

小動物用2核種SPECTシステムにおける2核種の正確な分離

遠藤, 聡 / ENDO, Satoshi

(開始ページ / Start Page)

1

(終了ページ / End Page)

57

(発行年 / Year)

2016-03-24

(学位授与年月日 / Date of Granted)

2016-03-24

(学位名 / Degree Name)

修士(工学)

(学位授与機関 / Degree Grantor)

法政大学 (Hosei University)

平成27年度 (2 0 1 5)

修 士 論 文

小動物用2核種SPECTシステムにおける
2核種の正確な分離

Accurate separation of two radionuclides
in dual isotope SPECT scan for small animal imaging

指 導 教 授

尾 川 浩 一 教授

法政大学大学院 理工学研究科 応用情報工学専攻

14R4107 遠藤 聡

目次

Abstract	2
第1章 はじめに	4
第2章 2核種同時収集	5
2.1 SPECT 検査	5
2.2 ^{99m}Tc と ^{111}In の収集	5
2.3 従来手法	6
2.4 2核種同時収集の問題点	6
第3章 提案手法	7
3.1 ニューラルネットワークによるプライマリ光子推定方法	7
3.1.1 ニューラルネットワークの構成	7
3.1.2 エネルギーウィンドウの設定	9
3.2 学習データの作成	10
第4章 Nano SPECT/CT	12
4.1 SPECT・CT	12
4.2 Nano SPECT/CT の構造	12
4.3 コリメータの寸法	14
4.4 小動物データの画像再構成	15
4.5 投影範囲のオーバーラップ	21
4.5.1 オーバーラップ箇所のアルゴリズム	21
4.5.2 シミュレーション1	22
4.5.3 シミュレーション結果1	23
4.5.4 シミュレーション2	24
4.5.5 シミュレーション結果2	25
第5章 シミュレーション	26
5.1 シミュレーション条件1	26
5.1.1 学習データ	26
5.1.2 投影データ	27
5.2 シミュレーション結果1	28
5.3 シミュレーション条件2	31
5.3.1 学習データ	31
5.3.2 投影データ	32
5.4 シミュレーション結果2	33
5.5 シミュレーション3	36
5.5.1 学習データ	36

5.5.2	投影データ	37
5.6	シミュレーション結果 3	39
5.7	有効性の評価	42
第 6 章	考察	44
6.1	Nano SPECT/CT における再構成	44
6.2	学習条件	44
6.3	エネルギーウィンドウ	45
第 7 章	まとめ	46
付録		47
8.1	ニューラルネットワークの理論	47
8.1.1	神経細胞	47
8.1.2	ニューロンのモデル化	47
8.2	ネットワーク構造	48
8.3	パーセプトロン	49
8.3.1	パーセプトロンの限界	50
8.4	バックプロパゲーション (誤差逆伝搬法)	51
8.4.1	一般化デルタルール	51
	謝辞	53
	参考文献	54
	発表論文	56

Abstract

Multi-isotope SPECT study yields an optimization of therapeutic strategy and accurate evaluation of therapeutic effect. However, it is difficult to estimate primary photons in a multi-isotope SPECT system due to Compton scattered photons. The aim of this study is to estimate three primary counts of ^{99m}Tc (photopeak energy 141keV) and ^{111}In (171, 245keV) in a simultaneous SPECT data acquisition. The target system is Nano SPECT/CT system and it has four detectors. Each detector has nine pinholes, thus the system acquires 36 projection data simultaneously. In this paper, an accurate measurement method of ^{99m}Tc and ^{111}In using an artificial neural network was proposed. In the acquisition of SPECT data, we used four energy windows: one for the ^{99m}Tc photopeak (141keV), two for ^{111}In photopeaks (171, 245keV) and the last one for scattered photons. The count data of these four energy windows were input to a feed forward neural network with these layers. Using the output values we estimated two primary counts of ^{99m}Tc and ^{111}In . The learning of the neural network was performed with the calculated phantom data using an Monte Carlo method. The accuracy of the proposed method was confirmed with the simulations. The simulation setting was assumed with the actual data acquisition of Nano SPECT/CT system.

第1章 はじめに

現代の医療において、新薬の開発や新しい治療法の前臨床研究には小動物の実験が有効である。特に、脳や臓器の機能情報を視覚化する Single Photon Emission Computed Tomography (SPECT) は重要な役割を担っている。SPECT は画像診断方法の一種であり、被検体に RI (放射性同位元素) で標識された医薬品を投与して放出される γ 線から再構成画像を得る方法である。SPECT 検査では、血流や代謝といった臓器の機能情報が得られるため、脳梗塞・脳出血・心筋梗塞などの病気の診断に効果的である。

一般的に SPECT 検査では、2 種類の機能情報を検査する際には 2 度にわたる検査をする必要がある。複数回の検査は画像の位置ずれや患者への負担といった欠点がある。そこで、2 つの核種を同時に収集する同時収集型 SPECT が開発された。この SPECT では異なる放射性医薬品を同時に投与できるため、それぞれの機能の違いを映像化することが可能になり、検査時間の短縮、治療効果の評価、治療方針の最適化が可能になる。しかしながら、 ^{99m}Tc (光電ピークエネルギー: 141keV) と ^{111}In (171, 245keV) を同時に用いた SPECT 検査では、互いの光電ピークエネルギーが隣接しているため再構成画像を得る際に高エネルギーピークの核種から出てくる散乱線が低エネルギーピークのプライマリ光子のカウントに影響して、再構成時に劣化してしまう。そのため、散乱線を補正する方法が必要である。

従来の散乱線の補正法として Triple Energy Window 法 (TEW 法) がある。TEW 法は光電ピークエネルギーを中心に設定したメインウィンドウとその両端に設定したサブウィンドウからプライマリ光子を推定する手法である。この手法は単核種収集や光電ピークエネルギーの離れた複数核種には有効であるが、光電ピークエネルギーの近い ^{99m}Tc と ^{111}In の 2 核種同時収集型 SPECT では困難である。そのため、我々は人工ニューラルネットワーク (Artificial Neural Network : ANN) を用いた分離方法を提案してきた。本研究では小動物用 SPECT である Nano SPECT/CT に対してこの手法を用いる。

Nano SPECT/CT は 4 つの検出器から構成されており、それぞれ 9 つの孔のピンホールコリメータが装着されている。特徴として、各ピンホールから収集する際にオーバーラップした投影データが得られる。本研究ではこの装置を用いて 2 核種同時収集を行い、投影データにニューラルネットワークを用いて、正確な再構成画像を得ることを目的とした。そのため、ここでは以下の 2 つのことを行った。第 1 に小動物用の SPECT 装置である Nano SPECT/CT に対して再構成画像を作成した。ラットを対象に ^{111}In を投与し、2 種類の条件で SPECT 検査を行い再構成画像を作成した。第 2 に 3 つのシミュレーションを行い、様々な条件でニューラルネットワークを検証した。シミュレーション 1 では投影データ自身を学習データにして、本手法の有効性を示した。シミュレーション 2 では学習ファントムのサイズを変化させて、学習ファントムのサイズが 2 核種分離にどの程度影響しているかを検証した。シミュレーション 3 では Nano SPECT/CT と同じ条件でモンテカルロシミュレーションを使い投影データを収集し、そのデータにニューラルネットワークを用いてウィンドウごとの有効性を検証した。結果から ^{99m}Tc のプライマリ光子を推定する際は ^{99m}Tc (141keV) と ^{111}In (171, 245keV) の 3 つピーク値をウィンドウに設定する方法が最適となった。また、 ^{111}In のプライマリ光子を推定する際には 3 つピーク値に加え 1 つのウィンドウを設定する手法が最適となった。このことから、臨床実験では 4 つのウィンドウを設けて 2 核種分離をする必要がある。

第2章 2核種同時収集

2.1 SPECT 検査

SPECT は患者の体内に投与した放射性医薬品から放出される放射線の分布状況を断層画像で見る方法であり、臓器の位置、機能、形態などが分かる。様々な核種を用いることで、脳や心筋、骨の異常箇所を診断することが可能である。SPECT でよく用いられる単光子核種は ^{99m}Tc 、 ^{123}I 、 ^{111}In 、 ^{201}Tl 、 ^{67}Ga が挙げられる。いずれも γ 線の単一放射線のみを放出しており、 α 線や β 線などは放出されない。また SPECT で用いる核種は光子のエネルギーや半減期が適切な値である必要がある。エネルギーが高いほど、より鮮明な画像を得ることができるが、その分被ばく量も増え、低すぎると体内で放射線が吸収される。一般的に、SPECT 検査では 1 種類の放射性医薬品を用いる。もしも、2 種類の放射性医薬品を同時に用いて検査が行うことが可能になれば、検査時間の短縮や患者の負担軽減、再構成画像の向上が望まれる。さらに、2 核種同時イメージングは 2 種類の放射性核種に対する動態を同時かつ同条件で確認できるため臨床的にも治療方針の最適化や治療効果の評価が可能となる利点がある。そこで、本研究は 1 回の SPECT 検査で 2 種類の放射性核種 (^{99m}Tc と ^{111}In) を用いて、それぞれの分布状況を正確に再構成し評価することを目的とした。

2.2 ^{99m}Tc と ^{111}In の収集

本研究は ^{99m}Tc と ^{111}In を対象としている。 ^{99m}Tc は光電ピークエネルギーが 141keV、半減期が 6 時間と半減期が最適で手頃な放射エネルギーのため、よく用いられる核種である。 ^{111}In は 2 つの光電ピークエネルギー (171keV、245keV) を持ち、半減期が 67 時間といった特徴を持つ。ここで、これらを用いた SPECT 検査において使用される放射性核医薬品について説明する。 ^{99m}Tc を用いたものは、心筋や脳の血流イメージングや骨のシンチグラフィーでよく使われる。心筋では、さまざまな放射性医薬品を用いることで、血流、代謝、交感神経の機能を診断できる。その中でも、 ^{99m}Tc は血流の診断で使われる。心筋血流イメージングの医薬品は ^{99m}Tc -TF や ^{99m}Tc -MIBI がある。これらは心筋梗塞や虚血心筋である患者の診断に用いられ、心筋をイメージングする際、異常時に欠損や集積の低下として現れる。脳イメージングでは血流や代謝の他に受容体を画像化することが可能である。 ^{99m}Tc -HMPAO、 ^{99m}Tc -ECD は、脳血流のイメージングで用いられ、脳梗塞や虚血状態の患者の診断に有効である。また、 ^{99m}Tc はパーキンソン病の診断にも一部使用される。 ^{99m}Tc -MDP/HMDP は骨が生成したり、溶けているところに強く集積する。そのため、ガンの骨転移や骨の腫瘍、炎症といった疾患部位を診断する際に用いられる。 ^{99m}Tc は他にも消化器系や肝臓と幅広く診断で使われている。一方、 ^{111}In は ^{111}In -DTPA などが挙げられ、髄液漏の診断に有効とされる。

2.3 従来手法

従来の散乱線補正法には TEW 法, Decovolution 法, Dual energy window subtraction 法, Transmission dependent scatter correction 法など様々な補正方法がある．ここでは従来手法の中でも実用的な TEW 法について述べる．TEW 法は光電ピークエネルギーを中心にメインウィンドウを設定し, さらにその両端にサブウィンドウを設定して, これらのウィンドウから散乱成分を推定し, 減算をすることで散乱線を補正する方法である．この手法は ^{99m}Tc や ^{201}Tl のようなそれぞれの光電ピークエネルギーが離れている複数核種にも対応することが可能である．しかし, 本研究で対象にする ^{99m}Tc と ^{111}In は光電ピークエネルギーが隣接しているため, TEW 法を用いることは困難である．

2.4 2核種同時収集の問題点

研究で用いる ^{99m}Tc と ^{111}In のような光電ピークエネルギーが近い核種の場合, 互いのプライマリ光子が混在したり, 高いエネルギーの核種から出た γ 線がコンプトン散乱により, 低いエネルギーの核種のプライマリ光子のウィンドウに混在してしまう問題がある．例えば, Fig. 2.1 のような ^{99m}Tc (141keV) と ^{111}In (171, 245keV) の同時収集を考える． γ 線と媒質の相互作用を考慮すると, ^{111}In Peak1(245keV) のウィンドウ領域では自身の散乱線のみが混在している．In Peak2(171keV) のウィンドウ領域では自身の散乱線と自身より高いエネルギーをもつ ^{111}In (245keV) の散乱線が混在する． ^{99m}Tc Peak(141keV) では自身の散乱線その他, ^{111}In (171, 245keV) の 2 種類の散乱線が含まれる．このように, エネルギーウィンドウ内で検出されるスペクトルは複雑なため, 従来手法である TEW 法を用いてプライマリ光子を推定することは困難である．そこで, 我々はニューラルネットワークを用いた 2 核種分離法を提案した．

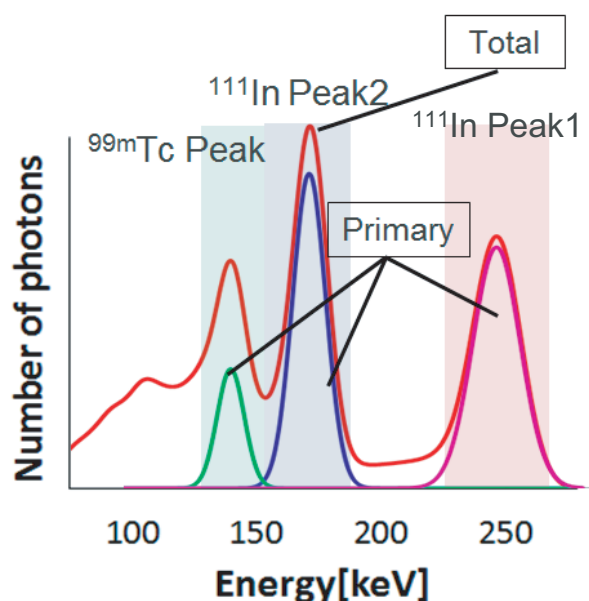


Fig. 2.1: ^{99m}Tc と ^{111}In の同時収集

第3章 提案手法

3.1 ニューラルネットワークによるプライマリ光子推定方法

3.1.1 ニューラルネットワークの構成

^{99m}Tc と ^{111}In の2核種同時SPECTにおいて、それぞれのプライマリ光子を正確に推定するため、我々はニューラルネットワークによる2核種推定法を提案した。ニューラルネットワークは3層から構成され、バックプロパゲーションを用いた。入力層は我々が設定した3～7個のエネルギーウィンドウの数をユニット数とした。中間層は入力層の2倍のユニット数として、出力層は3つとした。ここで、入力層は各ウィンドウの散乱線を含むデータであり、出力層はそれぞれの核種の推定するプライマリデータである。散乱線データから、 k 番目のエネルギーウィンドウで測定されたカウント数を C_k で表されるととき、全ウィンドウの総和 C_s は以下ようになる。

$$C_s = \sum_{k=1}^n C_k \quad (3.1)$$

ここで、ニューラルネットワークにおける入力層の概略図を以下に示す。

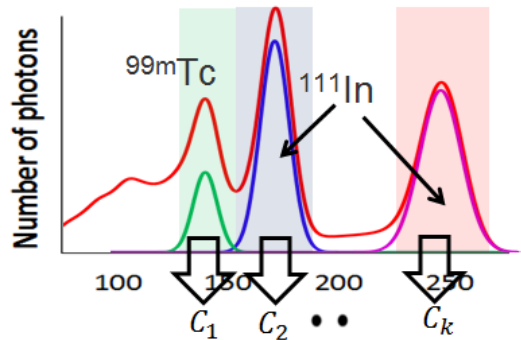


Fig. 3.1: 各入力値の概略図

ニューラルネットワークは小数点演算で実装するのが最良なため、各入力値は全ウィンドウのカウント数で割った値になり、 C_k/C_s と表すことができる。

それぞれの出力を R_{Tc} , R_{In1} , R_{In2} とした時, 入力 ($C_1/C_s \sim C_k/C_s$), 出力, 推定するプライマリ光子のカウント数 (P_{Tc} , P_{In1} , P_{In2}) の値は以下の式で表せる.

$$\frac{C_i}{C_s} (i = 1 \sim k) \quad (3.2)$$

$$R_{Tc} = \frac{\text{primary counts of } Tc}{C_s} \quad (3.3)$$

$$R_{In1} = \frac{\text{primary counts of } In1}{C_s} \quad (3.4)$$

$$R_{In2} = \frac{\text{primary counts of } In2}{C_s} \quad (3.5)$$

$$P_{Tc} = R_{Tc} \times C_s \quad (3.6)$$

$$P_{In1} = R_{In1} \times C_s \quad (3.7)$$

$$P_{In2} = R_{In2} \times C_s \quad (3.8)$$

また, 以上のニューラルネットワークは以下のような概略図で表せる.

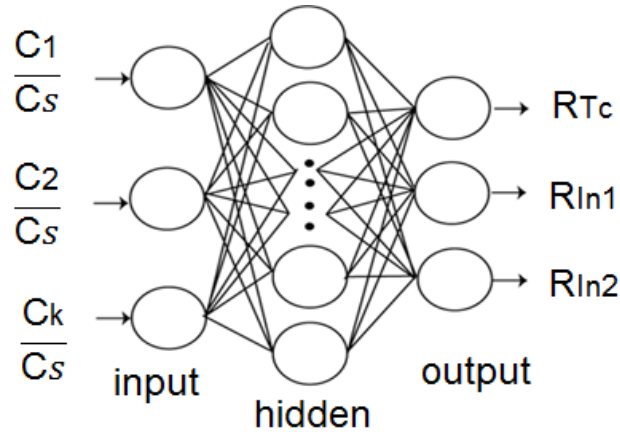


Fig. 3.2: ニューラルネットワークの概略図

3.1.2 エネルギーウィンドウの設定

本研究では以下の5種類のエネルギーウィンドウを設定した.

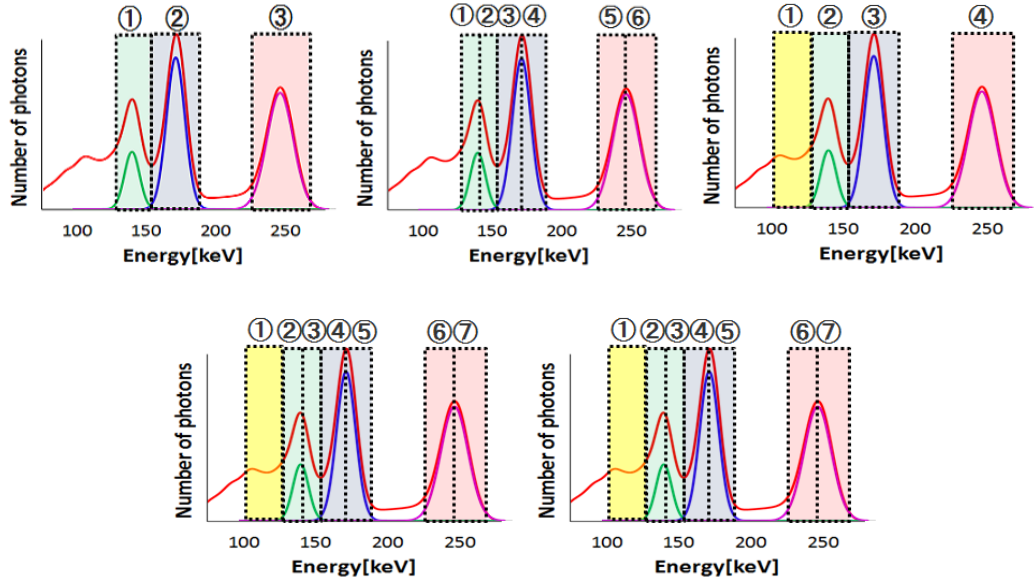


Fig. 3.3: ウィンドウ分割法 (ANN1, ANN2, ANN3, ANN4, ANN5)

エネルギーウィンドウはそれぞれの核種のピーク値と散乱線に沿って3~7個設定した. ANN1の入力ユニットは,それぞれの核種のエネルギーピーク値に対してFWHMを20%とするウィンドウ幅を設定した. ANN2はANN1のウィンドウのピーク値を二分割した6つのウィンドウ幅を設定した. ANN3ではANN1のウィンドウ設定に散乱線を考慮したウィンドウを1つ加えた. ANN4ではANN3のウィンドウ設定に加え, ^{111}In の散乱線を考慮したウィンドウを設定した. ANN5はANN3のそれぞれの核種のウィンドウをピーク値で二分割した7つのウィンドウ幅を設定した. 詳細なエネルギーウィンドウ分割表を以下に示す.

Table 3.1: ウィンドウ分割表

	window 数	window1	$^{99m}\text{Tc}(141\text{keV})$	$^{111}\text{In}(171\text{keV})$	window2	$^{111}\text{In}(245\text{keV})$
ANN1	3		127-154	155-186		220-269
ANN2	6		127-140, 141-154	155-170, 171-186		220-244, 245-269
ANN3	4	99-126	127-154	155-186		220-269
ANN4	5	99-126	127-154	155-186	187-219	220-269
ANN5	7	99-126	127-140, 141-154	155-170, 171-186		220-244, 245-269

3.2 学習データの作成

ニューラルネットワークを構築するには、学習データが必要となる。学習データを作成するにはパラレルコリメータで2核種同時に収集したデータを用いた。データを収集するため、実際のSPECTの検出方法を再現できるモンテカルロシミュレーションを使用し、光子の相互作用は光電効果とコンプトン散乱を考慮した。以下に学習データの作成に使用したファントムを示す。学習に使用したデータはプライマリデータと散乱線データを用いた。

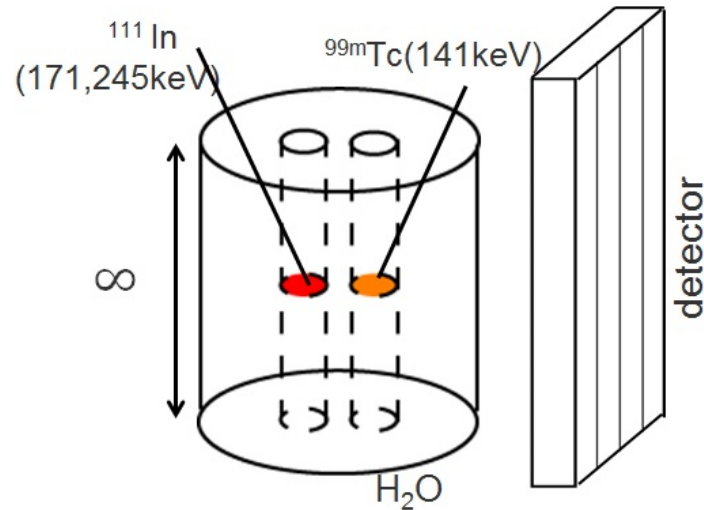


Fig. 3.4: 学習データ作成用のジオメトリ

収集したプライマリデータは推定したい理想データであるため、教師データになる。また、散乱線データは実際の機器で収集されるであろうデータであるため、入力データである。学習データを作る際にはバックプロパゲーションによるニューラルネットワークを構築した。以下にニューラルネットワークの条件を示す。

Table 3.2: ニューラルネットワーク条件

教師信号	256(64x4)
入力層のユニット数	3~7
中間層のユニット数	入力層のユニット数の2倍
出力層のユニット数	3
重み係数	0.05
学習回数	200,000

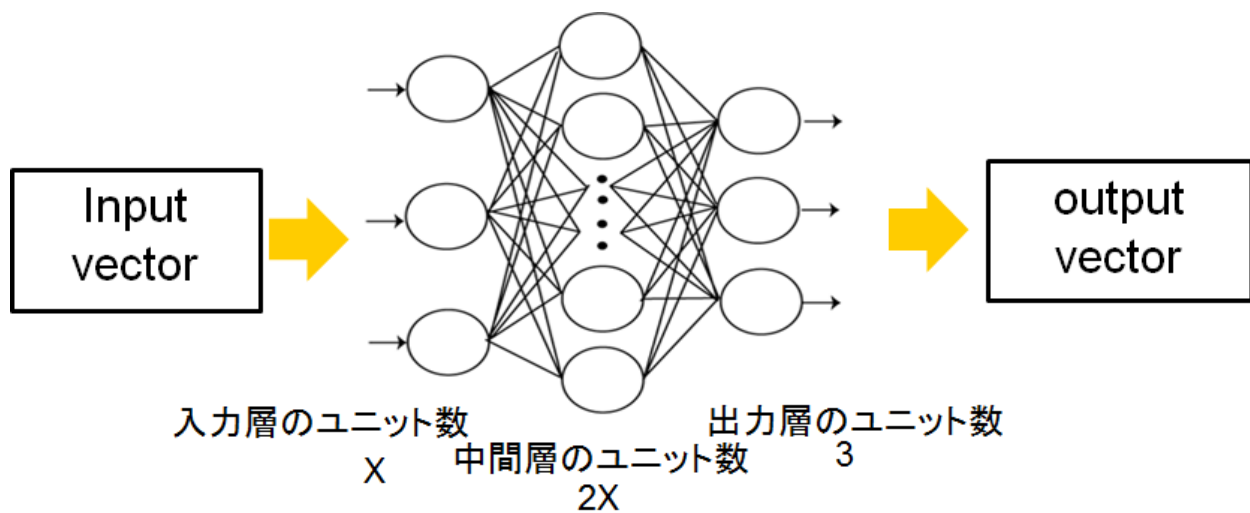


Fig. 3.5: ニューラルネットワーク構造

また, 教師信号は 0° , 90° , 180° , 270° の4つの投影角度で得られたエネルギースペクトルとした.

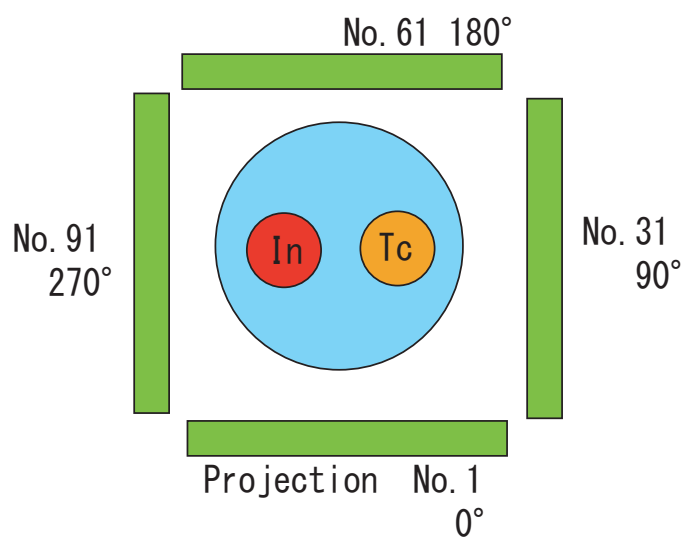


Fig. 3.6: 学習に用いられた角度

第4章 Nano SPECT/CT

Nano SPECT/CT は小動物用 2 核種同時収集型 SPECT であり，SPECT と CT の複合装置である．本研究ではこの SPECT 装置を対象に提案手法を行うことが目的である．

4.1 SPECT・CT

SPECT・CT とはガンマカメラと X 線 CT を組み合わせ，一体型にした装置である．この装置は CT による形態情報と SPECT による機能情報を視覚化することが可能なため，より正確な診断が可能である．CT による断層画像の濃淡は X 線の吸収の程度を表しており，ここからできる補正マップを使用することで，SPECT 画像の吸収補正を行うことが可能になる．SPECT・CT 装置は主に骨シンチ，腫瘍シンチ，消化管出血シンチといった解剖学的位置がはっきりしない検査に役立つ．

4.2 Nano SPECT/CT の構造

Nano SPECT/CT は 90 °ごとにガンマカメラが装着されており，ラットを対象とした同時収集型 SPECT 装置である．投影データは step-and-shoot 方式のヘリカルスキャンによって収集される．以下に本研究で使用する Nano SPECT/CT を示す．

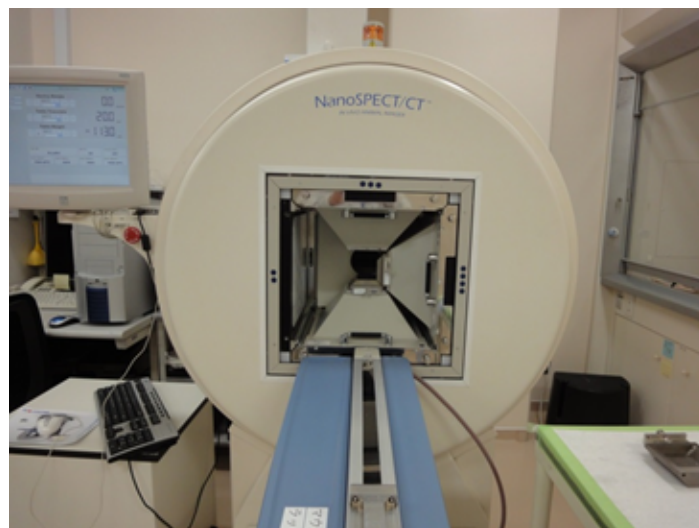


Fig. 4.1: NanoSPECT/CT

それぞれの検出器のシンチレータは 265x265mm の NaI 単結晶が使われており, pixel 数は 256x256pixels になっている. コリメータは 9 つの孔の多孔ピンホールコリメータが装着されている. コリメータの厚さは 10mm, ピンホールの半径は 1.4mm である.

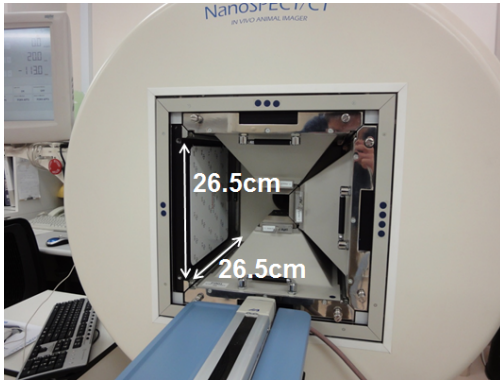


Fig. 4.2: シンチレータの寸法

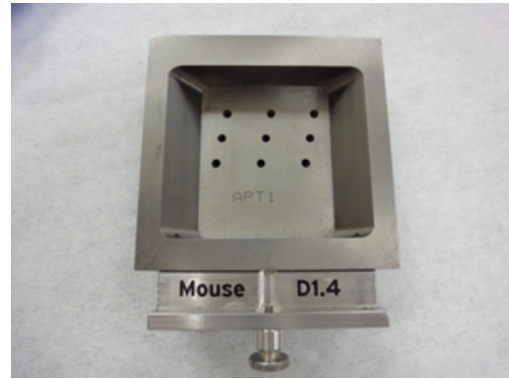


Fig. 4.3: NanoSPECT/CT のコリメータ

Nano SPECT/CT のコリメータの特徴として, 9 つの孔の投影範囲がそれぞれオーバーラップを起こしている. そのまま再構成画像を作成するとアーチファクトが発生するするため, 本研究ではオーバーラップ箇所を無視して再構成を行った.

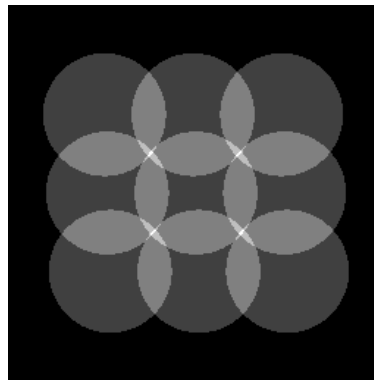


Fig. 4.4: 投影範囲

小動物を配置する中心地とコリメータとの距離は 25mm であり, コリメータとシンチレータ間の距離 145mm となっており, その配置を以下に示す.

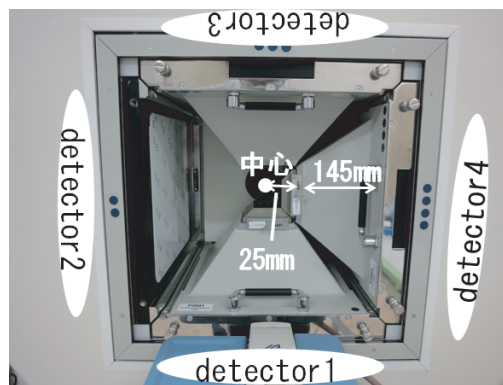


Fig. 4.5: 検出器位置

4.3 コリメータの寸法

4つのコリメータは、物体面側とシンチレータ表面側で孔の位置が異なる。それぞれのピンホールの配置図を以下の図に示す。

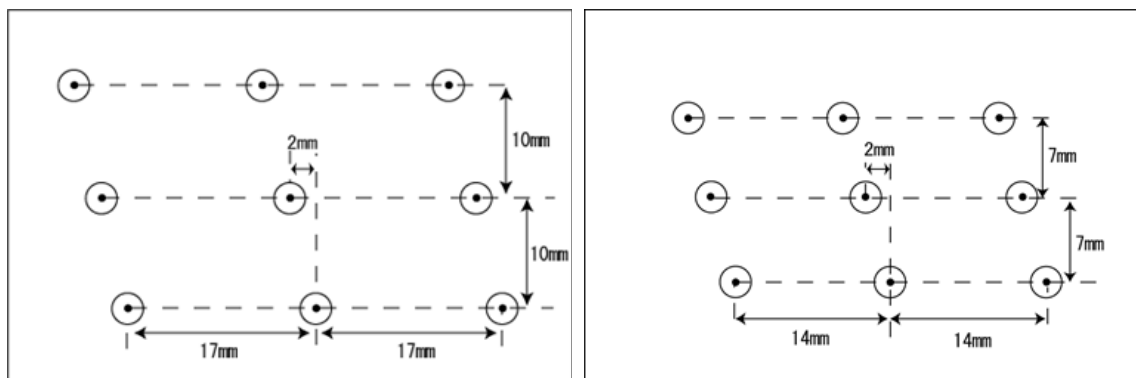


Fig. 4.6: コリメータのピンホール配置図 (右:シンチレータ面, 左: 物体面)

真ん中にあるピンホールの中心を原点とする。コリメータをシンチレータ側から見たとき、横を x 軸、縦を y 軸、奥行を z 軸として各ピンホールの空間座標求めた。

ピンホール番号	シンチレータ側 (空間座標)	物体側 (空間座標)
1	(-19.0, 10.0, 0.0)	(-16.0, 7.0, 10.0)
2	(-2.0, 10.0, 0.0)	(-2.0, 7.0, 10.0)
3	(15.0, 10.0, 0.0)	(12.0, 7.0, 10.0)
4	(-17.0, 0.0, 0.0)	(-14.0, 0.0, 10.0)
5	(0.0, 0.0, 0.0)	(0.0, 0.0, 10.0)
6	(17.0, 0.0, 0.0)	(14.0, 0.0, 10.0)
7	(-15.0, -10.0, 0.0)	(-12.0, -7.0, 10.0)
8	(2.0, -10.0, 0.0)	(2.0, -7.0, 10.0)
9	(19.0, -10.0, 0.0)	(16.0, -7.0, 10.0)

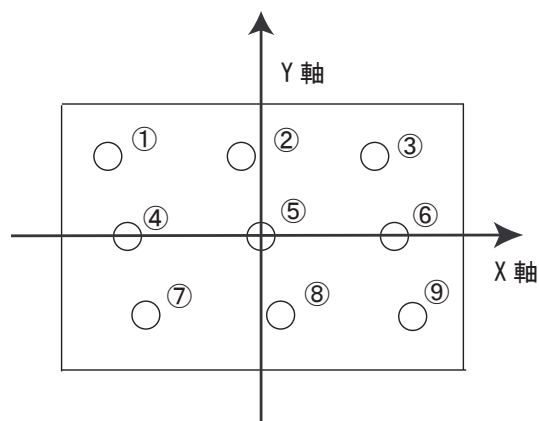


Fig. 4.7: コリメータの各ピンホール番号

4.4 小動物データの画像再構成

NanoSPECT/CT で再構成画像を作成できることを確認するため、ラットに対して ^{111}In を投与して SPECT 装置で検出した。小動物データを収集する際には検出器を 1 回転させ、肝臓や脾臓の位置、大きさ、形態を見るような検査を行った。

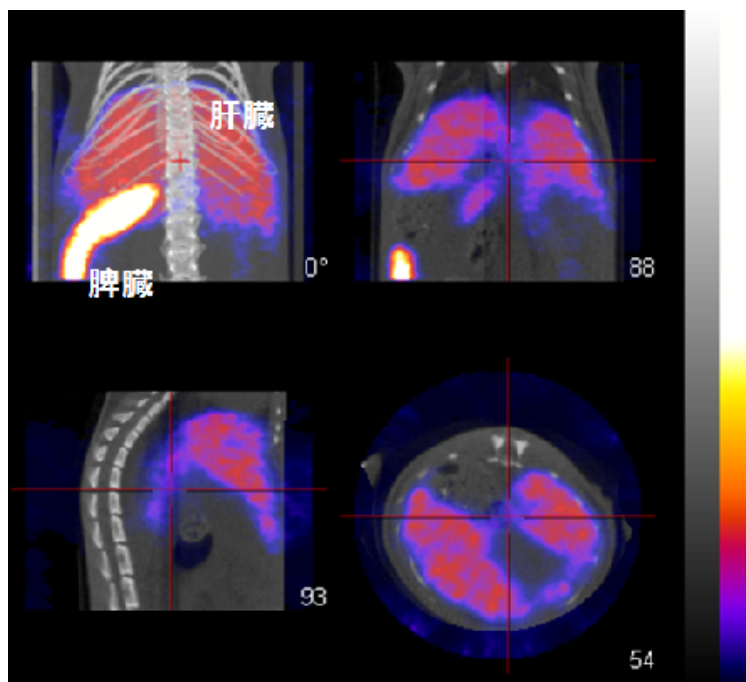


Fig. 4.8: NanoSPECT/CT の SPECT 検査画像 (1 回転)

28 投影の投影データ中から 4 つの投影データを以下に示す。

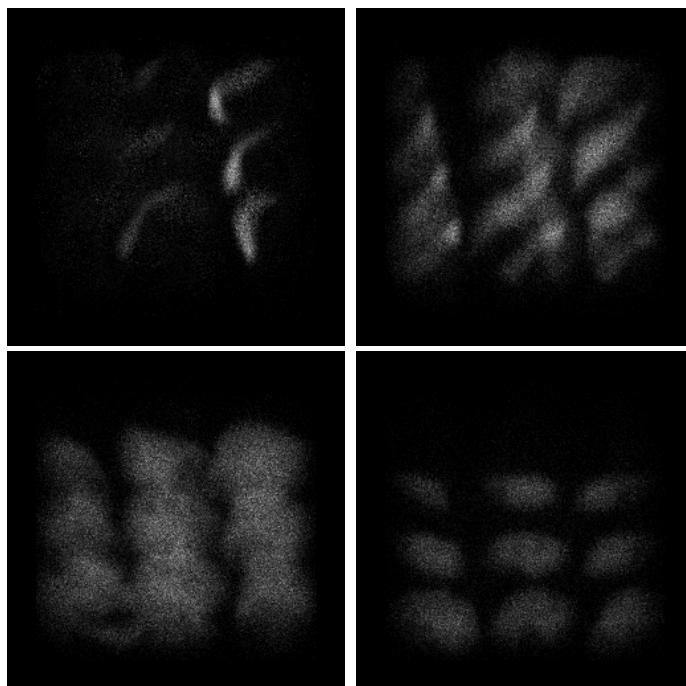


Fig. 4.9: NanoSPECT/CT の投影データ

NanoSPECT/CT の投影条件を以下に示す.

Table 4.1: 投影条件

検出核種	^{111}In
検出器の数	4
検出器の pixel 数	256x256pixels
pixel サイズ	1.035x1.035mm ²
ピンホール数	9
ピンホール半径	1.4mm
投影数	28(4x7)
回転角度	12.8 °
ヘリカル移動量	5mm/step
物体中心とコリメータ間距離	25mm
コリメータの厚さ	10mm
コリメータとシンチレータ間距離	145mm
エネルギー分解能	10 % FWHM

再構成画像を作成した際の条件を以下に示す.

Table 4.2: 再構成条件

再構成法	OS-EM
サブセット数	4
反復回数	10
voxel 数	128x128x128voxels
voxel サイズ	0.225x0.225x0.225mm ³

Nano SPECT/CT の本来の再構成画像と作成した再構成結果を 4 つの slice に分けて比較した. (左: 装置のソフトウェアによる再構成画像, 右: 自作プログラミングによる再構成画像)

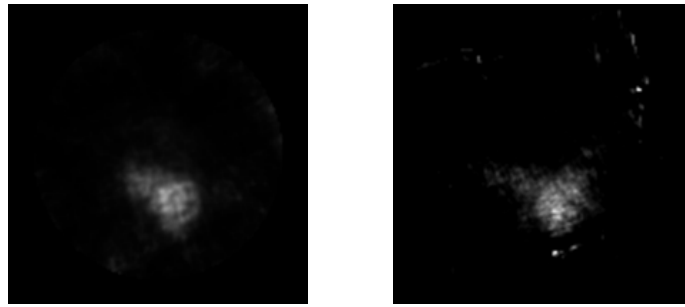


Fig. 4.10: slice 1

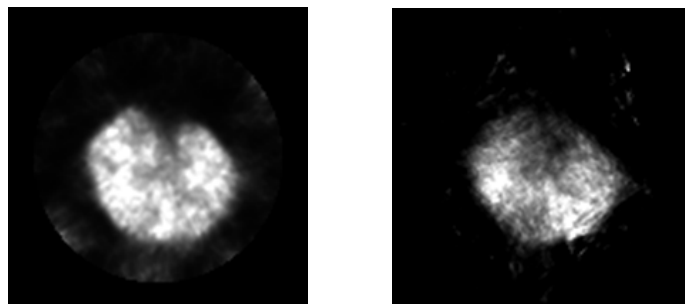


Fig. 4.11: slice 2

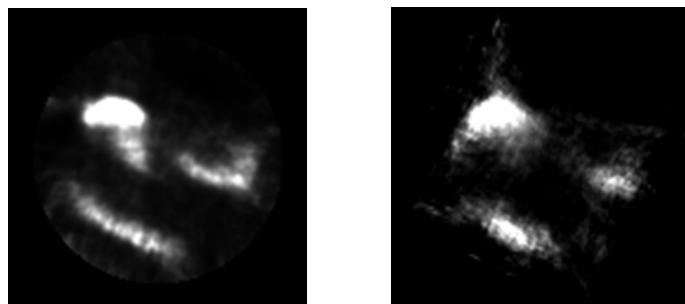


Fig. 4.12: slice 3

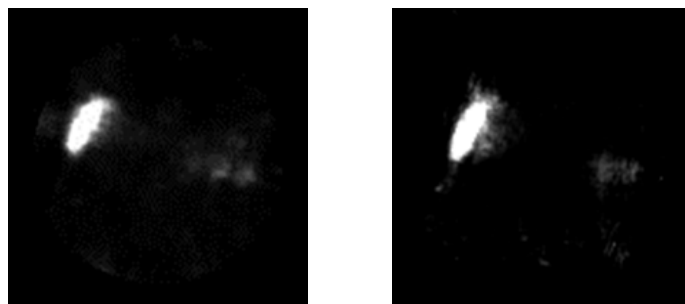


Fig. 4.13: slice 4

2つめの小動物データはラットに対して ^{111}In を投与した後に、検出器を4回転させてSPECT装置で検出した。肝臓、脾臓、腫瘍の位置、大きさ、形態を見るような検査を行った。

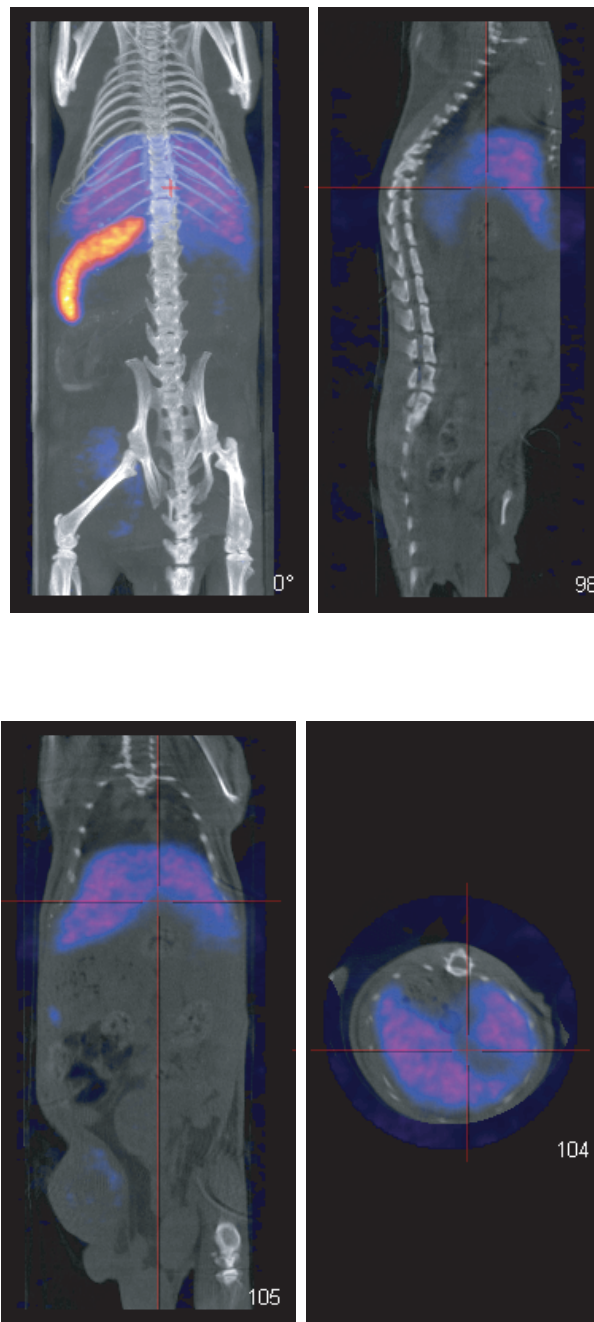


Fig. 4.14: NanoSPECT/CT の SPECT 検査画像 (4 回転)

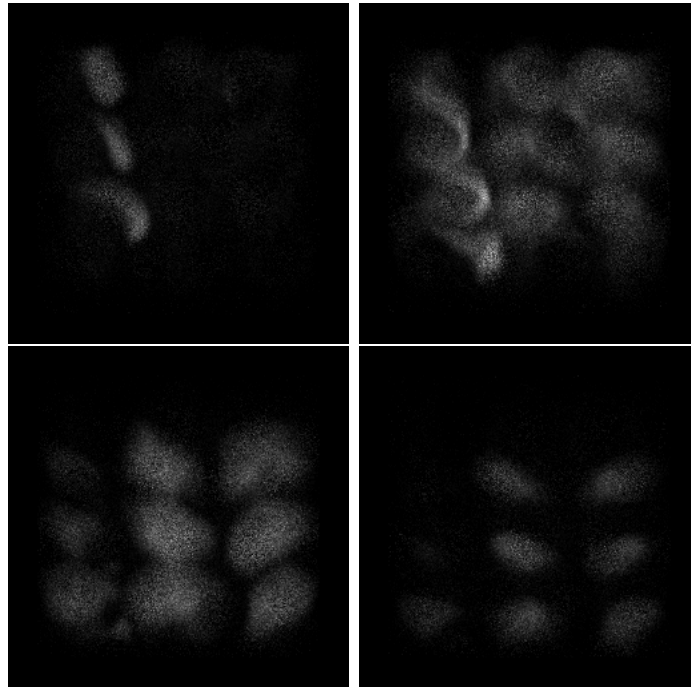


Fig. 4.15: NanoSPECT/CT の投影データ

NanoSPECT/CT の投影条件を以下に示す.

Table 4.3: 投影条件

検出核種	^{111}In
検出器の数	4
検出器の pixel 数	256x256pixels
pixel サイズ	1.035x1.035mm ²
ピンホール数	9
ピンホール半径	1.4mm
投影数	112(4x28)
回転角度	12.8 °
ヘリカルの移動量	5mm/step
エネルギー分解能	10 % FWHM

再構成画像を作成した際の条件を以下に示す.

Table 4.4: 再構成条件

再構成法	OS-EM
サブセット数	4
反復回数	10
voxel 数	300x128x128voxels
voxel サイズ	0.225x0.225x0.225mm ³

Nano SPECT/CT の本来の再構成画像と作成した再構成結果を 4 つの slice に分けて比較した. (左: 装置のソフトウェアによる再構成画像, 右: 自作プログラミングによる再構成画像)

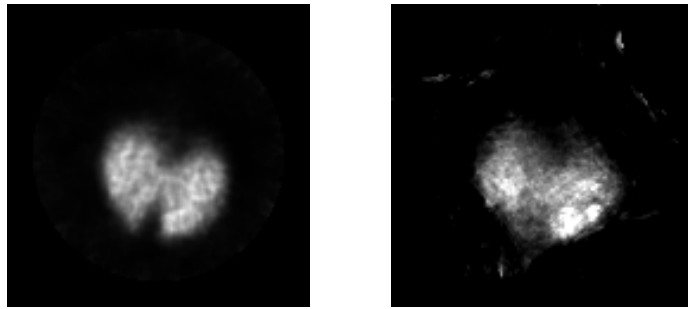


Fig. 4.16: slice 1

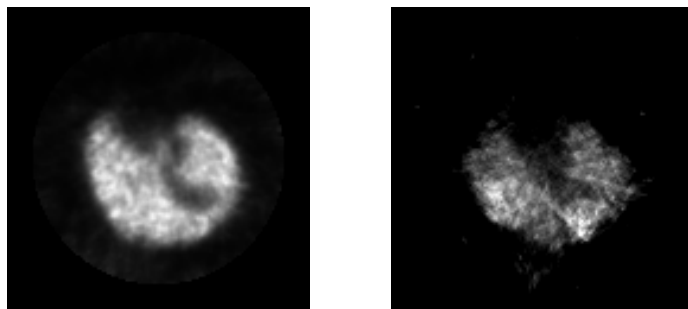


Fig. 4.17: slice 2

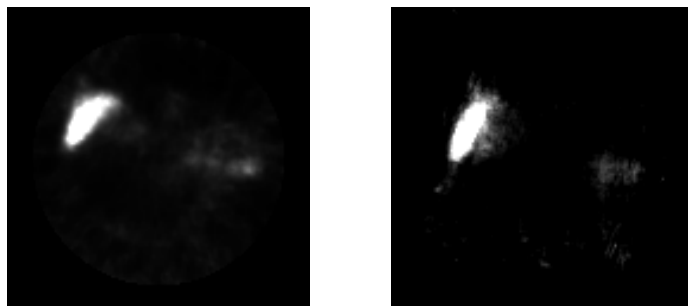


Fig. 4.18: slice 3

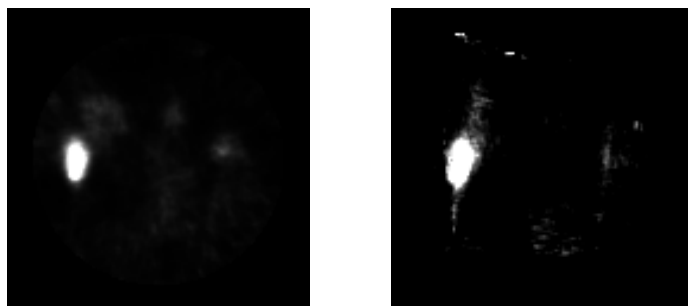


Fig. 4.19: slice 4

4.5 投影範囲のオーバーラップ

Nano SPECT/CT においてより高精度な再構成画像を得るため、オーバーラップ箇所
の補間アルゴリズム以下に記す。また、この補間アルゴリズムの有効性を調べるため、2つのシ
ミュレーションを行った。

4.5.1 オーバーラップ箇所のアルゴリズム

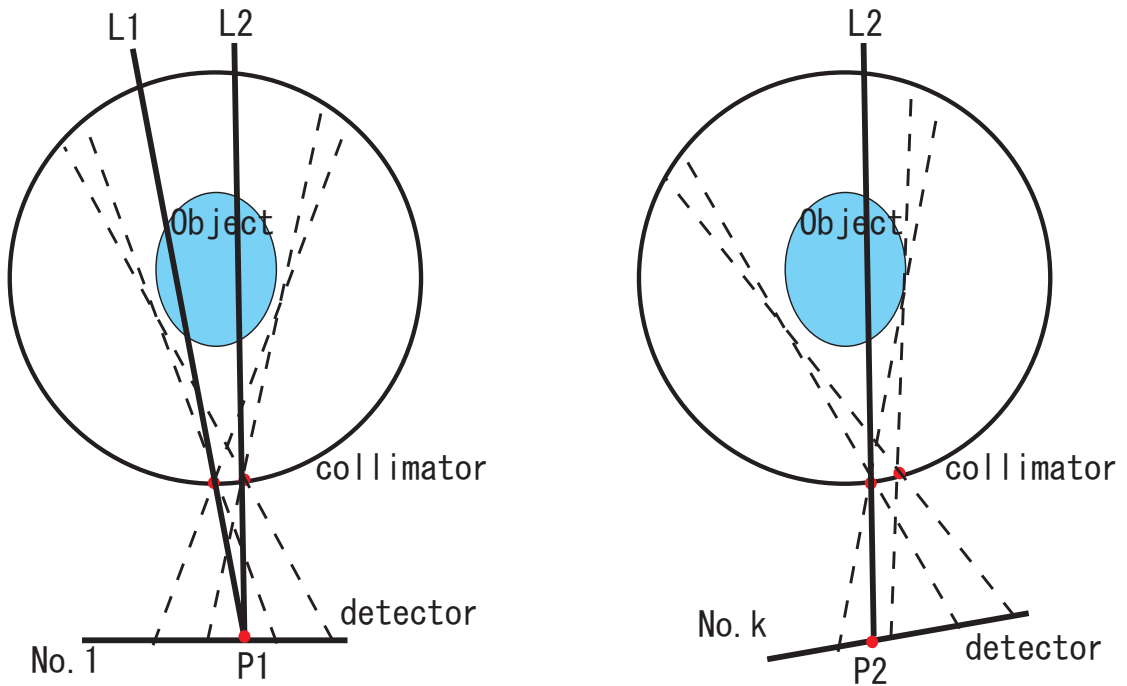


Fig. 4.20: オーバーラップ時の投影データ

ある角度で投影したとき、投影線 $L1$, $L2$ を考える。オーバーラップ箇所である投影デー
タ $P1$ は $L1$ と $L2$ の線積分値の合計であり、 $P1=L1+L2$ と表すことができる。異なる角度で
投影したデータ k では、投影線 $L2$ はオーバーラップしていないため、 $L2$ の値を別角度から
求めることが可能である。また、 $L1$ においても $P1$ との差分をとることで求めることが可能
である。以上の補間方法を式として示す。

$$P1 = L1 + L2 \quad (4.1)$$

$$L2 = P2 \quad (4.2)$$

$$L1 = P1 - P2 \quad (4.3)$$

4.5.2 シミュレーション 1

2つの孔を持つ円型のコリメータの検出器を1°おきに回転させて，再構成画像を作成した．このとき，各ピンホールによる投影範囲がオーバーラップする．ファントムは2次元ファントムである Shepp ファントムを用いてシミュレーションを行った．ジオメトリとシミュレーション条件を以下に示す．

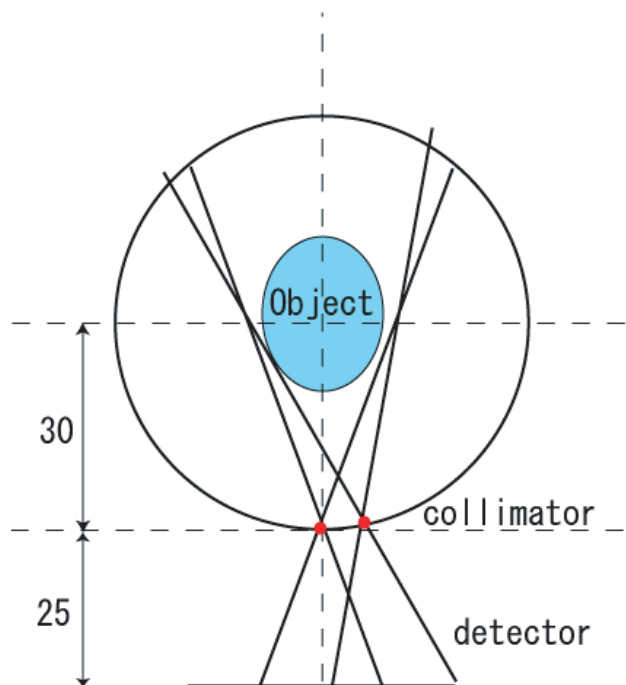


Fig. 4.22: Object データ

Fig. 4.21: ジオメトリ

Table 4.5: シミュレーション条件

投影数	360
検出器の pixel 数	512pixels
pixel サイズ	0.075x0.075mm ²
開口角	+20 °/-30 °, +10 °
物体とコリメータ間距離	30mm
コリメータとシンチレータ間距離	25mm

Table 4.6: 再構成条件

再構成法	ML-EM
反復回数	50
pixel 数	128x128pixels
pixel サイズ	0.15x0.15mm ²

投影データと投影範囲は以下に示す．



Fig. 4.23: 投影データ



Fig. 4.24: 投影範囲 (白：オーバーラップ箇所)

4.5.3 シミュレーション結果 1

原画像である Shepp 画像と Overlap の補正なしと補正ありの再構成画像を比較した．



Fig. 4.25: 原画像，再構成画像 (補正なし)，再構成画像 (補正あり)

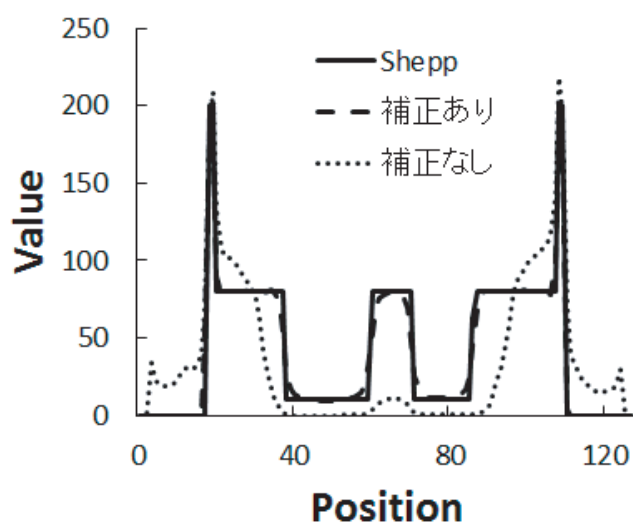


Fig. 4.26: プロファイル

4.5.4 シミュレーション 2

3つの孔を持つ円型のコリメータの検出器を1°おきに回転させて，再構成画像を作成した．このとき，最大3つのピンホールの投影範囲がオーバーラップする．ジオメトリとシミュレーション条件を以下に示す．

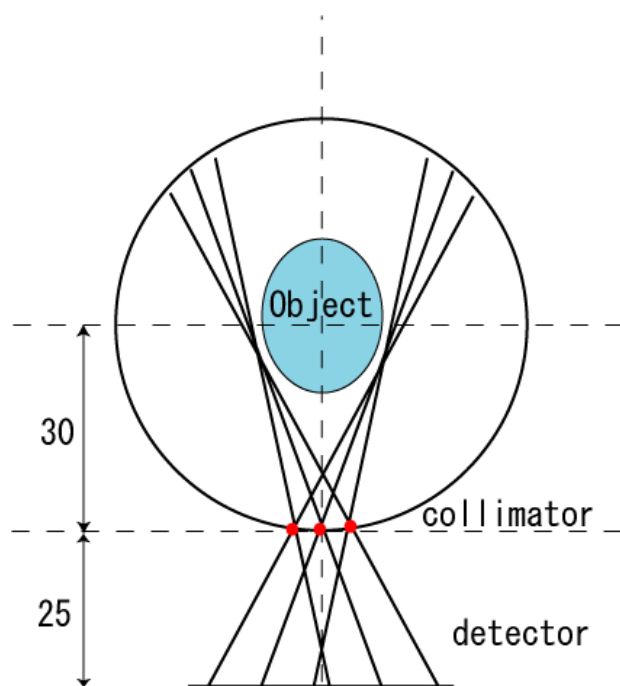


Fig. 4.27: ジオメトリ



Fig. 4.28: Object データ

Table 4.7: シミュレーション条件

投影数	360
検出器の pixel 数	512pixels
pixel サイズ	0.075x0.075mm ²
開口角	+30 °, -10 °/ ± 20 °/-30 °, +10 °
物体とコリメータ間距離	30mm
コリメータとシンチレータ間距離	25mm

Table 4.8: 再構成条件

再構成法	ML-EM
反復回数	50
pixel 数	128x128pixels
pixel サイズ	0.15x0.15mm ²

投影データと投影範囲は以下に示す．



Fig. 4.29: 投影データ

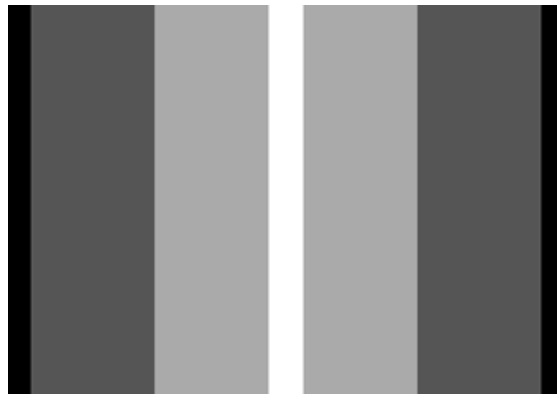


Fig. 4.30: 投影範囲

4.5.5 シミュレーション結果 2

原画像である Shepp 画像と Overlap の補正なしと補正ありの再構成画像を比較した．

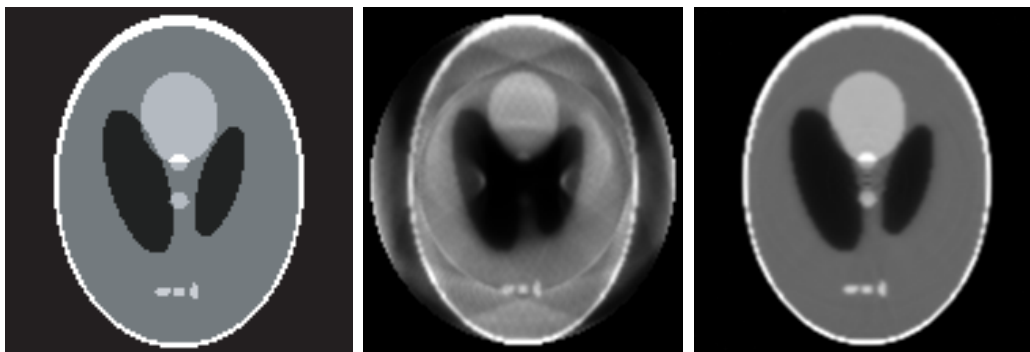


Fig. 4.31: 原画像，再構成画像 (補正なし)，再構成画像 (補正あり)

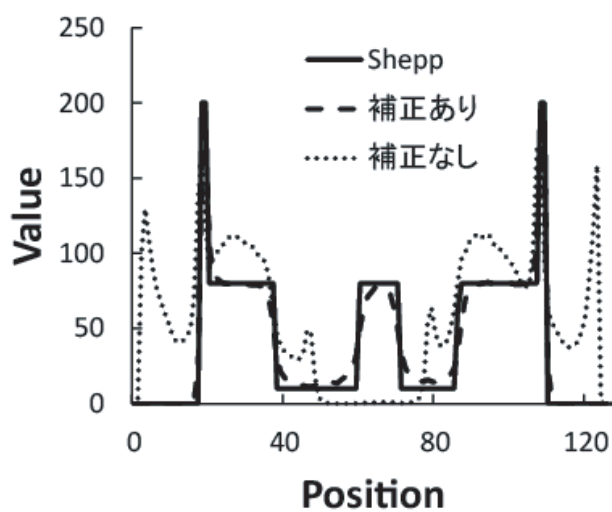


Fig. 4.32: プロファイル

第5章 シミュレーション

本章では、3つのシミュレーションを行い提案手法であるニューラルネットワークの有効性を評価した。

5.1 シミュレーション条件1

シミュレーション1では平行ホールコリメータで2核種同時収集し、得られたデータにニューラルネットワークを用いてそれぞれの核種の再構成画像を作成した。入力データのエネルギーウィンドウを5種類(ANN1~ANN5)設定して、本手法の有効性を確認した。

5.1.1 学習データ

ファントムは水で満たされた半径10cm、高さ無限大の円柱ファントムを用いた。各核種は中心から5cm離れたところにそれぞれ配置し、半径3cmの円上に光子を発生させた。以下に学習データの作成に使用したファントムのジオメトリと断面図を示す。

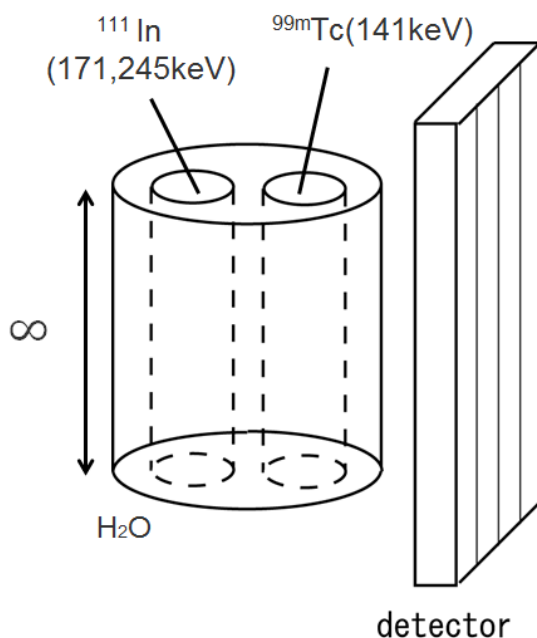


Fig. 5.1: 学習用ジオメトリ

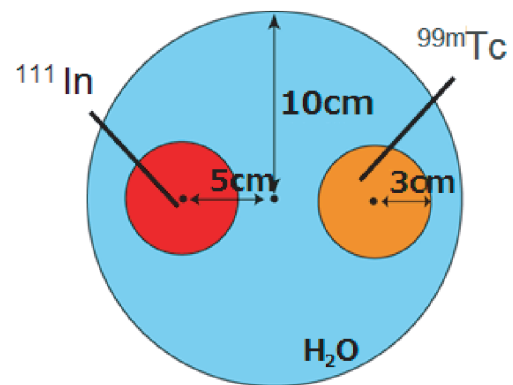


Fig. 5.2: ファントム断面図

Table 5.1: 学習条件

投影数	4
検出器の pixel 数	64pixels
教師信号数	256(64x4)
重み係数	0.05
学習回数	200,000

5.1.2 投影データ

^{99m}Tc と ^{111}In の 2 核種同時収集における投影ファントムは学習データと同じ条件とした．以下にシミュレーション条件と再構成条件を示す．

Table 5.2: シミュレーション条件

発生核種	^{99m}Tc , ^{111}In
発生光子数	10 億個
投影数	120
回転角度	3 °
検出器の pixel 数	256pixels
pixel サイズ	0.1x0.1cm ²
コリメータ	パラレルホール
エネルギー分解能	10 % FWHM
開口角度	± 1 °

Table 5.3: 再構成条件

再構成法	ML-EM
反復回数	50
pixel 数	128x128pixels
pixel サイズ	0.3x0.3cm ²

5.2 シミュレーション結果1

パラレルホールコリメータで2核種分離法を用いてそれぞれのプライマリ光子を推定した. ANN1 ~ ANN5 の再構成画像を比較する.

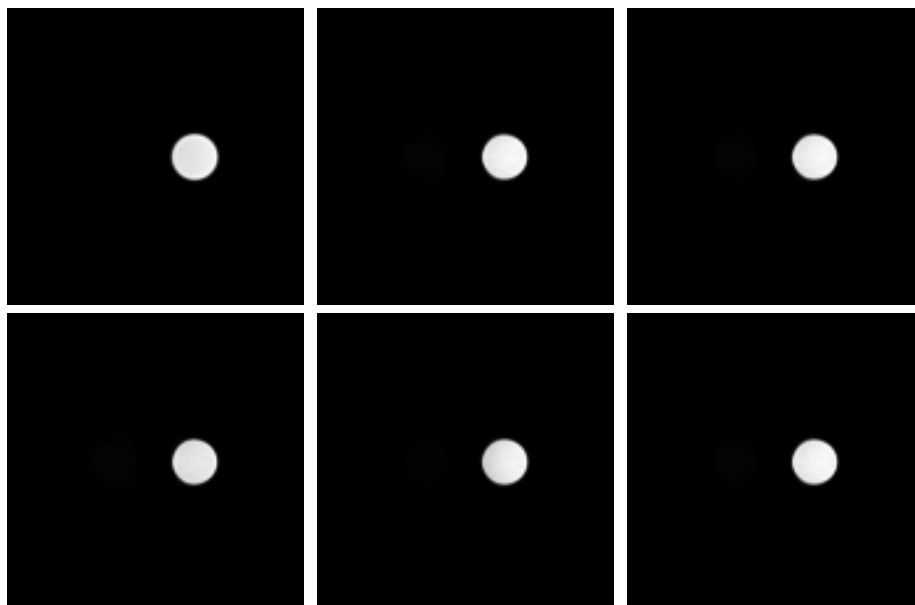


Fig. 5.3: ^{99m}Tc -再構成結果 (ideal, ANN1, ANN2, ANN3, ANN4, ANN5)

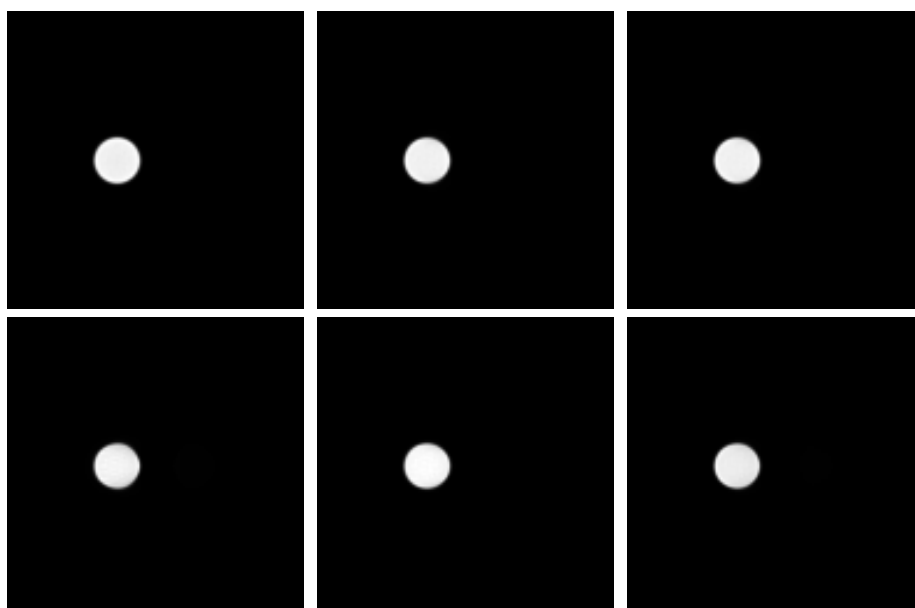


Fig. 5.4: ^{111}In -再構成結果 (ideal, ANN1, ANN2, ANN3, ANN4, ANN5)

^{99m}Tc と ^{111}In のプロファイル結果を以下に示す.

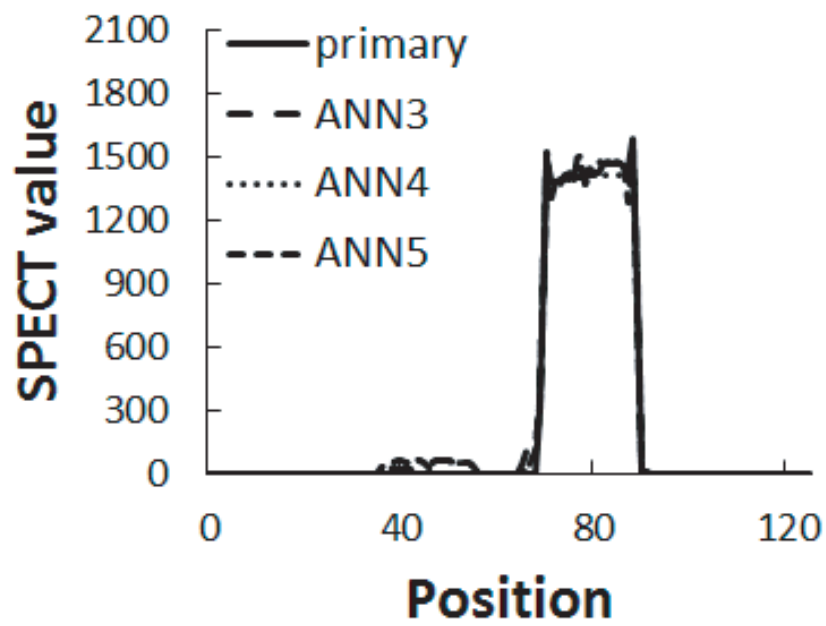
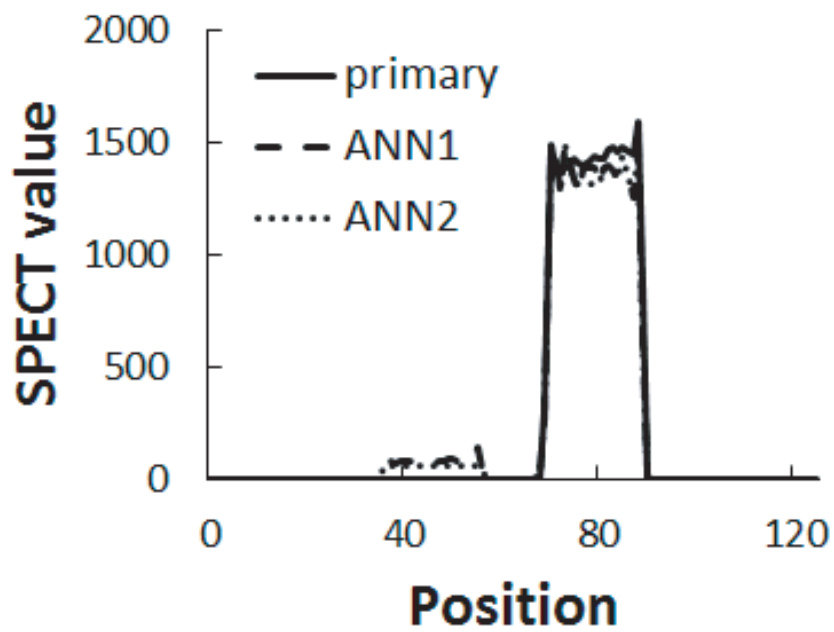


Fig. 5.5: ^{99m}Tc -プロファイル

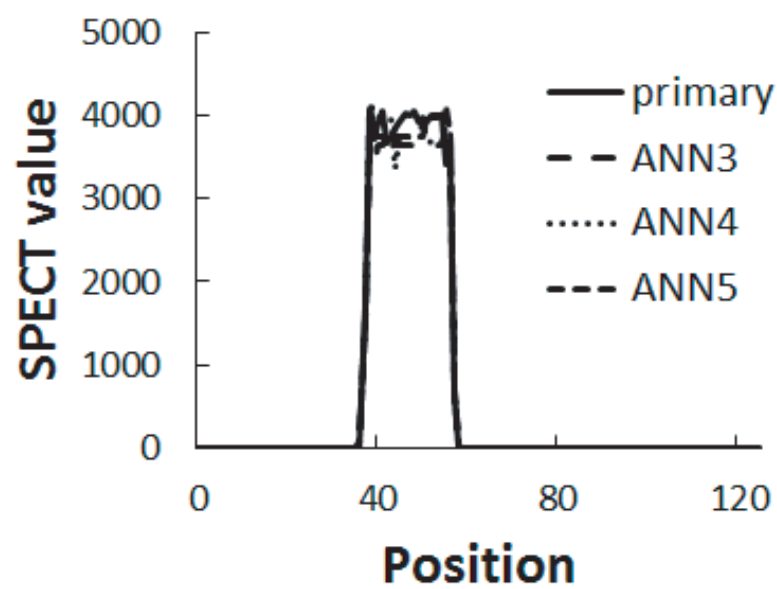
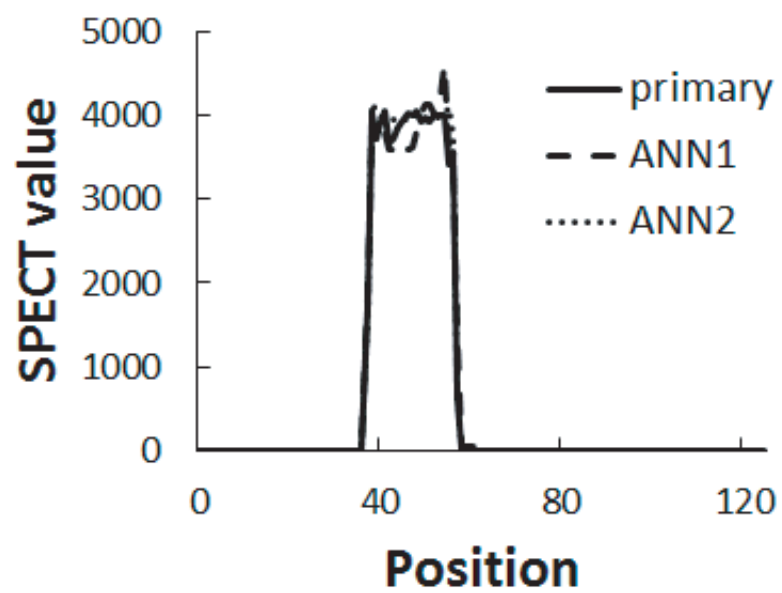


Fig. 5.6: ^{111}In -プロフィール

5.3 シミュレーション条件2

シミュレーション2では学習データの作成条件を変化させて、それぞれのプライマリを推定した。入力データのエネルギーウィンドウはANN1に固定して、それぞれの学習条件から得られた再構成画像を比較した。

5.3.1 学習データ

学習ファントムは3つのサイズを用意して、それぞれ学習データ1~3を作成した。1つめはシミュレーション1と同じ大きさのファントムとした。他2つは、このファントムを2倍、0.5倍して投影したデータを用いた。ジオメトリと3つのファントム断面図を以下に示す。

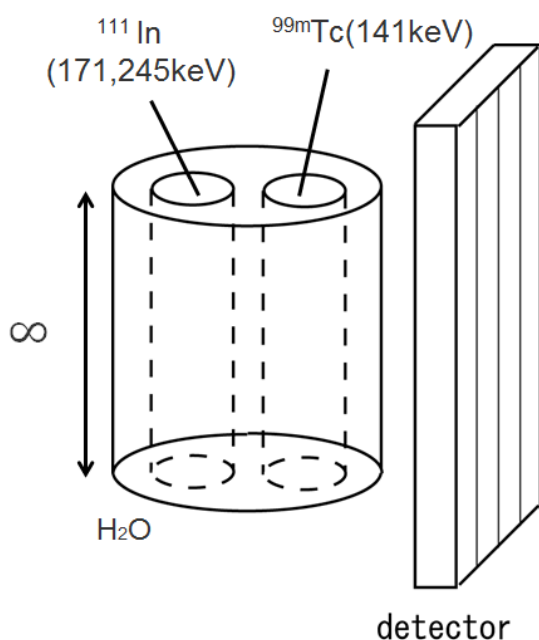


Fig. 5.7: 学習用ジオメトリ

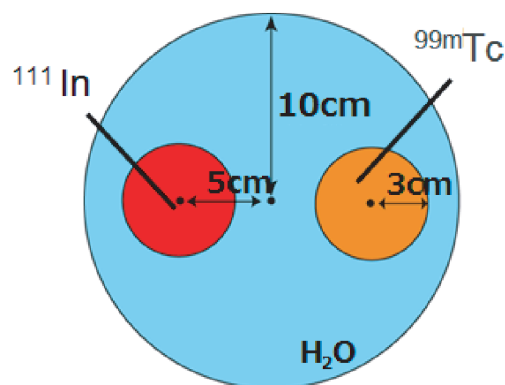


Fig. 5.8: ファントム断面図 (学習データ 1)

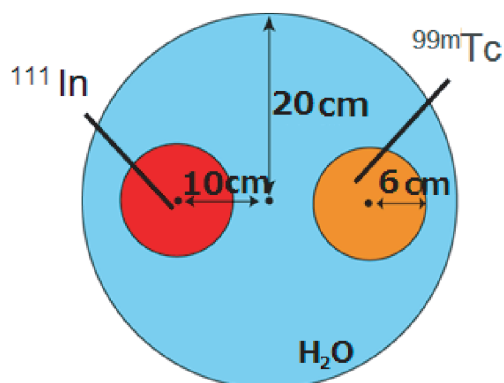


Fig. 5.9: ファントム断面図 (学習データ 2)

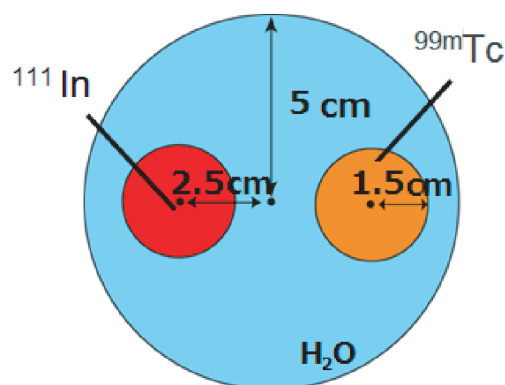


Fig. 5.10: ファントム断面図 (学習データ 3)

Table 5.4: 学習条件

投影数	4
検出器の pixel 数	64pixels
教師信号数	256(64x4)
重み係数	0.05
学習回数	200,000

5.3.2 投影データ

^{99m}Tc と ^{111}In の 2 核種同時収集における投影ファントムはシミュレーション 1 と同じ条件とした．以下にシミュレーション条件と再構成条件を示す．

Table 5.5: シミュレーション条件

発生核種	^{99m}Tc , ^{111}In
発生光子数	10 億個
投影数	120
回転角度	3 °
検出器の pixel 数	256pixels
pixel サイズ	0.1x0.1cm ²
コリメータ	パラレルホール
エネルギー分解能	10 % FWHM
開口角度	± 1 °

Table 5.6: 再構成条件

再構成法	ML-EM
反復回数	50
pixel 数	128x128pixels
pixel サイズ	0.3x0.3cm ²

5.4 シミュレーション結果2

学習ファントムを投影ファントムに対して1.0倍, 2.0倍, 0.5倍の3種類用意し, それぞれ学習をしてプライマリ光子を推定した. 学習ファントムが1.0倍の再構成結果を以下に示す.

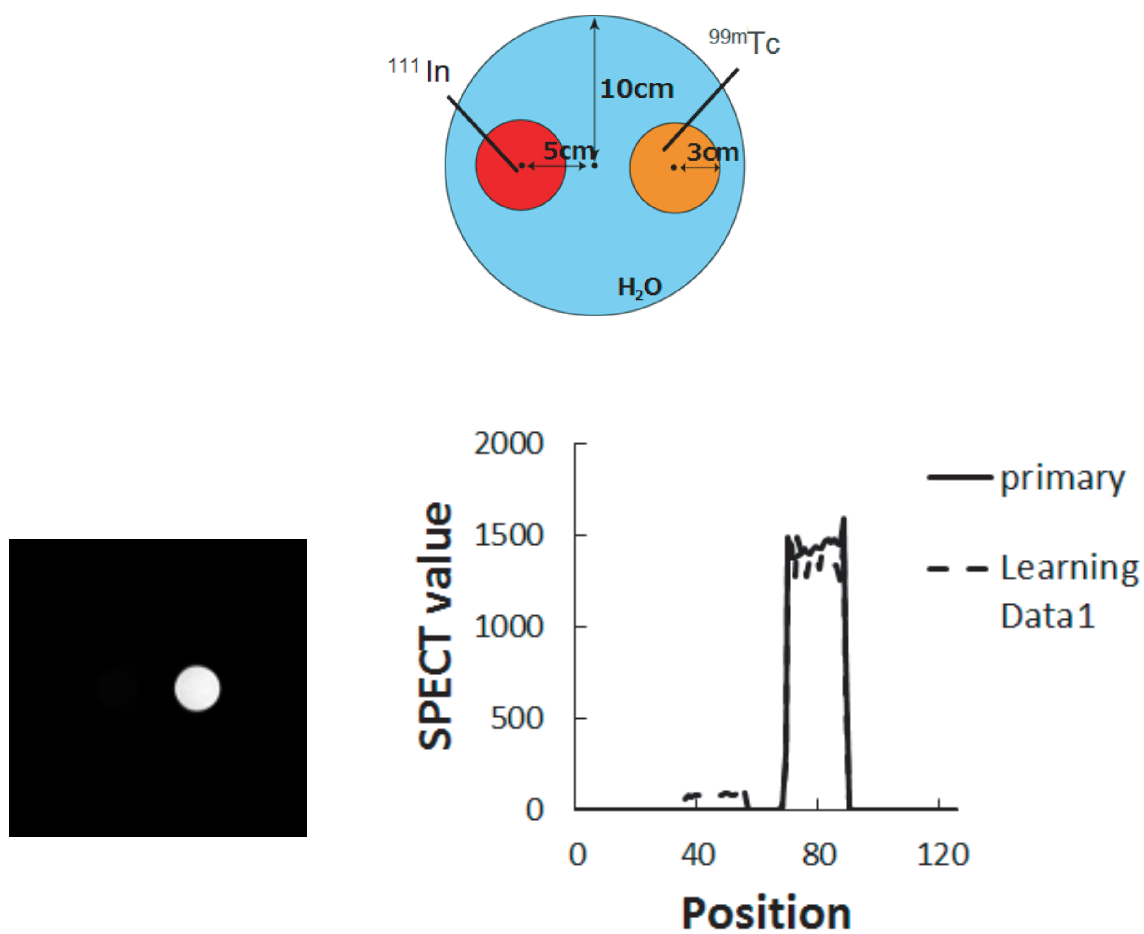


Fig. 5.11: ^{99m}Tc -再構成結果

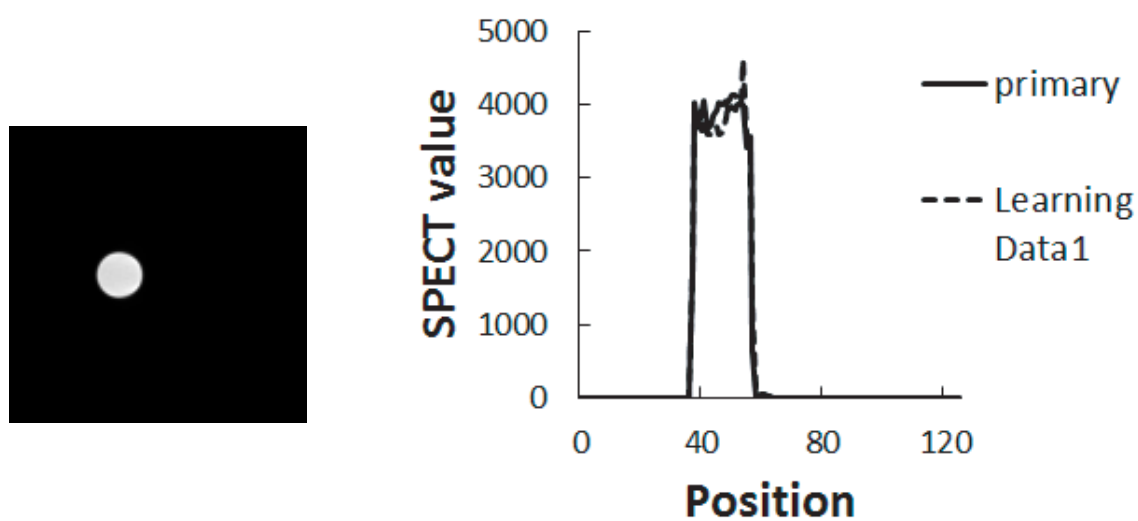


Fig. 5.12: ^{111}In -再構成結果

学習ファントムが投影ファントムの 2.0 倍の条件における再構成結果を以下に示す。

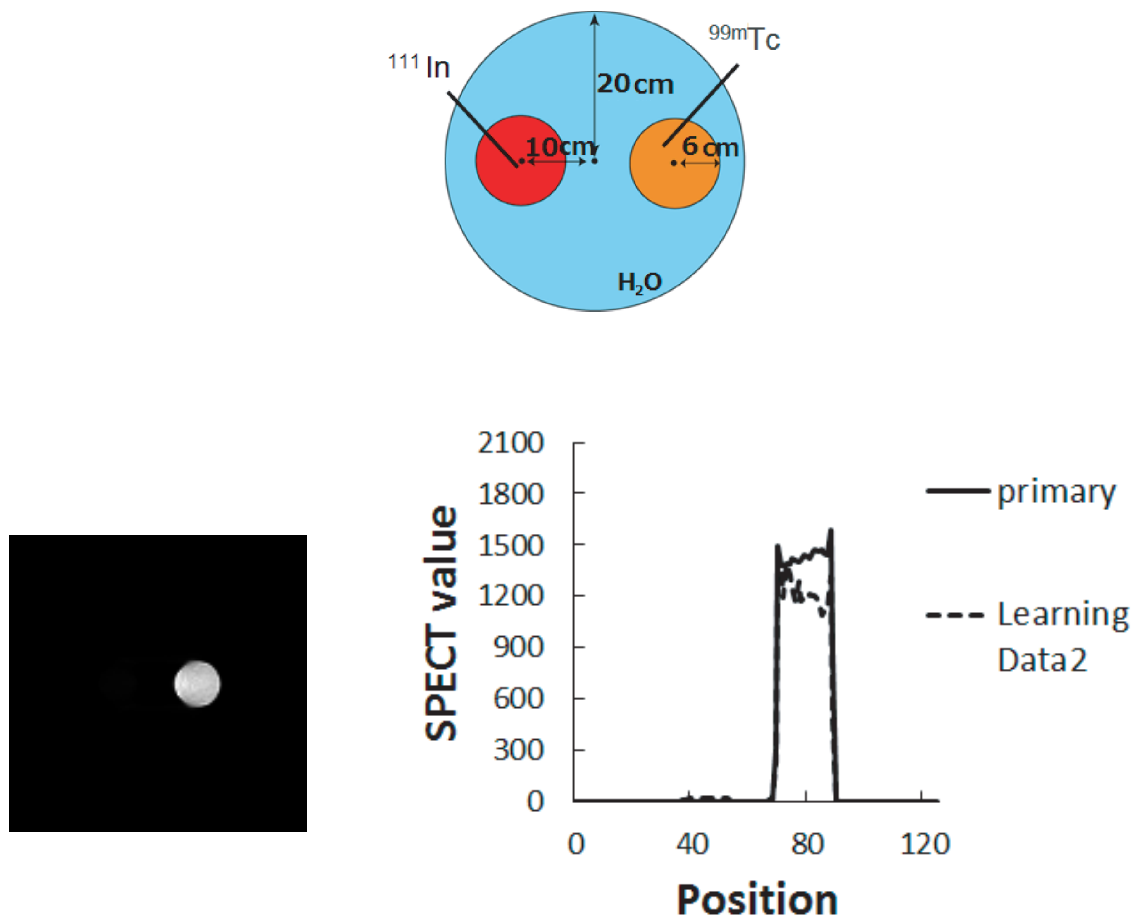


Fig. 5.13: ^{99m}Tc -再構成結果

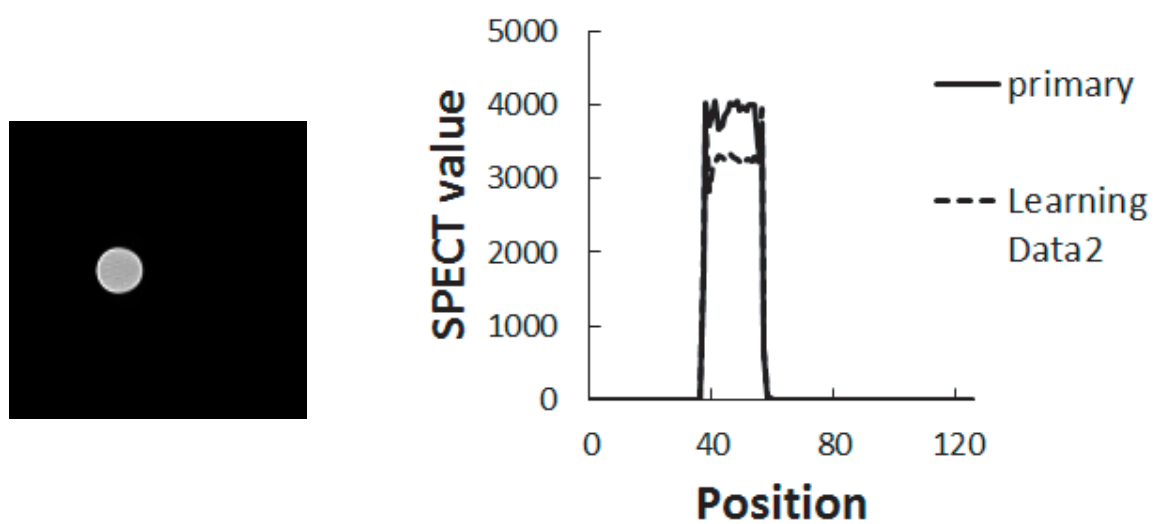


Fig. 5.14: ^{111}In -再構成結果

学習ファントムが投影ファントムの 0.5 倍の条件における再構成結果を以下に示す。

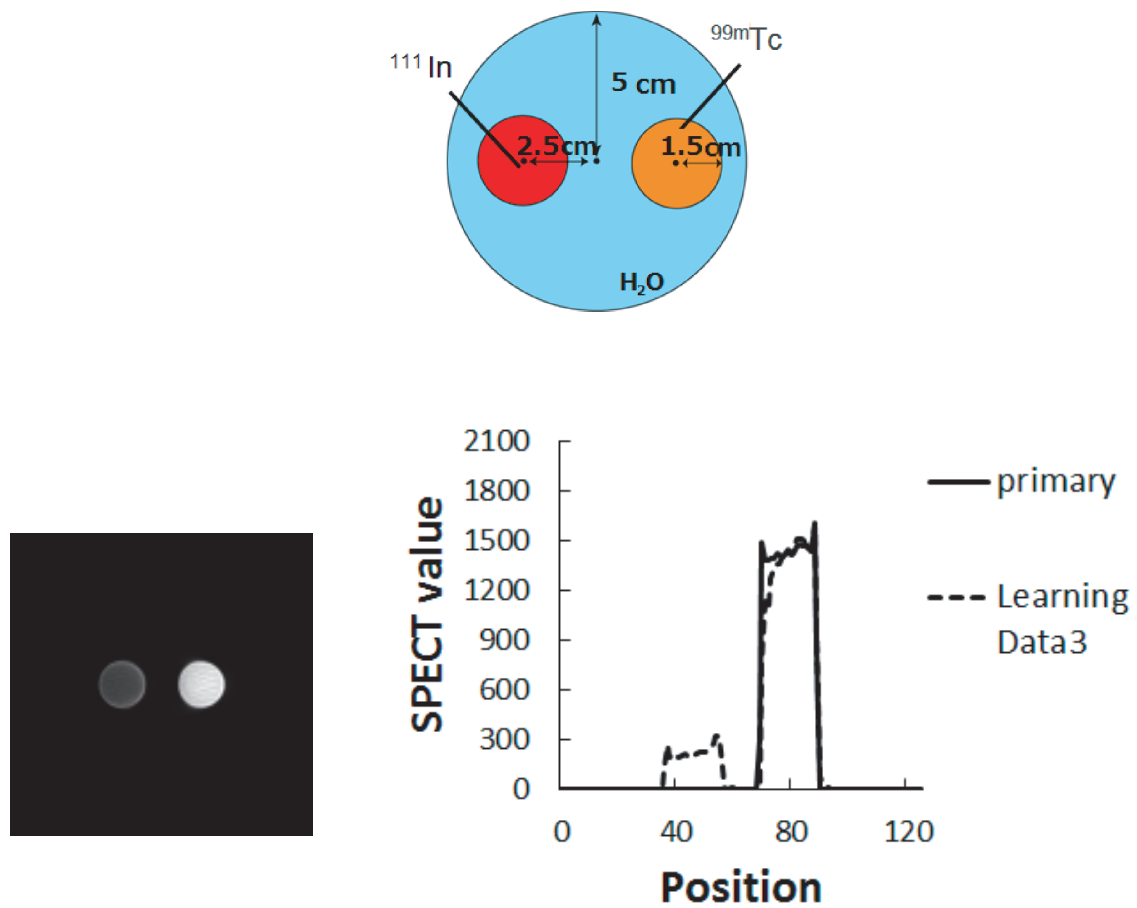


Fig. 5.15: ^{99m}Tc -再構成結果

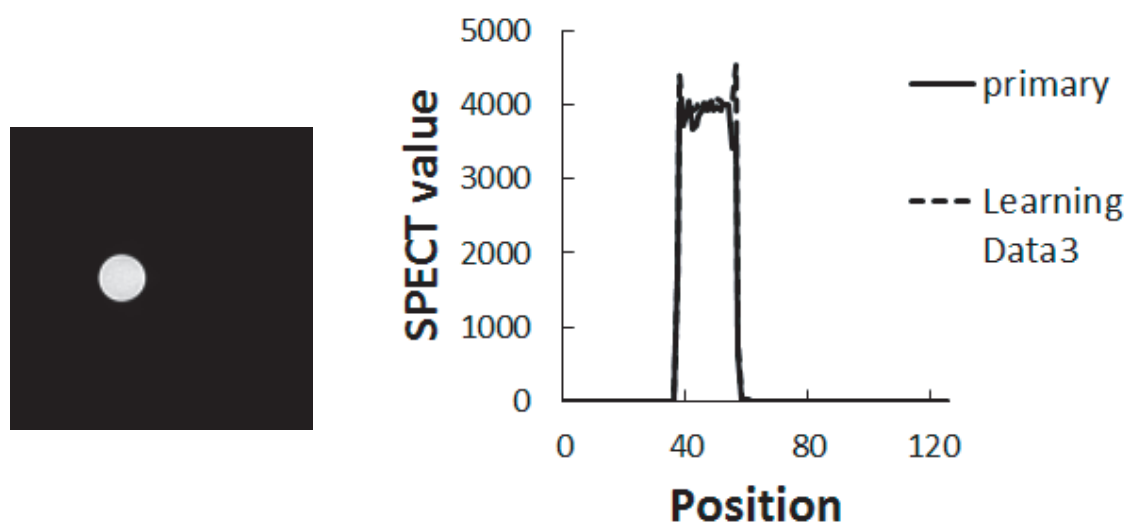


Fig. 5.16: ^{111}In -再構成結果

5.5 シミュレーション3

シミュレーション3ではNano SPECT/CTと同じ条件で2核種同時収集から得られたデータにニューラルネットワークを用いて、それぞれの核種の再構成画像を作成した。また、各入力ユニットのウィンドウごとで有効性を評価し比較を行った。

5.5.1 学習データ

学習ファントム水で満たされた半径20mm、高さ無限大の円柱ファントムを用いた。各核種は中心から4mm離れたところにそれぞれ配置し、半径3mmの円上に光子を発生させ、パラレルホールコリメータで収集した。

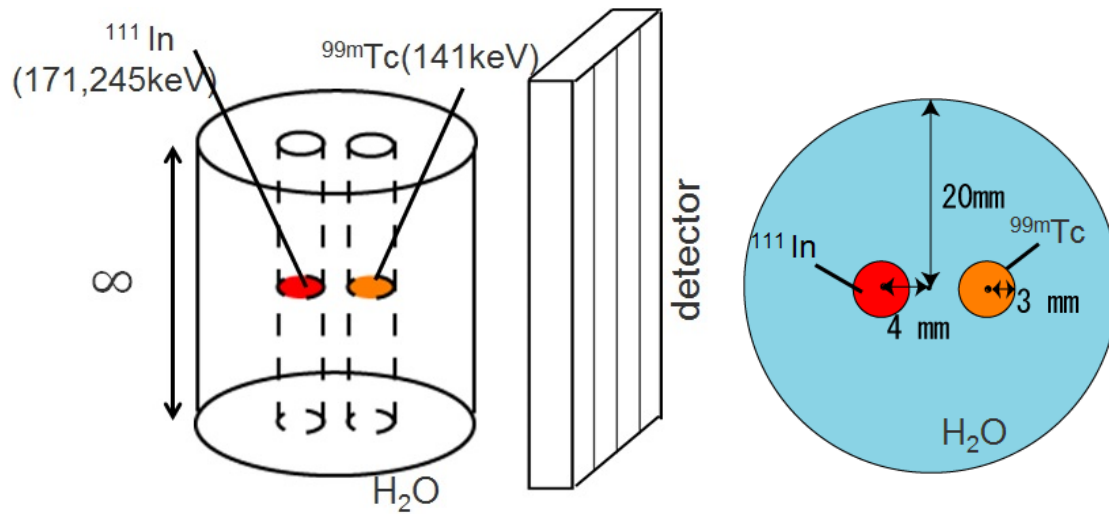


Fig. 5.18: ファントム断面図

Fig. 5.17: ジオメトリ

Table 5.7: シミュレーション条件

投影数	4
検出器の pixel 数	64pixels
教師信号数	256(64x4)
重み係数	0.05
学習回数	200,000

5.5.2 投影データ

投影ファントムは水で満たされた半径 15mm, 高さ 100mm の円柱ファントムを用いた. 各核種は中心から 5mm 離れたところにそれぞれ配置し, 半径 4mm の円球に光子を発生させた.

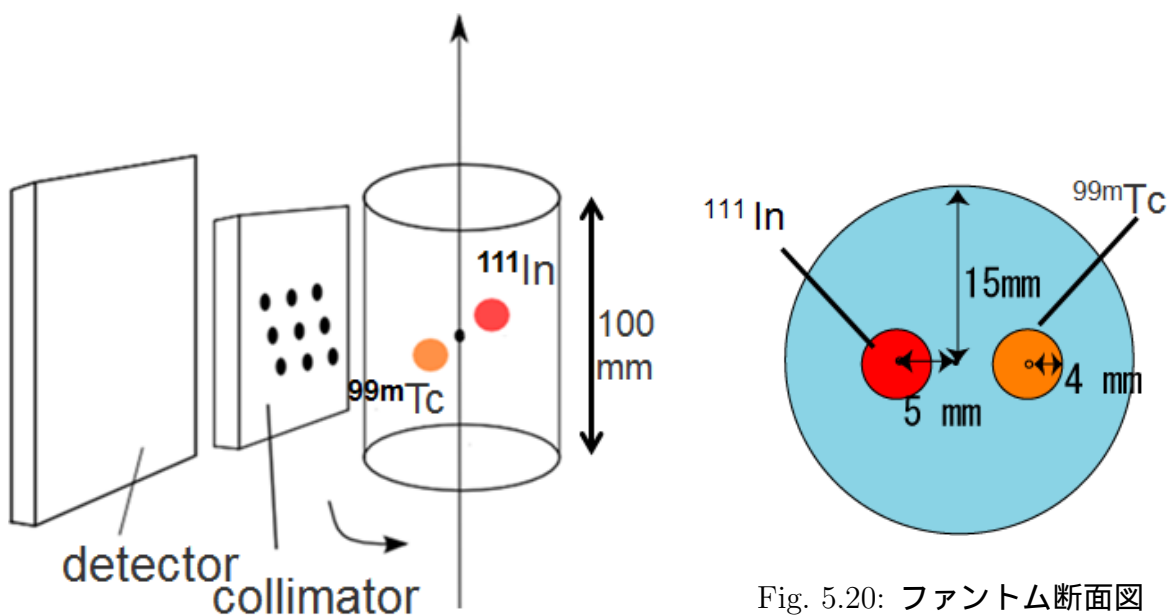


Fig. 5.19: ジオメトリ

Fig. 5.20: ファントム断面図

Table 5.8: シミュレーション条件

発生核種	^{99m}Tc , ^{111}In
発生光子数	100 億個
検出器の数	4
検出器の pixel 数	256x256pixels
pixel サイズ	1.035x1.035mm ²
ピンホール数	9
ピンホール半径	1.4mm
投影数	28
回転角度	12.8 °
ヘリカル移動量	0.8mm/step
物体中心とコリメータ間距離	25mm
コリメータの厚さ	10mm
コリメータとシンチレータ間距離	145mm
エネルギー分解能	10 % FWHM

Table 5.9: 再構成条件

再構成法	ML-EM
反復回数	50
voxel 数	64x64x64voxels
voxel サイズ	1.15x1.15x1.15mm ³

^{99m}Tc と ^{111}In の 2 核種同時収集した際の 0° , 115.6° , 231.2° , 346.8° の投影データを以下に示す.

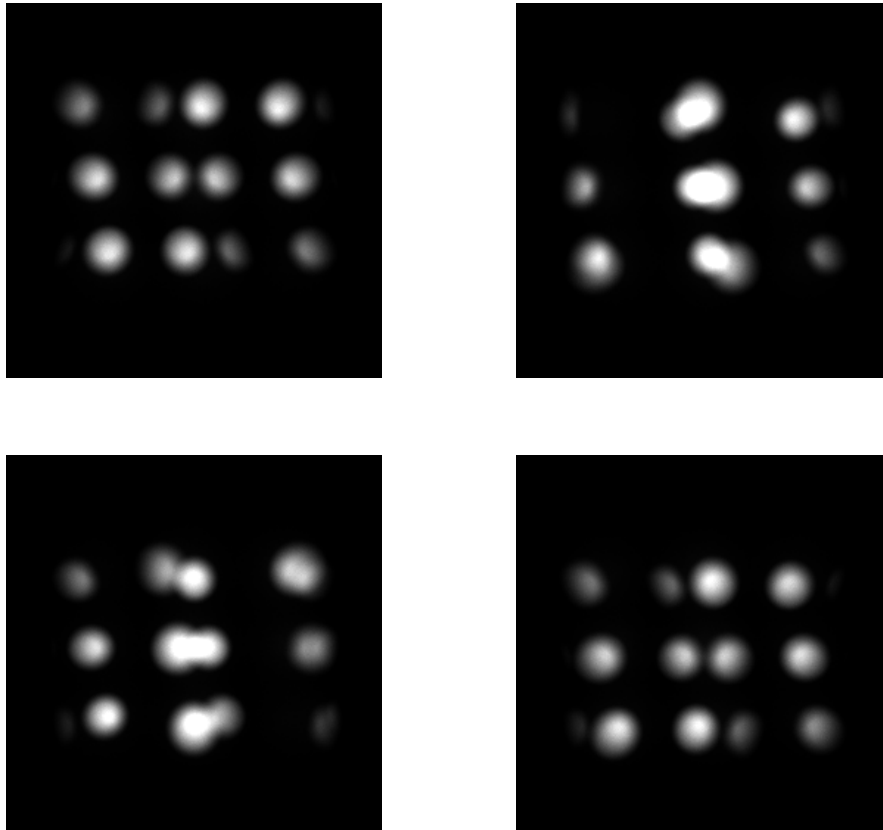


Fig. 5.21: NanoSPECT/CT の投影データ

5.6 シミュレーション結果3

Nano SPECT/CT と同じ条件で 2 核種分離法を用いてそれぞれのプライマリ光子を推定した. ANN1 ~ ANN5 の再構成画像を比較しそれぞれ RMSE から有効性を評価した.

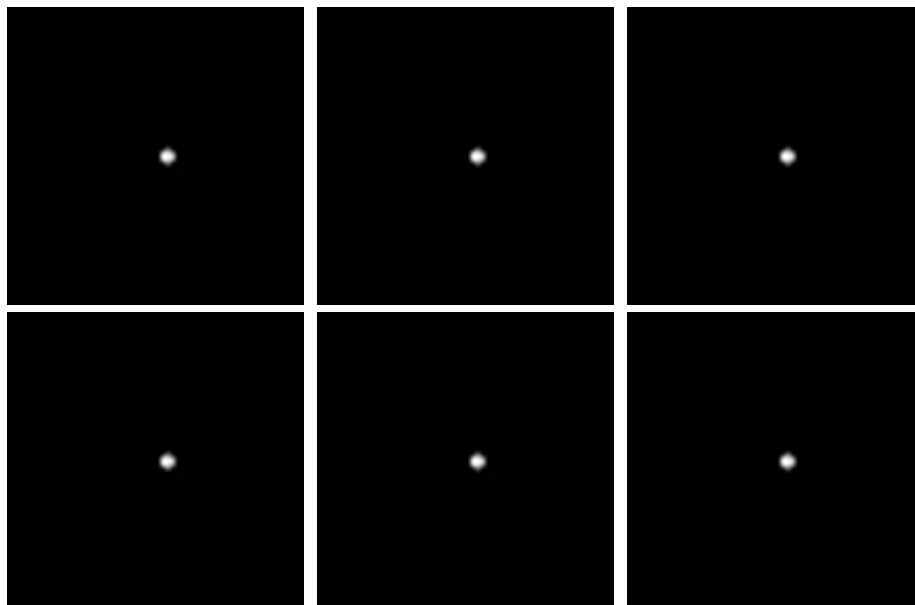


Fig. 5.22: ^{99m}Tc -再構成結果 (ideal, ANN1, ANN2, ANN3, ANN4, ANN5)

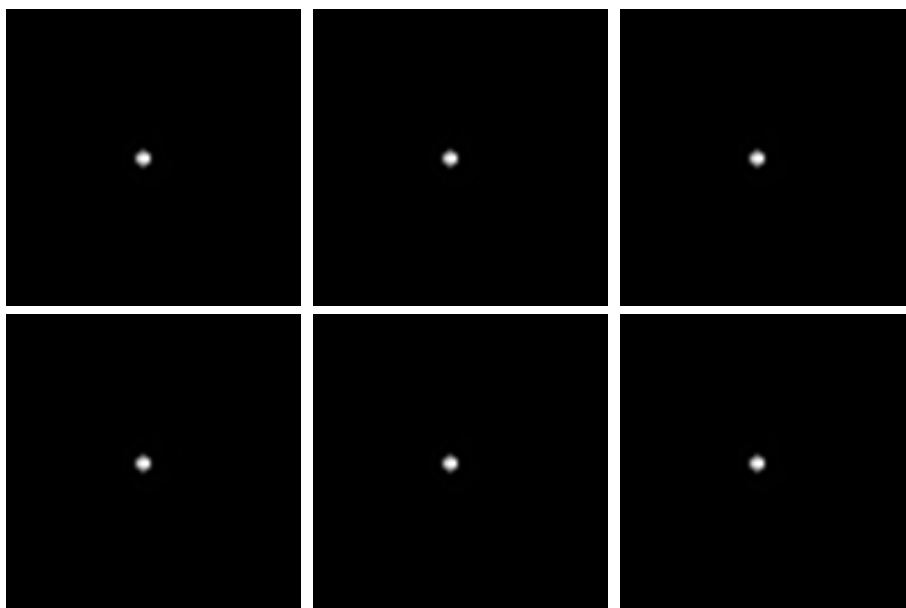


Fig. 5.23: ^{111}In -再構成結果 (ideal, ANN1, ANN2, ANN3, ANN4, ANN5)

^{99m}Tc と ^{111}In のプロファイル結果を以下に示す.

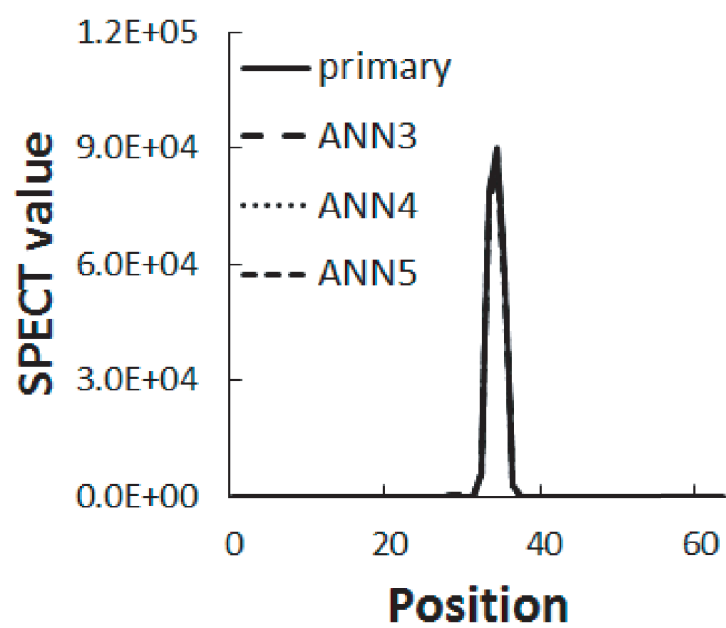
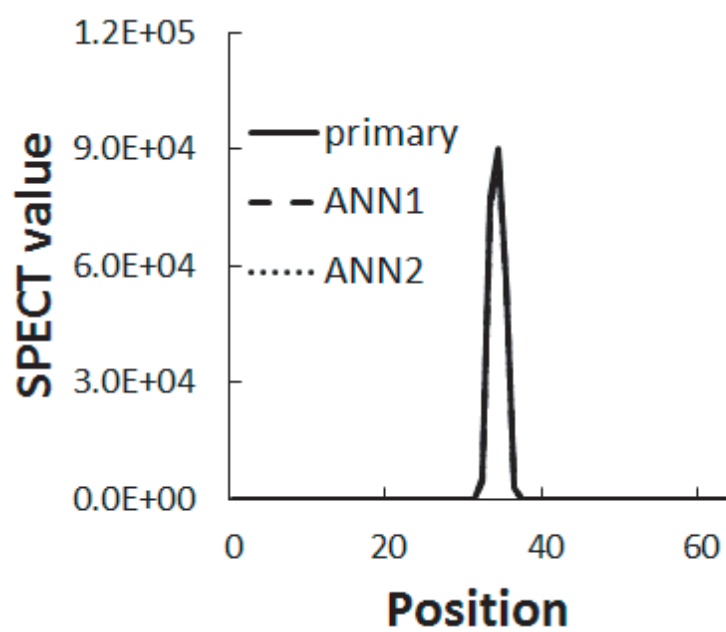


Fig. 5.24: ^{99m}Tc -プロファイル

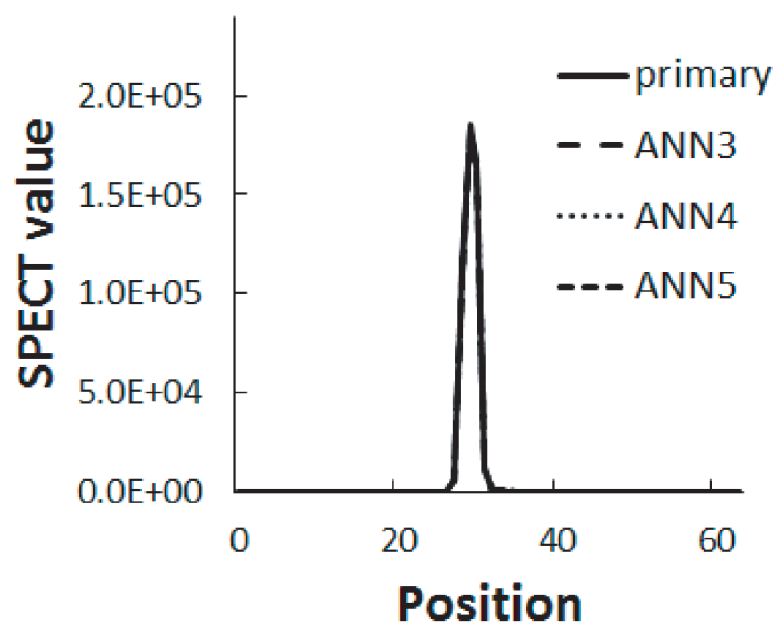
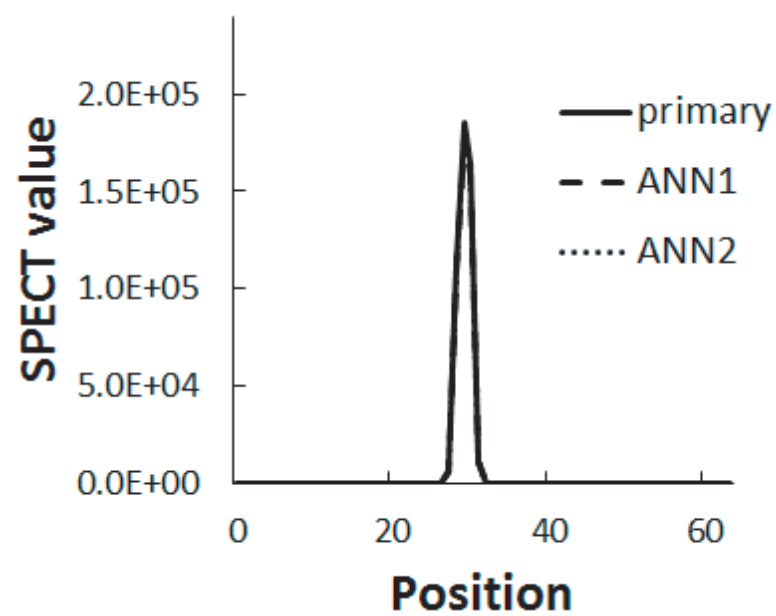


Fig. 5.25: ^{111}In -プロフィール

5.7 有効性の評価

2 核種同時収集したデータに我々が提案したニューラルネットワークによって得られた再構成画像の有効性を評価した。

^{99m}Tc と ^{111}In の光子発生源に関心領域 (ROI) を設定して精度の検証を行った。1 つめの関心領域は、本来その核種が検出されるべき領域である。 ^{99m}Tc において、この関心領域に以下のような式から RMSE(Root Mean Squared Error) を求めた。

$$RMSE(Tc)inTc_{ROI} = \sqrt{\sum_{(x,y,z) \in Tc_{ROI}} \sum_y \sum_z (f_{ideal}(x,y,z) - f_{corrected}(x,y,z))^2} \quad (5.1)$$

2 つめの関心領域は、本来もう一方の核種が検出されるべき領域である。 ^{99m}Tc について、この関心領域に以下のような式から RMSE を求めた。

$$RMSE(Tc)inIn_{ROI} = \sqrt{\sum_{(x,y,z) \in In_{ROI}} \sum_y \sum_z (f_{ideal}(x,y,z) - f_{corrected}(x,y,z))^2} \quad (5.2)$$

^{99m}Tc を検出する際のそれぞれの ROI は以下のような図になる。

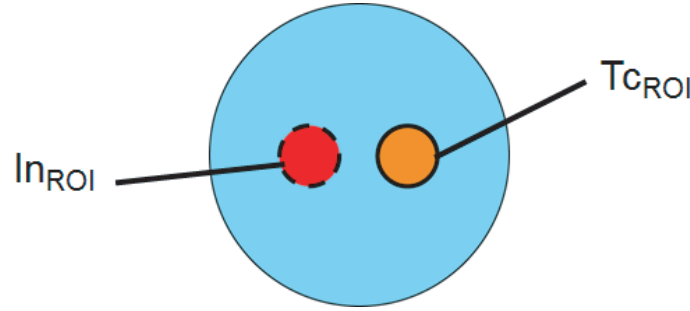


Fig. 5.26: ^{99m}Tc の ROI

同様に ^{111}In についても同様の ROI を設定し RMSE を求めた。

$$RMSE(In)inIn_{ROI} = \sqrt{\sum_{(x,y,z) \in In_{ROI}} \sum_y \sum_z (f_{ideal}(x,y,z) - f_{corrected}(x,y,z))^2} \quad (5.3)$$

$$RMSE(In)inTc_{ROI} = \sqrt{\sum_{(x,y,z) \in Tc_{ROI}} \sum_y \sum_z (f_{ideal}(x,y,z) - f_{corrected}(x,y,z))^2} \quad (5.4)$$

^{99m}Tc と ^{111}In の RMSE を以下に示す.

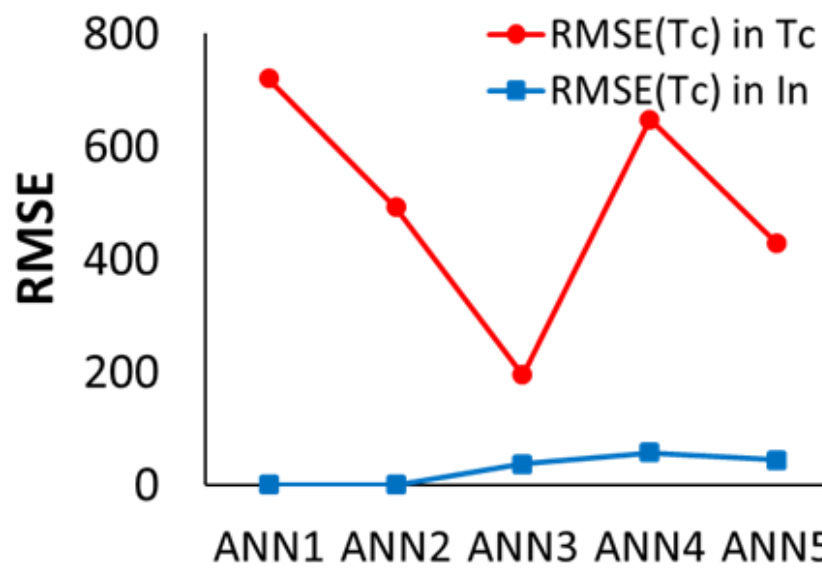


Fig. 5.27: ^{99m}Tc -RMSE(ideal, ANN1, ANN2, ANN3, ANN4, ANN5)

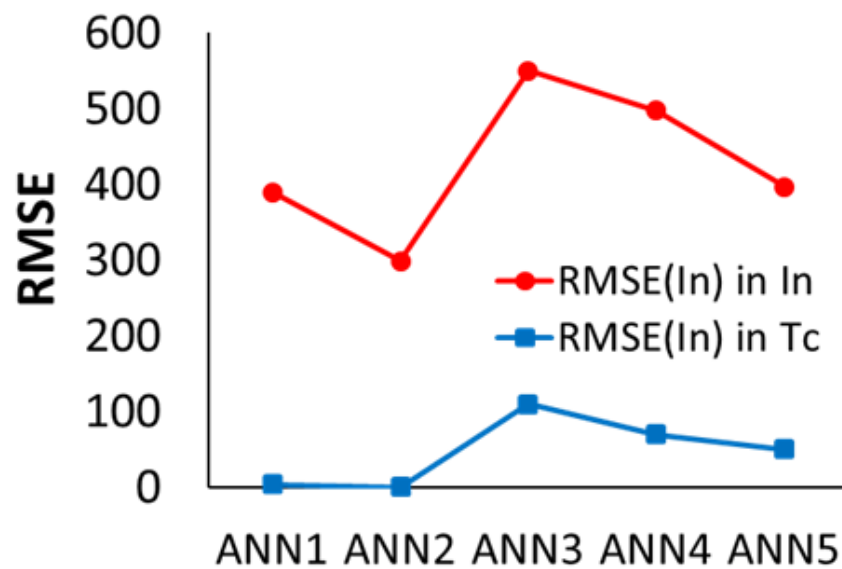


Fig. 5.28: ^{111}In -RMSE(ideal, ANN1, ANN2, ANN3, ANN4, ANN5)

第6章 考察

6.1 Nano SPECT/CTにおける再構成

Nano SPECT/CT を使った実験では、ラットに対して ^{111}In を投与し、それぞれ OS-EM 法を用いて再構成を行った。結果をそれぞれ比較すると、多少の違いはあるものの、Nano SPECT/CT で再構成画像を作成することができた。今回、各ピンホールのオーバーラップ部分を考慮せず再構成した。そのため、より高精度な再構成画像が必要な場合、オーバーラップ箇所を考慮する必要がある。補間アルゴリズムとして、異なる角度から収集した投影データを使用して補間する方法が挙げられる。この補間方法を2つのシミュレーションで有効性を検証した。シミュレーション結果から2次元のファントムを検出したときに生じるオーバーラップ箇所の補間が可能となった。もし実機条件でこのアルゴリズムを使うことが可能ならば、より高精度な再構成画像を得ることが可能だと考えられる。

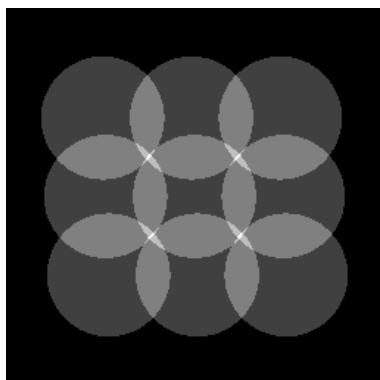


Fig. 6.1: NanoSPECT の投影範囲

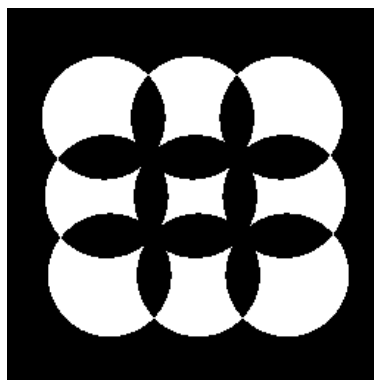


Fig. 6.2: 再構成時の使用範囲

6.2 学習条件

5章のシミュレーション2では学習ファントムのサイズが2核種分離にどの程度影響しているかを検証した。結果から投影ファントムのサイズに対して学習ファントムのサイズが2倍だと、推定データは元のプライマリデータより低いカウント数になった。一方、学習ファントムのサイズが0.5倍だと、あまり散乱線の除去がされていない結果となった。この結果から、学習ファントムのサイズが投影ファントムに比べて大きく異なると、プライマリの推定が難しくなることが分かった。これは光子が媒質内で起こる減衰の影響だと考えられる。そのため、ニューラルネットワークを使用して、より正確にプライマリ光子を推定したいときは、投影ファントムと近いサイズの学習データを用いるべきである。

6.3 エネルギーウィンドウ

Nano SPECT/CT と同じ条件で 2 核種同時収集を行い, ニューラルネットワークで有効性を評価した. シミュレーション結果から実機条件でも ^{99m}Tc と ^{111}In の 2 核種を分離することが可能となった. それぞれの入力ウィンドウの有効性の比較は RMSE を用いて評価をした. この評価から ^{99m}Tc を推定したいときは散乱線を考慮したウィンドウである ANN3, 次に ANN5 が良い結果となった. ANN3 はウィンドウ数も少ないため, 臨床実験の際も ^{99m}Tc を推定したいときは ANN3 を使用するのが最適である. 一方, ^{111}In を推定したいときはプライマリ光子のみを考慮した ANN2, 次に ANN1 が良い結果となった. ANN2 はウィンドウの数が 6 つと多いため, 臨床実験には ANN2 の次に良かった ANN1(ウィンドウ数: 3) を使用するのが最適である.

第7章 まとめ

実際の小動物用同時収集型 SPECT 機器である Nano SPECT/CT で得られたデータを用いて、再構成を行うことが可能となった。再構成時のアルゴリズムは、各ピンホールのオーバーラップを無視して再構成してるため、より高精度な画像を得る際には考察で述べたようなオーバーラップを考慮したアルゴリズムを考える必要がある。また、モンテカルロシミュレーションで得た小動物用のデータにニューラルネットワークを用いて提案手法の有効性を検証した。検証からそれぞれの核種の分離するには最適なウィンドウがあることが分かった。実験データによる再構成とシミュレーションでのニューラルネットワークの有効性を検証できたため、今後、ANN3(ウィンドウ数:4)のウィンドウを用いて、臨床実験で2核種分離を行う予定である。

付録 ニューラルネットワーク

8.1 ニューラルネットワークの理論

8.1.1 神経細胞

人間の脳には、約 140 億個と言われるほどの膨大なニューロンで構成されている。ニューロンとは神経細胞のことであり、1891 年に Wilhelm Waldeyer によって提唱された。各ニューロンは他ニューロンと相互に連結されており、ニューロン間で信号を送受信することによって情報を処理している。ニューロンは細胞体、樹状突起、軸索、シナプスから構成されている。細胞体は細胞核があるニューロンの本体である。情報を伝達する際に、信号は入力部分である樹状突起で受信し出力部分である軸索からシナプスを通して隣の細胞に信号を送る。ニューロン間の信号伝達は電位の変化によって生じる。

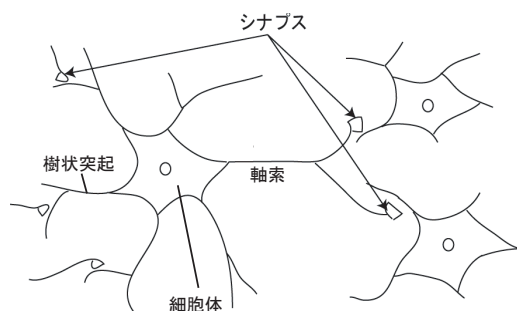


Fig. 8.1: ニューロンの構造

8.1.2 ニューロンのモデル化

ニューロンを情報処理として設計するためには、ニューロンを数式で表現しモデル化をする必要がある。しかしながら、実際のニューロンは複数であり、全てをモデル化することは困難である。そこで、Warren S. McCulloch と Walter Pitts は 1943 年にニューロンの本質的な特徴を簡単な数式のモデル化が提案された。ニューロンの入力が n 個あるとき、それぞれの入力を x_i とする。それに対応する重みを w_i とする。 w はシナプス結合の強さを表しており、入力信号によってニューロンにある膜電位が上昇する。膜電位の上昇は入力信号とそれに対応する重みの積を n 個足し合わせるによって計算される。ニューロンには閾値 θ があり、膜電位の量が閾値 θ を超えたとき、ニューロンが興奮しニューロンが発火する。式で表すと出力 y は次式のようになる。

$$y = f(u) \quad (8.1)$$

$$u = \sum_{i=1}^n w_i x_i - \theta \quad (8.2)$$

最初の提案ではステップ関数が用いられ，膜電位が閾値 θ を超えると 1 を出力し，そうでなければ 0 を出力する．

$$f(u) = \begin{cases} 1 & u > 0 \\ 0 & u \leq 0 \end{cases} \quad (8.3)$$

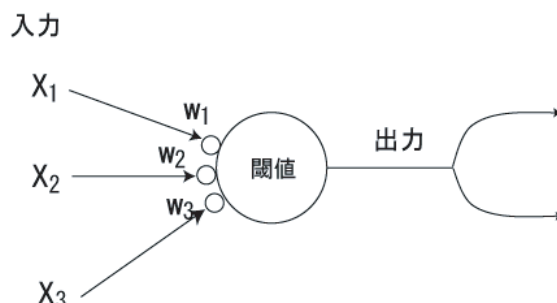


Fig. 8.2: ニューロンモデル

ニューラルネットワークでは連続で非線形なシグモイド関数がよく用いられる．この関数は連続関数なため，微分することが容易である．

$$f(u) = \frac{1}{(1 + \exp(-u))} \quad (8.4)$$

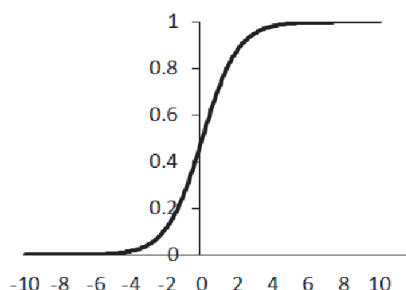


Fig. 8.3: 標準シグモイド関数

8.2 ネットワーク構造

ニューラルネットワークの構造は階層型ネットワークと相互作用型ネットワークに分けることができる．階層型ネットワークはニューロンを入力層，中間層，出力層と 3 つ層に並べ，前の層から次の層へ信号を伝えるネットワークである．そのため，入力信号が決まると出力層の値も一意的に定まる．相互作用型ネットワークは，ニューロンごとにお互い結合している構造である．代表的な例としてホップフィールド型ネットワークとポルツマンマシンが挙げられ，音声認識の分野で使われている．本研究では階層型ネットワークで学習を行っているため，ここでは前者の手法を説明する．

8.3 パーセプトロン

パーセプトロンとは，McCulloch と Pitts が提案した人工ニューロンをベースに脳の情報処理をモデル化した階層型ネットワークである．S(Sensory layer), A(Associative layer), R(response layer) の3層から構成されており，フィードフォワード型の構造になっている．S層の役割はA層への情報伝達のためのため，ここではA層からR層へのパーセプトロンの構造を説明する．パーセプトロンの基本アルゴリズムは次のようになる．

1. 学習データの設定

入力 x_i ，および教師信号 t_i をそれぞれ設定する．

2. 重みと閾値の初期化

重み w_i の初期値をランダムな値に設定する．また，ニューロンの閾値を初期化する．

3. 入力の提示および出力の計算

入力 x_i をパーセプトロンに入力し，次式を用いて出力を計算する．

$$y = f \left[\sum_{i=1}^n w_i x_i - \theta \right] \quad (8.5)$$

4. 重みの更新

求めた出力値 y と教師信号 t を比較し，異なっている場合には次式に従って重みを変化させる．

$$\Delta w_i = -\epsilon(y - t)x_i \quad (8.6)$$

5. すべての入力パターンで学習する．

1～5の行程を収束するまで繰り返す．

8.3.1 パーセプトロンの限界

パーセプトロンは線形分離可能な問題では解を学習することは可能である．しかし，排他的論理和 (XOR) 問題のような線形分離不可能な問題を解くことは不可能である．XOR は2つの入力のうち一方の入力が1になると出力し，入力の両方が1または0のときは出力しない論理関数である．2種類の出力を分離することは以下の図からも分かるようにパーセプトロンでは分離不可能である．

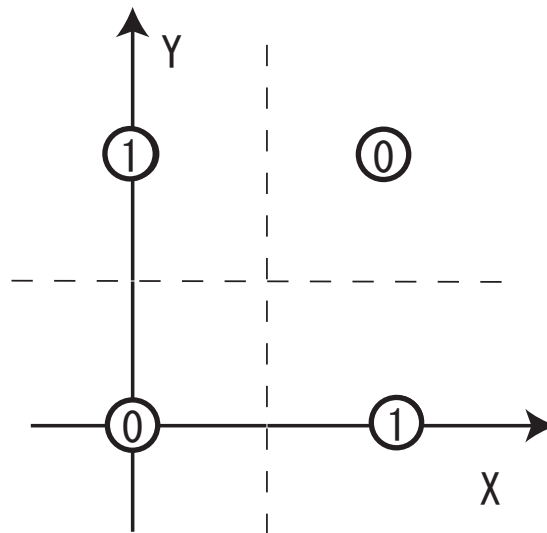


Fig. 8.4: XOR 問題

8.4 バックプロパゲーション (誤差逆伝搬法)

8.4.1 一般化デルタルール

ある素子 j の入力 u_j は、他の素子 i の入力 x_i に結合係数 w_{ij} を乗算し、すべての入力の総和をとった u_j となる。

$$u_j = \sum_{i=1} w_{ij} x_i \quad (8.7)$$

そして、素子 j の出力 y_j は u_j に出力関数として単調増加を施したものとしてあらわされるため以下になる。

$$y_j = f(u_j) \quad (8.8)$$

一般的にパーセプトロンでは、出力関数はステップ関数になるが、ここではより一般化して連続値モデルを考え、出力関数をシグモイド関数とする。

$$y(u) = \frac{1}{(1 + \exp(-u))} \quad (8.9)$$

この関数は微分可能な関数なため解析的に問題を解くことが可能となる。次に t_j を入力信号に対して素子 j が出すべき望ましい出力、つまり、教師信号とする。そして、学習の評価をするため、次のような誤差関数 E を考える。

$$E = \frac{1}{2} \sum_j (y_j - t_j)^2 \quad (8.10)$$

このような誤差関数を最小にする処理を最小二乗平均誤差法という。 y_j はそのときの素子間の結合係数 w_{ij} で決まるため、誤差関数も結合係数に依存した関数となる。従って、各重みの値を軸としてできる空間を考え、さらにこの誤差関数 E によって定義される値を高さと考えれば、 E は重み空間上の超平面として誤差局面を与えることとなる。任意の重みの状態から、この誤差局面の最小値に達するには各重みを $\partial E / \partial w_{ji}$ に比例した量を変化させていけばよいことになる。つまりその変化量は以下の式になる。

$$\Delta w_{ji} = -\epsilon \frac{\partial E}{\partial w_{ji}} \quad (8.11)$$

ここで ϵ は学習係数と呼ばれる。この式は誤差曲面上を最も球な旧社方向に進んでいくことを意味し、このような学習法を一般的に最急降下法と呼ぶ。

前述のように式が定義されていなければ、 $\partial E / \partial w_{ji}$ は以下のように表すことが出来る。

$$\frac{\partial E}{\partial w_{ji}} = \sum_c \frac{\partial E}{\partial y_j} \frac{\partial y_j}{\partial u_j} \frac{\partial u_j}{\partial w_{ji}} \quad (8.12)$$

ここで微分をすることで以下の式になる。

$$\frac{\partial y_j}{\partial u_j} = f'(u_j) \frac{\partial u_j}{\partial w_{ji}} = y_i \quad (8.13)$$

$\partial E / \partial w_{ji}$ に代入すると以下のようになる。

$$\Delta w_{ji} = -\epsilon \sum_i \frac{\partial E}{\partial y_i} f'(u_j) y_i \quad (8.14)$$

ここでパーセプトロンのように中間層の結合係数が変化しない場合 $\partial E / \partial w_{ji}$ は微分により以下のように求めることが出来る．

$$\frac{\partial E}{\partial y_i} = (y_j - t_j) \quad (8.15)$$

これを代入すると以下のような式が得られる．

$$\Delta w_{ji} = -\epsilon \sum (y_j - t_j) f'(u_j) y_i \quad (8.16)$$

これを一般化デルタ則という．例えば $f(u)$ が標準シグモイド関数で与えられた場合

$$f'(u) = y(1 - y) \quad (8.17)$$

となる．この時 Δw_{ji} は以下のように求めることが出来る．

$$\Delta w_{ji} = -\epsilon \sum (y_j - t_j) y(1 - y) \quad (8.18)$$

謝辞

本研究にあたり，全般に渡りご指導いただきました尾川浩一教授，的確なアドバイスを
いただいた貝吹太志研究員，臨床実験の面でサポートしていただいた国立がん研究セン
ター東病院の梅田泉先生，藤井博史先生，および尾川研究室の方々に感謝します．

参考文献

- [1] J.H.Strydhorst and R.G.Wells, “ Quantitative Measurement of In Vivo Tracer Concentration in Rats with Multiplexed Multi-Pinhole SPECT ”IEEE Trans. Nucl. Sci., vol.61, pp.1136-1142, 2014.
- [2] B.L.Franc, P.D.Acton, C.Mari, and B.H.Hasegawa, “ Small-Animal SPECT and SPECT/CT: Important Tools for Preclinical Investigation ”J.Nucl.Med., Vol.49, pp.1651-1663, 2008.
- [3] S. R. Meikle, P. Kench, M. Kassiou, and R. B. Banati, “ Small animal SPECT and its place in the matrix of molecular Phys. Med. Biol., vol.50, pp.R45-R61, 2005.
- [4] L.R.Goethals, et al.,”Improved quantification in pinhole gated myocardial perfusion SPECT using micro-CT and ultrasound information, ” Contrast Media Mol. Image., vol.7, pp167-174, 2012.
- [5] S.C.Blankespoor et al.,“ Attenuation correction of SPECT using X-ray CT on an emission transmission system: Myocardial perfusion asses- ment, ” IEEE Trans. Nucl. Sci., vol.43, no.4, pp.2263-2274, 1996.
- [6] K.Ogawa, “ Simulation study of triple-energy-window scatter correction in combined ^{201}Tl , ^{99m}Tc SPECT ”Ann. Nucl. Med., vol.8, pp.277-281, 1994.
- [7] K.Ogawa and N.Nishizaki, “ Accurate Scatter Compensation using neural networks in radionuclide imaging ”IEEE Trans. Nucl. Sci., vol.40, pp.1020-1025, 1993.
- [8] A.Matsunaga and K.Ogawa, “ Scatter correction in multi radionuclide data acquisition by means of a neural network ”Conf. Rec. IEEE Nucl. Sci. Symp. Med. Image Conf., vol.2, pp.948-952, 1999.
- [9] S.Abe, K.Ogawa“ Quantitative Estimation of Activity with an Artificial Neural Network for Multi-isotope SPECT Study ” World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering IFMBE Proceeding Volume 39, May 26-31, 2012, Beijing, China.
- [10] KK.Vunckx, P.Suetens, and J.Nuyts, “ Effect of overlapping projections on reconstruction image quality in multipinhole SPECT, ” IEEE Trans. Med. Imag., vol.27, no.7, pp. 972-983, Jul. 2008.

- [11] J. Lin, " On artifact-free projection overlaps in multi-pinhole tomographic imaging, " IEEE Trans. Med. Imag., vol.32, no.12, pp.2215-2229, Dec. 2013.
- [12] K.V.Audenhaege, C.Vanhove, S.Vandenberghe and R.V.Holen" The Evaluation of Data Completeness and Image Quality in Multiplexing Multi-Pinhole SPECT "IEEE Trans. Med Image., vol.34, pp474-486 2015.

発表論文

[1] 遠藤聡, 尾川浩一, 梅田泉, 藤井博史 “ 小動物用 2 核種 SPECT システムにおける 2 核種の正確な分離 ”, 第 110 回日本医学物理学会学術大会, 2015.