


## 脳萎縮評価支援システム ブイエスラド アドバンス



### <取扱説明書> ユーザーマニュアル

【総監修】  
国立精神・神経医療研究センター  
松田 博史

製造販売元

 エーザイ株式会社

東京都文京区小石川4-6-10

## 脳萎縮評価支援システム「バイエスラド」とは

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

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

本マニュアルは、下表の「バイエスラド アドバンス」(以下、本プログラム)のユーザーマニュアルです。

[参考] バイエスラドのバージョン推移

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

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

## マニュアルの構成について

本プログラムのマニュアルは、「ユーザーマニュアル」、「アプリケーションマニュアル」、「インストールマニュアル」の3部から構成されています。これらのマニュアルは「バイエスラド」ホームページからご確認できます。それぞれのマニュアルの内容は以下のようになっています。

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

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

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

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

## お問い合わせ

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

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

※ 回答にはお時間を頂戴することがございます。あらかじめご了承ください。

## 「バイエスラド」ホームページのご案内

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

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

## バージョン確認方法

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

詳細なバージョンはここで確認できます。

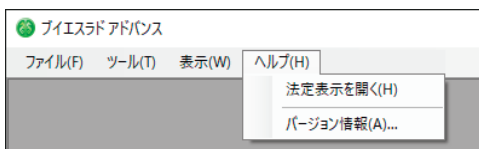


## 法定表示の確認方法

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

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

※ 法定表示の閲覧には PDF 表示用プログラムが必要となります。



## 目次

<b>1章 プログラム概要</b> .....	<b>5</b>
1. 1. 特徴 .....	5
1. 2. 全体概要 .....	6
1. 3. 推奨動作環境 .....	7
<b>2章 チュートリアル</b> .....	<b>8</b>
2. 1. 本チュートリアルについて .....	8
2. 2. インストール .....	8
2. 3. 処理を行う画像の準備 .....	8
2. 4. 本プログラムの処理 .....	10
2. 5. 途中処理結果の確認 .....	13
2. 6. 処理結果の確認と評価（基本手順） .....	15
2. 7. レポートの印刷 .....	26
2. 8. 処理済み画像ファイルの開き方 .....	32
2. 9. 結果ファイルの出力先の設定（ワークフォルダ設定） .....	38
<b>3章 画像統計処理について</b> .....	<b>39</b>
3. 1. 萎縮を定量化する手法 VBM .....	39
3. 2. 本プログラムにおける基本的な処理フロー .....	39
3. 3. 処理フローの種類 .....	41
3. 4. 関心領域 (VOI: Volume of Interest) について .....	42
3. 5. VOI 間萎縮比解析結果 .....	44
3. 6. 対照画像について .....	46
<b>4章 画像の確認ポイント</b> .....	<b>47</b>
4. 1. 画像確認画面 .....	47
4. 2. 途中処理結果（組織分割） .....	48
4. 3. 途中処理結果 (DARTEL) .....	51
4. 4. 処理結果 (Zスコアマップ) .....	52
<b>5章 トラブルシューティング</b> .....	<b>54</b>
<b>6章 付録</b> .....	<b>56</b>
6. 1. 本プログラムで生成されるファイル .....	56
6. 2. 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ .....	58
6. 3. 処理経過ウィンドウのメッセージ .....	61
6. 4. フォルダ構成 .....	62
6. 5. 個人情報の削除について .....	64

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

## 1章 プログラム概要

### 1.1. 特徴

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

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

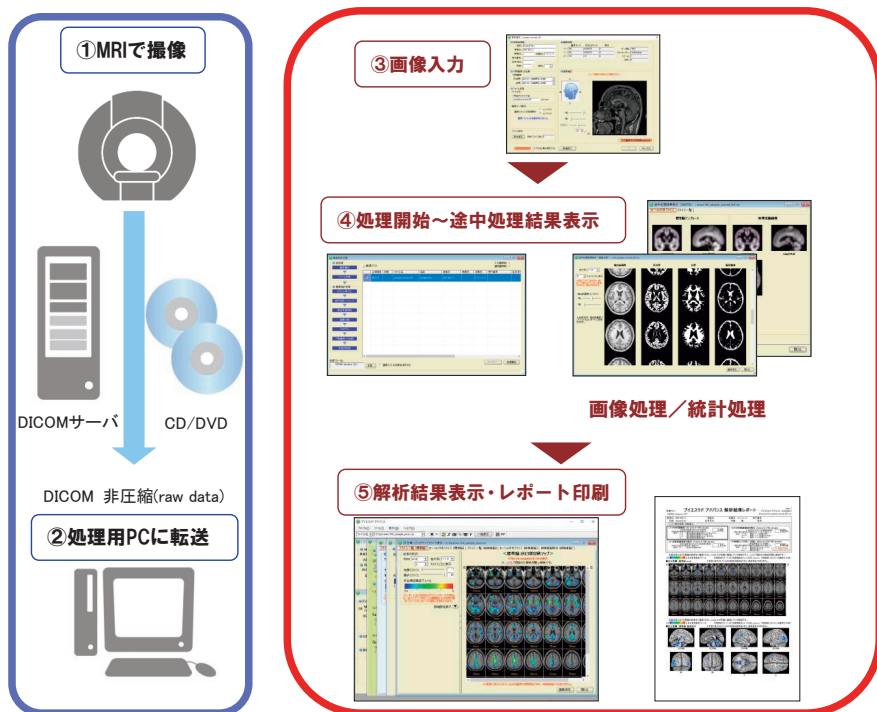
(\*2) MATLAB: 米国 MathWorks 社で開発された科学技術計算に使用されるソフトウェア。SPMは MATLAB 上で可動するスクリプトであるため、SPMを使用するためにMATLABが必要です。

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

## 1. 2. 全体概要

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

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



### 1.3. 推奨動作環境

本プログラムの推奨動作環境は次の通りです。

環境	推奨動作環境
● OS	Windows 7 SP1 (32bit 版、64bit 版／日本語版) Windows 10 (32bit 版、64bit 版／日本語版)
● CPU	Intel Core 2 Duo クラス以上
● 解像度	1280 × 1024 以上
● 色	HighColor (16bit) 以上
● メモリ	3.0GB 以上
● HDD 空き容量	インストール先ドライブの空き容量: 3GB 以上 (参考: パッケージの容量は約 240MB) ワークフォルダ用の空き容量: 3GB 以上 (参考: 256 × 256 × 140 枚の画像約 30 人分) 上記はあくまでも参考値であり、画像の解像度および枚数等により異なります。

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



## 2章 チュートリアル

### 2.1. 本チュートリアルについて

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

☞ 各機能の詳細については、アプリケーションマニュアルを参照してください。

### 2.2. インストール

本プログラムをインストールする PC を用意してください。

☞ 1.3 推奨動作環境をご確認ください。

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

インストールメディア内にある、MCR(MATLAB Runtime)およびプログラム本体の2つのインストーラー(プログラム本体と MCR の2つ)を実行し、画面の指示に従ってインストールを完了してください。

☞ 詳細はインストールマニュアルを参照してください。

デスクトップ上に「バイエスラド アドバンス」のアイコンが作成されます。



【医療機器承認前の VSRAD advance, VSRAD advance 2 からの入れ替えにあたってのご注意】

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

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

### 2.3. 処理を行う画像の準備

本プログラムに入力する MR 画像を用意します。

※ 付属のサンプル画像でお試いただけます。

サンプル画像は以下のフォルダにあります。

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

ト Cドライブ	
ト Program Files (x86)	…… 32ビット OS の場合は “Program Files” となります)
ト VSRAD	…… (初期設定のインストールフォルダです)
ト advance_6	
ト sample	…… サンプル画像フォルダ
ト mri_dicom	…… サンプル DICOM 画像フォルダ (健常者1例 124ファイル)
ト mri_nifti	…… サンプル NIFTI 画像フォルダ (健常者1例 2ファイル)
ト result	…… サンプル処理結果フォルダ (健常者1例 計 44ファイル)

## ✓ 【手順1】 撮像

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

### 入力画像要件

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

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

### 推奨撮像条件

本プログラムは、推奨撮像条件によって撮像されたデータの処理において正常な動作が確認されています。機種ごとの撮像条件設定は、MR 装置メーカーによるバイエスラド (VSRAD) の推奨撮像条件パンフレット「テクニカルシリーズ 1」(1.5T 用)、「テクニカルシリーズ 2」(3T 用)をご参照ください。

## ✓ 【手順2】 PC へのデータの取り込み

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

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

## 2. 4. 本プログラムの処理

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

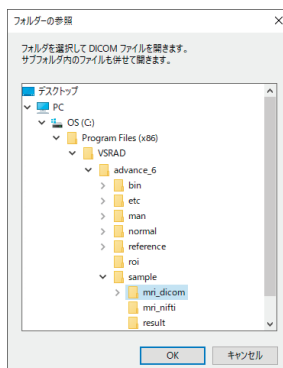
### ✓【手順1】起動

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

### ✓【手順2】DICOM 画像を開く

メニューから[ファイル]→[DICOM フォルダを開く] を選択するとフォルダ選択ダイアログが表示されますので、サンプル画像があるフォルダ「C:\Program Files (x86)\VSRAD\advance\_6\sample\mri\_dicom」を選択してください(本プログラムが C:\Program Files (x86)\VSRAD にインストールされている場合)。サブフォルダも含めたフォルダ内の DICOM 画像がすべて読み込まれます。

- ※ フォルダ単位で指定する以外にも、DICOM をファイル単位で指定して開く方法もあります。また、DICOM 以外に ANALYZE・NIFTI(ただし NIFTI は「バイエスラド アドバンス」で出力されたもののみ)各画像ファイルを開くこともできます。
- ☞ 詳しくはアプリケーションマニュアルをご覧ください。



### ✓【手順3】対象被検者の選択

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

- ※ 複数の画像リストを一括して順次処理することもできます。
- ☞ 詳しくはアプリケーションマニュアルをご覧ください。

必須項目	状態	ファイル名	名前	患者ID	検査日	取得日	実行番号	生年月日
未入力		sample_normal_001	SampleTwo	000-002-9		1111.11.11		

通常、処理フローは初期状態の「VSRAD advance フロー」のままです。

「画像リストの状態を保存する」にチェックを入れておくと、本プログラムを終了して再度起動したときにリストの内容が再現されます。多くの画像を読み込んだ場合などに便利です。

画像が選択された状態で処理開始ボタンを押します。

【手順4】 処理対象画像の確認・被検者情報の入力

画像確認ウィンドウでは以下のような確認・入力を行います。

- ① 「被検者情報」には、名前などの被検者情報の入力を行います。
- ② 「対照画像との比較」で、使用する「対照画像」を選択します。通常は初期設定の 灰白質:「GM54~86 歳男女(80例)」、白質:「WM54~86 歳男女(80例)」の組合せを用います。
- ③ 画像確認には、左に見本、右に被検者画像が表示されます。画像の向きが正しいかよく確認してください。
- ④ 画像が矢状断面であることを確認したら、「入力画像が矢状断面 (sagittal)」にチェックを入れてください。
- ⑤ [OK]ボタンを押して処理を開始します。



重要ポイント

有効な処理結果を得るためには、入力画像が適切であることが重要です。

入力画像をよくご確認ください。

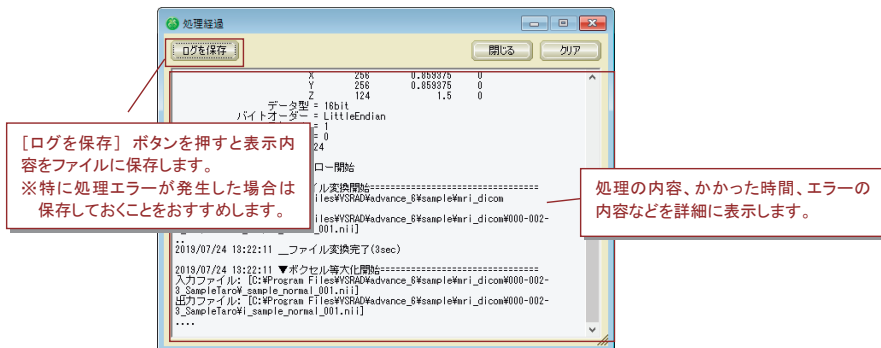
確認の具体的なポイントは 4.1 画像確認画面をご参照ください。

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

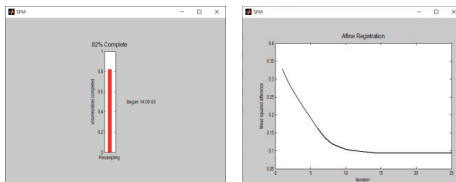
【手順5】 画像統計処理状況と情報の確認

画像統計処理は、推奨動作環境で 10 分程度かかります(「ブイエスラド プラス」の3倍程度の時間がかかります)。

画像統計処理中には、以下のような情報を確認することができます。



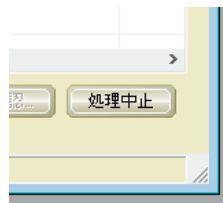
処理経過ウィンドウ



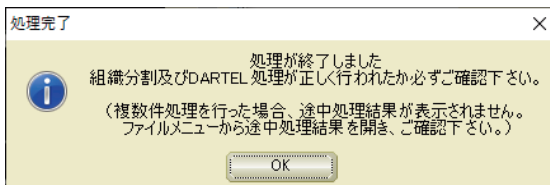
画像処理経過ウィンドウ

(初期設定では表示されません。メニューから[ツール]→[処理フロー設定]を開き、「処理中に画像処理経過ウィンドウを表示する」にチェックをいれると表示されます。)

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



処理が完了すると以下のようなダイアログが表示されます。

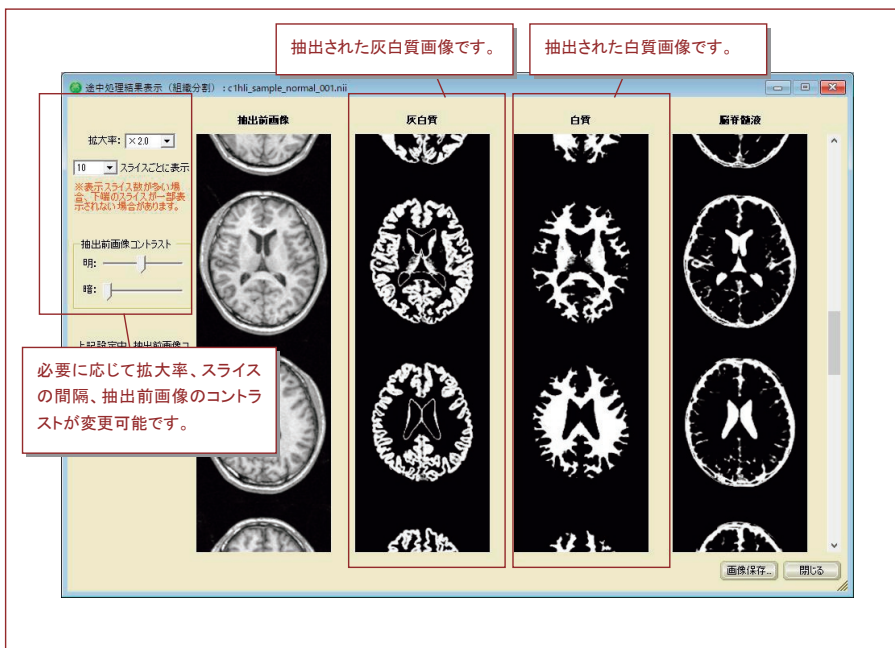


## 2.5. 途中処理結果の確認

処理完了後に表示される途中処理結果を確認してください。

### ✓【手順1】途中処理結果の確認（組織分割）

途中処理結果表示（組織分割）ウィンドウに、分割された灰白質・白質・脳脊髄液の処理結果が表示されています。処理が正常に行われたかご確認ください。



### 重要ポイント

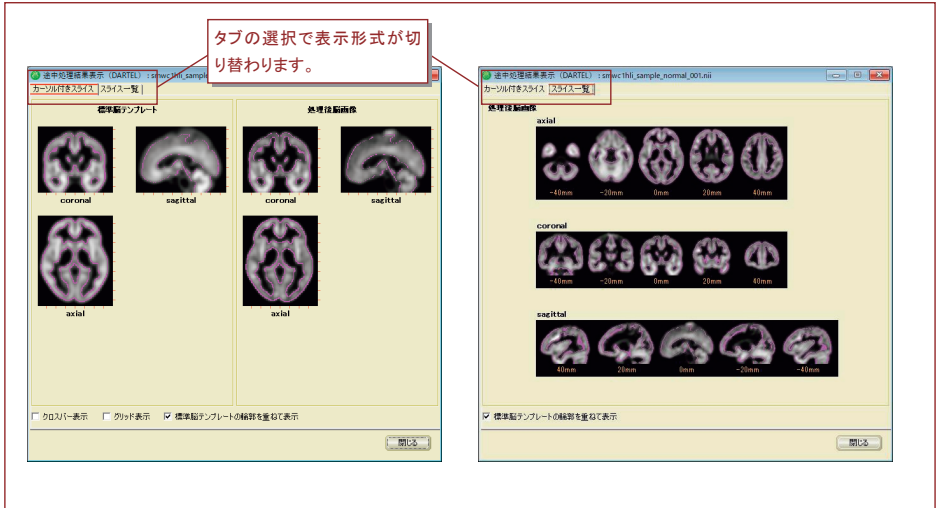
組織分割の処理が正常に行われたか必ずご確認ください。

☞ 確認の具体的な事例は 4.2途中処理結果（組織分割）をご参照ください。

✓ 各組織が不自然なく分割されているか

✓【手順2】途中処理結果の確認 (DARTEL)

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



重要ポイント

DARTEL の処理が正常に行われたか必ずご確認ください。

☞ 確認の具体的な事例は 4.3途中処理結果 (DARTEL) をご参照ください。

✓ 脳全体が含まれているか

## 2.6. 処理結果の確認と評価（基本手順）

処理結果を確認し、レポート作成を行う最も基本的な手順を説明します。

### ✓ 【手順1】処理結果の確認

処理が完了すると以下の各ウィンドウが開かれます。

- [灰白質]Z スコアマップスライス表示、[白質]Z スコアマップスライス表示  
灰白質・白質それぞれについて、対照画像と比較した被検者の容積低下（萎縮）レベルがZスコアマップとして表示されます。それぞれのウィンドウで5種類のタブを切り替えて表示できます。  
[スライス一覧 [標準脳]] ...標準脳Zスコアマップを特定断面でスライスを一覧表示します。  
[カーソル付きスライス [標準脳]] ...標準脳Zスコアマップを3断面で表示します。  
[スライス一覧 [被検者脳]] ...被検者脳Zスコアマップを特定断面でスライスを一覧表示します。  
[カーソル付きスライス [被検者脳]] ...被検者脳Zスコアマップを3断面で表示します。  
[被検者脳照合 [被検者脳]] ...被検者脳Zスコアマップと被検者脳MR画像を並べて表示します。
- Zスコアマップ脳表表示  
脳表部分の灰白質容積低下レベルが表示されます。
- Zスコア解析結果表示  
Zスコアマップから得られる「VOI内萎縮度」など、診断支援となる指標が定量的な数値として表示されます。
- VOI間萎縮比解析結果表示  
背側脳幹萎縮の程度と内側側頭部萎縮の程度の比率（VOI間萎縮比）の確認ができます。
- レポート記載情報  
所見などの文字情報を入力できます。これはレポート印刷に反映されます。

### ○ Zスコアマップとは

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

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

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

表示されるZスコアマップの形式には 標準脳Zスコアマップ と 被検者脳Zスコアマップ の2種類があります。標準脳Zスコアマップは、入力画像を標準脳に形態変換して対照画像と統計比較を行うことで得られる本プログラムにおいて基本となる処理結果であり、VOI内萎縮度などの指標もすべてこれから計算されます。被検者脳Zスコアマップは、標準脳のZスコアマップに対して空間的な変換（形態逆変換）を行って被検者のMR画像にマッピングし直したものです。これによって、標準脳Zスコアマップで萎縮として評価された領域が、被検者脳上でどこにあたるか目安として確認することができます。ただし、**被検者脳Zスコアマップは、あくまで表示上としての目安であり、被検者脳での萎縮の程度を統計的に表しているものではないことにご注意ください。**





## 重要ポイント

処理が正常に行われたか必ずご確認ください。

☞ 確認の具体的な事例は 4.4 処理結果 (Z スコアマップ) をご参照ください。

- ✓ Z スコアマップが全体的に異常に高くないか
- ✓ VOI 内萎縮度が異常に高くないか

※ 以下は、サンプル画像にある健常者の Z スコアマップを例に説明します。  
メニューから [ファイル] → [処理結果を開く] を選択し、bzrsmwc1h1i\_sample\_normal\_001.vsr を開くと同じものが参照できます。

### ■[灰白質] Zスコアマップスライス表示—スライス一覧[標準脳] タブ

紫線で囲まれた部分が関心領域として表示されます。

スライス位置の MNI 座標です。

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

被検者脳ではありません。

### ■[白質] Zスコアマップスライス表示—スライス一覧[標準脳] タブ

白質 Z スコアマップの表示は画面の背景が水色となります。

灰白質の画面と操作は同様ですが、関心領域が表示されないと異なります。

■【灰白質】Zスコアマップスライス表示－カーソル付きスライス【標準脳】タブ

2つの標準座標系によりカーソル位置の解剖学的な座標を表示します。

カーソル位置のボクセルのZスコアです。

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

カーソル位置の3断面において対応するスライスを表示します。

※背景に表示されているMR画像は標準脳であり、被検者脳ではありません。

画像保存... 閉じる

■【白質】Zスコアマップスライス表示－カーソル付きスライス【標準脳】タブ

<標準脳:白質容積マップ>

※白質容積マップでは関心領域は表示されません。

白質 Z スコアマップの表示は画面の背景が水色となります。灰白質の画面と操作は同様ですが、関心領域が表示されないところが異なります。

※背景に表示されているMR画像は標準脳であり、被検者脳ではありません。

画像保存... 閉じる

### ■[灰白質] Zスコアマップスライス表示—スライス一覧[被検者脳] タブ

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

「背景 MRI 画像」は被検者の脳画像です。

画像の表示方法や範囲を変更できます。

### ■[白質] Zスコアマップスライス表示—スライス一覧[被検者脳] タブ

白質 Z スコアマップの表示は画面の背景が水色となります。  
灰白質の画面と操作は同様となります。

### ■【灰白質】Zスコアマップスライス表示－カーソル付きスライス【被検者脳】タブ

ポクセル座標系によりカーソル位置座標を表示します。

カーソル位置のポクセルのZスコアです。

クラスサイズは表示されません

カーソル位置の3断面において対応するスライスを表示します。

### ■【白質】Zスコアマップスライス表示－カーソル付きスライス【被検者脳】タブ

白質 Zスコアマップの表示は画面の背景が水色となります。  
灰白質の画面と操作は同様となります。

■【灰白質】Zスコアマップスライス表示－被検者脳照合【被検者脳】タブ

■【白質】Zスコアマップスライス表示－被検者脳照合【被検者脳】タブ

■【灰白質】Zスコアマップ脳表表示

<標準脳:灰白質容積マップ>

表示形式  
拡大率: ×1.5

灰白質容積低下レベル  
2.0 6

詳細設定表示 ▼

左内側 右内側  
後 前  
右外側 左外側  
下 上

大脳皮質の内側面左右と、外側面前後左右上下の、計8方向の画像となります。  
表示される Z スコアは、脳表から投影面に垂直な方向に16mm(8ボクセル)分の最大値です。  
(「ブイエスラド プラス」までは12mm分の平均値でした)

※背景に表示されているMPR画像は標準脳であり、被検者脳ではありません。

画像保存... 閉じる...

## ■ Zスコアマップスライス表示・脳表表示の詳細設定

Zスコアマップ画像表示ウィンドウの左下部分で、表示に関する詳細な設定ができます。各タブに関して共通の設定となります。

**詳細設定表示ボタンを押すと詳細設定の表示／非表示が切り替わります。**

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

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

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

**Zスコアマップの色付けの範囲と、色の变化を変更します。**

**クラスタサイズの閾値を変更します。(脳表以外の標準脳のみで有効)**

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

**VOIの表示／非表示を切り替えます。(脳表表示以外の灰白質の標準脳でのみ有効)**

**※レポート出力設定がクラシックモードの場合は、各スライス方向ごとの閾値および先頭・最終スライスがレポート印刷に反映されます。**



■VOI 間萎縮比解析結果表示

[VOI 間萎縮比解析結果] ウィンドウでは、画面右側の Z スコアマップスライス表示において「内側側頭部 VOI」に加えて、「背側脳幹 VOI」が表示されます。一方、画面左側の Z スコア解析結果において、VOI 内萎縮度と、2つの VOI の萎縮度間の比率である「VOI 間萎縮比」が表示されます。他の画面と区別するために、画面の背景色が黄緑色で表示されます。

Z スコア解析結果の詳細については 3.4 関心領域 (VOI: Volume of Interest) について、および 3.5 VOI 間萎縮比解析結果 をご参照ください。

他の画面と区別するため画面の背景が黄緑色となります。

**Z スコアマップスライス表示**  
上段が灰白質、下段が白質の Z スコアマップです。

**カースケール**  
Z スコア1以上のボクセルに色付けされます。  
通常の Z スコアマップ (2 以上に色付け) と異なるカースケールであることにご注意ください。

Z スコア解析結果表示の (1) VOI 内萎縮度と同じものです。

**(a2) [灰白質]VOI 間萎縮比**

**(b2) [白質]VOI 間萎縮比**

内側側頭部の VOI は紫色の線で囲まれた領域で、灰白質の Z スコアマップにのみ表示されています。

背側脳幹の VOI は黄色の線で囲まれた領域で、灰白質と白質の両方の Z スコアマップに表示されています。それぞれの萎縮度 (正の平均値) が以下の値として表示されます。  
**(a1) [灰白質]背側脳幹 VOI 内萎縮度**  
**(b1) [白質]背側脳幹 VOI 内萎縮度**

-20mm

上段: 灰白質

-20mm

下段: 白質

内側側頭部の VOI は紫色の線で囲まれた領域で、灰白質の Z スコアマップにのみ表示されています。

### ■Zスコア解析結果表示

「VOI内萎縮度: Severity of VOI atrophy」およびその他の解析結果を数値化して表示します。「ブイエスラドアドバンス」の関心領域は内側側頭部(海馬・扁桃・嗅内野の大部分)に設定されています。

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

※ 撮像環境によって値は若干変動しますので、あくまで目安とお考えください。

「VOI内萎縮度: Severity of VOI atrophy」(VOI内の0を超えるZスコアの平均)を数値化して表示します。

(2)~(4)はZスコア>2すなわち有意に萎縮がある領域の広さに関連する指標です。  
(4)=(3)/(2)という関係になっています。

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

目安 0~1...関心領域内の萎縮が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

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

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

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

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

白質については関心領域を設けていないため、全脳萎縮領域の割合のみが表示されます。

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

詳細情報には、上部に表示されている全指標に加え VOI内最大値と、VOIに関する指標についての左右別の値およびその差が表示されます。

書き出し 閉じる

### ✓【手順2】レポート記載情報の入力

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

レポート記載情報: (1) bzrsmwc1h1i\_sample\_normal\_001

受付番号 (Accession Number) が表示されます。(入力DICOM画像に入っている場合のみ)

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

所見  
担当医師: [ ] 読影医師: [ ]

所見欄に必要事項を記入します。

初期設定のシンプルレポート設定ではレポートにコメントは出力されないのでご注意ください。

※シンプルレポート設定ではコメントは出力されません。

[記載情報保存] ボタンを押すとファイルに保存されます。

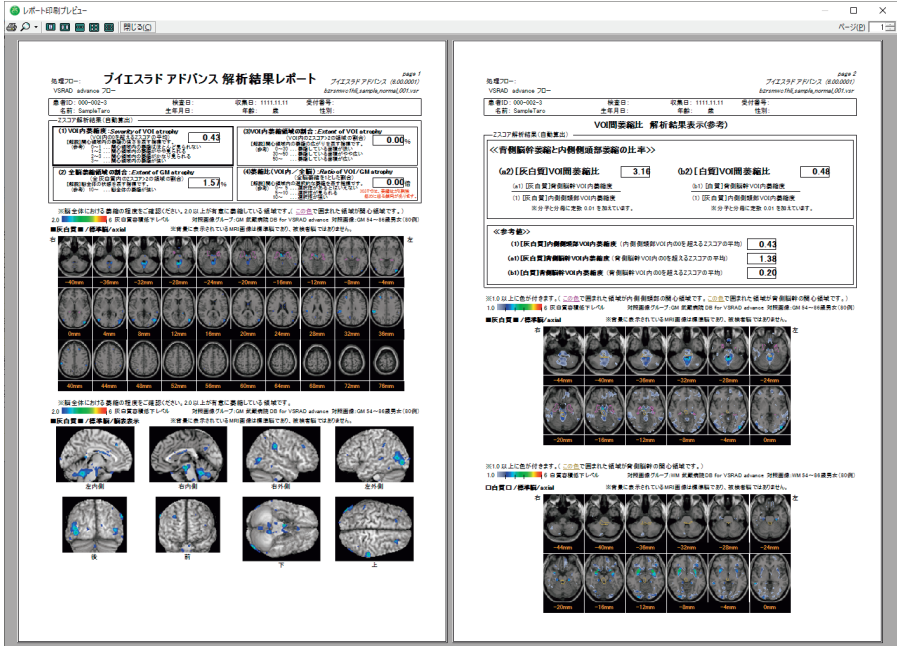
コメント入力

記載情報保存 閉じる

## 2.7. レポートの印刷

レポートの印刷方法について説明します。

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



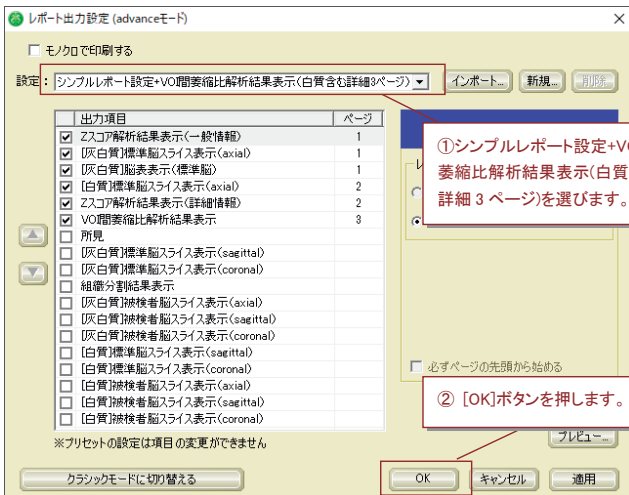
初期状態の「シンプルレポート設定+VOI間萎縮比解析結果表示(2ページ)」では、上の図のように1ページ目にはZスコア解析結果(灰白質の値のみ)、[灰白質]標準脳スライス(axial)、[灰白質]脳表表示の順でレイアウトされます。2ページ目にはVOI間萎縮比解析結果表示ウィンドウで表示される解析結果の値および灰白質・白質のスライス画像がレイアウトされます。

※ 医療機器承認前のVSRAD advance および VSRAD advance 2 では、VSRADの解析結果をふまえた所見として、ADに特徴的な萎縮が認められるかどうか、といった観点で5段階でチェックする所見評価欄が脳表表示解析結果の下のエリアに設けられていましたが、医療機器版の「バイエストラド アドバンス」では削除されました。

さらに、設定により様々なレポート出力形態が可能です。

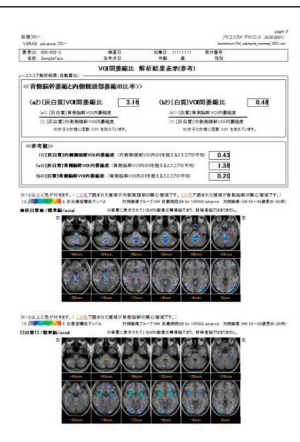
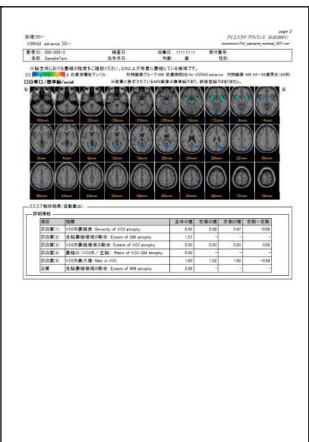
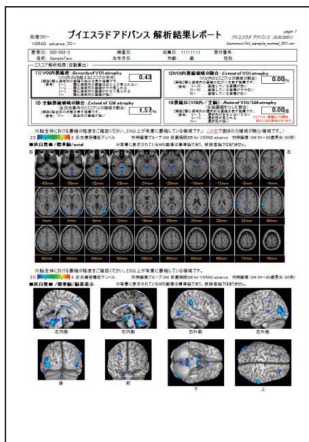
■ 白質の結果を含むレポートを印刷する

[ファイル]→[レポート出力設定]にて設定を[シンプルレポート設定+VOI間萎縮比解析結果表示(白質含む詳細3ページ)]に変更することで、先の2ページの場合に加えて、間の2ページ目に [白質]標準脳スライス表示(axial)、Zスコア解析結果表示(詳細情報)が合計3ページで出力されるようになります。



① シンプルレポート設定+VOI間萎縮比解析結果表示(白質含む詳細3ページ)を選びます。

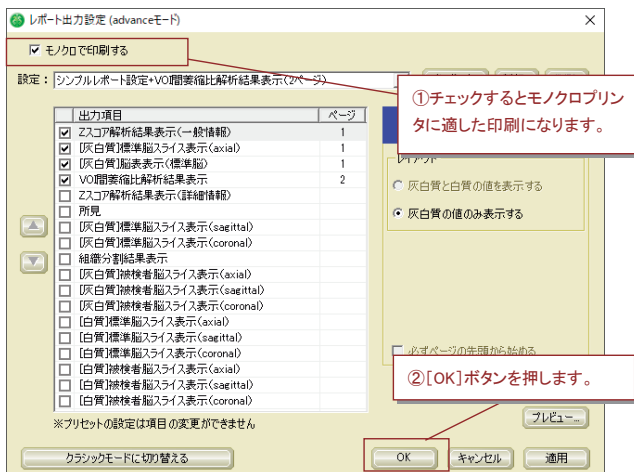
② [OK]ボタンを押します。

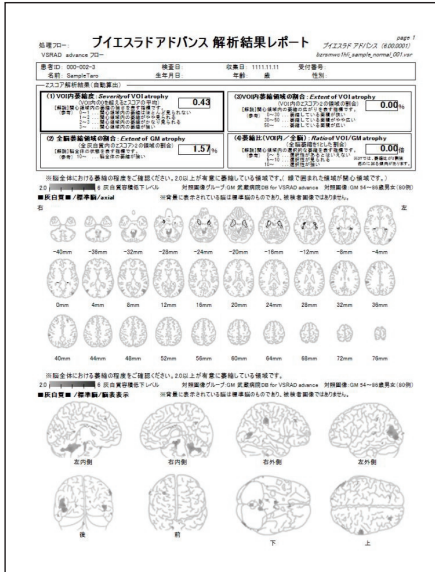


## ■ モノクロプリンタに適した形式でレポートを印刷する

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

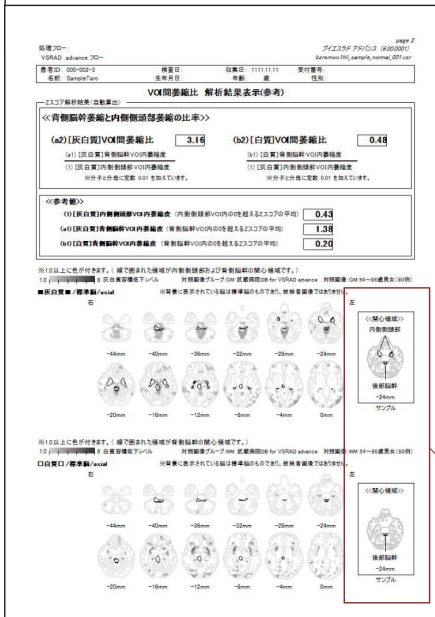
メニューから [ファイル]→[レポート出力設定] を選び、画面左上の「モノクロで印刷する」にチェックを入れ、[OK] ボタンを押します。この状態でレポート印刷を行うとモノクロ印刷に最適化された印刷が行われます。





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

- ※ 被検者脳スライス表示、組織分割結果表示については、モノクロ印刷に最適化した形式はありません。
- ※ Z スコアマップの表示範囲を「同時表示」としている場合はモノクロ印刷を行うことはできません。
- ※ VOI の表示は、VOI の境界ボックス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 (sagittal 面の 16mm、-16mm のスライスなど) 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。



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

## ■ オリジナルのレイアウトでレポートを印刷する

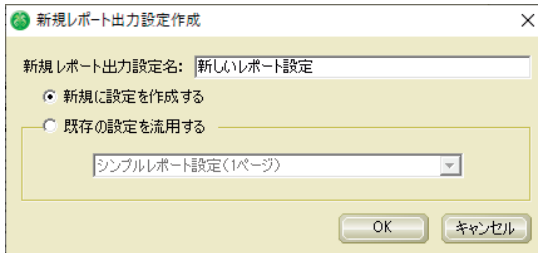
オリジナルのレポート出力設定を作成することで自由度が高い多彩なレイアウトのレポートが出力できます。

- 各出力項目について 1 ページに占める割合やスライス枚数などが設定可能です(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]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】 出力項目を選択し各出力項目の詳細を設定する

[レポート出力設定 (advance モード)]ウィンドウで、出力項目名の左のチェックボックスで印刷の有無を設定します。チェックしたものが印刷対象となります。さらに、上下矢印ボタンで印刷される順序を変更することができます。出力項目には次のものがあります。

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

※ 「所見」項目においては、コメントのみ入力可能です。医療機器承認前の VSRAD advance および VSRAD advance 2 にあった、AD に特徴的な萎縮がみられるかどうかを 5 段階でチェックする「所見評価欄」の項目は、本プログラムでは搭載されていません。

レポート出力設定 (advanceモード)

モノクロで印刷する

新しいレポート設定 [インプ]

チェックした出力項目が印刷されます。

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

※プリセットの設定は項目の変更できません

クラシックモードに切り替える

OK キャンセル 適用

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。

Zスコア解析結果表示(一般情報)

レイアウト

灰白質と白質の値を表示する

灰白質の値のみ表示する

ここにチェックを入ると選択されている項目が改ページ後にスタートします

必ずページの先頭から始める

プレビュー...

レイアウトのイメージがプレビューで確認できます。

※ [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。



## 2. 8. 処理済み画像ファイルの開き方

既に処理済みの画像ファイルを開く操作手順を説明します。

- ※ 複数の処理結果ファイルを開くとエラーが発生することがあります。一度に開く処理結果は4件程度までを目安にしてください。
- ※ 医療機器承認前の VSRAD advance および VSRAD advance 2 の処理結果ファイルも開くことが可能です。

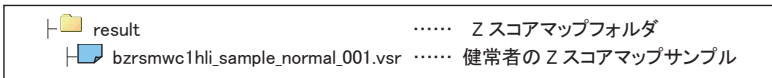
### ■ 処理結果の開き方（処理結果ファイルを指定して開く場合）

メニューから [ファイル]→[処理結果を開く] を選択し、ファイルダイアログから開きたいファイルを指定し [開く] ボタンを押してください。処理結果が表示されます。

本プログラムの処理結果ファイルは拡張子が “vsr” のファイルです。

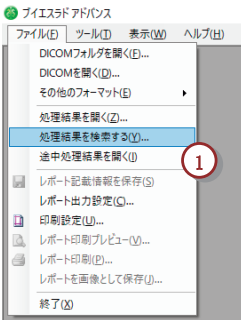
- ☞ 6.1本プログラムで生成されるファイル、6.5個人情報削除について

なお、サンプルの処理結果が「C:\Program Files (x86)\VSRAD\advance\_6\sample\result¥」以下にあります。



### ■ 処理結果の開き方（処理結果を検索して開く場合）

本プログラムで処理した処理結果ファイルについて、被検者名・患者 ID をもとに検索し、処理結果の表示や、検索結果の出力が行えます。



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



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

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

④[処理結果を検索する]ボタンを押すと、検索が実行され⑤に検索結果が一覧で表示されます。その際、各ファイルの解析結果の数値も表示されます。

⑤検索結果から、開きたいファイルを選択します（一度に最大 4 例まで開くことができます）。

⑥[処理結果を開く]ボタンを押すと、選択した処理結果が開きます。

## ■ 処理結果を検索して CSV 出力を行う

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

CSV ファイル形式は、多くの表計算ソフトや統計解析ソフトなどで読み込み可能な標準的なフォーマットです。

**処理結果の検索**

検索対象フォルダと検索条件を指定して、「処理結果を検索する」ボタンを押して下さい。  
(サブフォルダ内のファイルも検索対象です。)

**検索対象フォルダ**

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

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

**検索条件**

検索条件を指定しない  
 検索条件を指定する

名前 Taro  
患者ID

検索条件クリア ※部分一致で検索します。

処理結果を検索する

**検索結果**

フォルダ名	ファイル名	処理日	名前	患者ID	検査日	収集日	受付番号	生年月
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrmwclhij_sample_normal_001\vsr	2019.07.24	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrmwclhij_sample_normal_001\vsr	2019.07.25	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrmwclhij_sample_normal_001\vsr	2019.07.24	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		
C:\Program Files (x86)\VSRAD\adva...	bzrmwclhij_sample_normal_001\vsr	2011.12.08	SampleTaro	000-002-3		1111.11.11		

検索結果書き出し... 処理結果を閉じる

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

入力画像数: 4  
選択画像数: 0

**[検索結果書き出し]ボタン**  
検索された処理結果の一覧がすべて CSV 形式で出力されます。

CSV  
ファイル

検索結果の一覧における項目名を以下の表に示します。値は処理されたときに出力された各処理結果ファイルを参照元として読み込まれます。

No.	項目名	参照元 〈ファイル名の例〉	
1	フォルダ名	VSR ファイルのファイル名とフォルダ	
2	ファイル名	<bzrsmwc1hli_000.vsr >	
3	処理日	レポート記載情報 <bzrsmwc1hli_000_report.xml>	
4	名前		
5	患者 ID		
6	検査日		
7	収集日		
8	受付番号		
9	生年月日		
10	年齢		
11	性別		
12	灰白質(1)-全		Z スコア解析結果ファイル <zrsmwc1hli_000.csv>
13	灰白質(1)-右		
14	灰白質(1)-左		
15	灰白質(1)-差		
16	灰白質(2)-全		
17	灰白質(3)-全		
18	灰白質(3)-右		
19	灰白質(3)-左		
20	灰白質(3)-差		
21	灰白質(4)-全		
22	灰白質(5)-全		
23	灰白質(5)-右		
24	灰白質(5)-左		
25	灰白質(5)-差		
26	白質-全		
27	(a1)[灰白質]背側脳幹 VOI 内萎縮度	VOI 間萎縮比解析結果の Z スコア解析結果ファイル (※1) <vzrsmwc1hli_000.csv>	
28	(a2)[灰白質]VOI 間萎縮比		
29	(b1)[白質]背側脳幹 VOI 内萎縮度		
30	(b2)[白質] VOI 間萎縮比		

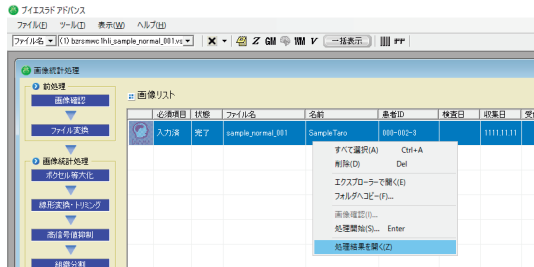
※1 No.27～30 の項目は「バイエストラド アドバンス」で処理された場合に出力される「VOI 間萎縮比解析結果の Z スコア解析結果ファイル」を参照しています。「バイエストラド アドバンス」の過去のバージョンである VSRAD advance (Ver.4.31) で処理された処理結果は「バイエストラド アドバンス」と同一ですが、本ファイルは出力されていないためこれらの項目は空欄となります。本値が必要な場合は、VSRAD advance (Ver.4.31) の処理結果を「バイエストラド アドバンス」で開き、[VOI 間萎縮比解析結果表示]ウィンドウの[書き出し]ボタンにより「VOI 間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

※ 絶対評価表示を有効にしている場合は関連する値が追加で表示されます。

☞ 詳細はアプリケーションマニュアルを参照してください。

### ■ 処理結果の開き方（画像リストから開く場合）

一括処理で6件以上処理をした場合は処理結果表示が省略されますが、画像統計処理ウィンドウからその処理画像を開くことができます。画像リストで「状態」が「完了」になっているものについて、マウスで右クリックから[処理結果を開く]を選択することで処理画像が開きます。



### ■ 処理結果の閉じ方

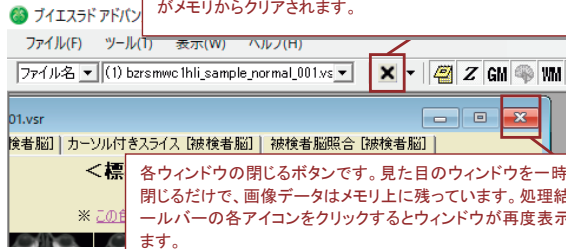
被検者単位で処理結果を閉じる場合は、処理結果ツールバーの×ボタンから閉じてください。

一方、灰白質の画面は残し白質の画面だけ消すといった場合は、各ウィンドウの右上の閉じるボタンを使います。この方法ではウィンドウが非表示になるだけで画像データはメモリに残ります。

処理結果の画像データは多くのメモリを使用しますので、確認が終わった処理結果は処理結果ツールバーの閉じるボタンで閉じてください。

メモリが不足すると、処理が遅くなったり動作が不安定になったりする場合がありますのでご注意ください。

処理結果ツールバーの閉じるボタンです。左のコンボボックスに表示されている処理結果の画像データがメモリからクリアされます。



各ウィンドウの閉じるボタンです。見た目のウィンドウを一時的に閉じるだけで、画像データはメモリ上に残っています。処理結果ツールバーの各アイコンをクリックするとウィンドウが再度表示されます。

### ■ 途中処理結果ファイルの開き方(その1)

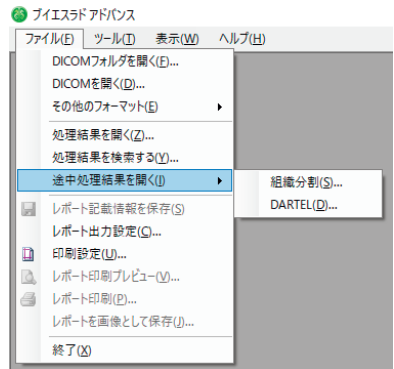
メニューから [ファイル]→[途中処理結果を開く] を選び、さらに[組織分割] か [DARTEL] のいずれかを選択してください。ファイルダイアログから開きたい途中処理結果ファイルを指定し [開く] ボタンを押してください。

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

ファイル名は、次のような規則にしたがっています。

組織分割の結果:

- ファイル名の先頭文字が“c1”
- 例) c1h1i<元ファイル名>.nii



DARTEL の結果:

→ファイル名の先頭文字が “s”  
 例) smwc1hli\_<元ファイル名>.nii

なお、サンプルの途中処理結果は「C:\Program Files (x86)\VSRAD¥advance\_6¥sample¥result¥」以下にあります。

### ■ 途中処理結果ファイルの開き方(その2)

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

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

また、DARTEL の結果を開く場合は、同様が一番右のボタンを押すと、表示させることができます。



## 2.9. 結果ファイルの出力先の設定(ワークフォルダ設定)

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

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

新規フォルダ名は、入力画像のファイル名か、入力 DICOM 画像に記録されている検査日、収集日、患者ID、名前、親フォルダ名、任意の文字列が使用可能であり、上下ボタンにより順序の入れ替えが可能です(収集日、親フォルダ名、任意の文字列の項目、および順序の入れ替えは「PIESLAD アドバンス」で「PIESLAD プラス」から追加された機能です。)。初期設定では検査日、患者ID、名前を連結したものになっています。設定により、特定のフォルダに出力したり、被検者ごとのフォルダを作成しないようにしたりすることができます。

- ※ 特定のフォルダに出力する設定を行う場合は、フォルダ名に全角・特殊文字が含まれるフォルダ、および「C:」など書き込み権限のないフォルダを指定することはできません。
- ※ 「上記のフォルダ以下に被検者ごとにフォルダを生成する」のチェックを外した場合、指定した「結果画像ファイルを出力するフォルダ」に、処理結果が指定フォルダの直下に並列に出力されます。この際、すでに指定フォルダに同一ファイル名のファイルが存在している場合、アラートが表示されることなく、新しいファイルで上書きされますのでご注意ください。

ワークフォルダ設定 ×

結果画像ファイルを出力するフォルダを指定します。

入力画像ファイルと同じフォルダを使用する  
 特定のフォルダを使用する

フォルダ:  参照...

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(名称は下記で設定)

入力画像のファイル名とする  
 入力画像の被検者情報とする

例: StudyDate\_PatientID\_Name

	文字列	
▲	<input checked="" type="checkbox"/> 検査日(0008,0020)	
	<input checked="" type="checkbox"/> 収集日(0008,0022)	
	<input checked="" type="checkbox"/> 患者ID(0010,0020)	
▼	<input checked="" type="checkbox"/> 名前(0010,0010)	
	<input type="checkbox"/> 親フォルダ名	
	<input type="checkbox"/> 任意の文字列	

任意の文字列:

※ DICOMの場合は( )内のグループ番号と要素番号の情報を利用します。  
 ※ NIFTおよびANALYZEの場合は画像確認ウィンドウで設定されている情報を利用します。  
 ※ 被検者情報がない場合は、入力画像のファイル名となります。

※Windowsの制約で出力ファイル名は260文字以下である必要があります。  
 ファイルパスが長くなりすぎないようにワークフォルダを指定してください。

### 3章 画像統計処理について

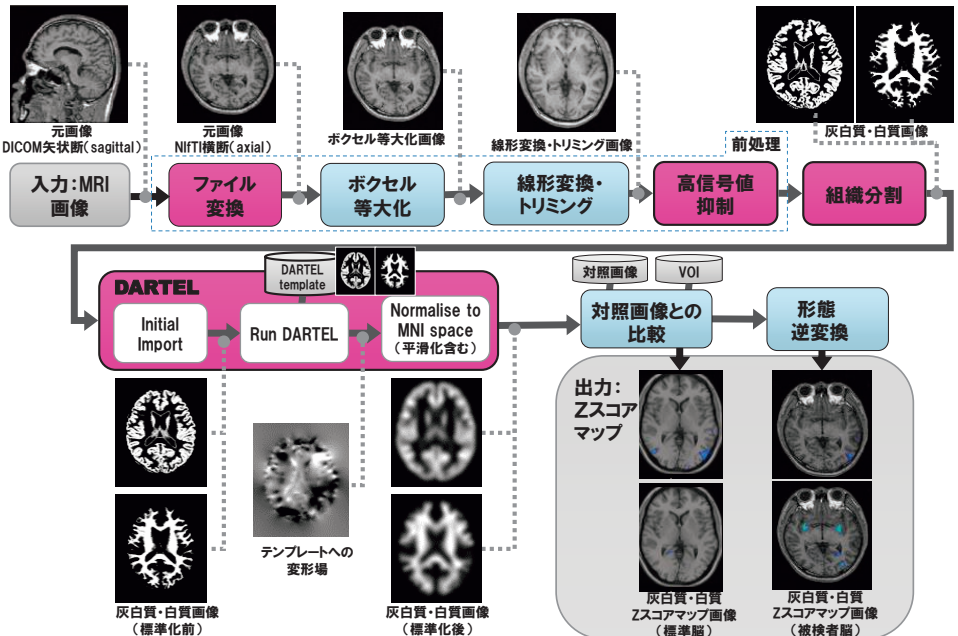
#### 3.1. 萎縮を定量化する手法 VBM

本プログラムは、入力された脳 MR 画像について、対照画像群と比較したときの萎縮を、定量的に出力することを目的としています。その理論的背景は、VBM(Voxel Based Morphometry) に基づいています。VBM の基本となる考え方は、被検者の脳画像について、注目する特定の組織のみを抽出したのについて、形態変換を行って、ある特定の“標準脳”にそろえることで、脳の大きさや形状といった個人間の差異を吸収することです。これによって、複数の異なる被検者の脳容積を、共通の画像空間上で、ボクセル単位での統計比較を行うことが可能となります。これらを実装したものとしては、ロンドン大学から配布されている研究用のソフトウェアである SPM(Statistical Parametric Mapping) が有名です。SPM は、科学計算ソフトウェアの MATLAB 上で動作し、もともとは機能的 MRI など脳賦活試験データの解析を目的として開発されたツールですが、様々な汎用画像処理アルゴリズムが実装されており、VBM を行うためのツールとしても広く活用されています。「PIE STRAD」は前バージョンの「PIE STRAD プラス」までは SPM2 のアルゴリズムを移植していましたが、「PIE STRAD アドバンス」では SPM の 2008 年版である SPM8 をロンドン大学の許可を得て移植しています。「PIE STRAD アドバンス」で使用している SPM8 の機能は組織分割、DARTEL のアルゴリズムです。

#### 3.2. 本プログラムにおける基本的な処理フロー

本プログラムの基本的な画像統計処理のフローを下図に示します。

PIE STRAD アドバンスから追加・改良された機能





各処理の役割は以下のようになっています。

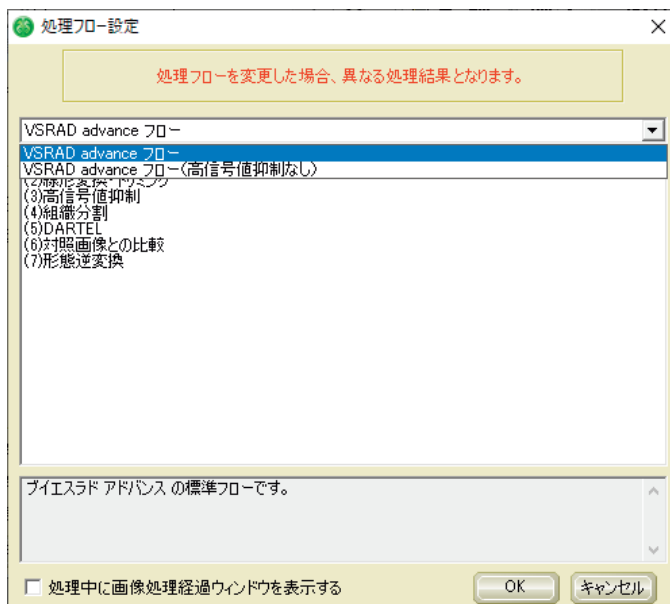
処理名	説明
ファイル変換	3 次元的に撮像された MR 画像 (撮像方法: T1 強調、画像方向: 矢状断 (sagittal)) を、画像方向について横断(axial)に変換します。画像フォーマットとしては、DICOM から NIFTI に変換します。
ボクセル等大化	処理精度を均一化するため、ボクセル(画像を構成する最小単位)の 3 方向の長さがそれぞれ等しくなるように変換します。 ボクセルの大きさは 1.2mm 立方としています。
線形変換・トリミング	入力された脳について、標準脳画像の領域で切り出し、大きさ、向きをそろえることで、AC-PC ラインを水平にし、また解析に不要な領域が除去されます。
高信号値抑制	SPM8 の組織分割特有の高信号によるエラーを防止する機能です。 SPM8 の組織分割処理は、脳表部分などに極端に強い信号値があると正常に分割が行われないケースがあります。そこで、脳表部分に強い信号値があるかどうかを判定し、一定基準を超える場合に極端に高い信号値を抑える処理を行っています。
組織分割	脳を組織成分ごとに、灰白質・白質・脳脊髄液に分割します。「ブイエスラド プラス」までは灰白質についてのみの解析でしたが、「ブイエスラド アドバンス」では白質についてもこの後の解析対象としています。 また、灰白質については SPM8 の cleanup 機能が有効になっており、脳表部分の不必要な非灰白質成分を除去しています。
DARTEL (解剖学的標準化)	脳全体が標準的な大きさおよび形状になるように、空間的な形態変換を行います。 DARTEL は「ブイエスラド プラス」までの解剖学的標準化に相当しますが、灰白質と白質を同時に精密に合わせ込むことで、より精度の高い変換を実現しています。
対照画像との比較	信号値の補正を行ってから、対照画像群と統計的比較を行い、萎縮の度合いを画像化した Z スコアマップを作成します。
形態逆変換	線形変換・トリミング、DARTEL で行った形態変換の逆の変換を行うことで、標準脳の Z スコアマップを被検者脳(ボクセル等大化の直後)に戻します。

### 3.3. 処理フローの種類

本プログラムの画像統計処理のフローは、次の 2 種類が用意されており、メニューの [ツール]→[処理フロー設定] から選択できます。

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

- 「VSRAD advance フロー」  
本プログラムの標準フローです。通常はこちらを使います。
- 「VSRAD advance フロー(高信号値抑制なし)」  
VSRAD advance フローから高信号値抑制を除いたものです。高信号値抑制をかけて処理がうまくいかないときはこちらをお使いください。

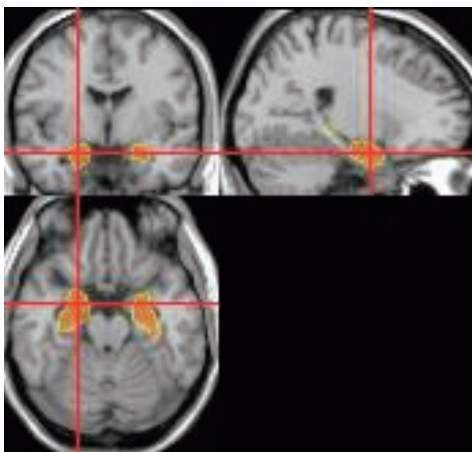


### 3.4. 関心領域 (VOI: Volume of Interest) について

本プログラムには「内側側頭部 VOI」と「背側脳幹 VOI」の2つの関心領域が組み込まれています。

#### ■ 内側側頭部 VOI

健常群 80 例、アルツハイマー型認知症 (AD) 群 61 例についてグループ解析 (2 標本 t 検定) を行った結果、AD 群で有意 ( $T=7.0$ ) な萎縮がみられた領域です。内側側頭部に位置し、特に海馬・扁桃・嗅内野の大部分を含みます。



《アルツハイマー型認知症群で有意 ( $T=7.0$ ) に萎縮がみられる部位: 海馬・扁桃・嗅内野の大部分が含まれる》

#### 解析対象

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

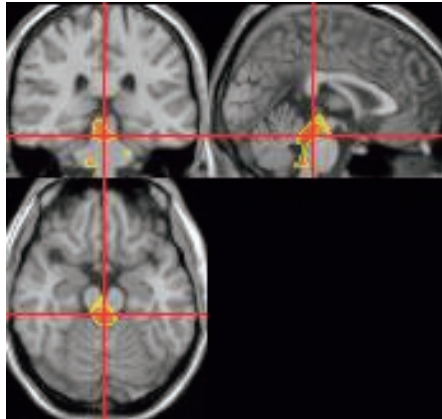
**健常群:** 男性 40 名、女性 40 名、年齢 54 歳~86 歳 ( $70.2 \pm 7.3$ )、MMSE: 正常 ( $28.7 \pm 1.5$ )、HDS-R: 正常、Wechsler Memory Scale-Revised (WMS-R): 正常、Wechsler Adult Intelligence Scale-Revised (WAIS-R): 正常、年齢相応の白質の高信号が T2 強調画像でみられるのみ、糖尿病などの脳血管障害の危険因子がない。

#### ○ VOI とは？

Volume of Interest の略で、本プログラムでは ROI (Region of Interest) と同義で使用しています。ROI の中でも特に 3 次元的な広がりがあることを強調した表現として「VOI」を使用しています。

## ■ 背側脳幹 VOI

レビー小体型認知症 (DLB) 群 30 例について、解剖学的アトラスの中脳 (midbrain) および橋 (pons) において、DLB 群で特異的に白質萎縮がみられた領域 (全脳白質萎縮割合と有意な負の相関があった領域) です。脳幹の背側部に位置します。



《背側脳幹 VOI の範囲》

### 解析対象

**DLB 群:** DLB 臨床診断基準改定版 (2005) で possible または probable DLB と診断された男性 32 名、女性 28 名、年齢  $77.3 \pm 5.8$ 、MMSE  $20.8 \pm 4.1$  のうち無作為に選択された 30 例。(T2 強調像にて無症候性脳梗塞がみられない。)

### 3.5. VOI間萎縮比解析結果

VOI間萎縮比解析結果として出力される

- (a2) [灰白質] VOI間萎縮比
- (b2) [白質] VOI間萎縮比

は、アルツハイマー型認知症 (AD) とレビー小体型認知症 (DLB) の脳萎縮評価支援を目的とした指標です。臨床的に認知症、特に AD や DLB が疑わしい症例において参考としてください。

(a2)、(b2)ともに内側側頭部を基準として、背側脳幹がどれだけ萎縮しているかを表す指標です。(a2)、(b2)の違いは、灰白質・白質のいずれの背側脳幹萎縮をみているかという違いです。それぞれ次式によって定義されます。

$$(a2)[\text{灰白質}] \text{VOI間萎縮比} = \frac{(a1)[\text{灰白質}] \text{背側脳幹 VOI内萎縮度} + \delta}{(1)[\text{灰白質}] \text{内側側頭部 VOI内萎縮度} + \delta}$$

$$(b2)[\text{白質}] \text{VOI間萎縮比} = \frac{(b1)[\text{白質}] \text{背側脳幹 VOI内萎縮度} + \delta}{(1)[\text{灰白質}] \text{内側側頭部 VOI内萎縮度} + \delta}$$

$$\delta = 0.01$$

※ (a2)および(b2)の分母である(1)は、その定義上 0(ゼロ)となる可能性があります。その場合に生じる「ゼロ除算」を避けるため、分子と分母にそれぞれ定数  $\delta = 0.01$  (表示上の最小値) を加算したものの比として定義しています。分母だけでなく分子にも同じ定数を加算しているのは、分子と分母が等しい場合に、VOI間萎縮比が 1 となるようにするためです。

(a2)は背側脳幹の灰白質が、(b2)は背側脳幹の白質が、それぞれ内側側頭部の灰白質に対して相対的に萎縮している場合に高い値となります。

上記(a2)、(b2)の算出に使用する指標 (1)、(a1)、(b1) はそれぞれ次式によって定義されます。

$$(1)[\text{灰白質}] \text{内側側頭部 VOI内萎縮度} = \frac{\text{内側側頭部 VOI内における正の Z スコア(灰白質)の合計}}{\text{内側側頭部 VOI内における Z スコア(灰白質)が正となるボクセル数}}$$

$$(a1)[\text{灰白質}] \text{背側脳幹 VOI内萎縮度} = \frac{\text{背側脳幹 VOI内における正の Z スコア(灰白質)の合計}}{\text{背側脳幹 VOI内における Z スコア(灰白質)が正となるボクセル数}}$$

$$(b1)[\text{白質}] \text{背側脳幹 VOI内萎縮度} = \frac{\text{背側脳幹 VOI内における正の Z スコア(白質)の合計}}{\text{背側脳幹 VOI内における Z スコア(白質)が正となるボクセル数}}$$

- ・ 「(1)[灰白質]内側側頭部 VOI内萎縮度」は、Z スコア解析結果表示ウィンドウの「(1)VOI内萎縮度」と同じものです。ここでは「背側脳幹 VOI」と区別するために「内側側頭部 VOI」という名称を用いています。
- ・ 「(a1)[灰白質]背側脳幹 VOI内萎縮度」は「(1)[灰白質]内側側頭部 VOI内萎縮度」の VOI を背側脳幹に変更して算出したものです。
- ・ 「(b1)[白質]背側脳幹 VOI内萎縮度」は「(1)[灰白質]内側側頭部 VOI内萎縮度」の VOI を背側脳幹に変更して、白質 Z スコアについて算出したものです。

#### ※ご注意

- ・ (a2)、(b2) は以下の場合に疾患の有無にかかわらず高い値を示します。

- 内側側頭部の萎縮が目立たない症例(例えば健常者など)の場合: 分母である(1)の値が低くなるため、(a2)、(b2)は比較的高い値を示す傾向があります。
- (a2)、(b2)は以下の場合に同一被検者でも「(1)[灰白質]内側側頭部 VOI内萎縮度」以上に値が大きく変動する傾向があります。
  - MR装置や撮像条件を変更した場合: 背側脳幹の信号値は、内側側頭部と比較してMR装置や撮像条件による画質の違いによる影響を受けやすいです。
  - 対照画像を変更した場合: 背側脳幹は、内側側頭部と比較して対照画像の違いが大きいためです。

### 3.6. 対照画像について

本プログラムに実装されている対照画像は、年齢別に作成された次の3種類です。これらは、各画像について、本プログラムによる画像処理(ボクセル等大化→線形変換・トリミング→高信号値抑制→組織分割→DARTEL)を行い、ボクセル値の全脳平均を50にスケールリングしたのから、各群の平均画像、標準偏差画像を算出したものです。

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

※ 通常は(1)54歳～86歳男女80名の対照画像を使用します。

#### 【対照画像群の条件】

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

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

#### ◀対照画像提供元▶

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

## 4章 画像の確認ポイント

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

### 4.1. 画像確認画面

#### ■ 確認ポイント

画像確認画面で、ご確認いただくポイントを示します。

##### ✓ 画像の向きは正しいか

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

##### ✓ 画像に全脳がカバーされているか

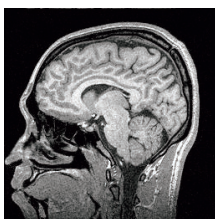
画像は脳全体が含まれていることが必要です。一部が欠けている場合は正常に処理できません。単一スライス画像だけでなく、トラックバーを動かしてスライス方向においても脳全体が含まれていることをご確認ください。画像の撮像時に、必要に応じて FOV、スラブ厚を調節して被検者の脳全体が含まれるようにしてください。

##### ✓ 撮像範囲が広すぎないか

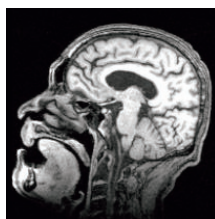
頭部の大きさに対して撮像範囲が広すぎる場合は、正常に組織分割処理が行われない場合があります。画像の撮像時に撮像範囲を適切に設定してください。

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

顎が上がっていると正常に組織分割処理が行われない場合があります。画像の撮像時に極端に顎が上がらないようにしてください。



正しい例



顎が上がっている例

##### ✓ 灰白質と白質のコントラストが良いか

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

##### ✓ 画像にムラがないか

画像に大きなムラがある場合は、正常に組織分割が行われない場合があります。



✓ **アーチファクトがないか**

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

✓ **T1 強調画像で低信号領域が広くみられないか**

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

## 4. 2. 途中処理結果(組織分割)

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

■ **確認ポイント**

組織分割の途中処理結果で、ご確認くださいポイントを示します。

✓ **各組織が不自然なく分割されているか**

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

■ **正常に行えない原因**

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

✓ **AC-PC ラインが水平でない(顎が極端に上がっている)**

正常な処理結果が得られない、または処理が途中で停止する場合があります。これは、組織分割処理における、回転パラメータの補正角度には限界があるためです。

✓ **灰白質と白質のコントラストが悪い**

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

✓ **画像にムラがある**

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

✓ **アーチファクトがある**

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

✓ **T1 強調画像で低信号領域が広くみられる**

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

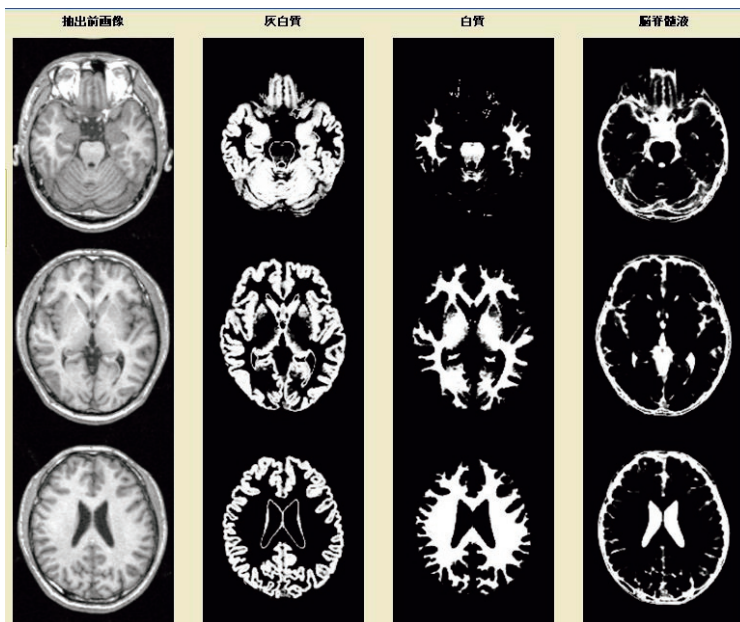
✓ **脳室が拡大している**

脳室が拡大している画像は組織分割が正しく行われな場合があります。組織分割の途中処理結果において、脳室が正しく脳脊髄液に分割されているかどうかのポイントとなりますのでご確認ください。

■ **処理結果の実例**

具体的に組織分割処理が正常に行われた例と、失敗した例を挙げます。

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



組織分割成功例



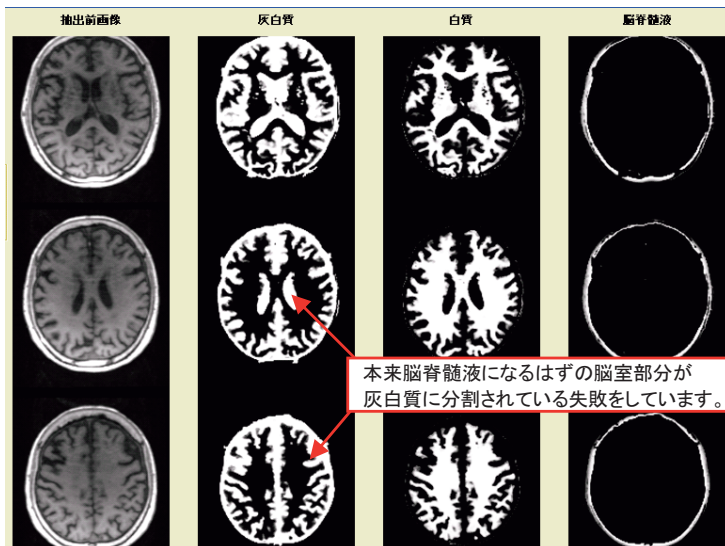
入力画像

次に失敗した例を示します。

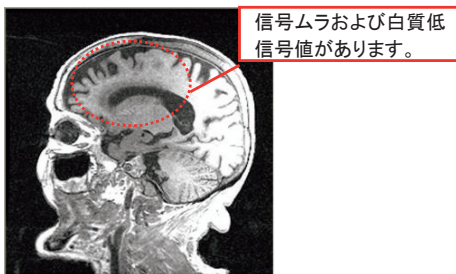
下の例は、他の組織が誤って灰白質とされた例です。この例では、灰白質に脳室など本来脳脊髄液として分割されるべきところが含まれてしまっています。

この入力画像を見てみると、強い信号ムラがあり、また脳室周囲の白質部分に低信号領域がみられます。T1 強調画像において白質である部分に広範囲の低信号領域が生じていると、灰白質の信号値と区別がつかなくなり、これによって画像全体にわたって組織分割に失敗する場合があります。

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



組織分割失敗例



失敗例の入力画像

### 4.3. 途中処理結果 (DARTEL)

DARTEL の処理は、組織分割処理の後に行われますので、組織分割が正常に行われていることが前提となります。

#### ■ 確認ポイント

DARTEL 標準化の途中処理結果で、ご確認いただくポイントを示します。

#### ✓ 脳全体が含まれているか

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



スラブ厚が十分でない画像の例  
(標準脳の輪郭に対して画面左側の大部分が欠落している)

## 4. 4. 処理結果(Z スコアマップ)

### ■ 確認ポイント

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

#### ✓ 処理エラーを示すアラートが点滅していないか

画面上で「**Check segment results!**」という表記が点滅している場合は、エラーの可能性がります。 「ブイエスラド アドバンス」では DARTEL による合わせこみが強力になった分、処理に失敗した場合にも「ブイエスラド プラス」でみられたように Z スコアマップが全面的に赤くならず、処理結果だけでは一見してエラーと気づかない場合があります。そこで、組織分割の結果の妥当性を自動的に判別してアラートを出す機能を実装しています。この表示が点滅している場合は、必ず途中処理結果をご確認ください。また、この表記はレポートにも出力されます。

- ※ 組織分割エラーのアラートは灰白質画像とリファレンス画像との合致度から求められるものであり、これが表示されるからといって必ずエラーになっているわけではありません。
- ※ 撮像条件によっては正常処理結果であってもエラーと判定されやすいケースもあります。その場合は、メニューより[ツール]→[処理結果表示設定]から組織分割エラー認識設定のエラー判定閾値を大きくしてください。
- ※ 白質の抽出結果については妥当性の判定をしていません。

#### ✓ Z スコアマップが全体的に異常に高くないか

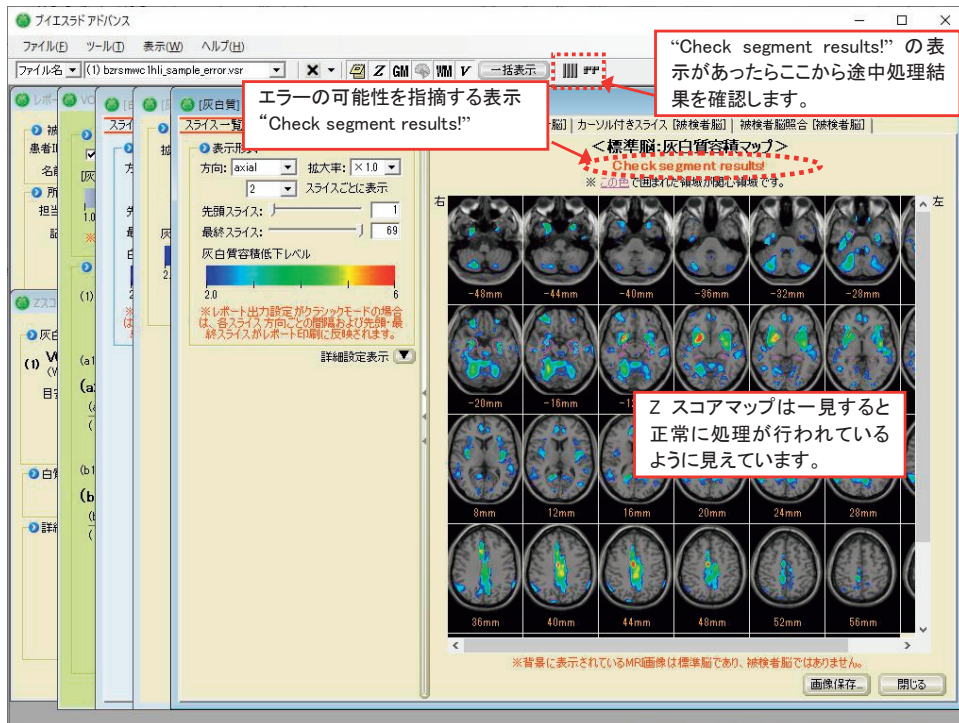
脳全体において6を超える部分が多い場合は、途中の処理が正常に行われていない可能性があります。

#### ✓ VOI 内萎縮度が異常に高くないか

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

### ■ 処理結果の実例

処理がうまくいかなかった場合の一例を示します。画面上部に「**Check segment results!**」のアラートが出ています。スライス一覧表示で、脳全体の多くの部分の Z スコアが非常に高いことがわかります(赤い部分は 6 前後です)。なお、正常に処理が行われた Z スコアマップの例については、サンプルフォルダにある Z スコアマップが参考にあります。



Z スコアマップの失敗例

## 5章 トラブルシューティング

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

症状	対処・説明	他の参照先
インストールできない	対応 OS は Windows 7 SP1 (32bit 版、64bit 版／日本語版)、Windows 10 (32bit 版、64bit 版／日本語版) です。動作環境をご確認ください。	1.3 推奨動作環境
DICOM ファイルが開けない	開けなかったファイルについては「不明フォーマット検出」にメッセージが表示されますので、それに従って 6.2 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージをご参照ください。 ※本プログラムで対応外の DICOM を指定した場合、またはフォルダパスに全角・特殊文字が含まれている場合などが考えられます。	6.2 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ
処理がエラーになる	処理エラーに関しては「処理経過」ウィンドウにメッセージが表示されますので、それに従って 6.3 処理経過ウィンドウのメッセージをご参照ください。 ※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「メモリが不足している」旨のエラーが出るときは、なるべく他のアプリケーションを同時に動作させないようにしてください。複数アプリで使用するメモリが PC の総メモリ容量に満たなくてもメモリ不足になる場合があります。	6.3 処理経過ウィンドウのメッセージ
処理に時間がかかる	被検者 1 例の画像の処理を完了するのに、推奨動作環境でも 10 分前後、スペックの低い PC では 1 時間以上かかる場合があります。PC のスペックが同一であれば「PIEASLAD プラス」の 3 倍程度の処理時間がかかります。 ・本プログラムの実行中は、他のアプリケーションをなるべく実行しないようにしてください。 ・なるべくスペックの高い PC の使用をおすすめします。推奨動作条件を満たしている場合は、特に CPU の性能が良いほど処理時間短縮に効果があります。また、マルチ CPU には最適化されていません。	1.3 推奨動作環境
処理が始まるまで時間がかかる	処理を開始してから処理経過ウィンドウにログが表示されるまでフリーズしたように見える場合があります。これは、本プログラム起動後初回実行時にはライブラリを読み込むのに最大で数分かかることによるものです。そのままお待ちください。	—
同じ画像を入力しているのに解析結果が違う	〔原因1〕 処理フロー、対照画像、スライス除外指定を変更した場合は、生成される Z スコアマップは異なります。これらの設定を変更する場合はご注意ください。 〔原因2〕 異なる CPU の PC で実行した結果を比較すると、まれに Z スコアに若干の誤差が生じる場合があります。これは、CPU ごとに最適化された内部演算を行っているために生じる現象であり、プログラムの不具合ではありません。	—
レポートの印刷プレビューができない	印刷プレビューを行うためには、何らかのプリンタドライバがインストールされている必要があります。適当なドライバをインストールしてください。	—
レポートの画像保存ができない	印刷プレビューができない場合と同様です。	—

<p>レポートの体裁が崩れる</p>	<p>メニューから [ファイル]→[印刷設定] で、選択されているプリンタの設定において、用紙サイズが A4 でない場合、A4 に設定してください。（用紙サイズの設定方法はプリンタの機種によって異なります。）</p>	<p>—</p>
<p>プログラムの画面の体裁が崩れる</p>	<p>PC の画面設定において、「テキスト、アプリ、その他の項目のサイズを変更する」という設定項目 (DPI 設定) を「100%」以外にすると、プログラムの画面内の表示レイアウトが崩れる場合があります。当該設定を「100%」にしてご使用ください。</p>	<p>1.3 推奨動作環境</p>



## 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、“〇〇〇.nii/xml”は、“〇〇〇.nii”と“〇〇〇.xml”の2枚のファイルのことを示します。

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

#### ■ ファイル名の命名規則

“〇〇〇.nii”が入力された場合のそれぞれの処理後に生成されるファイルを示します。なお、組織分割、DARTEL に関しては、SPM8 と同様の命名規則となっています。

- ファイル変換
  - ・ `_〇〇〇.nii/xml` ...ファイル変換の処理結果画像
  - ※ 上記は初期設定のものであり画像確認画面で変更することができます。
- ボクセル等大化
  - ・ `i_〇〇〇.nii/xml` ...ボクセル等大化の処理結果画像
- 線形変換・トリミング
  - ・ `i_〇〇〇_sn.mat` ...線形変換・トリミングの変換行列(形態逆変換で使用されます)
  - ・ `li_〇〇〇.nii/xml` ...線形変換・トリミングの処理結果画像
- 高信号値抑制
  - ・ `hli_〇〇〇.nii/xml` ...線形変換・トリミングの処理結果画像
  - ※ 処理フローを「VSRAD advance フロー(高信号値抑制なし)」に変更した場合は出力されません。その場合は以降のファイル名に“h”は追加されません。
- 組織分割
  - ・ `c1hli_〇〇〇.nii/xml` ...灰白質画像
  - ・ `c2hli_〇〇〇.nii/xml` ...白質画像
  - ・ `c3hli_〇〇〇.nii/xml` ...脳脊髄液画像
  - ・ `hli_〇〇〇_seg_sn.mat` ...組織分割用テンプレートレジストレーション変換パラメータ
  - ・ `hli_〇〇〇_seg_inv_sn.mat` ...組織分割用テンプレートレジストレーション変換パラメータ
  - ※ 次の処理の入力画像は灰白質画像と白質画像となります。
- DARTEL
  - ・ `rc1hli_〇〇〇.nii/xml` ...DARTEL の中間処理結果 (灰白質の initial import 結果)
  - ・ `rc2hli_〇〇〇.nii/xml` ...DARTEL の中間処理結果 (白質の initial import 結果)
  - ・ `smwc1hli_〇〇〇.nii/xml` ...DARTEL のワーピングと平滑化を行った灰白質画像
  - ・ `smwc2hli_〇〇〇.nii/xml` ...DARTEL のワーピングと平滑化を行った白質画像
- 対照画像との比較
  - ・ `zrsmwc1hli_〇〇〇.nii/xml` ...標準脳灰白質 Zスコアマップ
  - ・ `zrsmwc2hli_〇〇〇.nii/xml` ...標準脳白質 Zスコアマップ

- zasmwc1hli\_000.nii/xml ...標準脳灰白質 Zスコアマップ(絶対評価)
  - zasmwc2hli\_000.nii/xml ...標準脳白質 Zスコアマップ(絶対評価)
  - zrsmwc1hli\_000.csv ...Zスコア解析結果ファイル
  - zazrsmwc1hli\_000.dat ...Zスコア解析結果ファイル(絶対評価を含む)
  - vzrsmwc1hli\_000.csv ...VOI間萎縮比解析結果のZスコア解析結果ファイル
- 形態逆変換
- bzrsmwc1hli\_000.nii/xml ...被検者脳灰白質 Zスコアマップ
  - bzrsmwc2hli\_000.nii/xml ...被検者脳白質 Zスコアマップ
  - bzrsmwc1hli\_000\_report.xml ...レポート記載情報
  - bzasmwc1hli\_000.nii/xml ...被検者脳灰白質 Zスコアマップ(絶対評価)
  - bzasmwc2hli\_000.nii/xml ...被検者脳白質 Zスコアマップ(絶対評価)
  - bzrsmwc1hli\_000.vsr ...VSR ファイル
- その他
- ProcessLog\_000.txt ...ログファイル

## 6. 2. 不明フォーマット検出ウィンドウのメッセージ

DICOM など入力画像を開いたときに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。

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



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

■ DICOM フォルダを開く・DICOM を開く

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

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

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

### ■ NIFTI を開く・NIFTI フォルダを開く

メニューから、[ファイル] → [その他のフォーマット] → [NIFTI(フイエスラド処理)を開く] を選択し、NIFTI ファイルである“〇〇〇.nii”を選択すると、“〇〇〇.nii/xml” が読み込まれます。[NIFTI フォルダ(フイエスラド処理)を開く] の場合は、フォルダ内の拡張子が「nii」であるファイルすべてを読み込みます。不明なフォーマットリストで表示されるメッセージと原因・対処方法は次の通りです。

メッセージ	原因・対処方法
ファイルパスに全角・特殊文字が含まれているため、開けません。	ファイルパスに全角・特殊文字が含まれていると読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。
読み込み可能な NIFTI ファイルはフイエスラドで処理されたものだけです。	「フイエスラド アドバンス」は NIFTI フォーマットで定義される仕様のすべてに対応していないため、「フイエスラド アドバンス」によって出力されたのものに限定しています。
スライス数が 30 枚未満であったため、画像の入力を行いませんでした。	Z 方向が 30 枚未満の画像で構成されたファイルであった場合に表示します。[画像確認設定] ウィンドウで入力可能な設定に変更することができますが、処理を行うことはできません。

### ■ ANALYZE を開く・ANALYZE フォルダを開く

メニューから、[ファイル] → [その他のフォーマット] → [ANALYZE を開く] を選択し、ANALYZE ファイルの「img」ファイルである“〇〇〇.img”を選択すると、“〇〇〇.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。
ANALYZE ファイルではありません。(img と hdr に分かれている NIFTI ファイルは非対応です。)	NIFTI フォーマットにおける magic コードが“ni1#0”の場合に表示します。
スライス数が 30 枚未満であったため、画像の入力を行いませんでした。	Z 方向が 30 枚未満の画像で構成されたファイルであった場合に表示します。[画像確認設定] ウィンドウで入力可能な設定に変更することができますが、処理を行うことはできません。

### 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、メッセージ表示後一括処理が停止するのか継続するのかを示します。

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(組織分割／DARTEL)に失敗しました。 原因:[エラーの原因]	途中処理結果表示(組織分割／DARTEL)ウィンドウの表示に失敗した場合に表示されます。 ※括弧内は、組織分割または DARTEL のいずれかが表示されます。	継続
【エラー発生】処理結果表示に失敗しました。 原因:[エラーの原因]	処理結果表示に失敗した場合に表示されます。	継続
【エラー発生】処理画像が出力されるフォルダ[出力先]に書き込み権限がありません。 【ヒント】[ツール]メニューの「ワークフォルダ設定」で書き込み権限のあるフォルダを指定してみてください	主に、ワークフォルダ設定で「入力画像フォルダと同じフォルダを使用する」が指定されている場合に、入力画像のフォルダに書き込み権限がない場合に発生します。ワークフォルダ設定で対応してください。	継続
処理を行うには最低 100 [MB]以上のハードディスク空き容量が必要です。	ワークフォルダで使用できる残りの容量が 100 [MB] に満たない場合に発生します。HDD 空き容量を増やすことで対応してください。	継続
【エラー発生】画像のサイズが小さすぎるか、処理できない種類のデータです。	DARTEL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。

advance_6	.....	プログラムルートフォルダ
└ bin	.....	ライブラリ用フォルダ
└ etc	.....	その他用フォルダ
└ man	.....	マニュアル用フォルダ
└ normal	.....	対照画像用フォルダ
└ roi	.....	VOI 用フォルダ
└ reference	.....	リファレンス画像用フォルダ
└ sample	.....	サンプルデータ用フォルダ

### ■ サンプルデータについて

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

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

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

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

result フォルダには、被検者1人分(健常者)の解析結果ファイルがあります。

※ インストール先のフォルダは、基本的に管理者ユーザー以外に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。

└─	└─	VSRAD	.....	ビエスラドプログラムデータフォルダ
	└─	advance_6	.....	個人設定データのルートフォルダ
		└─	conf	..... 設定情報用フォルダ

※ 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」フォルダがログファイルの保存先となっています。

└─	└─	My VSRAD	.....	My VSRAD フォルダ
	└─	log	.....	ログ用フォルダ

※ 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\Documents

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



## 6.5. 個人情報の削除について

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

### ■ 入力 MR 画像

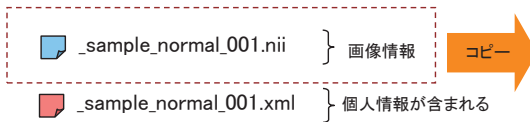
#### ✓ NIFTI 形式 (ファイル変換直後の画像)

本プログラムを用いて入力画像から画像データ部分のみを取り出し個人情報を取り除く方法です。DICOM に含まれる撮像条件などの情報が必要ない場合は、最も手軽な方法です。

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

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

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



(\*1) ファイルの拡張子が表示されない場合は、オプションの [表示] タブの詳細設定において、「登録されている拡張子は表示しない」のチェックを外してください。

※ オプションは、次の手順で表示することができます。

Windows 7 : [コントロール パネル] から、[デスクトップのカスタマイズ] → [フォルダー オプション]

Windows 10: [コントロール パネル] から、[デスクトップのカスタマイズ] → [エクスプローラーのオプション]

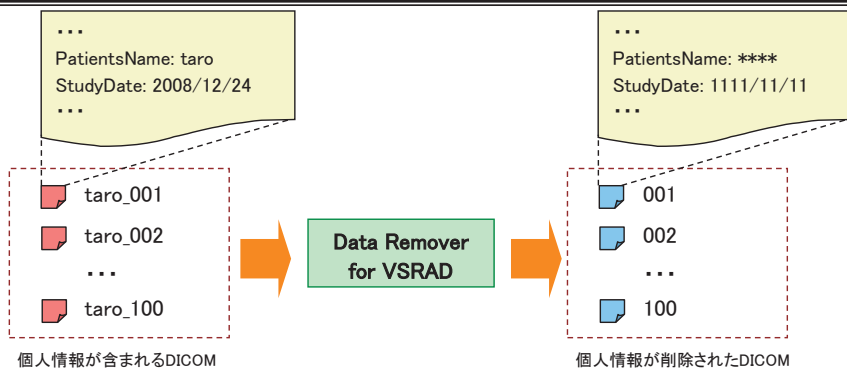
この手順は、OS のバージョンや設定によって異なりますので、ご了承ください。

#### ✓ DICOM 形式

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

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

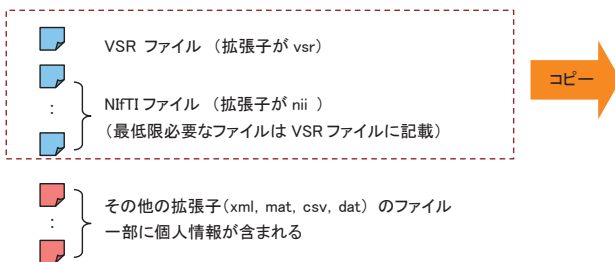
※ 「Data Remover for VSRAD」は「バイエスラド」のホームページより入手できます。詳しい使用方法については、「Data Remover for VSRAD」のマニュアルをご参照ください。



### ■ 処理結果ファイル (NIFTI)

本プログラムの処理結果は、標準脳・被検者脳、灰白質・白質各種 Z スコアマップやその背景 MR 画像など多くのファイルから構成されます。これらのうち処理結果を開くために必要なファイル群は拡張子「vsr」である VSR ファイルに記載されます。「ブイエスラド アドバンス」ではこれまでのブイエスラドのバージョンとは処理結果のファイル構成が異なります。）

処理結果から個人情報を取り除いて画像情報のみを分離する簡単な方法は、VSR ファイルと拡張子が「nii」の NIFTI ファイルのみを抽出することです（ただしファイル名に個人情報が含まれる場合を除く）。本プログラムで処理結果を開くために必要なファイルはすべて含まれます。



ただし、上記方法では複数の被検者の処理結果ファイルが同一フォルダにある場合は、被検者ごとのファイルの区別がつかえません。また、上記の方法では全 NIFTI ファイルの容量が 100MB 以上になりますが、これには処理結果を開くためには一部不必要な NIFTI ファイルも含まれており、それらを含めなければファイル容量を3割程度削減することができます。

そこで、次のようにすることで VSR ファイルに記載されている情報から、処理結果を開くために最低限必要なファイルのみをファイル名でピックアップすることができます。

- ① ワークフォルダにある VSR ファイルをテキストエディタ(メモ帳など)で開きます。VSR ファイルは入力画像名が〇〇〇なら bzrsmwc1hli\_〇〇〇.vsr というファイル名です。
- ② VSR ファイルの内容から次の図で青字部分にあたる 11 個の NIFTI ファイル(拡張子が nii)を選び、VSR ファイルと一緒にコピーします。
- ③ もしファイル名に個人情報が含まれる場合は、コピーした NIFTI ファイルのファイル名、VSR ファイルのファイル名、VSR ファイルに記載される NIFTI ファイルのファイル名を変更します。

```

<?xml version="1.0"?>
<process_result_information>
<application_name>バイオエスラド</application_name>
<application_version>6.00.0001</application_version>
<process_result_information_version>4.31.0</process_result_information_version>
<workflow_name>VSRAD advance フロー</workflow_name>
<normal_db_gm_folder>C:\Program Files (x86)\VSRAD\advance_6\normal\musashiDB_for_vsrad_advance\gray</normal_db_gm_folder>
<normal_db_gm_group_name>GM 武蔵病院 DB for VSRAD advance</normal_db_gm_group_name>
<control_gm>GM 54～86 歳男女 (80 例)</control_gm>
<normal_db_wm_folder>C:\Program Files (x86)\VSRAD\advance_6\normal\musashiDB_for_vsrad_advance\white</normal_db_wm_folder>
<normal_db_wm_group_name>WM 武蔵病院 DB for VSRAD advance</normal_db_wm_group_name>
<control_wm>WM 54～86 歳男女 (80 例)</control_wm>
<zscore_normal_coordinate_gm_relative_filename>zrsmwc1hli_sample_normal_001.nii</zscore_normal_coordinate_gm_relative_filename>
<zscore_normal_coordinate_wm_relative_filename>zrsmwc2hli_sample_normal_001.nii</zscore_normal_coordinate_wm_relative_filename>
<zscore_subject_coordinate_gm_relative_filename>bzrsmwc1hli_sample_normal_001.nii</zscore_subject_coordinate_gm_relative_filename>
<zscore_subject_coordinate_wm_relative_filename>bzrsmwc2hli_sample_normal_001.nii</zscore_subject_coordinate_wm_relative_filename>
<zscore_normal_coordinate_gm_absolute_filename>zasmwc1hli_sample_normal_001.nii</zscore_normal_coordinate_gm_absolute_filename>
<zscore_normal_coordinate_wm_absolute_filename>zasmwc2hli_sample_normal_001.nii</zscore_normal_coordinate_wm_absolute_filename>
<zscore_subject_coordinate_gm_absolute_filename>bzasmwc1hli_sample_normal_001.nii</zscore_subject_coordinate_gm_absolute_filename>
<zscore_subject_coordinate_wm_absolute_filename>bzasmwc2hli_sample_normal_001.nii</zscore_subject_coordinate_wm_absolute_filename>
<zscore_subject_coordinate_original_filename>i_sample_normal_001.nii</zscore_subject_coordinate_original_filename>
<segment_gm_filename>c1hli_sample_normal_001.nii</segment_gm_filename>
<normalize_filename>smwc1hli_sample_normal_001.nii</normalize_filename>
<report_filename>bzrsmwc1hli_sample_normal_001_report.xml</report_filename>
</process_result_information>

```

VSR ファイルの例  
 (青字が処理結果を開くのに必要なファイル)





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

# ブイエスラド® アドバンス

承認番号: 30200BZX00060000

## 形状・構造及び原理等

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

## 〈機能〉

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 ●組織分割(灰白質及び白質の抽出) ●解剖学的標準化 ●対照画像を用いた統計解析 ●領域内の統計値の解析 ●形態逆変換
画像表示機能	「画像や情報の処理機能」の処理結果の表示

## 〈付帯機能〉

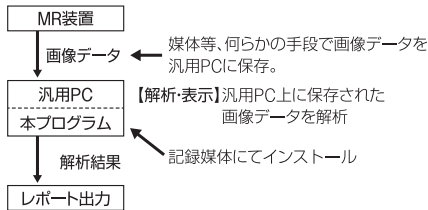
項目	仕様
保存機能	処理結果データを保存及び印刷する機能。
その他の表示機能	診断に参考となるその他の情報を表示する機能。 入力MR画像のDICOMヘッダー情報や処理結果の情報の表示機能等がある。
高度な表示及び処理の機能	画像データに対する高度なデジタル画像処理機能。 各処理機能との組み合わせもある。ウィンドウレベル/幅設定、マルチフレーム表示、カラー表示、自動レイアウト表示、画像Filter処理、画像間演算処理(透明度の指定、組織分割エラー認識等)、重ね合わせ、高信号値抑制等がある。
3次元画像処理機能	一連の画像データを3次元画像処理し、表示する機能として、入力画像データのMPR処理、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

## 〈動作原理〉

### 1. 全体フロー

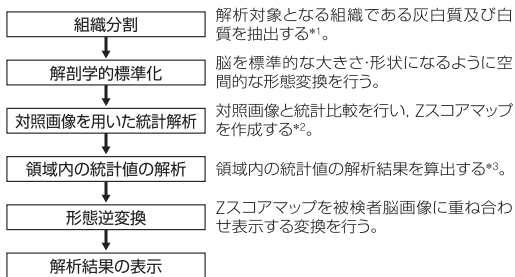
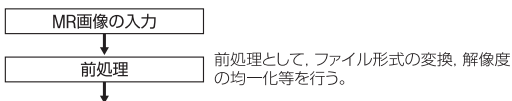
入力画像要件を満たしたMR画像を、推奨動作環境を満たした汎用PCに取り込む。その後汎用PCにて本プログラムを起動後、MR画像を入力し、コンピュータ処理を行い、結果を保存及び表示する。

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



### 2. 本プログラム内でのフロー

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



解析対象となる組織である灰白質及び白質を抽出する\*1。

脳を標準的な大きさ・形状になるように空間的な形態変換を行う。

対照画像を用いた統計解析 対照画像と統計比較を行い、Zスコアマップを作成する\*2。

領域内の統計値の解析 領域内の統計値の解析結果を算出する\*3。

形態逆変換 Zスコアマップを被検者脳画像に重ね合わせ表示する変換を行う。

解析結果の表示

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

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

$$Zスコア = \frac{\bar{x} - x}{\sigma}$$

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

\*3: 処理「領域内の統計値の解析」において、「V0内萎縮度」は、関心領域内におけるZスコアが正の値となるボクセルのZスコア平均値として算出される。

## 使用目的又は効果

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

## 使用方法等

### 1. 推奨動作環境及び入力画像要件

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

汎用PCは、患者環境外に設置する。また、本プログラムは入力画像要件を満たすMR画像を準備する必要がある。

### 〈推奨動作環境〉

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

### 〈入力画像要件〉

- 3次元T1強調画像 ●矢状断(sagittal)
- 全脳をカバー(スラブ厚16~18cm程度)
- 画素数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)やレビー小体型認知症(以下DLB)が疑わしい症例において参考にする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 健常者においても、「VOI内萎縮度」の評価において萎縮がみられる評価となることがあるため、経過観察や他の検査も参考とすること。
- (3) 本プログラムの「VOI内萎縮度」は、脳全体に対する関心領域の相対的な萎縮を示す解析であり、脳の他の部位の萎縮との相互関連によって、結果が修飾されることに留意すること。
  - ① 視覚評価で関心領域に萎縮があると思われても、他の脳領域で萎縮が高度な場合、「VOI内萎縮度」は低く算出される。
  - ② 対照画像と比較して、全脳における組織容積が大きい場合、萎縮に関して偽陽性を呈することがある。
- (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「VOI内萎縮度」の相関係数は、次に示す(読影結果との相関分析結果)のとおりであった。ただし、本結果は限定的な評価用データにおける評価結果であり、あくまで参考情報であることに留意すること。

#### 〈関心領域〉

内側側頭部	健常群80例、AD群61例についてグループ解析(2標本t検定)を行った結果、AD群で有意(T=7.0)な萎縮がみられた領域。内側側頭部に位置し、特に海馬・扁桃・嗅内野の大部分を含む。
背側脳幹	DLB群30例について、解剖学的アトラスの中脳(midbrain)及び橋(pons)において、DLB群で特異的に白質萎縮がみられた領域(全脳白質萎縮割合と有意な負の相関があった領域)。脳幹の背側に位置する。

#### 〈読影結果<sup>a)</sup>との相関分析結果〉

解析結果	画像例数(人)	相関分析結果		
		相関係数	p値	相関有意性 <sup>b)</sup>
(1)内側側頭部VOI内萎縮度	68	0.73	<0.0001	*

(a1) [灰白質] 背側脳幹VOI内萎縮度	31	-0.26	0.1549	n.s.
(b1) [白質] 背側脳幹VOI内萎縮度	31	0.76	<0.0001	*

- \* : 有意水準(p<0.05両側)を満たす。 n.s. : 有意でない
- a : 医師3名が読影基準に従って独立に視覚評価した結果の中央値。読影基準は、内側側頭部付近は、coronal断面でchoroid fissure幅・下角幅・海馬体高さから5段階で評価。背側脳幹は、sagittal断面で中脳部の形状(midbrain superior profile)から3段階で評価。いずれもプログラムの関心領域とはやや異なる。
  - b : 背側脳幹は灰白質と白質が混在する部位である。MR装置の機種や撮像条件によって、信号値の変動によって「[灰白質]背側脳幹VOI内萎縮度」・「[白質]背側脳幹VOI内萎縮度」のいずれかが検出されにくい場合があるので、背側脳幹に関連する解析結果については、灰白質・白質の両方の結果を総合的に評価する必要がある。
  - (5) 脳の検診(いわゆる脳ドック等)においても、まず神経心理学的検査(MMSE、HDS-R等)を行い、ADやDLBが疑わしい症例においてのみ本プログラムの結果を参考にすること。
  - (6) 解析終了後、組織分割結果画像(灰白質及び白質抽出画像)の確認等、クオリティコントロールを実施すること。
  - (7) 検診機種又はMR装置メーカーの推奨が得られている機種、磁場強度で撮像すること。
  - (8) 入力画像は、推奨される画質レベルを満たすこと。また、次のような画像では、組織分割(灰白質及び白質の抽出)、解剖学的標準化等の処理に失敗し、正常に解析できないことがあるので、留意すること。
    - ① 灰白質と白質のコントラストが不十分な画像
    - ② SNR(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 頭が極端に上がって撮像された画像(自動補正機能で修復できないことがある)
    - ⑥ 撮像範囲が必要以上に広く、頭部外側の空中、もしくは頭部より下部の組織が広範囲に含まれる画像
  - (9) 正常圧水頭症等、脳室拡大が目立つ画像では、正常に解析できないことがあることに留意すること。
  - (10) 梗塞等によりT1強調画像で白質低信号領域が広くみられる画像では、正常に解析できないことがあることに留意すること。
  - (11) 本プログラム付属の対照画像(対照画像の収集条件及び収集時期は下表)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。

#### 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もご利用ください。
- 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

2020年3月作成(第1版)

T-VSRAD101 | VSRAD-A・2003・A-S

