

超音波による生体組織性状解析における 振幅確率分布モデルの近似精度評価法の比較*

○森翔平，荒川元孝，金井浩（東北大学），蜂屋弘之（東京工業大学）

1 はじめに

医用超音波診断は非侵襲性，リアルタイム性に優れ，装置が移動可能かつCTやMRIに比べて低コストであることから様々な疾患の診断に用いられている。我々は，超音波エコー信号の包絡振幅統計解析による生体組織性状の定量評価法の開発に取り組んでいる[1]。

本報告では，包絡振幅統計解析において適切な解析モデルを選択する手法の開発を目的に，モデルの近似精度評価法について比較検討を行った。

2 方法

2.1 エコー包絡信号の振幅確率分布モデル

医用超音波診断では，パルスエコー法により音響インピーダンス境界からの散乱/反射波を計測し評価する。生体軟組織の多くでは，組織内の音響インピーダンス境界が超音波ビームの空間分解能よりも密に存在しているため，得られる受信信号は複数の散乱波の干渉信号となる。この干渉信号は統計的な性質を示すことから，受信エコー包絡信号の振幅確率分布特性に基づき生体組織性状を定量化する手法が研究されている[1-3]。この手法の大まかな解析の流れを Fig. 1 に示す。

本報告では，肝線維化の定量評価に有効な2成分マルチレイリー分布モデル（MRA2モデル）と肝脂肪化の定量評価に有効な仲上分布モデル（NAモデル）を用いて検証を行った。

MRA2モデルは解析窓内に2種類の組織が存在する状態を表現するモデルであり，次式で与えられる。

$$p_{\text{MRA2}}(x) = \alpha_L p_{\text{RA}}(x|\sigma_L) + \alpha_H p_{\text{RA}}(x|\sigma_H), \quad (1)$$

$$p_{\text{RA}}(x|\sigma) = \frac{2x}{\sigma^2} \exp\left(-\frac{x^2}{\sigma^2}\right). \quad (2)$$

ここで， x はエコー信号の包絡振幅であり， α_H は各モデルの混在率である。 $p_{\text{RA}}(x|\sigma_L)$ ， $p_{\text{RA}}(x|\sigma_H)$ は各組織を表すレイリー分布であり， σ_L ， σ_H はエコー包絡振幅の平均パワーに相当するスケールパラメータである。レイリー分布とは，超音波ビームの空間分解能に対して散乱体が十分に密かつ均一に存在する状態を表現するモデルである[4]。

NAモデルは散乱点の分布密度が低い状態を表現できるモデルであり，次式で与えられる。

$$p_{\text{NA}}(x) = \frac{2m^m x^{2m-1}}{\Gamma(m)\Omega^m} \exp\left(-\frac{m}{\Omega} x^2\right). \quad (3)$$

ここで， $\Gamma(\cdot)$ はガンマ関数であり， Ω はスケールパラメータである。 m は形状パラメータと呼ばれ， $m = 1$ のときにレイリー分布と一致する。 $m < 1$ はレイリー分布の条件より散乱点の分布密度が低い状態を表し， $m > 1$ は定常的な信号を含む状態を表す。

2.2 適切な解析モデルの選択の必要性と課題

先行研究により，肝疾患の内，肝線維化に対してはMRA2モデルが[1]，脂肪肝についてはNAモデル[2]やNA混合モデル[3]による解析が有効であることが報告されている。すなわち，肝臓の疾患の状態に応じて解析モデルを使い分ける必要があるが，実際の診断では肝臓の疾患の状態が未知の状況も想定する必要がある。そのため，計測データの情報のみから適切な解析モデルを選択する必要がある。

計測データに合わせて解析モデルを選択する一般的な方法は，各モデルと計測データの近似精度を評価し，近似精度が最も高いモデルを選択する方法である。しかし，MRA2モデルとNAモデルにおいて，両者は異なる組織性状を想定したモデルであるにも関わらず，両者で類似した振幅確率分布形状となるモデ

* Comparison of modeling accuracy of echo-envelope probability distribution model for ultrasound tissue characterization, by MORI, Shohei, ARAKAWA, Mototaka, KANAI, Hiroshi (Tohoku University), and HACHIYA, Hiroyuki (Tokyo Institute of Technology).

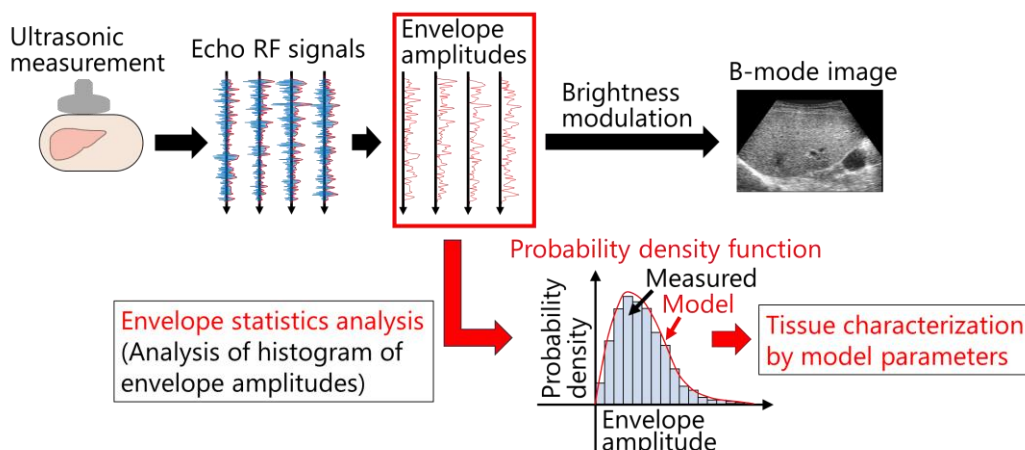


Fig. 1 Procedure of echo-envelope statistics analysis.

ルパラメータの条件があることが予備検討により明らかになった。さらに、解析に使用できる計測データ長(標本数)は有限であるが、標本数が有限である場合、全ての標本が同じ母集団に従う場合でも、その統計的性質は母集団の真値を中心としてばらつく [5]。

以上は、異なる組織性状を表す MRA2 モデルと NA モデルにおいて、ある特定の条件においては両モデルを統計的には区別できないことを意味している。このとき、近似精度が高いモデルを選択した場合、有限な標本数に起因する統計的なばらつきにより、解析に適さない(実際の組織性状を表さない)モデルが選ばれてしまう可能性がある。

以上から、統計的に両モデルを区別できない条件では、近似精度の評価のみで片方のモデルに限定するのではなく、統計解析以外のアプローチも用いて適切なモデルを決定する必要がある。本報告では、その前段階として、統計的に両モデルを区別できない条件を判別する手法を検討した。具体的には、各モデルについて、統計的にそのモデルに従うとみなせる近似誤差の許容閾値を設定する方法を検討した。

2.3 モデル近似誤差評価法

上記の目的を達成するための適切な近似誤差評価法を検討した。近似誤差評価法として、振幅確率分布モデルの近似誤差を評価する際に一般的に用いられる Kullback-Leibler (KL) 情報量、モデルの自由度を考慮して最大尤度を評価する赤池情報量基準 (AIC)、および、

基本的な統計量であるモーメントに対してモデルの理論値からの正規化距離を評価するマハラノビス平方距離の 3 つを比較した。

計測データの包絡振幅確率密度を $p(x)$ としたとき、KL 情報量は次式で与えられる。

$$KL = \sum_x p(x) \log_2 \frac{p(x)}{q(x)}. \quad (4)$$

ここで、 $q(x)$ はモデルの理論的な振幅確率密度である。

AIC は次式で与えられる。

$$AIC = -2 \ln L + 2k. \quad (5)$$

ここで、 L はモデルとの最大尤度、 k はモデルの自由度を表す。

マハラノビス平方距離は次式で与えられる。

$$MD = (\mathbf{M}_{\text{data}} - \mathbf{M}_{\mathbf{T}})^T \boldsymbol{\Sigma}_{\mathbf{T}}^{-1} (\mathbf{M}_{\text{data}} - \mathbf{M}_{\mathbf{T}}). \quad (6)$$

ここで、 \mathbf{M}_{data} は異なる次数のモーメントを並べたベクトル、 $\mathbf{M}_{\mathbf{T}}$ はモデルのモーメントベクトルの理論値、 $\boldsymbol{\Sigma}_{\mathbf{T}}$ はモデルのモーメントの共分散行列の理論値である。この評価方法では、標本数が有限である場合にモーメントが正規分布に従ってばらつく性質 [5] を利用し、正規分布との正規化距離であるマハラノビス平方距離を評価する。 $\mathbf{M}_{\mathbf{T}}$ および $\boldsymbol{\Sigma}_{\mathbf{T}}$ の理論値は、任意のモデルについて解析的に求められる [5]。本報告では、 \mathbf{M}_{data} として 1 次と 3 次のモーメントを用いた。

$$\mathbf{M}_{\text{data}} = [M_1, M_3]^T, \quad (7)$$

$$M_k = E[x^k]. \quad (8)$$

ここで、 $E[\cdot]$ は期待値である。

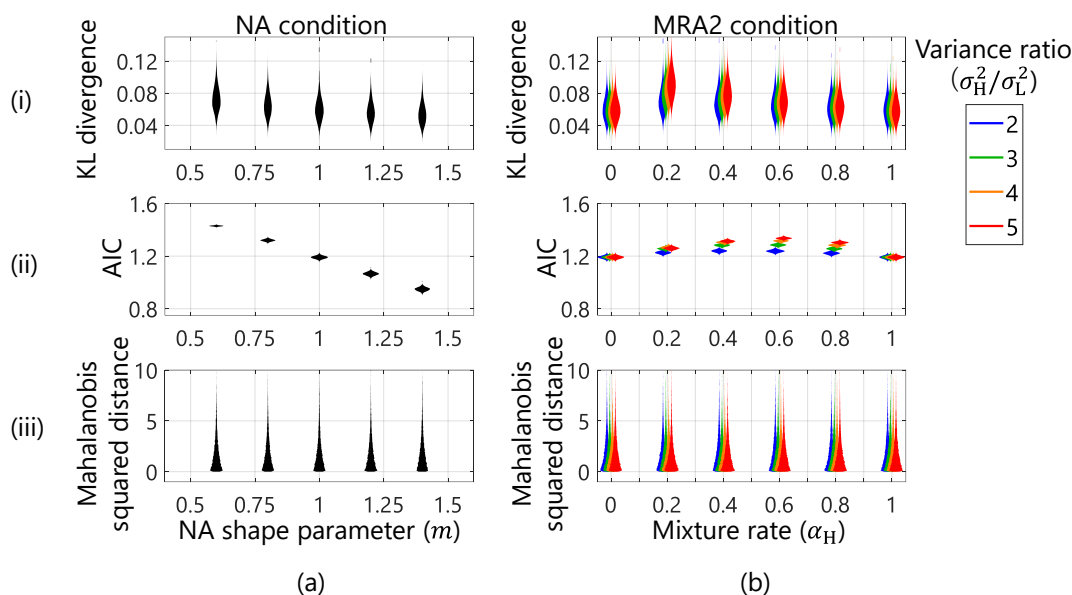


Fig. 2 Results of numerical simulation. (a) Results for NA model. (b) Results for MRA2 model. (i) KL divergence. (ii) AIC. (iii) Mahalanobis squared distance for moment.

2.4 数値シミュレーション方法

モデル近似誤差の各評価法について、数値シミュレーションによる比較を行った。数値シミュレーションには MATLAB を用いた。手順を以下に示す。

- (1) 任意のモデルに従う乱数を N 個生成
- (2) N 個の乱数群についてモデル近似誤差を算出
- (3) 上記 (1), (2) の試行を 10,000 回行い、その分布を比較

上記シミュレーションでは、設定した母集団から取り出した標本について、母集団との近似誤差を評価している。そのため、このシミュレーションで生じる近似誤差は、標本数が有限であることに起因するばらつきによる誤差である。すなわち、雑音を全く含まない理想的な条件で計測を行えたとしても、本シミュレーションで得られる近似誤差は生じ得ることを意味している。以上から、このシミュレーションで得られる近似誤差が、計測データが統計的に評価モデルに従うかどうかを判別する許容誤差の閾値となる。

本報告では独立な標本数が $N = 5,000$ 個の場合についてシミュレーションを行った。

3 結果

Figure 2 に数値シミュレーションの結果を示す。Figure 2(a) は MRA2 モデルの各パラメ

ータにおける評価結果であり、Fig. 2(b) は NA モデルの各パラメータにおける評価結果である。各結果における横方向の広がり、10,000 回の試行の分布頻度 (ヒストグラム) を表している。この結果から、KL 情報量 (Fig. 2(i)) と AIC (Fig. 2(ii)) については、モデルの種類やモデルパラメータによって近似誤差が異なることが分かる。これは、計測データが統計的に評価モデルに従うかどうかを判別するための許容誤差の閾値を、モデルの種類やモデルパラメータによって変える必要があることを意味する。

一方で、モーメントに対するマハラノビス平方距離 (Fig. 2(iii)) では、モデルの種類やモデルパラメータに依存せず、類似した分布となっている。このことから、マハラノビス平方距離を用いれば、モデルの種類やモデルパラメータによらず同じ値に許容誤差の閾値を設定でき、本報告の目的に適した評価指標であることが分かった。

4 おわりに

本報告では、超音波エコー包絡信号の振幅統計解析に基づく生体組織性状解析において、適切な振幅確率分布モデルを選択するためのモデル近似精度評価法について比較した。KL 情報量、AIC、マハラノビス平方距離の 3 つ

の指標を比較した結果, KL 情報量と AIC ではモデル近似誤差の許容閾値をモデルの種類やモデルパラメータによって変える必要がある一方で, マハラノビス平方距離では許容閾値をモデルやパラメータによらず一定にできることが分かった。今後は, マハラノビス平方距離に対する閾値判定で2つ以上のモデルが選択された場合に, モデルを一つに限定するための手法を検討する。

謝辞

本研究の一部は JSPS 科研費 21K14166 の助成を受けた。

参考文献

- [1] S. Mori, S. Hirata, T. Yamaguchi, *et al.*, Jpn. J. Appl. Phys. **57**, 07LB07 (2018).
- [2] Z. Zhou, D.-I. Tai, Y.-L. Wan, *et al.*, Ultrasound Med. Biol. **44**, 1327 (2018).
- [3] K. Tamura, J. Mamou, K. Yoshida, *et al.*, Jpn. J. Appl. Phys. **59**, SKKE23 (2020).
- [4] C. B. Burckhardt, IEEE Trans. Sonics Ultrason. **25**, 1 (1978).
- [5] S. Mori, M. Arakawa, H. Kanai, *et al.*, Jpn. J. Appl. Phys. **62**, SJ1045 (2023).