


## 脳萎縮評価支援システム ブイエスラド プラス



### <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

<b>1章</b>	<b>本プログラム概要</b>	<b>4</b>
1.1.	全体概要	4
1.2.	画像統計処理フロー	5
1.3.	対応する入力画像フォーマット	6
1.4.	起動	7
<b>2章</b>	<b>目的別操作方法</b>	<b>8</b>
2.1.	被検者 1 例の DICOM ファイルを処理する	8
2.2.	被検者 1 例の ANALYZE ファイルを処理する	20
2.3.	被検者脳表示を行うフローで処理する	24
2.4.	複数の画像リストの一括処理をする	27
2.5.	Z スコアマップを確認する	30
2.6.	途中処理結果ファイルを確認する	32
2.7.	被検者脳表示を単体で実行する	33
2.8.	シンプルレポートの形式でレポートを印刷する	36
2.9.	モノクロプリンタに適した形式でレポートを印刷する	38
2.10.	オリジナルのレイアウトでレポートを印刷する	40
2.11.	レポート出力設定プリセットを追加する	47
<b>3章</b>	<b>各画面の説明</b>	<b>49</b>
3.1.	全体画面構成	49
3.2.	ウィンドウ一覧	50
3.3.	トップウィンドウ	51
3.4.	画像統計処理ウィンドウ	55
3.5.	画像確認ウィンドウ	58
3.6.	処理経過ウィンドウ	62
3.7.	途中処理結果表示	63
3.8.	Z スコア表示	66
3.9.	印刷と保存	77
<b>4章</b>	<b>設定</b>	<b>82</b>
4.1.	処理フロー設定	82
4.2.	Z スコアマップ表示設定	84
4.3.	画像確認設定	86
4.4.	対照画像設定	88
4.5.	ワークフォルダ設定	90
4.6.	カラー設定	92
4.7.	サウンド設定	93
4.8.	形態逆変換ツール	94
<b>5章</b>	<b>画像統計処理</b>	<b>96</b>
5.1.	ボクセル等大化	96
5.2.	線形変換・トリミング	96
5.3.	灰白質抽出	97
5.4.	平滑化	97
5.5.	解剖学的標準化	98
5.6.	対照画像との比較	99
5.7.	形態逆変換	99
<b>6章</b>	<b>付録</b>	<b>100</b>
6.1.	本プログラムで生成されるファイル	100
6.2.	不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ	102
6.3.	処理経過ウィンドウのメッセージ	105
6.4.	フォルダ構成	106
6.5.	索引	109

## はじめに

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

### ■ 本マニュアルの構成

本マニュアルは、6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 画像統計処理

画像統計処理について説明します。

#### 6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/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

「ブイエスラド」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。「ブイエスラド」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

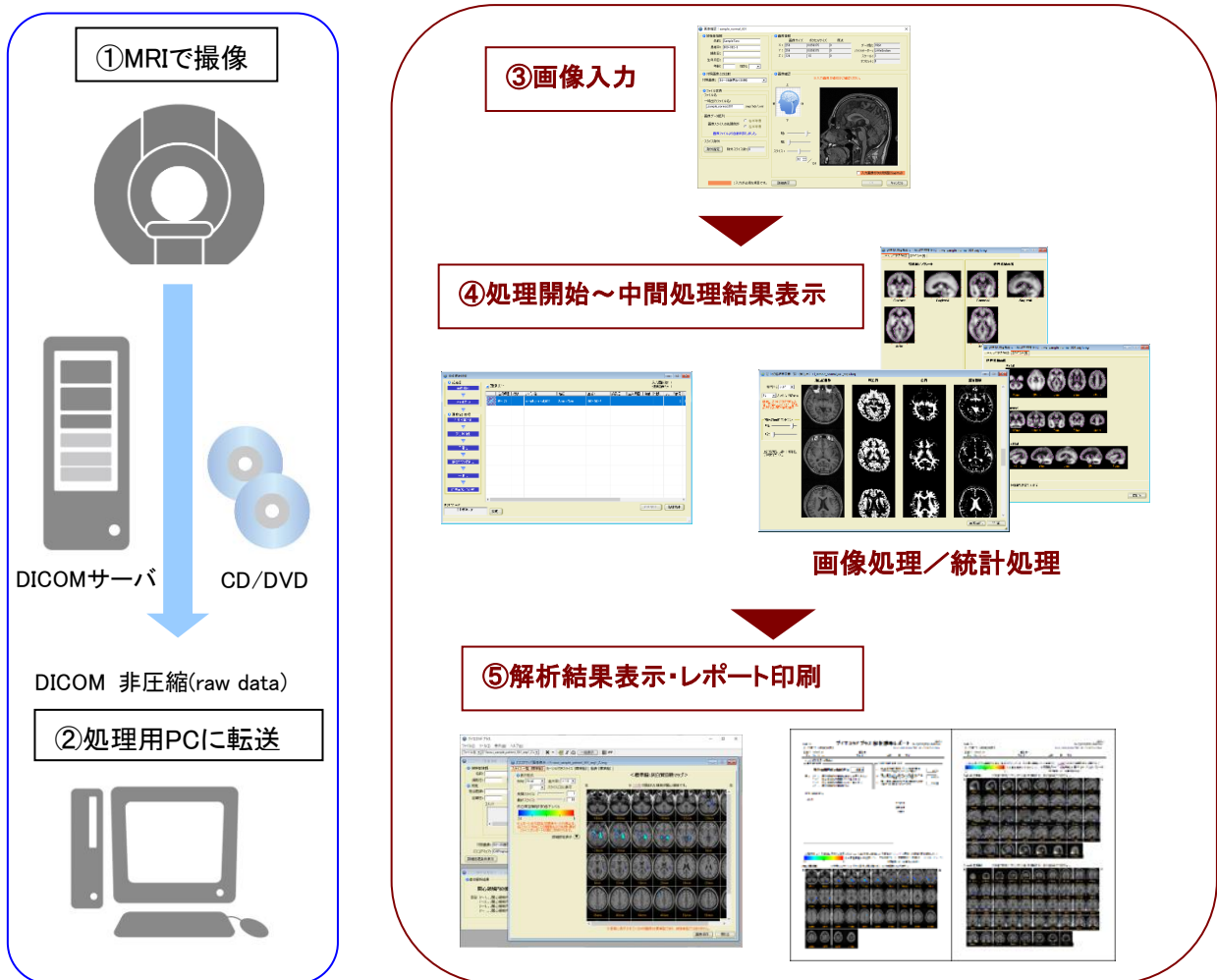
※ 回答にはお時間を頂戴することがございます。あらかじめご了承ください。

# 1章 プログラム概要

## 1.1. 全体概要

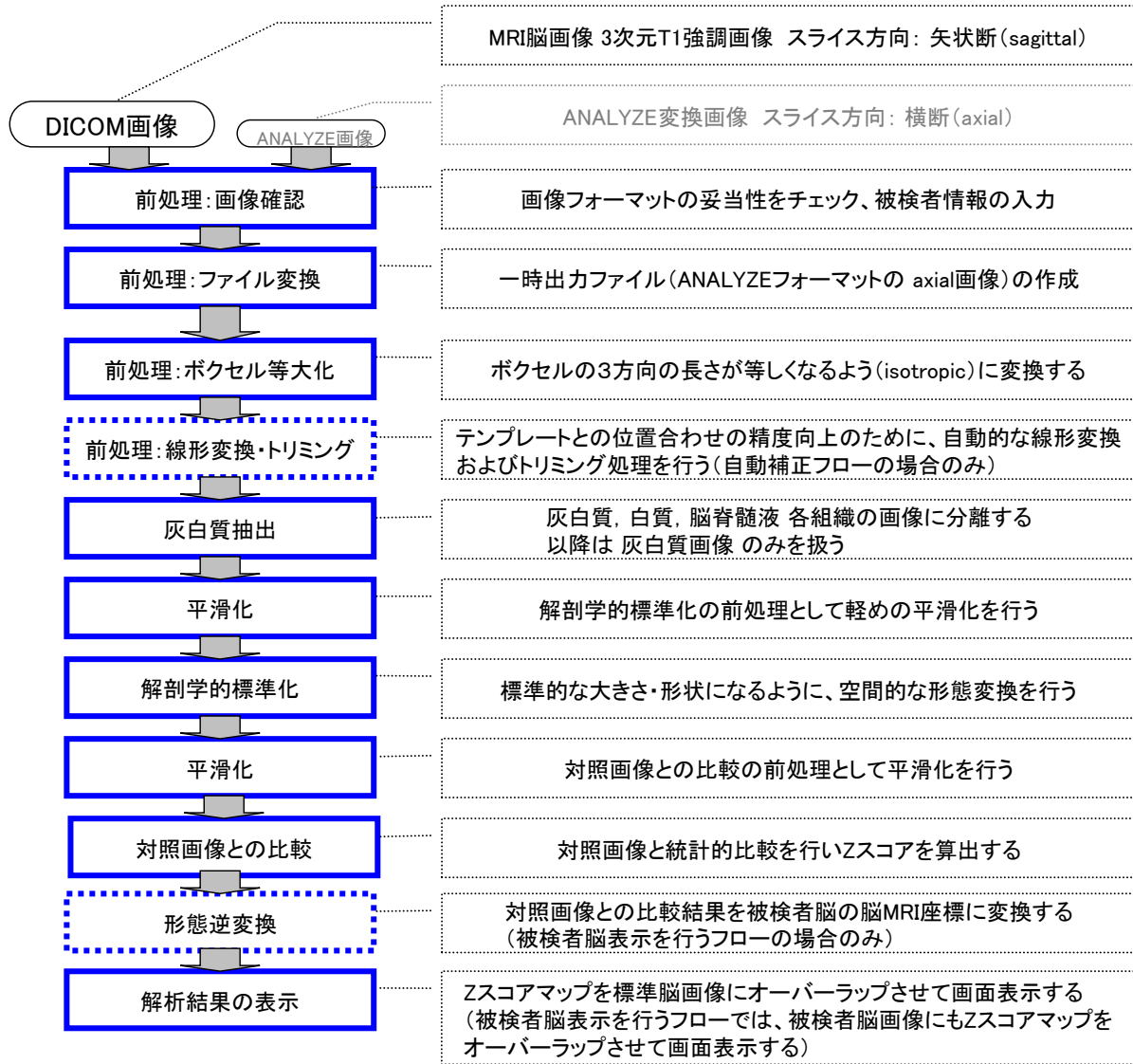
本プログラムは、3D 撮像された被検者の脳 MRI 画像を入力し、画像処理および統計処理によって、対照画像と比較した萎縮(脳容積の低下)を定量的に解析し、結果を画面に表示します。また、これに所見などを加えたレポートを作成して印刷することができます。

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。



- ※ 本プログラムでは処理フローの変更を行うことができます。
- ※ 処理フローに関する詳細は、【 4.1 処理フロー設定】 82 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 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

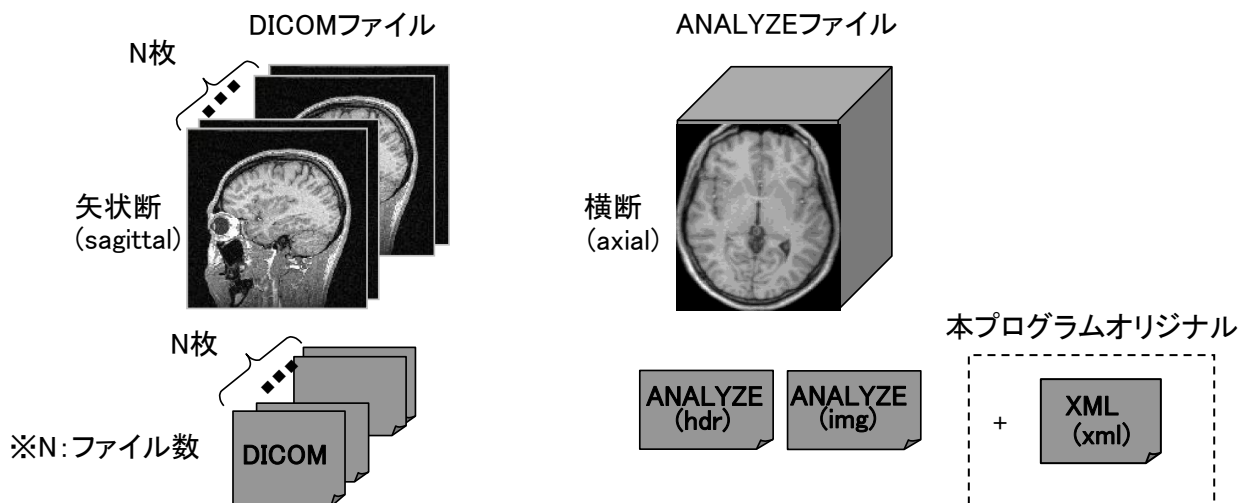
DICOM ファイルは、1 ファイルに 1 スライス画像の 2 次元情報を格納するため、被検者 1 人分の脳全体の 3 次元情報を数 10～数 100 のファイルで構成します(下図参照)。本プログラムで読み込むことができる DICOM ファイルは、DICOM 3.0 に基づき、以下の項目を満たすファイルが対象となります。

- 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

#### ■ 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(下図参照)。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、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 ANALYZE に変換しています。

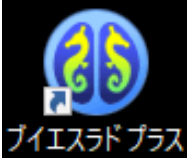
## 1.4. 起動

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。

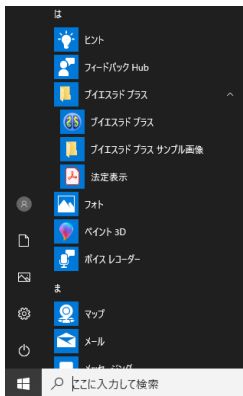
### ■ 起動

#### <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



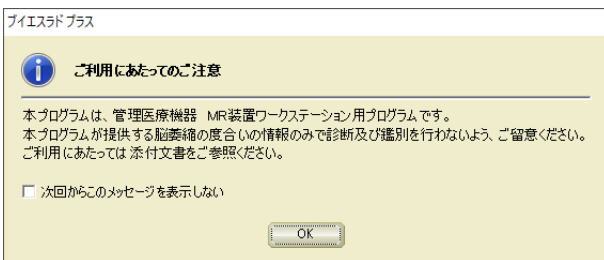
スタートメニューから以下を選択してください。

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 プラス → バイエスラド プラス

※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】6 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。

☞ 各ウインドウの詳細は、【 3章 各画面の説明】49 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

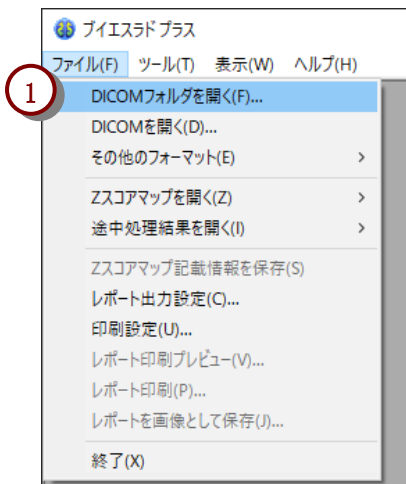
DICOM ファイルを開くには、フォルダ指定とファイル指定の 2 通りの方法があります。

※ 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。

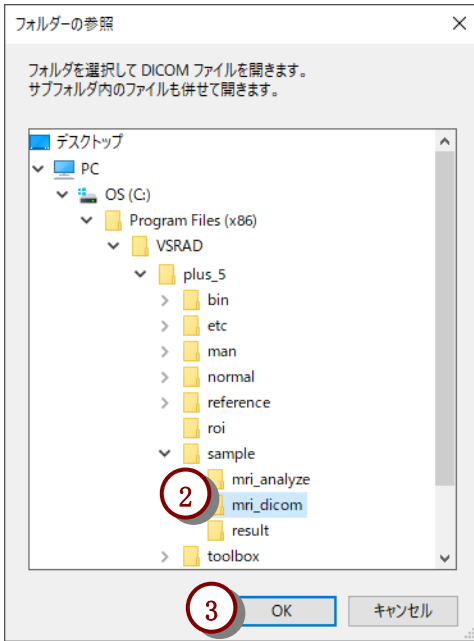
#### ■ フォルダ指定の場合

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。



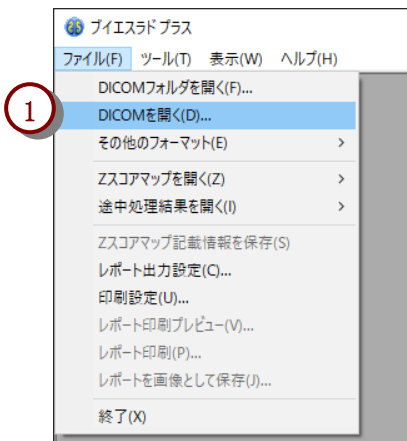




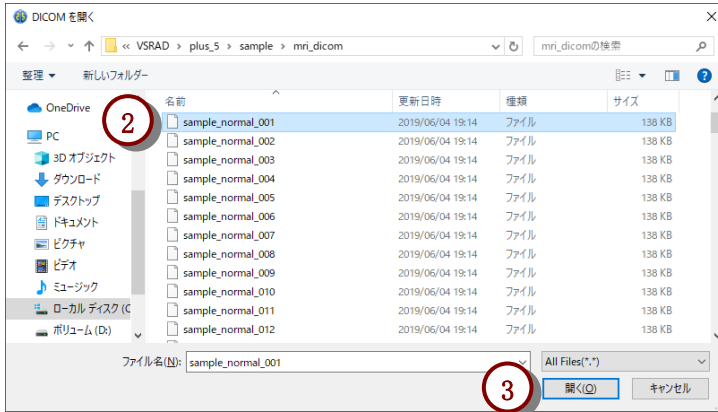
- ②[フォルダの参照] ダイアログが表示されますので、対象となる DICOM ファイルが存在するフォルダを選択してください。
- ③選択後、[OK] ボタンを押してください。

**■ 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。

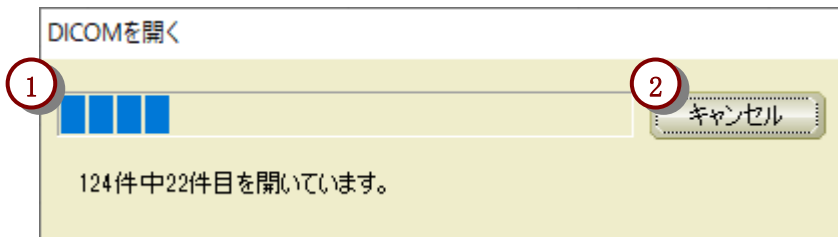
③[開く] ボタンを押してください。選択されたファイルが存在するフォルダの中から、選択されたファイルと名前、撮像日、シリーズ番号、シリーズ内容、シリーズインスタンス UID が等しいファイル群が同時に読み込まれます。

※不要なスライス、[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】51 ページを参照してください。

### ■ ファイルの読み込み

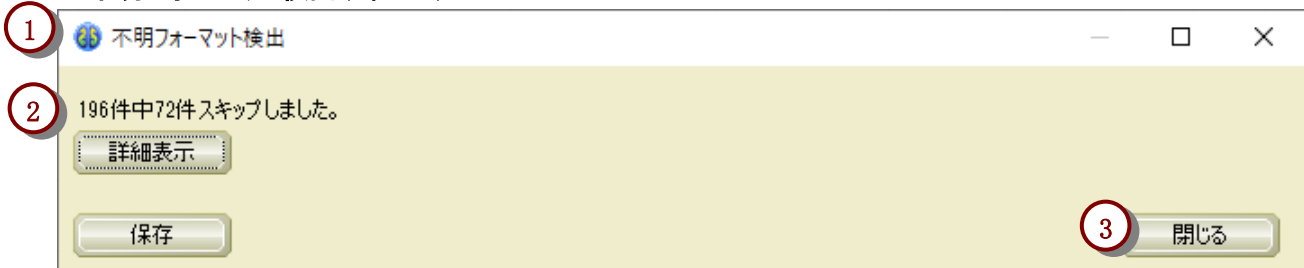


①読み込み中は、進行状態が表示されます。しばらくお待ちください。

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。

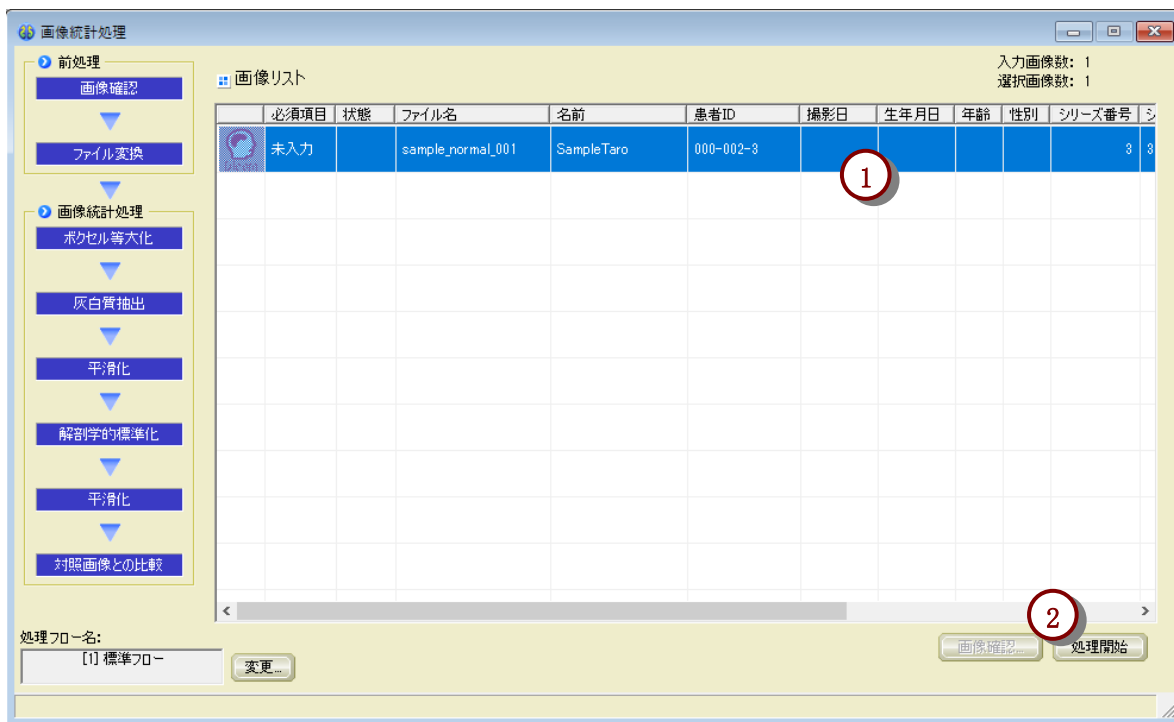
③確認後に [閉じる] ボタンを押してください。

☞ 不明なフォーマットに関する詳細は【 6.2 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ】102 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

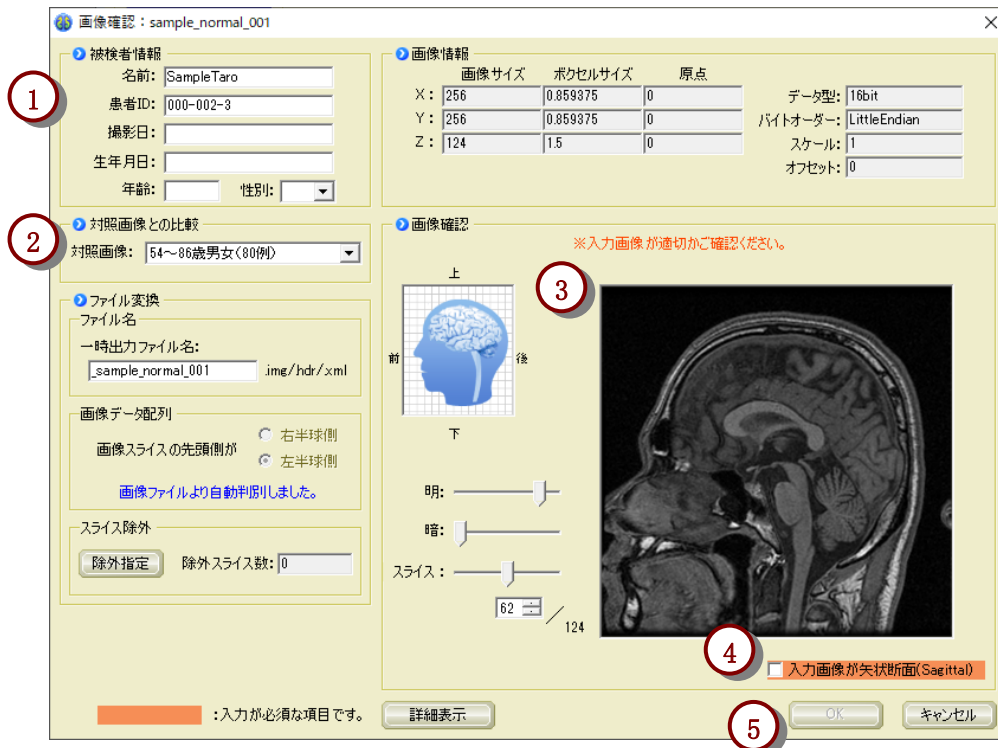
ファイルを開いた後、[画像統計処理] ウィンドウが開きます。



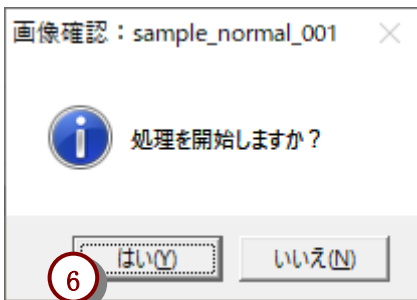
- ①「画像リスト」表示エリアに画像リストが表示されます。処理を行いたい画像リストを選択してください。  
※ ファイルを読み込んだ直後は選択状態になっています。
- ②[処理開始] ボタンを押すと、[画像確認] ウィンドウが表示されます。

✓【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「対照画像」を選択します。  
※初期設定では「54～86 歳男女 (80 例)」が選ばれます。
- 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

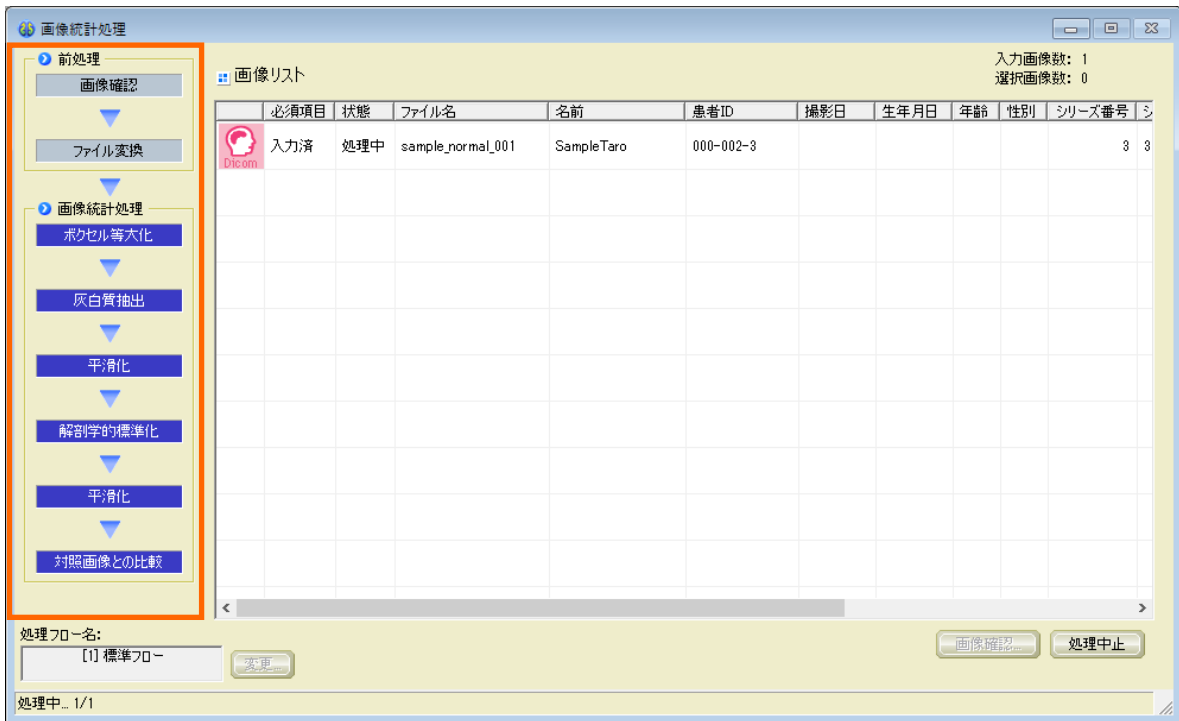
画像統計処理中には、以下のような情報を確認することができます。

- 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

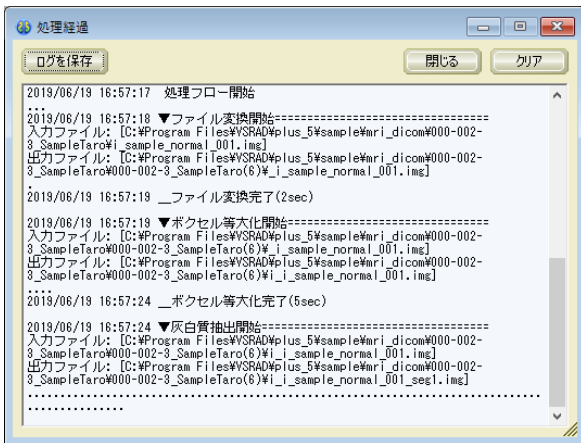
※ 画像統計処理中でもウィンドウを操作することが可能です。

■ 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。

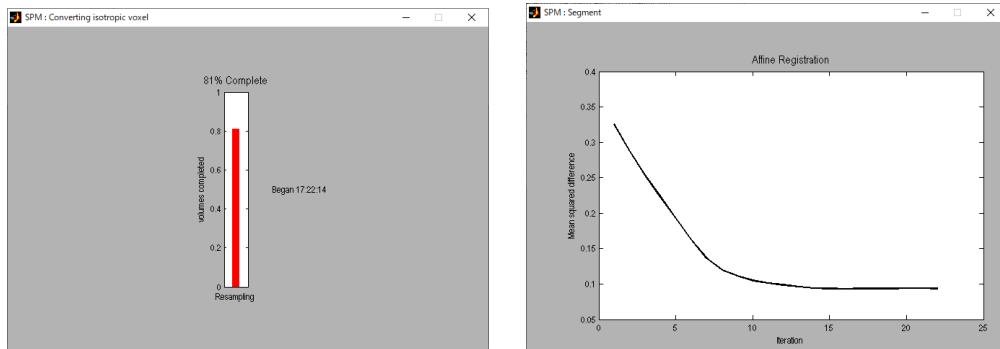


## ■ 処理経過ウィンドウ



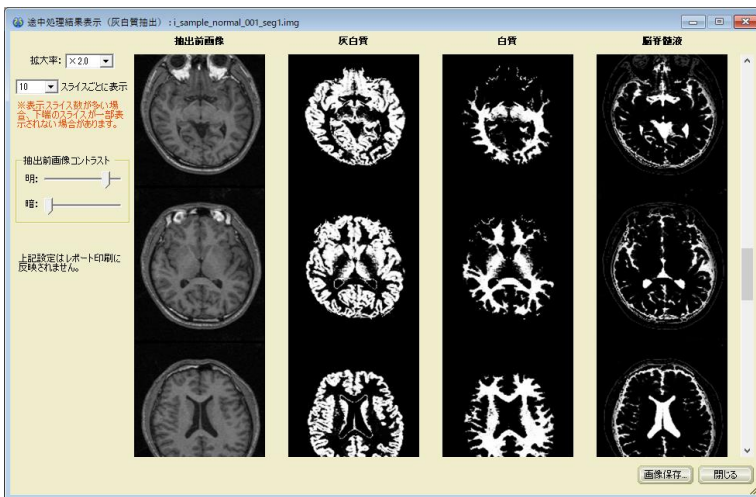
処理を開始すると「処理経過」ウィンドウが表示されます。このウィンドウでは現在の処理状況と入出力ファイルおよび処理フロー全体にかかった時間を確認することができます。

## ■ 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。

### 途中処理結果表示(灰白質抽出)ウィンドウ



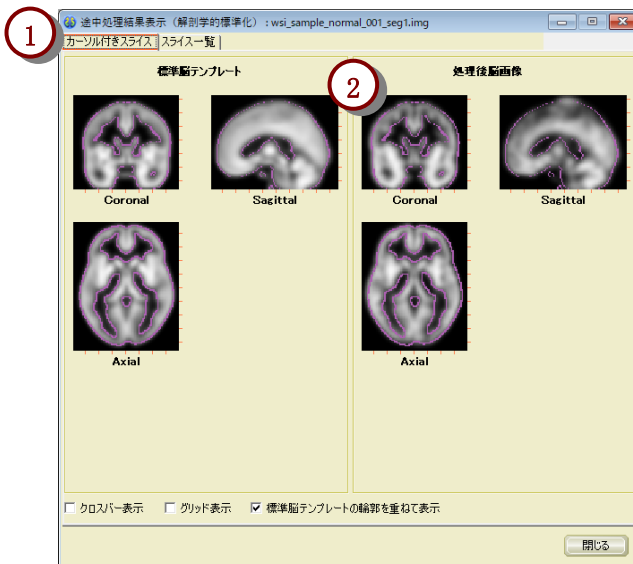
灰白質抽出処理が終了した時点で [途中処理結果表示(灰白質抽出)] ウィンドウが開き、灰白質抽出の処理結果が表示されます。  
 ※左から抽出前画像・灰白質・白質・脳脊髄液の順に表示されます。

### 途中処理結果表示(解剖学的標準化)ウィンドウ

解剖学的標準化処理が終了した時点で [途中処理結果表示(解剖学的標準化)] 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

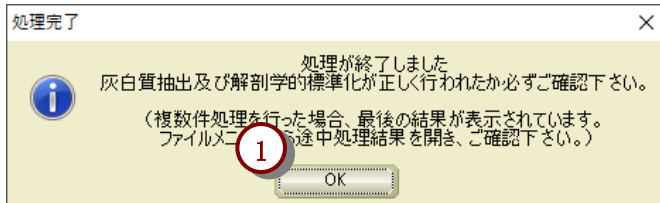


スライス一覧表示



## ✓【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。



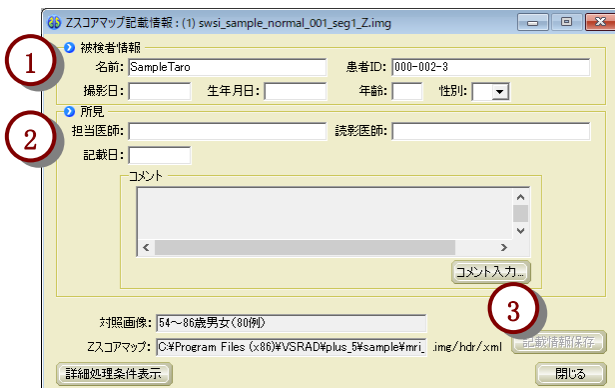
①内容を確認後、[OK] ボタンを押してください。

[Z スコアマップ記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウが開かれます。

☞ 各ウィンドウの詳細は【 3.8 Z スコア表示】66 ページ をご覧ください。

## ■ Z スコアマップ記載情報ウィンドウ

被検者情報の入力を行う [Z スコアマップ記載情報] 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。

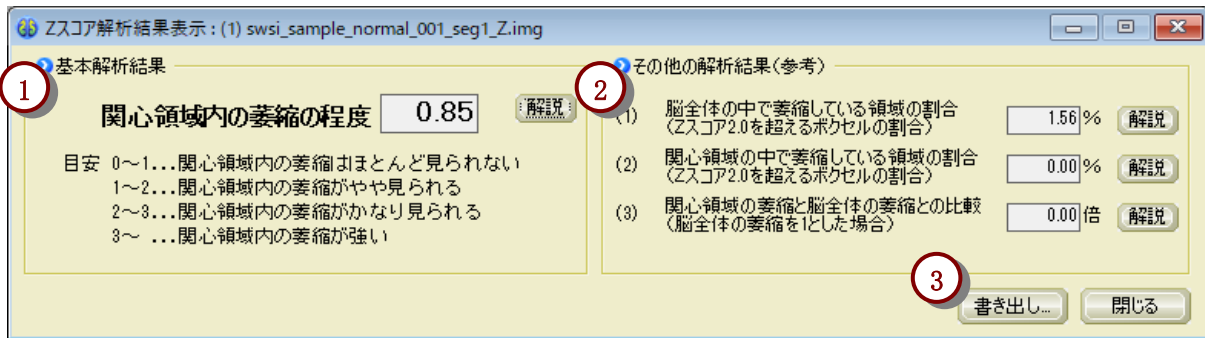
②「所見」では、医師名やコメントなどの入力を行います。

③①および②で入力後は、[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。



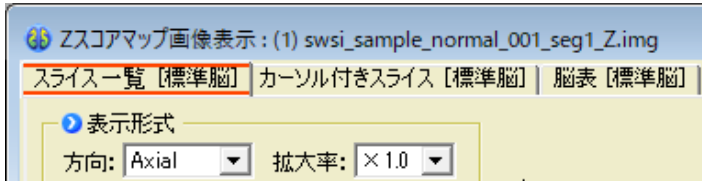
①Z スコアマップファイルから算出される「基本解析結果」を確認することができます。なお、関心領域は、扁桃を含む両側海馬傍回付近としています。

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

③[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。

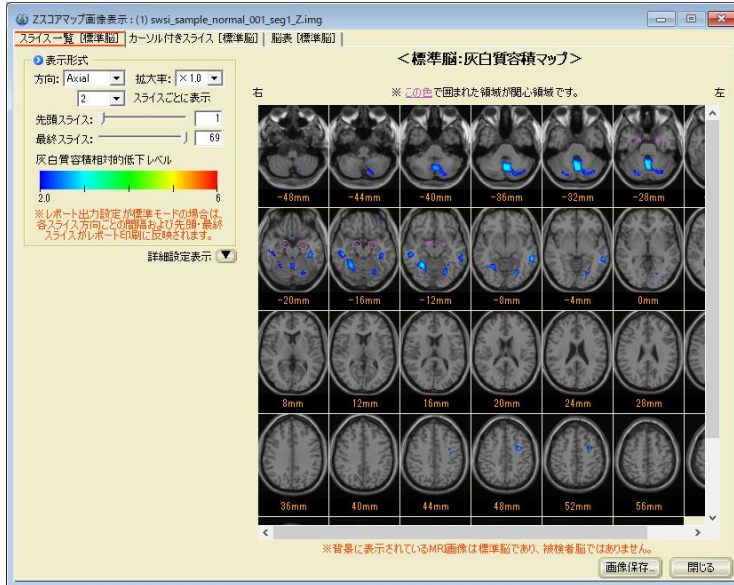
※ 上記のCSV形式のファイルは、処理の「対照画像との比較」が終わった時点で、ワークフォルダに自動的に保存されます。

## Zスコアマップ画像表示ウィンドウ



[Zスコアマップ画像表示] ウィンドウは、[スライス一覧] タブ、[カーソル付きスライス] タブ、[脳表] 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、Zスコアマップを開いた直後、[スライス一覧] タブが選択されています。

## Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - スライス一覧タブ

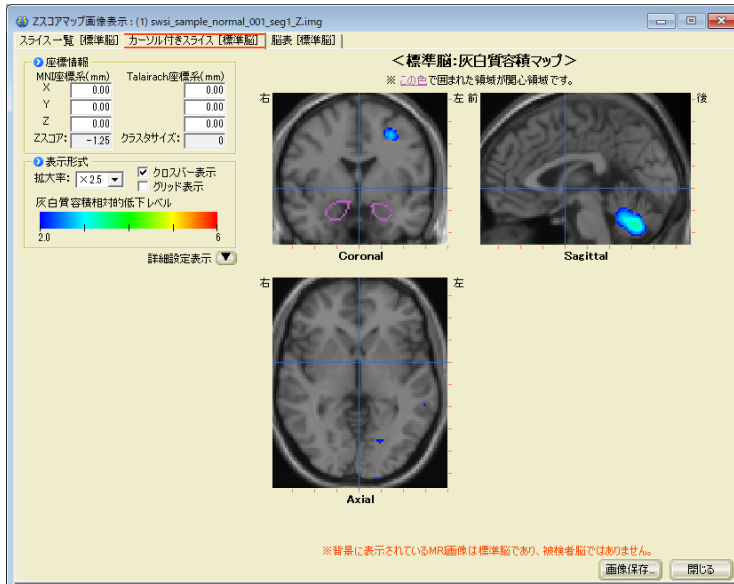


スライス一覧で処理結果画像を確認する [スライス一覧] タブです。

MRI 画像、関心領域 (ROI)、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。

## Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - カーソル付きスライスタブ

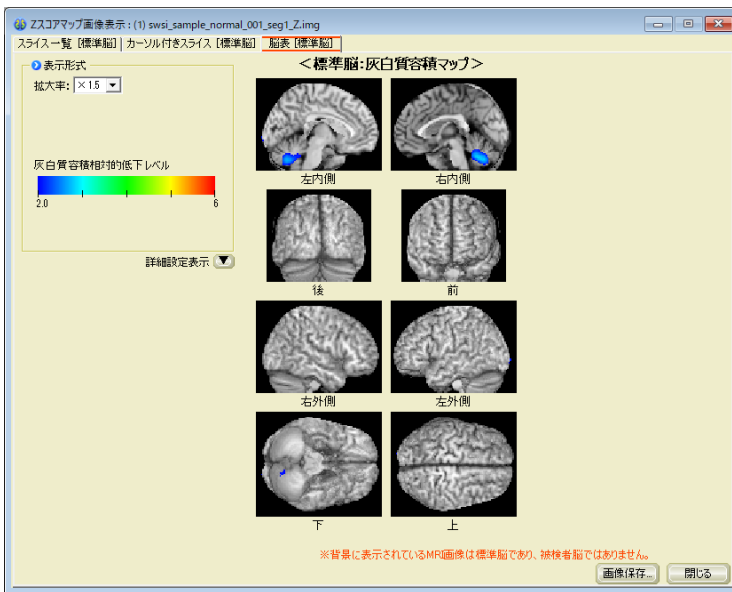


画像の座標とスライスを確認する [カーソル付きスライス] タブです。

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 (ROI)、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。

## Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - 脳表タブ



脳表表示で処理結果画像を確認する [脳表] タブです。

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。

※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。

## 2.2. 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】49 ページ をご覧ください。

※本機能は本プログラムにて 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

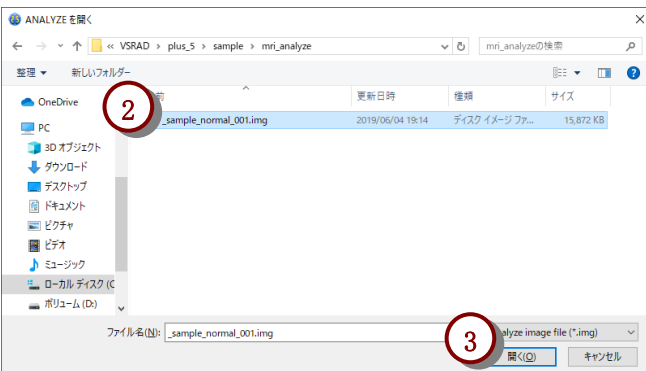
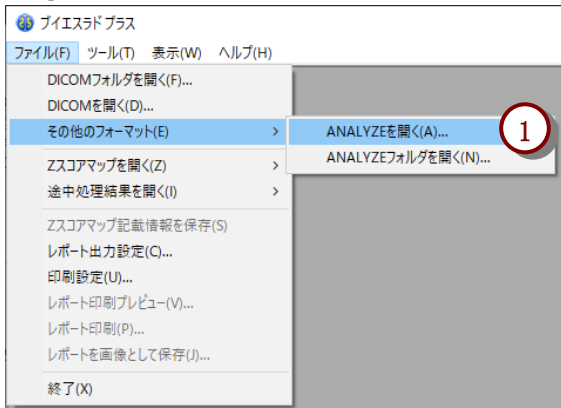
- 手順1. ANALYZE ファイルを開く
- 手順2. 対象被検者の選択 (DICOM ファイルと同様)
- 手順3. 処理対象画像の確認・被検者情報の入力
- 手順4. 画像処理状況と情報の確認 (DICOM ファイルと同様)
- 手順5. 画像解析結果の確認 (DICOM ファイルと同様)

### ✓ 【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。

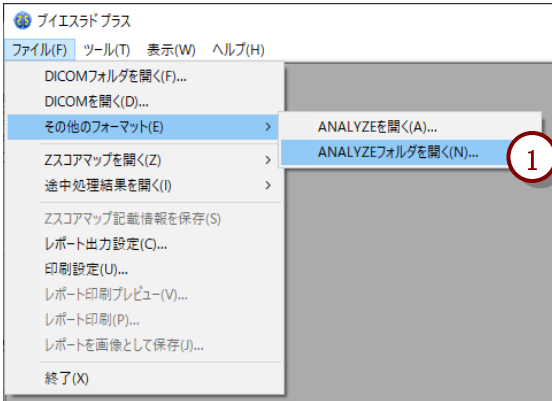
※ANALYZE フォーマットは拡張子が『img』と『hdr』の 2 枚のファイルで構成されていますが、ファイルを開くダイアログには拡張子が『img』のファイルのみ表示されますので、拡張子が『img』のファイルを選択してください。

※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。

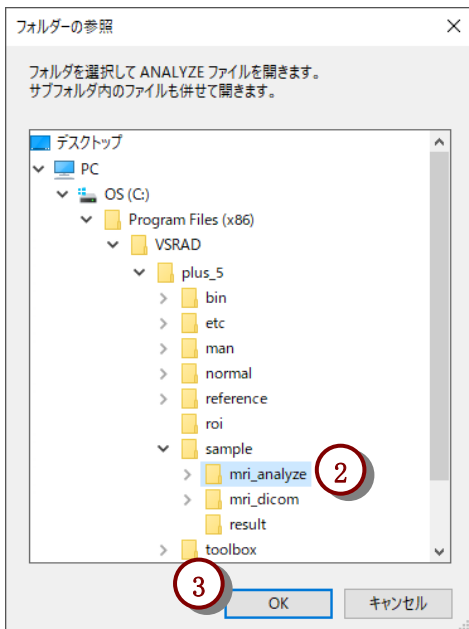
☞ 上記ファイルを開く画面で表示される初期フォルダは【 3.3 トップウィンドウ】の【ファイルメニュー】51 ページを参照してください。

## ■ 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。

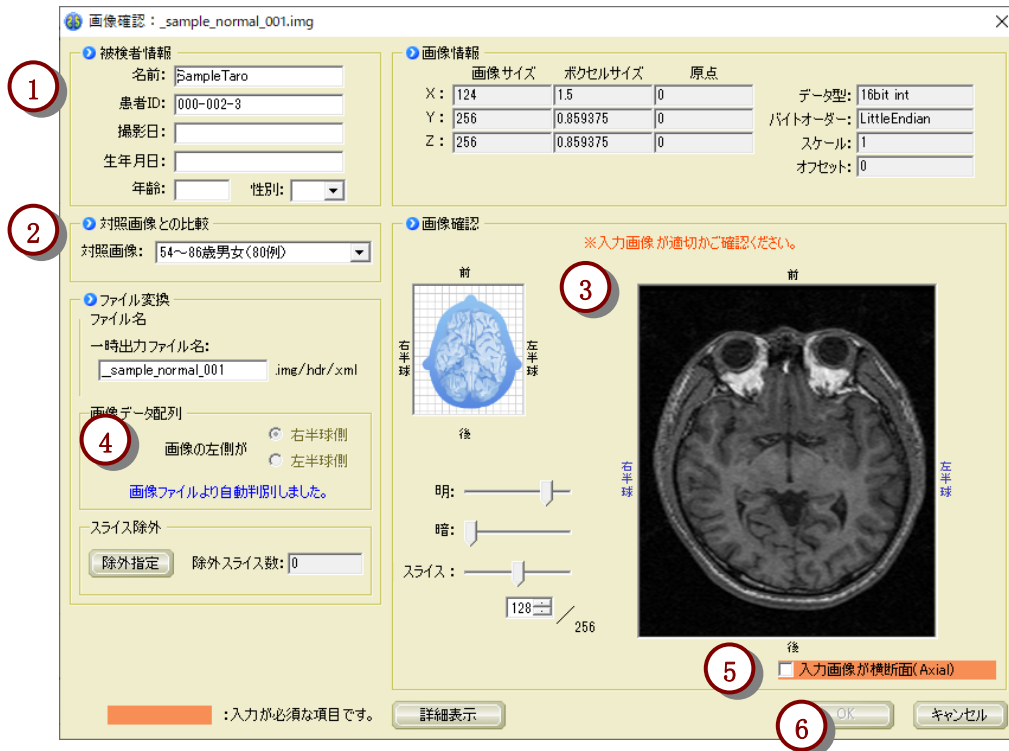
※入力画像用 ANALYZE ファイルと異なるフォーマットの画像を指定した場合、[不明フォーマット検出] ウィンドウが表示されることがあります。

✓ 【手順2】 対象被検者の選択

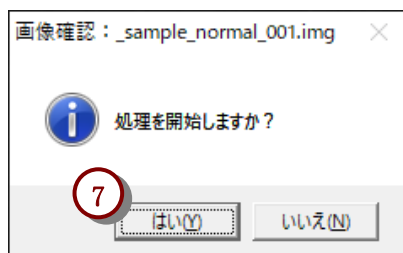
[画像統計処理] ウィンドウの「画像リスト」に画像ファイルの被検者情報が表示されます。DICOM ファイルの【手順2】と同様に、「画像リスト」内の被検者を選択し、[処理開始] ボタンを押してください。

✓ 【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「対照画像」を選択します。  
※初期設定では「54~86 歳男女(80 例)」が選ばれます。
- 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。)  
※本プログラムで生成された 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。

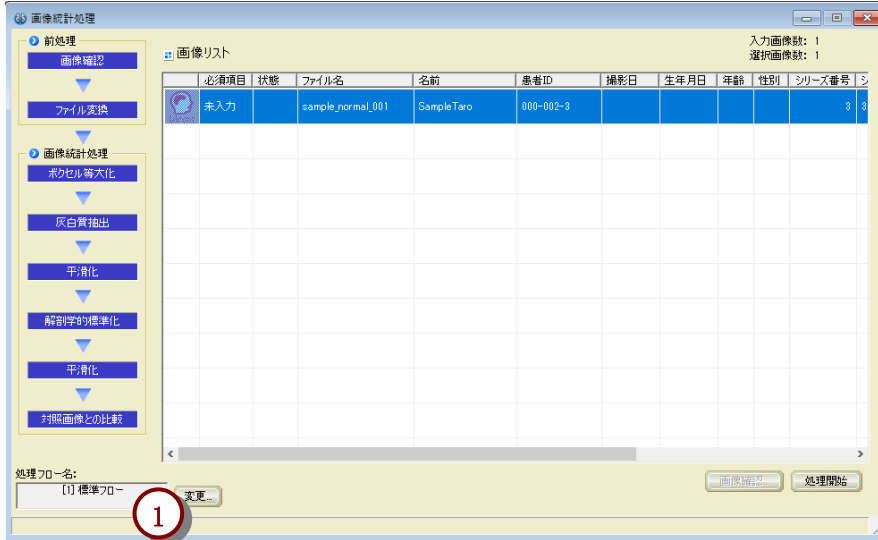
☞ 処理開始以降は DICOM ファイルの【手順 4】、【手順 5】の処理と同様となります。

## 2.3. 被検者脳表示を行うフローで処理する

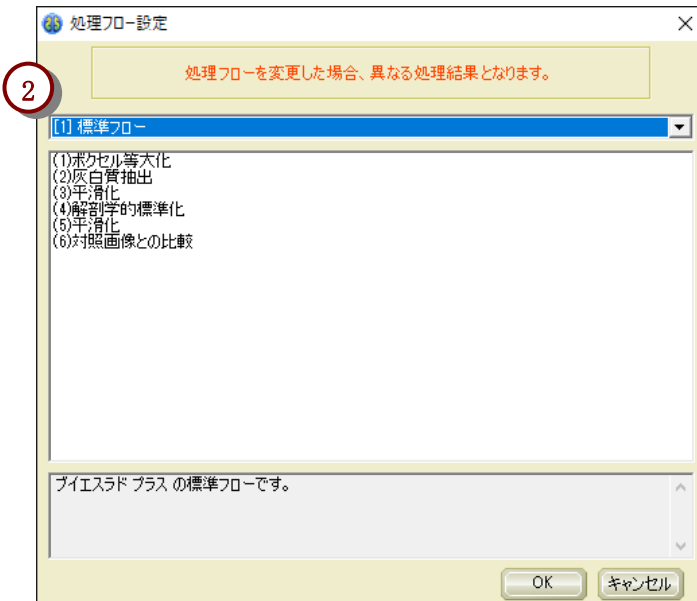
被検者脳表示を行うフローで処理する手順について説明します。

ここでは、メニューから [ファイル] → [DICOM を開く]、[DICOM フォルダを開く]、[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】49 ページ をご覧ください。

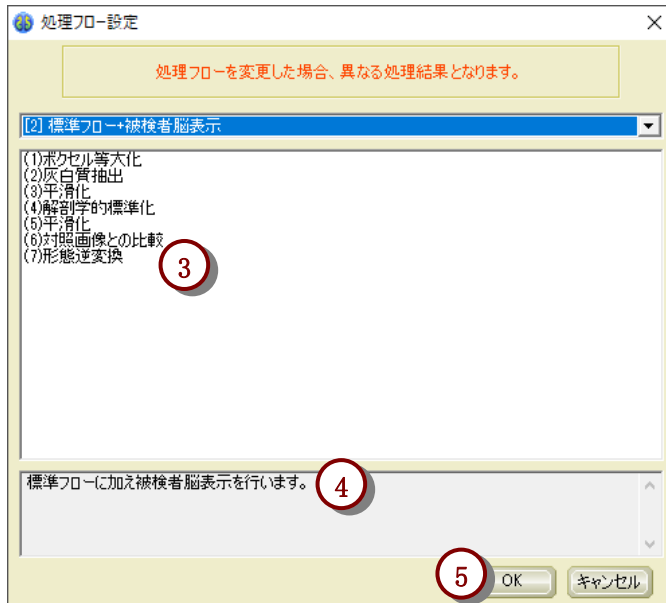


① [変更] ボタンを押してください。

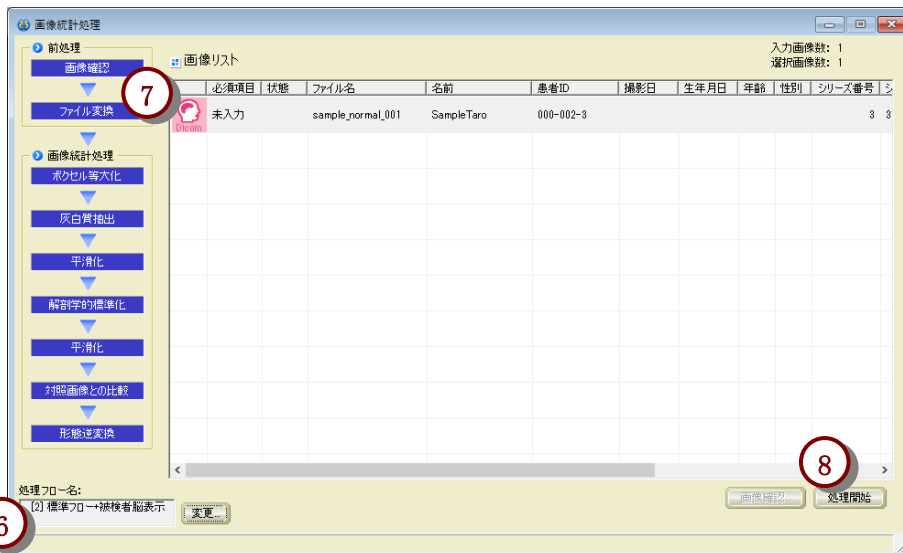


② 現在設定されているフローが表示されています。コンボボックスを「[2] 標準フロー+被検者脳表示」に変更してください。





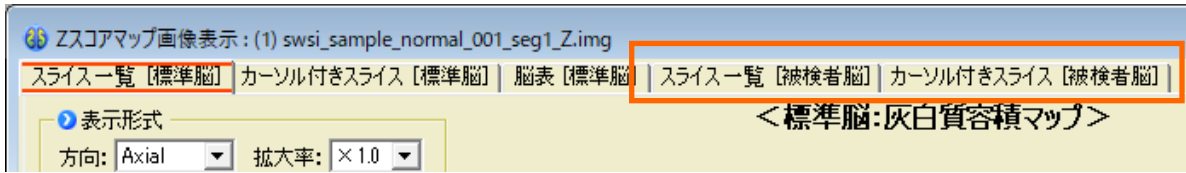
- ③7 番目の処理が被検者脳表示を行うための形態逆変換処理となっています。
- ④フローの説明が表示されます。
- ⑤[OK] ボタンを押してください。



- ⑥処理フロー名が「[2] 標準フロー+被検者脳表示」に変更されます。
- ⑦処理したい画像リストを選択してください。
- ⑧[処理開始] ボタンを押してください。[画像確認] ウィンドウが表示されます。[画像確認] ウィンドウで必須項目の入力を行い、[OK] ボタンにより処理を開始してください。

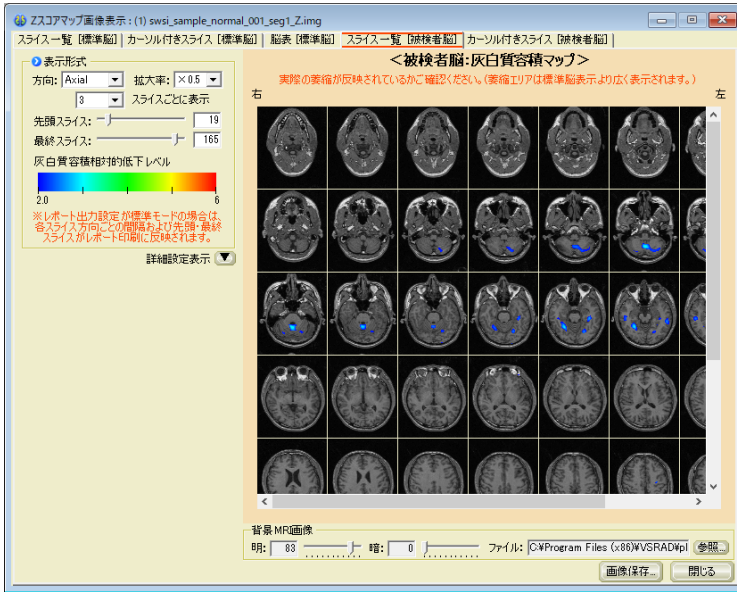
☞ 画像処理状況と情報の確認は、DICOM ファイルの【手順 4】の処理と同様となります。

■ 形態逆変換処理後の Z スコア表示



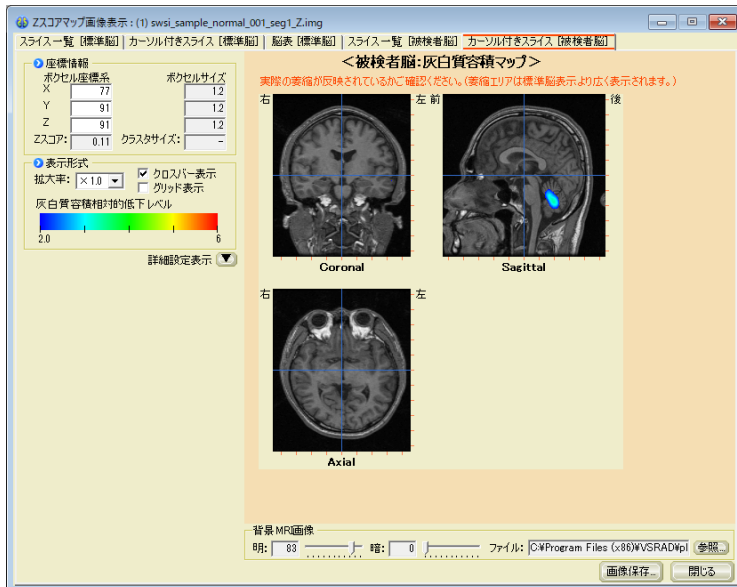
[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウに被検者脳表示のタブが表示されます。

■ Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - スライス一覧タブ



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] 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。

■ Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - カーソル付きスライスタブ



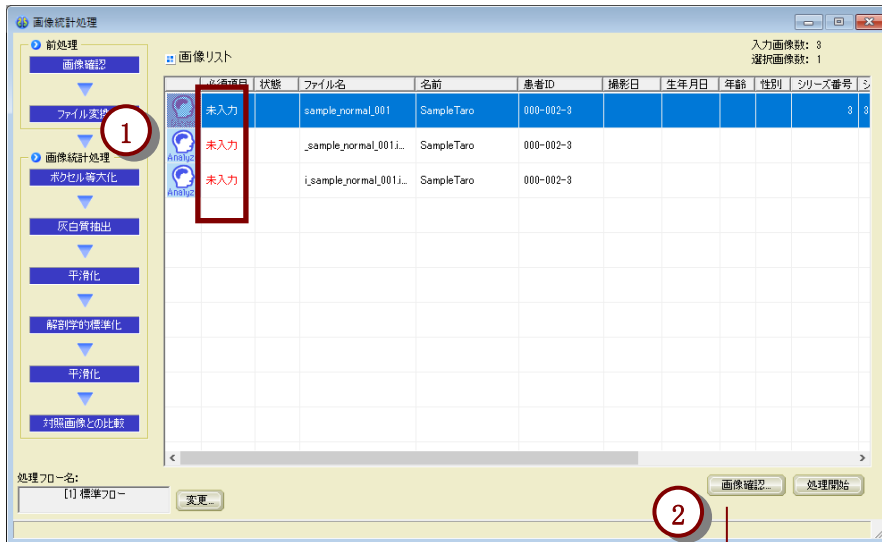
被検者脳を背景として画像の座標とスライスを確認する [カーソル付きスライス] タブです。スライス画像の表示位置を画像へのマウスクリックで変更して、MRI 画像、Z スコア、ボクセル座標の確認を行う画面です。  
※標準脳の画面と区別するため、背景を薄いオレンジ色で表示しています。

## 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 を開く]、[DICOM フォルダを開く]、[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。

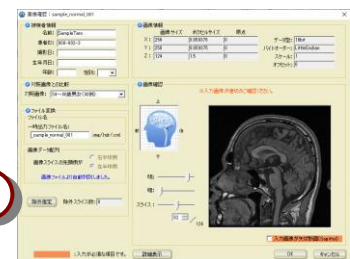
各ウィンドウの詳細は、【3章 各画面の説明】49 ページ をご覧ください。



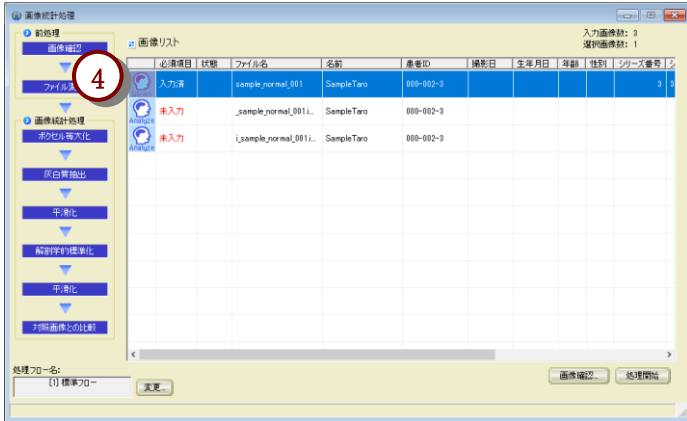
①画像ファイルを読み込んだ直後、通常は必須項目が「未入力」となっています。

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。

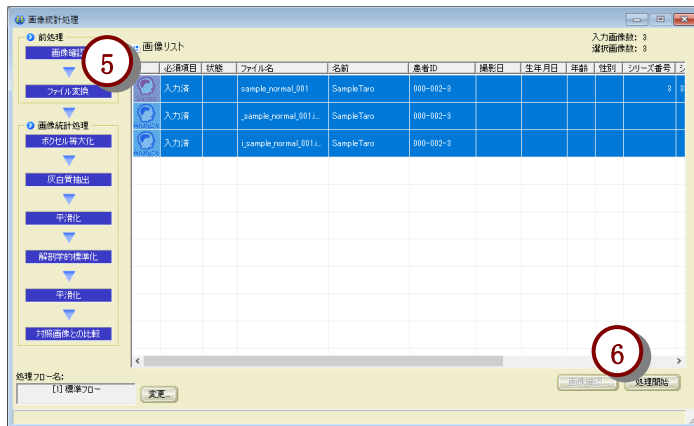
③[画像確認] ウィンドウで必須項目の入力を行い、[OK] ボタンを押します。



- ※ 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。処理を行いたい全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。



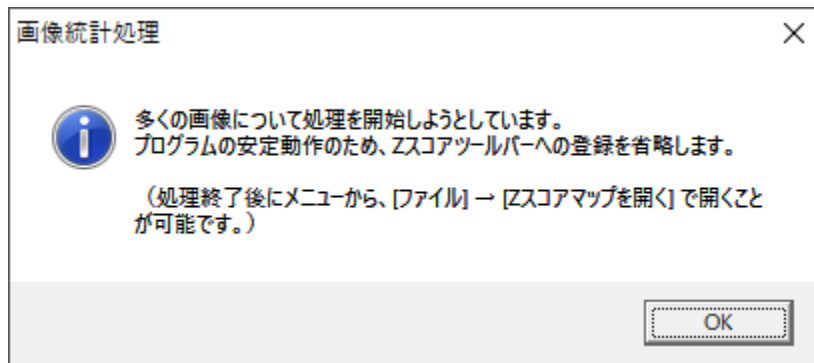
⑤Ctrl キーを押しながら、画像リストをマウスで選択することで、必須項目の入力を終えた複数画像リストを選択状態にします。

※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】13 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 6 以上選択した場合の動作



画像リストを 6 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 Z スコア ツールバーへの登録が省略されます。

処理終了後に、【 3.8 Z スコア表示】66 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。

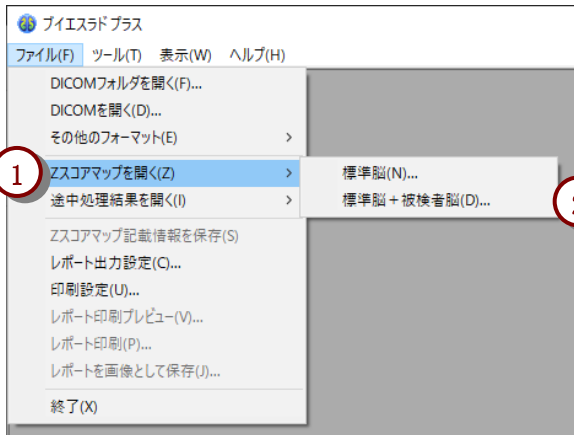
## 2.5. Zスコアマップを確認する

本プログラムでは画像解析終了後に Z スコアマップが生成されます。ここでは画像解析処理を行わずに過去に生成された Z スコアマップ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 (Ver.2.0)」、「VSRAD plus」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】32 ページをご覧ください。

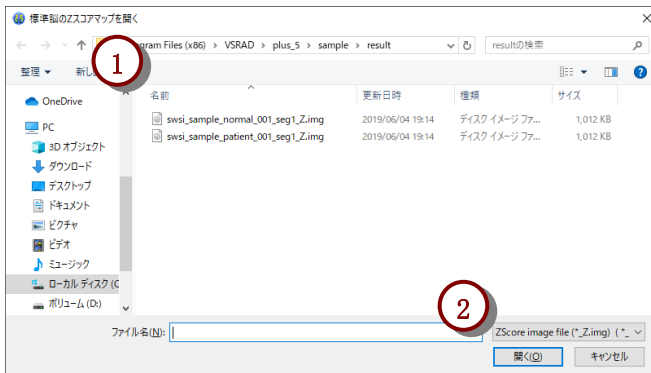
※ 複数の Z スコアマップを開くとエラーが発生することがあります。一度に開く Z スコアマップは 4 件程度までを目安にしてください。



① メニューから、[ファイル] → [Z スコアマップを開く] を選択してください。

② 標準脳表示のみを行ったフローで処理した場合は [標準脳] を、標準脳表示と被検者脳表示の両方を行うフローで処理した場合は [標準脳+被検者脳] を選択してください。

### 標準脳表示の場合



① Z スコアマップが格納されているフォルダから対象となるファイルを指定してください。Z スコアマップは拡張子が『img』、『hdr』、『xml』の 3 枚のファイルで構成されていますが、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。

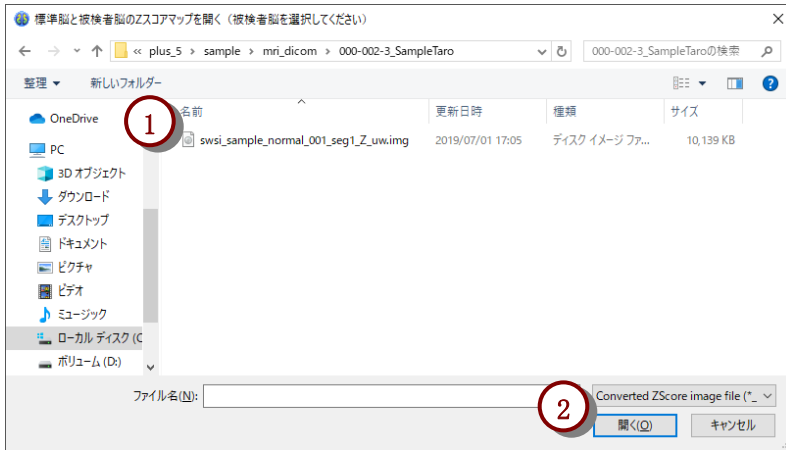
② [開く] ボタンを押してください。

※ Z スコアマップの通常画像情報は ANALYZE ファイルである『img』、『hdr』ファイルに保存されていますが、被検者情報や所見情報は『xml』ファイルに保存されています。

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】 51 ページを参照してください。

標準脳の Z スコアマップを開くと [Z スコアマップ記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウが表示されます。[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウには標準脳表示のみが行われます。

標準脳表示と被検者脳表示の同時表示の場合

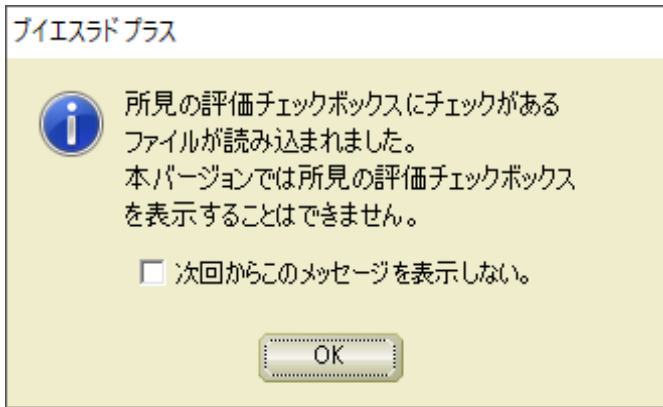


- ①被検者脳の Z スコアマップが格納されているフォルダから対象となるファイルを指定してください。Z スコアマップは拡張子が『img』、『hdr』、『xml』の3枚のファイルで構成されていますが、拡張子が『img』のファイルのみ表示されますので拡張子が『img』のファイルを選択してください。なお、被検者脳の Z スコアマップはファイル名の最後が「\_Z\_uw」、「\_Z\_ulw」、「\_Z\_u」のいずれかで終わるファイルです。
- ③ [開く] ボタンを押してください。

被検者脳の Z スコアマップを開くと、[Z スコアマップ記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウが表示されます。[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウには標準脳表示と被検者脳表示の同時表示が行われます。また、Z スコアツールバーに表示されるファイル名は標準脳の Z スコアマップのファイル名となります。

従来版で所見の評価をオンにした Z スコアマップを開いた場合

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 Z スコアマップを開くと、以下のアラートウィンドウが表示されます。



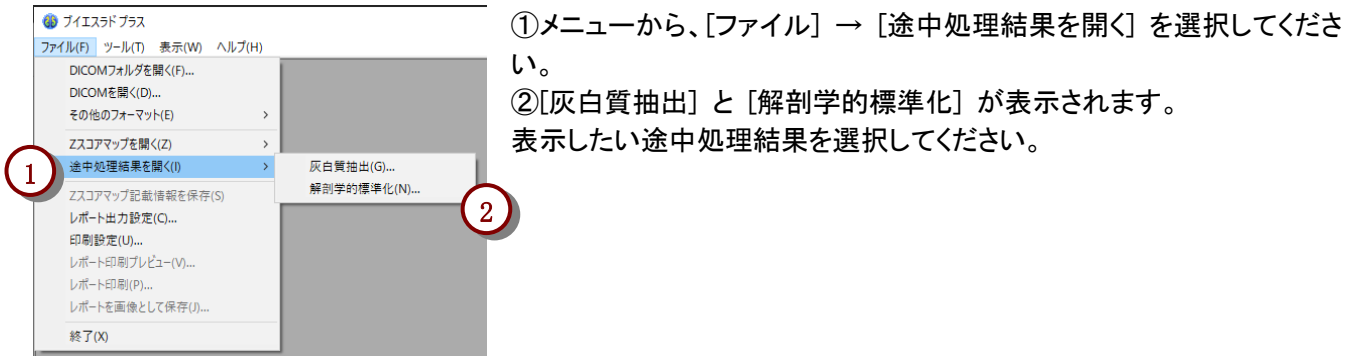
「次回からこのメッセージを表示しない。」をオンにすることで、次回以降はアラートウィンドウが表示されなくなります。

再度表示させたい場合は、Z スコアマップ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.5.00 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。

☞ Z スコアマップ表示設定ウィンドウの詳細は、【 4.2 Z スコアマップ表示設定】 84 ページ をご覧ください。

## 2.6. 途中処理結果ファイルを確認する

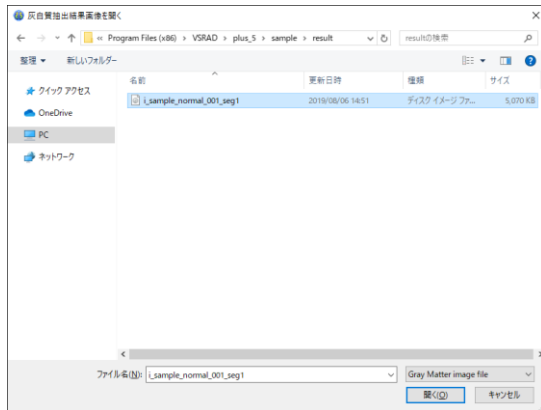
画像解析処理の途中処理結果である灰白質抽出と解剖学的標準化をメニューから開く操作手順を説明します。



- 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[灰白質抽出] と [解剖学的標準化] 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、灰白質抽出と解剖学的標準化で異なります。

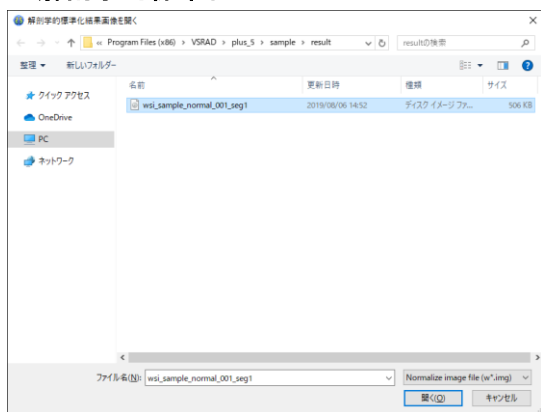
### 灰白質抽出



灰白質抽出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。灰白質抽出画像の『img』ファイルを選択してください。

- ☞ それぞれのファイルの命名規則に関しては【 6.1 本プログラムで生成されるファイル】100 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 トップウインドウ】の【ファイルメニュー】51 ページを参照してください。
- ※ファイルの種類として「Gray Matter image file」が2つ表示されますが、通常は上のままとしてください。

### 解剖学的標準化



解剖学的標準化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。解剖学的標準化の処理後画像である『img』ファイルを選択してください。

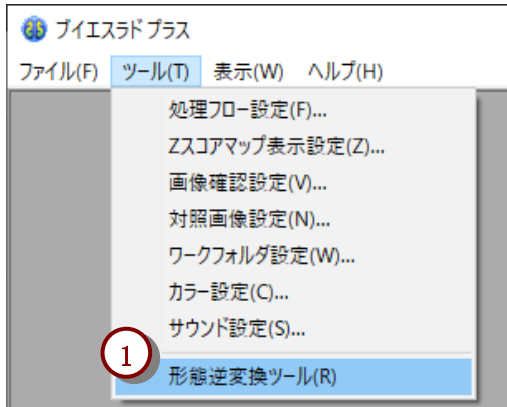
- ☞ それぞれのファイルの命名規則に関しては【 6.1 本プログラムで生成されるファイル】100 ページ をご覧ください。
- ☞ 上記ファイルを開く画面で表示される初期フォルダは【 3.3 トップウインドウ】の【ファイルメニュー】51 ページを参照してください。



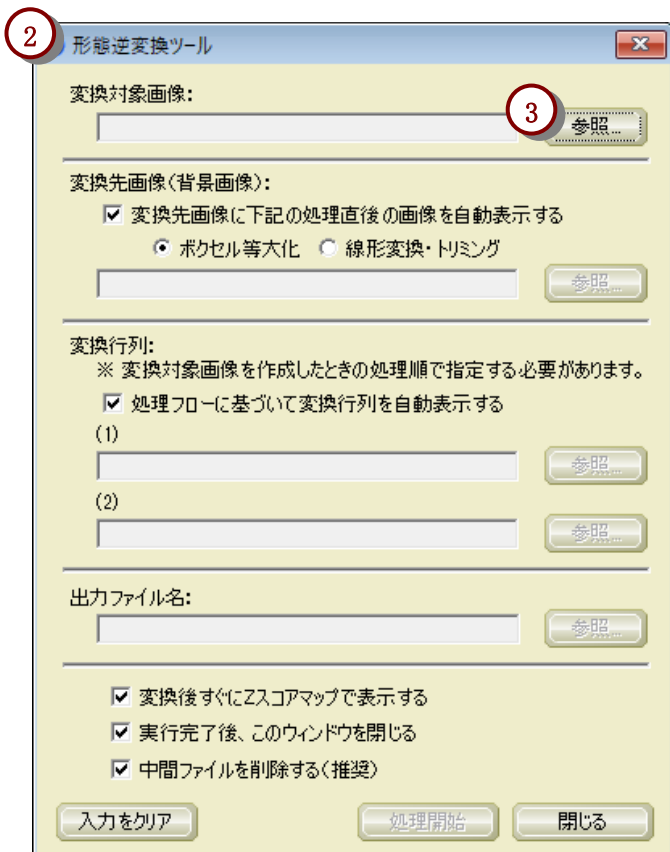
## 2.7. 被検者脳表示を単体で実行する

Z スコアマップファイルの形態逆変換を実行し、Z スコアマップファイルと標準化前の画像を重ね合わせる処理の操作手順を説明します。

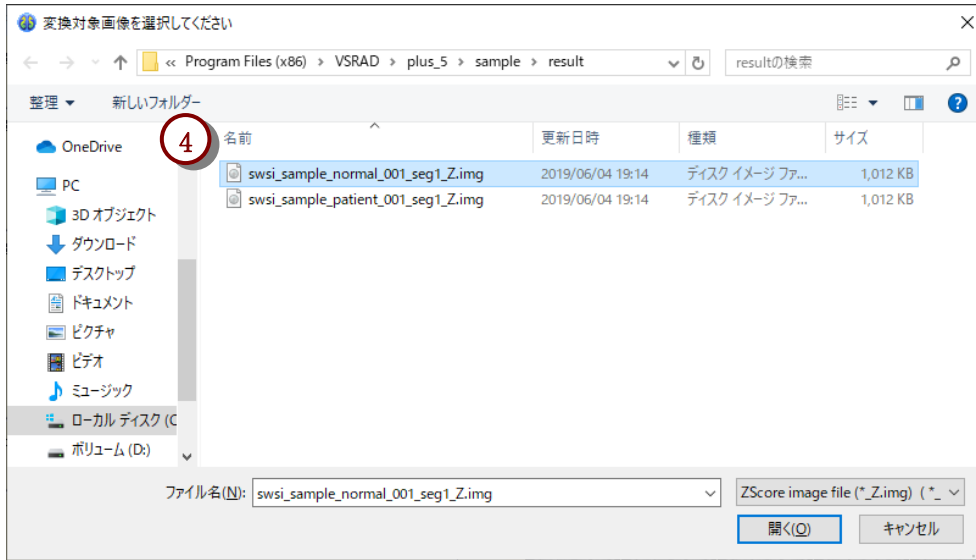
※変換対象画像として、「[1] 標準フロー」で処理した Z スコアマップファイルを入力した例を示します。



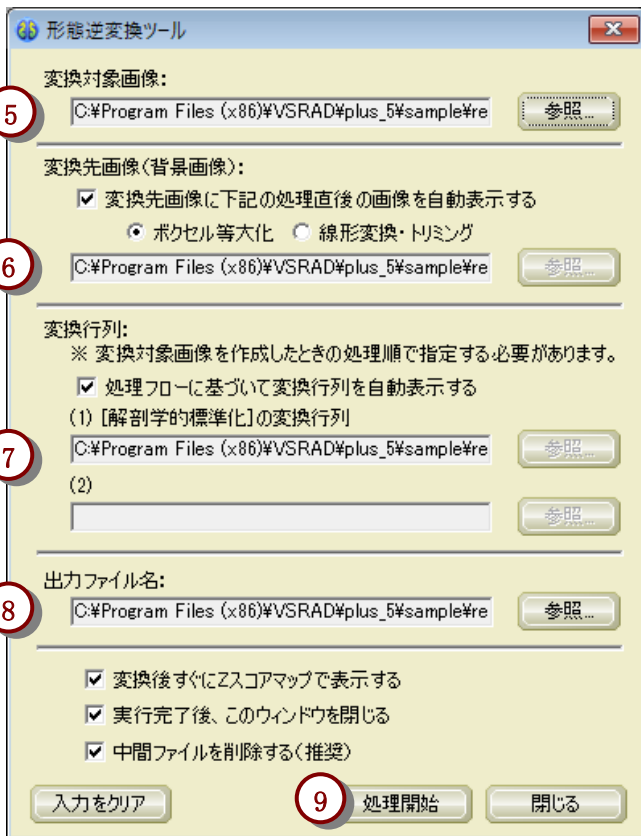
①メニューから、[ツール] → [形態逆変換ツール] を選択してください。



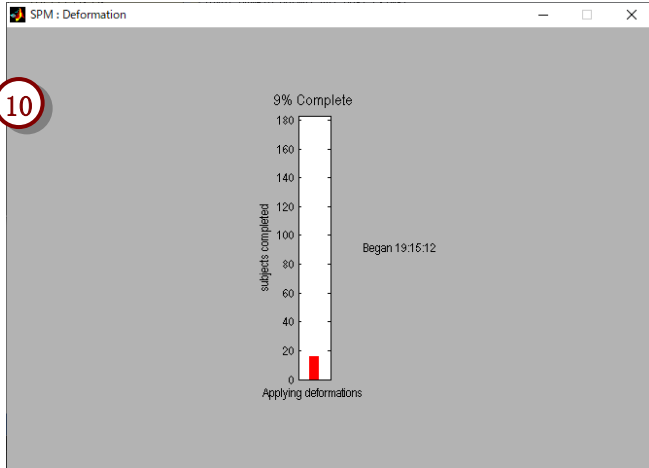
②[形態逆変換ツール] ウィンドウが表示されます。  
③[参照] ボタンを押します。



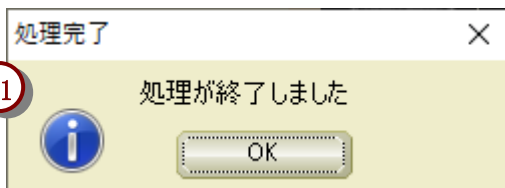
④本プログラムの対照画像との比較処理後に作成された Z スコアマップファイルを選択します。



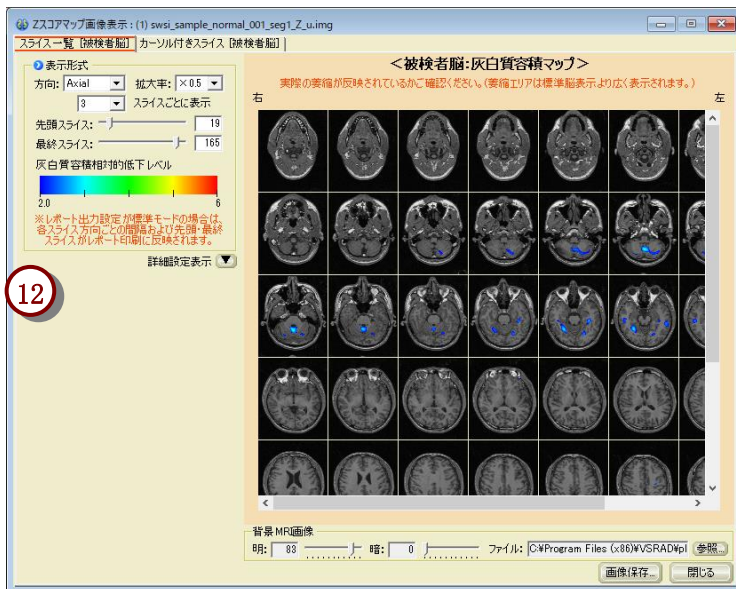
⑤～⑧各ファイル名が設定されたことを確認します。  
⑨[処理開始] ボタンを押します。



⑩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。このウィンドウは、処理完了後自動的に閉じます。



⑪処理が終了すると処理完了が表示されます。「OK」ボタンを押してください。



⑫Z スコアマップの被検者脳表示が行われます。

## 2.8. シンプルレポート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、シンプルレポートの設定で、付属のサンプル Z スコアマップファイル を例に説明します。

### 【手順1】 Z スコアマップを開く

メニューから [ファイル]→[Z スコアマップを開く]→[標準脳] を選び、ファイルダイアログから付属のサンプル Z スコアマップファイル(※)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\plus\_5\sample\result\bzrsmwc1hli\_sample\_normal\_001.vsr

・64bit OS の場合

C:\Program Files (x86)\VSRAD\plus\_5\sample\result\bzrsmwc1hli\_sample\_normal\_001.vsr

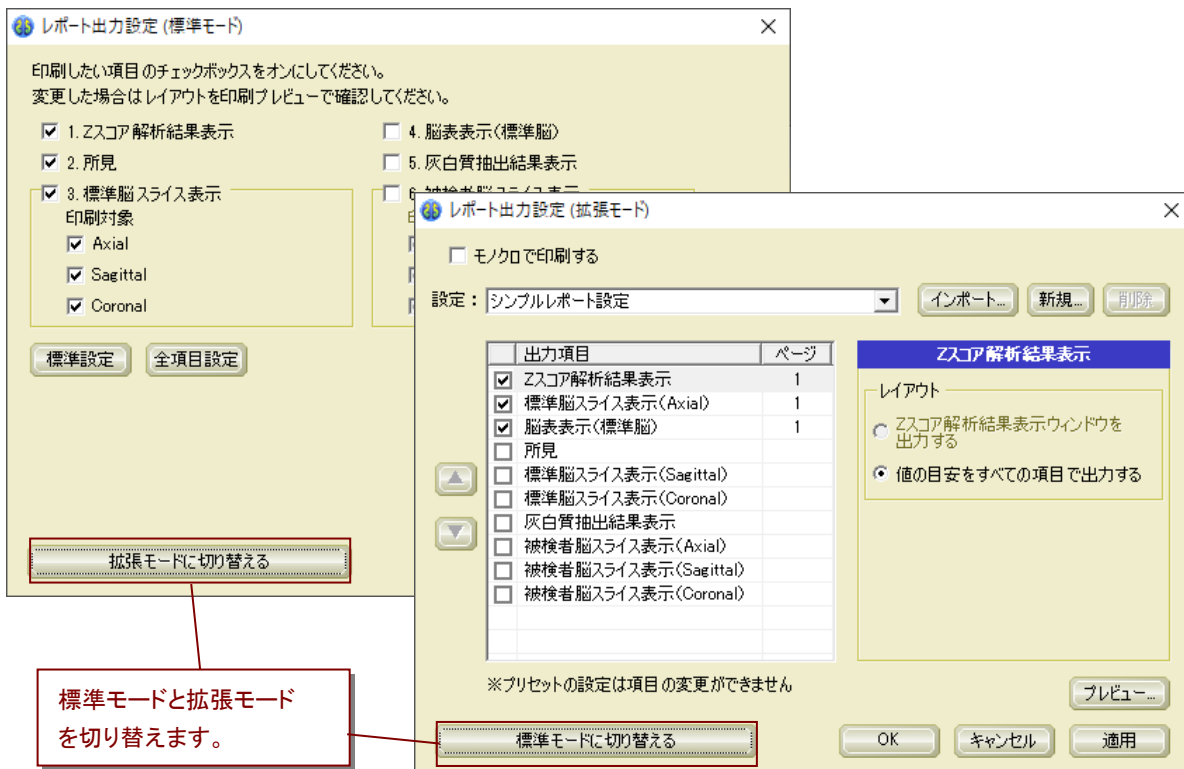
### 【手順2】 レポート出力設定を行う

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。初期状態ではウィンドウタイトルが「レポート出力設定 (標準モード)」となっていますが、[拡張モードに切り替える] ボタンを押し、ウィンドウタイトルが「レポート出力設定 (拡張モード)」となるよう変更します。

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

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

※ 【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。



【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。

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

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

処理フロー: **バイエスラド プラス シンプルレポート**

[1] 標準フロー

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

Zスコア解析結果 (自動算出)

<b>(1) 関心領域内の萎縮の程度</b> <small>【解説】関心領域内の萎縮の強さを表す指標です。                  (参考) 0~1... 関心領域内の萎縮はほとんど見られない                  1~2... 関心領域内の萎縮がやや見られる                  2~3... 関心領域内の萎縮がかなり見られる                  3~... 関心領域内の萎縮が強い</small>	<b>0.85</b>
<b>(2) 脳全体の中で萎縮している領域の割合</b> <small>【解説】脳全体の状態を表す指標です。                  (参考) 10~... 脳全体の萎縮が強い</small>	<b>1.56 %</b>
<b>(3) 関心領域の中で萎縮している領域の割合</b> <small>【解説】関心領域内の萎縮の広がりや面積を表す指標です。                  (参考) 0~20... 萎縮している面積が狭い                  30~50... 萎縮している面積がやや広い                  50~... 萎縮している面積が広い</small>	<b>0.00 %</b>
<b>(4) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較</b> <small>【解説】関心領域内の選択的な萎縮を表す指標です。                  (参考) 0~4... 選択性があるとはいえない                  4~8... 選択性が見られる                  8~... 選択性が強い</small>	<b>0.00 倍</b>

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

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

対照画像: 54~86歳男女 (80例)

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

右
左

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

左内側

右内側

右外側

左外側

後

前

下

上

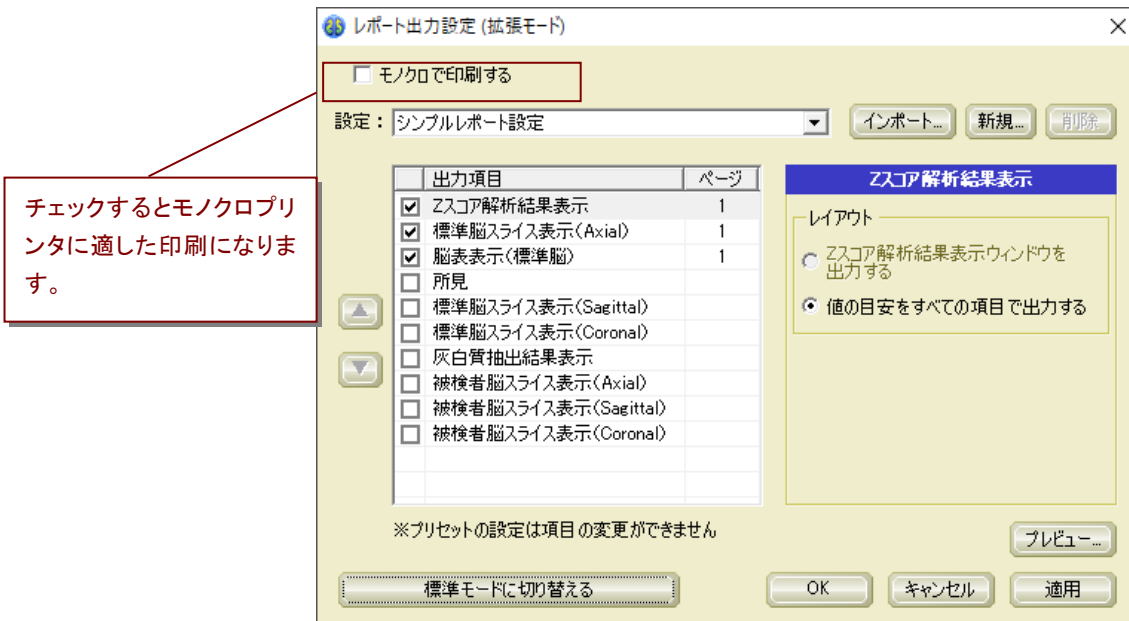
## 2.9. モノクロプリンタに適した形式でレポートを印刷する

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 (標準モード)」となっている場合は、[拡張モードに切り替える] ボタンを押し、ウィンドウタイトルが「レポート出力設定 (拡張モード)」となるよう変更します。

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。



### ✓ 【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。ROI は萎縮マップよりさらに濃い黒で印刷されます。

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

「シンプルレポート設定」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。

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

処理フロー: **バイエスラド プラス シンプルレポート**  
 [1] 標準フロー

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

Zスコア解析結果(自動算出)

<p><b>(1) 関心領域内の萎縮の程度</b> <span style="float: right;">0.85</span></p> <p>【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</p>	<p><b>(3) 関心領域の中で萎縮している領域の割合</b> <span style="float: right;">0.00 %</span></p> <p>【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</p>
<p><b>(2) 脳全体の中で萎縮している領域の割合</b> <span style="float: right;">1.56 %</span></p> <p>【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</p>	<p><b>(4) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較</b> <span style="float: right;">0.00 倍</span></p> <p>【解説】関心領域内の選択的な萎縮を表す指標です。                  (参考) 0~4... 選択性があるとはいえない                  4~8... 選択性が見られる                  8~... 選択性が強い</p>

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

2.0 
2.0
6
 灰白質容積相対的低下レベル 対照画像グループ: 武蔵病院DB(標準フロー、デフォルトパラメータ)

対照画像: 54~86歳男女(80例)

Axial(標準脳) ※背景に表示されている脳は標準脳のものであり、被検者画像ではありません。

右左

-40mm-36mm-32mm-28mm-24mm-20mm-16mm-12mm-8mm-4mm  
0mm4mm8mm12mm16mm20mm24mm28mm32mm36mm  
40mm44mm48mm52mm56mm60mm64mm68mm72mm76mm

脳表表示(標準脳) ※背景に表示されている脳は標準脳のものであり、被検者画像ではありません。

左内側右内側右外側左外側  
後前下上

## 2.10. オリジナルのレイアウトでレポートを印刷する

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

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

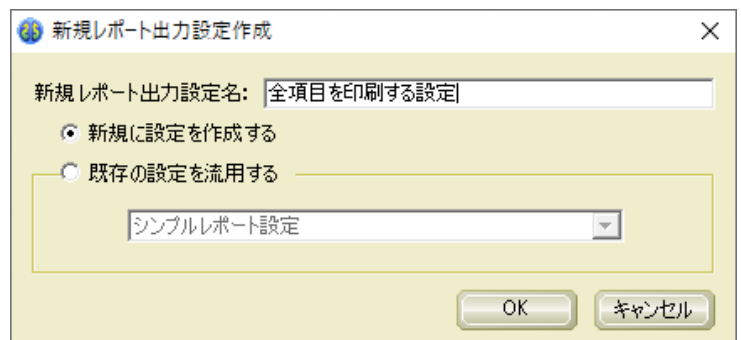
- ◇ 各出力項目について、1 ページに占める割合など設定可能な要素が多くなりました。(出力項目によって設定可能な要素が異なります)
- ◇ 各出力項目の順序を自由に設定できます。
- ◇ 各出力項目が何ページに出力されるか即座にわかり、さらにプレビューで確認することも可能です。

ここでは、オリジナルのレポート出力設定を作成して印刷する例を示します。

### ✓ 【手順1】レポート出力設定を新規作成する

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

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





✓【手順2】出力項目を選択する

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

さらに、上下矢印ボタンで印刷される順序を変更することができます。

出力項目には次のものがあります。

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

The screenshot shows the 'レポート出力設定 (拡張モード)' dialog box. It includes a table of output items with checkboxes and page numbers, a 'Zスコア解析結果表示' settings panel, and various control buttons. Red callout boxes provide instructions on how to use these features.

出力項目	ページ
<input checked="" type="checkbox"/> Zスコア解析結果表示	1
<input checked="" type="checkbox"/> 所見	1
<input checked="" type="checkbox"/> 標準脳スライス表示 (Axial)	1
<input checked="" type="checkbox"/> 標準脳スライス表示 (Sagittal)	2
<input checked="" type="checkbox"/> 標準脳スライス表示 (Coronal)	2
<input checked="" type="checkbox"/> 脳表表示 (標準脳)	3
<input checked="" type="checkbox"/> 灰白質抽出結果表示	4
<input checked="" type="checkbox"/> 被検者脳スライス表示 (Axial)	5
<input checked="" type="checkbox"/> 被検者脳スライス表示 (Sagittal)	6
<input checked="" type="checkbox"/> 被検者脳スライス表示 (Coronal)	7

Callout boxes in the image contain the following text:

- 何ページ目に出力されるかが表示されます。
- 選択されている出力項目の設定ができます。
- チェックした出力項目が印刷されます。
- 選択中の出力項目の順序を変更することができます。
- レイアウトのイメージがプレビューで確認できます。

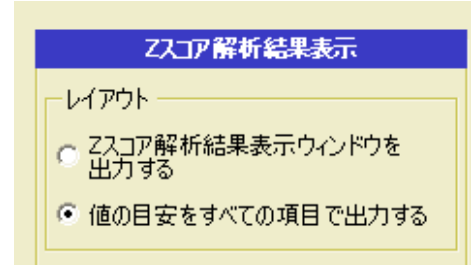
✓【手順3】各出力項目の詳細を設定する

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

■Zスコア解析結果表示

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

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



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

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

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

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

## ■所見

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

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

**所見**

所見出力項目

- コメント(最大15行)
- コメント(最大5行)

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

所見(医師が記入)

コメント

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

担当医師:

読影医師:

記載日:

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

所見(医師が記入)

コメント

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

担当医師:

読影医師:

記載日:

### ■標準脳スライス表示(Axial, Sagittal, Coronal)

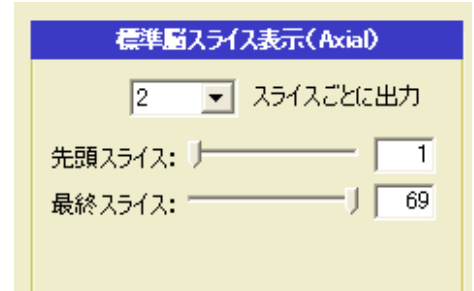
Z スコアマップ画像表示のスライス一覧[標準脳] で表示される axial、sagittal、coronal の各断面画像の出力を行います。

各断面について、

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

が指定できます。

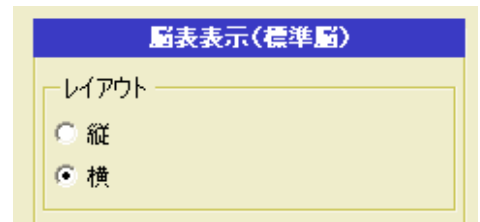
初期設定では、Z スコアマップ画像表示のスライス一覧と同じ見え方である、2 スライスごとに出力で、先頭スライスは 1、最終スライスは選択可能な最大値となっています。



### ■脳表表示(標準脳)

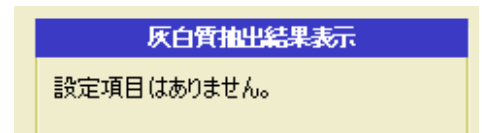
Z スコアマップ画像表示の脳表表示[標準脳] で表示される画像を出力します。レイアウトが以下の 2 通りから選択できます。

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



### ■灰白質抽出結果表示

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



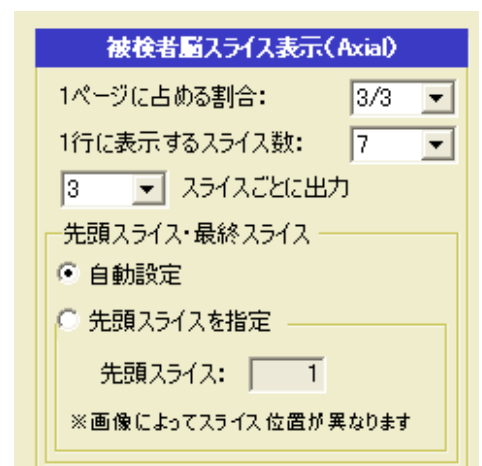
### ■被検者脳スライス表示(Axial, Sagittal, Coronal)

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

各断面について以下の項目が指定できます。

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

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



✓ 【手順4】レイアウトのイメージを確認する

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

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

✓ 【手順5】レポート印刷を行う

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

ここでは、全出力項目を出力し、被検者脳表示はそれぞれの断面の 1 ページに占める割合を 1/3 ページに設定した例を示します。

バイエスラド プラス 解析結果レポート page 1

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

名: SampleTaro 生年月日: 年齢: 歳 性別: 性別

Zスコア解析結果 (自動算出) 解析結果

標準解析結果

関心領域内の萎縮の程度 **0.85**

その他の解析結果 (参考)

(1) 脳全体の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア0を超えるボクセルの割合)  %

(2) 関心領域の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア0を超えるボクセルの割合)  %

(3) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較 (脳全体の萎縮を1とした場合)  倍

目次

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

所見 (医師が記入)

コメント

担当医師: 読取医師: 記載日:

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。2.0以上が有意に萎縮している領域です。(0.0色で囲まれた領域が関心領域です。)

灰白質容積相対低下レベル 対照基準グループ: 読取医師DB (標準フロー: デフォルト/ラダー)

対照画像: 54~81歳男女 (80例)

Sagittal (標準画)

※背景に表示されているMRI画像は標準画であり、被検者画像ではありません。

右

76mm 72mm 68mm 64mm 60mm 56mm 52mm 48mm

44mm 40mm 36mm 32mm 28mm 24mm 20mm 16mm

12mm 8mm 4mm 0mm 4mm 8mm 12mm 16mm

-20mm -24mm -28mm -32mm -36mm -40mm -44mm -48mm

-52mm -56mm -60mm -64mm -68mm -72mm -76mm

8mm 4mm 0mm 4mm 8mm 12mm 16mm 20mm 24mm 28mm

32mm 36mm 40mm 44mm 48mm 52mm 56mm 60mm 64mm 68mm

72mm 76mm 80mm 84mm

バイエスラド プラス 解析結果レポート page 2

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

名: SampleTaro 生年月日: 年齢: 歳 性別: 性別

Zスコア解析結果 (自動算出) 解析結果

標準解析結果

関心領域内の萎縮の程度 **0.85**

その他の解析結果 (参考)

(1) 脳全体の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア0を超えるボクセルの割合)  %

(2) 関心領域の中で萎縮している領域の割合 (Zスコア0を超えるボクセルの割合)  %

(3) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較 (脳全体の萎縮を1とした場合)  倍

目次

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

所見 (医師が記入)

コメント

担当医師: 読取医師: 記載日:

※脳全体における萎縮の程度をご確認ください。2.0以上が有意に萎縮している領域です。(0.0色で囲まれた領域が関心領域です。)

灰白質容積相対低下レベル 対照基準グループ: 読取医師DB (標準フロー: デフォルト/ラダー)

対照画像: 54~81歳男女 (80例)

Sagittal (標準画)

※背景に表示されているMRI画像は標準画であり、被検者画像ではありません。

右

76mm 72mm 68mm 64mm 60mm 56mm 52mm 48mm

44mm 40mm 36mm 32mm 28mm 24mm 20mm 16mm

12mm 8mm 4mm 0mm 4mm 8mm 12mm 16mm

-20mm -24mm -28mm -32mm -36mm -40mm -44mm -48mm

-52mm -56mm -60mm -64mm -68mm -72mm -76mm

8mm 4mm 0mm 4mm 8mm 12mm 16mm 20mm 24mm 28mm

32mm 36mm 40mm 44mm 48mm 52mm 56mm 60mm 64mm 68mm

72mm 76mm 80mm 84mm

Coronal (標準画)

※背景に表示されているMRI画像は標準画であり、被検者画像ではありません。

右

-112mm -108mm -104mm -100mm -96mm -92mm -88mm -84mm -80mm -76mm

-72mm -68mm -64mm -60mm -56mm -52mm -48mm -44mm -40mm -36mm

-32mm -28mm -24mm -20mm -16mm -12mm -8mm -4mm 0mm 4mm

8mm 12mm 16mm 20mm 24mm 28mm 32mm 36mm 40mm 44mm

48mm 52mm 56mm 60mm 64mm 68mm 72mm 76mm

page 3  
パイエスラド プラス (5.00.0001)  
sami\_sample\_normal\_001\_seg\_L21.png / hbr.xml

船形フロー:  
[2] 標準フロー→被検者脳表示

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

※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。  
灰白質容積相対的低下レベル 対照画像グループ: 健康成人DB (標準フロー、デフォルトパラメータ)  
対照画像: 54~68歳男女 (60例)

※青紫に表示されているMRI画像是標準画であり、被検者画像ではありません。

### 脳表表示

左内側 右内側  
後 前  
右外側 左外側  
下 上

page 4  
パイエスラド プラス (5.00.0001)  
sami\_sample\_normal\_001\_seg\_L21.png / hbr.xml

船形フロー:  
[2] 標準フロー→被検者脳表示

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

### 灰白質抽出結果

抽出前画像 灰白質 白質 脳脊髄液

page 5  
パイエスラド プラス (5.00.0001)  
sami\_sample\_normal\_001\_seg\_L21.png / hbr.xml

船形フロー:  
[2] 標準フロー→被検者脳表示

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

※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。  
灰白質容積相対的低下レベル 対照画像グループ: 健康成人DB (標準フロー、デフォルトパラメータ)  
対照画像: 54~68歳男女 (60例)

### 被検者脳表示

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

右 左

Axial (被検者脳)

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

前 後

Sagittal (被検者脳)

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

右 左

Coronal (被検者脳)

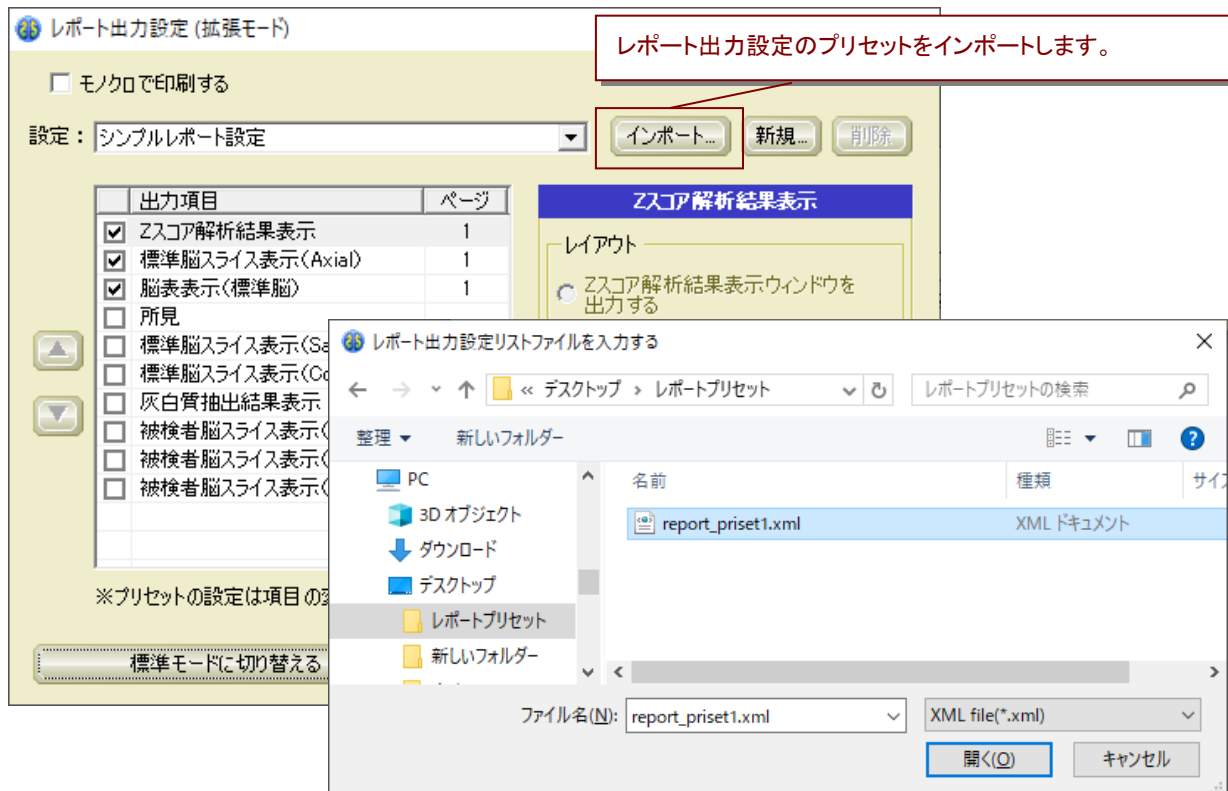
## 2.1.1. レポート出力設定プリセットを追加する

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

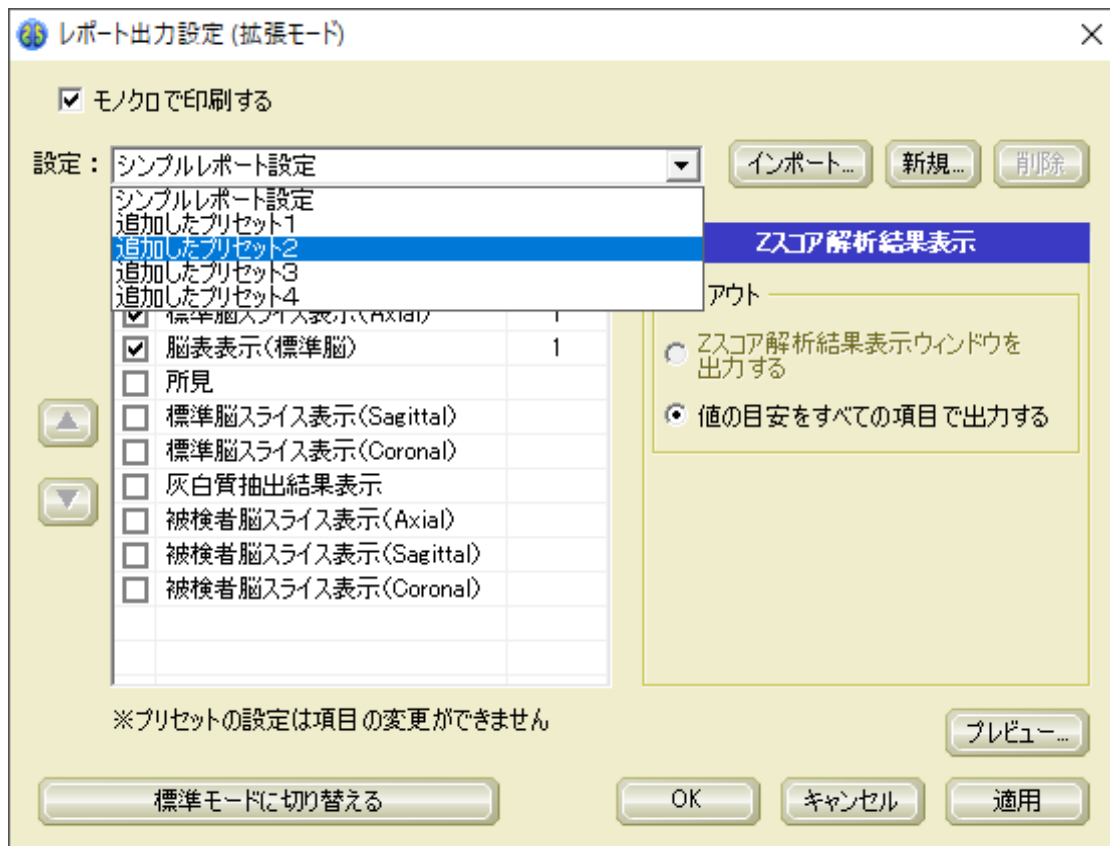
[レポート出力設定 (拡張モード)]ウィンドウで、[インポート]ボタンを押すとファイルダイアログが表示されます。ここで、追加したいプリセットファイル (拡張子:xml) を選択してください。



※ 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

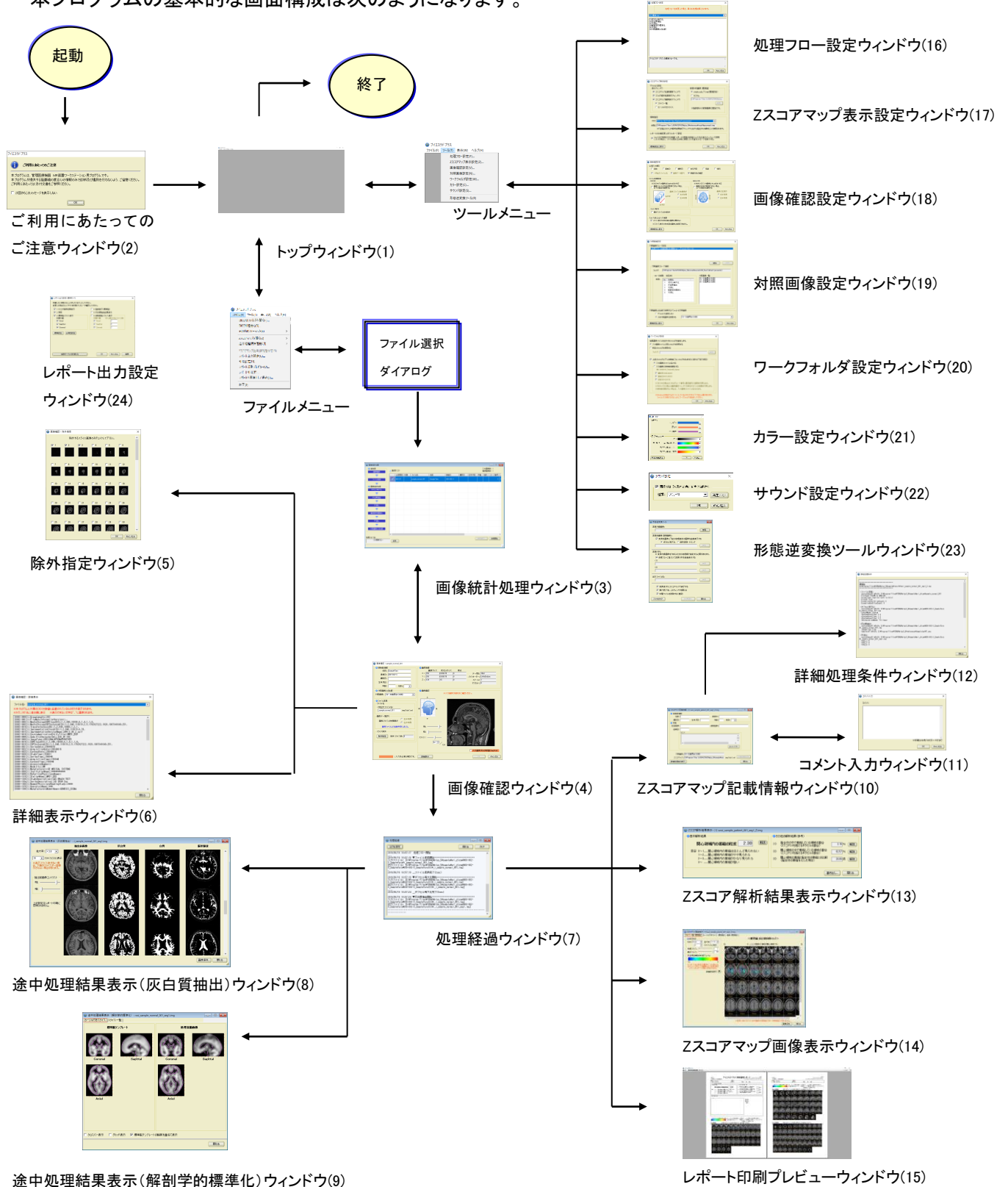
メニューから [ファイル]→[Z スコアマップを開く]→[標準脳] を選び、Z スコアマップファイルを開いたのち、メニューから [ファイル]→[レポート印刷] を選ぶと [印刷]ダイアログが表示されます。所望のプリンタを選択し[OK]ボタンを押すと印刷が行えます。



### 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

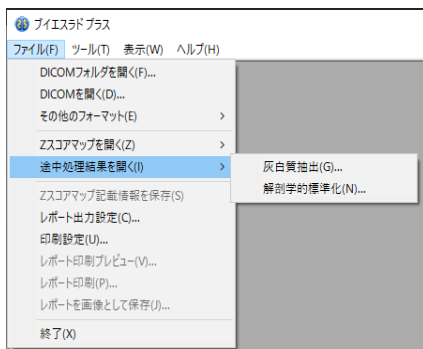
本プログラムのウィンドウに関して説明します。

No		備考	ページ
1	トップウィンドウ	最初に表示されるウィンドウです。メニューから処理を選択します。	51
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。	7
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。	55
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。	58
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。	61
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。	61
7	処理経過ウィンドウ	処理の経過表示を行います。	62
8	途中処理結果表示(灰白質抽出)ウィンドウ	灰白質抽出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。	63
9	途中処理結果表示(解剖学的標準化)ウィンドウ	解剖学的標準化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。	64
10	Z スコアマップ記載情報ウィンドウ	被検者情報・所見情報の入力・確認と、Z スコア表示設定を行います。	68
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。	68
12	詳細処理条件ウィンドウ	Z スコアマップファイル生成までの詳細な処理手順が表示されます。	68
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。	69
14	Z スコアマップ画像表示ウィンドウ	<ul style="list-style-type: none"> <li>・スライス表示タブ(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。</li> <li>・カーソル付きスライス表示タブ(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。</li> <li>・脳表表示タブ(標準脳のみ) Z スコアマップファイルから6方向で脳表表示します。</li> </ul>	72
15	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。	80
16	処理フロー設定ウィンドウ	処理フローの設定を行います。	82
17	Z スコアマップ表示設定ウィンドウ	Z スコア表示の際に用いる背景 MRI 画像の指定と、関心領域(ROI)画像の確認を行います。	84
18	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。	86
19	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。	88
20	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。	90
21	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(ROI)の線の色、スケールの色を設定します。	92
22	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。	93
23	形態逆変換ツールウィンドウ	Z スコアマップの逆変換処理を行い、Z スコアマップと標準化前の画像の重ね合わせ表示を行います。	94
24	レポート出力設定ウィンドウ	標準モードと拡張モードがあります。標準モードでは、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。拡張モードでは、レポートのレイアウトを細かく指定することができます。	77

### 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	フォルダにある全ての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。	8
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、撮像日、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。	9
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。	20
その他のフォーマット→ANALYZEフォルダを開く	フォルダにある全ての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。	21
Zスコアマップを開く→標準脳	標準脳のZスコアマップファイルを開きます。(ANALYZEフォーマット)	30
Zスコアマップを開く→標準脳+被検者脳	標準脳と被検者脳のZスコアマップファイルを開きます。選択するファイルは被検者脳のZスコアマップファイルです。(ANALYZEフォーマット)	30
途中処理結果を開く→灰白質抽出	灰白質抽出ファイルを開きます。(ANALYZEフォーマット)	32
途中処理結果を開く→解剖学的標準化	解剖学的標準化ファイルを開きます。(ANALYZEフォーマット)	32
Zスコアマップ記載情報を保存	現在、ZスコアツールバーのZスコア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。	66
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。	77
印刷設定	印刷の設定を行います。	77
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。	77
レポート印刷	レポートを印刷します。	77
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。	77
終了	全てのウィンドウを閉じてプログラムを終了します。	-

○Z スコアマップを開く

Z スコアマップは『img』、『hdr』、『xml』の 3 つのファイルから構成されています。メニューから、[ファイル] → [Z スコアマップを開く] を選択し、Z スコアマップの『img』ファイルである “〇〇〇.img” を選択すると、“〇〇〇O.img/hdr/xml” が開かれます。また、『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、Z スコアウィンドウで [記載情報保存] ボタンを押すことで、『xml』ファイルが生成されます。

○途中処理結果を開く(灰白質抽出)

灰白質抽出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 ANALYZE 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] → [灰白質抽出] を選択し、灰白質抽出の『img』ファイルである “〇〇〇\_seg1.img” を選択すると、抽出前画像の “〇〇〇O.img/hdr”、灰白質画像の “〇〇〇\_seg1.img/hdr”、白質画像の “〇〇〇\_seg2.img/hdr”、脳脊髄液画像の “〇〇〇\_seg3.img/hdr” が同時に開かれます。

○途中処理結果を開く(解剖学的標準化)

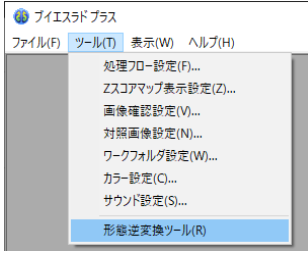
解剖学的標準化の途中処理結果を開くには、標準脳テンプレートと解剖学的標準化の処理結果画像が必要です。メニューから、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [解剖学的標準化] を選択し、解剖学的標準化の処理結果画像の『img』ファイルである “w〇〇〇O.img” を選択します。すると、“w〇〇〇O.xml” に書かれた標準脳テンプレート画像と、解剖学的標準化の処理結果画像の “〇〇〇O.img/hdr” が開かれます。

○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。

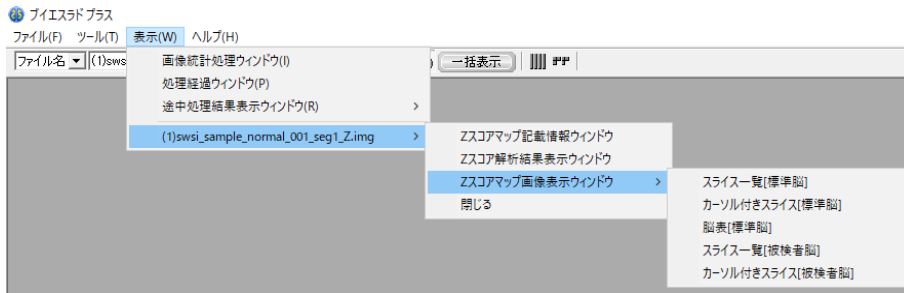
ファイルを開く機能	初期フォルダ
DICOMを開く	本プログラムで直前に開かれたフォルダ
その他のフォーマット→ANALYZEを開く	本プログラムで直前に開かれたフォルダ
Zスコアマップを開く→標準脳	本プログラムで直前に開かれたフォルダ
Zスコアマップを開く→標準脳+被検者脳	本プログラムで直前に開かれたフォルダ
途中処理結果を開く→灰白質抽出	ワークフォルダ設定の「特定のフォルダを指定する」で指定されたフォルダ (指定されていない場合は、本プログラムで直前に開かれたフォルダ)
途中処理結果を開く→解剖学的標準化	ワークフォルダ設定の「特定のフォルダを指定する」で指定されたフォルダ (指定されていない場合は、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。	82
Zスコアマップ表示設定	Zスコア表示設定ウィンドウを表示します。	84
画像確認設定	画像確認設定ウィンドウを表示します。	86
対照画像設定	対照画像設定ウィンドウを表示します。	88
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。	90
カラー設定	カラー設定ウィンドウを表示します。	92
サウンド設定	サウンド設定ウィンドウを表示します。	93
形態逆変換ツール	形態逆変換ツールウィンドウを表示します。	94

■ 表示メニュー

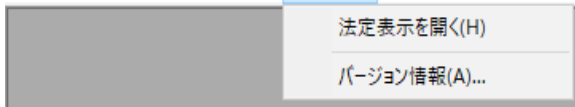


コマンド名	目的	ページ
画像統計処理ウィンドウ	[画像統計処理] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	55
処理経過ウィンドウ	[処理経過] ウィンドウを表示します。すでにウィンドウが表示されている場合は、前面に表示します。	62
途中処理結果表示ウィンドウ →灰白質抽出	[途中処理結果表示(灰白質抽出)] ウィンドウが開かれている場合に、前面に表示します。	63
途中処理結果表示ウィンドウ →解剖学的標準化	[途中処理結果表示(解剖学的標準化)] ウィンドウが開かれている場合に、前面に表示します。	64
"Zスコアマップファイル名"	Zスコアマップファイルの [Zスコアマップ記載情報] ウィンドウ、[Zスコア解析結果表示] ウィンドウ、[Zスコアマップ画像表示] ウィンドウの各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。また、[閉じる] ボタンを選択することで、Zスコアマップファイルを閉じます。	-

■ ヘルプメニュー

アイエスラド プラス

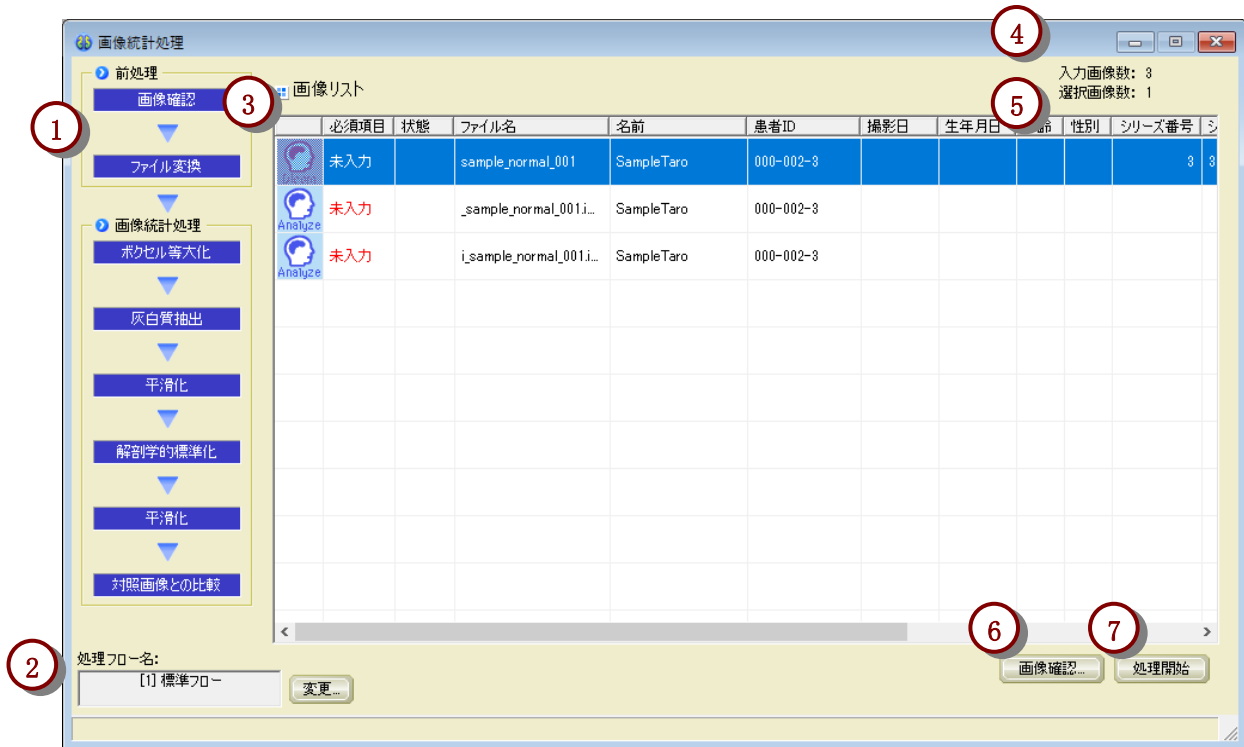
ファイル(F) ツール(T) 表示(W) ヘルプ(H)



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・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、変更ボタン

現在指定されている処理フロー名が表示されます。また、変更ボタンを押すことで、「処理フロー設定」ウィンドウが表示されます。

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(赤)かANALYZE画像(青)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、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
撮影日	画像の撮影日
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) 標準フローで作成されるZスコアマップファイルの場合 フ-ボ-灰-平-解-平-対 (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 ……全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。)
- エクスプローラで開く ……画像が存在するフォルダをエクスプローラで開きます。
- 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。

#### 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。

#### ⑦[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。)

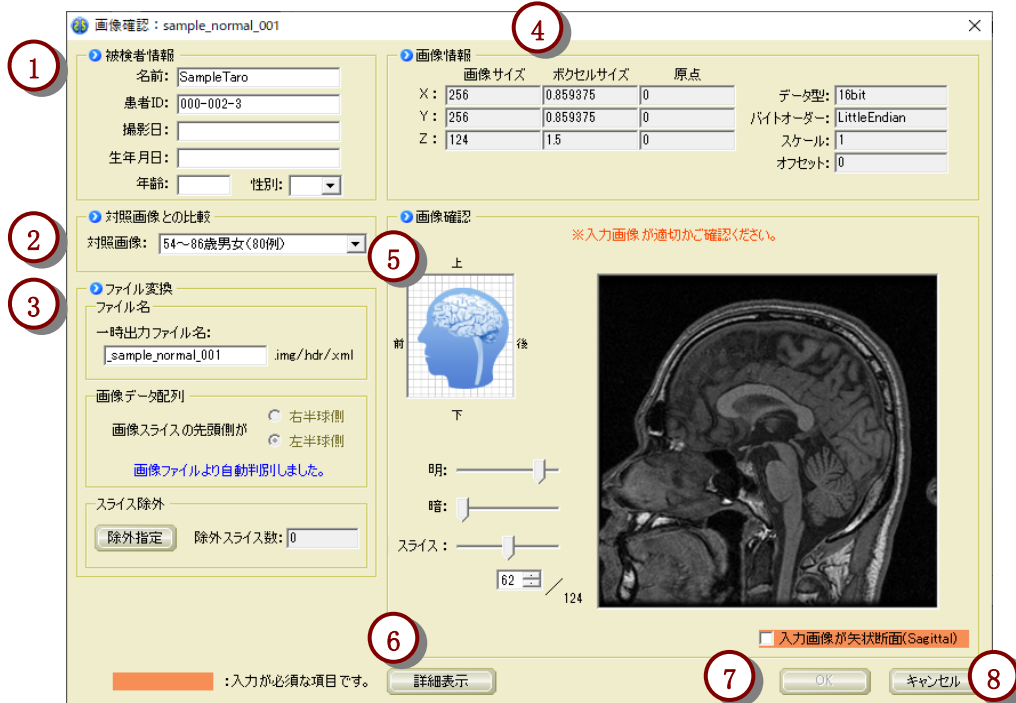
処理の実行中は、[処理開始] ボタンが [処理中止] ボタンに変わります。このボタンを押すと処理フローを中止することができます。

※ 処理の中止が完了するまでに、ある程度時間がかかることがあります。

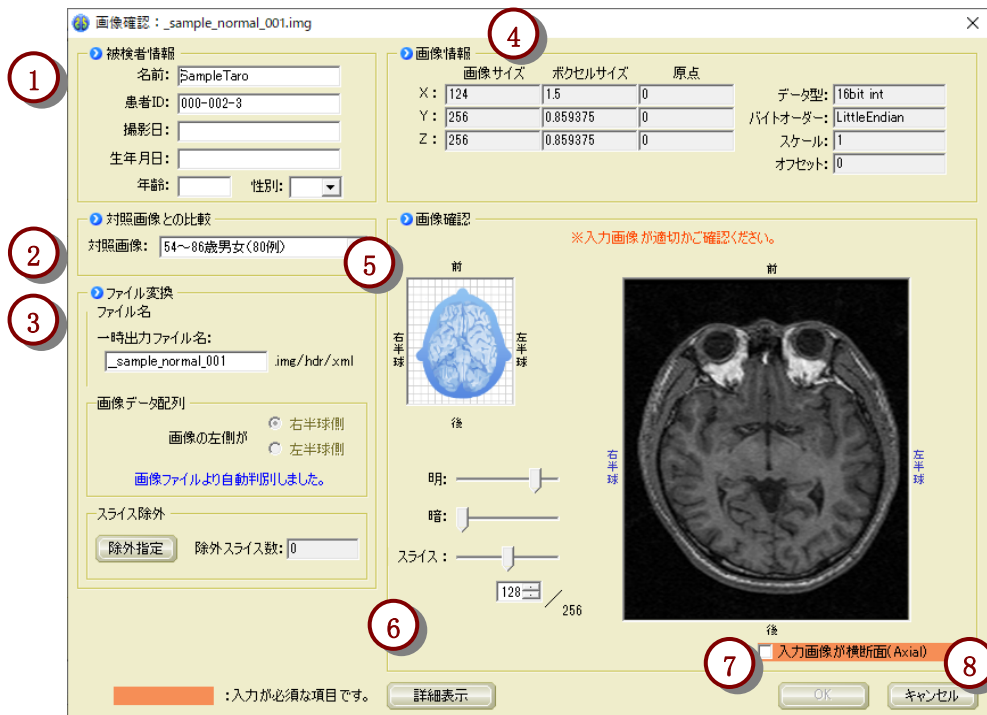
### 3.5. 画像確認ウィンドウ

「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



#### ■ 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、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)
撮影日	“YYYY.MM.DD”形式(YYYY:西暦、MM:月、DD:日)
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「対照画像」を指定します。

- ※ 初期設定では「54～86 歳男女(80 例)」が選択されるようになっています。
- ※ [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 ANALYZE 画像のどちらの場合も、画像データ配列とスライス除外の設定を反映した ANALYZE 画像が生成され、被検者情報に関しては、『xml』形式の ANALYZE 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。

[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。本プログラムで生成された 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」、「オフセット」の値を確認することができます。

#### 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。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。



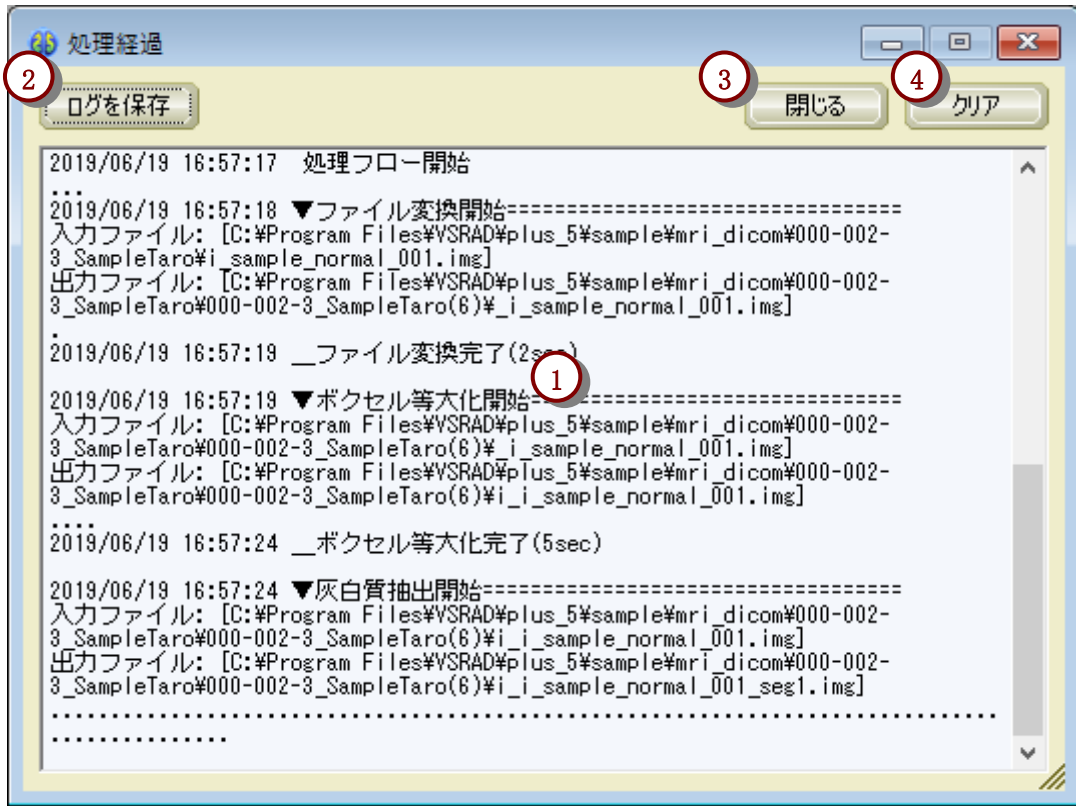
- ① DICOM 画像の場合は複数ファイルから構成されるので、表示したいファイル名を上部のコンボボックスで選択してください。ANALYZE ファイルの場合は『img』ファイルのファイル名が表示されます。

- 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。本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。

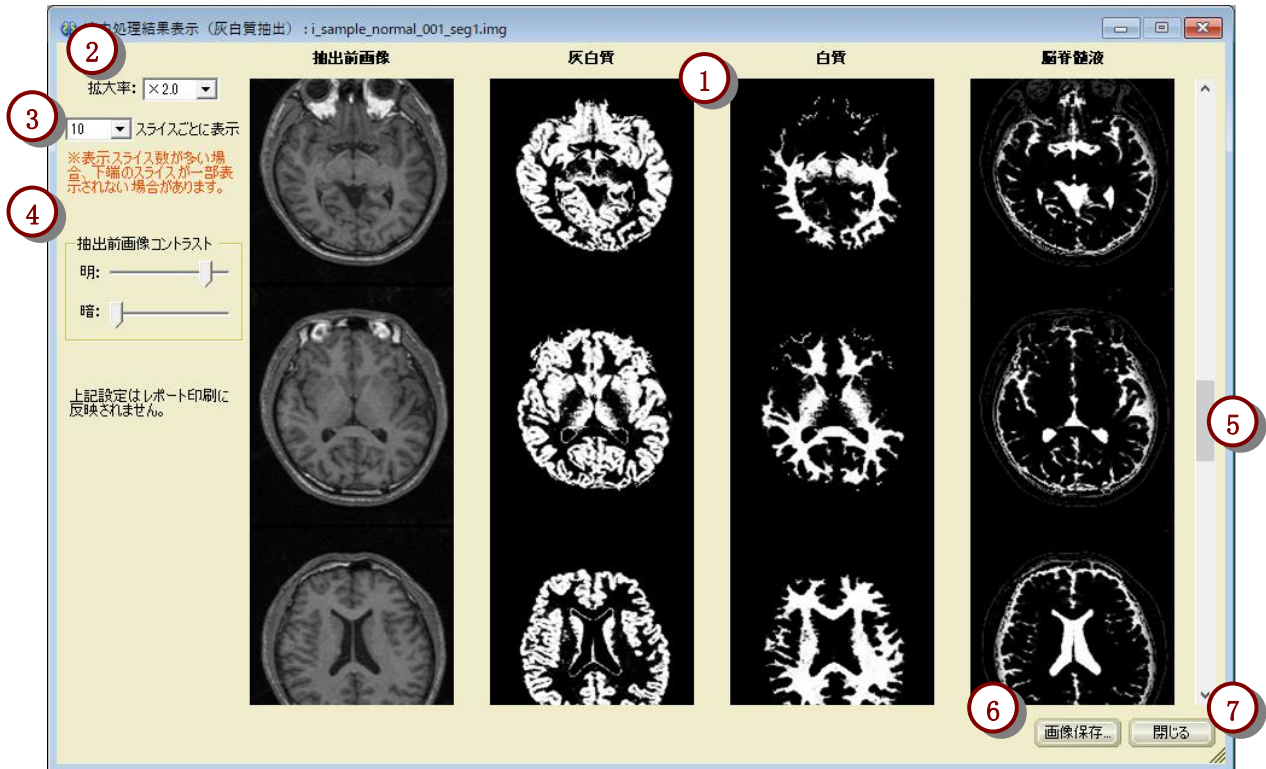
※ 処理経過ウィンドウの内容は ProcessLog\_〇〇〇.txt というファイル名で自動的にワークフォルダに保存されます。このときファイルパスは“\*”に置換されて出力されます。

### 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(灰白質抽出)] ウィンドウと、[途中処理結果表示(解剖学的標準化)] ウィンドウの 2 種類があります。それぞれ、灰白質抽出および解剖学的標準化の処理結果を確認するウィンドウです。

#### ■ 途中処理結果表示(灰白質抽出)ウィンドウ

[途中処理結果表示(灰白質抽出)] ウィンドウは、灰白質抽出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か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。

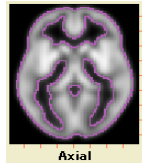
■ 途中処理結果表示(解剖学的標準化)ウィンドウ

[途中処理結果表示(解剖学的標準化)] ウィンドウは、解剖学的標準化処理の終了時に表示されます。

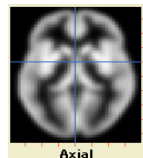


- ① 解剖学的標準化は「カーソル付きスライス」と「スライス一覧」を、タブで切り替えることが可能です。
- ② 「カーソル付きスライス」か「スライス一覧」のいずれかで画像が表示されます。

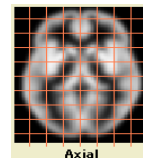
[途中処理結果表示(解剖学的標準化)] ウィンドウには、画像の上にオーバーレイ表示する機能があります。「カーソル付きスライス」と「スライス一覧」どちらでも、「標準脳テンプレートの輪郭を重ねて表示」(標準脳画像のアウトラインと処理後脳画像とを重ね合わせた画像表示)を行うことができます。また、「カーソル付きスライス表示」では、クロスバー、グリッドの表示も可能です。クロスバー、グリッド表示により、標準脳と比較する際に、対応する座標位置が分かりやすくなります。



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標準脳画像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

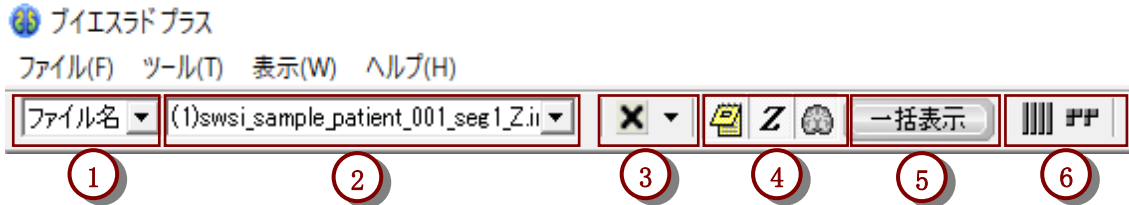


- ①横断(axial)、冠状断(coronal)、矢状断(sagittal)で処理後画像が表示されます。画像の下には MNI 座標系で座標が表示されます。
- ②チェックを入れることで、「標準脳テンプレートの輪郭を重ねて表示」を行うことができます。
- ③[閉じる] ボタンを押すと、ウィンドウが閉じます。

### 3.8. Z スコア表示

処理フローが終了したときおよび、メニューの [ファイル] → [Z スコアマップを開く] で Z スコアマップを開いたときに、[Z スコアマップ記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウが表示されます。また、全体画面上部に Z スコアツールバーが表示されます。

#### ■ Z スコアツールバー



#### 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、撮影日、生年月日、年齢から選択します。

#### ②Z スコアマップ選択

③④⑥の操作の対象となる Z スコアマップファイルを選択します。  
何らかの Z スコアマップが表示されている場合は、選択された Z スコアマップ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 Z スコアマップを閉じます。  
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 Z スコアを閉じることができます。

#### ④[Z スコア表示] ボタン

[Z スコアマップ記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果表示] ウィンドウ、[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウの表示状態を変更・確認します。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

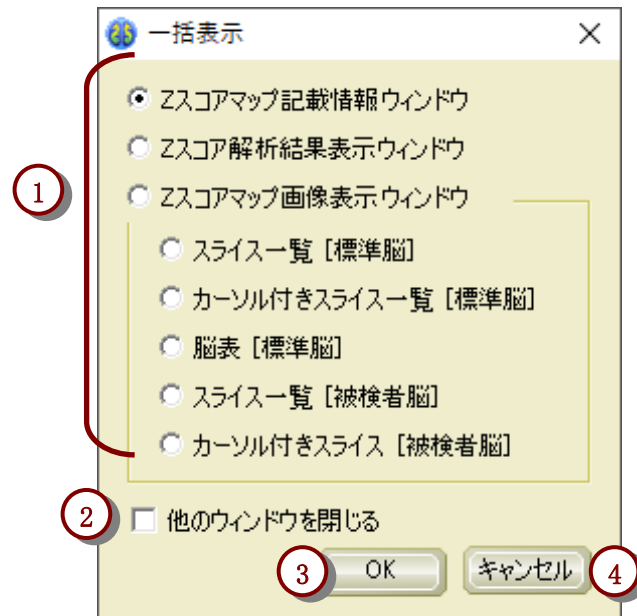
このボタンが押されると、[一括表示] ウィンドウ(67 ページ)を表示します。

#### ⑥[途中処理結果表示] ボタン

左から、[途中処理結果表示(灰白質抽出)] ウィンドウ、[途中処理結果表示(解剖学的標準化)] ウィンドウを表示するボタンです。Z スコアマップ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「Z スコアマップ選択」に表示される Z スコアに関して、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。[Z スコアマップ画像表示] 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 Z スコア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

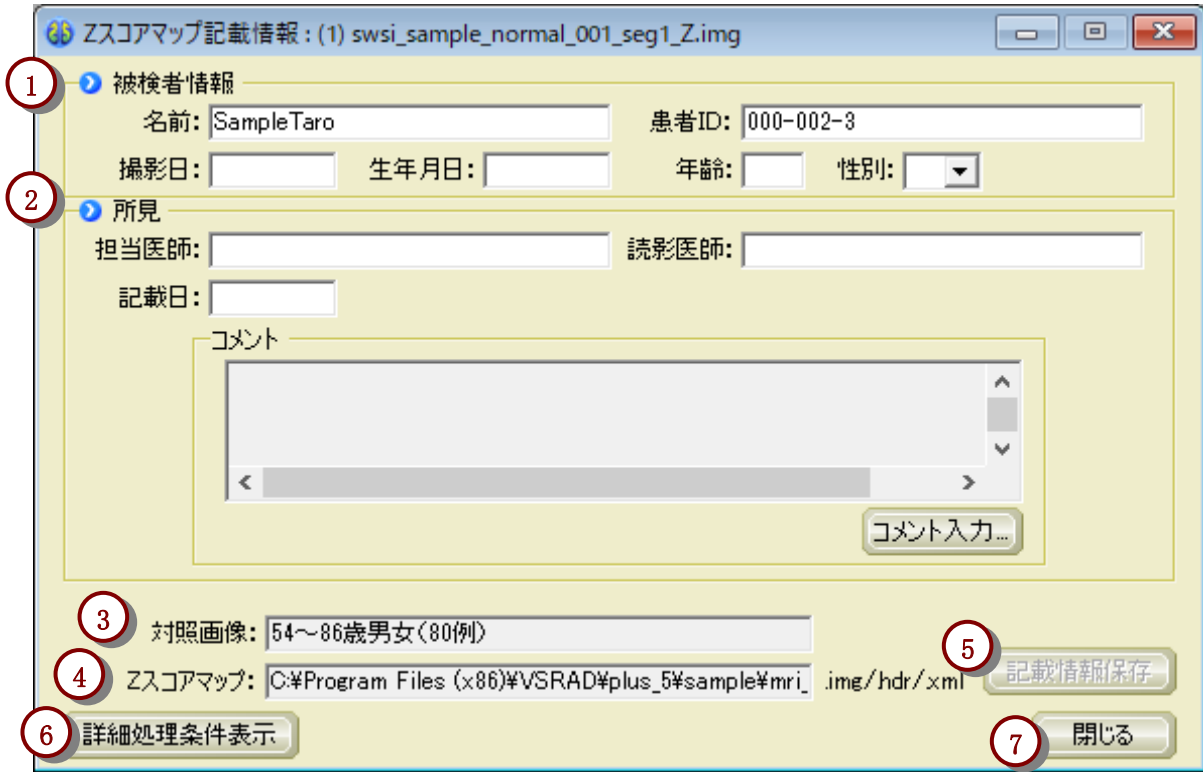
このボタンを押すと、この画面を閉じて一括表示が実行されます。

### 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。

■ Zスコアマップ記載情報ウインドウ

[Zスコアマップ記載情報] ウインドウでは、開いている各 Zスコアマップファイルに対して、記載情報の確認・入力を行うことができます。



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 Z スコアを表示した場合は、[画像確認] ウイ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] ウイ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 行または半角 70 文字×5 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、対照画像を確認することができます。

④ Z スコアマップ

Z スコアマップ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 Z スコアマップファイル(『img』、『hdr』、『xml』)の『xml』ファイルに書き込まれます。

⑥ [詳細処理条件表示] ボタン

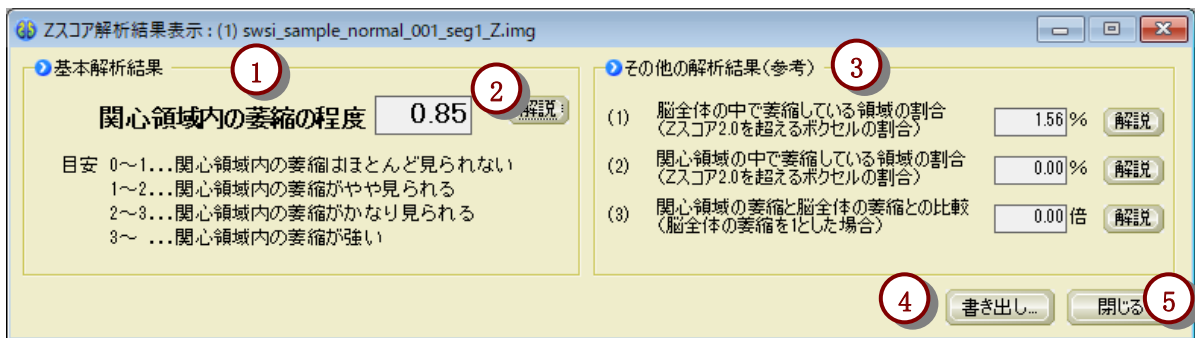
このボタンを押すと、[詳細処理条件] ウィンドウが表示されます。[詳細処理条件] ウィンドウでは、Z スコアマップが作成されるまでに実行された処理手順が表示されます。

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。



①基本解析結果を表示します。

②解析結果項目ごとの [解説] ボタンを押すと、演算方法の説明および参考解析結果の情報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。

③基本解析結果以外の解析結果を表示します。

④[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。

⑤[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 4 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。)

○基本解析結果

関心領域内の萎縮の程度

○その他の解析結果(参考)

(1) 脳全体の中で萎縮している領域の割合

(2) 関心領域の中で萎縮している領域の割合

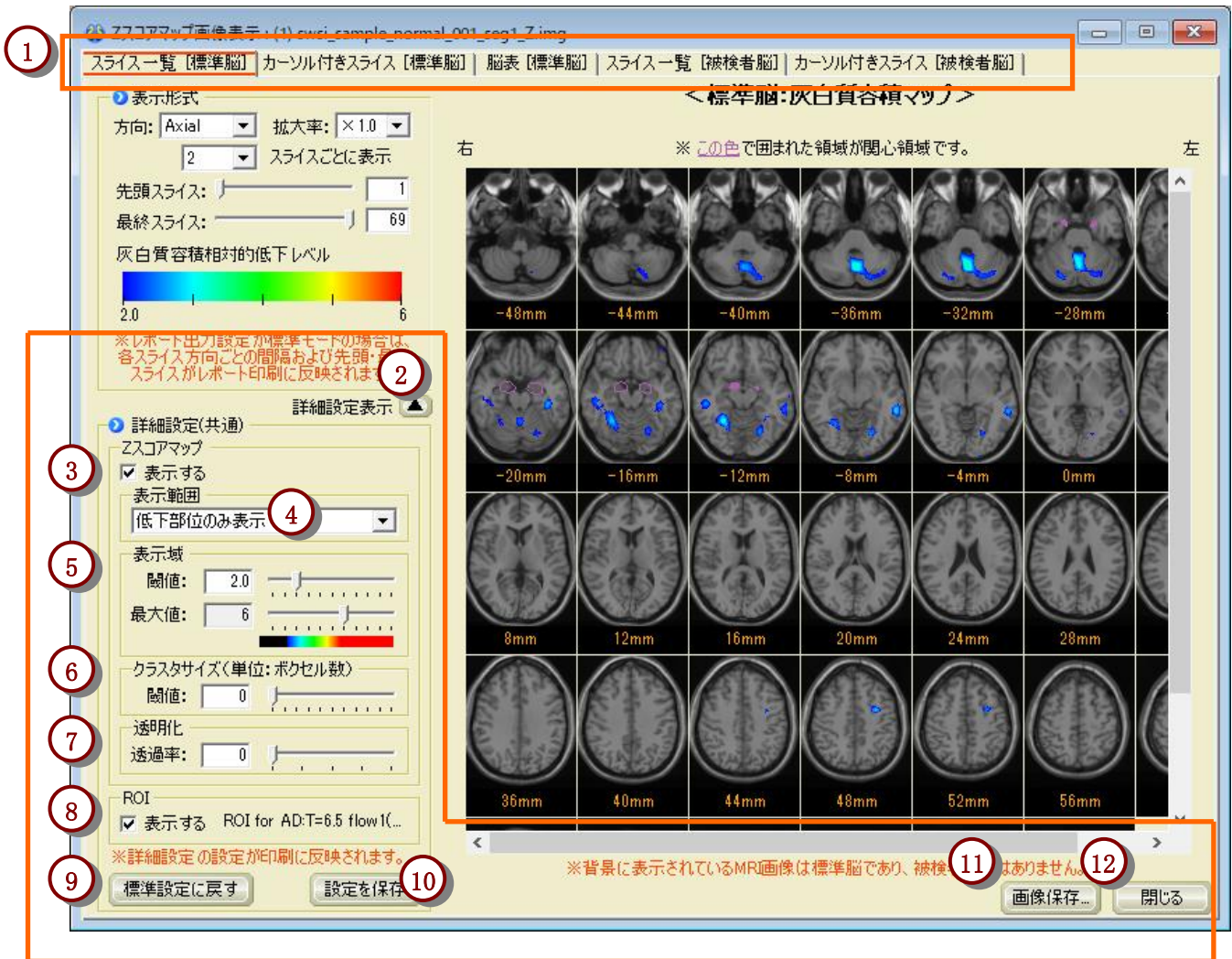
(3) 関心領域の萎縮と脳全体の萎縮との比較

なお、海馬傍回付近を関心領域としています。

※ 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。

### Zスコアマップ画像表示ウィンドウ

[Z スコアマップ画像表示] ウィンドウでは、画面上部のタブ切り替えにより、ウィンドウの表示状態を [スライス一覧]、[カーソル付きスライス]、[脳表] で切り替えることができます。



#### ①タブ切り替え

タブ切り替えにより、[スライス一覧]、[カーソル付きスライス]、[脳表]を切り替えることができます。被検者脳表示の場合は被検者脳の[スライス一覧]と[カーソル付きスライス]も表示されます。

#### 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。)

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 9.0 以下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ます。
- ※ 「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。
- ※ 脳表表示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(ROI)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(ROI)をオーバーレイ表示させるか否かを選択します。

- ※ 脳表表示では ROI の表示はできません。
- ※ 被検者脳表示では ROI 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 スコアマップ画像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。

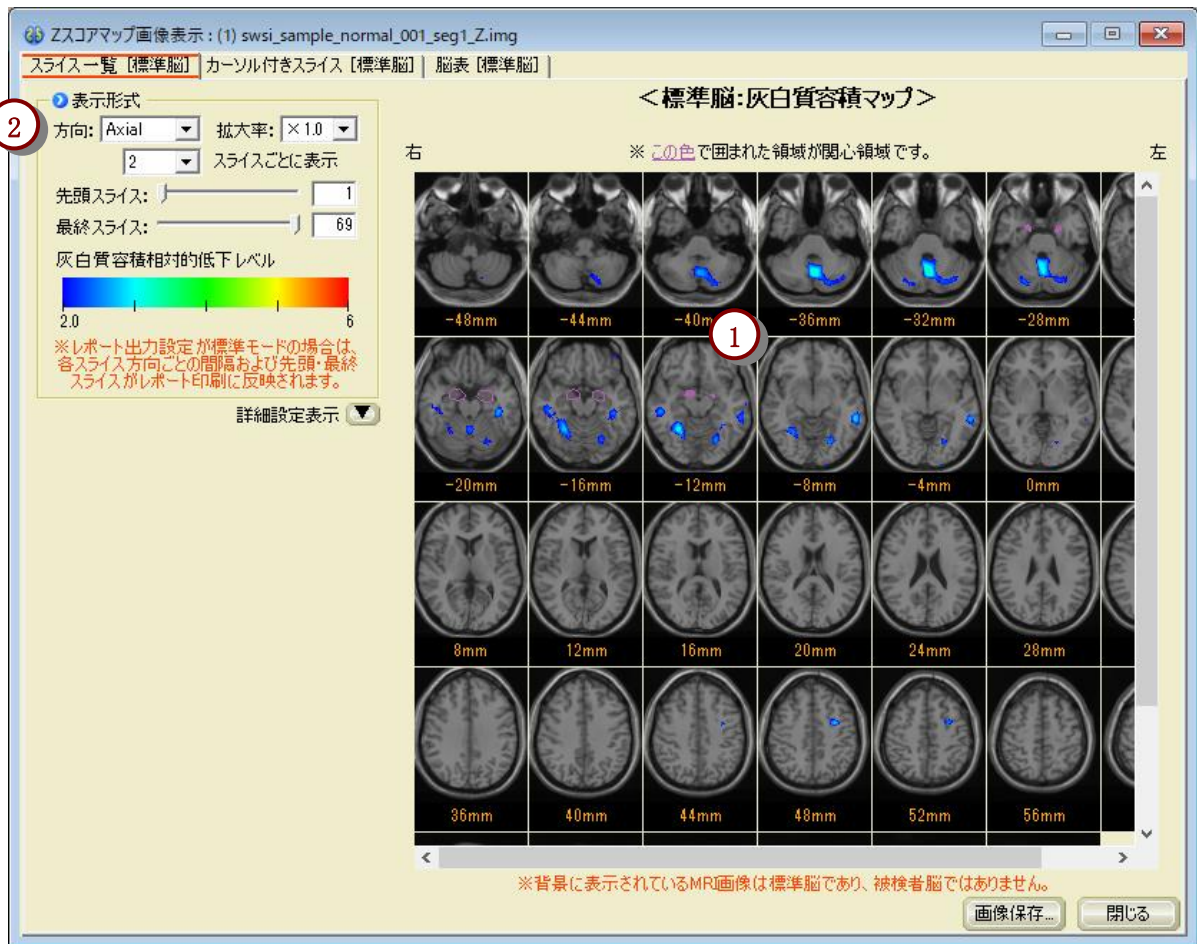
⑪[画像保存] ボタン

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

⑫[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。

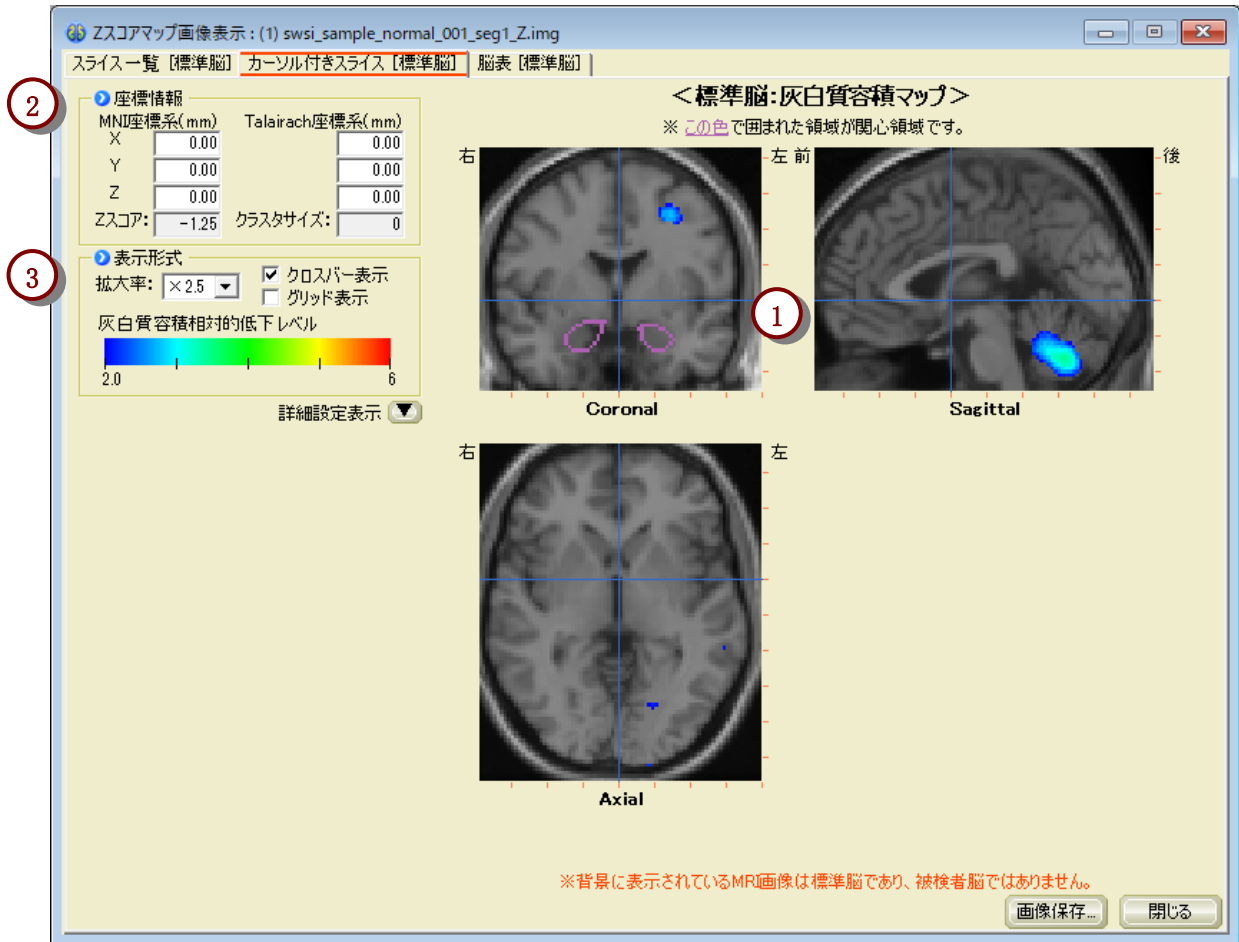
■ Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - スライス一覧タブ(標準脳)



- ① 背景 MRI 画像、Zスコアマップ、関心領域(ROI)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。[Zスコアマップ表示設定] ウィンドウで背景 MRI 画像を変更することが可能です。
- ②「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標準モードの場合は、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。

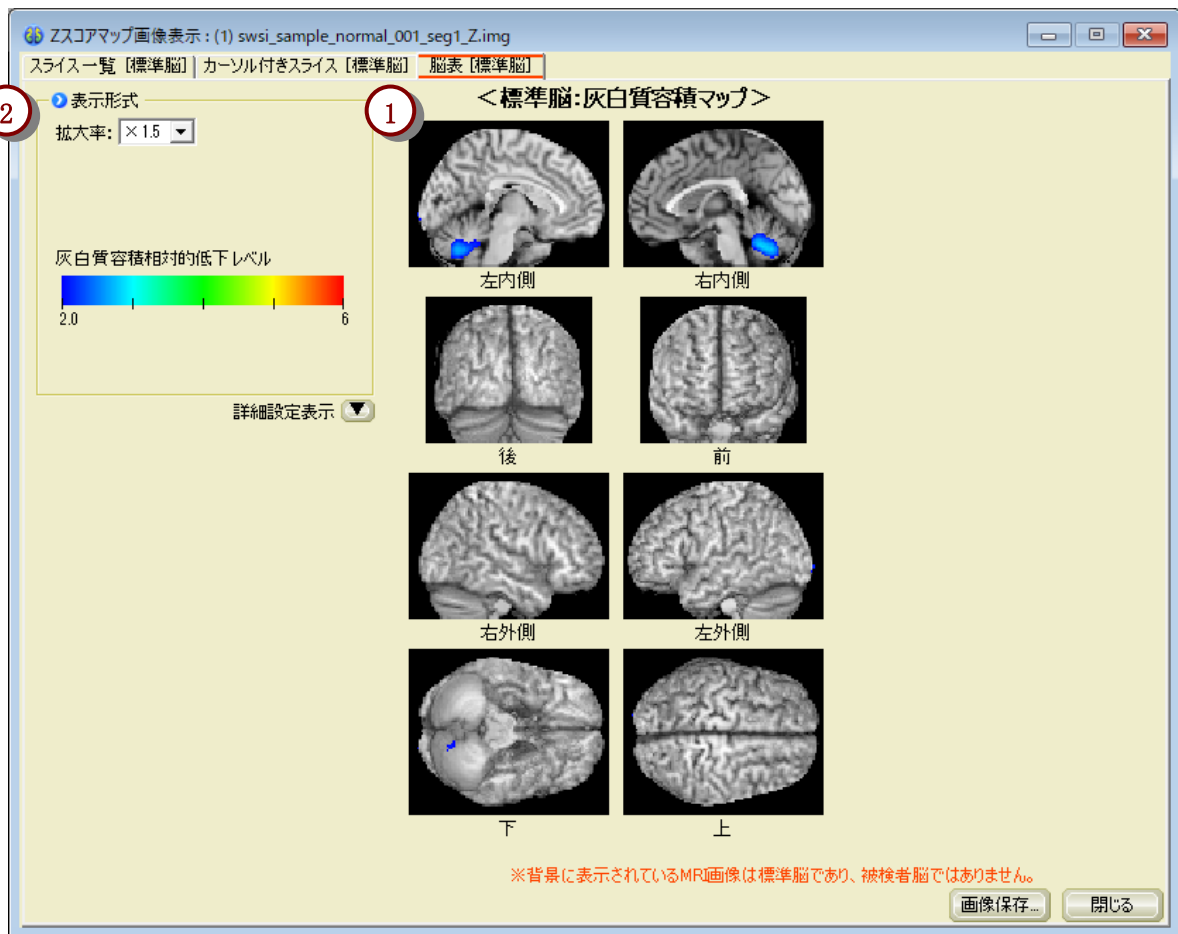


■ Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - カーソル付きスライスタブ(標準脳)



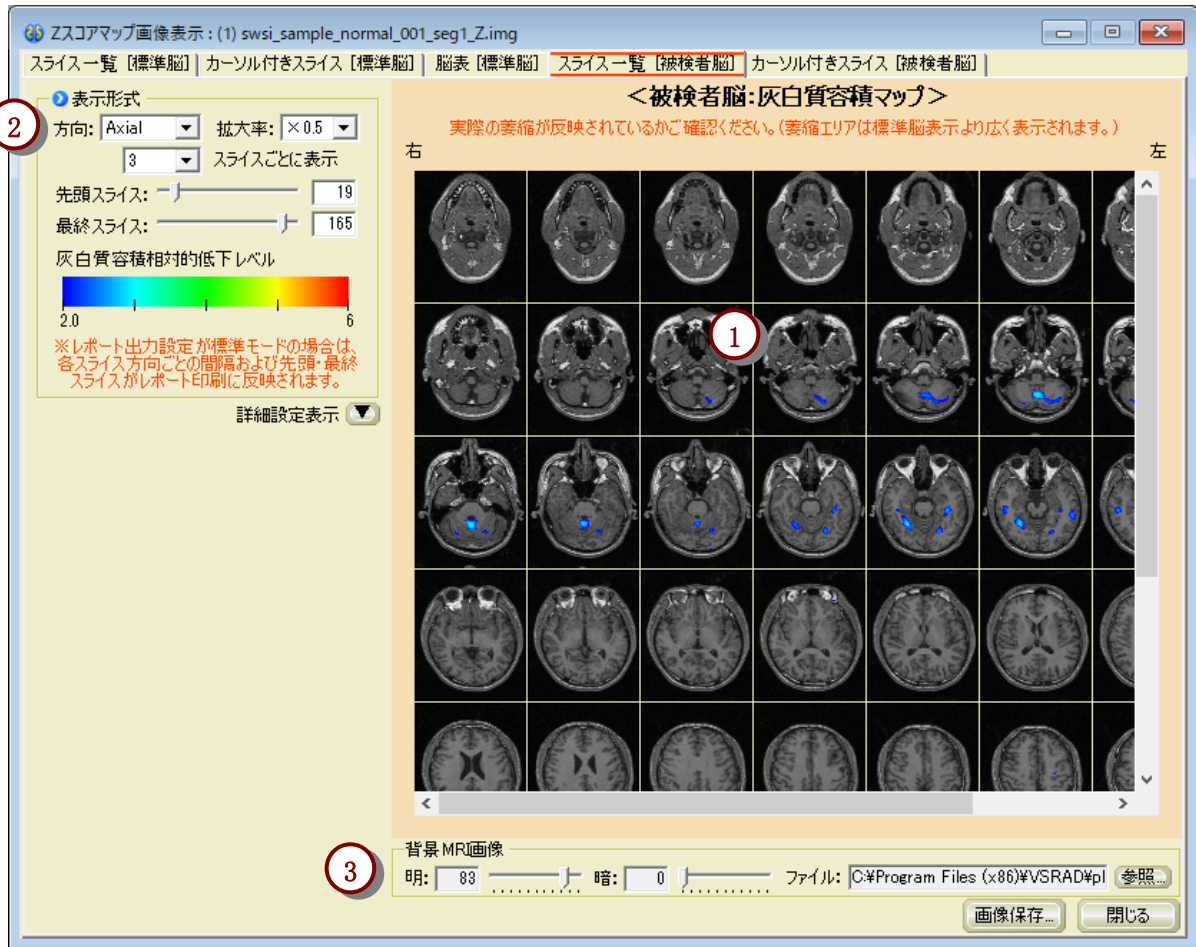
- ①冠状断(coronal)、矢状断(sagittal)、横断(axial)で画像が表示されます。ある方向の画像をクリックすると、別の2方向の画像が対応する座標の表示に切り替わります。  
 ※ 表示される背景 MRI 画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。解剖学的位置を把握しやすいように標準脳画像を表示します。[Zスコアマップ表示設定] ウィンドウで背景 MRI 画像を変更することが可能です。
- ②画像上をマウスでクリックすると、「座標情報」に「MNI 座標系」、「Talairach 座標系」、「Zスコア」、「クラスタサイズ」が表示されます。クラスタサイ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。

■ Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - 脳表タブ(標準脳)



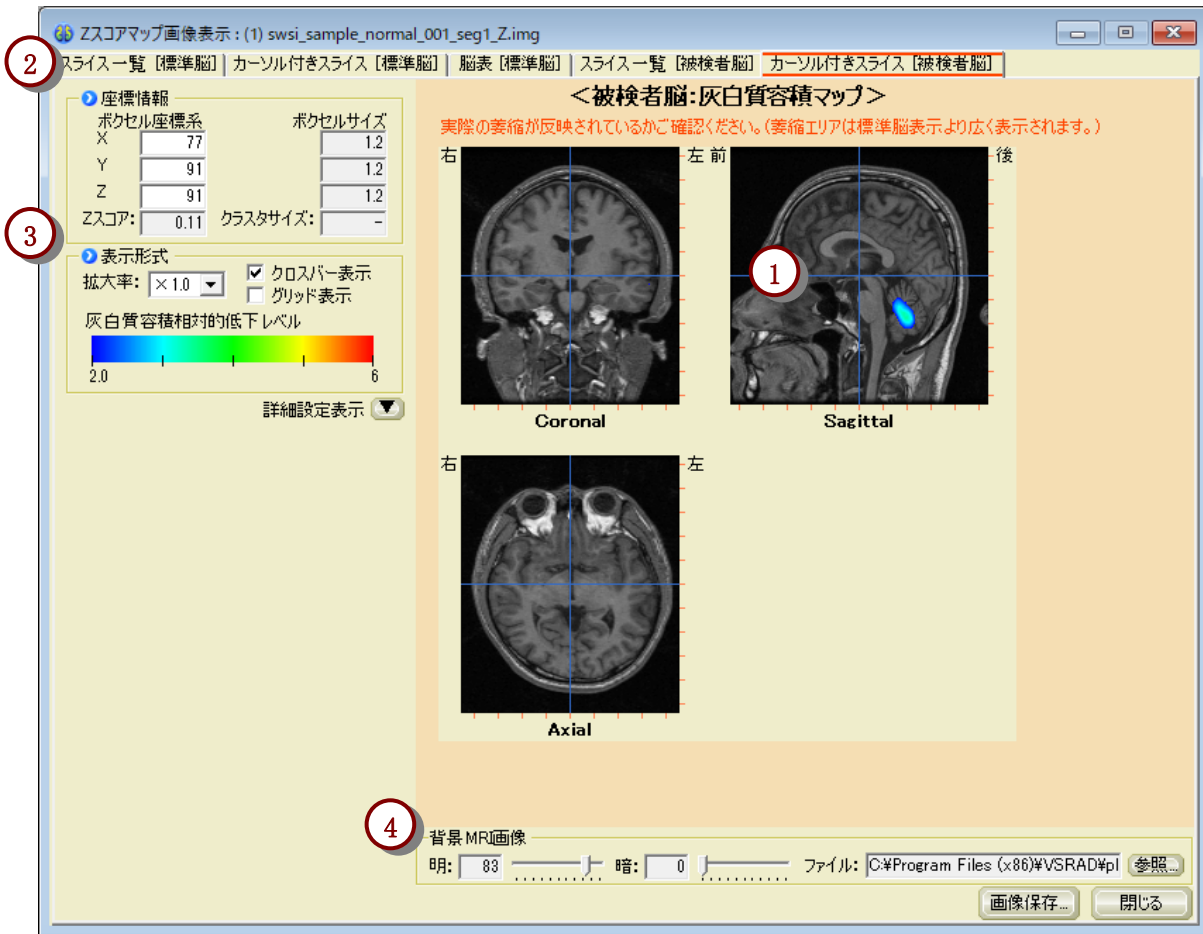
- ①脳表画像を表示します。表示画像は、大脳皮質の内側面左右と外側面前後左右上下の、計 8 方向の画像となります。
- ※ 表示される背景 MRI のレンダリング画像は、被検者のものではなく表示用に用意された標準脳画像となっています。
  - ※ 表示される Z スコアは、脳表から投影面に垂直な方向に 12mm(6 ボクセル)分の平均値です。
  - ※ ROI は表示されません。
  - ※ クラスタサイズの閾値は考慮されません。
- ②表示形式では、「拡大率」の変更ができます。

■ Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - スライス一覧タブ(被検者脳)



- 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。ただし、処理フローが「[7] 自動補正フロー(512x512 対応)+被検者脳表示(線形変換後)」である場合は、線形変換処理により形状が被検者の画像から変形された画像となります。
  - ※ ROI 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標準モードの場合は、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。

■ Zスコアマップ画像表示ウィンドウ - カーソル付きスライスタブ(被検者脳)



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。ただし、処理フローが「[7] 自動補正フロー(512x512 対応)+被検者脳表示(線形変換後)」である場合は、線形変換処理により形状が被検者の画像から変形された画像となります。

※ ROI 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、「画像情報」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。

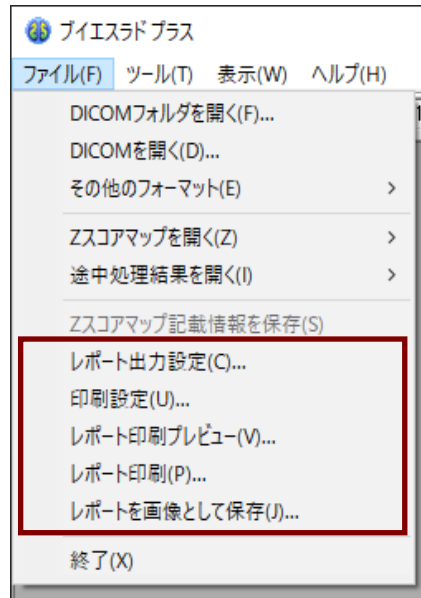
※ このトラックバーは、マウスホイールでの操作に対応していません。

### 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。[レポート出力設定] ウィンドウには標準モードと拡張モードの2つのモードがあります。

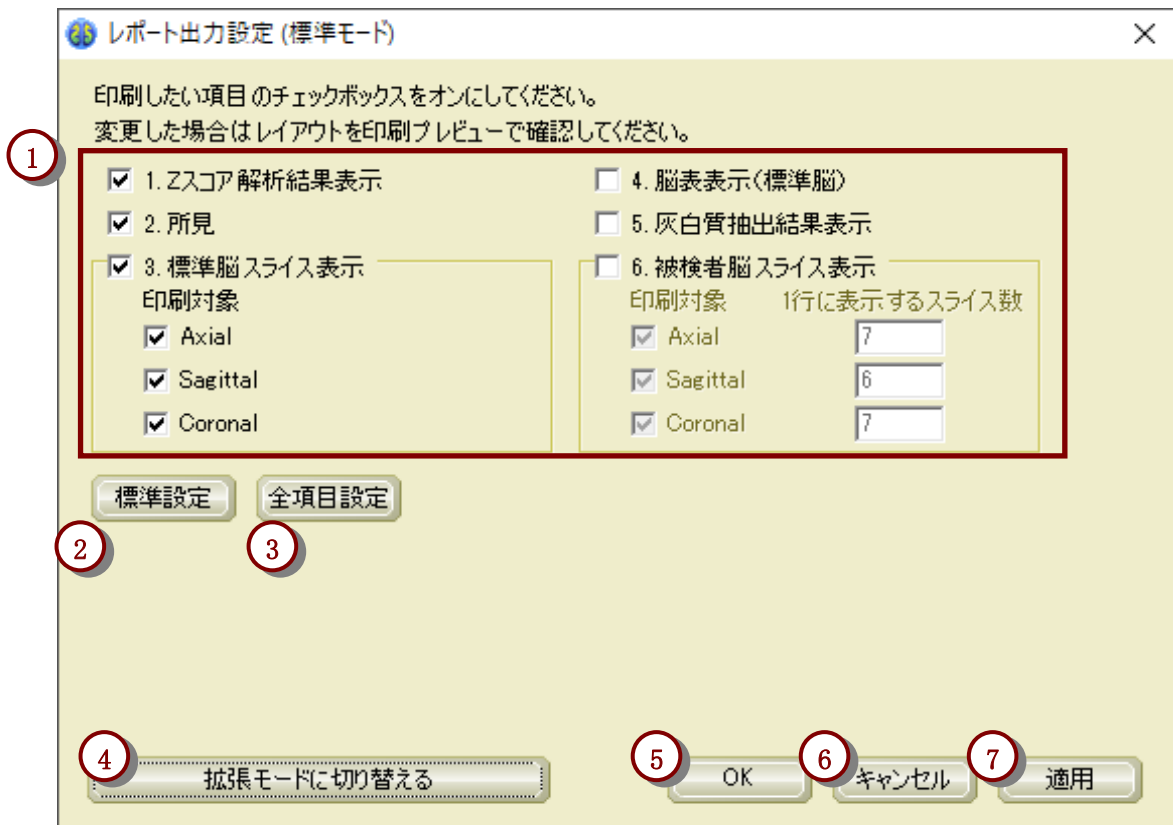
[印刷設定] を選ぶと、プリンタの設定画面が表示されます。

[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 (標準モード)



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」、「所見」、「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[拡張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拡張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。

■ レポート出力設定 (拡張モード)



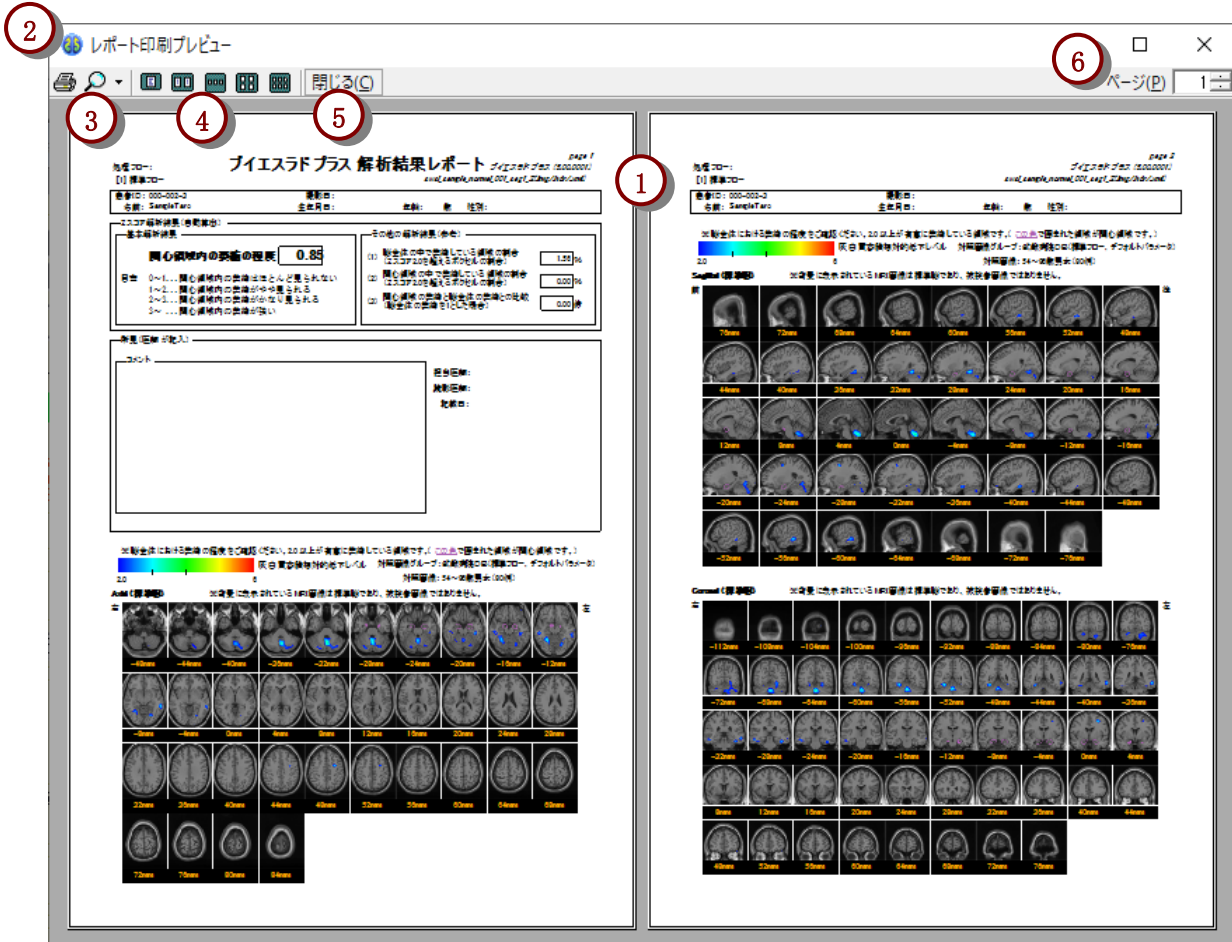
- ①[モノクロで印刷する] チェックボックスをオンにすると、モノクロに適した印刷になります。
- ②[設定] コンボボックスでレポート設定を選ぶことができます。初期設定の選択肢は「シンプルレポート設定」のみですが、[インポート] ボタンまたは [新規] ボタンで新しいレポート設定を追加した場合に選択肢が表示されます。
- ③[インポート] ボタンを押すと、ファイルからレポート設定を入力することができます。
- ④[新規] ボタンを押すと、新規のレポート設定を作成することができます。
- ⑤[削除] ボタンを押すと、②で選択されているレポート設定を削除することができます。「シンプルレポート設定」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。「シンプルレポート設定」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。「シンプルレポート設定」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。「シンプルレポート設定」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。「シンプルレポート設定」は変更できません。
- ☞ 各出力項目の詳細は【 2.10 オリジナルのレイアウトでレポートを印刷する】40 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[標準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標準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。

■ 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[ループ] 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。

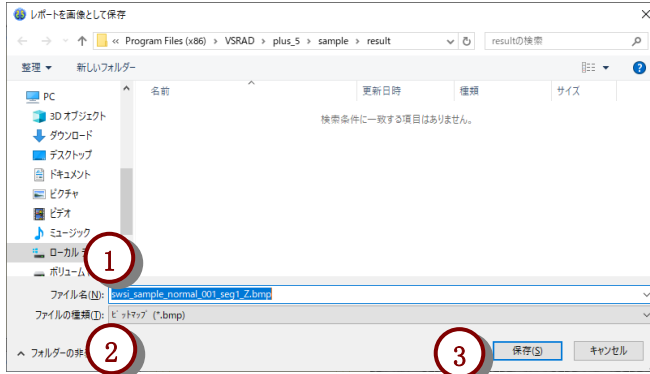


## ■ レポート印刷

[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

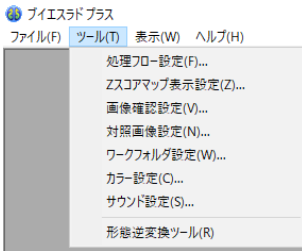
[レポートを画像として保存] を選択すると、画像ファイルを保存するためのダイアログが表示されます。



- 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」か「JPEG」か「TIFF」のいずれかを選択してください。
- 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。

## 4章 設定



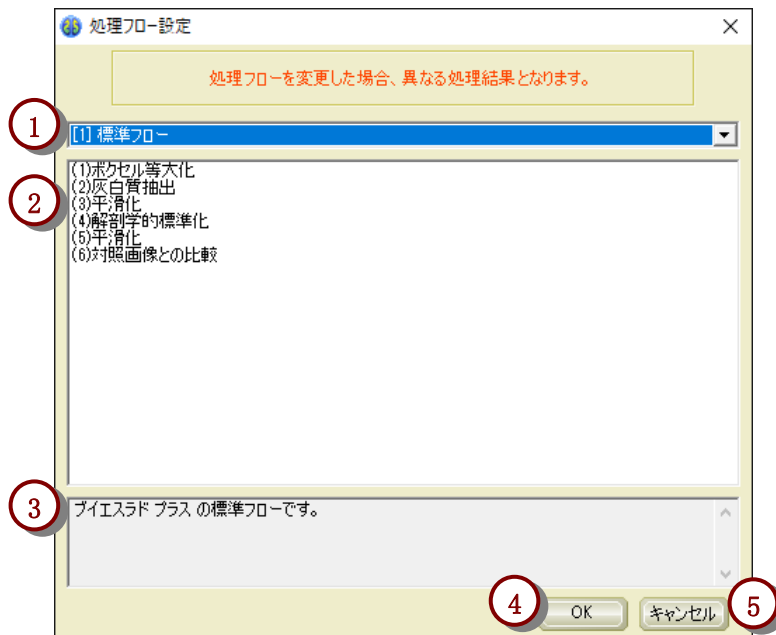
設定は、メニューの [ツール] からそれぞれの処理を選択して行います。

### 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[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。
- ⑤[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。

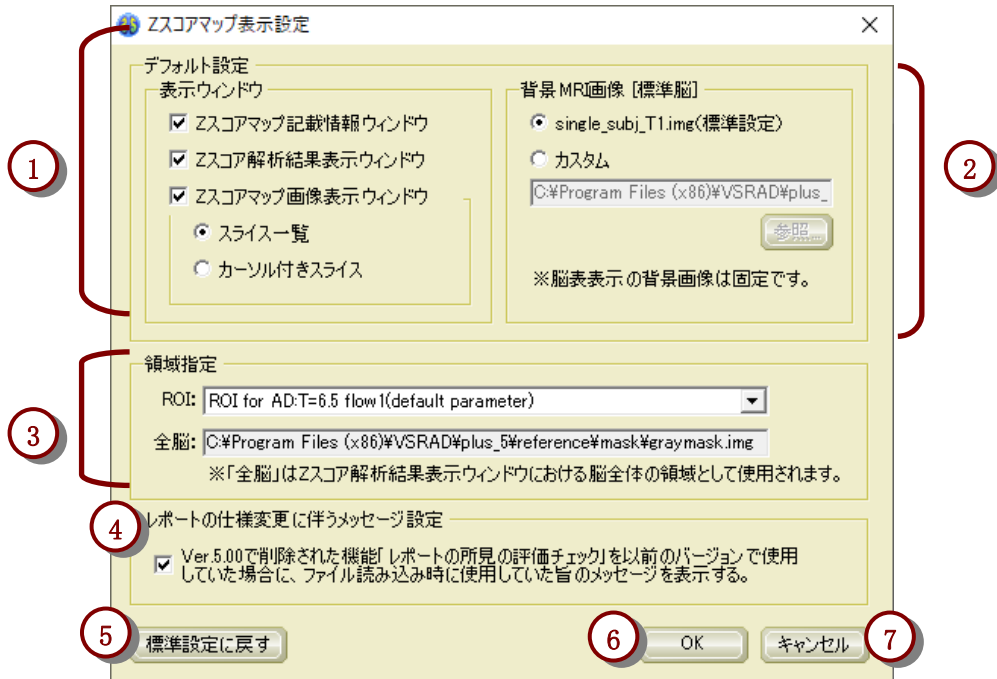
■ 処理フローについて

本プログラムには7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
[1] 標準フロー	本プログラムの標準フローです。
[2] 標準フロー+被検者脳表示	標準フローに加え被検者脳表示を行います。
[3] 標準フロー(512x512対応)	標準フローでは処理に失敗することのある高解像度の画像に対応したフローです。標準フローとわずかに計算結果が異なることがあります。
[4] 標準フロー(512x512対応)+被検者脳表示	標準フローでは処理に失敗することのある高解像度の画像に対応したフローに加え被検者脳表示を行います。標準フローとわずかに計算結果が異なることがあります。
[5] 自動補正フロー(512x512対応)	灰白質抽出処理の前に頭の傾き・大きさの自動補正(線形変換・トリミング処理)を行うフローです。標準フローで灰白質抽出に失敗する画像が正常に処理できる場合があります。標準フローとは異なる結果になります。
[6] 自動補正フロー(512x512対応)+被検者脳表示(線形変換前)	灰白質抽出処理の前に頭の傾き・大きさの自動補正(線形変換・トリミング処理)を行い自動補正前の被検者脳表示を行うフローです。標準フローで灰白質抽出に失敗する画像が正常に処理できる場合があります。標準フローとは異なる結果になります。
[7] 自動補正フロー(512x512対応)+被検者脳表示(線形変換後)	灰白質抽出処理の前に頭の傾き・大きさの自動補正(線形変換・トリミング処理)を行い自動補正後の被検者脳表示を行うフローです。標準フローで灰白質抽出に失敗する画像が正常に処理できる場合があります。標準フローとは異なる結果になります。

## 4.2. Z スコアマップ表示設定

メニューから、[ツール] → [Z スコアマップ表示設定] を選択すると、[Z スコアマップ表示設定] ウィンドウが表示されます。Z スコアマップ表示設定では、Z スコア表示の際に用いる「背景 MRI 画像」の変更と、「ROI」の確認を行います。



### ①表示ウィンドウ

[ファイル] → [Z スコアマップを開く] により任意の Z スコアを開くとき、および対照画像との比較処理により結果の Z スコア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。

[Z スコアマップ記載情報] ウィンドウ、[Z スコア解析結果] ウィンドウ、[Z スコアマップ画像表示ウィンドウ] 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。

[Z スコアマップ画像表示] 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] タブのいずれかのタブを最初に表示するのを選択します。

### 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.img” (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デフォルトの場合です。)

・32bit OS の場合

C:\Program Files\VSRAD\plus\_5\reference\templates\single\_subj\_T1\_WB.img

・64bit OS の場合

C:\Program Files (x86)\VSRAD\plus\_5\reference\templates\single\_subj\_T1\_WB.img

### ③領域指定

領域指定では、次の 2 つの確認を行います。

- ・ROI

[Z スコア解析結果表示] ウィンドウの解析結果の演算、および [Z スコアマップ画像表示] ウィンドウのオーバーレイ表示で使用される関心領域 (ROI) の確認を行います。

- ・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全脳画像の確認を行います。

### ④レポートの仕様変更に伴うメッセージ設定

従来版の Z スコアマップ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Zスコアマップを開いた場合】 31 ページをご覧ください。

### ⑤[標準設定に戻す] ボタン

このボタンを押すと、設定が初期設定に戻ります。

### ⑥[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。

### ⑦[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おります。

※ 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おります。

#### ② ファイル変換設定

DICOMグループおよびANALYZEグループは、DICOM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・左半球側を半強制的に指定する設定を行います。

※ 初期設定は、自動設定機能は、DICOMとANALYZEともに無効になっております。

「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おります。

※ 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

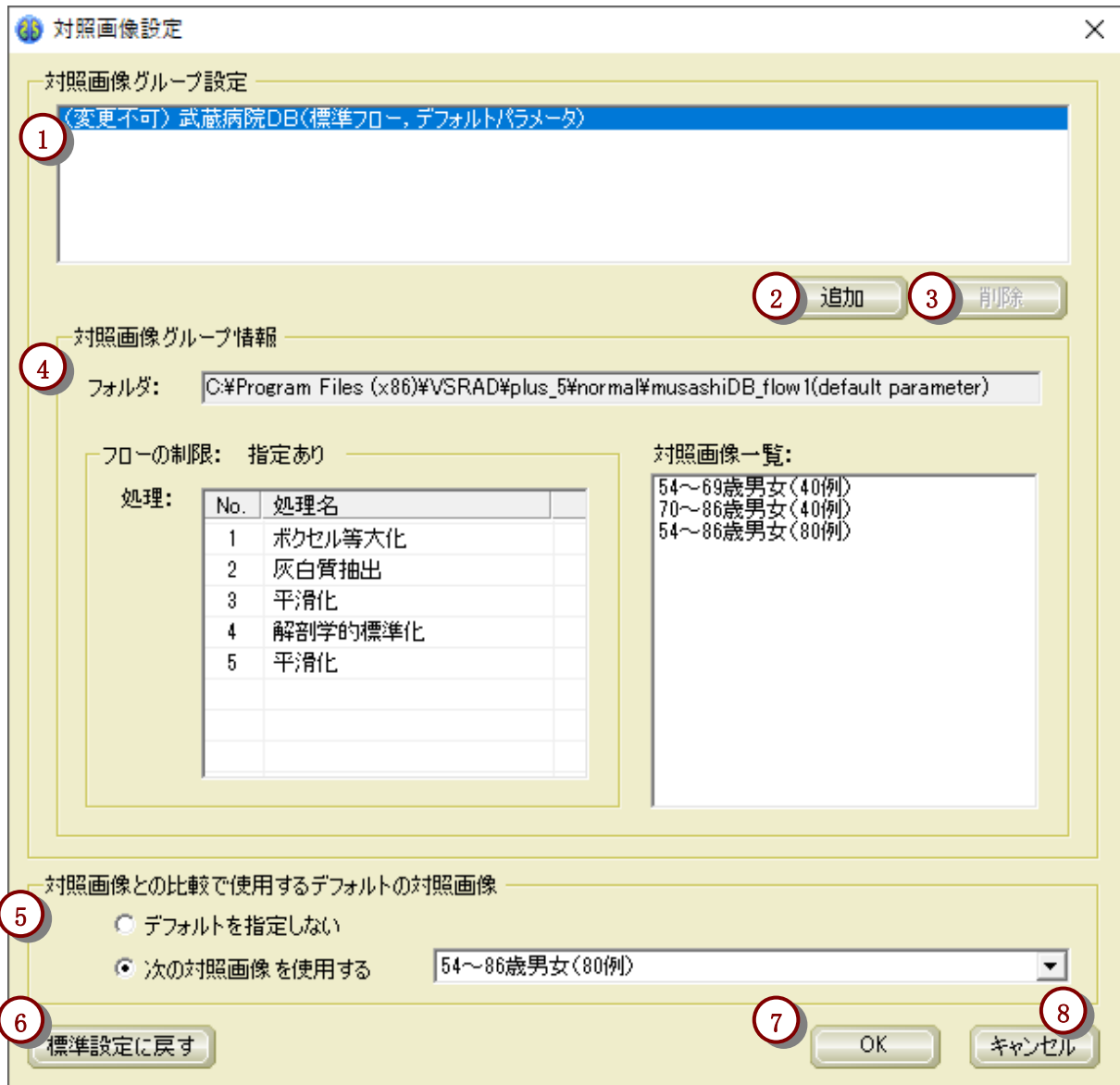
設定を有効にする場合はこのボタンを押します。すでに [画像統計処理] ウィンドウに画像ファイルが開かれている場合は、変更した項目に関して再設定されます。

## 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対照画像グループ設定

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[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[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・対照画像ポリシー・対照画像の内容を確認することができます。

#### ⑤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、「54～86 歳男女(80 例)」が選択されています。

#### ⑥[標準設定に戻す] ボタン

対照画像設定を出荷時の設定に戻すときには、このボタンを押します。

#### ⑦[OK] ボタン

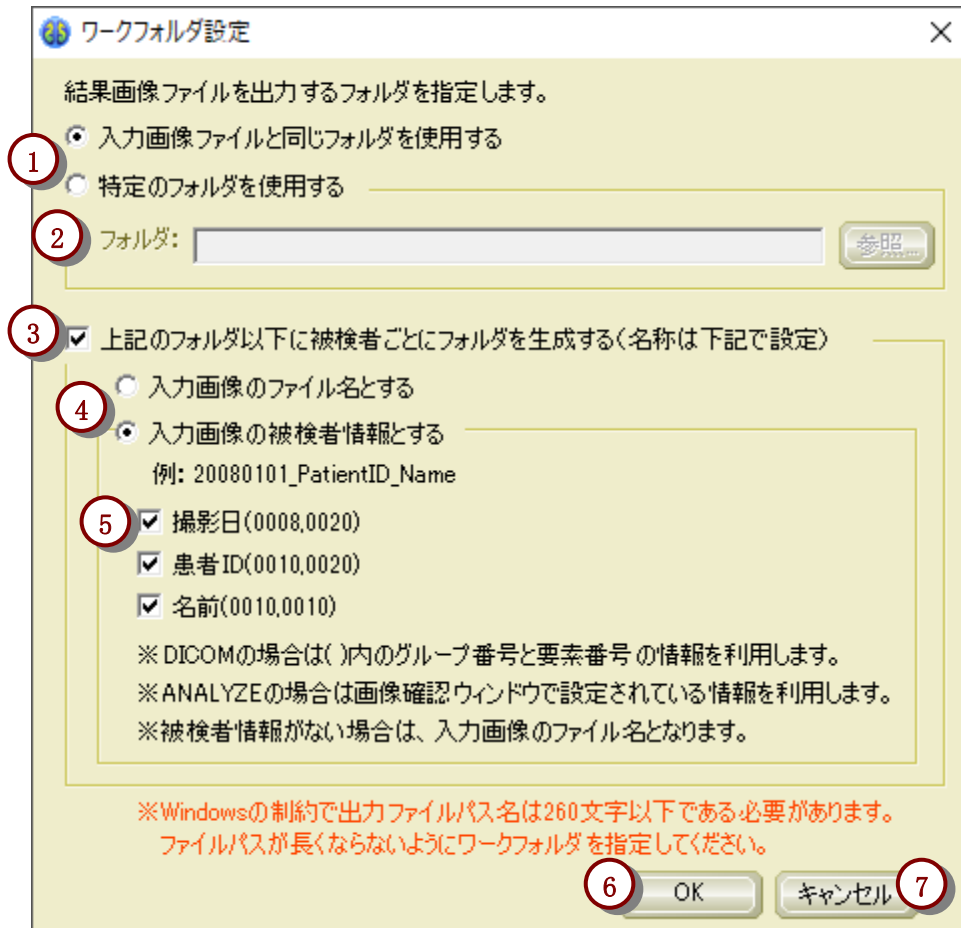
設定を有効にする場合はこのボタンを押します。すでに [画像統計処理] ウィンドウに画像ファイルが開かれている場合は、変更した項目に関して再設定されます。

#### ⑧[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」が選択された場合は、入力画像と同じフォルダに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、そのフォルダに処理後画像が保存されます。フォルダ名の名称は④⑤で指定します。

※ すでに同名フォルダが存在するときは、(1)・(2)・(3)・・・がフォルダ名に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。

④入力画像をファイル名とする、入力画像を被検者情報とする

「入力画像を被検者情報とする」を選択すると、入力ファイル名から拡張子を除いたファイル名のフォルダに処理後画像が保存されます。「入力画像をファイル名」を選択すると、被検者情報がファイル名となります。

⑤撮影日、患者 ID、名前

入力画像を被検者情報として使用する場合に、どの項目を対象とするのかを選択します。これらの選択肢の上にフォルダ名の例が表示されます。

⑥[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。

⑦[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設定します。



### ①単色カラー

「クロスバー」、「グリッド」、「ROI、輪郭」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

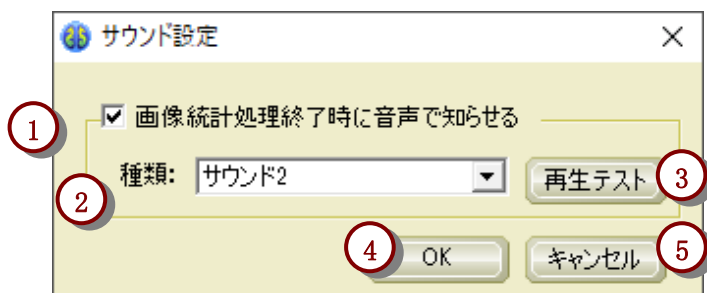
このボタンを押すと、設定を反映してウィンドウが閉じます。

### 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。

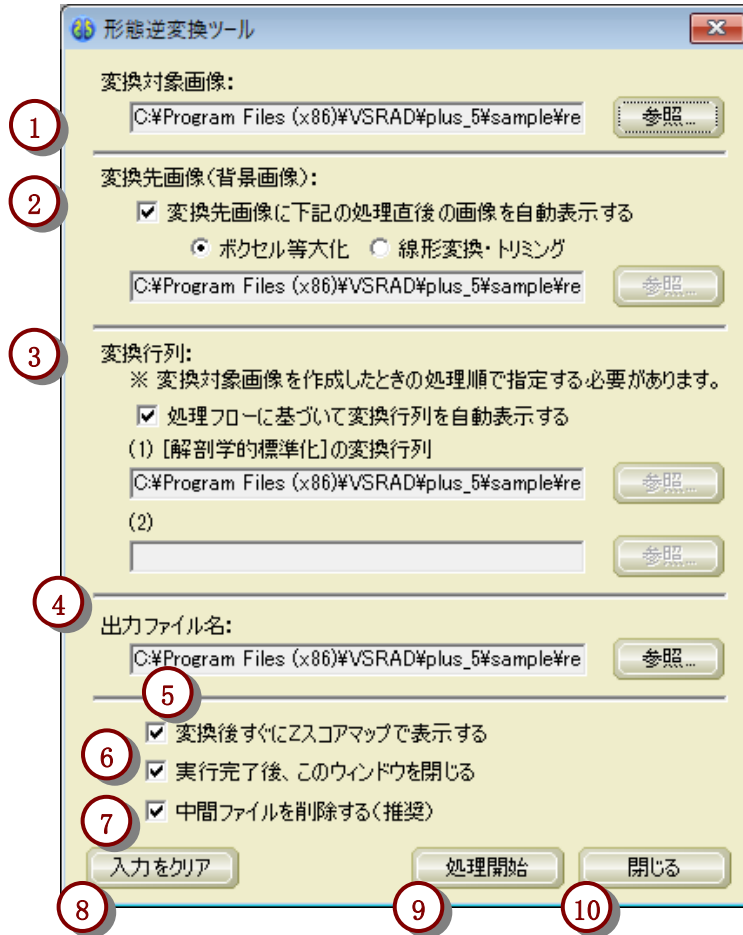


- ①画像統計処理終了後に音声で知らせる  
このボタンをオンにすると、音声で知らせる設定にすることができます。
- ②種類  
音声の種類をコンボボックスで指定できます。
- ③[再生テスト] ボタン  
このボタンを押すことで、②で選択中の音声に関して音声のテストをすることができます。
- ④[OK] ボタン  
このボタンを押すと、設定を反映してウィンドウが閉じます。
- ⑤[キャンセル] ボタン  
このボタンを押すと、設定を反映しないでウィンドウが閉じます。

## 4.8. 形態逆変換ツール

メニューから、[ツール] → [形態逆変換ツール] を選択すると、[形態逆変換ツール] ウィンドウが表示されます。

形態逆変換ツールは、Z スコアマップファイルの形態逆変換を実行することができます。



### ①変換対象画像

変換対象画像を指定します。[参照] ボタンにより、本プログラムの「対照画像との比較」処理後に作成された Z スコアマップを指定してください。

### ②変換先画像(背景画像)

変換先画像(背景画像)を選択します。「変換先画像に下記の処理直後の画像を自動表示する」をオンにしている場合に①を指定すると自動的に指定されます。自動表示の変換先画像については、ボクセル等大化か線形変換・トリミングから選択してください。[参照] ボタンで手動変更することも可能です。

### ③解剖学的標準化の変換行列

解剖学的標準化の変換行列画像を選択します。「処理フローに基づいて変換行列を自動表示する」がオンの場合場合に①を指定すると自動的に指定されます。[参照] ボタンで手動変更することも可能です。

### ④出力ファイル名

出力ファイルを確認します。①のファイル名から自動的に決定されます。[参照] ボタンで手動変更することも可能です。

⑤変換後すぐに Z スコアマップで表示する

このチェックボックスをオンにすると、処理終了後に Z スコアマップが表示されます。

⑥実行完了後、このウィンドウを閉じる

このチェックボックスをオンにすると、形態逆変換処理が完了後、このウィンドウが閉じます。

⑦中間ファイルを削除する(推奨)

このチェックボックスをオンにすると、形態逆変換処理で途中で生成されたファイルが、処理終了後に削除されます。

⑧[入力をクリア] ボタン

このボタンを押すと、設定されたファイルパス名がすべてクリアされます。

⑨[処理開始] ボタン

このボタンを押すと、形態逆変換処理が開始されます。処理中はこのボタンが [処理中止] ボタンに変わります。処理を中止したいときは、[処理中止] ボタンを押してください。

⑩[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。

## 5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。

### 5.1. 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	補足
ボクセルサイズ	1.2	
補完方法	標準フロー →線形補間法(512x512 画像非対応)  標準フロー(512x512 対応)および 自動補正フロー(512x512 対応) →線形補間法(512x512 画像対応)	

※ 512x512 対応ではないフローで使用されるボクセル等大化には、SPM2 の解剖学的標準化の機能の一部を用いて実装しています。

※ 512x512 対応のフローで使用されるボクセル等大化には、上記機能とは異なる方法で実装することにより、サイズの大きい画像に対応しています。

### 5.2. 線形変換・トリミング

線形変換・トリミング処理は、SPM2 の解剖学的標準化機能において、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。

SPM2 での設定	設定パラメータ	補足
template file	T1.mnc	標準化用テンプレート画像
Weight template when registering	No weighting	画像比較時のテンプレート画像に適用する重み付けマスク
Weight source image when registering	Don't weight sources	画像比較時の入力画像に適用する重み付けマスク
Cutoff {15~80mm, affine only}	affine only	カットオフ値
Bounding Box {*Default,SPM95,template,custom}	-90:90 -126:90 -72:108 (SPM2 Template)	トリミング枠
Voxel size {1 1 1 ~ 4 4 4}	入力画像と同じ	ボクセルサイズ(mm)
Interpolation Method {NN,*Trilinear,B-spline(2~7degree)}	線形補間法	リサンプリングに用いる補間方法
Way to wrap images {No wrap, wap X , ...etc}	No wrap	
Regtype {None, Rigid, MNI, Subj}	MNI	テンプレートにどのような拘束条件下で合わせるかを決定付ける



### 5.3. 灰白質抽出

灰白質抽出処理とは、画像から組織分離を行い、灰白質画像を生成する機能です。本プログラムでは、SPM2 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。SPM2 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、このうち灰白質のみ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。

SPM2 での設定	設定パラメータ	補足
Already spatially normalised? {yes/*no}	標準フローおよび標準フロー (512x512 対応) →no  自動補正フロー (512x512 対応) →yes	no が選択された場合はセグメンテーション前に、テンプレートに合わせて affine 変換する
Modality? {*T1/T2/PD/EPI/other}	T1.mnc	モダリティ
Bias Regularisation {0~10}	0.01	不均一性除去を行う度合い
Bias cutoff {20~90mm, No Correction}	30	不均一性除去に用いる高域フィルタのカットオフ値
Clean up the partitions {Clean up the partitions / Dont do cleanup }	Clean up the partitions	
Write bias corrected image {do correct / do not}	do not	ファイル名先頭に“m”がついたファイルを生成するか

### 5.4. 平滑化

平滑化処理とは、3 次元状のガウス関数(ガウシアンカーネル)を用いて、画像の濃淡の急激な変化を除去する機能です。画像の S/N 比を向上させ、解剖学的標準化で吸収できない形態的な個人差を低減することや統計解析においてガウス分布に近似するように濃度差をつけることを目的としています。本プログラムでは、SPM2 と等価な平滑化アルゴリズムを採用しています。本プログラムでの設定パラメータを次の表に示します。

SPM2 での設定	設定パラメータ	補足
Smoothing[FWHM in mm]	1 回目の平滑化と 2 回目の平滑化で設定パラメータが異なる 1 回目 : 9 2 回目 : 12	平滑化に用いるガウシアンカーネルのサイズ. 大きいほど平滑化の度合いが大きい(画像がぼける)

## 5.5. 解剖学的標準化

解剖学的標準化処理とは、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、線形・非線形変換を用いた空間的な形態変換を行い、標準脳にする機能です。本プログラムでは、SPM2の解剖学的標準化処理と等価なアルゴリズムを採用しています。標準化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。

SPM2 での設定	設定パラメータ	補足
template file	gray.mnc	標準化用テンプレート画像
Weight template when registering	No weighting	画像比較時のテンプレート画像に適用する重み付けマスク。
Weight source image when registering	Don't weight sources	画像比較時の入力画像に適用する重み付けマスク。
Cutoff {15~80mm, affine only}	25mm	カットオフ値
Nonlinear Regularization {0.01 ~ 100}	1	非線形変換の度合い
Nonlinear Iterations {1~16}	16	非線形変換パラメータ推定の繰り返し回数
Preserve What = {*Concentrations, total}	Concentrations	元画像の局所的なボクセル値を保持するか、全体のボクセル値の合計を保持するか。
Bounding Box {*Default,SPM95,template, custom}	Default (-78:78 -112:76 -50:85)	境界範囲
Voxel size {1 1 1 ~ 4 4 4}	2 2 2	ボクセルサイズ(mm)
Interpolation Method {NN,*Trilinear,B-spline (2~7degree)}	Trilinear	リサンプリングに用いる補間方法。
Way to wrap images {No wrap, wrap X, ...etc}	No Wrap	

## 5.6. 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、灰白質マスクを用いて入力画像の灰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

### ■ 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。

$$Zスコア = \frac{\bar{x} - x}{\sigma}$$

ただし、

$x$  : 入力画像のボクセル値

$\bar{x}$  : 対照群の対応するボクセル値の平均値

$\sigma$  : 対照群の対応するボクセル値の標準偏差

※ボクセル値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リングした値であり、ここでは灰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。

## 5.7. 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、SPM2の形態逆変換処理と等価なアルゴリズムを採用しています。逆変換が可能な処理は解剖学的標準化処理と線形変換・トリミング処理です。

## 6章 付録

### 6.1. 本プログラムで生成されるファイル

本プログラムでは各処理において生成されたファイルがディスクに残ります。そこで、本節ではファイルの命名規則と各処理において生成されるファイルを示します。なお、“*000.img/hdr/xml*”は、“*000.img*”と“*000.hdr*”と“*000.xml*”の3枚のファイルのことを示します。

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

#### ■ ファイル名の命名規則

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

- ボクセル等大化
  - ・ *i000.img/hdr/xml* (ボクセル等大化の処理結果画像)
- 線形変換・トリミング
  - ・ *000\_sn.mat* (線形変換・トリミングの変換行列)
  - ・ *l000.img/hdr/xml* (線形変換・トリミングの処理結果画像)
- 灰白質抽出
  - ・ *000\_seg1.img/hdr/xml* (灰白質画像)
  - ・ *000\_seg2.img/hdr/xml* (白質画像)
  - ・ *000\_seg3.img/hdr/xml* (脳脊髄液画像)

※ 次の処理の入力画像は「灰白質画像」となります。
- 平滑化
  - ・ *s000.img/hdr/xml* (平滑化の処理結果画像)
- 解剖学的標準化
  - ・ *000\_sn.mat* (解剖学的標準化の変換行列)
  - ・ *w000.img/hdr/xml* (解剖学的標準化の処理結果画像)

※ 次の処理の入力画像は「解剖学的標準化の処理結果画像」となります。
- 対照画像との比較
  - ・ *000\_Z.img/hdr/xml* (Zスコアマップファイル)
  - ・ *000\_Z.csv* (Zスコア解析結果ファイル)
- 形態逆変換処理(フローにより異なる)
  - ・ フローが「[2] 標準フロー+被検者脳表示」、「[4] 標準フロー(512x512 対応)+被検者脳表示」、「[7] 自動補正フロー(512x512 対応)+被検者脳表示(線形変換後)」のいずれかの場合
    - *000\_uw.img/hdr/xml* (形態逆変換処理の処理結果画像)
  - ・ フローが「[6] 自動補正フロー(512x512 対応)+被検者脳表示(線形変換前)」の場合
    - *000\_ulw.img/hdr/xml* (形態逆変換処理の処理結果画像)
  - ・ 形態逆変換ツールで形態逆変換が実行された場合
    - *000\_u.img/hdr/xml* (形態逆変換処理の処理結果画像)

## ■ 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.img/hdr/xml” とした場合、「[1] 標準フロー」(ボクセル等大化→灰白質抽出→平滑化→解剖学的標準化→平滑化→対照画像との比較)において、次のファイルが生成されます。

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

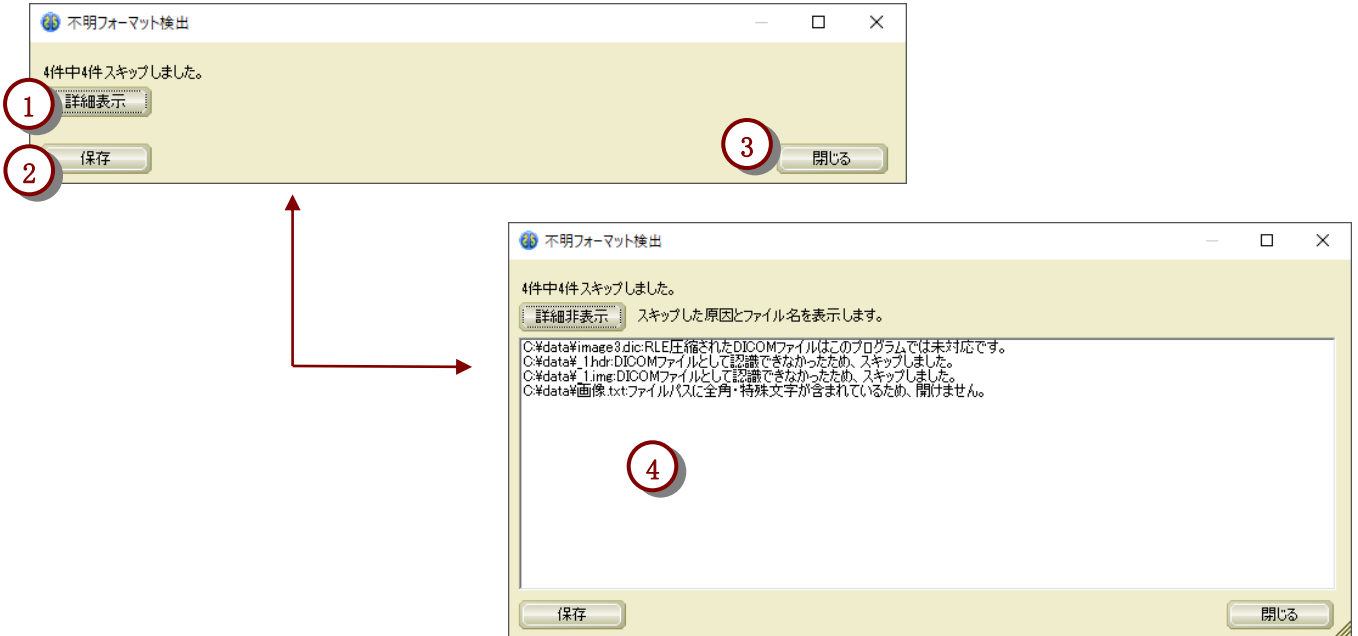
※1 メニューの、[ファイル] → [途中処理結果を開く] → [灰白質抽出] で選択する灰白質抽出画像はこの画像となります。

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

## 6.2. 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ

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

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



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

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

メッセージ	原因・対処方法
ファイルパスに全角・特殊文字が含まれているため、開けません。	ファイル名およびフォルダ名に全角・特殊文字が含まれていると読むことができません。フォルダ名を変更するか別のフォルダにファイルを移動することで対処してください。
画像データの長さが取得できない DICOM ファイルは、このプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、画像サイズが取得できない場合、画像統計処理の際に障害を起こす恐れがあるため、未対応としています。
画素あたりのサンプル数が 1 以外の DICOM ファイルは、このプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、画素あたりのサンプル数が 1 以外の DICOM ファイルには対応していません。
背景黒のモノクロ画像以外の DICOM ファイルは、このプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、背景黒のモノクロ画像以外の DICOM ファイルには対応していません。
割り当てビットが 8 または 16 以外の DICOM ファイルは、このプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、割り当てビットが 8 または 16 以外の DICOM ファイルには対応していません。
RLE 圧縮された DICOM ファイルはこのプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、RLE 圧縮された DICOM ファイルには対応していません。DICOM ファイルは、画像が非圧縮 (raw データ) であるものを入力してください。
JPEG 圧縮された DICOM ファイルはこのプログラムでは未対応です。	本プログラムでは、JPEG 圧縮された DICOM ファイルには対応していません。DICOM ファイルは、画像が非圧縮 (raw データ) であるものを入力してください。
DICOM ファイルとして認識できなかったため、スキップしました。	DICOM ファイルが本プログラムで対応していない場合 (例えば、DICOM3.0 以前のファイル)、もしくは DICOM ファイル以外のファイルの場合に表示します。
ファイルが開けません。	ファイルが存在しない場合や他のプログラムで使用中の場合に表示します。
既に読み込まれたファイルなので、読み込めません。	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。
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。	グループングした結果、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無い 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 ファイルが既に読み込まれているときに表示します。

■ ANALYZE を開く・ANALYZE フォルダを開く

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

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

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



### 6.3. 処理経過ウィンドウのメッセージ

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

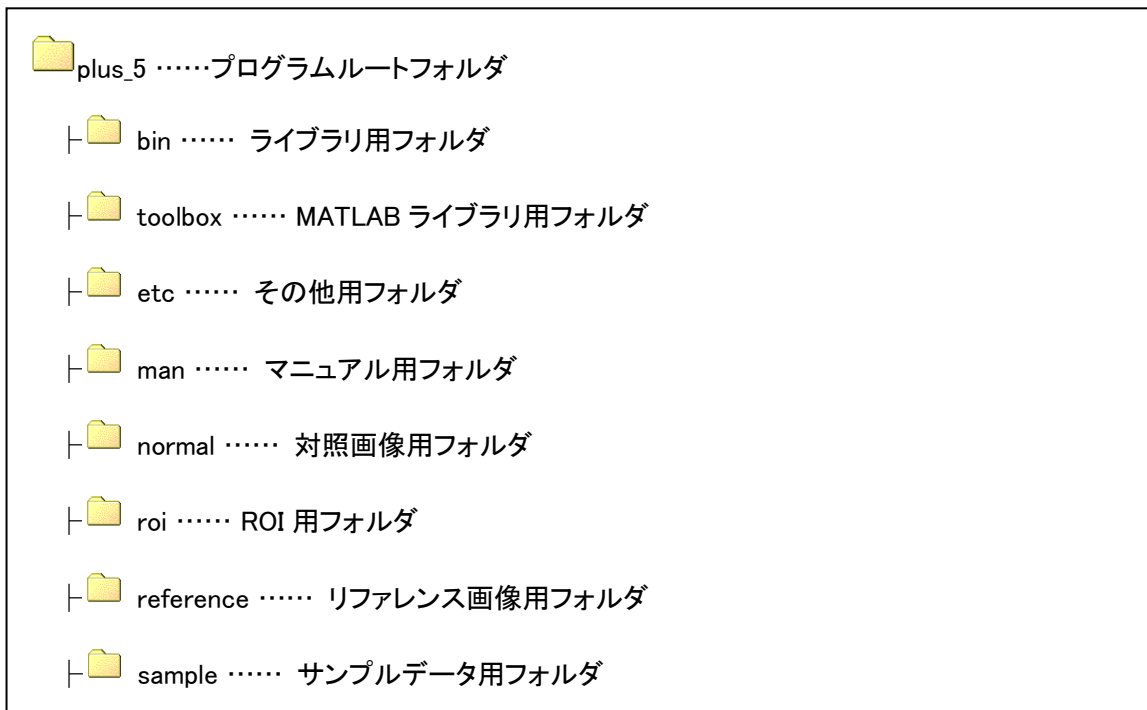
メッセージ	原因・対処方法	一括処理時の動作
ユーザー操作により処理フローが中止されました。	処理中止ボタンを押して、処理を中止すると表示されます。	停止
【エラー発生】途中処理結果表示に失敗しました。 原因:[エラーの原因]	途中処理結果表示(灰白質抽出)ウィンドウおよび途中処理結果表示(解剖学的標準化)ウィンドウの表示に失敗した場合に表示されます。	継続
【エラー発生】Zスコア表示の表示に失敗しました。 原因:[エラーの原因]	Zスコア表示(Zスコアマップ画像表示、Zスコア解析結果表示、Zスコアマップ表示)に失敗した場合に表示されます。	継続
【エラー発生】処理画像が出力されるフォルダ[出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

## 6.4. フォルダ構成

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

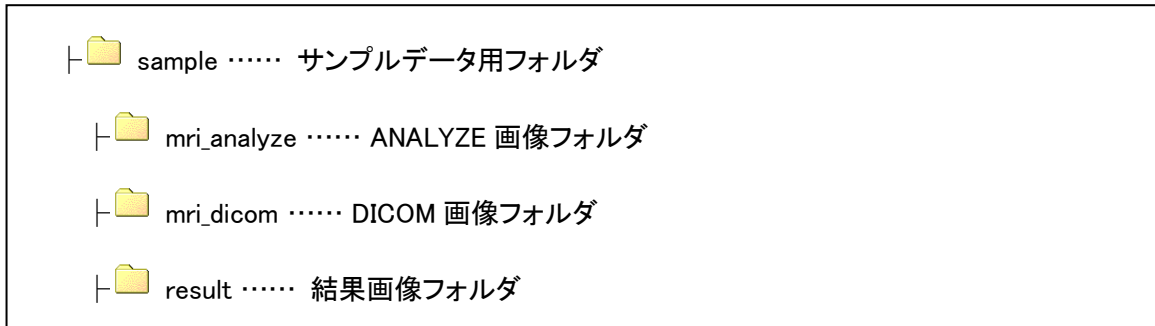
### ■ インストール先のフォルダ構成

インストール後、インストール先のフォルダ構成は次のようになります。



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

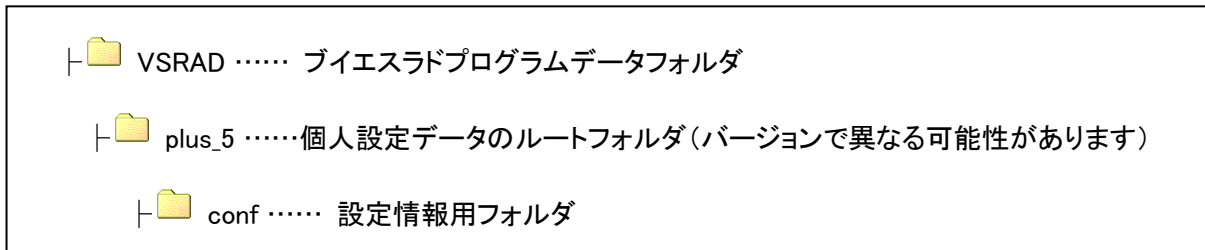
mri\_dicom フォルダには、被検者1人分(健常者)の DICOM ファイルがあります。124 枚のファイルから構成されます。

result フォルダには、被検者1人分(健常者)の灰白質抽出画像(処理前・処理後)および解剖学的標準化画像のファイルと、被検者2人分(健常者+症例)の Z スコアマップ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。



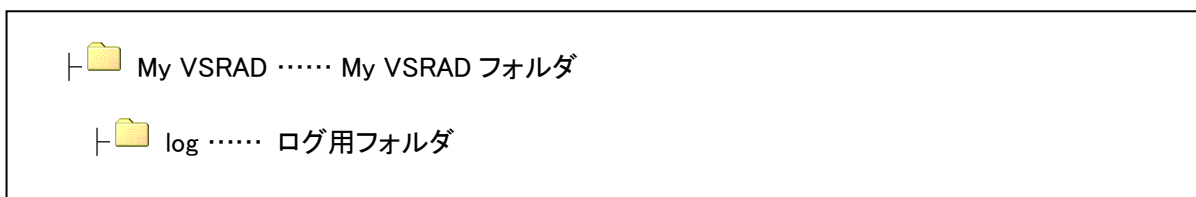
※ 上記フォルダは通常的环境において、次のフォルダにユーザーごとに作成されます。

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。

## 6.5. 索引

<b>A</b>	
ANALYZE フォルダを開く	
メニュー .....	21, 24, 27, 104
ANALYZE を開く	
メニュー .....	20, 24, 27, 104
<b>D</b>	
DICOM フォルダを開く	
メニュー .....	8, 24, 27, 103
DICOM を開く	
メニュー .....	9, 24, 27, 103
<b>Z</b>	
Z スコア解析結果表示	
ウインドウ .....	16, 17, 30, 66, 69
Z スコアツールバー .....	66
Z スコアマップ画像表示	
ウインドウ .....	16, 18, 30, 66, 67, 70
Z スコアマップ記載情報	
ウインドウ .....	16, 30, 66, 68
Z スコアマップ表示設定	
ウインドウ .....	84
メニュー .....	84
Z スコアマップを開く	
メニュー .....	30, 52, 66, 84
<b>い</b>	
一括表示	
ウインドウ .....	67
ボタン .....	66
印刷設定	
メニュー .....	77
インポート	
ボタン .....	47, 79
<b>か</b>	
カーソル付きスライス	
タブ .....	18, 26, 73, 76
灰白質抽出	
処理 .....	97
メニュー .....	32, 52
解剖学的標準化	
処理 .....	98
メニュー .....	32, 52
拡張モードに切り替える	
ボタン .....	36, 38, 78
画像確認	
ウインドウ .....	12, 22, 58
ボタン .....	27, 57
画像確認設定	
ウインドウ .....	86
メニュー .....	86
画像処理経過	
ウインドウ .....	14, 35
画像統計処理	
ウインドウ .....	11, 13, 24, 27, 55
画像保存	
ボタン .....	63, 71
カラー設定	
ウインドウ .....	92
メニュー .....	92
<b>き</b>	
記載情報保存	
ボタン .....	16, 52, 69
<b>く</b>	
クラスタサイズ .....	71
<b>け</b>	
形態逆変換	
処理 .....	99
形態逆変換ツール	
ウインドウ .....	33, 94
メニュー .....	33, 94
<b>こ</b>	
コメント入力	
ウインドウ .....	68
ボタン .....	68
ご利用にあたってのご注意	

ウィンドウ .....	7
<hr/>	
<b>さ</b>	
再生テスト	
ボタン .....	93
サウンド設定	
ウィンドウ .....	93
メニュー .....	93
削除	
ボタン .....	79
<hr/>	
<b>し</b>	
終了	
メニュー .....	51
詳細処理条件表示	
ボタン .....	69
詳細設定表示	
ボタン .....	70
詳細非表示	
ボタン .....	102
詳細表示	
ウィンドウ .....	61
ボタン .....	60, 102
除外指定	
ウィンドウ .....	59, 61
ボタン .....	59
処理開始	
ボタン .....	11, 22, 28, 34, 57, 95
処理経過	
ウィンドウ .....	14, 62, 105
処理中止	
ボタン .....	57
処理フロー設定	
ウィンドウ .....	55, 82
メニュー .....	82
新規	
ボタン .....	40, 79
新規レポート出力設定作成	
ウィンドウ .....	40
<hr/>	
<b>ず</b>	
スライス一覧	
タブ .....	18, 26, 72, 75

<hr/>	
<b>せ</b>	
設定を保存	
ボタン .....	71
線形変換・トリミング	
処理 .....	96
全項目設定	
ボタン .....	78
<hr/>	
<b>そ</b>	
その他のフォーマット	
メニュー .....	20, 21
<hr/>	
<b>た</b>	
対照画像設定	
ウィンドウ .....	88
メニュー .....	88
対照画像との比較	
処理 .....	99
<hr/>	
<b>つ</b>	
ツール	
メニュー .....	82
<hr/>	
<b>と</b>	
同時表示 .....	71
途中処理結果表示(灰白質抽出)	
ウィンドウ .....	15, 63, 66
途中処理結果表示(解剖学的標準化)	
ウィンドウ .....	15, 64, 66
途中処理結果を開く	
メニュー .....	32, 52
<hr/>	
<b>に</b>	
入力画像フォーマット .....	6
入力をクリア	
ボタン .....	95
<hr/>	
<b>の</b>	
濃度値補正	
処理 .....	99
脳表	

タブ .....	18, 74	ボタン .....	24, 55, 82
<hr/>		<hr/>	
<b>は</b>		<b>ほ</b>	
バージョン情報		法定表示を開く	
メニュー .....	54	メニュー .....	54
背景 MRI 画像 .....	84	ボクセル等大化	
<hr/>		処理 .....	96
<b>ひ</b>		<hr/>	
標準設定		<b>れ</b>	
ボタン .....	78	レポート印刷	
標準設定に戻す		メニュー .....	77
ボタン .....	71, 85, 87, 89, 92	レポート印刷プレビュー	
標準脳		メニュー .....	77, 80
メニュー .....	30	レポート出力設定	
標準脳テンプレート .....	64	メニュー .....	36, 77
標準脳+被検者脳		レポート出力設定(拡張モード)	
メニュー .....	30	ウインドウ .....	40, 79
標準モードに切り替える		レポート出力設定(標準モード)	
ボタン .....	79	ウインドウ .....	36, 78
<hr/>		レポートの印刷	
<b>ふ</b>		メニュー .....	81
不明フォーマット検出		レポートを画像として保存	
ウインドウ .....	10, 102	メニュー .....	77, 81
プリンタの設定		<hr/>	
ウインドウ .....	80	<b>ろ</b>	
プレビュー		ログを保存	
ボタン .....	45, 79	ボタン .....	62
<hr/>		<hr/>	
<b>へ</b>		<b>わ</b>	
平滑化		ワークフォルダ設定	
処理 .....	97	ウインドウ .....	90
変更		メニュー .....	90

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

# バイエスラド® プラス

承認番号：30200BZX00061000

## 形状・構造及び原理等

本プログラムは、磁気共鳴画像診断装置(MR装置)で得られた脳画像情報をコンピュータ処理して診断支援情報を提供するものであり、関心領域における萎縮程度等の情報を提供するプログラムである。本プログラムは、推奨動作環境を満たした汎用PCにインストールして使用する。記録媒体で提供される。

### 〈機能〉

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

### 〈付帯機能〉

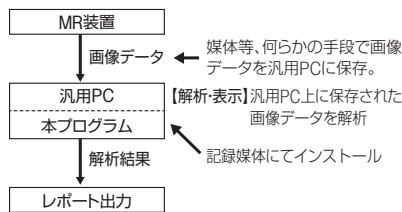
項目	仕様
保存機能	処理結果データを保存及び印刷する機能。
その他の表示機能	診断に参考となるその他の情報を表示する機能。入力MR画像のDICOMヘッダー情報や処理結果の情報の表示機能等がある。
高度な表示及び処理の機能	画像データに対する高度なデジタル画像処理機能。各処理機能との組み合わせもある。ウィンドウレベル/幅設定、マルチフレーム表示、カラー表示、自動レイアウト表示、画像Filter処理、画像間演算処理(透明度の指定等)、重ね合わせ等がある。
3次元画像処理機能	一連の画像データを3次元画像処理し、表示する機能として、入力画像データのMPR処理、処理結果画像の平均値投影表示機能等があ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

### 〈動作原理〉

#### 1. 全体フロー

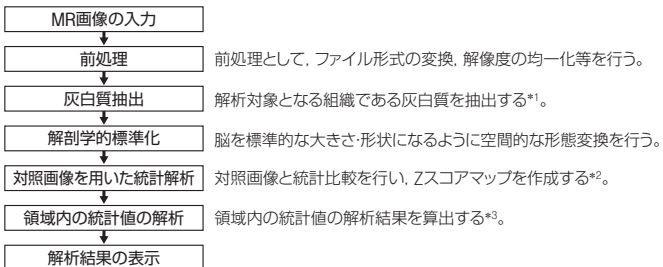
入力画像要件を満たしたMR画像を、推奨動作環境を満たした汎用PCに取り込む。その後汎用PCにて本プログラムを起動後、MR画像を入力し、コンピュータ処理を行い、結果を保存及び表示する。

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



#### 2. 本プログラム内でのフロー

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



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

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

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

## 使用目的又は効果

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

## 使用方法等

### 1. 推奨動作環境及び入力画像要件

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

汎用PCは、患者環境外に設置する。

また、本プログラムは入力画像要件を満たすMR画像を準備する必要がある。

#### 〈推奨動作環境〉

OS	Windows 7 SP1(32 bit版、64 bit版/日本語版) Windows 10(32 bit版、64 bit版/日本語版)
CPU	Intel Core 2 Duoクラス以上
解像度/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:1GB以上 ワークフォルダ用の空き容量:3GB以上

#### 〈入力画像要件〉

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

機種ごとの撮像条件設定は、本プログラムの取扱説明書等を参照すること。

### 2. セットアップ

- ①上記の推奨動作環境を満たした汎用PCを用意する。
- ②インストーラを起動し、画面の指示に従ってインストールする。

### 3. MR画像準備

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

### 4. 操作

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

### 5. 終了

- ⑫本プログラムを終了させるメニューから終了項目を選択し、終了する。

## 使用上の注意

- (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)が疑わしい症例において参考をすることを想定したプログラムであることに留意すること。
  - ②健康者においても、「関心領域内の萎縮の程度」の評価において萎縮がみられる評価となることがあるため、経過観察や他の検査も参考とすること。
- (3)本プログラムの「関心領域内の萎縮の程度」は、脳全体に対する関心領域の相対的な萎縮を示す解析であり、脳の他の部位の萎縮との相互関連によって、結果が修飾されることに留意すること。
  - ①視覚評価で関心領域に萎縮があると思われても、他の脳領域で萎縮が高度な場合、「関心領域内の萎縮の程度」は低く算出される。
  - ②対照画像と比較して、全脳における灰白質容積が大きい場合、萎縮に関して偽陽性を呈することがある。
- (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「関心領域内の萎縮の程度」の相関係数は、次に示す読影結果との相関分析結果のとおりであった。ただし、本結果は限定的な評価用データにおける評価結果であり、あくまで参考情報であることに留意すること。

### 〈関心領域〉

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

### 〈読影結果<sup>※</sup>との相関分析結果〉

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

\*: 有意水準(p<0.05両側)を満たす

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

処理フロー: [2]標準フロー+被検者脳表示

- (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、灰白質抽出画像の確認等、クオリティコントロールを実施すること。
- (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、灰白質抽出、解剖学的標準化等の処理に失敗し、正常に解析できないことがあるので、留意すること。
  - ①灰白質と白質のコントラストが不十分な画像
  - ②SNR(信号対雑音比)が好ましくない画像(ノイズが目立つ画像)
  - ③信号ムラがある画像
  - ④アーチファクト(磁化率、体動、折り返し等に起因する)がある画像
  - ⑤頸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表)を使用すること。

### 〈対照画像の収集条件及び収集時期〉

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

- (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-VSRAD201 | VSRAD-P-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



