

ANATOMIA チュートリアル

ステップ1：病院からCTスキャンのデータを入手します

あなたが受診した病院に行き、CTスキャンのデータをCD-ROMにコピーしてもらいましょう。スキャンデータは個人情報であり、受診者本人には開示請求権があるので、問題なく入手できます。

このとき重要なことは、「必要な情報はスキャンデータだけ」であり、その入手目的は「自分で観察する」ためである、と明確に伝えてください。スキャンデータは専門知識がないと解釈できないので、病院はあなたの要求が転院を目的としていると解釈するからです。もし転院が目的であれば、病院はスキャンデータだけではなく治療経過のすべてを整理しなければなりません。当然コストもかかりますし、病院内の手続きを踏むために数週間も待たされるかもしれません。

あなたの要求が誤解されない限り、病院はただスキャンデータをコピーをするだけです。手間もコストもかかりません。

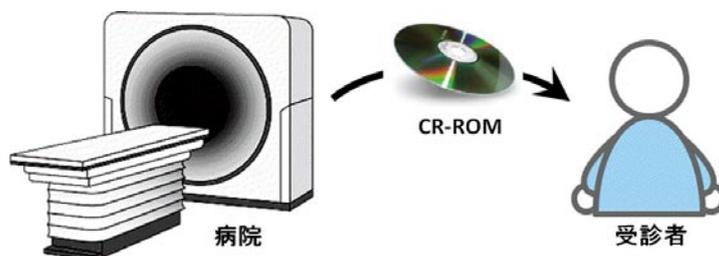


図1 スキャンデータの入手

ステップ2：ANATOMIAに登録します

パソコンでブラウザを起動し、株式会社ヴォクシスのホームページ、<https://www.vocsis.com/>、(図2)を開きます。



[ブラウザ]

ANATOMIAをお使いになるためのブラウザは、Chrome、またはFirefoxを推奨しています。このチュートリアルではFirefoxを使っています。

図2 株式会社ヴォクシスのホームページ

図2で画面上部中央の「ANATOMIA」ファンクションキー（図2①）をクリックしてください。すると、別画面でANATOMIAのログイン画面（図3）が開きます。

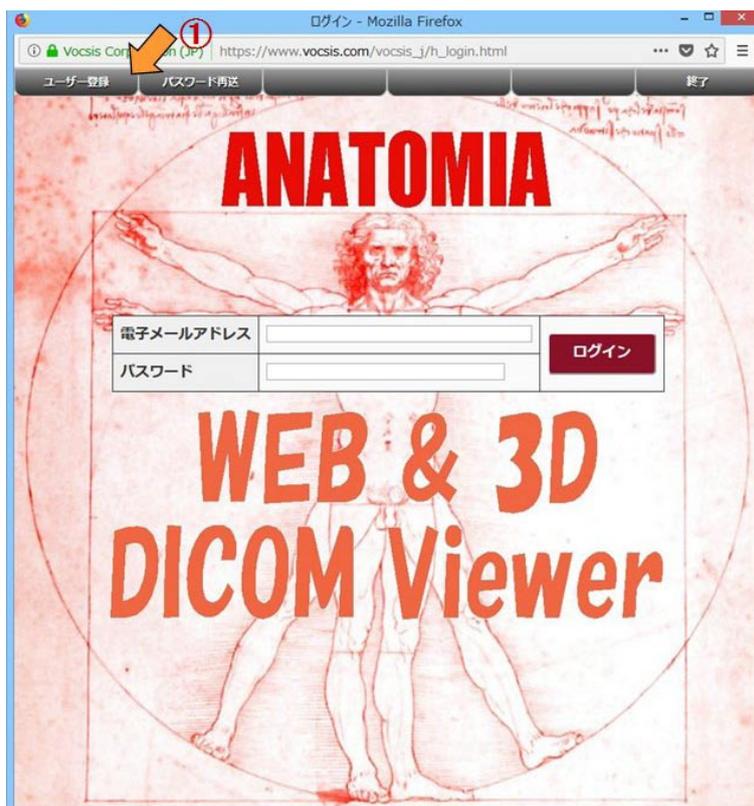


図3 ログイン画面

図3で「ユーザー登録」ファンクションキー（図3①）をクリックすると、ユーザー登録画面（図4）が表示されます。

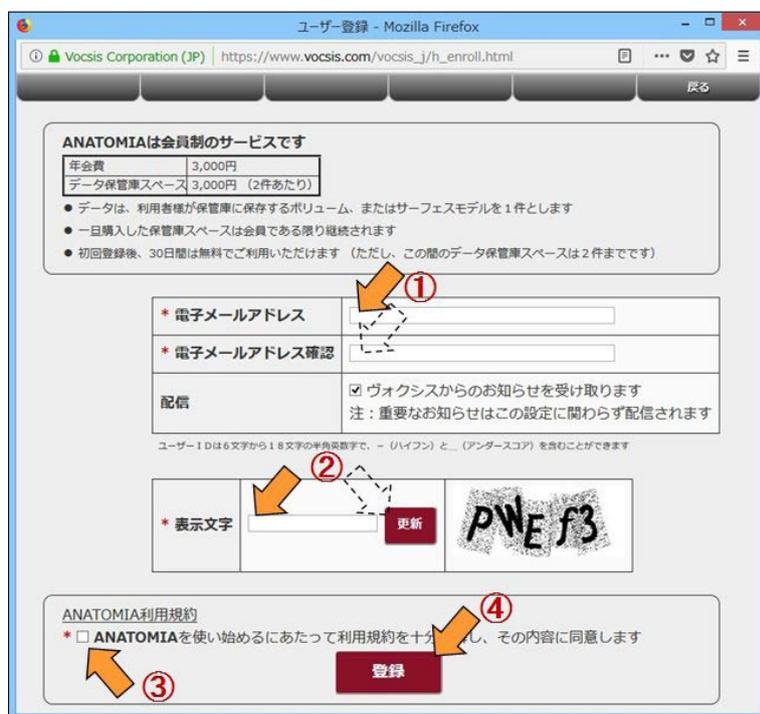


図4 ユーザー登録画面

[ANATOMIA について]
ANATOMIA は会員制の有料サービスですが、ユーザー登録後 30 日間は無料で利用できます。無料期間中に有料サービスに移行しなくてもユーザー様に発生する義務は一切ありません。

パスワードを受け取るための電子メールアドレスを入力してください（図4①）。また、確認用に同じアドレスをもう一度入力してください。

無制限な登録を防止するために右側に表示される文字の読み取りが求められます（図4②）。判断しにくい文字があった

ら迷わず「更新」ボタンを押して別の文字を表示させ、間違いのない読み取りをしてください。

「ANATOMIAの利用規約」に同意したらマークをチェックし（図4③）、「登録」ボタン（図4④）をクリックすると、ログイン画面（図5）に戻ります。このとき、ANATOMIAはあなた用のパスワードを生成し、電子メールで通知します。

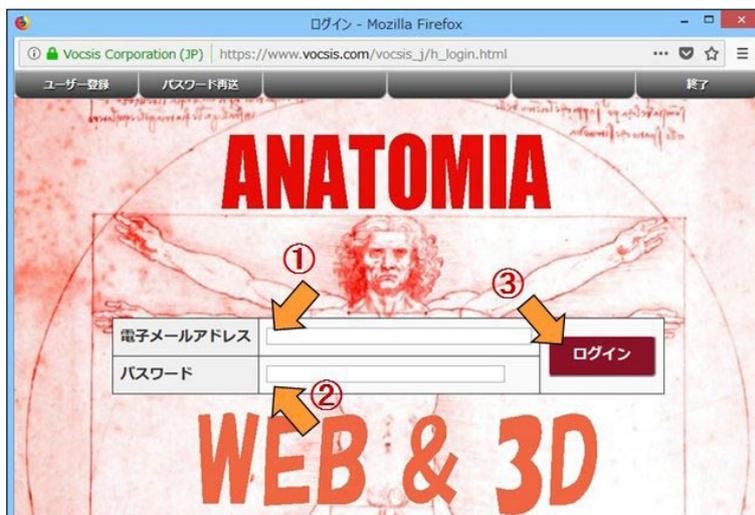


図5 ログイン

ログイン画面に戻ると、「電子メールアドレス」（図5①）には登録したアドレスがすでに記入されています。もし消えたら、あなたの電子メールアドレスを入力してください。ANATOMIAから電子メールでパスワードが届いたら、「パスワード」（図5②）に入力し、「ログイン」（図5③）ボタンをクリックしてください。すると、開始画面（図6）が表示されます。



[基本操作に慣れましょう]
ANATOMIAは画面構成や基本操作を統一しています。画面下の説明を見ながらANATOMIAの基本操作を試してみましょう。

図6 開始画面

ステップ3：スキャン画像をアップロードします

病院から受け取ったCD-ROMには通常オリジナルのスキャンデータであるスライス画像以外にも沢山のファイルが入っています。複数回分のスキャンデータが入っているかもしれません。ANATOMIAには一回のスキャンに相当する一群のスライス画像を一度にアップロードします。CD-ROMの中からスライス画像を見つけるために、ANATOMIAはCD-ROMの内容を解析するツールであるANATOMIA AA (ANATOMIA Analyzer and Anonymizer)を提供しています。ANATOMIA AAの使い方は、ツール画面(図8)とヴォクシスホームページの技術解説のページにリンクがあるので、参照してください。

このチュートリアルでは、サンプルデータをダウンロードして使います。このデータはANATOMIA AAを使って作成されたものです。

図6で「アップロード」ファンクションキー(図6①)をクリックすると、アップロード画面(図7)が表示されます。



図7 アップロード画面

図7で「ツール」ファンクションキー(図7①)をクリックすると、ツール画面(図8)が表示されます。

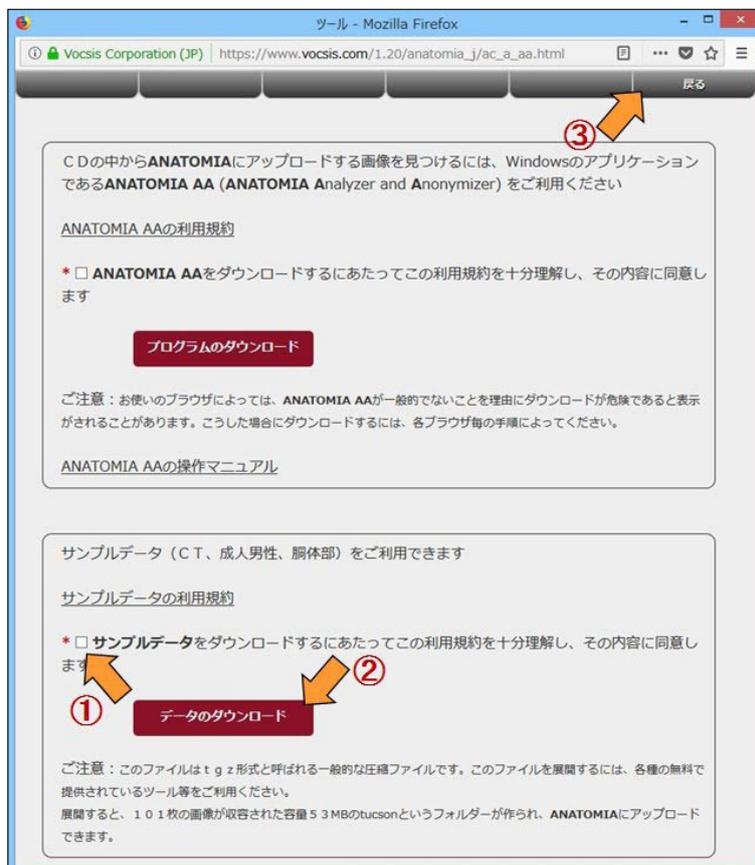


図8 ツール画面

図 8 で「サンプルデータの利用規約」に同意したらマークをチェックし（図 8 ①）、「データのダウンロード」ボタン（図 8 ②）をクリックします。すると、「tucson.tgz を開く」ポップアップ画面（図 9）が開きます。



図 9 tucson.tgz を開くポップアップ画面

図 9 で「ファイルを保存する」（図 9 ①）を選択し、「OK」ボタン（図 9 ②）をクリックします。すると、CT のスライス画像群を含むフォルダーの圧縮ファイルである tucson.tgz のダウンロードが開始され、ポップアップ画面は消えます。ダウンロードの進行状況は ANATOMIA のページではなく、ヴォクシスのホームページ（図 10）に表示されます。



*1 [圧縮ファイルの解凍ツール]
「Windows」、「tgz」、「解凍」、といったキーワードで検索すると、多くの無料ツールが見つかります。Winzip や Lhaca などが一般的です。

図 10 tucson.tgz のダウンロード

図 10 でダウンロードが終了すると、ダウンロードを示す青色の下向き矢印（図 10 ①）が示されます。この矢印をクリックすると、tucson.tgz のダウンロードが完了したというメッセージ（図 10 ②）が現れます。このメッセージの右のフォルダマーク（図 10 ③）をクリックすると、ダウンロードフォルダーが開き、tucson.tgz ファイルを見つけることができます。

tucson.tgz は一般的な圧縮ファイルなので、適切なツールを用いて解凍してください(*1)。このファイルを解凍すると、101 枚のスライス画像が入った「tucson」という名前のフォルダーが作られます。

図 8 のツール画面で「戻る」ファンクションキー（図 8 ③）をクリックし、アップロード画面（図 11）に戻ります。



図 11 アップロードする画像の選択

図 11 で「画像群を選択」ボタン（図 11 ①）をクリックすると、「ファイルのアップロード」ポップアップ画面が開くので、解凍した tucson フォルダを指定します（図 12）。

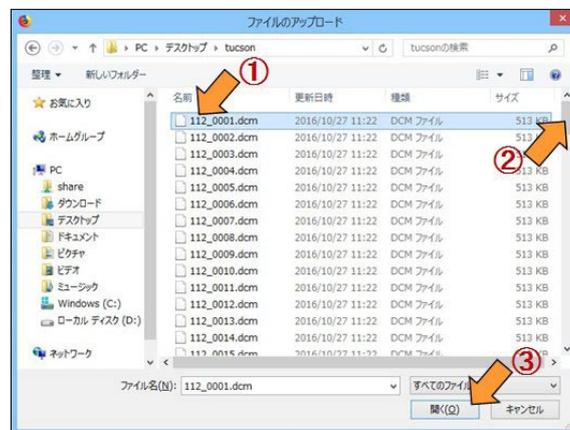


図 12 ファイルのアップロードポップアップ画面

図 12 で tucson フォルダの中のすべてのファイルを選択します。

すべてのファイルを選択するには、先頭のファイル（図 12 ①）をクリックしたのち、画面左のスライダー（図 12 ②）を一番下までドラッグし、シフトキーを押しながら最後のファイルをクリックします。

「開く」ボタン（図 12 ③）をクリックすると、ポップアップ画面が消えます。

ポップアップが消えたアップロード画面（図 13）では、tucson フォルダ内の全ファイルの数である「101 個のファイルを選択しました」（図 13 ①）と表示されています。



図 13 スライス画像群のアップロード

図 13 で「アップロード」ボタン（図 13 ②）をクリックすると、ANATOMIA サーバへの転送が開始され、進行状況を示すプログレスバー（図 13 ③）のインジケータが進んでいきます。

スライス画像群は容量が大きいため、お使いのインターネット環境にもよりますがしばらく時間がかかります。アップロードが 100%に達したのち、ANATOMIA サーバはスライス画像群をボリュームデータに変換するので、もう少し時間がかかります。画面が変わって図 14 のように断面図が表示されると、ボリュームデータの完成です。



図 14 ボリュームデータの保存

図 14 で「ボリュームデータ保存」ファンクションキーをクリックし、このボリュームデータに「tucson」という名前を付けてください。保存が終わると、平面処理画面（図 15）が表示されます。

スライス画像群はサイズが大きいののでここまでのプロセスには時間がかかりましたが、これ以後このボリュームデータはデータ保管庫からただちに呼び出せます。

ステップ4：平面処理画面で体内の成分の分布を観察しましょう

平面処理画面（図15）では、直交する3軸の各方向の断面図で体内成分の分布が表示されます。中央に大画面、左側には縦に並んだ3つの小画面があります。大画面には水平断面図、中央小画面には正面断面図、下小画面には側面断面図が表示されています。上小画面には大画面に表示されている水平断面図に代わって3Dマークが表示されています。

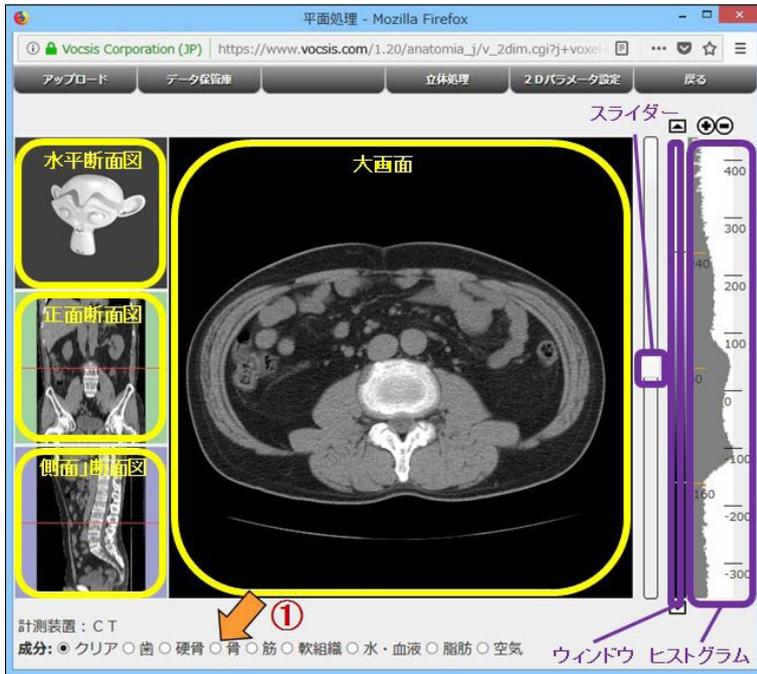


図15 平面処理画面の要素

図15で「成分」ラジオボタンの「骨」（図15①）をクリックしてください。それぞれの断面図で骨に該当する領域が赤で示されます（図16）。ヒストグラムでも、骨に相当する範囲が赤で示されます。

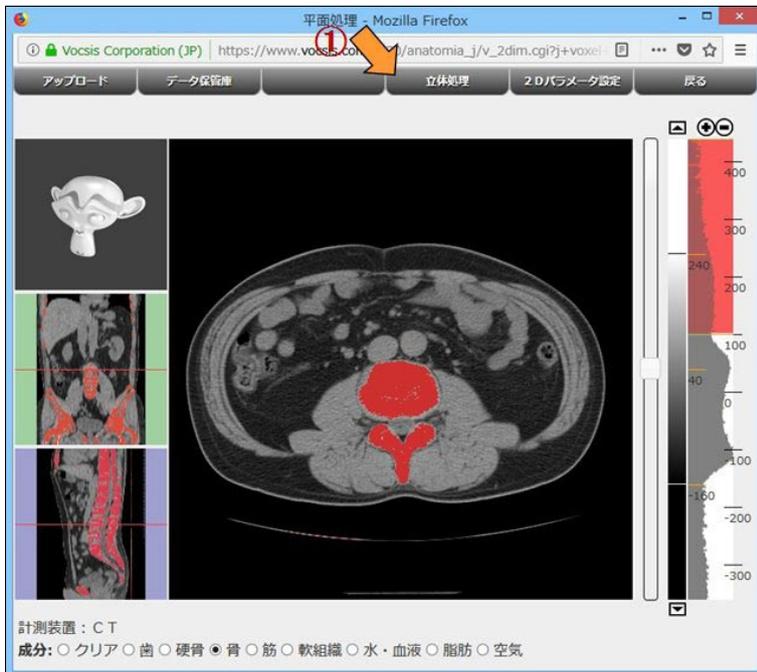


図16 骨成分の表示

【断面の位置を変更する】

大画面右のスライダーをドラッグすると、水平断面の位置が変わります。その位置は、小画面の正面断面図と側面断面図に赤のカーソルで示されます。
マウスホイールを回転すると、水平断面の位置を1枚ずつ変更できます。

【断面を切り替える】

小画面の正面断面図をクリックすると、大画面は正面断面図に変わります。正面断面図の位置は、小画面の水平断面図と側面断面図に緑のカーソルで示されます。
小画面の側面断面図をクリックすると、大画面は側面断面図に変わります。側面断面図の位置は、小画面の水平断面図と正面断面図に青のカーソルで示されます。

【ウィンドウ】

スライダーの右には、ウィンドウと呼ばれる、断面を画像化するときのピクセル値と画像の濃淡値の対応が示されます。濃淡値の範囲は、ウィンドウ上部の上向き三角マークをクリックすると数値が大きくなる方向にずれます。下部の下向き三角マークは小さくなる方向にずれます。
三角マークをクリックするときのウィンドウの変化量は、シフトキーを押しながらクリックすると大きくなり、コントロールキーを押しながらクリックすると、さらに大きくなります。
ヒストグラム上部の+（プラス）マークをクリックすると、ウィンドウの範囲が縮小します。
-（マイナス）マークをクリックすると拡大します。シフトキーやコントロールキーを押しながらクリックすると、三角マークの時と同様に変化量が大きくなります。
ウィンドウは「2Dパラメータ設定」サブ画面で数値で設定することもできます。

【ヒストグラム】

画面右端には、大画面に示す画像のピクセル値のヒストグラムが示されます。ヒストグラムは変動が大きいので、相対的な分布が見やすいよう対数スケールになっています。

【成分】

成分はピクセル値の範囲であり、その境界はヒストグラム上に黄色のカーソルで示されます。CTでは、骨であれば100から1000、脂肪なら-200から-5と、およその範囲が決まっています。ヒストグラム上のカーソルをクリックすると、カーソルの色が明るくなり、ドラッグして変更できます。クリックしたカーソルは、マウスホイールの回転により動かすこともできます。カーソル上にマウスを静止させると、そのカーソルのピクセル値が表示されます。

【体内脂肪の分布】

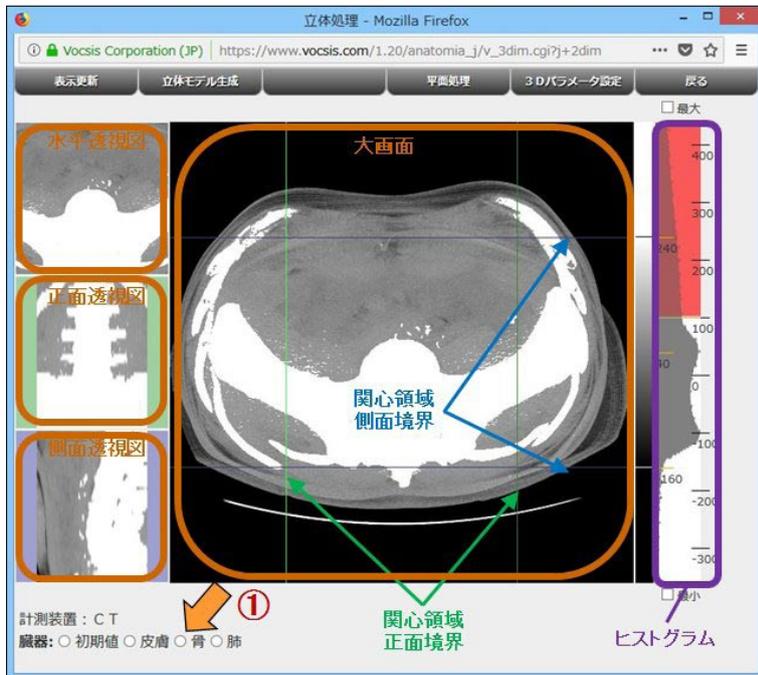
「成分」のラジオボタンで「脂肪」をクリックすれば、体脂肪や内臓脂肪の分布が表示されます。

ステップ5：サーフェスモデルを作しましょう

図16で「立体処理」ファンクションキー（図16①）をクリックすると、立体処理画面（図17）が表示されます。

立体処理画面では、平面処理画面における断面図に代わって関心領域の透視図が表示されます。

関心領域とは、直交する3軸のそれぞれに上下限を設けた直方体形状の領域であり、この領域を対象に3次元モデルを作ります。透視図とは、水平、正面、側面の各方向から見た関心領域内の平均画像上に、成分の範囲から成る領域を外形とした逆シルエットを重ねたものであり、サーフェスモデルがどんな形状になるかのイメージを与えるものです。通常のシルエットでは外形の影が黒くなりますが、逆シルエットでは影が白になります。



【関心領域】
 関心領域の範囲は、透視図上に、水平面は赤、正面は緑、側面は青のそれぞれ2本のカーソルで境界が表示されます。
 大画面に水平透視図が表示されているとき、正面方向の境界は2本の緑の縦カーソルで、側面方向の境界は2本の青の横カーソルで示されます。水平方向の境界を見るには、大画面に正面透視図、または側面透視図を表示すれば、2本の赤の横カーソルで示されます。
 関心領域は、初期値として各軸の中央1/2の領域が設定されています。
 カーソルをクリックすると色が明るく変化し、ドラッグして変更できます。クリックしたカーソルはマウスホイールの回転により動かすこともできます。
 カーソル上にマウスを静止させると、そのカーソルのピクセル座標が表示されます。

【ヒストグラム】
 大画面の軸方向から見た関心領域内の全断面図のピクセル値のヒストグラムを示します。

【臓器】
 臓器を選択すると、その臓器を3次元モデルとして抽出するためのパラメータの初期値を与えます。このパラメータには、ウィンドウ、成分、抽出アルゴリズムなどが含まれます。生成される3次元モデルを見ながらパラメータを調整します。

図17 立体処理画面

骨のサーフェスモデルを作ってみましょう。これはサーフェスレンダリングという立体形状を作る手法で作られます。

図17の「臓器」ラジオボタン（図17①）で「骨」を選択すると、骨の成分に該当する透視図（図18）が表示されます。この図で白くなった部分が骨の逆シルエットであり、3次元モデルとして抽出される形状を示します。

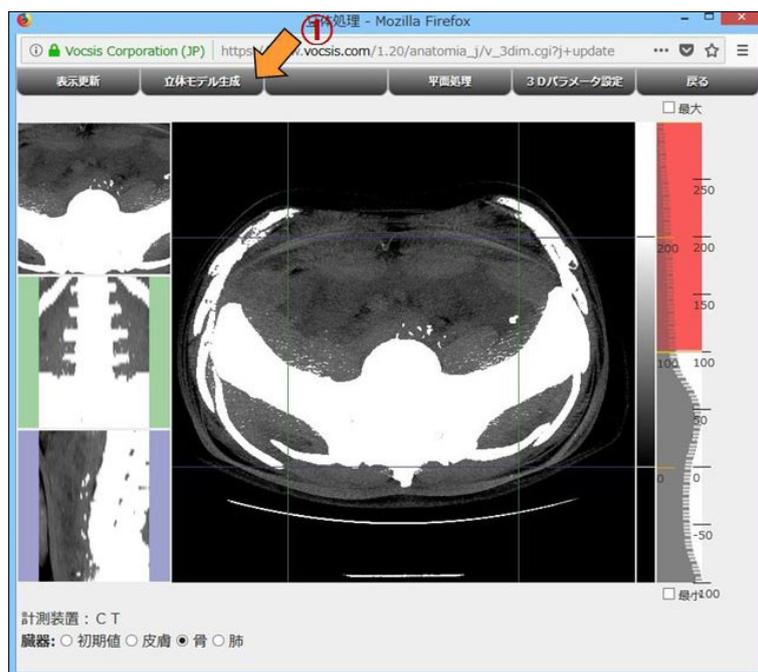


図18 骨のサーフェスモデルを作る

図 18 で「立体モデル生成」ファンクションキー（図 18 ①）をクリックすると、大画面に脊椎と大腿骨の接合部分の骨のサーフェスモデル（図 19）が表示されます。

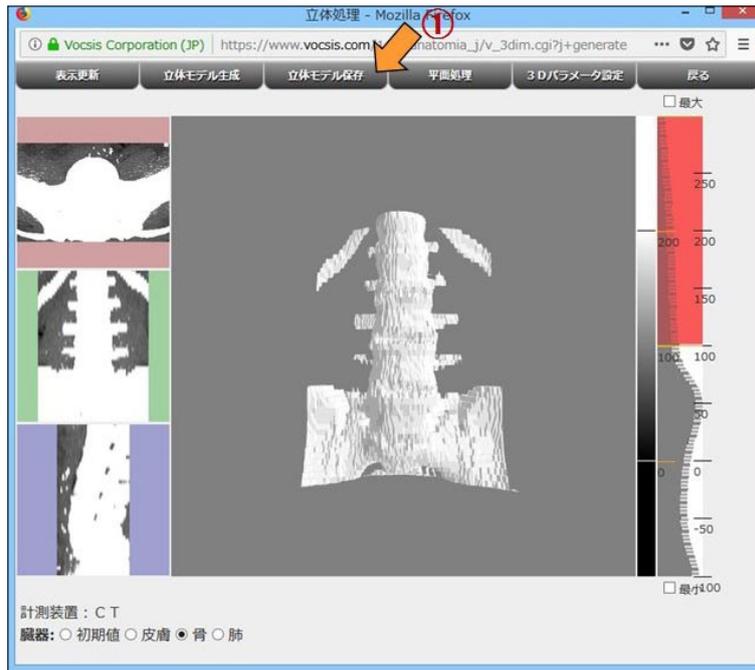


図 19 骨のサーフェスモデル

サーフェスモデルをマウスでドラッグすると、ドラッグした方向にモデルが回転するので、様々な方向から観察できます。マウスの右ボタンでドラッグすると、その方向に平行移動します。ホイールを回転させると、モデルの大きさが変わります。ダブルクリックすると、モデルを初期位置に戻します。

「立体モデル保存」ファンクションキー（図 19 ①）をクリックし、生成したサーフェスモデルに名前を付けてデータ保管庫に保存します。ここでは「骨」という名前を付けましょう。保存されると、観察画面（図 20）が表示されます。

観察画面では、3次元モデルと、そのモデルに対応する直方体領域の断面を総合的に観察できます。

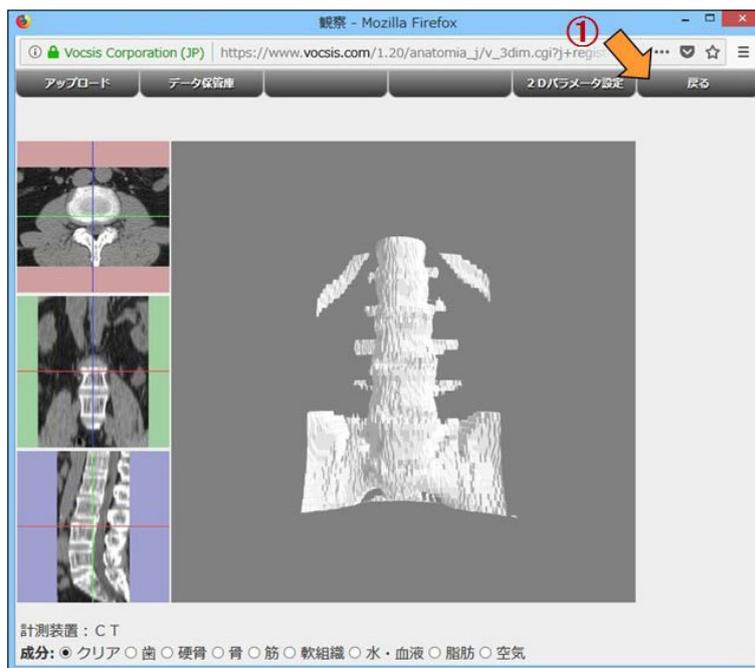


図 20 観察画面

ステップ6：ボリュームモデルを作ります

初期設定の関心領域のボリュームモデルを作ってみましょう。ボリュームモデルはボリュームレンダリングという立体データを作る手法で作られます。

まず、「データ保管庫」からボリュームデータを読み直します。

図20で「戻る」ファンクションキー（図20①）をクリックし、開始画面（図21）に戻ります。

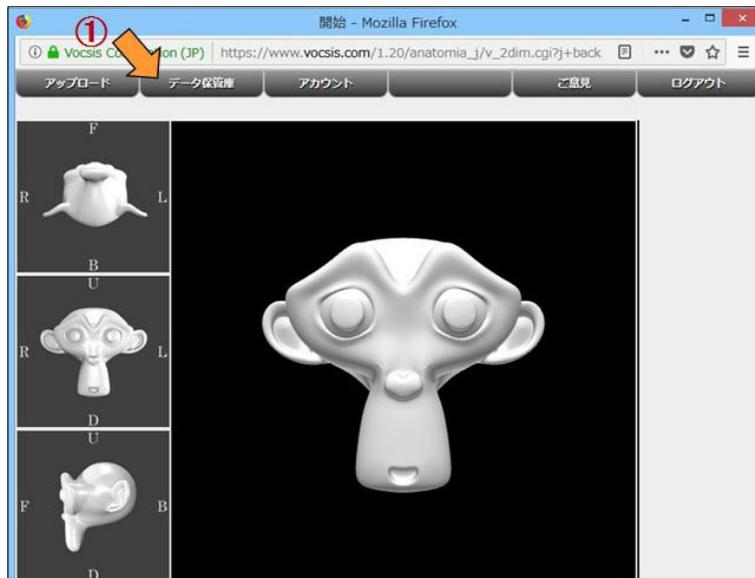


図21 開始画面経由でデータ保管庫へ

図21で「データ保管庫」ファンクションキー（図21①）をクリックすると、データ保管庫画面（図22）に移ります。



[3次元データの読み出し]
データ保管庫からは3次元モデルを読み出すこともできます。3次元モデルをクリックすると、太字の赤に変わります。

図22 データ保管庫画面

図22でボリュームデータ「tucson」（図22①）をクリックすると、データの色が太字の青に変わります。

ボリュームデータの上でマウスを静止していると、検査が行われた日時が表示されるので（図22②）、このボリュームデータがどの日に行われたCT検査だったのかが分かります。

図 22 で「データ読出し」ファンクションキー（図 22 ③）をクリックすると、選択したボリュームデータが平面処理画面に表示されます（図 23）。

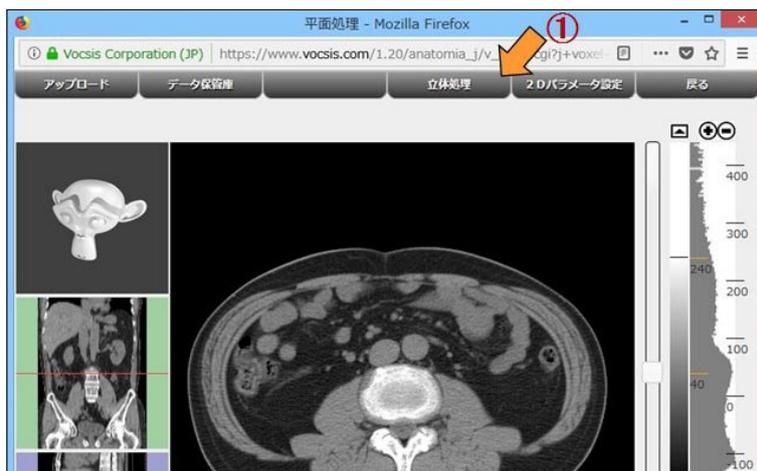


図 23 立体処理画面へ移行

図 23 で「立体処理」ファンクションキー（図 23 ①）をクリックし、立体処理画面に移ります（図 24）。

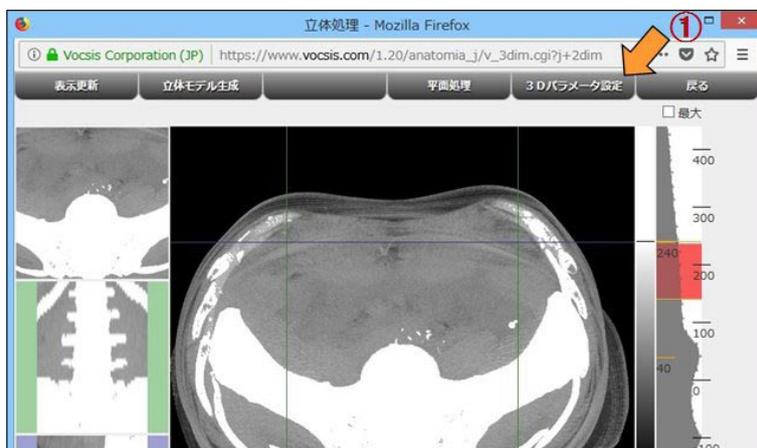


図 24 3Dパラメータ設定サブ画面の表示へ

図 24 で「3Dパラメータ設定」ファンクションキー（図 24 ①）をクリックし、「3Dパラメータ設定」サブ画面（図 25）を開きます。



図 25 3Dパラメータ設定サブ画面

図 25 の「立体モデル生成モード」で「ボリューム」（図 25 ①）を選択すると、「カラーテーブル」の選択が有効になり、その下にトランスファーファンクションエディタが表示されます（図 26）。カラーテーブルは、ボリュームレンダリングで画素値を色と透明度に変換するトランスファーファンクションを定義します。ここではデフォルトの「レインボー」をそのまま用います。

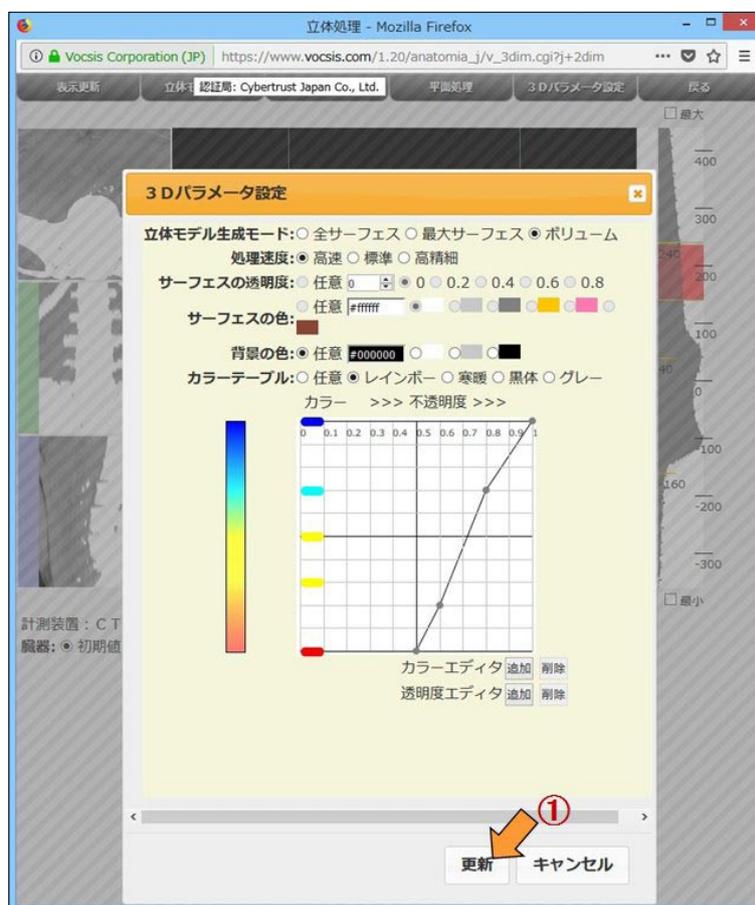


図 26 トランスファーファンクションエディタ

図 26 で「更新」ボタン（図 26 ①）をクリックすると、「3Dパラメータ設定」サブ画面が消えます（図 27）。
 ウィンドウ（図 27 ①）は、「レインボー」のトランスファーファンクションになっています。

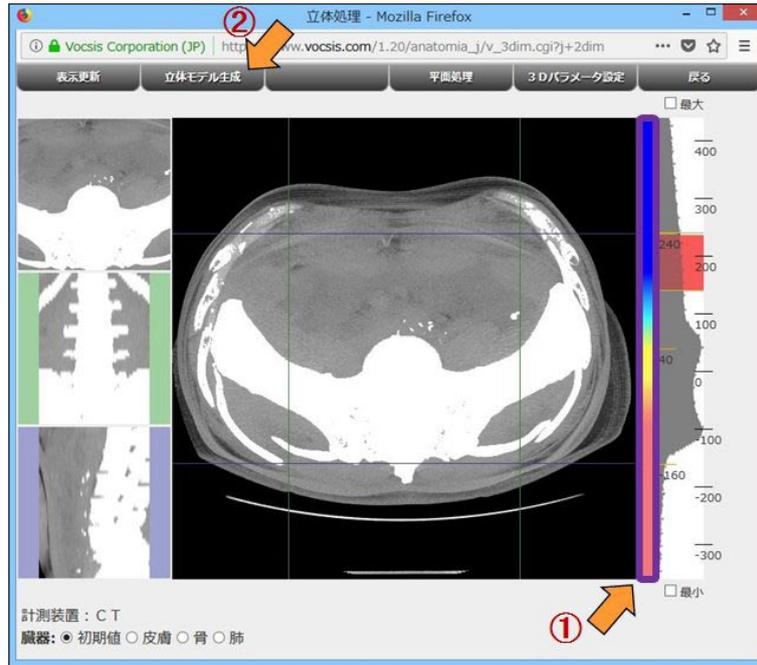


図 27 ボリュームモデルの生成

図 27 で「立体モデル生成」ファンクションキー（図 27 ②）をクリックすると、ボリュームモデル（図 28）が生成されます。

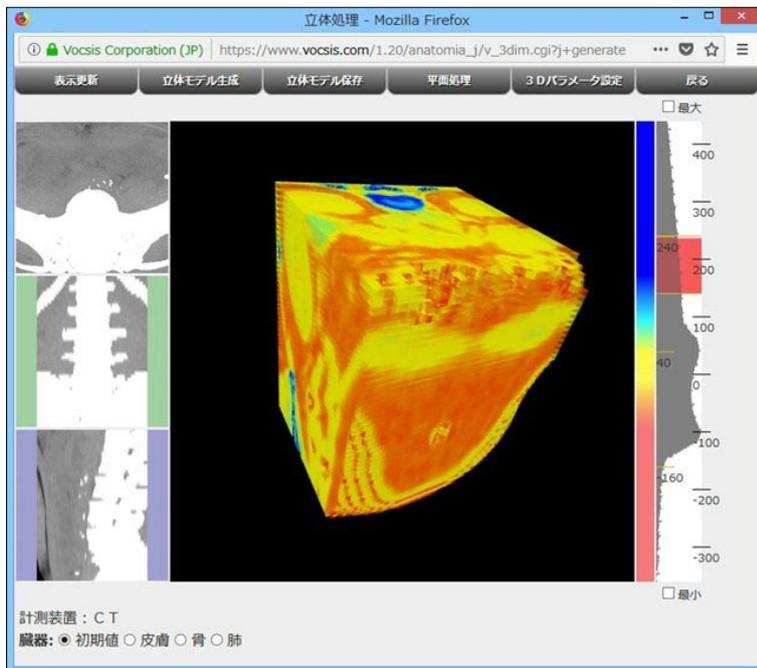


図 28 ボリュームモデルの表示

[CPUの負荷]
 ボリュームモデルはパソコンのCPUに大きな負担となるので、この画面を表示しているとパソコンの動きが遅くなることがあります。

図 28 では境界面が見えるよう、ボリュームモデルをドラッグして回転しています。



株式会社ヴォクシス

〒243-0036 神奈川県厚木市長谷 1392-2

Tel : 046-248-5171

WEB : <https://www.vocsis.com/>

