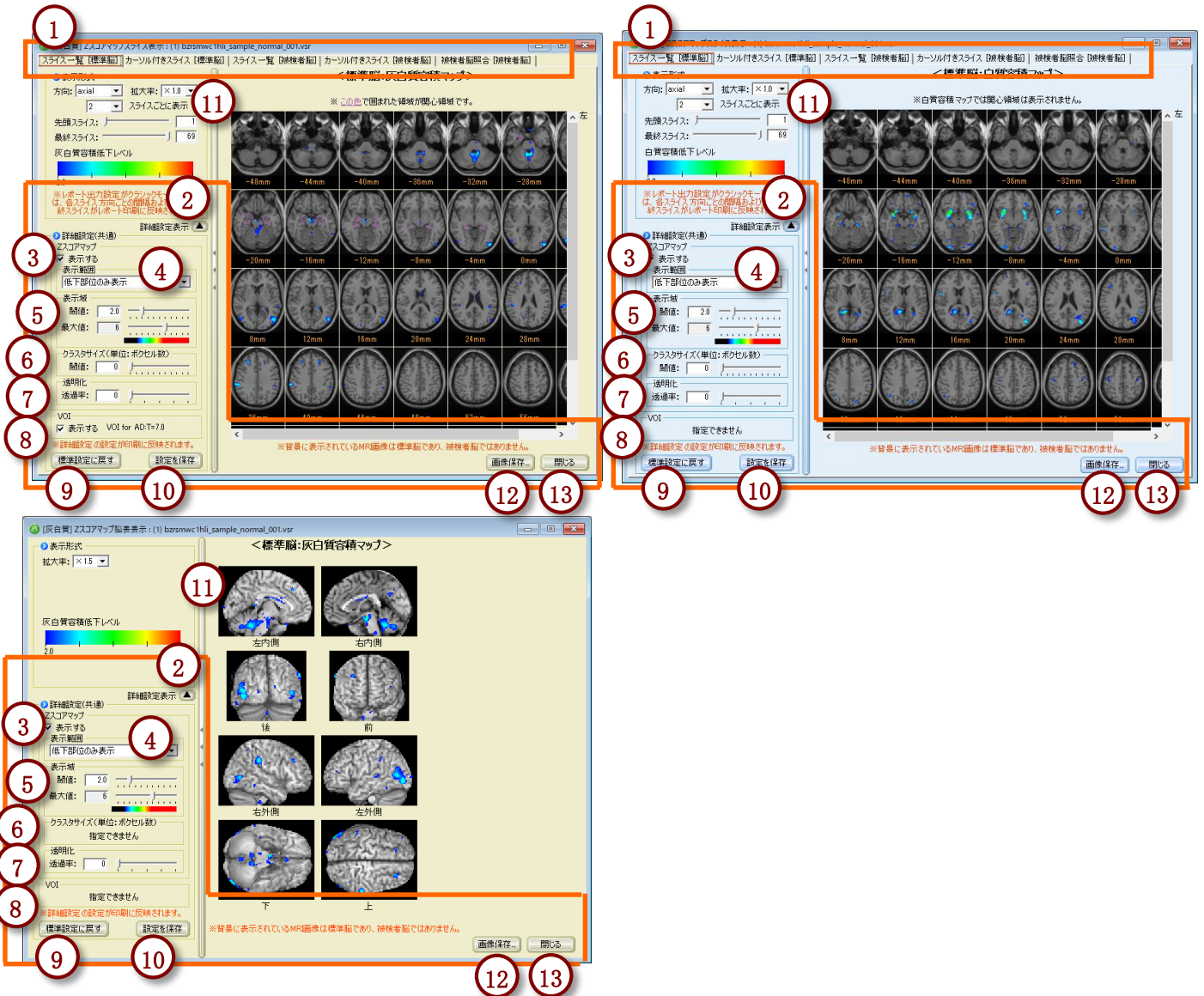
※ 処理結果表示設定ウィンドウで関心領域の確認が可能です。処理結果表示設定ウィンドウに関する詳細は、【 4.2. 処理結果表示設定】98 ページをご覧ください。

■ [灰白質/白質] Zスコアマップスライス表示ウィンドウ、[灰白質]Zスコアマップ脳表表示ウィンドウ

[[灰白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウ、[[白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウ、[[灰白質]Zスコアマップ脳表表示] ウィンドウの詳細設定は共通仕様となっています。

[[灰白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウおよび[[白質]Zスコアマップスライス表示] ウィンドウでは下記のタブが画面上部に表示されており、タブ切り替えにより、ウィンドウの表示状態を切り替えることができます。

- スライス一覧[標準脳] …標準脳 Zスコアマップを特定断面でスライスを一覧表示します。
- カーソル付きスライス[標準脳] …標準脳 Zスコアマップを3断面で表示します。
- スライス一覧[被検者脳] …被検者脳 Zスコアマップを特定断面でスライスを一覧表示します。
- カーソル付きスライス[被検者脳] …被検者脳 Zスコアマップを3断面で表示します。
- 被検者脳照合[被検者脳] …被検者脳 Zスコアマップと被検者脳 MRI を並べて表示します。



①タブ切り替え

タブ切り替えにより、[スライス一覧[標準脳]]、[カーソル付きスライス[標準脳]]、[スライス一覧[被検者脳]]、[カーソル付きスライス[被検者脳]]、[被検者脳照合[被検者脳]]を切り替えることができます。

※ [[灰白質]Zスコアマップ脳表表示] ウィンドウでは、タブ切り替えはありません。

②[詳細設定表示] ボタン

このボタンを押すと、詳細設定グループが表示されます。表示状態でボタンを押した場合は、表示されない状態に戻ります。

③表示する(Zスコアマップ)チェックボックス

このチェックボックスにより、Zスコアをオーバーレイ表示させるか否かを選択します。

④表示範囲

表示形式項目は、次の3項目をコンボボックスで選択することが可能です。

(1)低下部位のみ表示

Zスコアマップの正の値について「Zスコア表示域」の「閾値」に従って濃淡表示します。

(2)増加部位のみ表示

Zスコアマップを正負反転した値について「Zスコア表示域」の「閾値」に従って濃淡表示します。

(3)同時表示

Zスコアマップの正負の値両方にわたって濃淡表示します。(正が増加部位、負が低下部位となります。)

※ [[灰白質]脳表表示] ウィンドウでは同時表示はできません。

⑤表示域

トラックバーにより、「閾値」・「最大値」を設定します。「閾値」に関しては値入力によっても変更することが可能です。

※ 「閾値」は、小数第一位まで、0.0以上(最大値-1.0)未満の値を入力することが可能です。

※ 「最大値」は、閾値の値より大きい1刻みの値を入力することが可能です。

※ このトラックバーは、マウスホイールでの操作に対応していません。

⑥クラスタサイズ

クラスタサイズは、閾値以上に萎縮しているボクセルが繋がっている数を示します。トラックバーにより、「閾値(ボクセル数)」を設定します。「閾値(ボクセル数)」を変化させることで、ボクセル数が閾値以下のクラスタは画面上に表示されなくなります。

※ Zスコア表示におけるボクセルは2×2×2[mm]の大きさの立方体です。

※ ボクセルが「繋がっているか」の判定は、あるボクセルに隣接する18個のボクセルについて閾値以上かどうかを見ている。

※ 「閾値(ボクセル数)」の選択範囲は0~2000の範囲値となっています。

※ [灰白質]Zスコアマップ脳表表示ウィンドウではクラスタサイズの指定はできません。

※ 被検者脳表示ではクラスタサイズの指定はできません。

※ このトラックバーは、マウスホイールでの操作に対応していません。

⑦透過率

ZスコアをMRI画像にオーバーレイするときの透過率を0~100の整数で指定します。

※ このトラックバーは、マウスホイールでの操作に対応していません。

⑧表示する(VOI)チェックボックス

このチェックボックスにより、関心領域(VOI)をオーバーレイ表示させるか否かを選択します。

※ [白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウではVOIの表示はできません。

※ [灰白質]Zスコアマップ脳表表示ウィンドウではVOIの表示はできません。

※ 被検者脳表示ではVOIの表示はできません。

⑨[標準設定に戻す] ボタン

このボタンを押すと、「詳細設定」におけるそれぞれのパラメータが初期設定に戻されます。

⑩[設定を保存] ボタン

このボタンを押すと、「詳細設定」におけるそれぞれのパラメータが保存されます。保存されたときの設定が、Zスコアマップスライス表示ウィンドウおよび Z スコアマップ脳表表示ウィンドウを再び開いたときの詳細設定の初期設定となります。

⑪[操作部領域切り替え] バー

このバーを押すと、バーより左の操作部領域の表示／非表示を切り替えられます。画面上で複数のウィンドウを並べて比べるときなどに便利です。

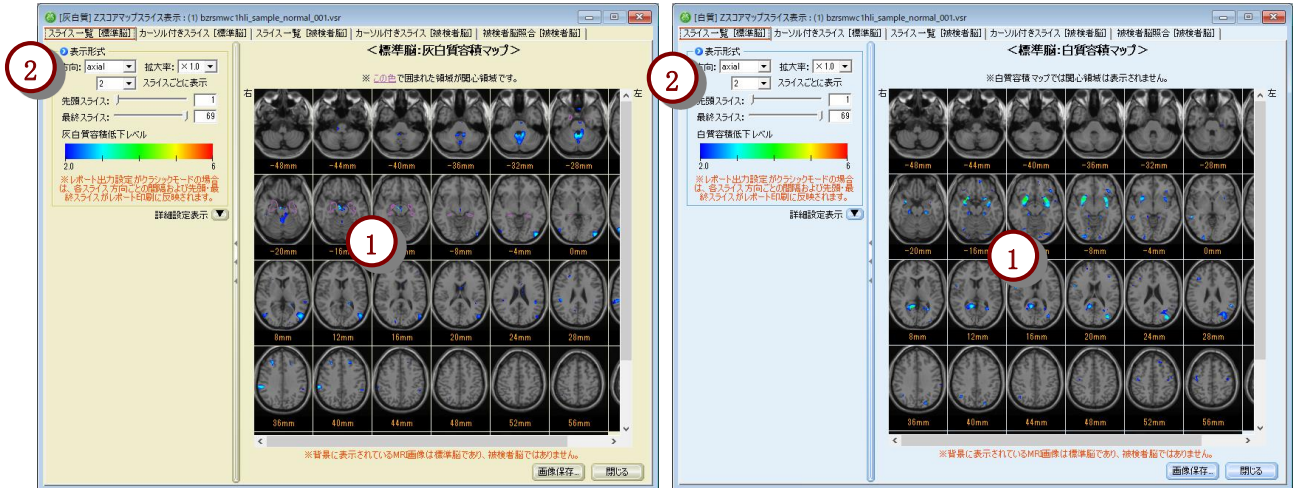
⑫[画像保存] ボタン

このボタンを押すと、表示されているスライスを画像ファイル(ビットマップ、JPEG、TIFF 形式)として保存することができます。

⑬[閉じる] ボタン

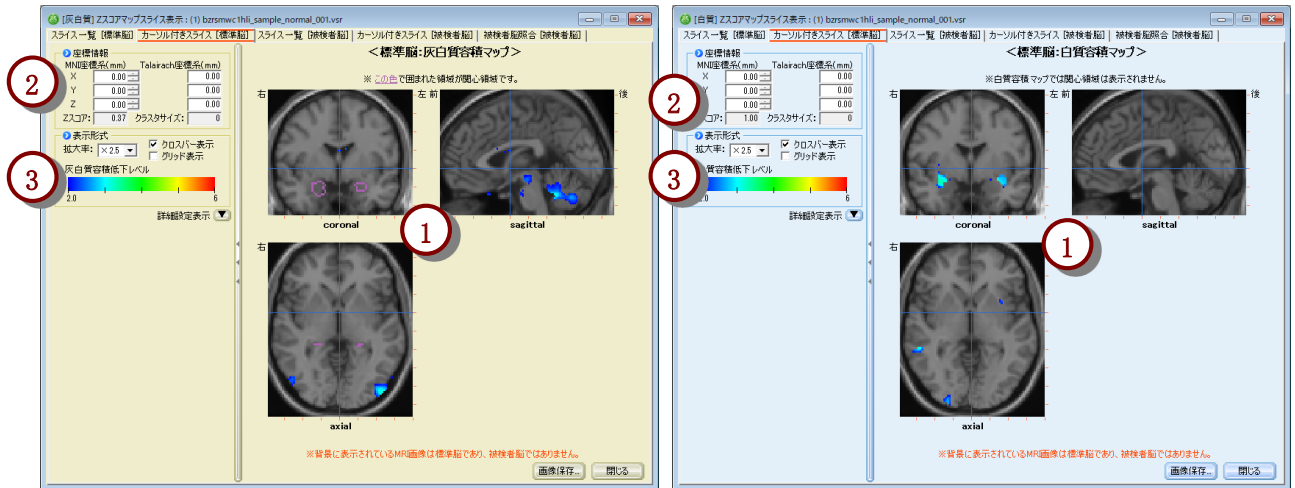
このボタンを押すと、このウィンドウが閉じます。

■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - スライス一覧[標準脳] タブ



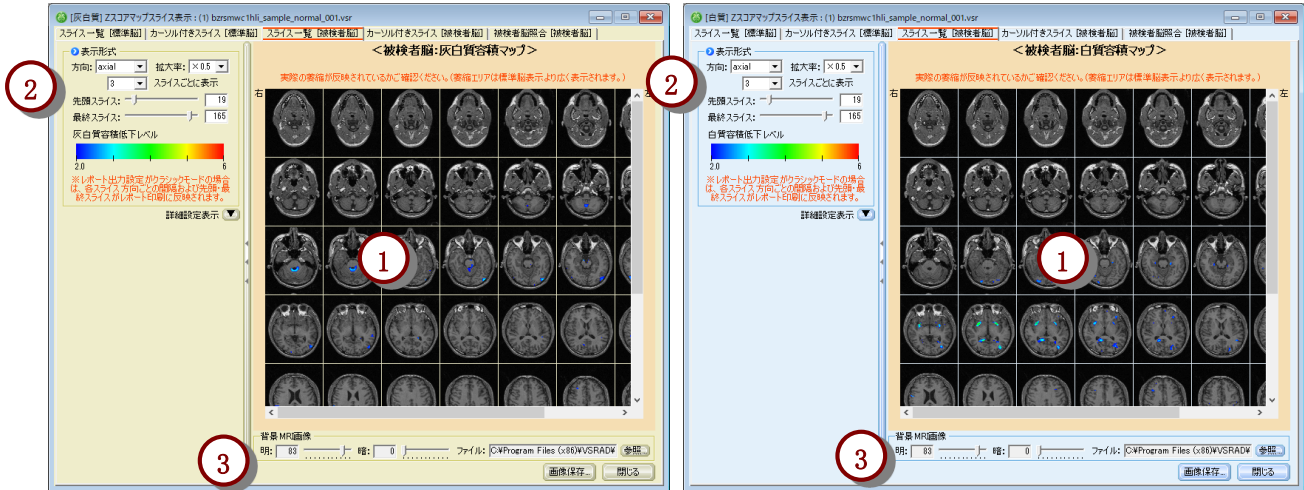
- ① 背景 MRI 画像、Zスコアマップ、関心領域 (VOI) がオーバーレイで表示されます。
 - ※ 表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。解剖学的位置を把握しやすいように標準脳画像を表示します。[処理結果表示設定] ウィンドウで背景 MRI 画像を変更することが可能です。
 - ※ [白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウでは VOI は表示されません。
- ②「方向」・「拡大率」・「間隔(～スライスごとに表示)」をリストから選択することにより、スライス画像の表示形式を変更することができます。また、スライスの「先頭スライス」および「最終スライス」を指定することによりスライスを絞り込むことができます。
 - ※ レポート出力設定がクラシックモードの場合は、スライス方向ごとの間隔および先頭・最終スライスがレポート印刷に反映されます。

■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - カーソル付きスライス[標準脳] タブ



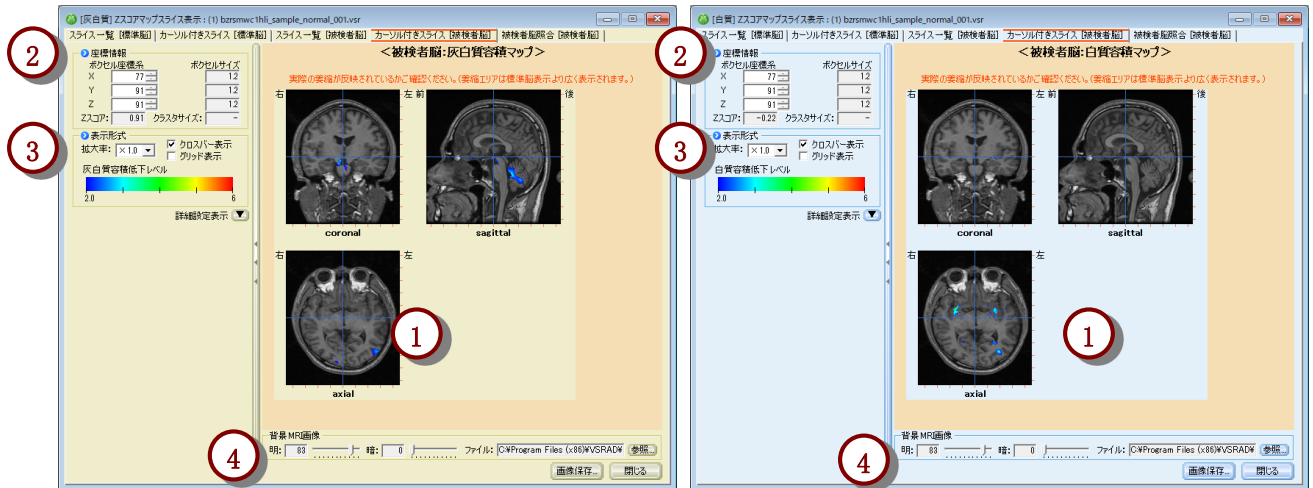
- ① 冠状断 (coronal)、矢状断 (sagittal)、横断 (axial) で画像が表示されます。ある方向の画像をクリックすると、別の 2 方向の画像が対応する座標の表示に切り替わります。
 ※ 表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。解剖学的位置を把握しやすいように標準脳画像を表示します。[処理結果表示設定] ウィンドウで背景 MRI 画像を変更することが可能です。
- ② 画像上をマウスでクリックすると、「座標情報」に「MNI 座標系」、「Talairach 座標系」、「Z スコア」、「クラスタサイズ」が表示されます。クラスタサイズは閾値以上に萎縮しているボクセルが繋がっている数を示します。また、「MNI 座標系」、「Talairach 座標系」に値を入力して、情報表示したい座標を指定することが可能です。
- ③ 表示形式では、「拡大率」の変更と、「クロスバー表示」と「グリッド表示」の有無の変更ができます。

■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - スライス一覧 [被検者脳] タブ



- ① 背景 MRI 画像、Z スコアマップがオーバーレイで表示されます。
 - ※ 表示される背景 MRI 画像は、被検者の画像です。
 - ※ VOI は表示されません。
 - ※ クラスタサイズの閾値は考慮されません。
- ② 「方向」・「拡大率」・「間隔(～スライスごとに表示)」をリストから選択することにより、スライス画像の表示形式を変更することができます。また、スライスの「先頭スライス」および「最終スライス」を指定することによりスライスを絞り込むことができます。
- ③ 「明」、「暗」により背景 MRI 画像のコントラストを変更することができます。また、[参照] ボタンにより背景の MRI 画像を変更することができます。
 - ※ レポート出力設定がクラシックモードの場合は、スライス方向ごとの間隔および先頭・最終スライスがレポート印刷に反映されます。
 - ※ このトラックバーは、マウスホイールでの操作に対応していません。

■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - カーソル付きスライス [被検者脳] タブ



①冠状断(coronal)、矢状断(sagittal)、横断(axial)で画像が表示されます。ある方向の画像をクリックすると、別の2方向の画像が対応する座標の表示に切り替わります。

※ 表示される背景 MRI 画像は、被検者の画像です。

※ VOI は表示されません。

※ クラスタサイズの閾値は考慮されません。

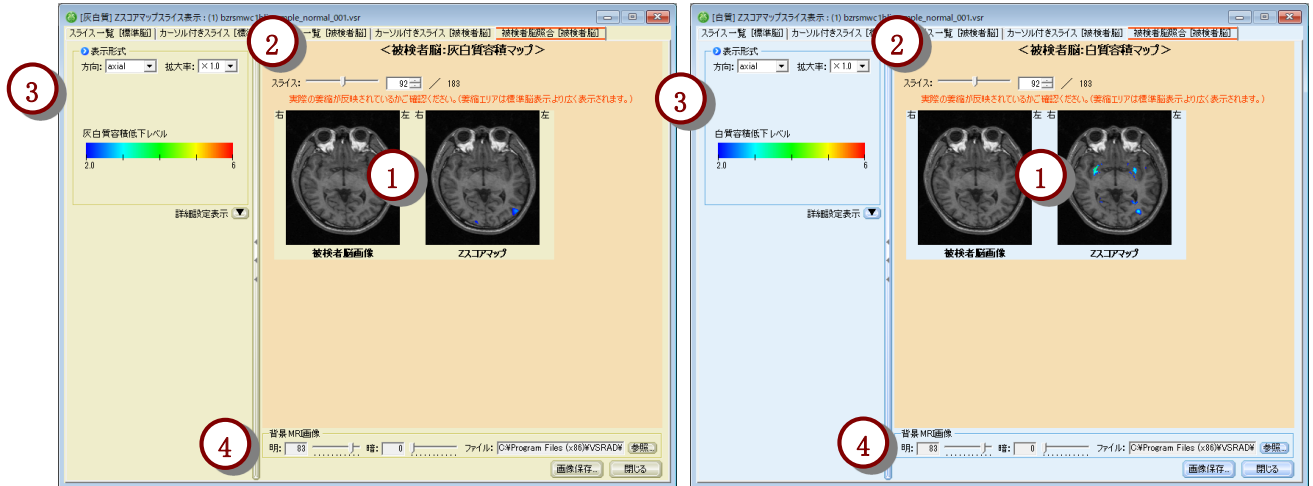
②画像上をマウスでクリックすると、「座標情報」に「ボクセル座標系」、「ボクセルサイズ」、「Z スコア」が表示されます。クラスタサイズは表示されません。また、「ボクセル座標系」に値を入力して、情報表示したい座標を指定することが可能です。

③表示形式では、「拡大率」の変更と、「クロスバー表示」と「グリッド表示」の有無の変更ができます。

④「明」、「暗」により背景 MRI 画像のコントラストを変更することができます。また、「参照」ボタンにより背景の MRI 画像を変更することができます。

※ このトラックバーは、マウスホイールでの操作に対応していません。

■ [灰白質/白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウ - 被検者脳照合 [被検者脳] タブ



①左に被検者脳の画像が、右に被検者脳の画像にZスコアマップを重ね合わせた画像が表示されます。

※ VOIは表示されません。

※ クラスタサイズの閾値は考慮されません。

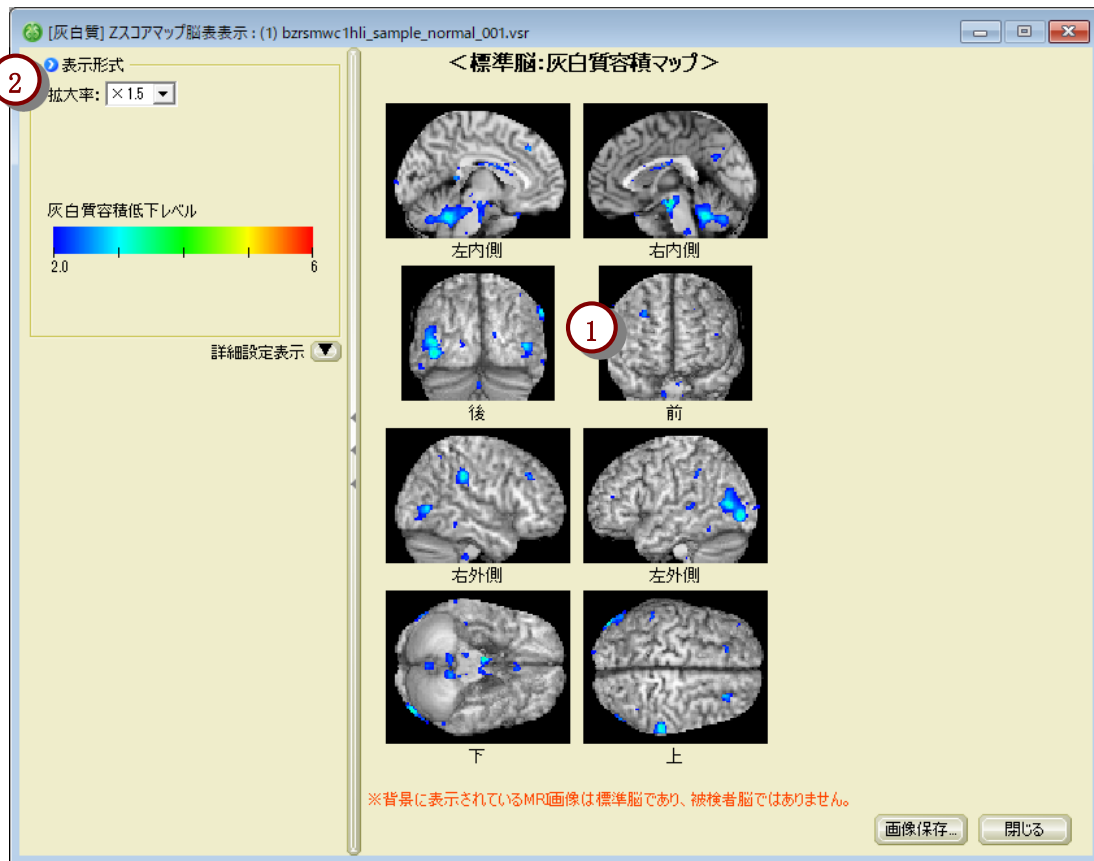
②どのスライスを表示するのかを、トラックバーにより変化させることができます。

③表示形式では、「方向」と「拡大率」の変更ができます。

④「明」、「暗」により背景 MRI 画像のコントラストを変更することができます。また、[参照] ボタンにより背景の MRI 画像を変更することができます。

※ このトラックバーは、マウスホイールでの操作に対応していません。

■ [灰白質] Zスコアマップ脳表表示ウィンドウ



①脳表画像を表示します。脳表表示は、脳の表面を8方向から捉えたもので、大脳皮質全体の萎縮状態を把握できます。

※ 表示される背景 MRI のレンダリング画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。

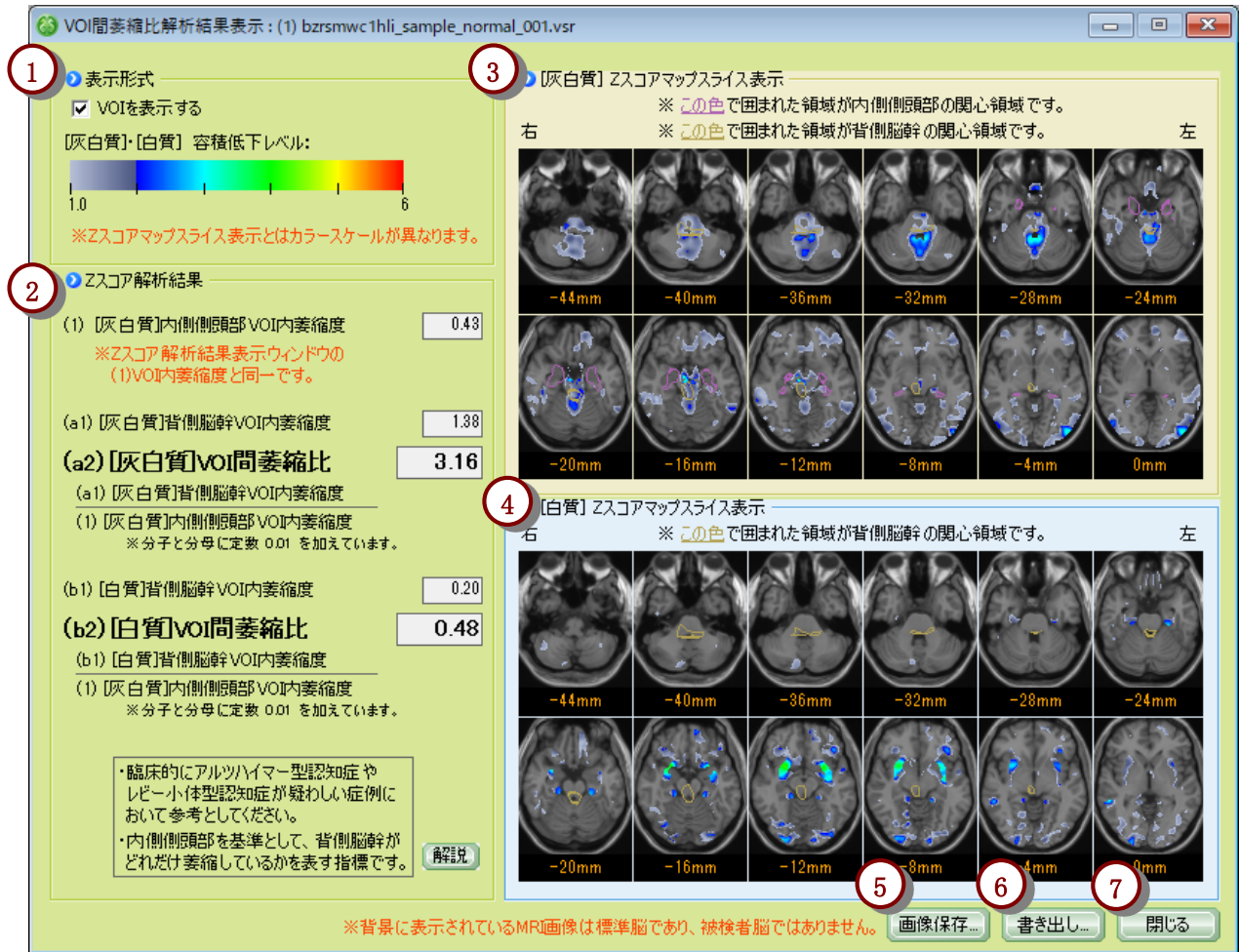
※ 表示される Z スコアは、脳表から投影面に垂直な方向に 16mm(8 ボクセル)分の最大値です。

※ VOI は表示されません。

※ クラスタサイズの閾値は考慮されません。

②表示形式では、「拡大率」の変更ができます。

■ [VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウ



①表示形式

[VOI を表示する] チェックボックスにより、関心領域 (VOI) をオーバーレイ表示させるか否かを選択します。

[灰白質]・[白質]容積低下レベルにより、Zスコアマップに割り当てられる色を確認することができます。

※ 他のウィンドウの Zスコアマップスライス表示とはカラースケールが異なります。

※ この画面では 1~6 の範囲に色が割り当てられますが、標準設定において、2~6 の範囲には他のウィンドウの Zスコアマップスライス表示と同じ色が、1~2 の範囲には紺色が割り当てられます。

②Zスコア解析結果

Zスコアマップから算出された詳細な数字データが表示されます。表示されるのは次の 5 項目です。

- (1) [灰白質]内側側頭部 VOI 内萎縮度
- (a1) [灰白質]背側脳幹 VOI 内萎縮度
- (a2) [灰白質]VOI 間萎縮比
- (b1) [白質]背側脳幹 VOI 内萎縮度
- (b2) [白質]VOI 間萎縮比

③[灰白質] Zスコアマップスライス表示

背景 MRI 画像、灰白質の Zスコアマップ、背側脳幹の関心領域 (VOI)、内側側頭部の関心領域 (VOI) がオーバーレイで表示されます。

※ 表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。解剖学的位置を把握しやすいように標準脳画像を表示します。[処理結果表示設定] ウィンドウで背景 MRI 画像を変更することが可能です。

④[白質] Z スコアマップスライス表示

背景 MRI 画像、白質の Z スコアマップ、背側脳幹の関心領域 (VOI) がオーバーレイで表示されます。

- ※ 表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。解剖学的位置を把握しやすいように標準脳画像を表示します。[処理結果表示設定] ウィンドウで背景 MRI 画像を変更することが可能です。

⑤[画像保存] ボタン

このボタンを押すと、表示されているスライスを画像ファイル (ビットマップ、JPEG、TIFF 形式) として保存することができます。

⑥[書き出し] ボタン

表示内容を CSV (カンマ区切り) ファイルに出力することが可能です。

- ※ 本プログラムで処理した処理結果の場合は、CSV ファイルはワークフォルダに自動的に出力されています。
 ⇨ P.121 【 7.1 本プログラムで生成されるファイル】

⑦[閉じる] ボタン

このボタンを押すと、このウィンドウが閉じます。

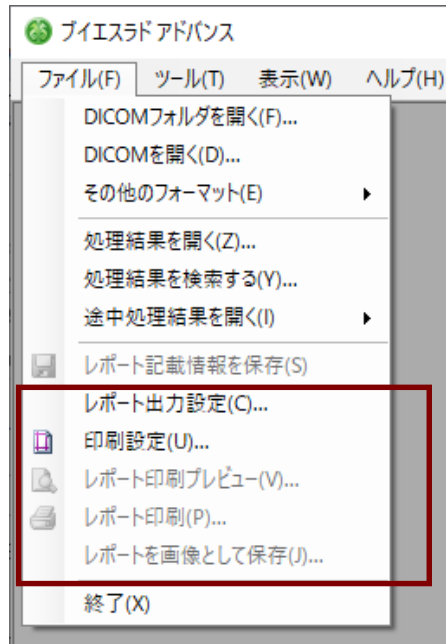
- ※ VOI 間萎縮比解析結果表示ウィンドウにおいては、断面方向、拡大率、表示スライス位置、表示範囲、表示域、透過率、VOI の表示・非表示の変更、および被検者脳表示はできません。

3.9. 印刷と保存

本プログラムには、Z スコアマップの内容を、印刷・保存する機能があります。

■ レポート関連メニュー

レポート関連メニューには、[ファイル] メニューの、[レポート出力設定]、[印刷設定]、[レポート印刷プレビュー]、[レポート印刷]、[レポートを画像として保存] があります。



[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。

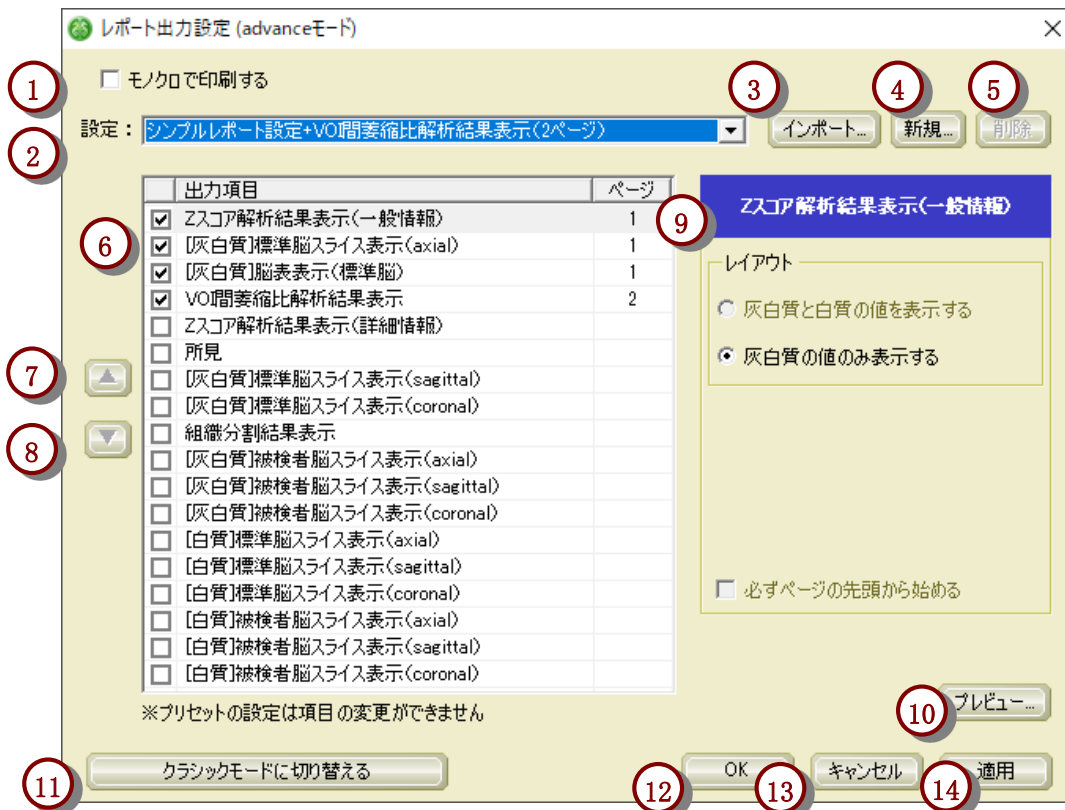
[印刷設定] を選ぶと、プリンタの設定画面が表示されます。

[レポート印刷プレビュー] を選ぶと、印刷・保存される内容を確認することができます。

[レポート印刷] を選ぶと、レポートの印刷を行うことができます。

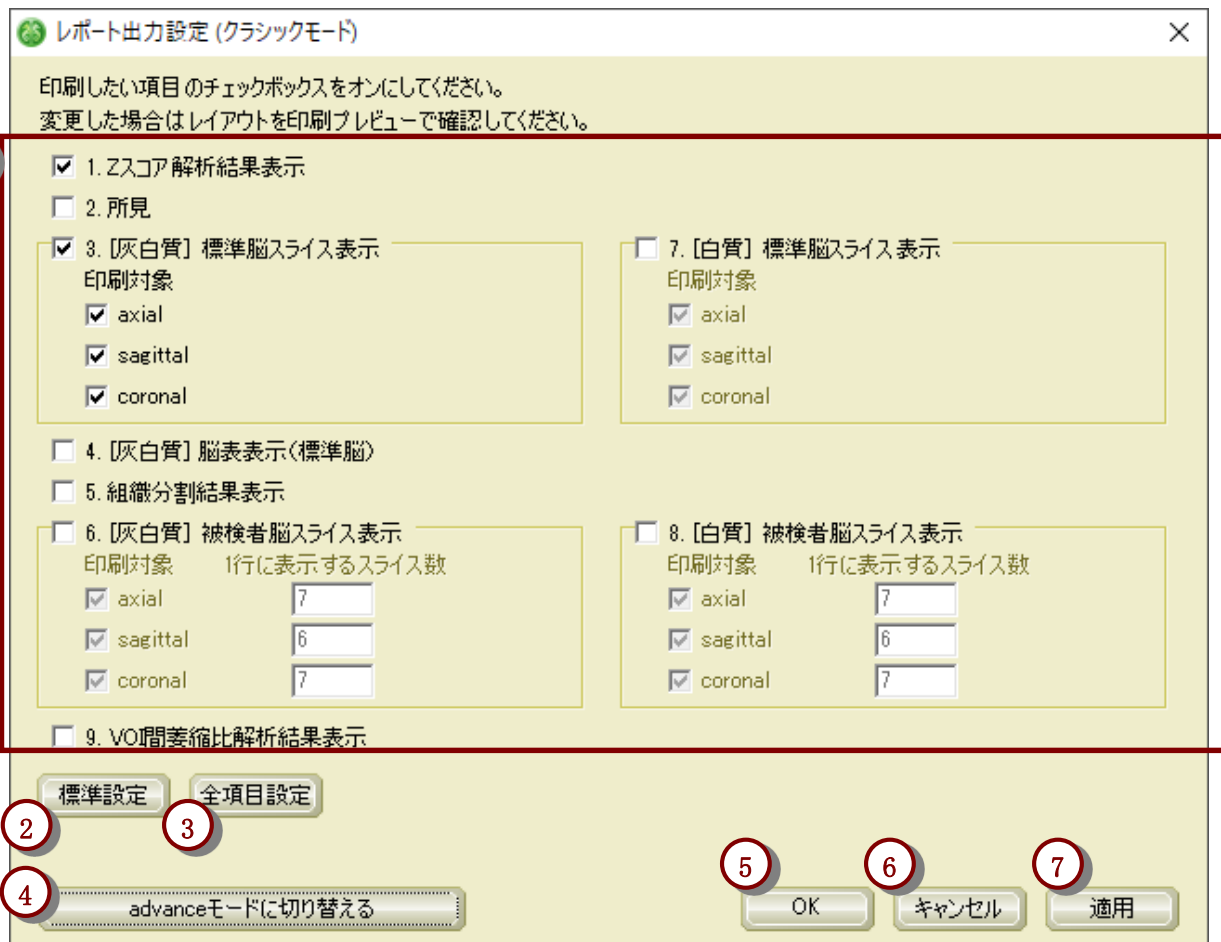
[レポートを画像として保存] を選ぶと、レポートをビットマップ形式、JPEG 形式、TIFF 形式でファイルに出力することができます。

■ レポート出力設定 (advance モード)



- ①[モノクロで印刷する] チェックボックスをオンにすると、モノクロに適した印刷になります。
- ②[設定] コンボボックスでレポート設定を選ぶことができます。初期設定の選択肢はプリセットの設定である「シンプルレポート設定(1 ページ)」、「シンプルレポート設定(白質含む詳細 2 ページ)」、「シンプルレポート設定+VOI 間萎縮比解析結果表示(2 ページ)」、「シンプルレポート設定+VOI 間萎縮比解析結果表示(白質含む詳細 3 ページ)」のみですが、[インポート] ボタンまたは [新規] ボタンで新しいレポート設定を追加した場合に選択肢が表示されます。
- ③[インポート] ボタンを押すと、ファイルからレポート設定を入力することができます。
- ④[新規] ボタンを押すと、新規のレポート設定を作成することができます。
- ⑤[削除] ボタンを押すと、②で選択されているレポート設定を削除することができます。初期設定で登録されているプリセットの設定は削除できません。
- ⑥出力項目が順番に表示されます。チェックがオンの項目が出力される項目です。また、どの出力項目が何ページ目に出力されるのかを確認することができます。プリセットの設定は項目の変更ができません。
- ⑦[▲] ボタンを押すと、⑥で選択中の出力項目を上に移動します。プリセットの設定は移動できません。
- ⑧[▼] ボタンを押すと、⑥で選択中の出力項目を下に移動します。プリセットの設定は移動できません。
- ⑨⑥で選択中の各出力項目について、設定の確認および変更を行うことができます。プリセットの設定は変更できません。
- ☞ 各出力項目の詳細は【 2.9. オリジナルのレイアウトでレポートを印刷する】45 ページ をご覧ください。
- ⑩[プレビュー] ボタンを押すと、印刷レイアウトのイメージを確認することができます。
- ⑪[クラシックモードに切り替える] ボタンを押すと、レポート出力設定がクラシックモードに切り替わります。
- ⑫設定を保存して終了したい場合は [OK] ボタンを押してください。
- ⑬設定を保存しないで終了したい場合は、[キャンセル] ボタンを押してください。
- ⑭設定を保存し、設定を続ける場合は [適用] ボタンを押してください。

■ レポート出力設定(クラシックモード)



①出力したい項目をチェックボックスで選んでください。また、被検者脳スライス表示については必要に応じて「1行に表示するスライス数」を入力してください。

※ 「1行に表示するスライス数」の値を大きくすると出力される画像が小さくなりますが、1ページ内に出力できる数が増加します。5～10までの値を指定することができます。

②[標準設定] ボタンを押すと、①の設定が「Z スコア解析結果表示」、「[灰白質]標準脳スライス表示」を出力する設定に変わります。

③[全項目設定] ボタンを押すと、①の設定がすべての項目を出力する設定に変わります。

④[advance モードに切り替える] ボタンを押すと、レポート出力設定が advance モードに切り替わります。

⑤設定を保存して終了したい場合は [OK] ボタンを押してください。

⑥設定を保存しないで終了したい場合は、[キャンセル] ボタンを押してください。

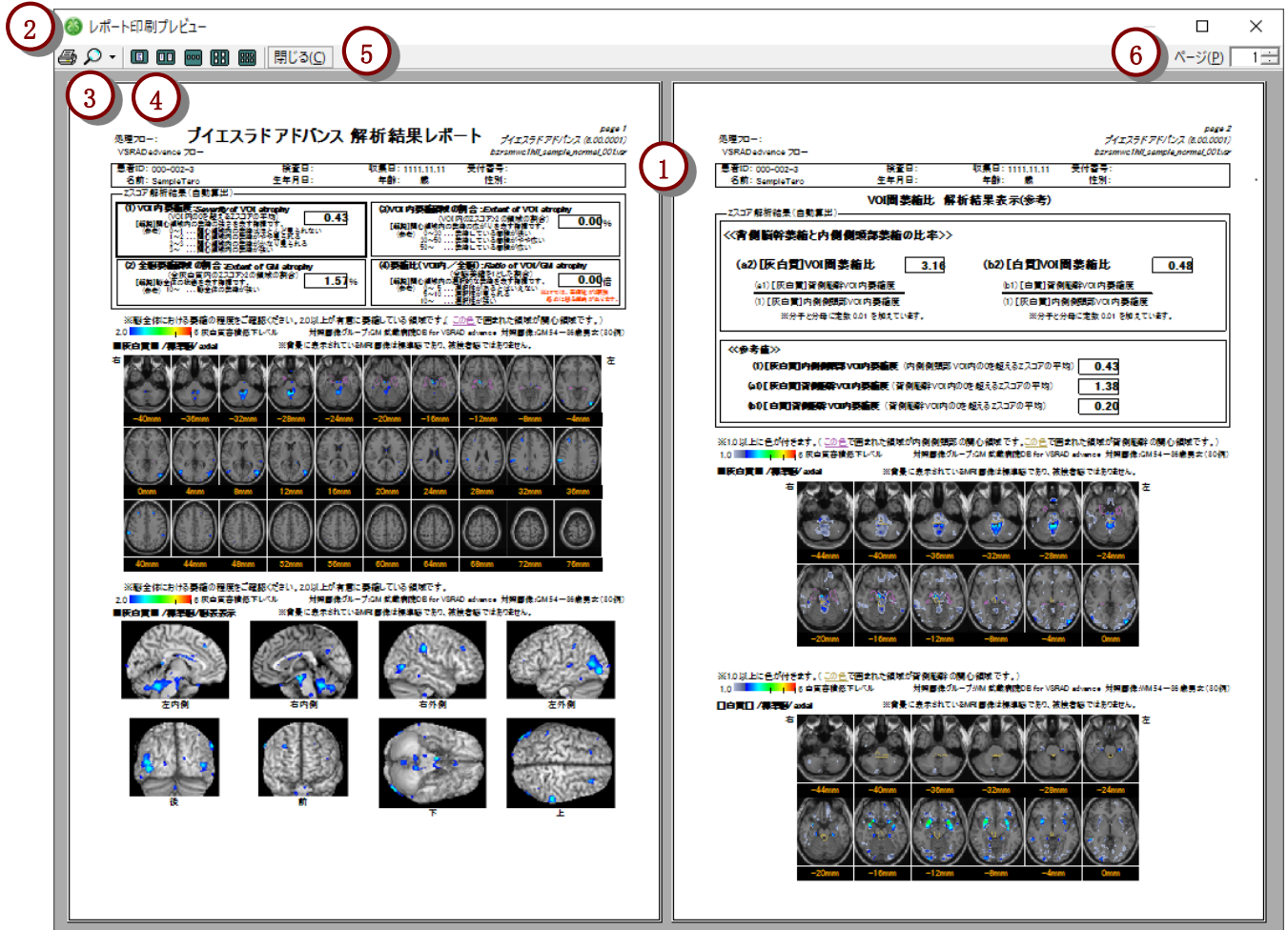
⑦設定を保存したい場合は [適用] ボタンを押してください。

■ 印刷設定

[プリンタの設定] ウィンドウが表示されます。印刷プレビューの前に印刷設定を行いたいときは、ここで印刷の設定を行ってください。

■ レポート印刷プレビュー

[レポート印刷プレビュー] を選択すると、図のような [レポート印刷プレビュー] ウィンドウが表示されます。図は、④で1画面に2ページ分表示する設定で表示した場合の例です。



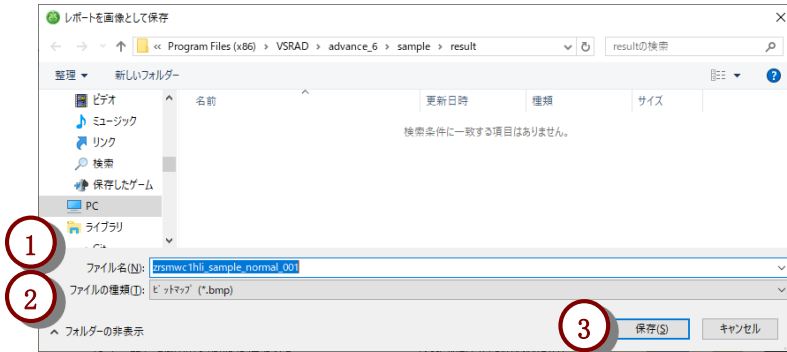
- ①印刷のプレビューが表示されます。
- ②[プリンタ] ボタンを押すと、[印刷] ダイアログに遷移します。
- ③[ルーペ] ボタンを押すと拡大表示します。
- ④ウィンドウに一度に何ページ表示するのかが選択することができます。
- ⑤[閉じる] ボタンで [レポート印刷プレビュー] ウィンドウが閉じます。
- ⑥①で表示するページを指定できます。

■ レポート印刷

[レポート印刷] を選択すると、[印刷] ダイアログが表示されますので、お手持ちのプリンタの設定に合わせて印刷を行ってください。

■ レポートを画像として保存

[レポートを画像として保存] を選択すると、画像ファイルを保存するためのダイアログが表示されます。



①ファイル名を入力してください。

②ファイルの種類として、「ビットマップ」「JPEG」「TIFF」「JPEG 文字きれい」のいずれかを選択してください。

※「JPEG 文字きれい」は他のファイル種類と比較して文字が滑らかで読みやすい特長があります。

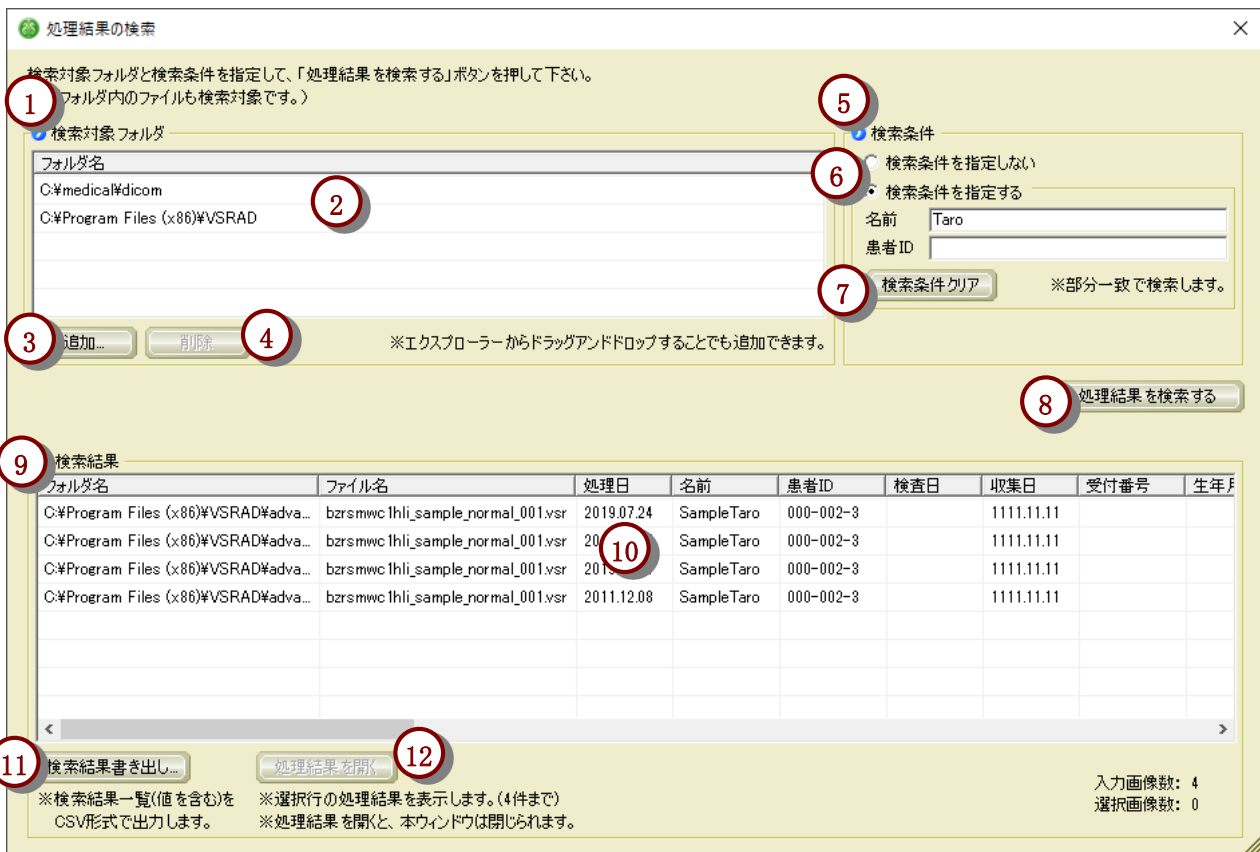
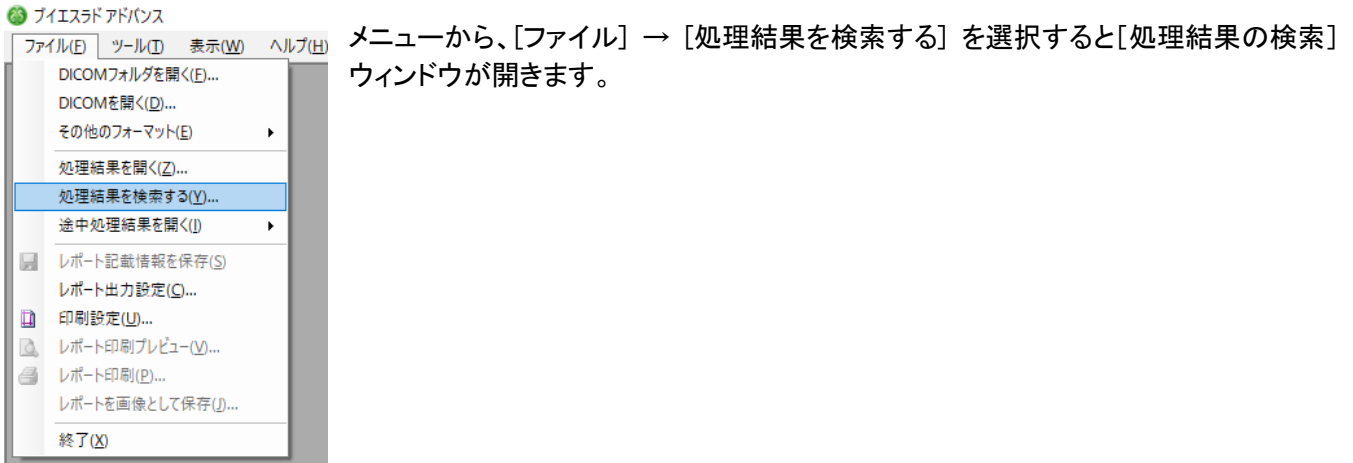
③[保存] ボタンを押すと保存されます。

※ 保存されるファイル名は保存する枚数に合わせて、「(0)」、「(1)」、「(2)」などが付加されます。例として、保存画像がビットマップで2枚の場合に「000」と指定した場合、実際に保存されるファイル名は「000(0).bmp」、「000(1).bmp」となります。

3.10. 処理結果の検索

複数のフォルダにある多数の処理結果から検索して開く機能です。

本プログラムだけでなく、「VSRAD advance」、「VSRAD advance 2」で処理した処理結果が検索対象となります。



① 検索対象フォルダグループボックス

処理結果を検索する対象となるフォルダを指定するエリアです。

② 検索対象フォルダリスト

処理結果を検索する対象となるフォルダ群です。

フォルダを追加するには③[追加...]ボタンを使うか、エクスプローラーから直接ドラッグアンドドロップします。フォルダ名以下のサブフォルダも検索対象となります。

※ ハードディスクドライブの直下のフォルダなど非常に多くのファイルがあるフォルダが選択されていると検索に時間がかかります。

③[追加...]ボタン

押すとフォルダ選択ダイアログが開きます。選択したフォルダが検索対象フォルダリストに追加されます。

④[削除]ボタン

②検索対象フォルダリストにおいて検索対象から外したいフォルダがある場合に、リスト上でそのフォルダを選択して[削除]ボタンを押すと削除されます。

⑤検索条件グループボックス

処理結果の絞り込みのための検索条件を指定するエリアです。

例えば、特定の患者の検索結果のみを表示したい場合などに指定すると便利です。

⑥検索条件

「検索条件を指定しない」がチェックされている場合は、検索対象フォルダにある処理結果ファイルすべてが対象となります。

「検索条件を指定する」がチェックされている場合は、「名前」と「患者 ID」で指定した処理結果ファイルのみが検索されます。指定された文字列との部分一致(英文字は大文字小文字を区別します)で、AND(両方にマッチするもの)検索が行われます。

⑦[検索条件クリア]ボタン

「名前」「患者 ID」のテキストボックスに入力されている検索文字列をクリアします。

⑧[処理結果を検索する]ボタン

①検索対象フォルダグループボックス および ⑤検索条件グループボックス の指定にしたがって検索処理を実行します。

⑨検索結果グループボックス

検索結果の表示、および検索結果に対するアクションを行うエリアです。

⑩検索結果リスト

検索結果の一覧が表示されます。

リストにおいて各項目名をクリックすると、その列でソートされ、クリックするたびに昇順・降順が切り替わります。

各項目の値は、次に示す表にしたがって、処理されたときに出力された各処理結果ファイルを参照元として読み込まれます。

※ 処理時に出力されたファイルを削除した場合など、何らかの理由で参照元のファイルが存在しない場合は、値が空欄となります。

No.	項目名	参照元 〈ファイル名の例〉
1	フォルダ名	VSR ファイルのファイル名とフォルダ 〈bzrsmwc1hli_〇〇〇.vsr〉
2	ファイル名	
3	処理日	レポート記載情報 〈bzrsmwc1hli_〇〇〇_report.xml〉
4	名前	
5	患者 ID	
6	検査日	
7	収集日	
8	受付番号	
9	生年月日	
10	年齢	
11	性別	
12	灰白質(1)-全	
13	灰白質(1)-右	
14	灰白質(1)-左	
15	灰白質(1)-差	
16	灰白質(2)-全	
17	灰白質(3)-全	
18	灰白質(3)-右	
19	灰白質(3)-左	
20	灰白質(3)-差	
21	灰白質(4)-全	
22	灰白質(5)-全	
23	灰白質(5)-右	
24	灰白質(5)-左	
25	灰白質(5)-差	
26	白質-全	VOI 間萎縮比解析結果の Z スコア解析結果ファイル (※1) 〈vzrsmwc1hli_〇〇〇.csv〉
27	(a1)[灰白質]背側脳幹 VOI 内萎縮度	
28	(a2)[灰白質]VOI 間萎縮比	
29	(b1)[白質]背側脳幹 VOI 内萎縮度	
30	(b2)[白質]VOI 間萎縮比	Z スコア解析結果ファイル(絶対評価を含む) (※2) 〈zazrsmwc1hli_〇〇〇.dat〉
31	灰白質(2)・絶対評価-全	
32	白質・絶対評価-全	

※1 No.27～30 の項目は「バイエスラド アドバンス」で処理された場合に出力される「VOI 間萎縮比解析結果の Z スコア解析結果ファイル」を参照しています。「バイエスラド アドバンス」の過去のバージョンである VSRAD advance (Ver.4.31) で処理された処理結果は「バイエスラド アドバンス」と同一ですが、本ファイルは出力されていないためこれらの項目は空欄となります。本値が必要な場合は、VSRAD advance (Ver.4.31) の処理結果を「バイエスラド アドバンス」で開き、[VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウの [書き出し] ボタンにより「VOI 間萎縮比解析結果の Z スコア解析結果ファイル」を出力することができます。その後で処理結果の検索を実行すると、この項目に値が入ります。☞【[VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウ】86 ページ

※2 No.31～32 の項目は絶対評価表示が有効になっている場合にのみ表示されます。☞【5.2. 絶対評価表示の有効化】110 ページ

⑪[検索結果の書き出し]ボタン

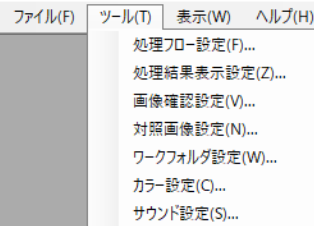
検索結果リストに表示されている全内容を CSV ファイルに書き出します。
選択されている行にかかわらず、全行の内容を出力します。

⑫[処理結果を開く]ボタン

検索結果リストで選択されている行の処理結果を開きます。一度に開けるのは最大4例までです。
処理結果が開かれると、[処理結果の検索]ウィンドウは閉じられます。

4章 設定

バイエスラドアドバンス



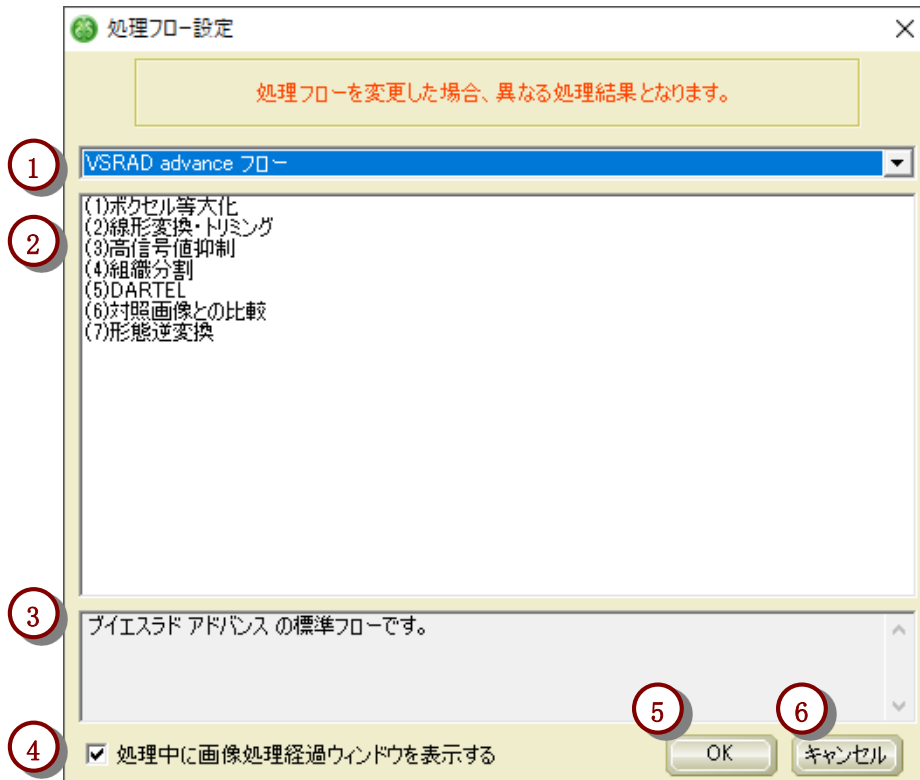
設定は、メニューの [ツール] からそれぞれの処理を選択して行います。

4.1. 処理フロー設定

本プログラムは、処理フローの変更を行うことができます。処理フローを変更した場合、異なる処理結果となります。

処理フローの変更を行う [処理フロー設定] ウィンドウは次の 2 種類の方法で表示することができます。

- ・ツールメニューから [処理フロー設定] を選択する。
- ・[画像統計処理] ウィンドウの [変更] ボタンを押す。



- ①コンボボックスで実行したい処理フローを決定します。
- ②①で選択した処理フローで実行される処理が順番に表示されます。
- ③①で選択した処理フローの説明が表示されます。
- ④チェックボックスをオンにすると、処理中に画像処理経過ウィンドウが表示されます。
- ⑤[OK] ボタンを押すと、設定が適用され、ウィンドウが閉じます。
- ⑥[キャンセル] ボタンを押すと、設定を適用しないで終了します。

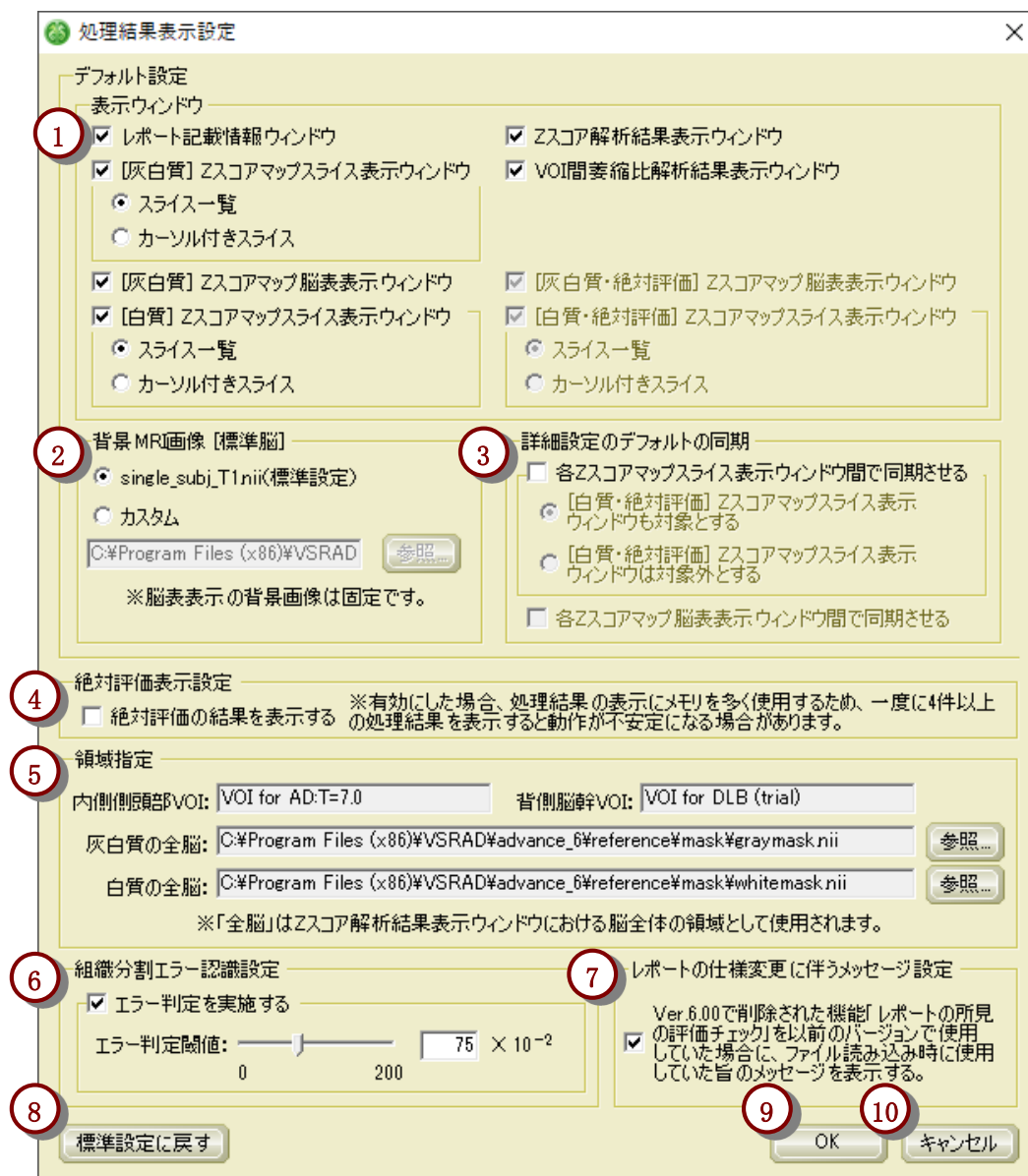
■ 処理フローについて

本プログラムには 2 種類の処理フローが実装されています。各フローの詳細は下記の通りです。

フロー名	詳細
VSRAD advance フロー	高信号値抑制を実施するフローです。高信号値抑制が必要かどうかを本プログラムが判断し必要であれば実施します。
VSRAD advance フロー(高信号値抑制なし)	高信号値抑制を実施しないフローです。

4.2. 処理結果表示設定

メニューから、[ツール] → [処理結果表示設定] を選択すると、[処理結果表示設定] ウィンドウが表示されます。処理結果表示設定では、処理結果の表示や組織分割エラー認識に関する各種設定・確認が行えます。



①表示ウィンドウ

[ファイル] → [処理結果を開く] により任意の処理結果を開くとき、および対照画像との比較処理により結果の処理結果が表示されるときに、最初に表示するウィンドウを選択します。

処理結果表示の各ウィンドウに関してチェックボックスがオンになっているウィンドウのみが最初に表示されます。

※ 最低1つのウィンドウを表示する設定とする必要があります。

※ 絶対評価のウィンドウについては、「絶対評価の結果を表示する」がオンの場合のみ切り替えることができます。

各 Z スコアマップスライス表示ウィンドウに関しては、[スライス一覧] タブ、[カーソル付きスライス] タブから最初に表示するタブを選択します。

②背景 MRI 画像

標準脳の場合に背景画像として表示する MRI 画像を、ラジオボタンにより“single_subj_T1.nii”（標準設定）とカスタムで選択することができます。カスタムの場合は、[参照] ボタンを押すことで、ファイルダイアログにより「背景 MRI 画像」を指定してください。

※ 下記のファイルをカスタムで指定することで、背景を白くすることができます。（インストールフォルダが初期設定の場合です。）

・32bit OS の場合

C:\Program Files\VSRAD\advance_6\reference\templates\single_subj_T1_WB.nii

・64bit OS の場合

C:\Program Files (x86)\VSRAD\advance_6\reference\templates\single_subj_T1_WB.nii

③詳細設定のデフォルトの同期

詳細設定のデフォルトの同期では、次の2つについて同期設定を行います。

・各 Z スコアマップスライス表示ウィンドウ間で同期させる

[灰白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウと[白質]Zスコアマップスライス表示ウィンドウの詳細設定について、[設定を保存] ボタンが押された際に、設定が連動します。このチェックボックスがオフの場合はそれぞれの設定は連動しません。「絶対評価の結果を表示する」がオンの場合は、ラジオボタンで[白質・絶対評価]Z スコアマップスライス表示ウィンドウも連動の対象とするかどうかを選択します。

・各 Z スコアマップ脳表表示ウィンドウ間で同期させる

「絶対評価の結果を表示する」がオンの場合のみ有効になります。[灰白質]Zスコアマップ脳表表示ウィンドウと[灰白質・絶対評価]Zスコアマップ脳表表示ウィンドウの詳細設定について、[設定を保存] ボタンが押された際に、設定が連動します。このチェックボックスがオフの場合はそれぞれの設定は連動しません。

④絶対評価表示設定

「絶対評価の結果を表示する」チェックボックスがオンの場合は、処理結果表示での絶対評価のウィンドウの表示およびレポート出力が可能になります。詳細は、【5章 絶対評価表示】109 ページに記載しています。

⑤領域指定

領域指定では、次の4つの確認を行います。

・内側側頭部 VOI

下記で使用される関心領域 (VOI) の確認を行います。

- [Z スコア解析結果表示] ウィンドウの灰白質解析結果の演算

- [[灰白質]Z スコアマップスライス表示] ウィンドウのオーバーレイ表示

- [VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウの内側側頭部 VOI 内萎縮度の演算とオーバーレイ表示

内側側頭部の関心領域である「VOI for AD:T=7.0」が指定されています。

・背側脳幹 VOI

下記で使用される関心領域 (VOI) の確認を行います。

- [VOI 間萎縮比解析結果表示] ウィンドウの背側脳幹 VOI 内萎縮度の演算とオーバーレイ表示

脳幹背側部の関心領域である「VOI for DLB (trial)」が指定されています。

・灰白質の全脳

[Z スコア解析結果表示] ウィンドウの解析結果の演算で使用される灰白質の全脳画像の確認を行います。

・白質の全脳

[Z スコア解析結果表示] ウィンドウの解析結果の演算で使用される白質の全脳画像の確認を行います。

⑥組織分割エラー認識設定

組織分割エラー認識機能について、エラー判定の実施の有無とエラー判定閾値を指定することができます。

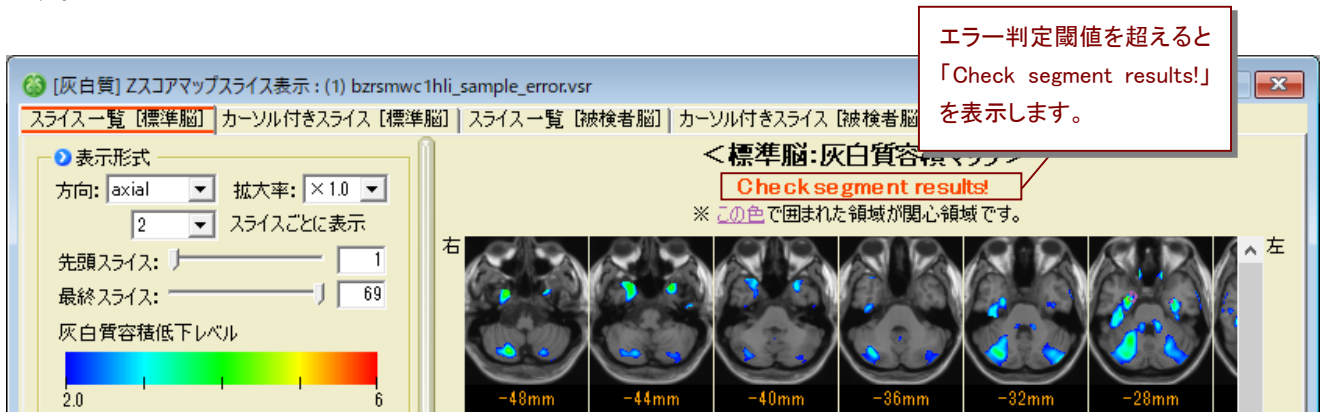
・エラー判定を実施する チェックボックス

チェックをオンにすると、組織分割結果の灰白質画像と標準灰白質画像の相違が大きいときに、処理結果表示および途中処理結果表示(組織分割)で「Check segment results!」というメッセージが表示されます。

※ 評価対象は灰白質のみです。白質は評価対応としません。

・エラー判定閾値

トラックバーでエラー判定閾値を変更することができます。値が大きいほど、メッセージが表示されにくくなります。



⑦レポートの仕様変更に伴うメッセージ設定

従来版の処理結果ファイルを開いた際に、所見の評価チェックが1つでもオンになっている場合、所見評価チェックボックスのアラートウィンドウを表示するかどうかを選択します。

アラートウィンドウについては、【従来版で所見の評価をオンにした処理結果を開いた場合】38 ページをご覧ください。

⑧[標準設定に戻す] ボタン

このボタンを押すと、設定が初期設定の状態に戻ります。

⑨[OK] ボタン

このボタンを押すと、設定を反映してウィンドウが閉じます。

⑩[キャンセル] ボタン

このボタンを押すと、設定を反映しないでウィンドウが閉じます。

4.3. 画像確認設定

メニューから、[ツール] → [画像確認設定] を選択すると、[画像確認設定] ウィンドウが表示されます。画像確認設定では、[画像確認] ウィンドウにおける入力画像の必須入力項目やファイル変換のデフォルト設定などを行います。



① 必須入力項目

入力しなければ処理を実行できない項目を設定します。チェックボックスがオンになっている項目を必ず入力しなければ、処理に進めなくなります。なお、「一時出力ファイル名」と「画像データ配列」に関しては、常に必須入力項目となっています。

※ 初期設定は、上記以外に「断面方向の確認」が必須入力項目となっています。

② ファイル変換設定

DICOM グループおよび NIFTI/ANALYZE グループは、DICOM、NIFTI および ANALYZE を読み込んだときにファイルから自動判定できない場合に、右半球側・左半球側を指定する設定を行います。

※ 初期設定は、右半球側・左半球側の自動指定機能は、DICOM と NIFTI および ANALYZE いずれも無効になっています。

「最終スライスのみを除外」チェックボックスをオンにすることで、常に最終スライスのみを除外することができます。

※ 初期設定は、「最終スライスのみを除外」チェックボックスはオフになっています。

※ 一部の MRI 機種で、横断(axial)画像シーケンスの最終スライスに矢状断(sagittal)画像が付いていることがあるための機能です。

③スライス数による入力制限

本プログラムでは、スライス数が 30 枚未満の画像を処理することができません。「スライス数が 30 枚未満の画像は開かない」チェックボックスをオンにすると、スライス数 30 枚未満の画像が画像入力時に読み込まれないようになります。

※ 初期設定は、「スライス数が 30 枚未満の画像は開かない」チェックボックスはオンになっています。

④[標準設定に戻す] ボタン

画像確認設定を初期設定に戻すときには、このボタンを押します。

⑤[OK] ボタン

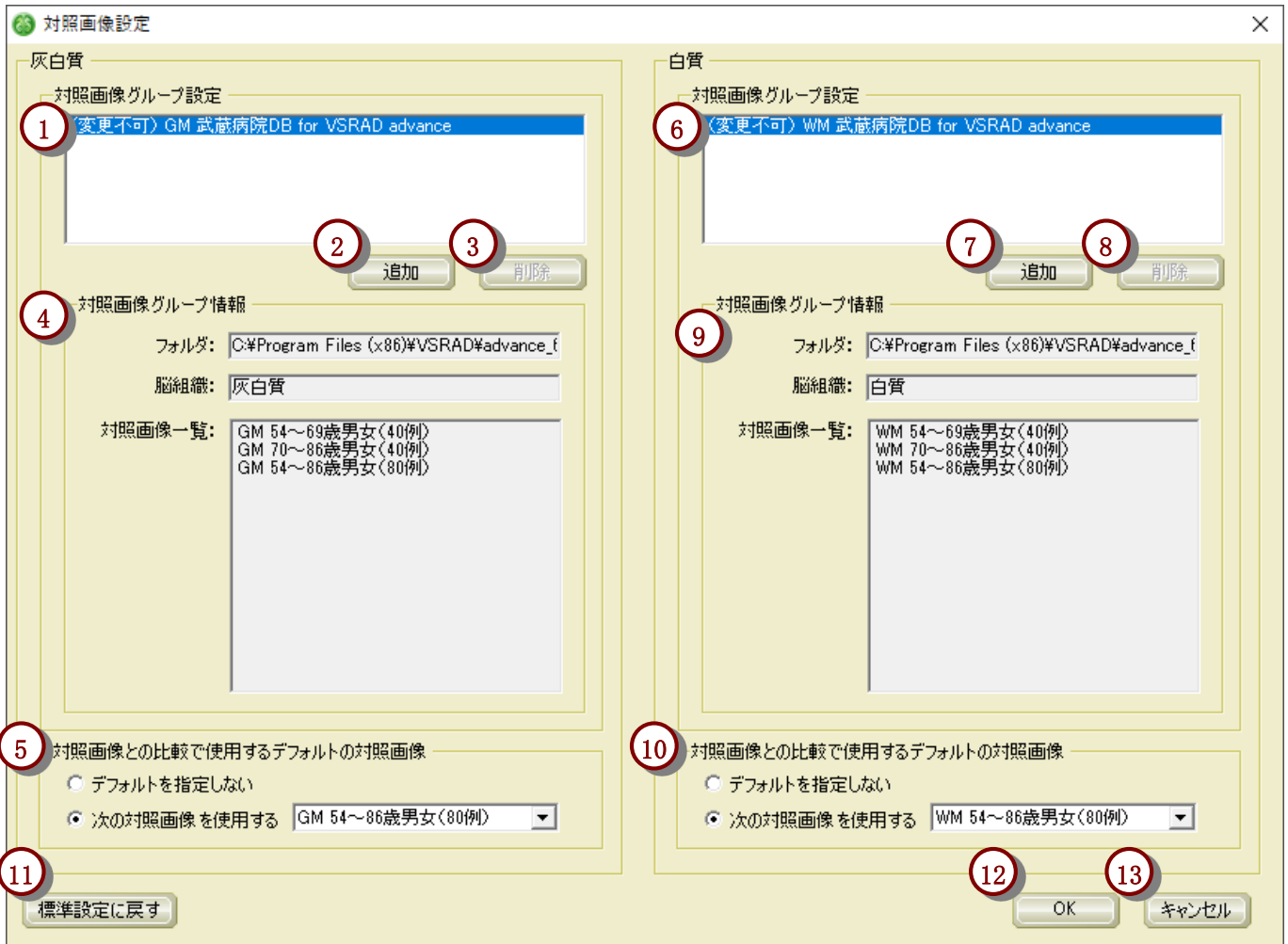
設定を有効にする場合はこのボタンを押します。すでに [画像統計処理] ウィンドウに画像ファイルが開かれている場合は、変更した項目に関して再設定されます。

⑥[キャンセル] ボタン

新しい設定を有効にしない場合は、このボタンを押します。

4.4. 対照画像設定

メニューから、[ツール] → [対照画像設定] を選択すると、[対照画像設定] ウィンドウが表示されます。対照画像設定では、対照画像との比較処理で使用する対照画像グループの設定および、デフォルトの対照画像を指定することができます。



① 灰白質グループ: 対照画像グループ リストボックス

灰白質についての対照画像との比較で使用する対照画像グループを選択します。

② 灰白質グループ:[追加] ボタン

このボタンを押すと、追加したい対照画像グループを選択するウィンドウが表示されます。対照画像グループを選択すると、選択された対照画像グループが①に追加されます。

※ 本プログラムには、追加するための対照画像グループを作成する機能はありません。

③ 灰白質グループ:[削除] ボタン

このボタンを押すと、①で選択された対照画像グループが削除されます。

※ 本プログラムに実装された対照画像グループを削除することはできません。

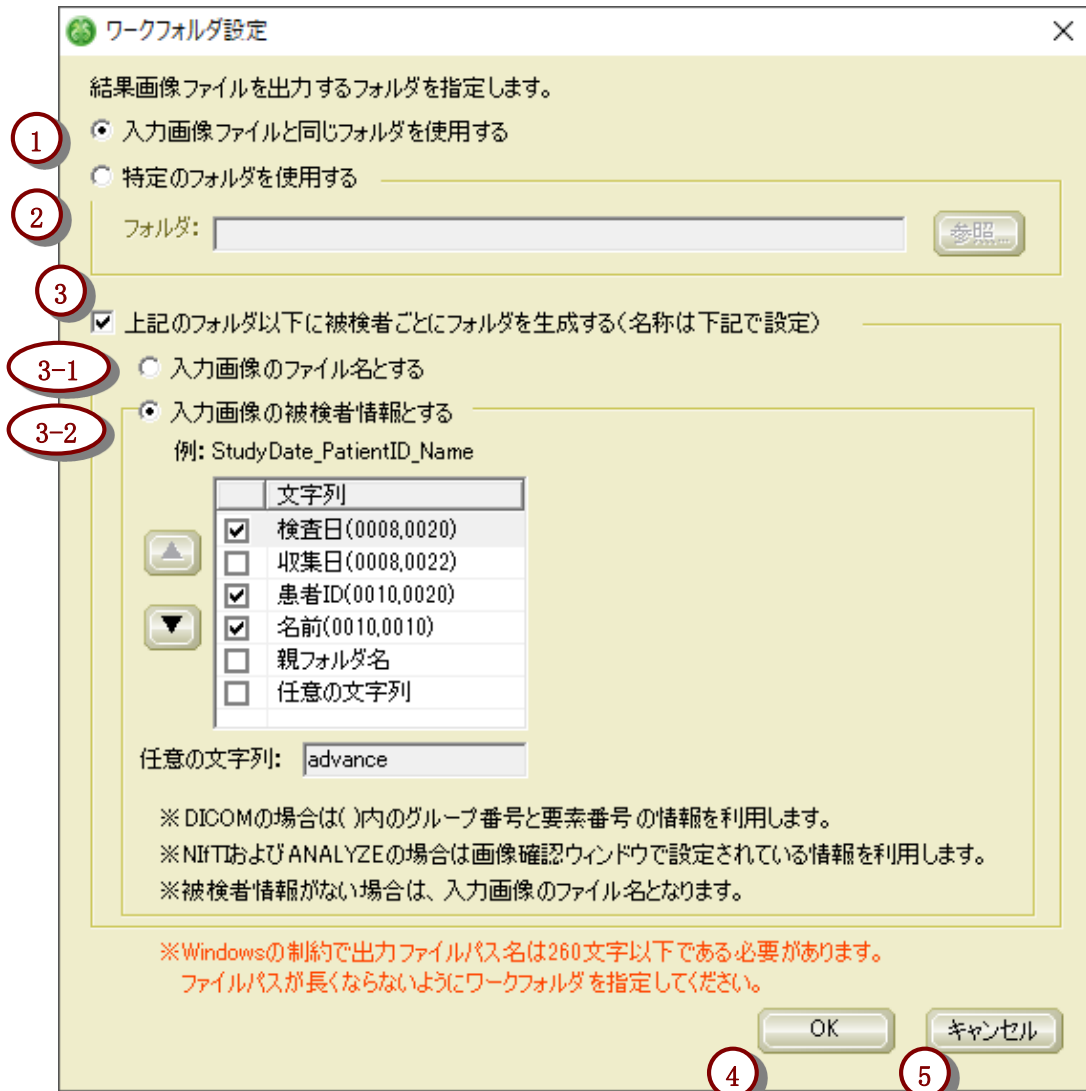
④ 灰白質グループ: 対照画像グループ情報

①で現在表示されている対照画像グループのフォルダ・脳組織・対照画像一覧を確認することができます。

- ⑤灰白質グループ: 対照画像との比較で使用するデフォルトの対照画像
 入力画像のデフォルトとして使用する対照画像を決めます。ラジオボタンで次の2つから選択します。
- ・ デフォルトを指定しない
 デフォルトの対照画像が指定されません。
 - ・ 次の対照画像を使用する
 右のコンボボックスで選択されている対照画像がデフォルトとして使用されます。
- ※ 初期設定は、「次の対照画像を使用する」設定となっており、「GM 54~86 歳男女(80 例)」が選択されています。
- ⑥白質グループ: 対照画像グループ リストボックス
 白質についての対照画像との比較で使用する対照画像グループを選択します。
- ⑦白質グループ:[追加] ボタン
 このボタンを押すと、追加したい対照画像グループを選択するウィンドウが表示されます。対照画像グループを選択すると、選択された対照画像グループが⑥に追加されます。
- ※ 本プログラムには、追加するための対照画像グループを作成する機能はありません。
- ⑧白質グループ:[削除] ボタン
 このボタンを押すと、⑥で選択された対照画像グループが削除されます。
- ※ 本プログラムに実装された対照画像グループを削除することはできません。
- ⑨白質グループ: 対照画像グループ情報
 ⑥で現在表示されている対照画像グループのフォルダ・脳組織・対照画像一覧を確認することができます。
- ⑩白質グループ: 対照画像との比較で使用するデフォルトの対照画像
 入力画像のデフォルトとして使用する対照画像を決めます。ラジオボタンで次の2つから選択します。
- ・ デフォルトを指定しない
 デフォルトの対照画像が指定されません。
 - ・ 次の対照画像を使用する
 右のコンボボックスで選択されている対照画像がデフォルトとして使用されます。
- ※ 初期設定は、「次の対照画像を使用する」設定となっており、「WM 54~86 歳男女(80 例)」が選択されています。
- ⑪[標準設定に戻す] ボタン
 対照画像設定を初期設定に戻すときには、このボタンを押します。
- ⑫[OK] ボタン
 設定を有効にする場合はこのボタンを押します。すでに [画像統計処理] ウィンドウに画像ファイルが開かれている場合は、変更した項目に関して再設定されます。
- ⑬[キャンセル] ボタン
 新しい設定を有効にしない場合は、このボタンを押します。

4.5. 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] を選択すると、[ワークフォルダ設定] ウィンドウが表示されます。ワークフォルダ設定では、処理を行ったファイルの出力先をフォルダ単位で指定することができます。



①入力画像ファイルと同じフォルダを使用する

「入力画像ファイルと同じフォルダを使用する」を選択すると、入力画像と同じフォルダに解析結果ファイルが出力されます。

②特定のフォルダを使用する

「特定のフォルダを使用する」を選択し、[参照] ボタンを押して表示されるフォルダ指定ダイアログでフォルダを指定すると、指定されたフォルダに解析結果ファイルが出力されます。「特定のフォルダを使用する」の場合は、フォルダ名を必ず指定する必要があります。

※ 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。

③上記フォルダ以下に被検者ごとにフォルダを生成する

「上記フォルダ以下に被検者ごとにフォルダを生成する」をオンにすると、処理ごとに自動的にフォルダが作成され、そのフォルダに解析結果ファイルが出力されます。ここで生成されるフォルダの名称は③-1、③-2で指定します。

※ すでに同名フォルダが存在するときは、フォルダ名の末尾に(1)(2)(3)と追加されていきます。

※「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。

③-1 入力画像のファイル名とする

「入力画像のファイル名とする」を選択すると、入力ファイル名をもとにしたフォルダが作成され、その中に解析結果ファイルが出力されます。

③-2 入力画像の被検者情報とする

「入力画像の被検者情報とする」を選択すると、被検者情報をもとにしたフォルダが作成され、その中に解析結果ファイルが出力されます。

この場合、フォルダ名を自由に設定できます。

具体的には、検査日、収集日、患者 ID、名前、親フォルダ名、任意の文字列から、フォルダ名に使用する項目を選択し、▲ボタン、▼ボタンで項目順序を設定します。任意の文字列は、半角英数で設定できます（初期設定は advance です）。

④[OK] ボタン

このボタンを押すと、設定を反映してウィンドウが閉じます。

⑤[キャンセル] ボタン

このボタンを押すと、設定を反映しないでウィンドウが閉じます。

4.6. カラー設定

メニューから、[ツール] → [カラー設定] を選択すると、[カラー設定] ウィンドウが表示されます。
 カラー設定では、途中処理結果や Z スコアの表示における色を種類別に設定します。



①単色カラー

「クロスバー」、「グリッド」、「内側側頭部 VOI、輪郭」、「背側脳幹 VOI」に関して好みの色をコンボボックスで選択できます。

②グラデーションカラー

「MRI」、「Z スコア」に関して好みの色をコンボボックスで選択できます。

③[標準設定に戻す] ボタン

このボタンを押すと、初期設定の状態に戻すことができます。

④[OK] ボタン

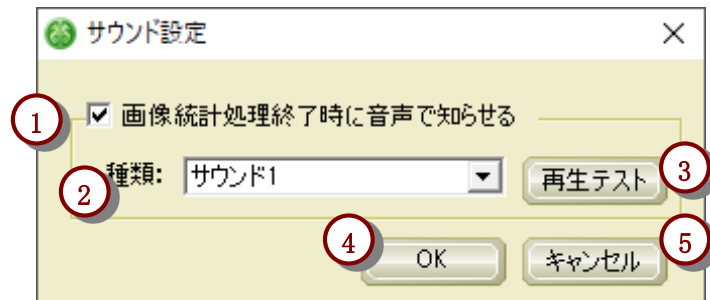
このボタンを押すと、設定を反映してウィンドウが閉じます。

⑤[キャンセル] ボタン

このボタンを押すと、設定を反映しないでウィンドウが閉じます。

4.7. サウンド設定

メニューから、[ツール] → [サウンド設定] を選択すると、[サウンド設定] ウィンドウが表示されます。
サウンド設定では、すべての処理が終了したことを知らせる音声を設定できます。



- ①画像統計処理終了後に音声で知らせる
このボタンをオンにすると、音声で知らせる設定にすることができます。
- ②種類
音声の種類をコンボボックスで指定できます。
- ③[再生テスト] ボタン
このボタンを押すことで、②で選択中の音声に関して音声のテストをすることができます。
- ④[OK] ボタン
このボタンを押すと、設定を反映してウィンドウが閉じます。
- ⑤[キャンセル] ボタン
このボタンを押すと、設定を反映しないでウィンドウが閉じます。

5章 絶対評価表示

この章では、本プログラムにおける絶対評価表示について説明します。

5.1. 絶対評価表示とは

初期設定の本プログラムの処理結果表示では、対照画像との比較処理において濃度値補正処理を実施したZスコアマップのみを表示します。濃度値補正処理を実施することで画像内での相対評価をすることになり、特異的な萎縮を明確に確認することができます。一方、びまん性の萎縮では萎縮の局所性が失われるため、濃度値補正処理の影響で、萎縮が確認できないことがあります。

※濃度値補正処理は【6.6. 対照画像との比較】120ページをご覧ください。

本プログラムでは、濃度値補正処理を実施する相対評価のZスコアマップに加えて、濃度値補正を実施しない絶対評価のZスコアマップの結果を表示することが可能です。

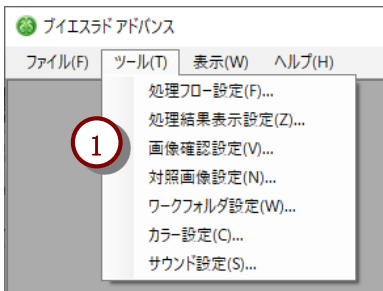
以下、2種類のZスコアマップの特徴を示します。

- ・通常のZスコアマップ(相対評価のZスコアマップ)
 - * 特異的な萎縮の評価で有効である
 - * 機種の違いによる影響を受けにくい

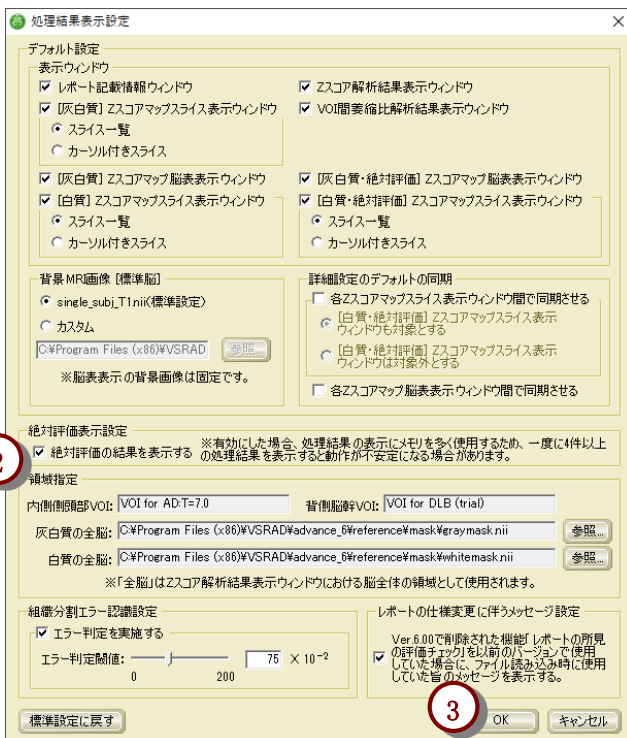
- ・絶対評価のZスコアマップ
 - * びまん性の萎縮の評価で有効である
 - * 同一被検者の脳全体の萎縮の経過観察で有効である
 - * 機種の違いによる影響を受けやすい

5.2. 絶対評価表示の有効化

初期設定では、絶対評価表示は実施されません。絶対評価表示を実施するには絶対評価表示を有効にする必要があります。



①メニューから、「ツール」→「処理結果表示設定」を選択し、「処理結果表示設定」ウィンドウが表示されます。



②「絶対評価の結果を表示する」にチェックします。

※処理結果を表示しているときは、絶対評価表示の表示の切り替えを行うことはできません。

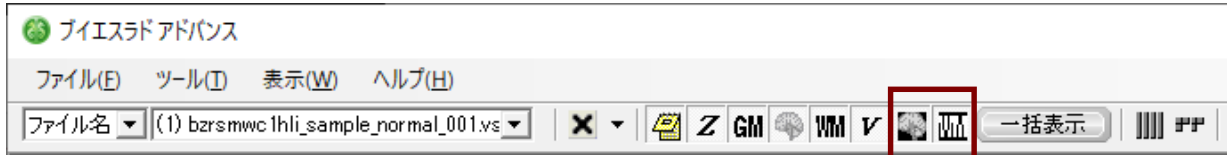
③[OK] ボタンを押します。

5.3. 処理結果表示

絶対評価を有効にすると、処理結果ツールバーにアイコンが追加され、次のウィンドウを表示できるようになります。

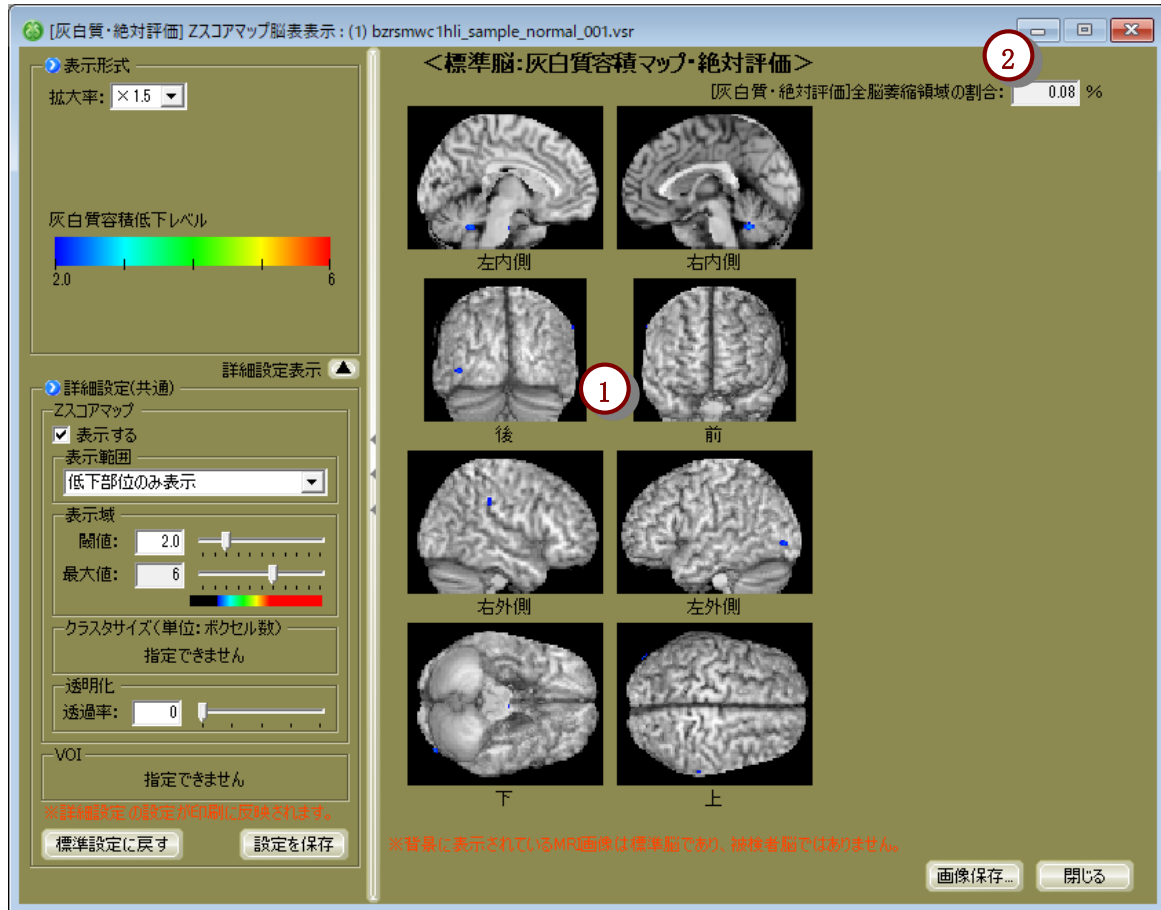
- [灰白質・絶対評価]Z スコアマップ脳表表示ウィンドウ
 - [白質・絶対評価]Z スコアマップスライス表示ウィンドウ
- ※ 絶対評価の画面は従来の表示と区別するため背景色が濃い色となります。

■ 処理結果ツールバー



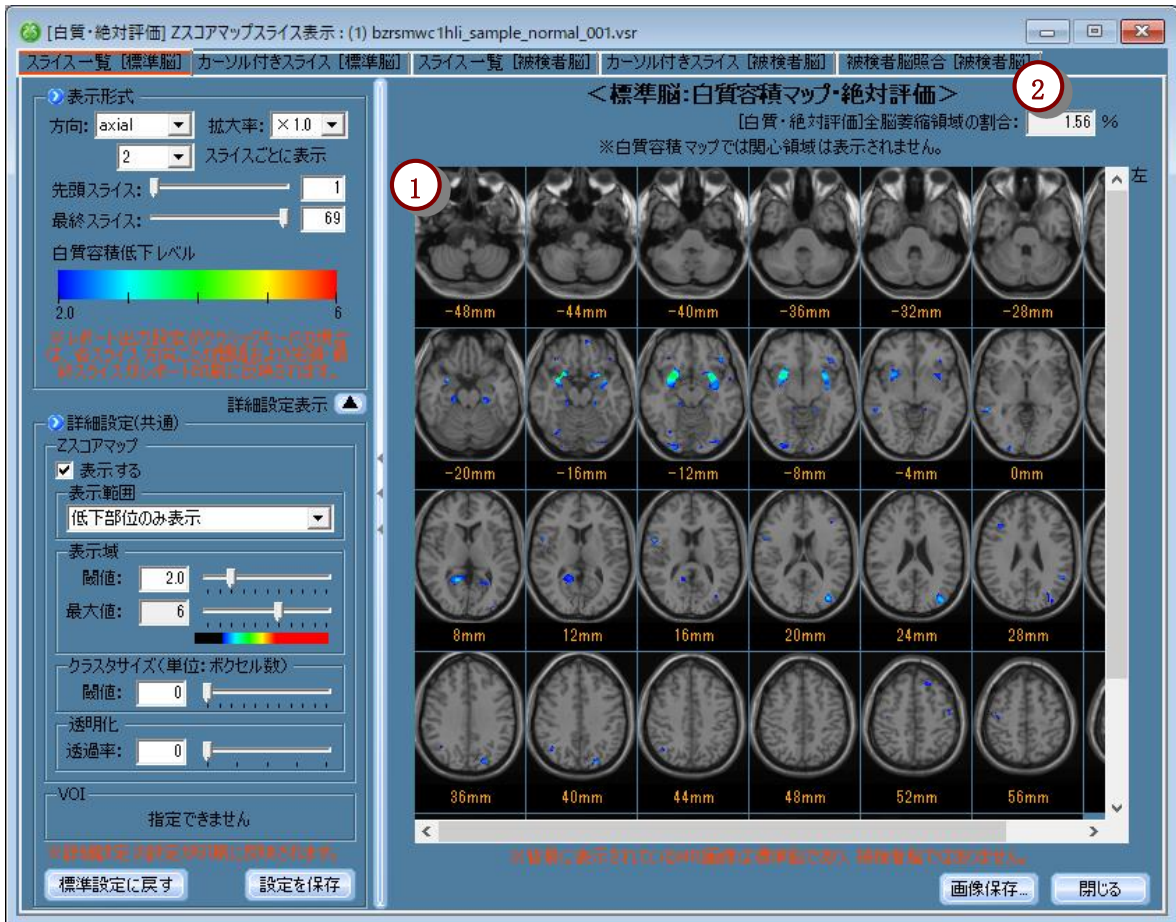
処理結果表示ボタンに、[灰白質・絶対評価]Z スコアマップ脳表表示ウィンドウと [白質・絶対評価]Z スコアマップスライス表示ウィンドウのボタンが追加されます。

■ [灰白質・絶対評価]Zスコアマップ脳表表示 ウィンドウ



- ①灰白質の脳表表示について、絶対評価の結果を表示します。
- ②灰白質についての絶対評価の「全脳萎縮領域の割合」が表示されます。

■ [白質・絶対評価]Zスコアマップスライス表示 ウィンドウ



- ①白質のスライス表示について、絶対評価の結果を表示します。
- ②白質についての絶対評価の「全脳萎縮領域の割合」が表示されます。

5.4. レポート出力

絶対評価の Z スコアマップについてもレポート出力が可能です。
レポート出力設定の 2 つのモードそれぞれについて紹介します。

■ レポート出力設定 (advance モード)

advance モードにおけるプリセットの設定では絶対評価の項目は出力されません。新規のレポート出力設定を作成し、絶対評価の出力項目についてチェックを入れることで、絶対評価のレポート出力が可能となります。

レポート出力設定 (advanceモード)

モノクロで印刷する

設定: 絶対評価を出力する設定

インポート... 新規... 削除

出力項目	ページ
<input checked="" type="checkbox"/> Zスコア解析結果表示(一般情報)	1
<input checked="" type="checkbox"/> Zスコア解析結果表示(詳細情報)	1
<input checked="" type="checkbox"/> 所見	1
<input checked="" type="checkbox"/> [灰白質]標準脳スライス表示(axial)	2
<input checked="" type="checkbox"/> [灰白質]標準脳スライス表示(sagittal)	2
<input type="checkbox"/> [灰白質]標準脳スライス表示(coronal)	
<input type="checkbox"/> [灰白質]脳表表示(標準脳)	
<input type="checkbox"/> 組織分割結果表示	
<input type="checkbox"/> [灰白質]被検者脳スライス表示(axial)	
<input type="checkbox"/> [灰白質]被検者脳スライス表示(sagittal)	
<input type="checkbox"/> [灰白質]被検者脳スライス表示(coronal)	
<input type="checkbox"/> [白質]標準脳スライス表示(axial)	
<input type="checkbox"/> [白質]標準脳スライス表示(sagittal)	
<input type="checkbox"/> [白質]標準脳スライス表示(coronal)	
<input type="checkbox"/> [白質]被検者脳スライス表示(axial)	
<input type="checkbox"/> [白質]被検者脳スライス表示(sagittal)	
<input type="checkbox"/> [白質]被検者脳スライス表示(coronal)	
<input type="checkbox"/> VOI間萎縮比解析結果表示	
<input type="checkbox"/> [灰白質・絶対評価]脳表表示(標準脳)	
<input checked="" type="checkbox"/> [白質・絶対評価]標準脳スライス表示(axial)	3
<input checked="" type="checkbox"/> [白質・絶対評価]標準脳スライス表示(sagittal)	3
<input checked="" type="checkbox"/> [白質・絶対評価]標準脳スライス表示(coronal)	4
<input checked="" type="checkbox"/> [白質・絶対評価]被検者脳スライス表示(axial)	5
<input checked="" type="checkbox"/> [白質・絶対評価]被検者脳スライス表示(sagittal)	6
<input checked="" type="checkbox"/> [白質・絶対評価]被検者脳スライス表示(coronal)	7

※プリセットの設定は項目の変更ができません

プレビュー...

クラシックモードに切り替える OK キャンセル 適用

新規にレポート出力設定を作成します。

絶対評価に関する出力項目にチェックを入れます。

[白質・絶対評価]標準脳スライス表示 (sagittal)

2 スライスごとに出力

先頭スライス: 1

最終スライス: 79

必ずページの先頭から始める

■ レポート出力設定(クラシックモード)

クラシックモードでは、絶対評価の出力項目についてチェックを入れることで、絶対評価のレポート出力が可能となります。

レポート出力設定 (クラシックモード) ×

印刷したい項目のチェックボックスをオンにしてください。
変更した場合はレイアウトを印刷プレビューで確認してください。

1. Zスコア解析結果表示

2. 所見

3. [灰白質] 標準脳スライス表示

印刷対象

axial

sagittal

coronal

7. [白質] 標準脳スライス表示

印刷対象

axial

sagittal

coronal

4. [灰白質] 脳表表示(標準脳)

5. 組織分割結果表示

6. [灰白質] 被検者脳スライス表示

印刷対象 1行に表示するスライス数

axial

sagittal

coronal

8. [白質] 被検者脳スライス表示

印刷対象 1行に表示するスライス数

axial

sagittal

coronal

9. VO間萎縮比解析結果表示

10. [灰白質・絶対評価] 脳表表示(標準脳)

11. [白質・絶対評価] 標準脳スライス表示

印刷対象

axial

sagittal

coronal

12. [白質・絶対評価] 被検者脳スライス表示

印刷対象 1行に表示するスライス数

axial

sagittal

coronal

6章 画像統計処理

この章では、本プログラムにおける画像統計処理について説明します。

6.1. ボクセル等大化

ボクセル等大化処理とは、以降の処理フローにおいて入力画像の精度を均一化するため、入力画像のボクセルサイズの大きさを等しくする機能です。入力画像のボクセルサイズの大きさを等しくする手法には、線形補間法を適用し、等大化するボクセルのサイズは、各辺 1.2mmとなっています。本プログラムでの設定パラメータを次の表に示します。

設定	設定パラメータ
ボクセルサイズ	1.2
補完方法	線形補間法

6.2. 線形変換・トリミング

線形変換・トリミング処理は、SPM8 の DARTEL 処理機能において、線形変換のみを実行することで、位置合わせとトリミングの効果を得ることを目的とした機能です。本プログラムでの設定パラメータを次の表に示します。

SPM8 での設定	設定パラメータ
Template Image	T1.nii
Template Weighting Image	0 files
Source Image Smoothing	8
Template Image Smoothing	0
Affine Regularisation	ICBM space template
Nonlinear Frequency Cutoff	Inf
Nonlinear Iterations	0
Nonlinear Regularisation	NaN
Preserve	Preserve Concentrations
Bounding Box	-90:90 -126:90 -72:108
Voxel sizes	(入力画像と同じ)
Interpolation	Trilinear
Wrapping	No wrap

6.3. 高信号値抑制

高信号値抑制処理とは、SPM8 の組織分割特有の高信号によるエラーを防止する機能です。

SPM8 の組織分割処理は、脳表部分などに極端に強い信号値があると正常に分割が行われれないケースがあります。そこで、脳表部分に強い信号値があるかどうかを判定し、一定基準を超える場合に極端に高い信号値を抑える処理を行なっています。

■ 判定処理

前処理として高信号がみられるかどうかの判定処理を実施します。次のいずれかに当てはまる場合は補正処理を実施します。

- ・ 脳実質領域より頭蓋領域の信号値が一定以上の割合で高い
- ・ 画像全体で一定割合を占める高信号が高い

■ 補正処理

元画像の信号値ヒストグラムにおける上位 3%について、高信号抑制関数に基づいて補正を実施します。高信号抑制関数は次の式で表されます。

$$y = M + a(x - M)$$

ただし、

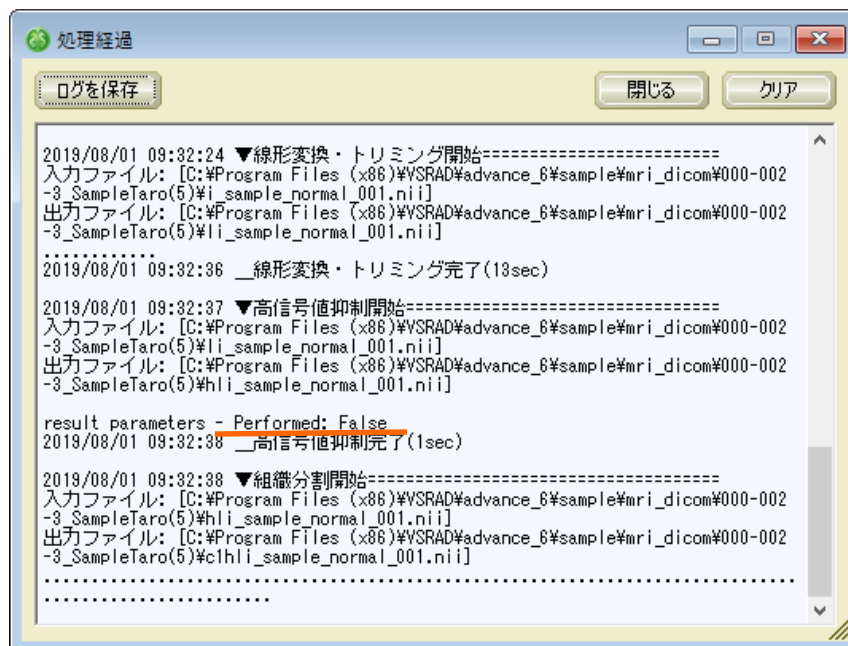
y : 補正後の信号値

M : 上位 3%内信号値の最小値

a : 定数 (0.2)

x : 補正前の信号値

処理経過ウィンドウの高信号値抑制のログから、高信号値抑制が実施されたかどうかを確認することができます。高信号値抑制が実施された場合は、「Performed」が「True」となり、高信号値抑制が実施されなかった場合は、「Performed」が「False」となります。



6.4. 組織分割

組織分割処理とは、画像から組織分離を行い、灰白質画像および白質画像を生成する機能です。本プログラムでは、SPM8のセグメンテーションと等価なアルゴリズムを採用しています。SPM8におけるセグメンテーションでは、灰白質、白質、脳脊髄液の3組織への分離を行いますが、本プログラムでは、このうち灰白質と白質を次の処理の入力として使用します。本プログラムでの設定パラメータを次の表に示します。

SPM8 での設定	設定パラメータ
Grey Matter	Native Space
White Matter	Native Space
CSF	Native Space
Bias Corrected	Don't Save Corrected
Clean up any partitions	Thorough Clean
Tissue probability maps	tpm¥[grey.nii, white.nii, csf.nii]
Gaussians per class	[2 2 2 4]
Affine Regularisation	ICBM space template - European brains
Warping Regularisation	1
Warp Frequency Cutoff	25
Bias regularisation	0.0001
Bias FWHM	60mm cutoff
Sampling distance	3
Masking image	(none)

6.5. DARTEL

DARTEL 処理とは、個人間で生じる脳画像の解剖学的な違いを吸収するため、空間的な形態変換を行って標準脳にする機能です。本プログラムでは、SPM8 の DARTEL の「Initial Import」、「Run DARTEL(Existing Templates)」、「Normalise to MNI Space」の順で処理を行います。処理された画像は以下の大きさになります。

ボクセル数: {X, Y, Z}={79, 95, 69} (ボクセルサイズ 2×2×2 [mm])

本プログラムでの設定パラメータを次の表に示します。

✓ Initial Import

SPM8 での設定	設定パラメータ
Bounding Box	[NaN NaN NaN][NaN NaN NaN]
Voxel size	[2 2 2]
Image option	None
Grey Matter	Yes
White Matter	Yes
CSF	No
Clean up any partitions ※GUI では設定不可	Thorough Clean

✓ Run DARTEL (Existing Templates)

SPM8 での設定	設定パラメータ
Images	Image1: 灰白質 Image2: 白質
Regularisation Form	Linear Elastic Energy
(1)Template	Template_1.nii
(2)Template	Template_2.nii
(3)Template	Template_3.nii
(4)Template	Template_4.nii
(5)Template	Template_5.nii
(6)Template	Template_6.nii
各 Inner Iteration, Reg params, Time Steps	(SPM8 default)
LM Regularisation	0.01
Cycles	3

✓ Normalise to MNI Space

SPM8 での設定	設定パラメータ
DARTEL Template	Template_6.nii
Voxel sizes	[2 2 2]
Bounding box	[-78 -112 -50][78 76 85]
Preserve	Preserve Amount ("modulation")
Gaussian FWHM	[8 8 8]

6.6. 対照画像との比較

対照画像との比較処理では、濃度値補正処理とZスコアマップ生成処理を行います。

■ 濃度値補正処理

濃度値補正処理とは、入力された脳画像のボクセル濃度値の分布を比較する対照群と等しくなるように補正する処理です。具体的には、まず、灰白質(白質)マスクを用いて入力画像の灰白質(白質)領域以外の部分をマスキングしたものについて、総平均補正の目標値を50とし、全ボクセルについて以下の変換式により濃度値の補正を行います。

$$x' = \frac{50}{MEAN_{subject}} x$$

ただし、

x : 補正前の濃度値

x' : 補正後の濃度値

$MEAN_{subject}$: 処理対象画像の灰白質領域内全ボクセル濃度値の平均

通常のZスコアマップ(相対評価のZスコアマップ)は濃度値補正処理を実施しますが、絶対評価のZスコアマップは濃度値補正処理を実施しません。

■ Zスコアマップ生成処理

入力画像(被検者)について、対照群とボクセル単位で1対Nの統計比較を行い、Zスコアマップを生成します。Zスコアは次の式で求められます。

$$Z \text{スコア} = \frac{\bar{x} - x}{\sigma}$$

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

σ : 対照群の対応するボクセル値の標準偏差

※ボクセル値は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です。

※標準偏差は不偏標準偏差です。

このようにZスコアは、対照群のボクセル値の平均値との差を標準偏差でスケールした値であり、ここでは灰白質(白質)容積の相対的低下の度合いを示すものです。ある対照群を表す画像は、上記ボクセル値の平均値からなる平均画像と、ボクセル値の不偏標準偏差からなる不偏標準偏差画像の2つで構成されます。

6.7. 形態逆変換

形態逆変換処理は、対照画像との比較処理で生成されたZスコアマップについて、Zスコアマップが生成される過程で行われた形態変換処理と逆の形態変換処理を行うことで、Zスコアマップを被検者の脳画像または処理中の画像に重ね合わせて表示することを可能とする処理です。本プログラムでは、SPM8の「Deformations」機能を用いて、DARTEL処理と線形変換・トリミング処理を逆にたどり、ボクセル等大化を行った画像と同じ座標系の画像に変換します。

7章 付録

7.1. 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、“〇〇〇.nii/xml”は、“〇〇〇.nii”と“〇〇〇.xml”の2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、すでにあるファイルに上書きされます。

■ ファイル名の命名規則

“〇〇〇.nii”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、組織分割、DARTEL に関しては、SPM8 と同様の命名規則となっています。

- ファイル変換
 - ・ `_〇〇〇.nii/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_〇〇〇.nii/xml` ...ボクセル等大化の処理結果画像
- 線形変換・トリミング
 - ・ `i_〇〇〇_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)
 - ・ `li_〇〇〇.nii/xml` ...線形変換・トリミングの処理結果画像
- 高信号値抑制
 - ・ `hli_〇〇〇.nii/xml` ...線形変換・トリミングの処理結果画像

※ 処理フローを「VSRAD advance フロー(高信号値抑制なし)」に変更した場合は出力されません。その場合は以降のファイル名に“h”は追加されません。
- 組織分割
 - ・ `c1hli_〇〇〇.nii/xml` ...灰白質画像
 - ・ `c2hli_〇〇〇.nii/xml` ...白質画像
 - ・ `c3hli_〇〇〇.nii/xml` ...脳脊髄液画像
 - ・ `hli_〇〇〇_seg_sn.mat` ...組織分割用テンプレートレジストレーション変換パラメータ
 - ・ `hli_〇〇〇_seg_inv_sn.mat` ...組織分割用テンプレートレジストレーション変換パラメータ

※ 次の処理の入力画像は灰白質画像と白質画像となります。
- DARTEL
 - ・ `rc1hli_〇〇〇.nii/xml` ...DARTEL の中間処理結果 (灰白質の initial import 結果)
 - ・ `rc2hli_〇〇〇.nii/xml` ...DARTEL の中間処理結果 (白質の initial import 結果)
 - ・ `smwc1hli_〇〇〇.nii/xml` ...DARTEL のワーピングと平滑化を行った灰白質画像
 - ・ `smwc2hli_〇〇〇.nii/xml` ...DARTEL のワーピングと平滑化を行った白質画像
- 対照画像との比較
 - ・ `zrsmwc1hli_〇〇〇.nii/xml` ...標準脳灰白質 Z スコアマップ
 - ・ `zrsmwc2hli_〇〇〇.nii/xml` ...標準脳白質 Z スコアマップ
 - ・ `zasmwc1hli_〇〇〇.nii/xml` ...標準脳灰白質 Z スコアマップ(絶対評価)

- zasmwc2hli_000.nii/xml ...標準脳白質 Z スコアマップ (絶対評価)
- zrsmwc1hli_000.csv ...Z スコア解析結果ファイル
- zazrsmwc1hli_000.dat ...Z スコア解析結果ファイル (絶対評価を含む)
- vzrsmwc1hli_000.csv ...VOI 間萎縮比解析結果の Z スコア解析結果ファイル

- 形態逆変換
 - bzrsmwc1hli_000.nii/xml ...被検者脳灰白質 Z スコアマップ
 - bzrsmwc2hli_000.nii/xml ...被検者脳白質 Z スコアマップ
 - bzrsmwc1hli_000_report.xml ...レポート記載情報
 - bzymwc1hli_000.nii/xml ...被検者脳灰白質 Z スコアマップ (絶対評価)
 - bzymwc2hli_000.nii/xml ...被検者脳白質 Z スコアマップ (絶対評価)
 - bzrsmwc1hli_000.vsr ...VSR ファイル

- その他
 - ProcessLog_000.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

[画像確認] ウィンドウにおいて、一時出力ファイル名を “_sample_normal_001.nii/xml” とした場合、「VSRAD advance フロー」(ボクセル等大化→線形変換・トリミング→高信号値抑制→組織分割→DARTEL→対照画像との比較→形態逆変換) 次のファイルが生成されます。

- _sample_normal_001.nii/xml(フォーマット変換の処理結果画像)
- i_sample_normal_001.nii/xml(ボクセル等大化の処理結果画像)
- i_sample_normal_001_sn.mat(線形変換・トリミングの変換行列)
- li_sample_normal_001.nii.xml(線形変換・トリミングの処理結果画像)
- li_sample_normal_001_seg_sn.nii.xml(組織分割の変換行列)
- li_sample_normal_001_seg_inv_sn.nii.xml(組織分割の変換行列)
- hli_sample_normal_001.nii/xml(高信号値抑制の処理結果画像)
- c1hli_sample_normal_001.nii/xml(組織分割後の灰白質画像)※1
- c2hli_sample_normal_001.nii/xml(組織分割後の白質画像)
- c3hli_sample_normal_001.nii/xml(組織分割後の脳脊髄液画像)
- rc1hli_sample_normal_001.nii.xml(DARTEL 処理中間灰白質画像)
- rc2hli_sample_normal_001.nii.xml(DARTEL 処理中間白質画像)
- smwc1hli_sample_normal_001.nii.xml(DARTEL 処理結果灰白質画像)※2
- smwc2hli_sample_normal_001.nii.xml(DARTEL 処理結果白質画像)※2
- zrsmwc1hli_sample_normal_001.nii.xml(対照画像との比較の処理結果灰白質画像)
- zrsmwc2hli_sample_normal_001.nii.xml(対照画像との比較の処理結果白質画像)
- zasmwc1hli_sample_normal_001.nii.xml(対照画像との比較の処理結果灰白質画像、絶対評価)
- zasmwc2hli_sample_normal_001.nii.xml(対照画像との比較の処理結果白質画像、絶対評価)
- zrsmwc1hli_sample_normal_001.csv(Z スコア解析結果ファイル)
- zazrsmwc1hli_sample_normal_001.dat(Z スコア解析結果ファイル、絶対評価含む)
- vzrsmwc1hli_sample_normal_001.csv(VOI 間萎縮比解析結果の Z スコア解析結果ファイル)
- bzrsmwc1hli_sample_normal_001.nii.xml(形態逆変換の処理結果灰白質画像)
- bzrsmwc2hli_sample_normal_001.nii.xml(形態逆変換の処理結果白質画像)
- bzasmwc1hli_sample_normal_001.nii.xml(形態逆変換の処理結果灰白質画像、絶対評価)
- bzasmwc2hli_sample_normal_001.nii.xml(形態逆変換の処理結果白質画像、絶対評価)
- bzrsmwc1hli_sample_normal_001.vsr(VSR ファイル)

※1 メニューの、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [組織分割] 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] → [DARTEL] で選択する DARTEL 処理画像はこの画像となります。

7.2. 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]、[NIFTI(バイエスラド処理)を開く]、[NIFTI フォルダ(バイエスラド処理)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。



① [詳細表示] ボタン、[詳細非表示] ボタン

④の不明なフォーマットリストの表示・非表示を切り替えます。

② [保存] ボタン

スキップした原因とファイル名に関して、ファイルに保存することができます。

③ [閉じる] ボタン

内容を確認したら、このボタンを押してください。このウィンドウが閉じます。

④ 不明なフォーマットリスト

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。

※ 詳細は次ページ以降をご覧ください。

■ 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、検査日、収集日、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み込めません。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、読み込めません。	すで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めません。	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めません。	インスタンス番号が同じ DICOM ファイルがすでに読み込まれているときに表示します。

■ NIFTI(バイエスラド処理)を開く・NIFTI フォルダ(バイエスラド処理)を開く

メニューから、[ファイル]→[NIFTI(バイエスラド処理)を開く]を選択し、NIFTI ファイルの『nii』ファイルである“○○○.nii”を選択すると、“○○○.nii/xml” が読み込まれます。[NIFTI フォルダ(バイエスラド処理)を開く]の場合は、フォルダ内の拡張子が『nii』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み込めません。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。
読み込み可能な NIFTI ファイルはバイエスラドで処理されたものだけです。	本プログラムは NIFTI フォーマットで定義される仕様のすべてに対応していないため、本プログラムによって出力されたもののみ限定しています。
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。

■ 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み込めません。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。
ANALYZE ファイルではありません。(img と hdrに分かれている NIFTI ファイルは非対応です。)	NIFTI フォーマットにおける magic コードが“ni!¥0”の場合に表示します。
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。

7.3. 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。

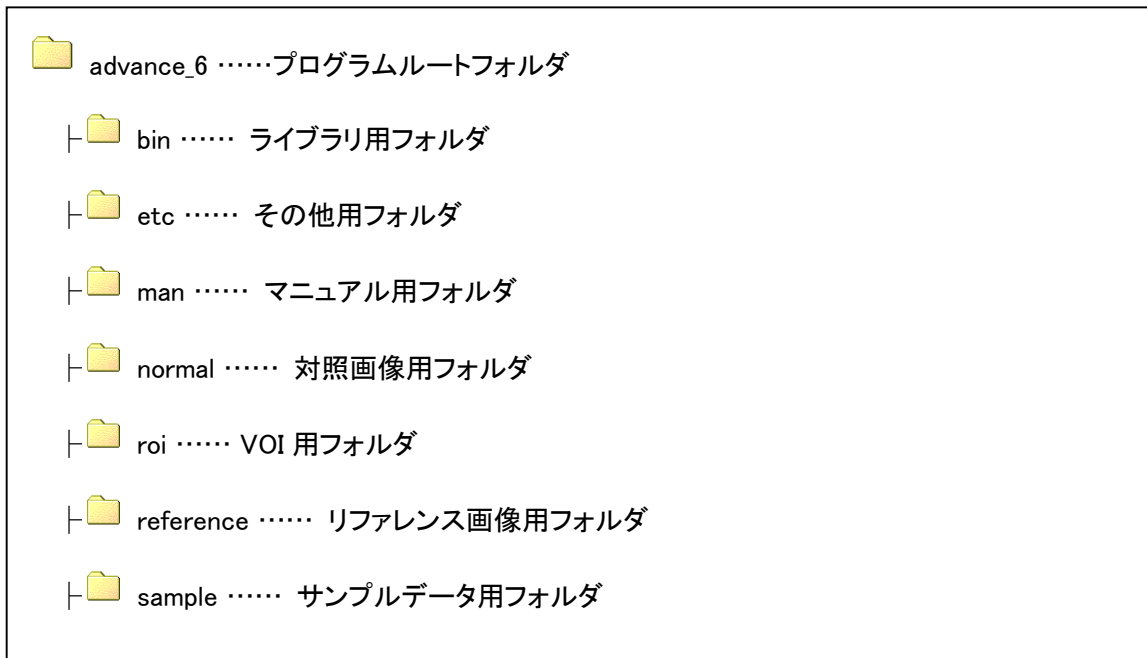
メッセージ	原因・対処方法	一括処理時の動作
ユーザー操作により処理フローが中止されました。	処理中止ボタンを押して、処理を中止すると表示されます。	停止
【エラー発生】途中処理結果表示に失敗しました。 原因:[エラーの原因]	途中処理結果表示(灰白質抽出)ウィンドウおよび途中処理結果表示(DARTEL)ウィンドウの表示に失敗した場合に表示されます。	継続
【エラー発生】処理結果表示の表示に失敗しました。 原因:[エラーの原因]	処理結果表示に失敗した場合に表示されます。	継続
【エラー発生】処理画像が出力されるフォルダ[出力先]に書き込み権限がありません。 【ヒント】[ツール]メニューの「ワークフォルダ設定」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。	DARTEL 処理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がありますが、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があります。	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

7.4. 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。

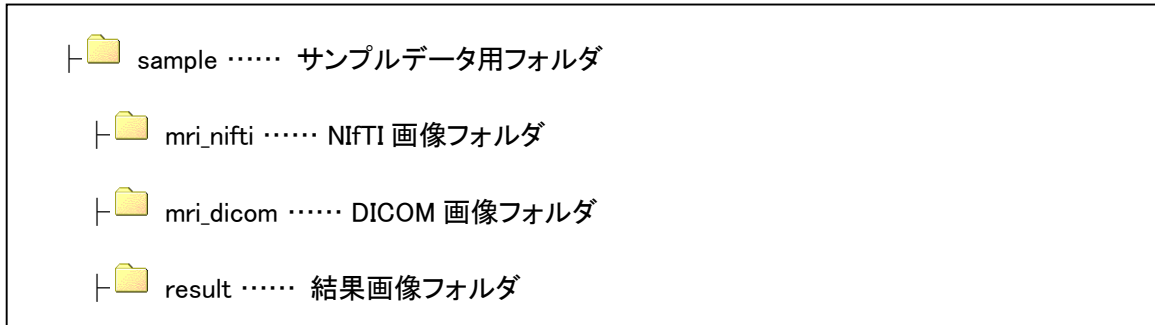
■ インストール先のフォルダ構成

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。



■ 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。



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

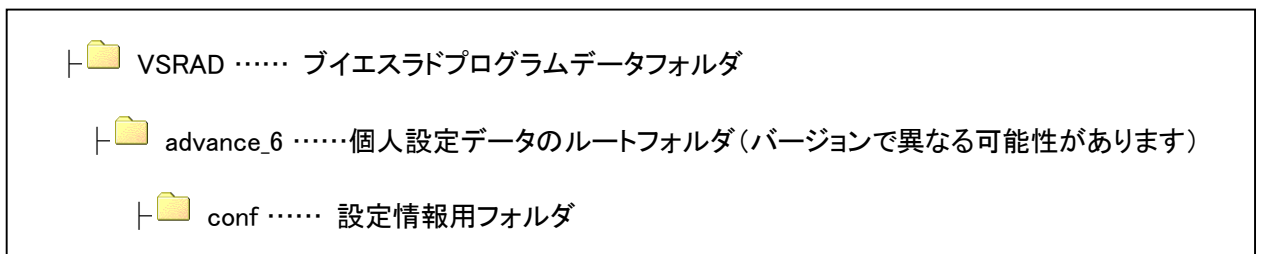
mri_dicom フォルダには、被検者1人分(健常者)の DICOM ファイルがあります。124 枚のファイルから構成されます。

result フォルダには、被検者1人分(健常者)の組織分割画像(処理前・処理後)と DARTEL 処理画像のファイル、および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。



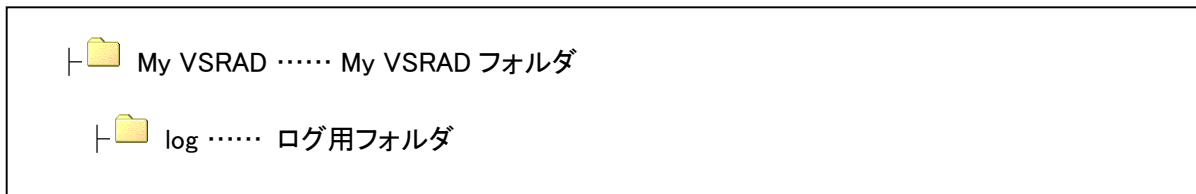
※ 上記フォルダは通常的环境において、次のフォルダにユーザーごとに作成されます。

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」フォルダが本プログラムの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。

7.5. 索引

<hr/>	
A	
advance モードに切り替える	
ボタン.....	40, 43
ANALYZE フォルダを開く	
メニュー.....	29, 32, 126
ANALYZE を開く	
メニュー.....	28, 32, 126
<hr/>	
D	
DARTEL	
処理.....	119
メニュー.....	39, 57
DICOM フォルダを開く	
メニュー.....	10, 32, 125
DICOM を開く	
メニュー.....	11, 32, 125
<hr/>	
N	
NIFTI フォルダを開く	
メニュー.....	25, 32, 126
NIFTI を開く	
メニュー.....	24, 32, 126
<hr/>	
V	
VOI 間萎縮比解析結果表示	
ウインドウ.....	23, 86, 95
<hr/>	
Z	
Z スコア解析結果表示	
ウインドウ.....	19, 75
<hr/>	
い	
一括表示	
ウインドウ.....	73
ボタン.....	72
印刷設定	
メニュー.....	88
インポート	
	ボタン..... 51, 89
<hr/>	
か	
カーソル付きスライス[被検者脳]	
タブ.....	20, 83
カーソル付きスライス[標準脳]	
タブ.....	20, 81
解説	
ボタン.....	75
[灰白質・絶対評価]Z スコアマップ脳表表示	
ウインドウ.....	112
[灰白質]Z スコアマップ脳表表示	
ウインドウ.....	23, 77
[灰白質]Z スコアマップスライス表示	
ウインドウ.....	20, 77
書き出し	
ボタン.....	75, 87
画像確認	
ウインドウ.....	14, 26, 30, 64
ボタン.....	32, 63
画像確認設定	
ウインドウ.....	101
メニュー.....	101
画像処理経過	
ウインドウ.....	16
画像統計処理	
ウインドウ.....	13, 15, 32, 61
画像保存	
ボタン.....	69, 79, 87
カラー設定	
ウインドウ.....	107
メニュー.....	107
<hr/>	
き	
記載情報保存	
ボタン.....	18, 57, 75
<hr/>	
く	
クラシックモードに切り替える	
ボタン.....	89
クラスタサイズ.....	78

<hr/>		<hr/>	
け		処理結果表示設定	
形態逆変換		ウインドウ	98
処理	120	メニュー	98
<hr/>		処理結果を開く	
こ		メニュー	35, 57, 72, 99
高信号値抑制		処理中止	
処理	117	ボタン	63
コメント入力		処理フロー設定	
ウインドウ	74	ウインドウ	97
ボタン	74	メニュー	97
ご利用にあたってのご注意		新規	
ウインドウ	9	ボタン	45, 89
<hr/>		新規レポート出力設定作成	
さ		ウインドウ	45
再生テスト		<hr/>	
ボタン	108	ず	
サウンド設定		スライス一覧[被検者脳]	
ウインドウ	108	タブ	20, 82
メニュー	108	スライス一覧[標準脳]	
削除		タブ	20, 80
ボタン	89	<hr/>	
<hr/>		せ	
し		設定を保存	
終了		ボタン	79
メニュー	56	線形変換・トリミング	
詳細処理条件表示		処理	116
ボタン	75	<hr/>	
詳細設定表示		そ	
ボタン	78	組織分割	
詳細非表示		処理	118
ボタン	124	メニュー	39, 57
詳細表示		その他のフォーマット	
ウインドウ	67	メニュー	25, 28, 29
ボタン	66, 124	<hr/>	
除外指定		た	
ウインドウ	65, 67	対照画像設定	
ボタン	65	ウインドウ	103
処理開始		メニュー	103
ボタン	13, 26, 30, 33, 63	対照画像との比較	
処理経過		処理	120
ウインドウ	16, 68, 127	<hr/>	
処理結果ツールバー	111	つ	
処理結果の検索		ツール	
ウインドウ	36, 93	<hr/>	
<hr/>		<hr/>	

メニュー.....	97	ウィンドウ.....	90
<hr/>		プレビュー	
と		ボタン.....	49, 89
<hr/>		<hr/>	
同時表示.....	78	へ	
途中処理結果表示 (DARTEL)		変更	
ウィンドウ.....	17, 70, 72	ボタン.....	97
途中処理結果表示 (組織分割)		<hr/>	
ウィンドウ.....	17, 69, 72	ぼ	
途中処理結果を開く		法定表示を開く	
メニュー.....	39, 57	メニュー.....	60
<hr/>		ボクセル等大化	
に		処理.....	116
入力画像フォーマット.....	7	<hr/>	
<hr/>		れ	
の		レポート印刷	
濃度値補正		メニュー.....	88, 92
処理.....	120	レポート印刷プレビュー	
<hr/>		メニュー.....	88, 91
は		レポート記載情報	
バージョン情報		ウィンドウ.....	18, 74
メニュー.....	60	レポート出力設定	
背景 MRI 画像.....	99	メニュー.....	40, 88
[白質・絶対評価]Z スコアマップスライス表示		レポート出力設定 (advance モード)	
ウィンドウ.....	113	ウィンドウ.....	45, 89, 114
[白質]Z スコアマップスライス表示		レポート出力設定 (クラシックモード)	
ウィンドウ.....	20, 77	ウィンドウ.....	40, 115
<hr/>		レポートを画像として保存	
ひ		メニュー.....	88, 92
被検者脳照合 [被検者脳]		<hr/>	
タブ.....	20, 84	ろ	
標準設定に戻す		ログを保存	
ボタン.....	79, 100, 102, 104, 107	ボタン.....	68
標準脳テンプレート.....	70	<hr/>	
<hr/>		わ	
ふ		ワークフォルダ設定	
不明フォーマット検出		ウィンドウ.....	105
ウィンドウ.....	12, 124	メニュー.....	105
プリンタの設定		<hr/>	

ブイエスラド® アドバンス

承認番号: 30200BZX00060000

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

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
●組織分割(灰白質及び白質の抽出) ●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

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、自動レイトアウト表示、画像Filter処理、画像間演算処理(透明度の指定、組織分割エラー認識等)、重ね合わせ、高信号抑制等がある。

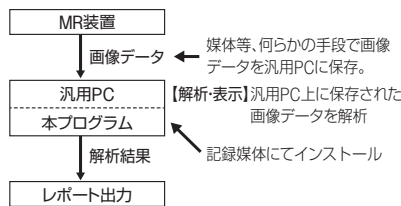
3次元画像処理機能: 一連の画像データを3次元画像処理し、表示する機能として、入力画像データのMPR処理、処理結果画像の最大値投影表示機能等がある。

動作原理

1. 全体フロー

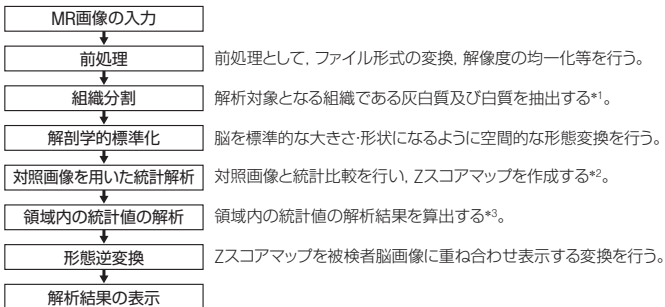
入力画像要件を満たしたMR画像を、推奨動作環境を満たした汎用PCに取り込む。その後汎用PCにて本プログラムを起動後、MR画像を入力し、コンピュータ処理を行い、結果を保存及び表示する。

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「組織分割」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、 σ : 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、「[VOI内萎縮度]」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/色/メモリ: 1280×1024以上/HighColor(16bit)以上/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: 3GB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)

●画像数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

- (1)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。
- (2)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)やレビー小体型認知症(以下DLB)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、「VOI内萎縮度」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。
- (3)本プログラムの「VOI内萎縮度」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、「VOI内萎縮度」は低く算出される。
 - ②対照画像と比較して、全脳における組織容積が大きい場合、萎縮に関して偽陽性を呈する可能性がある。
- (4)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「VOI内萎縮度」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

内側側頭部: 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($T=7.0$)な萎縮がみられた領域。内側側頭部に位置し、特に海馬・扁桃・嗅内野の大部分を含む。

背側脳幹: DLB群30例について、解剖学的アトラスの中脳(midbrain)及び橋(pons)において、DLB群で特異的に白質萎縮がみられた領域(全脳白質萎縮割合と有意な負の相関があった領域)。脳幹の背側部に位置する。

読影結果との相関分析結果

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 ^a
(1)内側側頭部VOI内萎縮度	68	0.73	<0.0001	*
(a1)[灰白質]背側脳幹VOI内萎縮度	31	-0.26	0.1549	n.s.
(b1)[白質]背側脳幹VOI内萎縮度	31	0.76	<0.0001	*

*: 有意水準($p<0.05$ 両側)を満たす。 n.s.: 有意でない

a: 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、内側側頭部付近は、coronal断面でchoroid fissure幅・下角幅・海馬体高さから5段階で評価。背側脳幹は、sagittal 断面で中脳部の形状(midbrain superior profile)から3段階で評価。いずれもプログラムの関心領域とはやや異なる。

b: 背側脳幹は灰白質と白質が混在する部位である。MR装置の機種や撮像条件によっては、信号値の変動によって「[灰白質]背側脳幹VOI内萎縮度」・「[白質]背側脳幹VOI内萎縮度」のいずれかが検出されにくい場合があるので、背側脳幹に関連する解析結果については、灰白質・白質の両方の結果を総合的に評価する必要がある。

(5)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やDLB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。

(6)解析終了後、組織分割結果画像(灰白質及び白質抽出画像)の確認等、クオリティコントロールを実施すること。

(7)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。

(8)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、組織分割(灰白質及び白質の抽出)、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

(9)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。

(10)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。

(11)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記)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

(12)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-VSRAD101 | VSRAD-A-2003-A |

製品情報お問い合わせ先:

①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。

②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



