

JAERI-Data/Code  
2002-018



JP0250404



ホウ素中性子捕捉療法の治療計画の作成を支援する

線量評価システム：

JCDSユーザズマニュアル

2002年9月

熊田 博明・鳥居 義也

日本原子力研究所  
Japan Atomic Energy Research Institute

本レポートは、日本原子力研究所が不定期に公刊している研究報告書です。

入手の問い合わせは、日本原子力研究所研究情報部研究情報課（〒319-1195 茨城県那珂郡東海村）あて、お申し越してください。なお、このほかに財団法人原子力弘済会資料センター（〒319-1195 茨城県那珂郡東海村日本原子力研究所内）で複写による実費頒布をおこなっております。

This report is issued irregularly.

Inquiries about availability of the reports should be addressed to Research Information Division, Department of Intellectual Resources, Japan Atomic Energy Research Institute, Tokai-mura, Naka-gun, Ibaraki-ken, 319-1195, Japan.

© Japan Atomic Energy Research Institute, 2002

編集兼発行 日本原子力研究所

ホウ素中性子捕捉療法の治療計画の作成を支援する線量評価システム：  
JCDS ユーザーズマニュアル

日本原子力研究所東海研究所研究炉部  
熊田 博明・鳥居 義也

(2002年7月19日受理)

熱外中性子ビームを使ったホウ素中性子捕捉療法(Boron Neutron Capture Therapy: BNCT)は、脳内の深部にある悪性脳腫瘍の治療に効果があると期待されている。この熱外中性子を用いた BNCT を実施するためには、患者への照射線量を事前に評価することが不可欠である。これを踏まえ、頭部内の線量分布を計算によって求める BNCT 線量評価システム (JCDS) の開発を行った。

JCDS は、医療画像である CT、MRI データを基に患者の頭部モデルを作成し、頭部内の中性子及びγ線の線束分布をモンテカルロ・コード：MCNP で計算するための入力データを自動作成して線量計算を行うソフトウェアである。さらに MCNP で計算した結果を再び読み込み、線量分布を表示させるものである。JCDS の特徴として、(1)CT データと MRI データの両方を取り扱うことにより、患者の正確な頭部モデルを簡便に作成する機能、(2)日本で実施されている開頭手術を伴った BNCT に対応し、頭部モデルの形状を編集する機能、(3)計算によって導かれた照射位置に患者を正確にセッティングするための情報を出力する機能などを有している。

本報告書は、JCDS (Ver.1.0) の基本設計と線量評価手順、操作方法と各処理のデータ構造、ライブラリー構造等について記述したものである。

User's Manual of a Supporting System for Treatment Planning in  
Boron Neutron Capture Therapy  
— JAERI Computational Dosimetry System —

Hiroaki KUMADA and Yoshiya TORII

Department of Research Reactor  
Tokai Research Establishment  
Japan Atomic Energy Research Institute  
Tokai-mura, Naka-gun, Ibaraki-ken

(Received July 19, 2002)

A boron neutron capture therapy (BNCT) with epithermal neutron beam is expected to treat effectively for malignant tumor that is located deeply in the brain. It is indispensable to estimate preliminarily the irradiation dose in the brain of a patient in order to perform the epithermal neutron beam BNCT. Thus, the JAERI Computational Dosimetry System (JCDS), which can calculate the dose distributions in the brain, has been developed.

JCDS is a software that creates a 3-dimensional head model of a patient by using CT and MRI images and that generates a input data file automatically for calculation neutron flux and gamma-ray dose distribution in the brain by the Monte Carlo code : MCNP, and that displays the dose distribution on the head model for dosimetry by using the MCNP calculation results. JCDS has any advantages as follows;

- By treating CT data and MRI data which are medical images, a detail three-dimensional model of patient's head is able to be made easily.
- The three-dimensional head image is editable to simulate the state of a head after its surgical processes such as skin flap opening and bone removal for the BNCT with craniotomy that are being performed in Japan.
- JCDS can provide information for the Patient Setting System to set the patient in an actual irradiation position swiftly and accurately.

This report describes basic design and procedure of dosimetry, operation manual, data and library structure for JCDS (ver.1.0)

**Keywords** : Neutron Capture Therapy, Epithermal Neutron Beam, Treatment Planning, Computational Dosimetry, Computer Codes, MCNP, malignant glioma, Radiotherapy, Dose Distribution, Configuration, Neutral-particle Transport, Simulation

## 目 次

1.	はじめに.....	1
2.	JCDS の基本設計.....	2
2.1	JCDS による線量評価手順.....	2
2.2	線量計算手法.....	3
2.3	BNCT における線量評価.....	3
2.4	線量計算コード.....	4
2.5	画像処理環境.....	4
2.6	詳細モデルの設定.....	4
2.7	材質の設定.....	5
2.8	ROI による線量評価.....	5
2.9	ROI の設定.....	6
2.10	ボクセルモデル.....	6
2.11	出力機能.....	7
3.	インストール.....	8
3.1	JCDS のインストール.....	8
3.2	開発環境のインストール.....	9
4.	操作ガイド.....	10
4.1	システム起動.....	13
4.2	DICOM データ読み込み [File] - [Load Image1]、[Load Image2].....	14
4.3	2次元画像表示 [View] - [Slice].....	15
4.4	画像データ編集 [View] - [Edit Data].....	20
4.5	組織設定 [View] - [Set Tissue].....	22
4.6	組織編集 [View] - [Edit Tissue].....	24
4.7	ROI 設定&編集 [View] - [Edit Roi].....	26
4.8	Image1/Image2 合成 [View] - [Match Image].....	31
4.9	3次元表示 [View] - [View 3D].....	33
4.10	MCNP 入力データ作成 [File] - [Mesh Gener].....	51
4.10.1	モデル化範囲の自動検索.....	51
4.10.2	メッシュ分割の設定・変更.....	52
4.10.3	MCNP 計算条件の設定.....	53
4.10.4	組成データの作成.....	61
4.10.5	MCNP 入力データの保存.....	61
4.11	MCNP 結果ファイル読み込み [File] - [Load MCNP].....	61

4.12	2次元コンター表示 [View] - [2D Contour].....	62
4.13	3次元コンター表示 [View] - [3D Contour].....	68
4.14	ヒストグラム表示 [View] - [Histogram].....	70
4.15	スプレッドシート書き込み [File] - [Save Spread Sheet].....	76
4.16	ダンプファイル書き込み [File] - [Save Dump File].....	80
4.17	システム終了 [File] - [Exit].....	86
4.18	リスタートファイル書き込み [File] - [Save data].....	86
4.19	リスタートファイル読み込み [File] - [Load data].....	86
4.20	2次元画像情報表示 《Image Info》 .....	87
4.21	4面図表示 《4 Slice View》 .....	89
4.22	グラフィックス表示オプション [Option].....	92
5.	MCNP 計算コード用の入力データ.....	93
5.1	ファイル構成.....	93
5.1.1	線源データファイル.....	93
5.1.2	形状データファイル.....	94
5.1.3	コリメータ形状.....	95
5.2	処理手順.....	97
5.2.1	計算モデルの作成.....	97
5.2.2	デフォルト設定データ.....	102
6.	開発環境及びシステム構成.....	104
6.1	開発環境.....	104
6.2	ディレクトリ構成.....	104
6.3	ファイル構成.....	106
7.	データ構造.....	109
7.1	システム処理データ群.....	109
7.1.1	dataSpool の構造.....	109
7.1.2	Result の構造.....	113
7.1.3	status の構造.....	117
7.1.4	データ動作仕様.....	117
7.2	MCNP データ群の構造.....	119
8.	ライブラリー構成.....	128
9.	メソッド仕様.....	130
	謝 辞.....	158
	参考文献.....	158

## Contents

1.	Introduction .....	1
2.	Basic Design of JCDS.....	2
2.1	Dosimetry Process by JCDS .....	2
2.2	Dose Estimation Method .....	3
2.3	Dosimetry for BNCT .....	3
2.4	Dose Calculation Code .....	4
2.5	Image Processing Environment .....	4
2.6	Definition of Detail Model .....	4
2.7	Definition of Material Data .....	5
2.8	Dosimetry by using Region of Interest .....	5
2.9	Definition of Region of Interest .....	6
2.10	Voxel Model .....	6
2.11	Output Functions .....	7
3.	Installation .....	8
3.1	Installation of JCDS .....	8
3.2	Installation of Development Environment .....	9
4.	Operation Guide .....	10
4.1	System Start-up.....	13
4.2	Loading of DICOM Data [File] - [Load Image1] , [Load Image2] .....	14
4.3	Displaying of Two-dimensional Images [View] - [Slice] .....	15
4.4	Edit Image Data [View] - [Edit Data] .....	20
4.5	Set Tissue [View] - [Set Tissue] .....	22
4.6	Edit Tissue [View] - [Edit Tissue] .....	24
4.7	Edit ROI [View] - [Edit Roi] .....	26
4.8	Combine of Image1 and Image2 [View] - [Match Image] .....	31
4.9	Display of Three-dimensional Image [View] - [View 3D] .....	33
4.10	Generating of MCNP Input File [File] - [Mesh Gener] .....	51
4.10.1	Automatic Search of Region for Modeling .....	51
4.10.2	Setting and Editing .....	52
4.10.3	Setting of Conditions for MCNP Calculation .....	53
4.10.4	Generating of Tissue Data .....	61
4.10.5	Saving of MCNP Input Data .....	61
4.11	Loading of Files for MCNP Calculation Results [File] - [Load MCNP] .....	61
4.12	Displaying of Two-dimensional Contour [View] - [2D Contour] .....	62
4.13	Displaying of Three-dimensional Contour [View] - [3D Contour] .....	68
4.14	Displaying of Histogram [View] - [Histogram] .....	70

4.15	Saving of Spread Sheet Data [File] - [Save Spread Sheet] .....	76
4.16	Saving of Dump Files [File] - [Save Dump File] .....	80
4.17	System Termination [File] - [Exit] .....	86
4.18	Saving of System Files [File] - [Save Data] .....	86
4.19	Loading of System Files [File] - [Load Data] .....	86
4.20	Displaying of Two-dimensional Image Information 《Image Info》 .....	87
4.21	Displaying of Four-slice Viewer 《4 Slice View》 .....	89
4.22	Options of Graphics [OPTION] .....	92
5.	Input Data for MCNP Calculation .....	93
5.1	Files Configuration .....	93
5.1.1	Beam Source Data Files .....	93
5.1.2	Shape Data Files .....	94
5.1.3	Collimator Shapes .....	95
5.2	Processing Procedure .....	97
5.2.1	Generating of Calculation Model .....	97
5.2.2	Default Data .....	102
6.	Development Environment and System Configuration .....	104
6.1	Development Environment .....	104
6.2	Directories Configuration .....	104
6.3	Files Configuration .....	106
7.	Data Structure .....	109
7.1	System Processing Data Group .....	109
7.1.1	Structure of DATASPOOL .....	109
7.1.2	Structure of RESULT .....	113
7.1.3	Structure of STATUS .....	117
7.1.4	Data Operating Specification .....	117
7.2	Structure of MCNP Data Group .....	119
8.	Library Configuration .....	128
9.	Method Specification .....	130
	Acknowledgment .....	158
	References .....	158



## 1. はじめに

ホウ素中性子捕捉療法(Boron Neutron Capture Therapy: BNCT)は、腫瘍細胞に選択的に集まるボロン化合物を患者に投与し、患部に中性子ビームを照射することにより、 $^{10}\text{B} (n, \alpha) ^7\text{Li}$  反応を起こし腫瘍細胞のみを破壊する治療法である<sup>(1)</sup>。これまで日本では、熱中性子ビームによる BNCT が実施されてきたが、近年欧米においては、熱外中性子を用いた BNCT の研究、臨床照射が開始されている<sup>(2)</sup>。BNCT 照射に熱外中性子ビームを用いることにより、脳内のより深部まで熱中性子を与えることが可能となり、深部にある悪性腫瘍の治療に効果があると期待されている<sup>(3)</sup>。また、患者の患部の症状によっては開頭術を伴わない無開頭での照射も可能となり、患者と医師らの負担が軽減できると期待されている。

現在行われている熱中性子 BNCT では、脳表面近傍に配置した金線及び TLD によって、熱中性子束、 $\gamma$ 線量を実測し、この測定結果を基に患部への照射線量を評価している。しかし熱中性子が脳内深部まで達する熱外中性子 BNCT では、従来の測定手法では脳内深部の線量測定が困難であるため、熱中性子線量を正確に評価することができない。特に無開頭照射においては直接脳内の線量測定を行うことはできなくなる。また速中性子の照射線量への寄与も無視できなくなるため、従来の線量評価手法では対応することができない。従って、熱外中性子ビームによる BNCT を実施するためには、事前に頭部内照射線量をシミュレーション計算によって評価し、この評価結果を基に照射計画を作成して照射を実施することが必要となる。このことから、患者頭部内の照射線量を計算によって求め、照射計画の作成を支援する BNCT 線量評価システム (JAERI Computational Dosimetry System:以下 JCDS と称す)<sup>(4)(6)</sup>の開発を行った。JCDS は医療画像である CT、MRI データから患者の頭部モデルを作成し、このモデルを基に頭部内の中性子束及び $\gamma$ 線の線束分布をモンテカルロ・コード: MCNP<sup>(5)</sup>で計算するための入力データファイルを自動作成するソフトウェアである。さらに、MCNP の計算結果を再び読み込み、頭部モデル上に線量分布を重ねて表示するとともに、BNCT の線量評価に必要な情報の出力を行うものである。また、線量計算だけでなく、実際の BNCT 実施時に患者の照射位置への固定を支援する機能なども有している。

JCDS の特徴として、(1)CT データと MRI データの両方を取り扱うことにより、患者の正確な頭部モデルを簡便に作成する機能、(2)日本で実施されている開頭術を伴った BNCT に対応するために、頭部モデルの形状を編集し、頭部周辺に取り付けられる熱中性子遮へい材をモデルに追加する機能、(3)患者セッティングシステム<sup>(6)</sup>と連携し、患者を照射位置に正確かつ迅速にセッティングするための情報を出力する機能などを有している。

本報告書では、2章で JCDS の線量評価を行うための基本設計を、3章から5章に JCDS のインストール方法、操作方法について述べる。また6章から9章に JCDS のディレクトリ、ファイルの構成、各処理のデータ構造、ライブラリー構造等について述べる。

## 2. JCDS の基本設計

本章では、JCDS の基本設計について述べる。

### 2.1 JCDS による線量評価手順

Fig.2.1 は、JCDS を使って線量評価を行い、BNCT を実施するまでの処理を示している。図中の左側の“ユーザー入力部”は、ユーザーが直接JCDS を操作する部分であり、JCDS に医療画像を読み込ませ、モデル作成や計算条件の設定などを行う部分である。中心の“JCDS”の図は、JCDS による線量評価の処理手順の概略を示している。JCDS の内部は、読み込んだ医療画像と計算条件を基に MCNP 計算用の入力ファイルを作成するプレ処理部分、その入力ファイルを基に MCNP で計算を実行する部分、そして MCNP 計算結果の出力ファイルを基に線量分布を表示し、線量評価に必要な情報を出力するポスト処理部分に分かれている。ここで、中性子、 $\gamma$ 線の線束分布計算を実行する MCNP コード自体は、JCDS に内装されているものではないため、プレ処理後に自動的に計算を実行するものではない。JCDS のプレ処理部分が作成した MCNP 計算用の入力データファイルを、MCNP コードが実行できる計算機に読み込ませて計算を実行することとなる。MCNP による計算終了時に出力するファイルを再び JCDS に読み込ませ、ポスト処理部分を使って線量評価を行うこととなる。

JCDS の算出した線量評価結果を基に、BNCT 実施のための照射条件を決定し、この条件に基づいて BNCT 照射を実施することとなる。

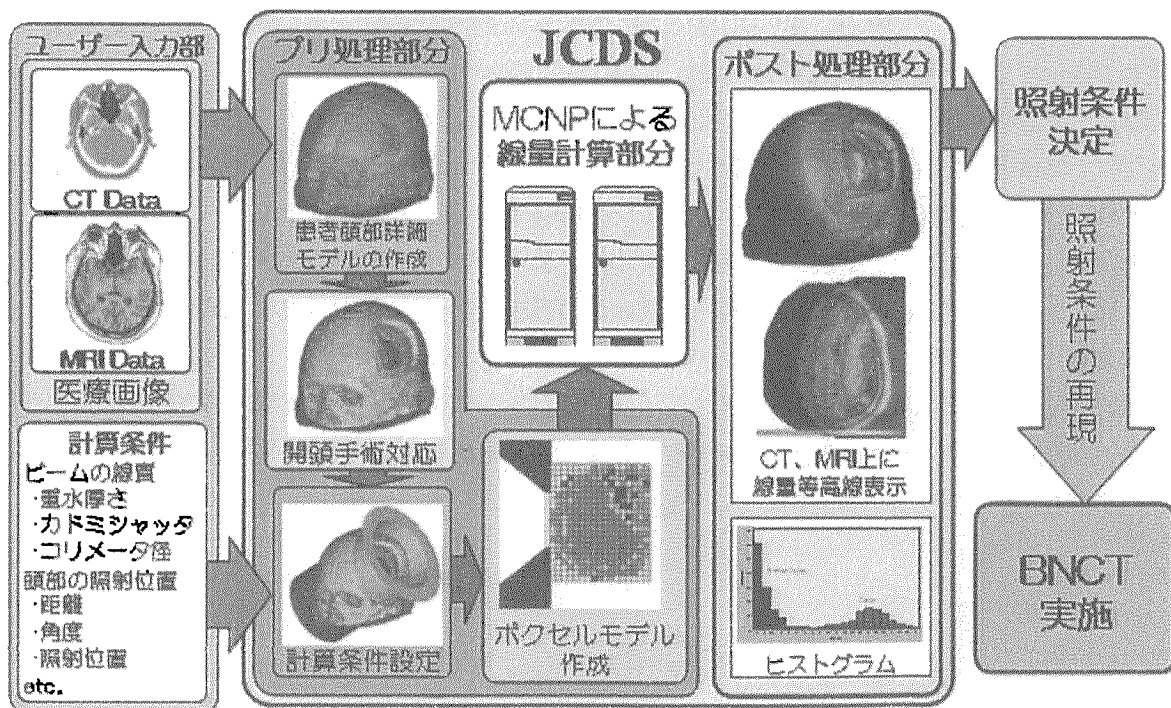


Fig.2.1 JCDS による線量評価手順

## 2.2 線量計算手法

JCDS による線量計算手法の概略を Fig.2.2 に示している。

- (1) 医療画像である CT、MRI のスライスデータを重ね合わせて詳細な頭部 3次元モデル（詳細モデルという）を作成する。このモデルの細密度は個々のスライスデータの分解能とスライス間隔によって決定される。詳細モデルは個々のピクセルに対して、材質の組成情報と ROI 情報を有している。
- (2) MCNP による線量計算を効率的に行うため、ピクセル単位の詳細モデルを  $10 \times 10 \times 10$ mm のボクセル単位に形状と組成情報を縮約したモデル（ボクセルモデルという）を作成する。
- (3) ボクセルモデルと各計算条件（ビームの線質、患者の位置等）を基に MCNP で計算可能な入力ファイルを作成する。
- (4) JCDS が作成した入力ファイルを使用し、MCNP を使って中性子束及び吸収線量分布の計算を行う。
- (5) MCNP の計算結果を再び JCDS に読み込み、ボクセル単位で計算された中性子束及び吸収線量分布を 3次元内挿補間によって、詳細モデルのピクセル単位の分布に変換する。このとき吸収線量はピクセルの組成データに基づいて評価し、その線量結果を各 ROI 毎に整理する。

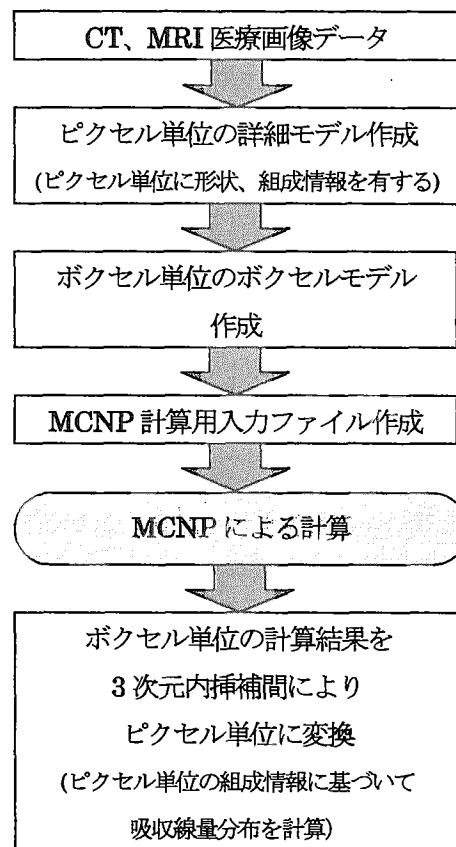


Fig.2.2 JCDS による線量計算の流れ

## 2.3 BNCT における線量評価

JCDS では BNCT の線量評価に必要な以下の中性子束、吸収線量について個々に計算することが可能である。

- (1) 中性子束
  - ・熱中性子束 ( $\sim 0.53\text{eV}$ )
  - ・熱外中性子束 ( $0.53\text{eV} \sim 10\text{keV}$ )
  - ・高速中性子 ( $10\text{keV} \sim 20\text{MeV}$ ) の 3 群及び全中性子束
- (2) 線量
  - ・ $\gamma$ 線量 : 炉心からの直接 $\gamma$ 線と頭部内で発生する二次 $\gamma$ 線を合わせた $\gamma$ 線総吸収線量
  - ・ホウ素線量 : ホウ素と中性子（主に熱中性子）との反応による吸収線量
  - ・窒素線量 : 窒素と中性子（主に熱中性子）との反応による吸収線量
  - ・水素線量 : 水素と中性子（主に高速中性子）との反応による吸収線量
  - ・ユーザーが要求する元素の吸収線量

これらの吸収線量は組成によって決定されるため、詳細に材質設定を行ったモデルに基づいて計算される。この線量結果に対して、個別に任意の重み係数（生物学的効果比：RBE）を乗じて評価することができる。また、この重み付けされた線量を複数組み合わせることも可能である。例えば、ホウ素線量と窒素線量を合わせて熱中性子照射として評価したい場合は、ホウ素線量+窒素線量： $D_{BN}$ 、ホウ素線量： $D_B$ 、ホウ素線量の重み係数： $RBE_B$ 、窒素線量  $D_N$ 、窒素線量の重み係数： $RBE_N$ として、式(2.1)となる。

$$D_{BN}=D_B \times RBE_B + D_N \times RBE_N \quad (2.1)$$

として  $D_{BN}$  を算出して評価することができる。

## 2.4 線量計算コード

頭部内の照射線量を計算するための計算コードには、粒子輸送汎用モンテカルロ・コード：MCNP を適用した（MCNP の詳細な取扱方法については MCNP マニュアル：“MCNP-A General Monte Carlo Code N-Particle Transport Code Version 4C” を参照されたい）。MCNP 計算に必要な核データは、MCNP 標準の ENDF/B-VI<sup>(9)</sup> 及び、MCNP に適用可能な JENDL-3.2<sup>(10)</sup> 等を用いることができる。

JCDS には MCNP 自体は内装されておらず、JCDS が作成した MCNP 計算用の入力データファイルを MCNP 計算可能な計算機に読み込ませて計算を実行することとなる。よって MCNP が実行可能な計算環境（大型計算機、Workstation 及びパソコン、OS は Windows や Unix、Linux など）であれば線量計算を実行することができる。MCNP による計算終了時に出力するファイルを再び JCDS に読み込ませることにより、線量評価を行うこととなる。

JCDS の開発を開始した時点での MCNP のバージョンは 4B であったが、JCDS (Ver.1.0) 公開時には MCNP-4C がリリースされており、システム開発と検証も MCNP-4B と 4C を使って行った。よって、JCDS の出力する MCNP 計算用入力データファイルは、MCNP-4B、及び 4C で実行できることを確認している。

## 2.5 画像処理環境

JCDS の基本部分である画像処理とユーザー・インターフェイス部分は、米国 AVS 社製 AVS/Express Developer<sup>(11)</sup> (以下 AVS という) を用いて製作した。また、医療画像を取り扱う処理部分などには、同社の医療用ソフトウェアである Medical Viewer/INTAGE のモジュールも使用している。AVS は、作成したプログラムを開発環境から切り離し、独立して実行可能なアプリケーションを作成できるため、JCDS も JCDS の実行プログラムとランタイム・プログラムを組み合わせることにより、独立して実行させることができる。

## 2.6 詳細モデルの設定

詳細モデルの作成には医療画像である CT データと MRI データを使用する。CT データは材質の密度差を明確に表示するため、材質の組成情報の設定に有利である。また MRI データは軟組織の微妙な違いを

明確に表すことができるため、腫瘍領域、関心領域 (Region of Interest :ROI という) を設定するのに有効である。このため JCDS は CT と MRI の両方のデータを取り扱って詳細なモデルを簡便に作成することができる。

なお、CT もしくは MRI のいずれか一方のデータから詳細モデルを作成することも可能である。

JCDS が取り扱う医療画像データ形式としては、医療画像の標準フォーマットである DICOM3.0 を採用している。

Fig.2.3 に示すように、詳細モデルは CT、MRI スライス画像データを積み重ねて作成する。よって詳細モデルは、基のスライスデータのピクセルの集合したものであり、このピクセル毎にそのピクセルの位置情報と材質の組成情報、ROI 情報が格納されている。さらに線量計算計算後には、線量評価値も格納することとなる。

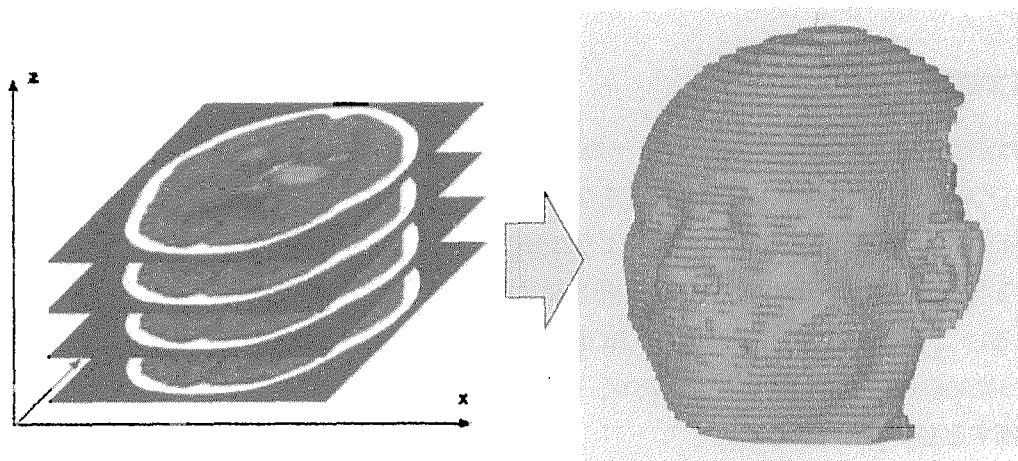


Fig.2.3 医療画像データから詳細モデル作成

## 2.7 材質の設定

JCDS で用いる材質は、頭部内の軟組織、骨および外側の空気を基本としている。この軟組織、骨の組成データは、ICRU-46<sup>(12)</sup>の成人・脳組織及び、成人・骨のデータを用いている。またホウ素の濃度が高くなる腫瘍領域に対しては、他の軟組織領域と別けて組成を設定することができる。さらに、照射野外に対する被曝を抑える目的で頭部周辺に取り付けられる熱中性子遮へい材である熱可塑性リチウムプラスチック (リチウムヘルメット) も設定することができる。

Fig.2.4 は、あるスライス画像データに対して、材質領域設定の様子を示している。詳細モデルを構成する個々のピクセル毎に、材質の組成データを格納する。

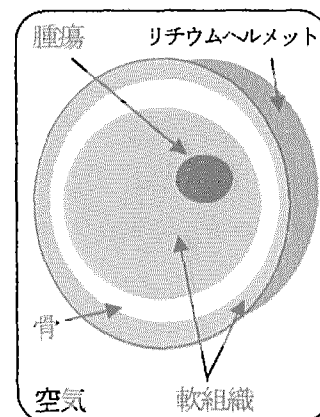


Fig.2.4 材質領域設定

## 2.8 ROIによる線量評価

JCDS による線量評価では、腫瘍領域や注目すべき組織などの評価を行いたい領域 (ROI) を詳細モデル上で設定し、この ROI 毎に線量の最大値、最小値、平均値、線量頻度分布などを算出して評価することとなる。Fig.2.5 は、あるスライス画像データに対して ROI 設定を行った様子を示している。①の領域を

“ROI1”として設定し、軟組織と骨にまたがった②の領域を“ROI2”として設定している。よって詳細モデルを構成する個々のピクセル毎には、前項で説明した材質情報に加えてROI情報も格納することとなる。

Fig.2.5 の例では、①、②として囲まれている領域の各ピクセルにはそれぞれ、

①の領域：位置情報、 材質組成=軟組織、 ROI=ROI1

②の領域：位置情報、 材質組成=軟組織もしくは骨、 ROI=ROI2

という情報が格納されている。

後述する MCNP 計算のためのボクセルモデル作成時には、各ピクセルの位置情報と材質情報が引き渡されることとなる。

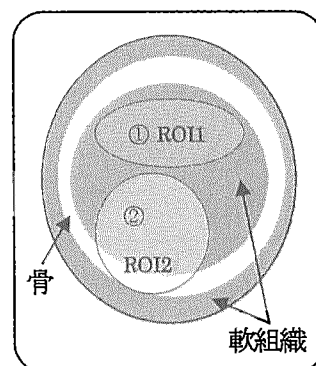


Fig.2.5 ROI の概略

## 2.9 ROI の設定

JCDS は画像データに割り当てるメモリー処理の関係から、1つの領域に対して1つのROIしか設定することができない。よってFig.2.6に示すように個々のROIを相互に混じり合わないように分けてROIを設定しなければならない(ROI3の領域にはROI4の領域は含まれておらず、別のROIである)。この個々のROIをシングルROIと呼ぶ。線量評価はROI単位で行うため自由に設定できる必要があり、複数のROIにまたがった範囲を評価する必要もある。

これに対応するため、JCDSは複数のシングルROIを組み合わせて1つのROIとして評価できる機能を持っている。これをマルチROIという。Fig.2.6においてマルチROIを使うことにより $ROI12=ROI1+ROI2$ 、 $ROI34=ROI3+ROI4$ として評価することができる。シングルROIを細かく設定することにより、個々のシングルROIを組合せ、目的の領域に対して線量評価を行うことができる。

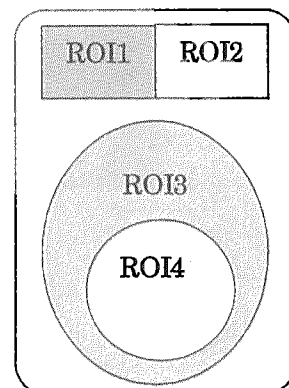


Fig.2.6 ROI の設定方法

## 2.10 ボクセルモデル

詳細モデルの材質組成データを基にして、MCNPの入力データの基となるボクセルモデルを作成する。ボクセルモデルは詳細モデルの材質と形状を $10 \times 10 \times 10 \text{mm}$ のボクセルに縮約して作成される。個々のボクセル内に割り当てる材質は、基となる材質(軟組織、腫瘍、骨、空気領域、リチウムヘルメット)の個数密度の混合割合を20%刻み(0,20,40,60,80,100%)で丸めて定義する。Fig.2.7は、詳細モデルから材質組成を縮約してボクセルモデルを作成する手順の概略を示している。このボクセルモデルに対し、①ビームの線質、②コリメータ径、③中性子ビームに対する頭部位置、照射角度、距離等の計算条件を設定し、MCNPで線量計算を行うための入力ファイルを出力する。

この入力ファイルはMCNPの形状指定フォーマットに従って記されており、このデータファイルとあらかじめ作成している線源データを組み合わせることによってMCNPによる線量計算を実行することができる。

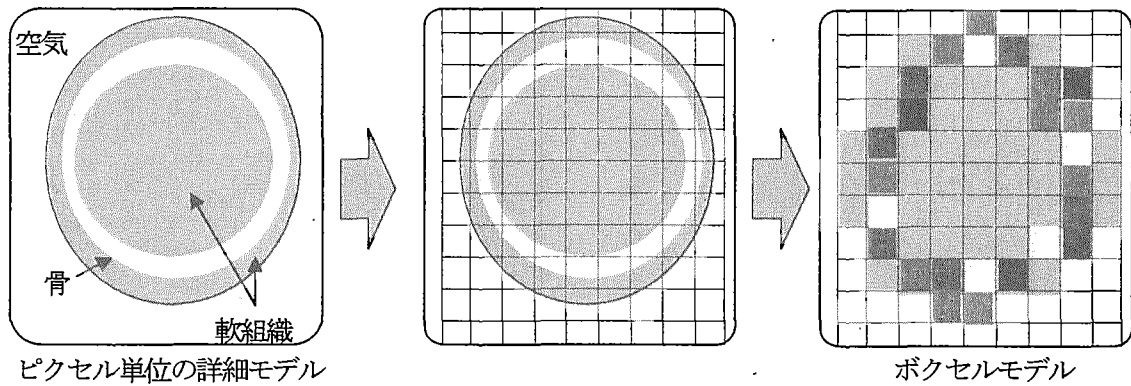


Fig.2.7 詳細モデルからボクセルモデル作成手順

## 2.11 出力機能

MCNP でボクセル単位に計算された結果は、3次元内挿補間によってピクセル単位に換算され、以下の項目について出力される。

- ・ CT、MRI 画像上もしくは任意の詳細モデル断面上に各線量または中性子束の2次元分布を表示する。
- ・ 詳細モデル表面上もしくは境界上に各線量または中性子束の2次元分布を表示する。
- ・ ROI 毎もしくは材質領域毎の各線量または中性子束のヒストグラムを表示するとともに、これらのデータをファイルに出力する。
- ・ ROI 毎もしくは材質領域毎の各線量及び中性子束の最大値、最小値、平均値を算出するとともに、スプレッドシートとしてファイルに出力する。ホウ素線量については、腫瘍領域内と正常組織内のホウ素線量を分けて出力することができる。

### 3. インストール

本章では、JCDS のインストール方法について述べる。

#### 3.1 JCDS のインストール

JCDS の動作環境は以下のとおりである。

- ・ Operating System : Solaris2.60
- ・ System Memory : 512Mbyte 以上 (推奨 1Gbyte 以上)
- ・ Hard Disk Space : 200Mbyte 以上 (推奨 1Gbyte 以上)

JCDS をインストールする手順は以下のとおりである。

- ① インストールするマシンにJCDSの実行ファイル等を格納している“bnct\_runtime”をコピーする。
- ② bnct\_runtime 中にある install.com を実行する。
- ③ license.dat 内の記述を修正する。license.dat ファイルの内容を以下に示す。

```
SERVER ◇◇◇◇◇ ◆◆◆◆◆
DAEMON avs_lmd /export/home/riyou/BNCT/license/s2/avs_lmd
FEATURE BNCT-JCDS avs_lmd 3.000 ***** "gvdc"
```

◇◇◇部分、インストールする計算機名を記述する。◆◆◆部分はライセンスコード記載項であるため、個々に与えられたライセンスコードを記述する。

DAEMON 行にある avs\_lmd のパスを、bnct\_system をインストールしたパスに修正する。  
(avs\_lmd は bnct\_runtime/bin/s2 にある)

- ④ DAEMON 行にある avs\_lmd のパスを、bnct\_system をインストールしたパスに変更する。  
(avs\_lmd は bnct\_runtime/bin/s2 にある)
- ⑤ license.dat の FEATURE BNCT-JCDS を変更する。
- ⑥ license.dat を /usr/local/flexlm/licenses の下にコピーする。(特権ユーザーで行う)
- ⑦ bnct\_runtime/bin で source licdiag\_set とキーインする。
- ⑧ bnct\_runtime/bin で licdiag を実行する。

以下のリストが表示される。

Choose one of the following:

- 1 - [Re]Start lmgrd (the license daemon)
- 2 - Stop lmgrd, avs\_lmd, remove lock file
- 3 - Get status, system check
- 4 - Show lmgrd version (EXPRESS 4.000 needs v5.12a or higher)
- 5 - Reread license file
- 6 - Check networking
- 7 - Help on starting at bootup



8 - Show license file

9 - Show machine's hostid

0 - Show log file

Q - quit

Enter your choice:

1をキーインすると、ライセンスマネージャが起動される。ライセンスマネージャを起動後にライセンスファイルlicense.datを変更した時は、5をキーインする。

qをキーインしてlicdiagを終了する。

⑧ bnct\_runtime 内の run を実行すると JCDS のランタイム版が起動される。

### 3.2 開発環境のインストール

JCDS の機能修正、改良及び改良を行う場合は、AVS/Express Developer が必要となる。この JCDS の修正、改良を行うための開発環境をインストールする手順を示す。なお開発環境をインストールするマシンには、あらかじめ AVS/Express Developer がインストールされているものとする。

JCDS 開発環境のインストール手順は以下のとおりである。

- ① インストールするマシンに JCDS 開発環境を格納している “bnct\_dev\_sea” をコピーする。
- ② bnct\_dev\_sea の中にある avsenv の XP\_PATH を、該当する JCDS のパスと AVS/Express のパスに修正する。
- ③ bnct\_dev\_sea の中にある base.s2 内の AVS/Express のパスをインストール環境に合わせて修正する。
- ④ bnct\_dev\_sea の中にある run 内の AVS/Express のパスをインストール環境に合わせて修正する。
- ⑤ kgtlib/src/Dicom の中にある Makefile を実行する。(コマンドは make)
- ⑥ bnct\_dev\_sea の中にある base.s2 を実行する。

4. 操作ガイド

本章は、JCDS の操作ガイドについて述べる。JCDS を用いて線量評価を行う操作は、基本的に Fig.4.1 に示す流れに従って行われる。カッコ内の数字は、それぞれの処理内容を説明した節の番号を示している。

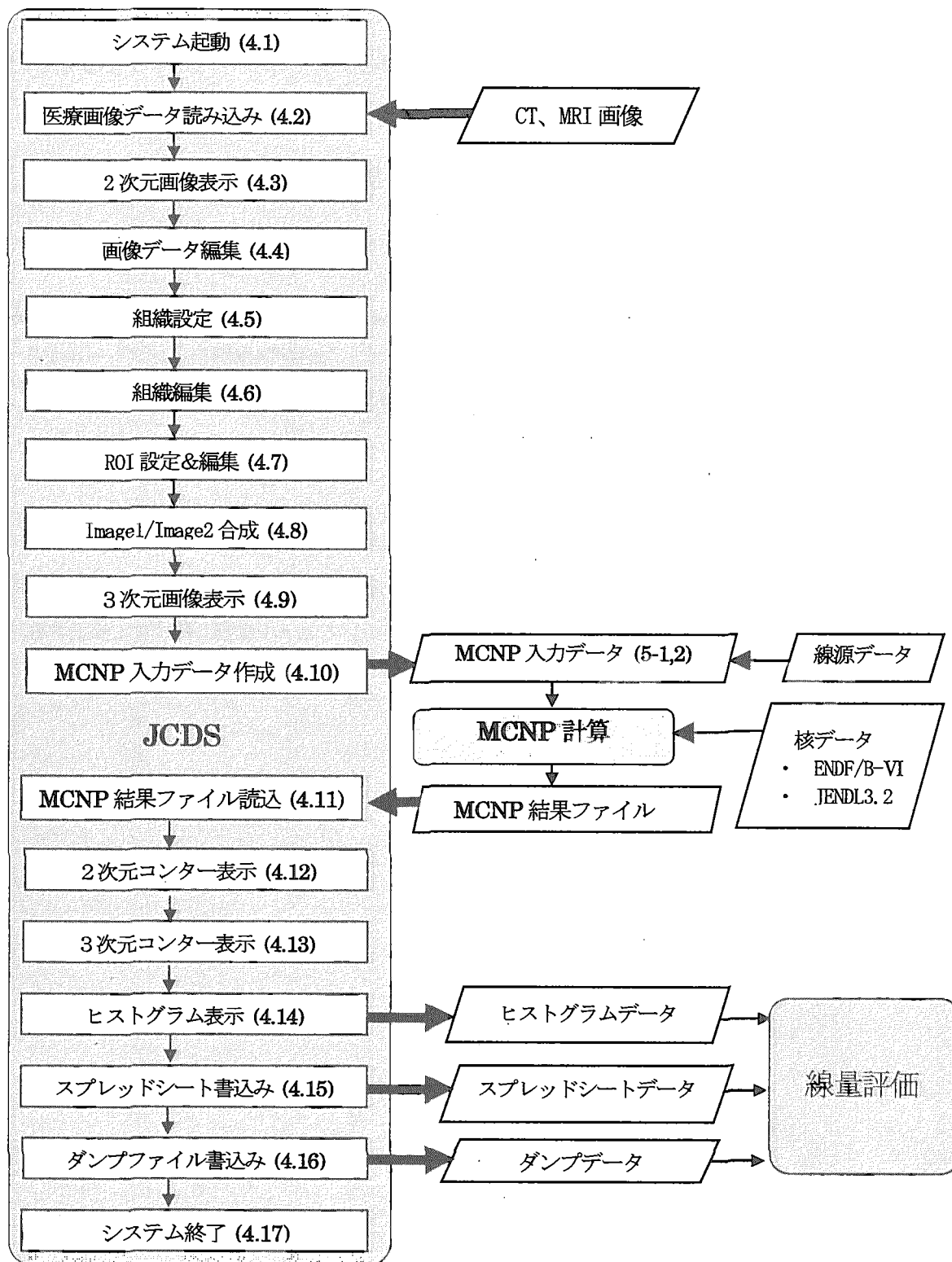


Fig.4.1 JCDS の処理の流れ

- (1) システム起動  
JCDS を起動する。
- (2) DICOM データ読み込み  
患者の CT と MRI のデータ (DICOM フォーマット) を Image1 と Image2 として読み込む。
- (3) 2次元画像表示  
Image1、Image2 の画像を 2次元表示する。
- (4) 画像データ編集  
Image1、Image2 の画像データから金属アーチファクト等の不要な形状を削除する。
- (5) 組織設定  
Image1 画像データの値を用いて骨、軟組織、空気の組織分けを行う。MCNP 計算コード入力データ作成時に、各組織毎の物性値が与えられる。
- (6) 組織編集  
骨、軟組織、空気の各組織の形状を必要に応じて修正する。(5) の組織設定では画像データの値から単純に各組織に振り分けているので、細かな形状の修正はここで行う。また、開頭照射を行う場合は、ここで開頭する部位を削除する。
- (7) ROI 設定&編集  
ROI、ターゲット領域を設定、修正する。腫瘍部、各部位などの形状を ROI として定義する。ターゲット領域は先に定義した ROI の形状を全方向に同じ長さだけ拡張して作成を行える。ここで定義された ROI とターゲット領域は、ヒストグラム表示やスプレッドシート上にそれぞれ出力される。ROI およびターゲット領域は Image1、Image2 どちらでも定義できる。
- (8) Image1/Image2 合成  
Image1、Image2 画像から作成したそれぞれの ROI とターゲット領域を合成して最終的な ROI とターゲット領域を作成する。
- (9) 3次元表示  
各組織、ROI を 3次元表示し、入射ビームの設定を行う。また、患者の照射設備における位置設定のための表示、出力を行う。照射設備における患者の位置情報から照射条件を再現する機能も有する。
- (10) MCNP 入力データ作成  
計算条件の設定を行い、MCNP 計算コード用の入力データを作成する。
- (11) MCNP 結果ファイル読み込み  
MCNP により計算された結果を読み込む。
- (12) 2次元コンター表示  
MCNP の計算結果の 2次元コンター表示を行う。
- (13) 3次元コンター表示  
MCNP の計算結果の 3次元コンター表示を行う。
- (14) ヒストグラム表示  
MCNP の計算結果のヒストグラム表示を行う。

(15) スプレッドシート書き込み

MCNP の計算結果のスプレッドシートへの出力を行う。

(16) ダンプファイル書き込み

MCNP の計算結果および頭部モデルへの補間後の値のファイルへの出力を行う。

(17) システム終了

JCDS を終了する。

これらの機能以外に作業中のデータの保存・呼び出しのための機能として以下のものがある。

(18) リスタートファイル書き込み

リスタートファイルを出力する。

(19) リスタートファイル読み込み

リスタートファイルを読み込む。

各機能には、次の表示機能がオプションとして装備されている。

(20) 2次元画像情報表示

2次元画像の情報を表示する。

(21) 4面図表示

4面図を表示する。

また、グラフィックス表示のオプション設定機能が装備されている。

(22) グラフィックス表示オプション

グラフィックス表示のオプション設定を行う。

各機能の操作方法を以下に示す。

なお、JCDS で使用するマウスボタンは、特に断らない限り左ボタンである。

また、キーボードから数値や文字列をキーインする場合は入力終了後に必ず **Return** キーを押す必要がある。**Return** キーを押さないとキー入力しても数値や文字列は入力されない。

#### 4.1 システム起動

システムの起動は、シェルスクリプト `run` を用いて行う。

コマンドウィンドウ上で `run` を実行。

Fig.4.1.1 に示すパネルが表示される。JCDS では、パラメータを左側パラメータ部に集中し右側に画像表示部を配置するレイアウトをとっている。特に断りが無い場合は、パラメータは左側のパラメータ部に配置してある。

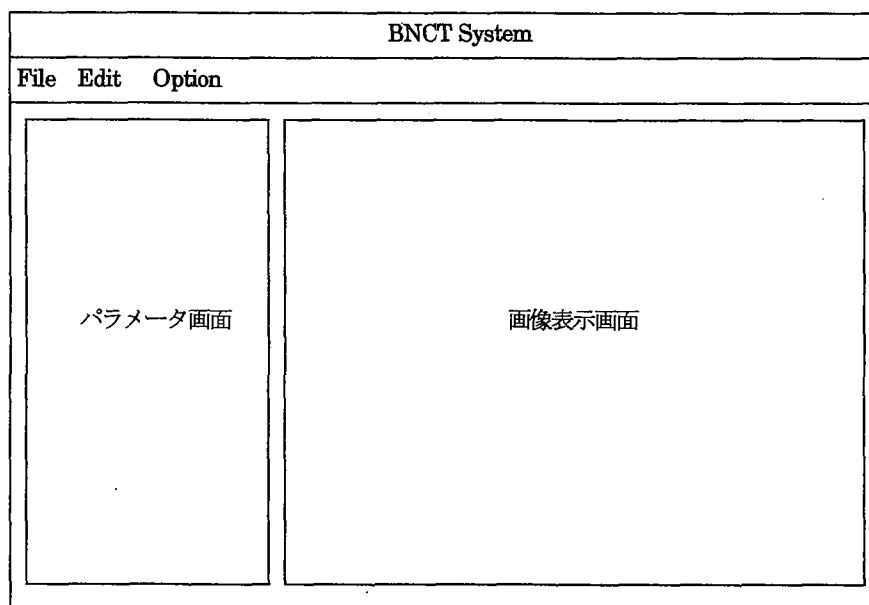


Fig.4.1.1 システム起動時の画像レイアウト

※ `run` ファイルはシェルスクリプトで、各種環境設定を行っている。`run` の内容は以下のとおりである。

```
#!/bin/csh
setenv LANG C
set PROJ=/パス/bnct_runtime
setenv LM_LICENSE_FILE /usr/local/flexlm/licenses/license.dat
setenv XP_PATH $PROJ
$PROJ/bin/s2/bnct -silent -novcp
```

JCDS は英語で全てのメニューを記述し、ボタン等の配置も英語フォントを基準に設定してあるので、`LANG` を `C` 以外に設定して起動すると配置がずれる事があるので注意が必要である。

また、専用ライブラリー<sup>注1</sup>を使用しているので、`LD_LIBRARY_PATH` が設定されていないとライブラリーを見つける事が出来ず、システムの起動ができないことがある。`PROJ` の“パス”には JCDS をインストールしたディレクトリをフルパスで記入する。

注1：開発環境の場合。AVS/Express 本体/lib/s2

## 4.2 DICOM データ読み込み [File]-[Load Image1]、[Load Image2]

処理する医療画像データを読み込む。Image1 画像は患者頭部を骨、軟組織、空気の各組織に分割するために使用する。Image2 画像は ROI を作成するために用いる。

JCDS では Image1 画像を基準として内部処理を行うため、先に Image1 画像を読み込む必要がある。また、JCDS は Image1 画像、Image2 画像の両方を用いて処理を行うように設定されているため、Image1 画像のみを使って全ての ROI を作成する場合でも、必ず Image2 画像を入力必要がある。また、Image2 に対して Image1 と同じデータを読み込ませて処理を続けることも可能である。

メニューを選択すると Fig.4.2.1 に示す DICOM データ読み込み用のパネルが表示されるので以下の手順により読み込むデータを決定する。

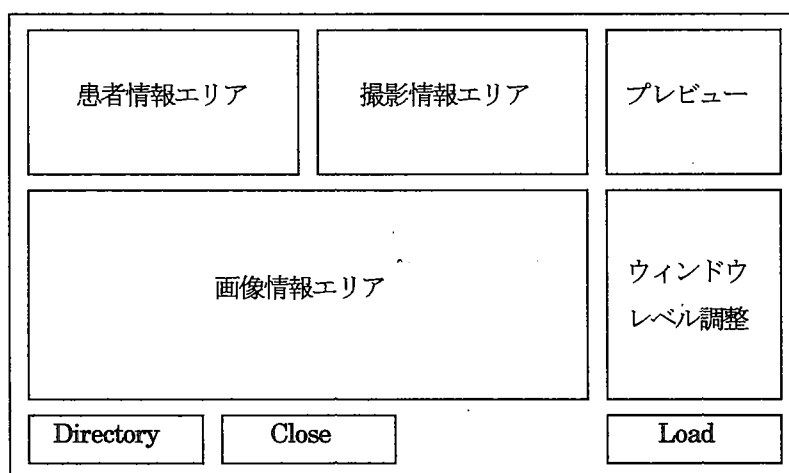


Fig.4.2.1 DICOM データ読み込み用パネル

- (1) パネル左下《Directory》ボタンを押し、データが格納されているディレクトリを選択する。(パネル左上患者情報エリアに、ディレクトリにある患者情報が表示される。)
- (2) パネル左上患者情報エリアから処理対象の患者を選択する。(パネル右上撮影情報エリアに、登録されている単位が表示される。単位は、Study、Series、Acq.No の内から選択可。)
- (3) パネル右上撮影情報エリアから処理対象の撮影単位を選択する。(パネル中央画像情報エリアにスライス単位の画像情報が表示される。)
- (4) パネル中央画像情報エリアから、読み込む画像を指定する。マウสดラッグで一連の画像を指定するか、最初の画像をマウスクリックし最後の画像を shift キー+マウスクリックする。JCDS では、画像表示エリアに表示されている画像を連続で読み込むため、画像をとびとびに入力することは出来ない。
- (5) 画像の選択が終了したら《Load》ボタンを押してデータを読み込む。(データ読み込み終了後、データ読み込みパネルが閉じる。)
- (6) キャンセルする時は《Load》ボタンを押さずに《Close》ボタンを押す。

### 4.3 2次元画像表示 [View]-[Slice]

読み込んだ画像のスライス面を表示する。表示方法は、1枚、複数枚、任意断面の3種類から選択可能である。任意断面表示時は、マウスによる画像の回転も可能である。Fig.4.3.1に2次元画像表示のレイアウトをFig.4.3.2にCTデータを2次元表示した様子を示す。

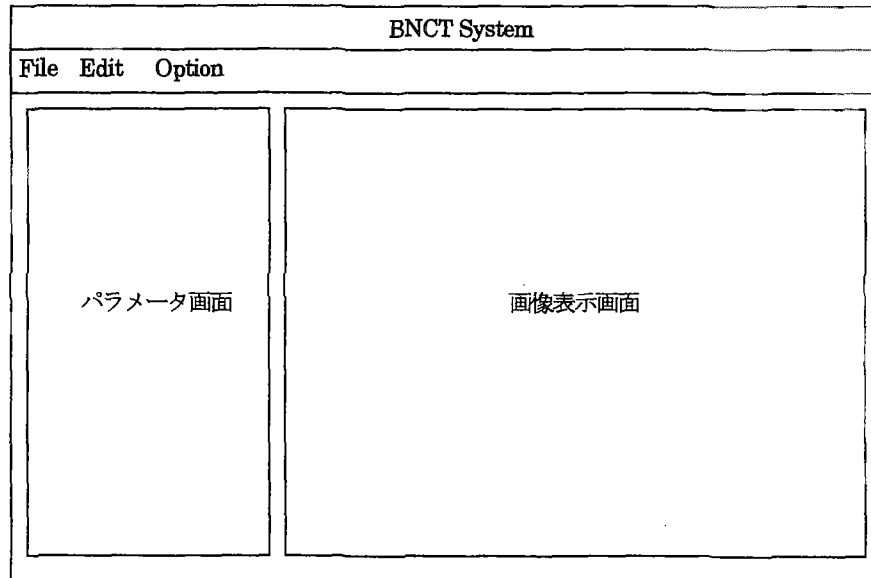


Fig.4.3.1 2次元画像表示レイアウト

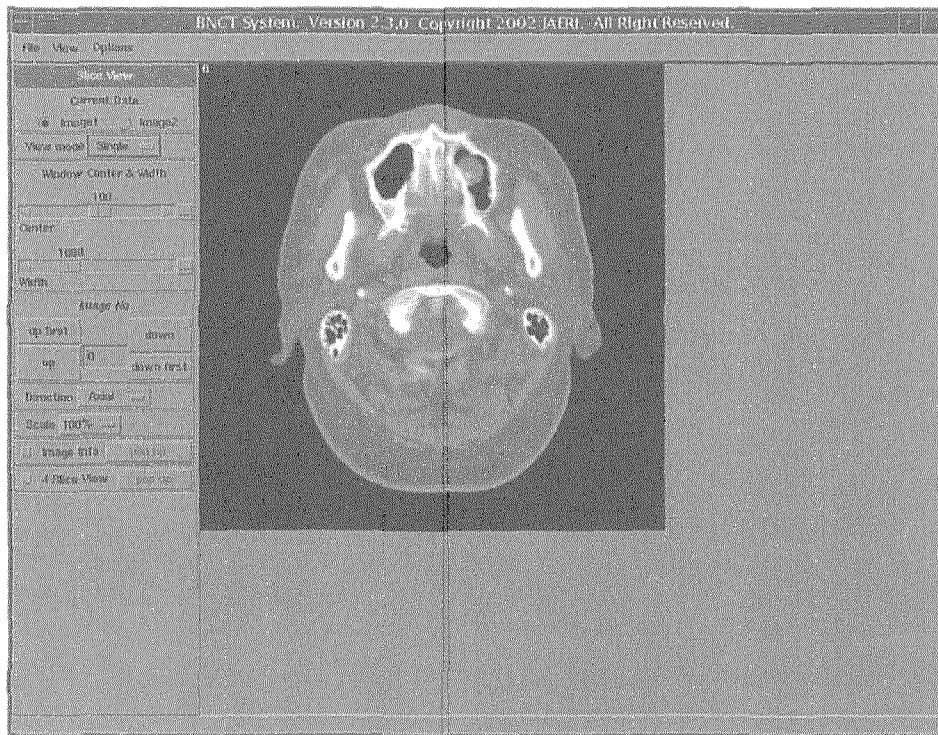


Fig.4.3.2 CT画像データの2次元画像表示

◇ 共通パラメータ :

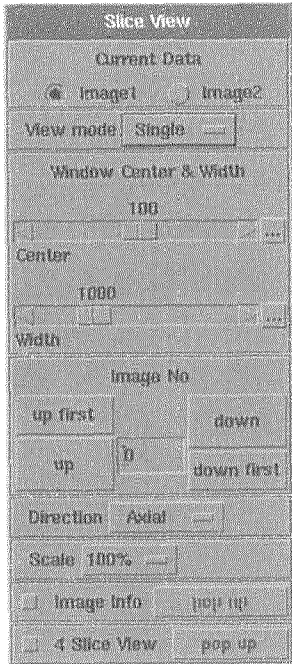


Fig.4.3.3 パラメータ設定画面

Fig.4.3.3 のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Current Data》 Image1、 Image2 のどちらを表示するかを選択。
- 2) 《Window Center & Width》 ウィンドウレベルの調整

スライダーバーにより Window Center と Window Width を変更する。

※ CTは一般的に-4096 から 4096 までの CT 値のデータを検出することが出来るが、JCDS の開発環境のコンピュータディスプレイではグレイスケールで 256 階調の表示しか出来ない。このためディスプレイに表示できるように正規化が必要がある。この設定を行うことで特定の部位のみを正確に表示することが可能となる。この様にデータの表示領域を制御することをウィンドウレベルの調整という。ウィンドウレベルの調整は、表示する領域幅の中心レベル値を表す Window Center と、レベルの幅を表す Window Width の 2 つのパラメータにより行う。Fig.4.3.4 の例は、0 から 2500 までの領域を画面表示する際の Window Center と Window Width の設定を示している。

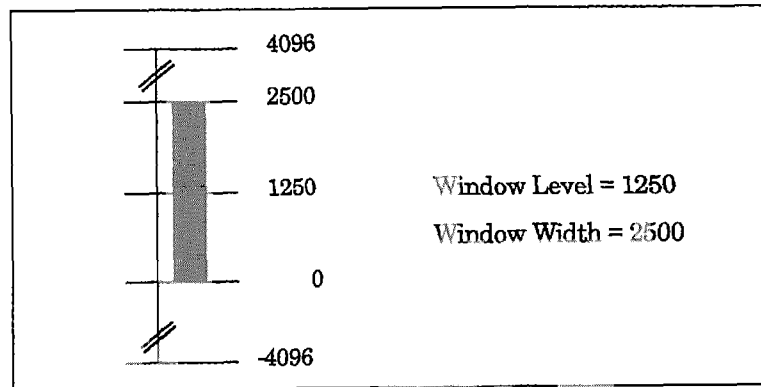


Fig.4.3.4 JCDS の画像表示幅概略図

Fig.4.3.3 の各レベル値のスライダーバーの横にある《...》ボタンによりスライダーバーの最大値、最小値、設定値を変更することが出来る。《...》ボタンをクリックすると、Fig.4.3.5 に示す Slider Value パネルが表示されるので変更したい項目の入力欄に値をキーインする。

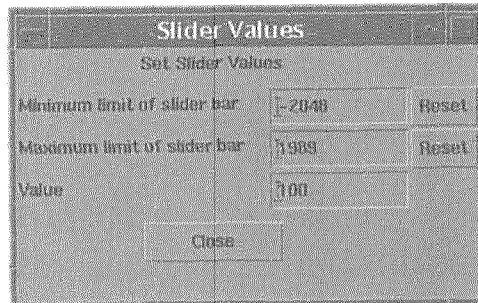


Fig.4.3.5 Slider Value 設定画面



- 3) 《View mode》表示形式の選択  
1 枚(Single)、複数枚(Multi)、任意断面(Oblique)の3種類から選択する。
- 4) 《4 Slice View》4 面図表示の起動  
4 面図表示画面を起動する。このボタンは on/off ボタンである。4 面図表示の詳細は 4.21 節を参照のこと。
- 5) 《popup》4 面図表示パネルのポップアップ  
4 面図表示パネルが他のウィンドウの後ろに隠れてしまった時にこのボタンを押す。

◇1 枚(Single)時パラメータ： Single 表示の画面は、Fig.4.3.2 のとおりである。

Fig.4.3.6 のパラメータ設定画面において

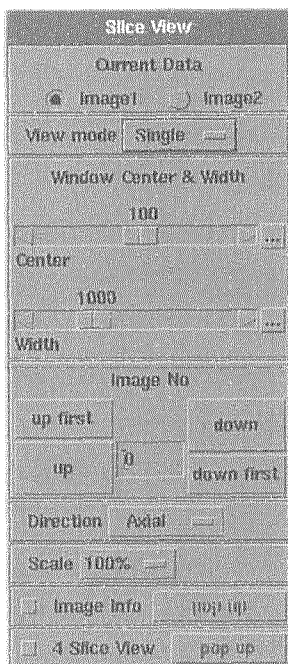


Fig4.3.6 パラメータ設定画面

- 1) 《Image No》表示する断面の選択  
中央の数値フィールドに断面番号をキーインするか、《up》、《down》、《up first》、《down first》ボタンで断面を変更する。《up》は断面番号を1増やし、《down》は断面番号を1減らし、《up first》は断面番号を10増やし、《down first》は断面番号を10減らす。
- 2) 《Direction》表示軸の選択  
Sagittal(YZ 断面)、Coronal(XZ 断面)、Axial(XY 断面)から選択する。
- 3) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択  
25%、50%、100%、200%、400%、user から選択する。user を選択した時は数値フィールドに拡大縮小率をパーセントでキーインする。
- 3) 《Image Info》2次元画像情報の表示  
表示されている画像データ上の値やヒストグラムを表示する2次元画像表示機能をオープンする。このボタンは on/off ボタンである。2次元画像情報表示機能の詳細は 4.20 節を参照のこと。
- 4) 《popup》2次元画像情報表示パネルのポップアップ  
2次元画像情報表示パネルが他のウィンドウの後ろに隠れてしまった時にこのボタンを押す。

◇複数枚(Multi)時パラメータ :

Fig.4.3.7 は、2×2 表示で複数の医療画像を表示する例を示している。

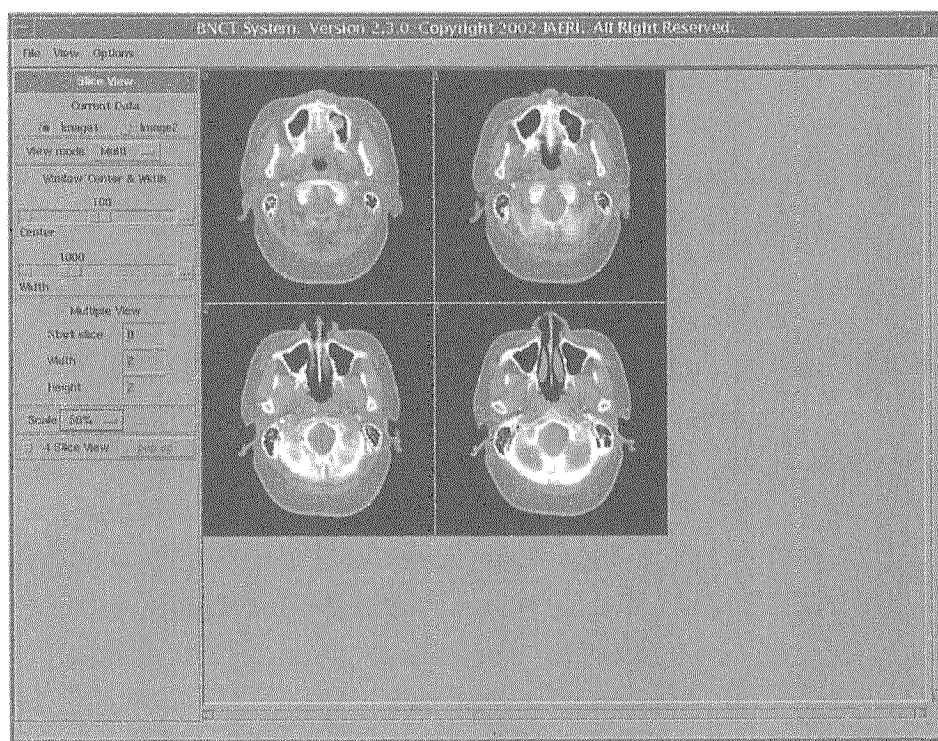


Fig.4.3.7 複数の2次元画像表示

1) 《Multiple View》

Fig.4.3.8 の Multiple View の設定画面において、

[Start Slice] ; 何枚目からの画像を表示させるかをキーインする。

[Width] : 横方向に何枚表示させるかをキーインする。

[Height] : 縦方向に何枚表示させるかをキーインする。

なお、表示する画像の並び順は以下に示すとおりである。

1	2	3	4
5	6	7	8
9	10	11	12

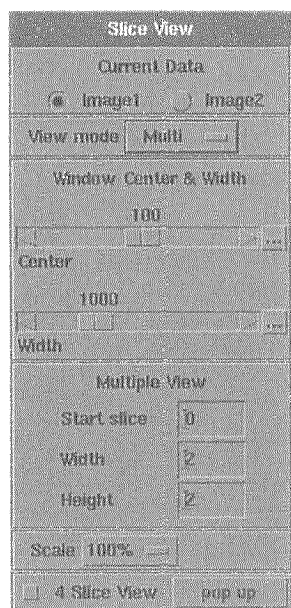


Fig.4.3.8 パラメータ設定画面

2) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択

25%、50%、100%、200%、400%、user から選択する。user を選択した時は数値フィールドに拡大縮小率をパーセントでキーインする。

◇任意断面(Oblique)時パラメータ :

Fig.4.3.9 は、Oblique 表示機能で任意の斜め断面の画像を表示する例を示している。

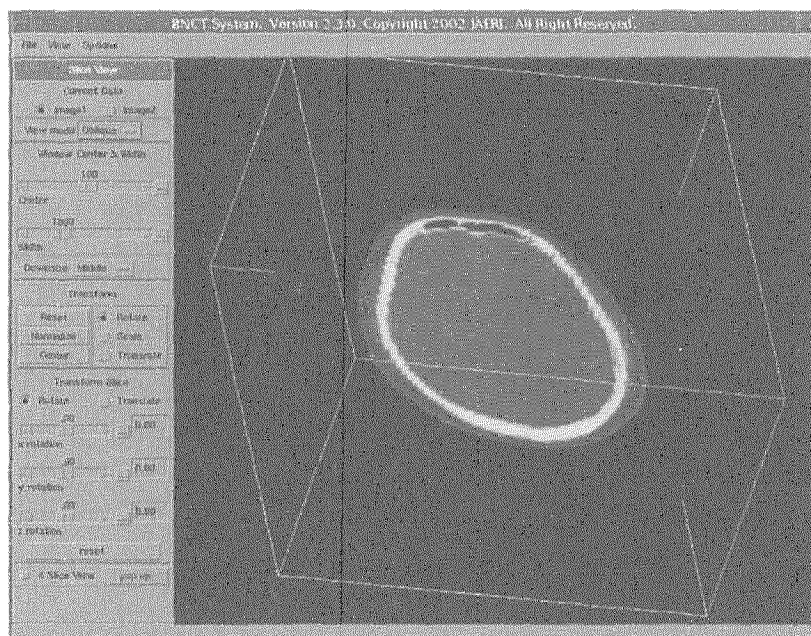


Fig.4.3.9 Oblique 機能による斜め断面表示

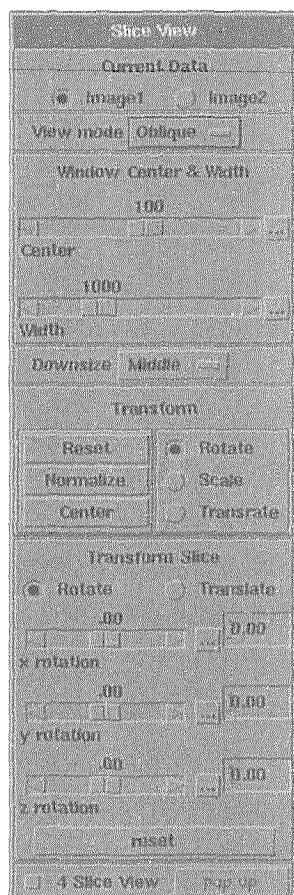


Fig.4.3.10 Oblique パラメータ設定画面

Fig.4.3.10 のパラメータ設定画面において、

1) 《Downsize》画像データの間引き率の選択

表示画像データのXY断面のデータを間引きする。Fine2、Fine1、Middle、Rough1、Rough2 から選択する。Fine2 は元の画像データそのもの、Fine1 はX方向、Y方向それぞれ1/3、Middle は1/5、Rough1 は1/7、Rough2 は1/9 に間引きして表示する。

2) 《Transform》

マウスの機能割り振り及び表示制御を行う。マウスを用いて回転、拡大縮小、移動の各制御を行うことができる。Transform 内のトグルボタン《Rotate》(回転)、《Scale》(拡大縮小)、《Translate》(移動)の中で選択された制御がマウスに割り当てられる。表示オブジェクトの位置を初期値に戻すには《Reset》、オブジェクトを画面一杯のサイズに正規化するには《Normalize》、回転の原点をオブジェクトの中心に設定するには《Center》の各ボタンを押す。

3) 《Transform Slice》任意断面の設定

表示する任意断面を設定する。トグルボタン《Rotate》(回転)、《Translate》(移動)で設定する値を指定する。

・《Rotate》: 任意断面の回転を指定

[x rotation]、[y rotation]、[z rotation] によりそれぞれX、

Y、Z 軸回りの回転角度(deg)を指定する。指定はスライダーバーか数値フィールドを用いて行う。

- ・《Translate》：任意断面の移動を指定

[xtran]、[ytran]、[ztran]によりそれぞれX、Y、Z軸方向の移動を指定する。指定はスライダーバーか数値フィールドを用いて行う。

- ・《reset》ボタンで回転と移動がすべてゼロにリセットされる。

#### 4.4 画像データ編集 [View]-[Edit Data]

読み込んだ Image1、Image2 画像の金属アーチファクトなどの不必要な情報を削除する際に使用する。Image1 画像の場合、その値によって次の 4.5 節 組織設定で患者頭部を骨、軟組織、空気に組織分けを行う。その前に不要なデータを削除しておくためにこの処理を行う。データ編集処理を行わなくても、組織設定後に 4.6 節 組織編集において組織形状の修正を行うことが出来る。Fig.4.4.1 に画像データ編集時のレイアウトを示す。また、Fig.4.4.2 に画像データの編集を行っている様子を示している。

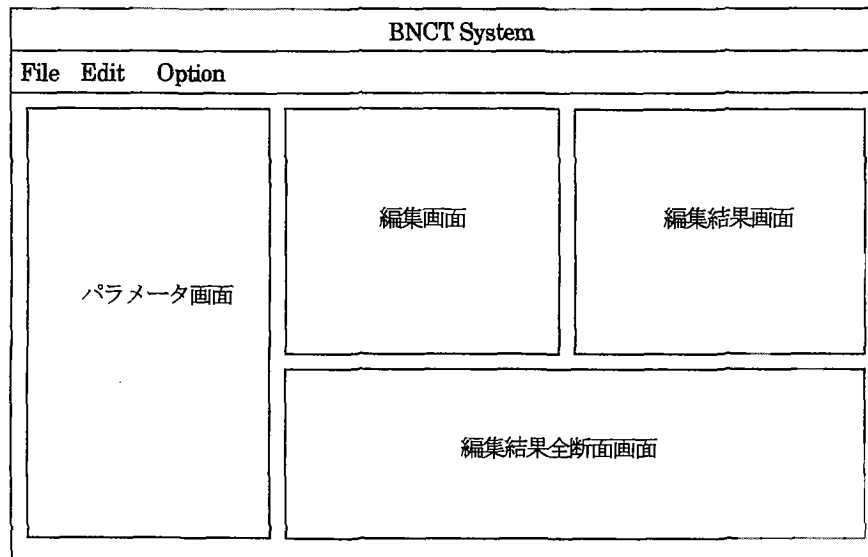


Fig.4.4.1 画像データ編集画面レイアウト

Fig.4.4.1、及び Fig.4.4.2 の左上の編集画面上でマウスドラッグ(マウスボタンを押したままマウスを動かす)して画像の不必要な部分を囲い込む。マウスボタンを離すと削除領域が確定され、削除後の画像が右上編集結果画面と下段編集結果全断面画面に表示される。削除したい箇所がある断面全てに対して同じ処理を実行し最後に《Edit Finished Done》ボタンを押して編集を確定する。《Edit Finished Done》ボタンを押さないと元の画像データは修正されない。マウスドラッグ中に選択範囲を間違えた場合や、囲む範囲をやり直したい場合は、一度マウスボタンを離し、再びマウスドラッグで不必要な範囲を囲めばよい。また、1枚の画像に対して複数の分かれた領域を削除したい場合は、1つ目の削除領域を囲んだときに《Edit Finished Done》ボタンを押して、次の領域を囲んで再び《Edit Finished Done》ボタンを押せばよい。この場合、《Edit Finished Done》ボタンを押した時点で、それまで選択していた領域が一度に削除される

ため、注意が必要である。

下段の編集結果全断面画面上に表示されている断面をマウスクリックすると編集画面がその断面に変更される。

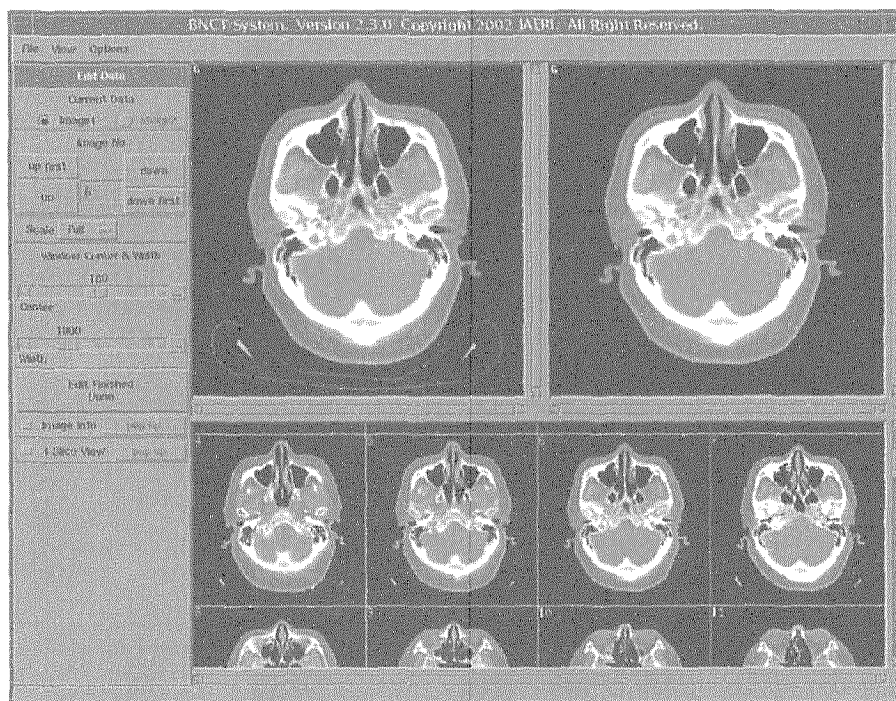


Fig.4.4.2 画像データ編集のサンプル図

◇パラメータ：

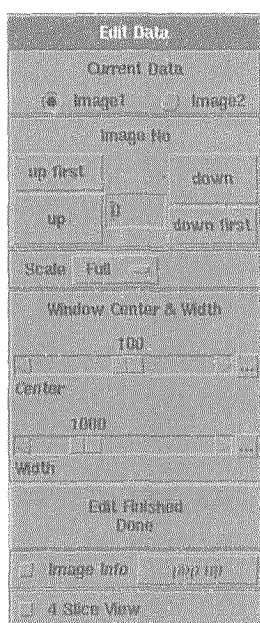


Fig.4.4.3 画像データ編集用パラメータ設定画面

Fig.4.4.3 の画像データ編集用パラメータ設定画面において、

- 1) 《Current Data》 Image1、Image2 のどちらを表示するかを選択
- 2) 《Image No》 表示する断面の選択。(詳細は 4.3 節参照)
- 3) 《Scale》 画面サイズ(拡大縮小)の選択  
25%、50%、100%、200%、400%、user、full から選択する。user を選択した時は数値フィールドに拡大縮小率をパーセントでキーインする。full は画面一杯の大きさとなる。
- 4) 《Window Center & Width》 ウィンドウレベルの調整  
(詳細は 4.3 節参照)
- 5) 《Edit Finished Done》 画像データ編集した内容を確定  
データを編集した場合は、必ずこのボタンをクリックする。
- 6) 《Image Info》 2次元画像情報の表示。(詳細は 4.3 節参照)
- 7) 《popup》 2次元画像情報表示パネルのポップアップ  
(詳細は 4.3 節参照)
- 8) 《4 Slice View》 4面図表示の起動。(詳細は 4.3 節参照)
- 9) 《popup》 4面図表示パネルのポップアップ。(詳細は 4.3 節参照)

#### 4.5 組織設定 [View]-[Set Tissue]

Image1 画像データの値を用いて患者頭部組織を骨、軟組織、空気に組織分けする。各組織には MCNP 計算用の物性値が与えられる。組織データとしては別に腫瘍部およびリチウムヘルメットがあるが、これらは 4.7 節の ROI 設定&編集において定義する。Fig.4.5.1 に組織設定画面のレイアウトを示す。また、Fig.4.5.2 に組織設定によって骨、軟組織及び空気の領域分けを行った様子を示す。

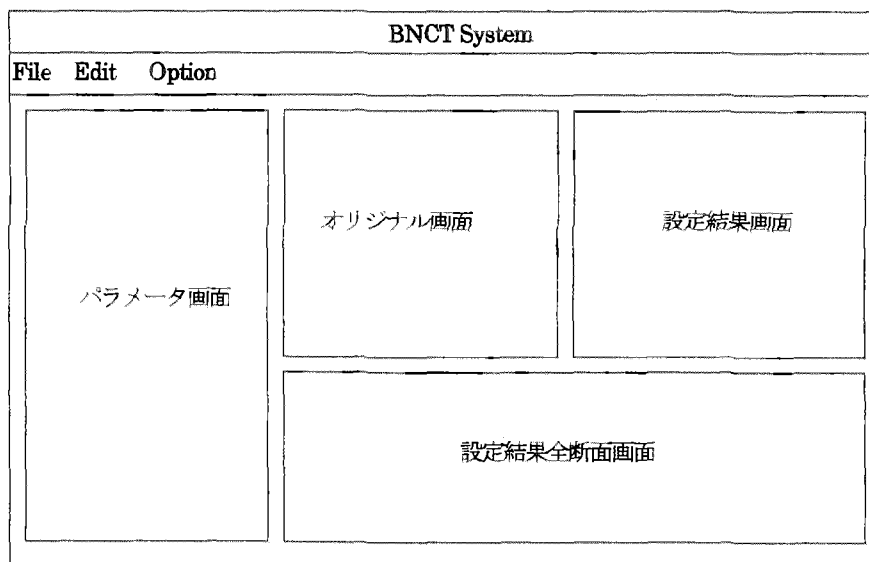


Fig 4.5.1 組織設定画面レイアウト

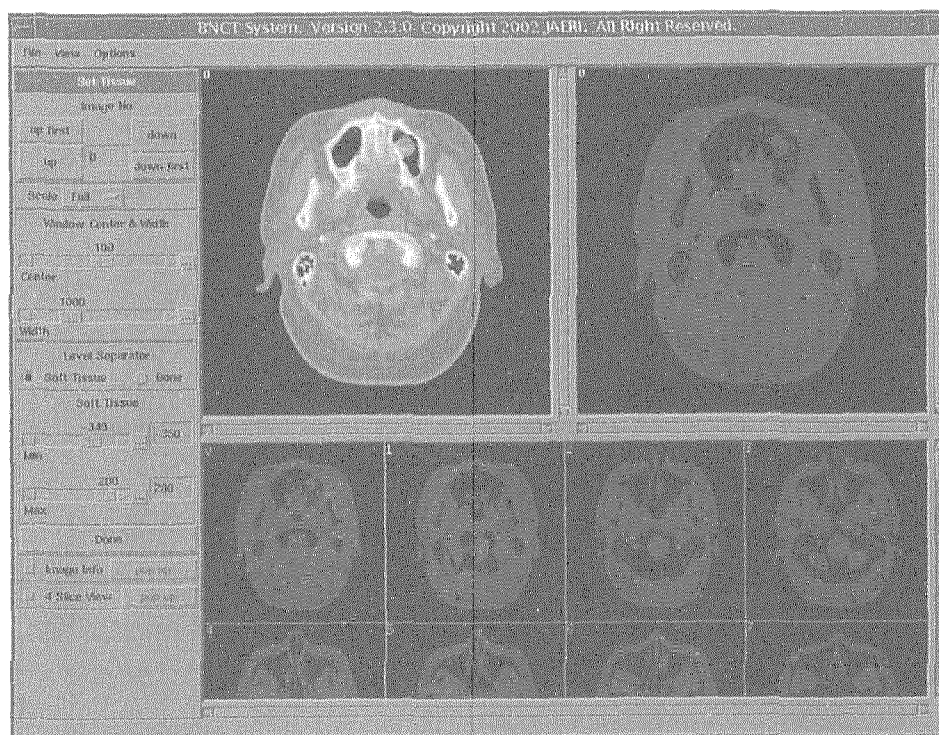


Fig.4.5.2 組織設定により骨、軟組織及び空気の領域分けを行った様子。

Fig.4.5.3 に組織設定処理における画像データ値の領域分けの概略を示す。概略骨の最大値と最小値及び、軟組織の最大値と最小値を設定すると、組織分けされた画像が右上設定結果画面と下段設定結果全断面画面に表示される。なお、骨の最小値が軟組織の設定範囲の上限値となる。空気領域は、全データ範囲の骨と軟組織を除いた範囲全てが自動的に設定される。それぞれの範囲を設定した後、《Done》ボタンを押して設定を確定する。《Done》ボタンを押さないと組織区分データは修正されないので注意が必要である。

下段の設定結果全断面画面上に表示されている断面をマウスクリックするとオリジナル画面がその断面に変更される。

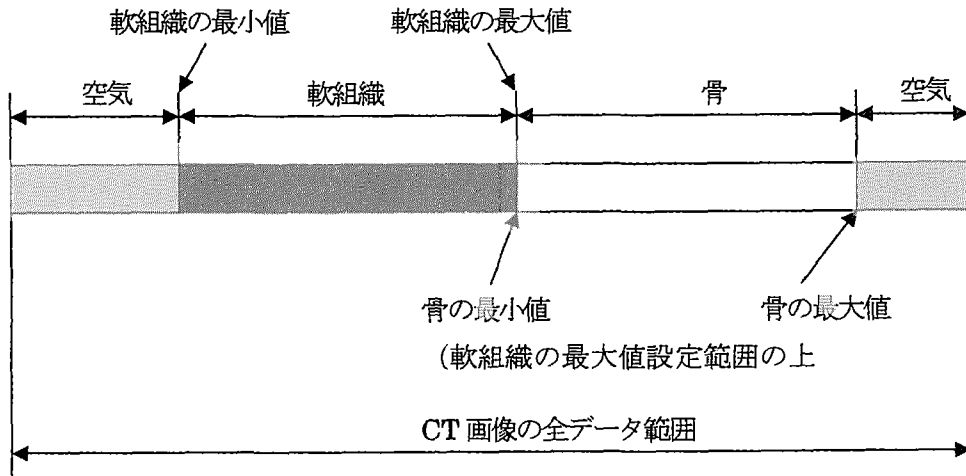


Fig.4.5.3 組織設定における画像データ値の設定概略図

◇パラメータ :

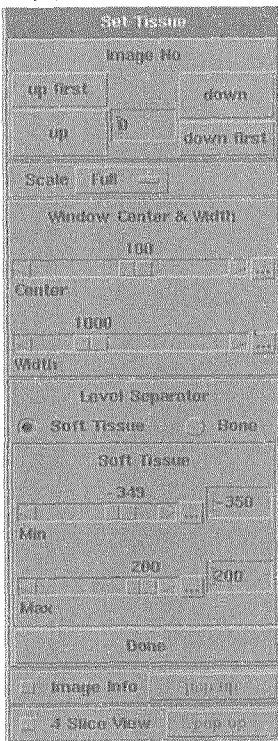


Fig.4.5.4 組織設定パラメータ設定画面

Fig.4.5.4 の組織設定のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Image No》表示する断面の選択。(詳細は 4.3 節参照)
- 2) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択。(詳細は 4.4 節参照)
- 3) 《Window Center & Width》ウィンドウレベルの調整(詳細は 4.3 節参照)
- 4) 《Level Separator》骨と軟組織の最大最小値を設定  
トグルボタン《Soft Tissue》(軟組織)、《Bone》(骨)で設定する組織を選択し、それぞれの最大最小値をスライダーバー又は数値フィールドで指定する。
- 5) 《Done》組織区分を確定
- 6) 《Image Info》2次元画像情報の表示。(詳細は 4.3 節参照)
- 7) 《popup》2次元画像情報表示パネルのポップアップ(詳細は 4.3 節参照)
- 8) 《4 Slice View》4面図表示の起動。(詳細は 4.3 節参照)
- 9) 《popup》4面図表示パネルのポップアップ。(詳細は 4.3 節参照)

4.6 組織編集 [View]-[Edit Tissue]

組織設定 [View]-[Set Tissue]で分割した組織をマウス操作で修正する。Image1 のデータ値による組織分けで不十分な場合や、開頭 BNCT を行う場合は本処理により組織の修正を行う。Fig.4.6.1 に組織編集画面のレイアウトを示す。また、Fig.4.6.1 に組織編集を行っている様子を示す。また、Fig.4.6.2 は骨、軟組織及び空気領域の編集を行っている様子を示している。

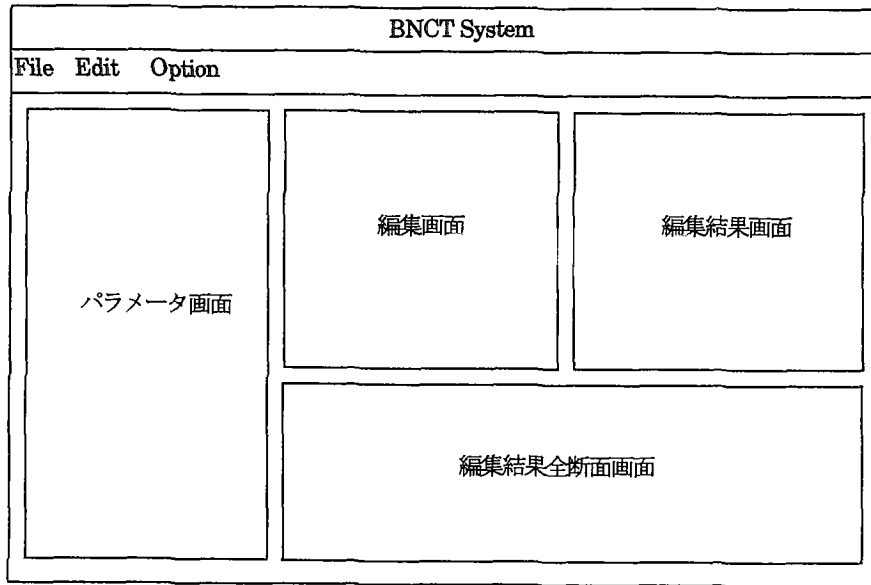


Fig.4.6.1 組織編集画面レイアウト

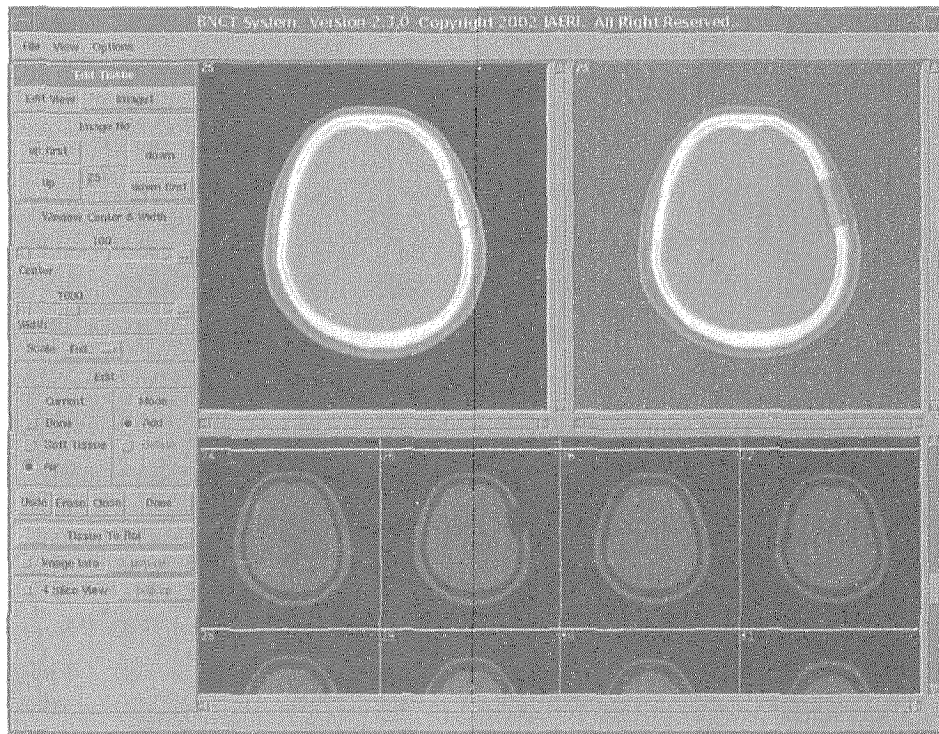


Fig.4.6.2 組織編集による骨、軟組織及び空気領域の編集



各組織について形状の追加、削除が出来る。Fig.4.6.2 では、骨、軟組織の一部を削除し、その部分を空気に置き換えている。メニュー画面で処理したい組織とその組織を追加するか削除するかを選び、左上編集画面上で追加又は削除したい組織の領域をマウスクリックで複数点指定して囲み、《Close》ボタンで領域を決定する。《Done》ボタンにより修正が実行され、組織データが変更される。右上編集結果画面と下段編集結果全断面画面に修正後の組織が表示される。

”軟組織”を”削除”とした場合は軟組織のみが削除(空気に変換)され、指定した領域に骨が存在しても、その骨は削除されない。軟組織と骨を同時に削除するには、”空気”を”追加”にして領域を設定すれば、その部分の組織が全て空気に変換される。

《Done》ボタンを押した後、1度だけ《Undo》ボタンにより修正前の組織データに戻すことが出来る。

下段の編集結果全断面画面上に表示されている断面をマウスクリックすると編集画面がその断面に変更される。

#### ◇パラメータ :

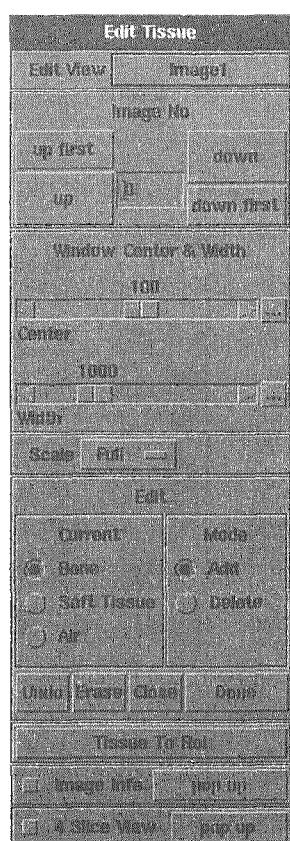


Fig.4.6.3 組織編集パラメータ設定画面

Fig.4.6.3 のパラメータ設定画面において、

#### 1) 《Edit View》編集画面の表示オプション

編集画面の表示を **Image1**、**Image1&Roi**、**Image1&Beam**、**Image1&Roi&Beam** から選択する。**Image1** は **Image1** のみの表示、**Image1&Roi** は **Image1** の上に **Roi** をカラー表示、**Image1&Beam** は **Image1** の上に入射ビームを表示、**Image1&Roi&Beam** は **Image1** の上に **Roi** をカラー表示しさらに入射ビームを表示する。

#### 2) 《Image No》表示する断面の選択。(詳細は 4.3 節参照)

#### 3) 《Window Center & Width》ウィンドウレベルの調整

(詳細は 4.3 節参照)

#### 4) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択。(詳細は 4.4 節参照)

#### 5) 《Edit》組織の編集

**Current** トグルボタン《**Soft Tissue**》(軟組織)、《**Bone**》(骨)、《**Air**》(空気)で編集する組織を選択し、**Mode** トグルボタン《**Add**》(追加)、《**Delete**》(削除)で追加か削除かを選択する。

追加の場合は指定した領域が指定した組織に変更される。

削除の場合は指定した領域内の指定した組織が空気に変更される。

骨と軟組織を両方削除する場合は《**Air**》(空気)を《**Add**》(追加)を指定すれば良い。

#### 6) 《Undo》編集する前の状態に戻す。この機能は《Done》ボタンを押した後1度だけ使用できる。編集する断面を変更した場合(**Image No** を変更)は使用できない。

#### 7) 《Erase》マウスピックした点を1点戻す。

- 8) 《Close》領域を決定する。
- 9) 《Done》組織の修正を実行する。
- 10) 《Tissue To Roi》組織データの骨と軟組織をそのまま Image1 の ROI として登録するオプション  
骨を ROI 番号 1 に ROI 名 "Bone" として、軟組織を ROI 番号 2 に ROI 名 "Soft Tissue" として登録する。すでに ROI 番号 1 および 2 に ROI を作成してあった場合は、その ROI は削除される。また、他の ROI も領域が重なっている部分は骨と軟組織によって書き換えられてしまう。
- 11) 《Image Info》2 次元画像情報の表示。(詳細は 4.3 節参照)
- 12) 《popup》2 次元画像情報表示パネルのポップアップ。(詳細は 4.3 節参照)
- 13) 《4 Slice View》4 面図表示の起動。(詳細は 4.3 節参照)
- 14) 《popup》4 面図表示パネルのポップアップ。(詳細は 4.3 節参照)

#### 4.7 ROI 設定&編集 [View]-[Edit Roi]

関心領域 (ROI) の設定及び修正を行う。Fig.4.7.1 に ROI 設定&編集の画面レイアウトを示す。また Fig.4.7.2 に MRI 画像データを使って ROI の設定を行っている様子を示す。

画面上に表示された画像データの上をマウスクリックして ROI 領域を指定する。画像データの各スライス面で ROI 領域の指定を行うことにより、3 次元の ROI 形状を定義する。ROI として設定した領域の MCNP 計算結果は、ヒストグラム表示やスプレッドシート出力が行える。ROI は Image1 画像、Image2 画像どちらでも定義することが出来る。

腫瘍部やリチウムヘルメットも ROI として形状を設定する。骨、軟組織と腫瘍部、リチウムヘルメットは領域が重なるが、MCNP 計算時の物性値は腫瘍部、リチウムヘルメットの値が使用される。

また、ROI を複数指定して 1 つの ROI として定義するマルチ ROI を設定することが出来る。

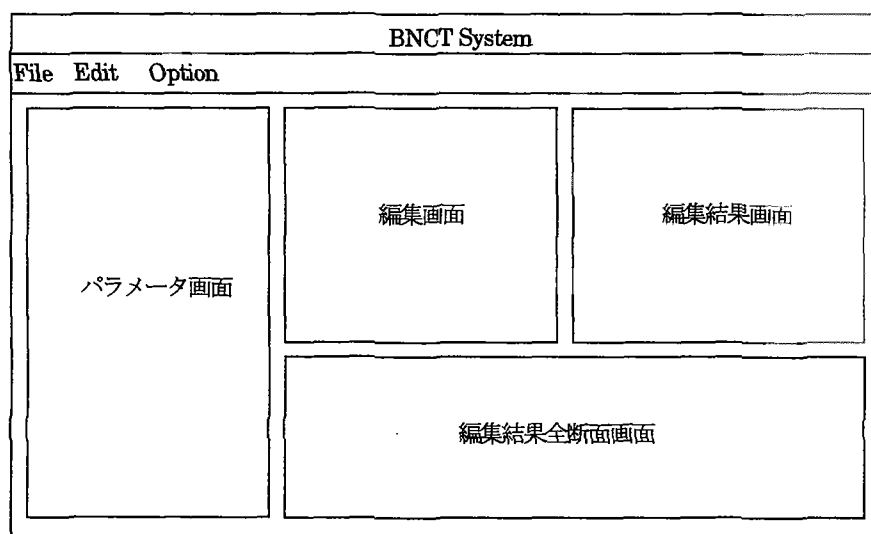


Fig.4.7.1 ROI 設定&編集の画面レイアウト

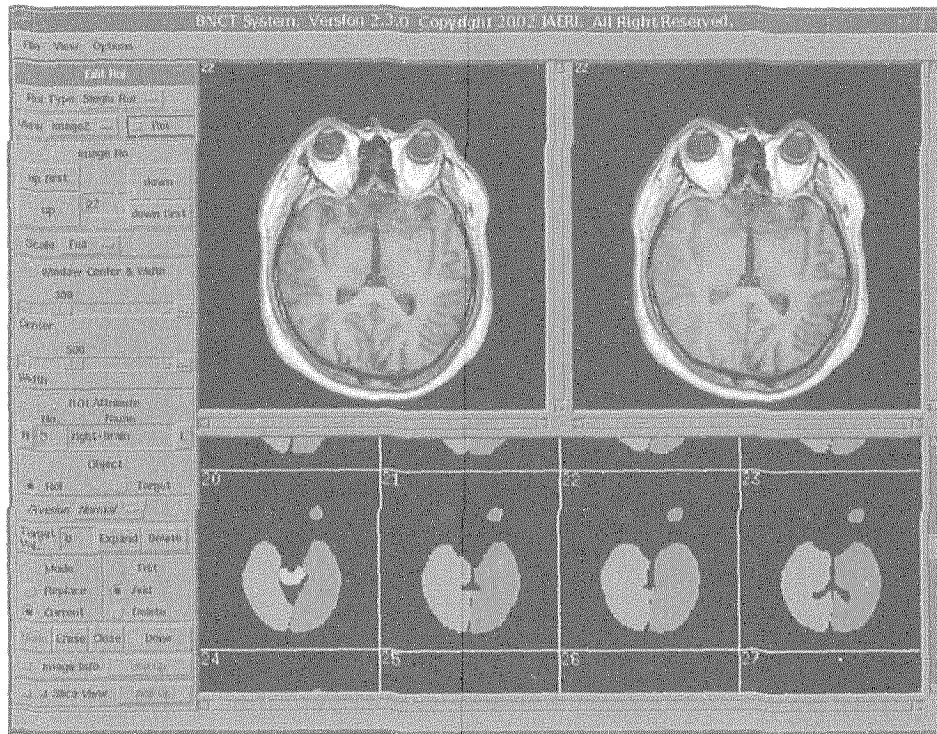


Fig.4.7.2 MRI データによる ROI 設定

先ず、《ROI Attribute》《N》ボタンで新規 ROI を設定する。既存の ROI は《ROI Attribute》《L》ボタンにより表示される ROI リストから選択する。

ROI は Image1 画像から作成した場合は Image1 座標系上に、Image2 画像から作成した場合は Image2 座標系上に作成される。それぞれの ROI を Image1-ROI、Image2-ROI と呼ぶことにする。それぞれの ROI は異なる座標系上に存在するため、そのままでは使用できないので、後述の 4.8 節 Image1/Image2 合成 [View]-[Match Image]の処理により Image2-ROI を Image1-ROI に変換して処理を行う。

Fig.4.7.1 及び Fig.4.7.2 の左上の編集画面上で、ROI の領域をマウスクリックで複数点指定して囲み、《Close》ボタンで追加又は削除したい領域を決定する。マウスクリックの指定を間違った場合や指定場所を変更したい場合は、《Erase》ボタンを押すことにより一つ前の指定点を削除して設定しなおすことができる。《Done》ボタンにより修正が実行され、ROI データが変更される。右上編集結果画面と下段編集結果全断面画面に修正後の ROI が表示される。

《Done》ボタンを押した後、1度だけ《Undo》ボタンにより修正前の ROI データに戻すことができる。

下段の編集結果全断面画面上に表示されている断面をマウスクリックすると編集画面がその断面に変更される。

JCDS において ROI は互いに重なり合うことが出来ない。既に設定している ROI 領域に対して、新規もしくは他の修正中の ROI 領域を後から重ねて設定すると、その領域は後から設定した ROI に置き換えられ、先に設定していた ROI はその部分が削除される。右脳、左脳の様な設定をしたい時は、マルチ ROI を使用する。マルチ ROI は、複数のシングル ROI の集合として定義される。

## ◇共通パラメータ：

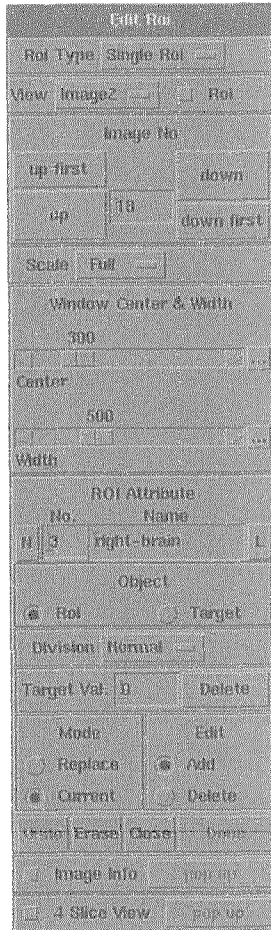


Fig.4.7.3 ROI 設定 & 編集用パラメータ設定画面

Fig.4.7.3 の ROI 設定&編集のためのパラメータ設定画面において、

- 1) 《Roi Type》ROI のタイプ  
Single Roi、Multi Roi を選択する。
- 2) 《Edit View》編集画面の表示オプション  
編集画面の表示を Image1、Image1&Roi または Image2、Image2&Roi から選択する。Image1 は Image1 のみの表示、Image1&Roi は Image1 の上に ROI をカラー表示する。Image2 も同様である。Image1 か Image2 かはその ROI が Image1-ROI か Image2-ROI かによる。
- 3) 《4 Slice View》4 面図表示の起動。(詳細は 4.3 節参照)
- 4) 《popup》4 面図表示パネルのポップアップ。(詳細は 4.3 節参照)

## ◇Single Roi 時パラメータ：

Fig.4.7.4 に示す Single Roi 設定時のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Image No》表示する断面の選択。(詳細は 4.3 節参照)
- 2) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択。(詳細は 4.4 節参照)
- 3) 《Window Center & Width》ウィンドウレベルの調整  
(詳細は 4.3 節参照)
- 4) 《Roi Attribute》ROI の設定&編集を行う。

## ○ ROI の新規作成

《N》ボタンを押す。“Create New Roi?”パネルが表示されるので、パネル上の《OK》ボタンを押す。“Choice Image for Roi”パネルが表示されるので、Image1-ROI ならパネル上の《Image1》ボタン、Image2-ROI ならパネル上の《Image2》ボタンを押す。

## ○ 既存 ROI の編集

《L》ボタンを押す。Fig.4.7.5 に示す “ROI LIST” パネルが表示されるので、編集を行いたい ROI をリストの中からマウスでクリックして選ぶ。

## ○ 既存 ROI の削除

《L》ボタンを押す。“ROI LIST” パネルが表示されるので、削除したい ROI をリストの中からマウスでクリックして選び、《Delete》ボタンを押す。“Delete This Roi?”パネルが表示されるので、パネル上の《OK》ボタンを押す。

- ・ 《Name》ROI の名前をキーインする。
- ・ 《Object》編集の対象が ROI かターゲット領域かを選択する。
- ・ 《Division》ROI が腫瘍 (Tumor) か正常細胞 (Normal) かを選択する。
- ・ 《Target Val》ターゲット領域の作成

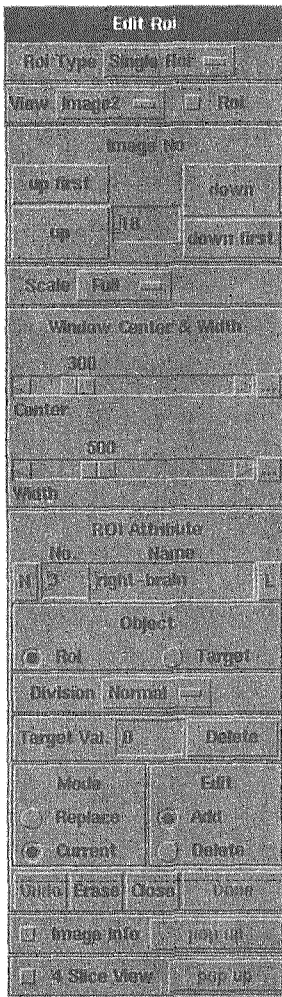


Fig.4.7.4 SingleRoi設定時のパラメータ設定画面

この ROI を拡張してターゲット領域を作成する時の拡張幅。ROI を拡張してターゲット領域を作成する時は、《Expand》 ボタンを押す。一度作成したターゲット領域を削除する時は、拡張幅をゼロにして、《Delete》 ボタンを押す。

・《Mode》編集モード1

**Current** は、現在の ROI 又はターゲット領域断面に追加・削除の編集を行う。**Replace** は、現在の断面上の ROI 又はターゲット領域をクリアして新たに領域の設定を行う。

・《Edit》編集モード2

**Add** は、マウスピックした領域を追加する。**Delete** は、マウスピックした領域を削除する。

・《Undo》編集する前の状態に戻す。

この機能は《Done》 ボタンを押した後1度だけ使用できる。編集する断面を変更した場合(**Image No** を変更)は使用できない。

・《Erase》マウスピックした点を1点戻す。

・《Close》領域を決定する。

・《Done》組織の修正を実行する。

5) 《Image Info》2次元画像情報の表示。(詳細は4.3節参照)

6) 《popup》2次元画像情報表示パネルのポップアップ。

(詳細は4.3節参照)

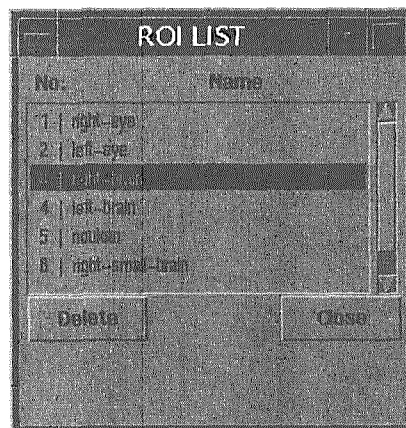


Fig.4.7.5 ROI LIST

## ◇Multi Roi 時パラメータ :

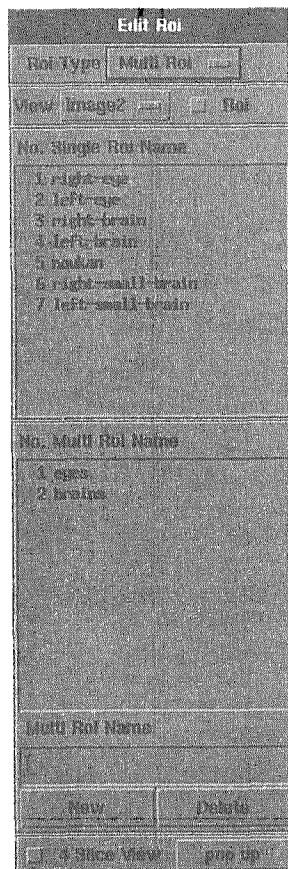


Fig.4.7.6 の MultiRoi のパラメータ設定画面において、

- 1) 《No. Single Roi Name》 シングル ROI のリスト  
マルチ ROI を構成するシングル ROI を選択する。shift ボタンや Ctrl ボタンを併用して複数選択可。
- 2) 《No. Multi Roi Name》 マルチ ROI のリスト  
変更するマルチ ROI の選択。
- 3) 《Multi Roi Name》 マルチ ROI の名前をキーインする。
- 4) 《New》 マルチ ROI の新規作成。
- 5) 《Delete》 マルチ ROI の削除。

Fig.4.7.6 MultiRoi 設定時のパラメータ設定画面

#### 4.8 Image1/Image2 合成 [View] - [Match Image]

Image1-ROI と Image2-ROI の位置合せを行い、Image2-ROI を Image1-ROI 上に座標変換して移動する。位置合せは多点マーカにより行う。また、ここで設定した点(Compound 点)は後の患者位置設定用の点としても利用される。Fig.4.8.1 に Image1/Image2 合成の画面レイアウトを示す。また、Fig.4.8.2 に合成を行っている例を示す。

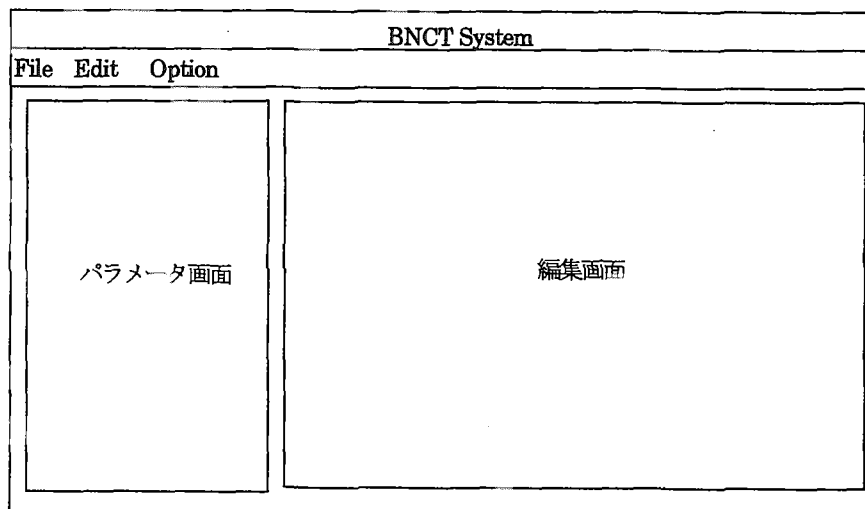


Fig.4.8.1 Image1/Image2 合成の画面レイアウト

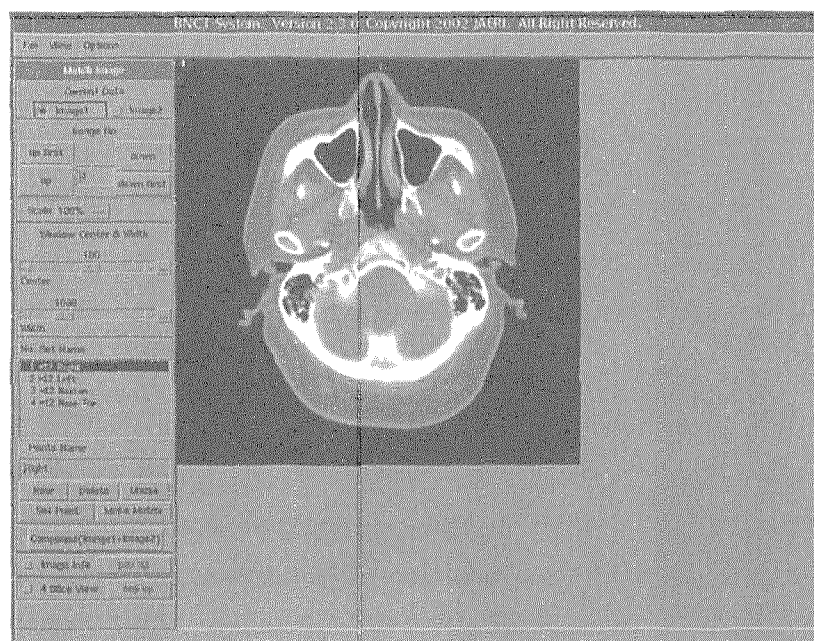


Fig.4.8.2 Image1 による合成のための Compound 点設定

《New》で新しく設定する Compound 点を作成する。Point Name に任意の名前を入力する。画像上でマウスピックにより対応する Compound 点の位置を選定する。《Set Point》により位置を確定する。同一の Compound 点について Image1、Image2 それぞれに設定する。Fig.4.8.2 は、Image1 に対して合成の

ための3つのCompound点を設定した様子を示している。

一度設定したCompound点の位置を変更したい場合は、Set Name画面のリスト上で該当するCompound点をクリックし、さらに画像上をマウスクリックして新しい位置を選定し、《Set Point》で確定すれば良い。また、一度設定したCompound点を削除したい時は、リスト上で該当する点をクリックして《Delete》ボタンにより削除される。

Image2座標系からImage1座標系への座標変換マトリクスの作成に使用しないCompound点は《Unuse》ボタンにより宣言する。このボタンはOn/Offボタンなので、Unuse宣言するとボタンがUseに変わるので、Unuse宣言したCompound点を再び使用したい時は、《Use》ボタンを押せば良い。

Image1、Image2それぞれ3点以上設定が終わったら《Make Matrix》ボタンを押し、Image2座標系からImage1座標系への変換マトリクスを作成する。なお、Compound点として設定する各点の位置は、同一平面上または同一平面に近い場所に設定されていると座標変換マトリクスの精度が悪くなるため注意が必要である。特にCompound点が3点の場合は、直線上または直線に近い位置に設定しないようにしなければならない。

最後に《Compound(Image1+Image2)》ボタンを押すと、先ずImage1-ROIが最終的なROIを保持するメモリーにコピーされ、次にImage2-ROIが座標変換されてImage1-ROIと重ね合わされる。従って、Image1-ROIとImage2-ROIの領域が重なっていた場合は、Image2-ROIが優先される。なお、ROIをすべてImage1で作成した場合でも、この処理が必要である。

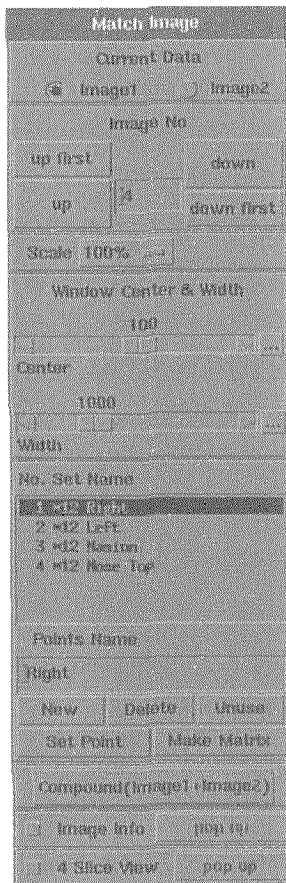


Fig.4.8.3 合成処理の  
パラメータ設定画面

◇パラメータ：

Fig.4.8.3の合成処理のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Current Data》Image1、Image2のどちらを表示するかを選択。
- 2) 《Image No》表示する断面の選択。(詳細は4.3節参照)
- 3) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択。(詳細は4.4節参照)
- 4) 《Window Center & Width》ウィンドウレベルの調整  
(詳細は4.3節参照)
- 5) 《No. Set Name》既に設定されている点のリスト。
- 6) 《Point Name》現在設定中の点の名前。
- 7) 《New》新しく点を作成する。
- 8) 《Delete》現在設定中の点を削除する。
- 9) 《Unuse》現在設定中の点は座標変換マトリクスの作成に使用しない。
- 10) 《Set Point》現在設定中の点の位置を確定する。
- 11) 《Make Matrix》座標変換マトリクス作成  
Image2座標系からImage1座標系への座標変換マトリクスを作成する。
- 12) 《Compound(Image1+Image2)》合成  
Image2-ROIを座標変換してImage1-ROIと重ね合わせてROIを作成する。
- 13) 《Image Info》2次元画像情報の表示。(詳細は4.3節参照)



- 14) 《popup》2次元画像情報表示パネルのポップアップ  
(詳細は4.3節参照)
- 15) 《4 Slice View》4面図表示の起動。(詳細は4.3節参照)
- 16) 《popup》4面図表示パネルのポップアップ。(詳細は4.3節参照)

#### 4.9 3次元表示 [View]-[View 3D]

設定された組織区分やROIから3次元画像を作成し表示する。Fig.4.9.1に3次元画像処理の画面レイアウトを示す。また、Fig.4.9.2は3次元表示機能を使用し、頭部3次元モデルを表示した様子である。

本処理には以下の機能がある。

- ① 3次元画像により組織区分およびROI形状の確認を行う。
- ② 照射点の設定を行う。
- ③ 入射ビームの角度設定を行う。
- ④ ホウ素濃度の設定を行う。
- ⑤ 患者位置設定のための任意点、任意線の設定・表示を行う。
- ⑥ 実際のBNCT実施時に3次元ディジタイザの測定から得られる患者の照射位置データを基に、ビーム孔に対する頭部位置条件を再現する。

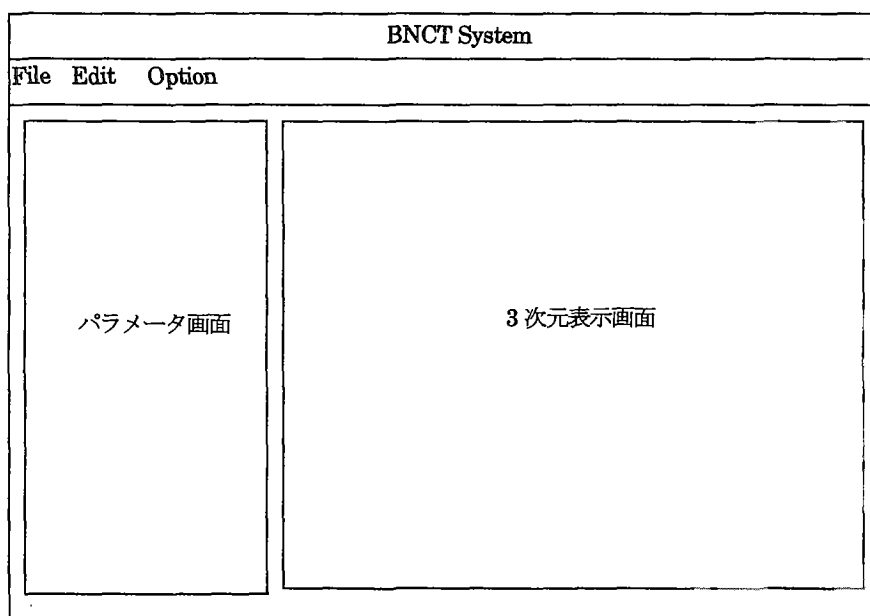


Fig.4.9.1 3次元表示の画面レイアウト

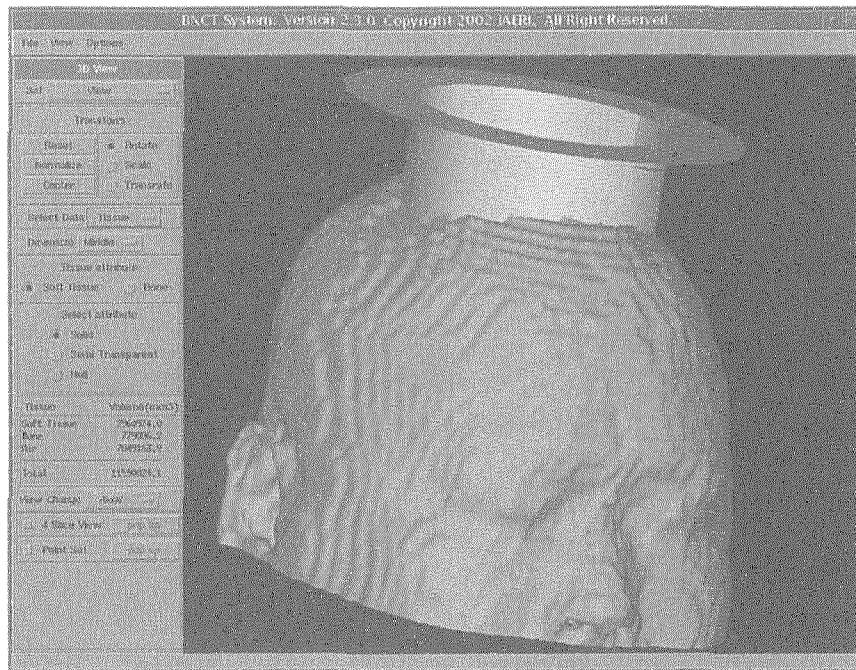


Fig.4.9.2 頭部3次元モデルの表示

◇共通パラメータ :

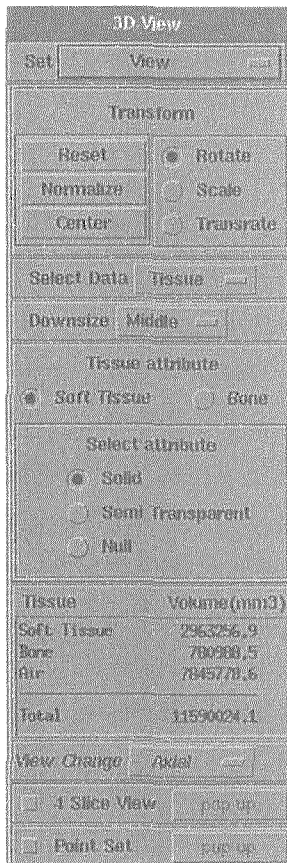


Fig.4.9.3 3次元表示のパラメータ設定画面

Fig.4.9.3 の3次元表示のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Set》機能選択  
3次元表示の制御(View)、照射点の設定(Target Point)、入射ビームの角度設定(Incidence Angle)、ホウ素濃度設定(Boron Concentration)を選択。
- 2) 《View Change》視点の移動  
視点を変更する。Sagittal、Coronal、Axial、Beam -X (ビーム出口からビームの進む方向に見る)、Beam +Y (天井から見る)、Beam -Z (ビームの進行方向横から見る)、Beam +Z (ビームの進行方向横から見る)の中から選択する。
- 3) 《4 Slice View》4面図表示の起動。(詳細は4.3節参照)
- 4) 《popup》4面図表示パネルのポップアップ。(詳細は4.3節参照)
- 5) 《Point Set》患者位置設定・表示、患者位置再現の起動。(詳細は後述)
- 6) 《popup》患者位置設定・表示パネルのポップアップ  
患者位置設定・表示パネルが他のウィンドウの後ろに隠れてしまった時にこのボタンを押す。

## ◇3次元表示(《Set》をViewに設定)の制御パラメータ:

設定した組織、ROIの形状を、3次元画像により確認する。

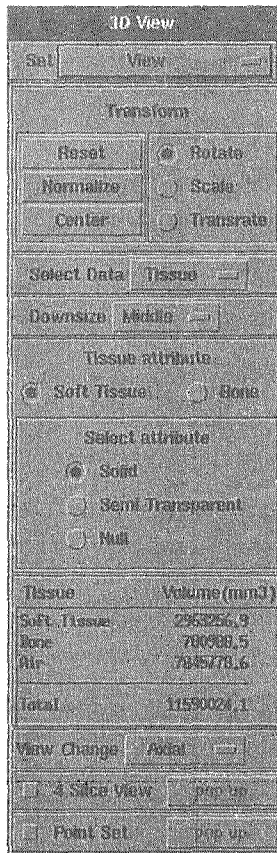


Fig.4.9.4 3次元表示のパラメータ設定画面

Fig.4.9.4 と Fig.4.9.5 に示す個々の設定項目に対するパラメータ設定画面において、

- 1) 《Transform》マウスの機能割り振り及び表示制御  
マウスを用いて回転、拡大縮小、移動の各制御を行うことが出来る。Transform 内のトグルボタン《Rotate》(回転)、《Scale》(拡大縮小)、《Translate》(移動)の中で選択された制御がマウスに割り当てられる。表示オブジェクトの位置を初期値に戻すには《Reset》、オブジェクトを画面一杯のサイズに正規化するには《Normalize》、回転の原点をオブジェクトの中心に設定するには《Center》の各ボタンを押す。
- 2) 《Select Data》制御対象の選択  
表示の制御を行う対象を、組織区分(Tissue)、ROI(Roi)、ビーム(Beam)、マルチ ROI(Multi Roi)の中から選択する。
- 3) 《Downsize》データの間引き率の選択  
3次元表示の元となる組織区分データや ROI データの XY 断面のデータを間引きする。Fine2、Fine1、Middle、Rough1、Rough2 から選択する。Fine2 は元の画像データそのもの、Fine1 は X 方向、Y 方向それぞれ 1/3、Middle 1/5、Rough1 は 1/7、Rough2 は 1/9 に間引きしてから 3次元表示する。
- 4) 《Select Data》Tissue 時  
《Tissue Attribute》で軟組織(Soft Tissue)か骨(Bone)を選び、《Select Attribute》で通常表示(Solid)、半透明表示(Semi Transparent)、非表示(Null)を選択する。
- 5) 《Select Data》Roi 時  
《Roi type》で制御の対象を腫瘍(Tumor)か正常細胞(Normal)から選び、《Select Attribute》で通常表示(Solid)、半透明表示(Semi Transparent)、非表示(Null)を選択する。個々の ROI の表示・非表示を設定は、ROI のリスト上で設定する ROI をマウスクリックするたびに表示(on)、非表示(off)の切り替えが行われ、《Done》ボタンを押して実行する。
- 6) 《Select Data》Beam 時  
《Select Attribute》でビームの通常表示(Solid)、半透明表示(Semi Transparent)、非表示(Null)を選択する。
- 7) 《Select Data》Multi Roi 時  
個々のマルチ ROI の表示・非表示を、マルチ ROI のリスト上で設定するマルチ ROI を選び、《on/off》ボタンで表示(on)、非表示(off)を設定して、《Done》ボタンを押して実行する。

《Select Data》  
Tissue 時

《Select Data》  
Roi 時

《Select Data》  
Beam 時

《Select Data》  
Multi Roi 時

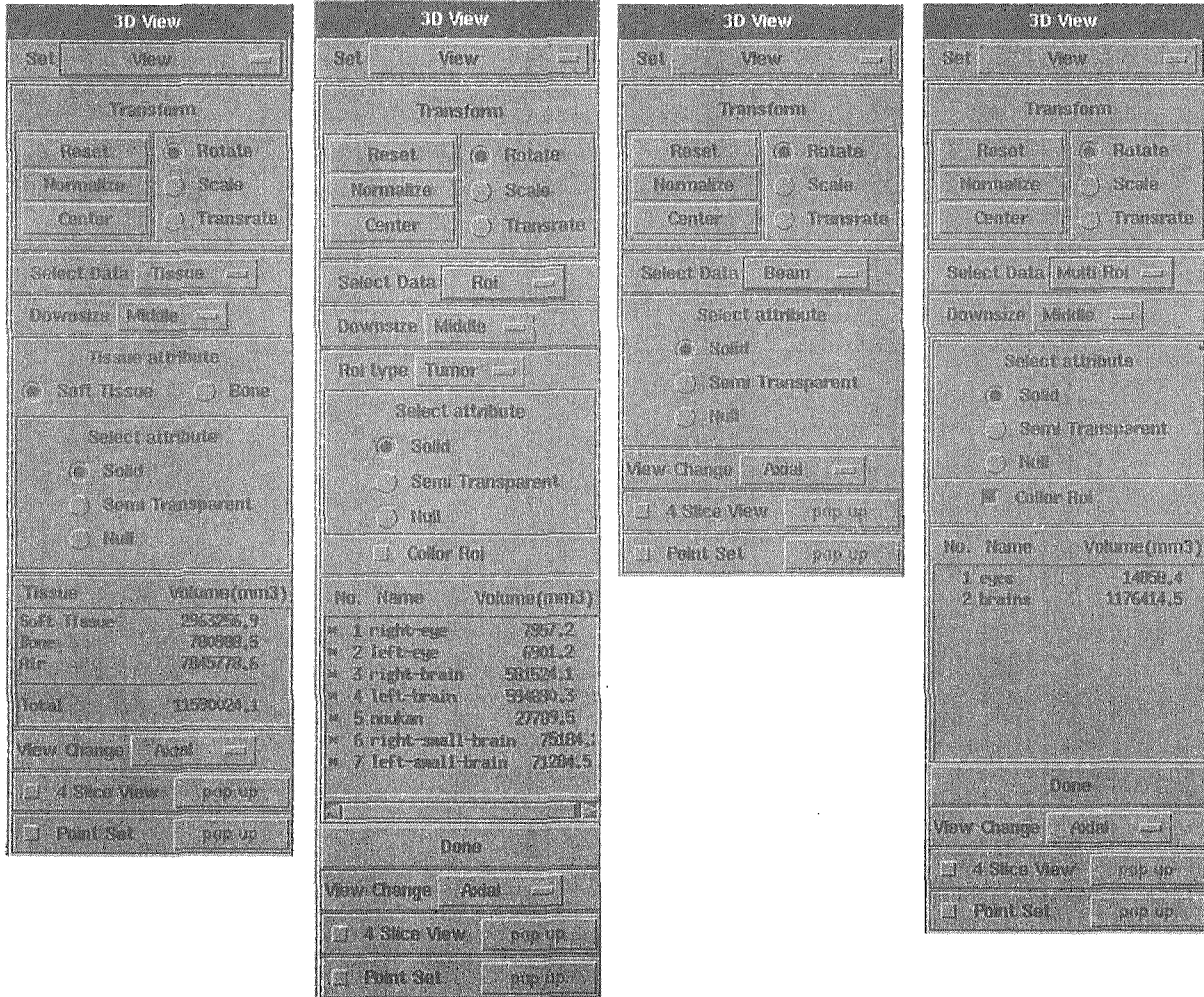


Fig.4.9.5 各設定項目におけるパラメータ設定画面

◇照射点の設定(《Set》をTargetPointに設定)パラメータ :

本機能のみ他の機能と画面構成が異なり、Axial、Coronal、Sagittalの3面図が表示される。各断面表示上の位置をマウスでクリックする事により照射点を設定する。ある断面をマウスクリックすると、他の2断面の表示はその点を含む断面に自動的に移動する。Fig.4.9.6に照射点の設定のための画面レイアウトを示す。また、Fig.4.9.7に照射点を設定している様子を示す。

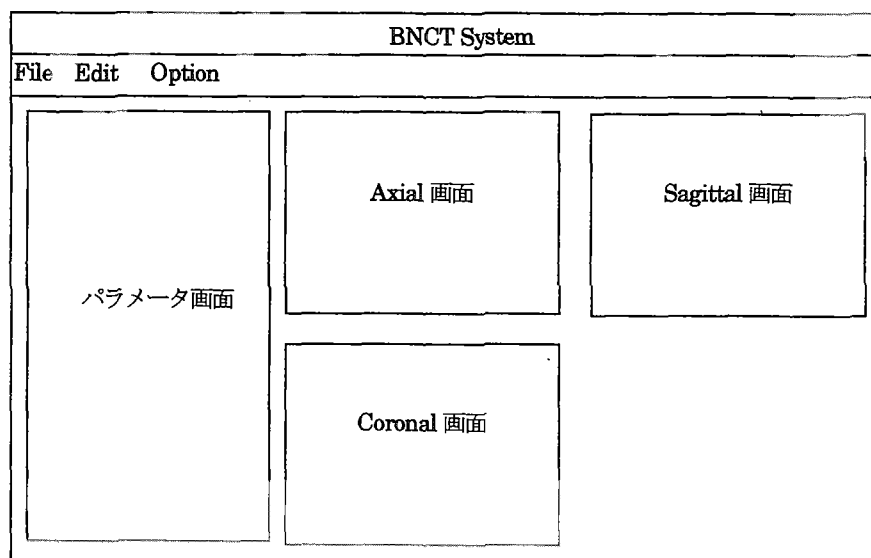


Fig.4.9.6 照射点設定の画面レイアウト

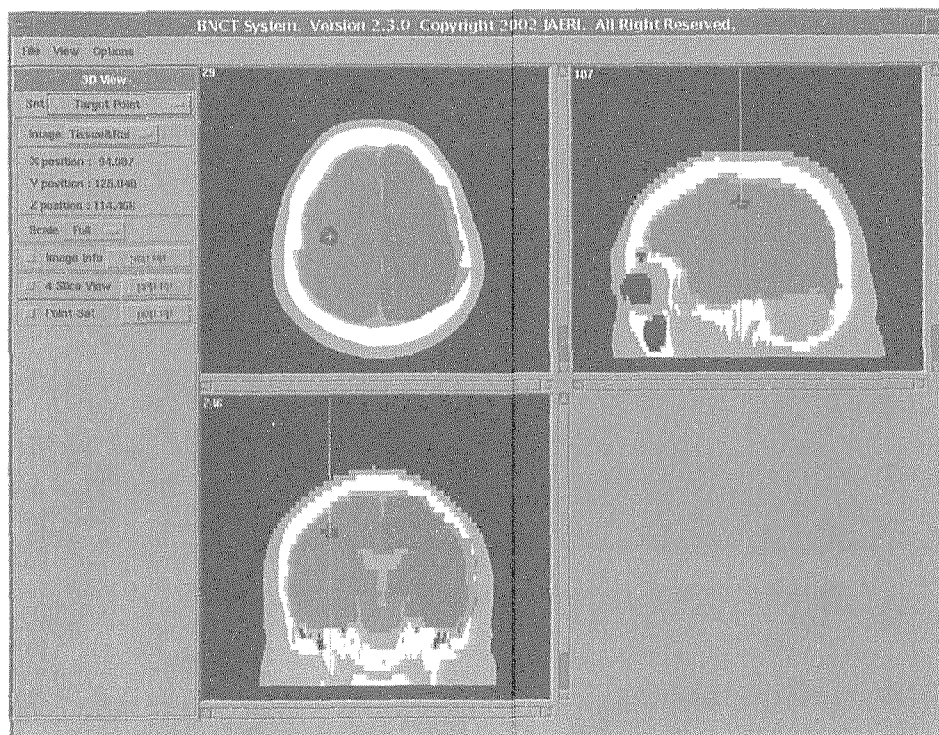


Fig.4.9.7 3面表示による照射点設定

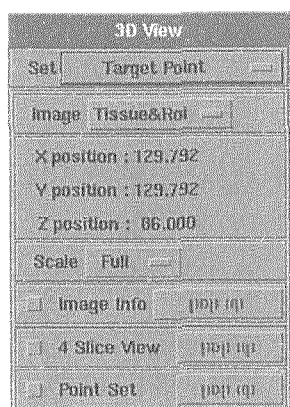


Fig.4.9.8 照射点設定  
のパラメータ設定画面

Fig.4.9.8 の照射点設定用のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Image》表示選択  
3面図表示を組織区分とROI(Tissue&Roi)、組織区分(Tissue)、ROI(Roi)から選択する。
- 2) 《position》照射点座標  
3面図上でマウスクリックされた照射点の座標を示す。
- 3) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択。(詳細は4.4節参照)
- 4) 《Image Info》2次元画像情報の表示。(詳細は4.3節参照)
- 5) 《popup》2次元画像情報表示パネルのポップアップ。(詳細は4.3節参照)

◇入射ビームの角度設定(《Set》を Incidence Angle に設定)パラメータ :

入射ビームの角度設定及び入射コリメータを設定する。Fig.4.9.9 は、頭部3次元モデルに照射ビームを表示した様子である。

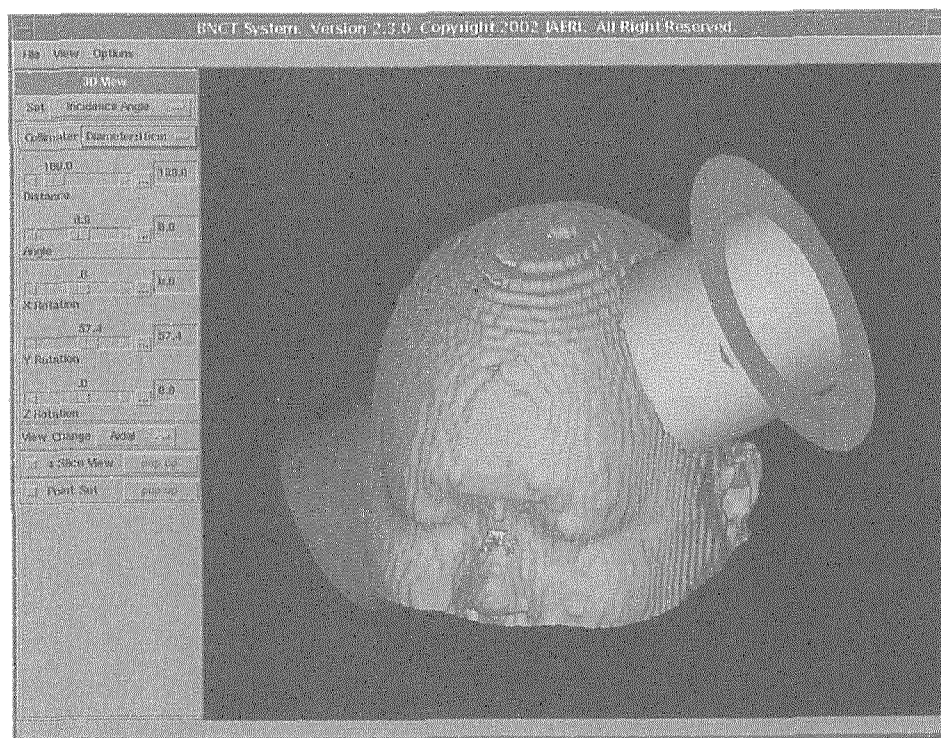


Fig.4.9.9 頭部3次元モデルに対する照射ビームの表示

頭部モデルを構成する座標系は、Image1 画像を基とする座標系(Image1 座標系)である。CT等のスキャン時の患者の姿勢により変わるが一般的には、原点は患者頭部の右下、X 方向は患者の右目から左目の方向、Y 方向は患者顔面から後頭部の方向、Z 方向は頭頂部の方向である。Image1 座標系 (X,Y,Z) を Fig.4.9.10 に示す。

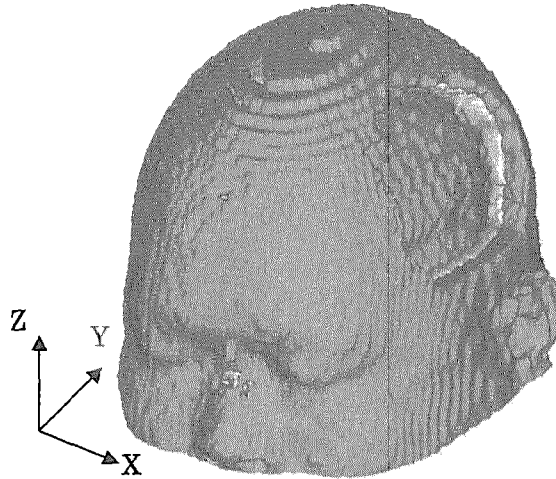


Fig.4.9.10 JCDS 上の頭部モデルの座標系

設備座標系は、ビーム孔出口を原点とし、ビームの進行方向が  $x$  方向、設備の天井方向(鉛直上向き)が  $y$  方向、水平方向が  $z$  方向である。設備座標系( $x,y,z$ ) を Fig.4.9.11 に示す。入射ビーム形状の円筒部分の右側部分(ディスプレイ上では黄色い部分)はビーム出口からターゲット点までを表し、左側部分(ディスプレイ上では紫色の部分)はターゲット点から先を表す。入射ビームの先頭の穴のあいた円は照射設備の先端を表し、黄色い三角形は設備座標の  $y$  方向(照射設備の天井方向)を示している。

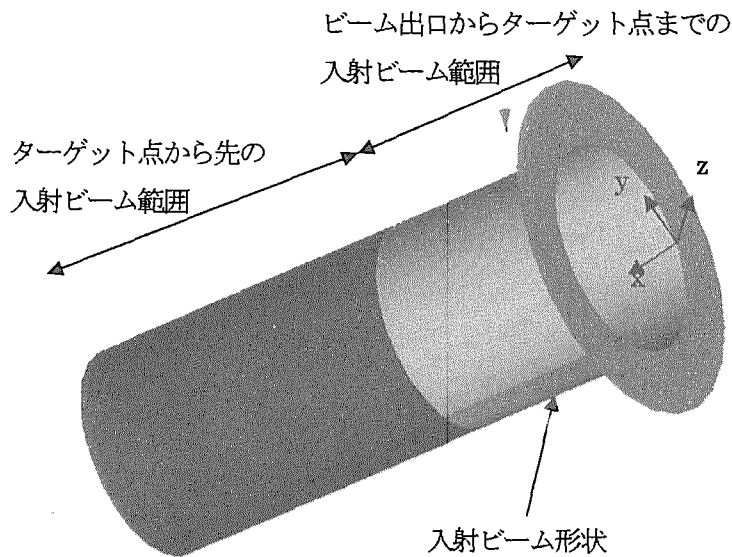


Fig.4.9.11 照射ビームを基準とした設備座標系

Image1 座標系と設備座標系の関係を Fig.4.9.12 に示す。

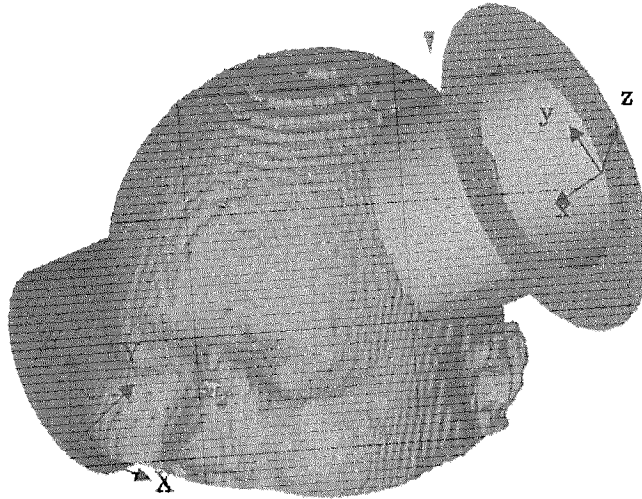


Fig.4.9.12 JCDS の座標系と照射ビームを基準とする設備座標系

以下のパラメータを変更することにより、患者頭部モデルを中心として入射ビームを回転し、患者の照射設備における姿勢を考慮しながら最適な照射角度と照射位置を設定する。

Fig.4.9.13 の照射角度、位置のパラメータ設定画面において、

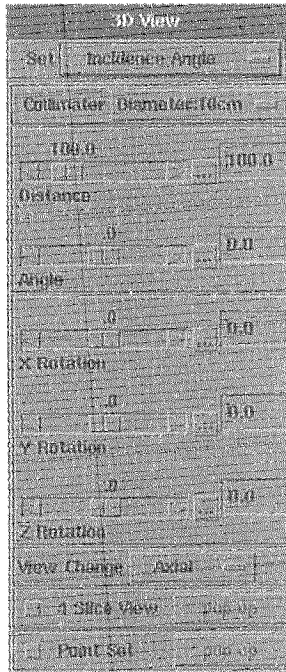


Fig.4.9.13 照射角度設定時のパラメータ設定画面

- 1) 《Collimator》 入射コリメータ選択。
- 2) 《Distance》 入射口から照射点までの距離(mm)  
前述の“照射点の設定パラメータ”で設定した照射点からの距離を指定する。指定距離を大きくすると入射口が頭部から遠ざかる。
- 3) 《Angle》 設備座標系 x 軸回りの回転角度 (°)  
設備座標系の x 軸回りに入射ビームが回転する。
- 4) 《X Rotation》 Image1 座標系 X 軸回りの回転角度 (°)  
前述の“照射点の設定パラメータ”で設定した照射点を回転中心として Image1 座標系の X 軸方向に入射ビームが回転する。
- 5) 《Y Rotation》 Image1 座標系 Y 軸回りの回転角度 (°)  
前述の“照射点の設定パラメータ”で設定した照射点を回転中心として Image1 座標系の Y 軸方向に入射ビームが回転する。
- 6) 《Z Rotation》 Image1 座標系 Z 軸回りの回転角度 (°)  
前述の“照射点の設定パラメータ”で設定した照射点を回転中心として Image1 座標系の Z 軸方向に入射ビームが回転する。



◇ホウ素濃度設定(《Set》を **Boron Concentration** に設定)パラメータ :

各 ROI 毎にホウ素濃度を設定する。ROI リストからホウ素濃度を設定する ROI を選び、数値フィールドにホウ素濃度をキーインする。

No.	Name	Boron
1	Head	0.00
2	left-eye	0.00
3	right-brain	0.00
4	left-brain	0.00
5	noles	0.00
6	right-small-brain	0.00
7	left-small-brain	0.00

Right-eye: 0.00

Average Value: 0.00  
(Unit:ppm)

View Change: Axial

4 Slice View (ppm)

Point Set (ppm)

Fig.4.9.14 のホウ素濃度設定用のパラメータ設定画面において、

- 1) 《ROI リスト》ホウ素濃度を設定する ROI を選ぶ。
- 2) 《数値フィールド》ホウ素濃度 (ppm)をキーインする。

Fig.4.9.14 ホウ素濃度設定用のパラメータ設定画面

◇患者位置設定・表示パラメータ :

照射設備における患者位置設定のために、患者頭部モデル上に任意点および任意線を定義し、これらの任意点、任意線および 4.8 節 Image1/Image2 合成 で定義した Compound 点を表示する。表示された点の座標値と任意線を用いて、照射設備において JCDS で決めた照射位置になるように患者位置を設定する。

また、実際の BNCT 実施時にその空間上の任意点の 3 次元座標を測定する機器 (3 次元ディジタルライザなど) から得られる患者の照射位置座標データを基に、照射後に再度 JCDS を用いてビーム孔に対する照射位置を再現する。

患者位置設定処理は、

- ① 任意点の定義 (《Option》を Set User Point)
- ② 任意線の定義 (《Option》を Set Line)
- ③ 表示 (《Option》を Display)
- ④ 患者位置再現 (《Option》を Reset Position )

の 4 種類の機能がある。表示は正面図 (照射設備の天井から見た図) と側面図 (左右から見た図) のみである。

パラメータ画面の一番下にある《Point Set》により患者位置設定・表示・患者位置再現パネルが表示される。もし、本パネルが BNCT システムや他のウィンドウの後ろに入ってしまった場合は、《popup》ボタンにより前面に移動することが出来る。

・共通パラメータ：

Point Coordinate		
User Point		
No. Name		
1 User 1		
2 User 2		
3 User 3		
Point Name : User 1		
	Image1 Axis	Beam Axis
X	134.740	105.706
Y	24.555	103.237
Z	60.215	-4.956
Compound Point		
No. Name		
1 Right		
2 Left		
3 Maxton		
4 Nose Top		
Point Name : Right		
	Image1 Axis	Beam Axis
X	59.319	170.364
Y	134.609	-4.016
Z	15.636	70.473
Beam Point		
No. Name		
1 Beam Center		
2 Beam Target		
Point Name : Beam Center		
	Image1 Axis	Beam Axis
X	129.792	0.000
Y	129.792	0.000
Z	186.000	-0.000
Close		

Fig.4.9.15 の患者位置データ設定のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Option》 任意点の定義 (Set User Point)、任意線の定義 (Set Line)、表示 (Display)、患者位置再現 (Reset Position) を選択する。
- 2) 《Point Coord》 任意点、Compound 点、及びビーム出口、ターゲット点の座標値を表示するパネルを開く。
- 3) 《pop up》 座標表示パネルのポップアップ  
座標表示パネルが他のウィンドウの後ろに隠れてしまった時にこのボタンを押す。
- 4) 《Close》 処理を終了する。

Fig.4.9.15 患者位置データの  
パラメータ設定画面

・任意点の定義（《Option》を **Set User Point** に設定）

任意線を定義するための点(任意点)を定義する。任意点は患者頭部モデルの3次元画像上に設定する。Fig.4.9.16は、頭部モデル上の座標表示を行いたい点を設定している様子である。

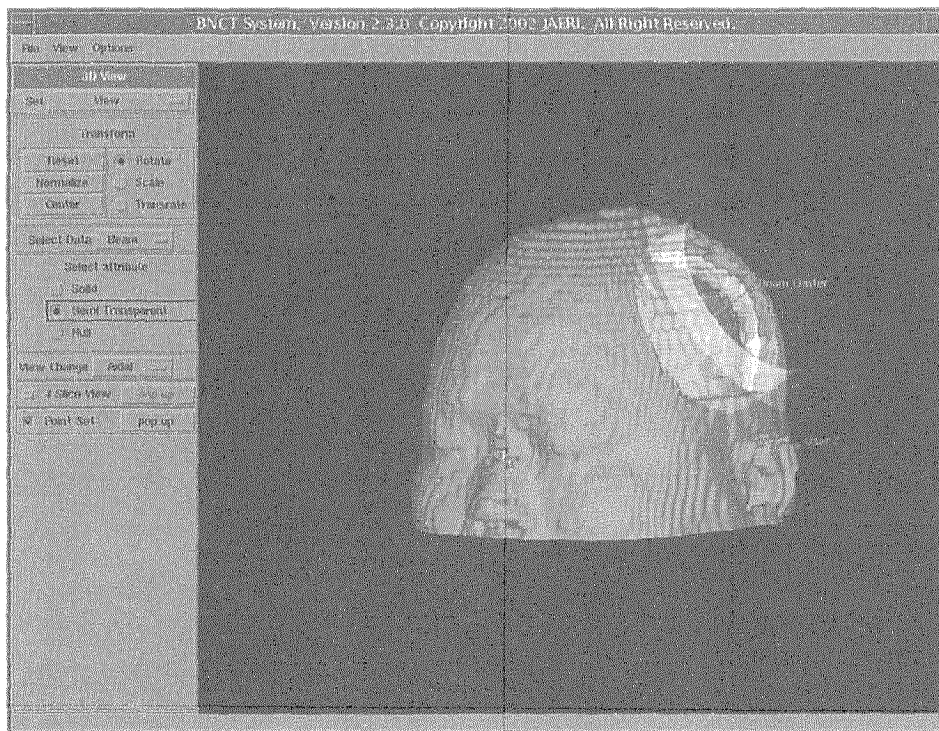


Fig.4.9.16 頭部モデル上の座標表示を行う任意点の設定

《New》で新しく定義する点の作成を開始し、《User Point Name》に任意点の名前を入力する。3次元画像上の、任意点を定義したい位置にマウスカーソルを合わせ、**Ctrl**+マウス左ボタンクリックで位置を設定し、《Set》で位置を確定する。

位置を設定できるのは表示されている物体上だけなので、ROIの表面などに任意点を定義したい時は軟組織と骨を非表示（3次元表示のパラメータ画面上のAttributeをNull）にする。

既に定義した任意点の位置や名前を変更する時は、任意点のリスト上から変更したい任意点を選択して、新たな位置や名前を設定する。

既に定義した任意点を削除する時は、任意点のリスト上から変更したい任意点を選択して、《Delete》で削除する。

パラメータ :

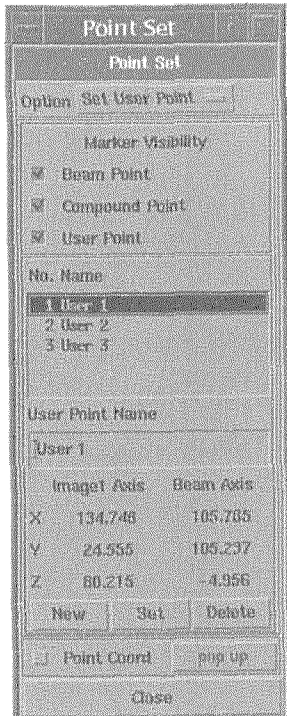


Fig.4.9.17 に示す任意点の座標表示のためのパラメータ設定画面において、

- 1) 《Marker Visibility》 点の表示・非表示  
 Beam Point : ビーム出口、ターゲット点  
 Compound Point : "Image1/Image2 合成"で定義した Compound 点  
 User Point : 任意点
- 2) 《No. Name》 任意点のリスト
- 3) 《User Point Name》 任意点の名前
- 4) 《New》 新規に任意点を作成する。
- 5) 《Set》 任意点の位置を確定する。
- 6) 《Delete》 任意点を削除する。

Fig.4.9.17 任意点の座標表示のためのパラメータ設定画面

・任意線の定義 (《Option》を Set Line に設定)

任意線を定義する。任意線は既に定義されている任意点や Compound 点を線分の始点、終点として設定することにより定義する。Fig.4.9.18 は、頭部モデル上に設定した任意点を結んだ直線を表示した様子である。

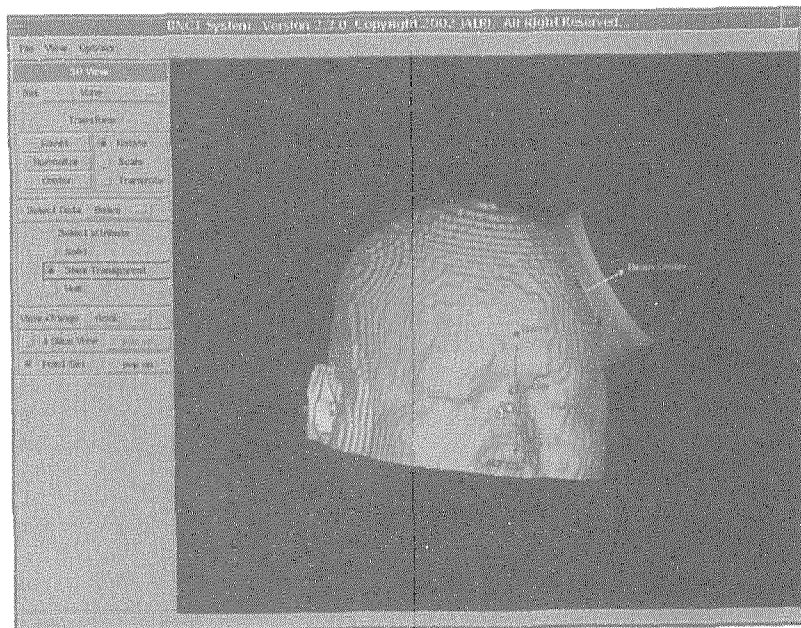


Fig.4.9.18 頭部モデル上の任意点を結んだ直線の表示

《New》で新しく定義する線の作成を開始し、《Line Name》に任意線の名前を入力する。《User Point》リストまたは《Compound Point》リストから任意線の始点となる点を選択して、《Set1》で始点に設定する。同様に終点となる点を選択して、《Set2》で終点に設定する。

既に定義した任意線の構成点や名前を変更する時は、任意線のリスト上から変更したい任意線を選択して、新たな構成点や名前を設定する。

既に定義した任意線を削除する時は、任意線のリスト上から変更したい任意線を選択して、《Delete》で削除する。

《Output Position CSV File》で定義した任意線の構成点の座標値、任意線とその任意線の終点位置で直交する線の方程式、求められた直交線とビーム中心線との角度を CSV 形式のファイルとして書き出す。

パラメータ :

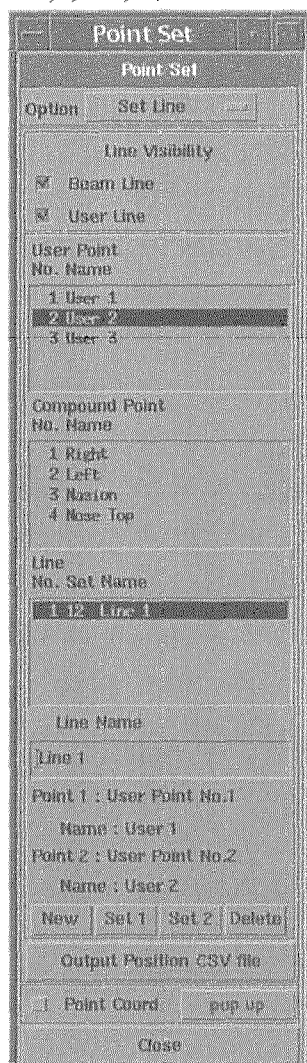


Fig.4.9.19 の直線表示のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Line Visibility》 線の表示・非表示  
Beam Line : ビーム中心線  
User Line : 任意線
- 2) 《User Point》 任意点のリスト
- 3) 《Compound Point》 "Image1/Image2 合成"で定義した Compound 点のリスト
- 4) 《Line》 任意線のリスト
- 5) 《Line Name》 任意線の名前
- 6) 《New》 新規に任意線を作成する。
- 7) 《Set1》 任意線の始点を設定する。
- 8) 《Set1》 任意線の終点を設定する。
- 9) 《Delete》 任意線を削除する。
- 10) 《Output Position CSV File》 任意線の位置情報を CSV 形式のファイルに出力。任意線位置情報の出力内容は次ページを参照。

Fig.4.9.19 任意点を結ぶ直線を設定するためのパラメータ設定画面

・任意線位置情報ファイルの内容

任意線位置情報は、設備座標系の  $xz$  断面(水平面)、 $xy$  断面(鉛直面)それぞれについて、任意線、任意線に直行する直線(直行線)、入射ビーム中心軸の3本の直線の位置関係を示している。

直行線は、設備座標系の  $xz$  断面(水平面)、 $xy$  断面(鉛直面)のそれぞれの面内に投影した任意線とその終点で直行する直線である。

任意線位置情報に出力される座標値は全て設備座標系における値である。

Fig.4.9.20 は  $xz$  断面 (水平面) で表示される任意点、直線等について説明したものである。

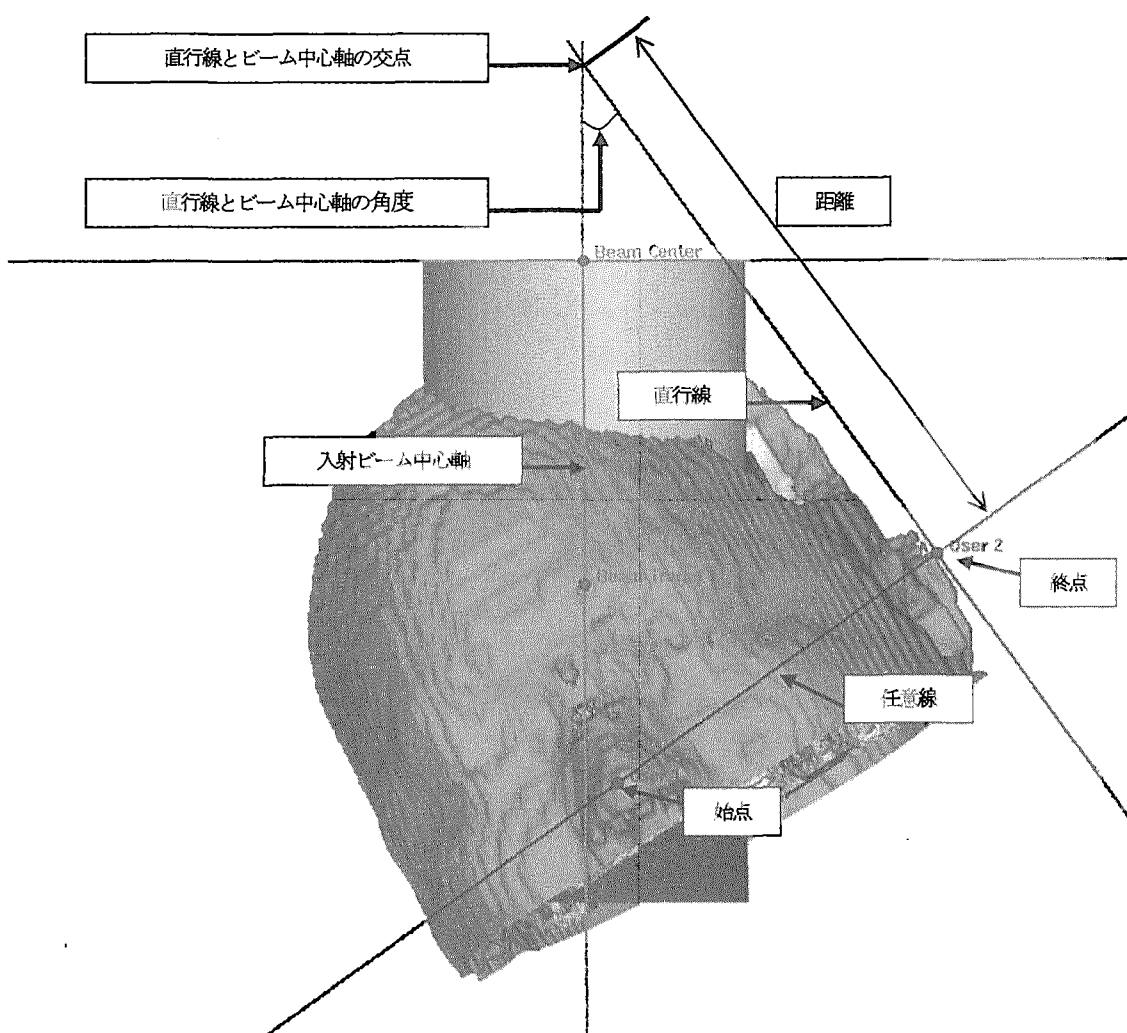


Fig.4.9.20  $xz$  断面 (水平面) での任意点、直線に関する説明図

Fig.4.9.21 は、任意線位置情報の出力例を示している。1行目はファイルタイトル、3行目は Image1 画像の患者 ID、患者名、撮影日付、4行目は Image2 画像の患者 ID、患者名、撮影日付である。

6行目は見出しであり、その下から2行一組で1本の任意線の位置情報を表している。

任意線位置情報を表すデータ組の1行目は以下の情報を表す。

任意線名[Line Name]

任意線の始点に指定した点の名前[Point Name]

任意線の始点の座標値[X、Y、Z]

xz 平面(水平面)の直行線の方程式( $A \times x + B \times y + C \times z + D = 0.0$ )[A、B、C、D]

xz 平面(水平面)の直行線とビーム中心軸の交点の座標[Cross X、Cross Y、Cross Z]

xz 平面(水平面)の直行線とビーム中心軸の交点と終点間の距離[Length]

xz 平面(水平面)の直行線とビーム中心軸の交わる角度[Angle]

任意線位置情報を表すデータ組の2行目は以下の情報を表す。

任意線の終点に指定した点の名前[Point Name]

任意線の終点の x 座標値[X、Y、Z]

xy 平面(鉛直面)の直行線の方程式( $A \times x + B \times y + C \times z + D = 0.0$ )[A、B、C、D]

xy 平面(鉛直面)の直行線とビーム中心軸の交点の座標[Cross X、Cross Y、Cross Z]

xy 平面(鉛直面)の直行線とビーム中心軸の交点と終点間の距離[Length]

xy 平面(鉛直面)の直行線とビーム中心軸の交わる角度[Angle]

Patient Position.

Image1,99999991,TEST,19990518

Image2,01,TEST MRI,19990518

Line Name,Point Name,X,Y,Z,A,B,C,D,Cross X,Cross Y,Cross Z,Length,Angle(deg)

Fig.4.9.21 座標値出力例

・表示（《Option》を Display に設定）

任意線とビーム中心線を画面上に表示する。Fig.4.9.22 は、天井方向から見た頭部モデルに対して、任意線とビーム中心線を表示した様子である。

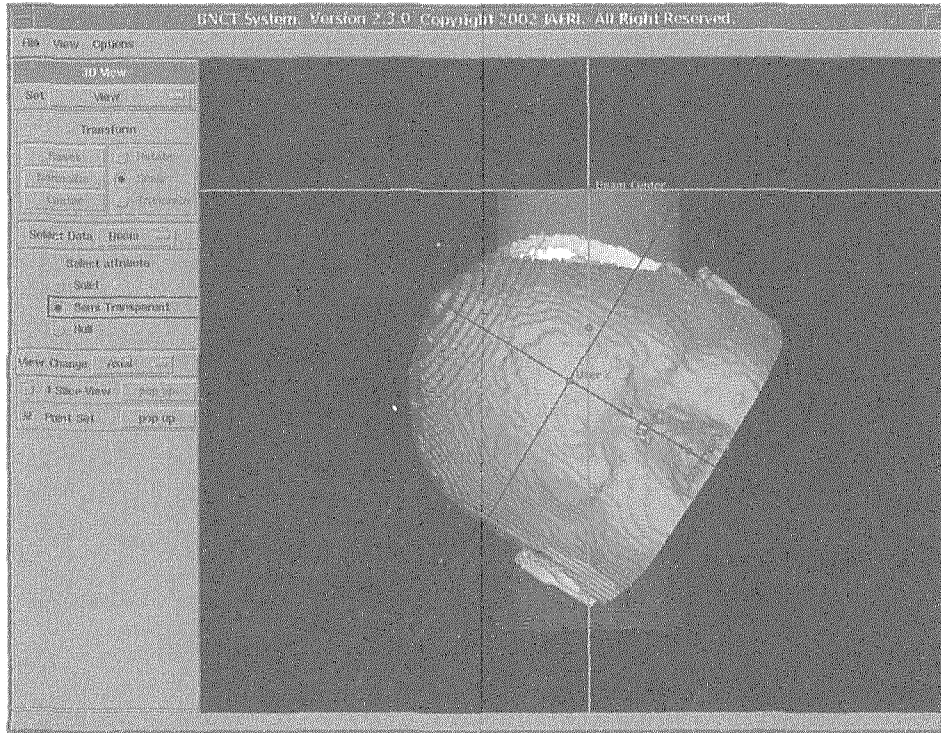


Fig.4.9.22 天井から見た頭部モデルに対して任意線とビーム中心線を表示

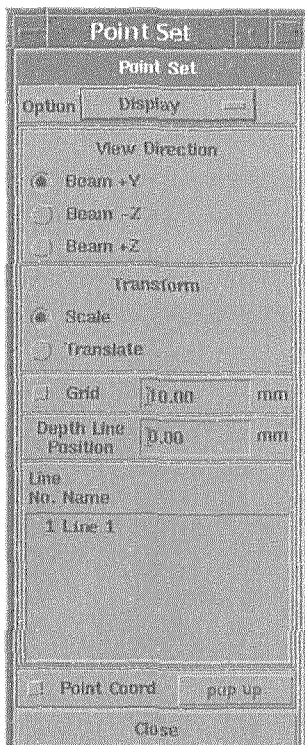


Fig.4.9.23 正面図もしくは側面図表示のためのパラメータ設定画面

表示は正面図（照射施設の天井から見た図）と側面図（左右から見た図）のみであり、マウスによる3次元画像の回転は出来ない。

《Line》リストで表示する任意線を選択(複数選択可)し表示する。

パラメータ：

Fig.4.9.23 のパラメータ設定画面において、

- 1) 《View Direction》 表示方向の切り替え  
 Beam +Y : 正面図（照射施設の天井から見た図）  
 Beam -Z : 側面図（左から見た図）  
 Beam +Z : 側面図（右から見た図）
- 2) 《Transform》 マウスの機能割り振り及び表示制御を行う。  
 Scale : 拡大縮小  
 Translate : 移動
- 3) 《Grid》 グリッド線の表示  
 後ろのフィールドに数値を入力する事によりグリッド間隔を変更する。



- 4) 《Depth Line Position》 深さ指示線の位置  
ビーム出口からの距離をフィールドに入力する。
- 5) 《Line》 任意線のリスト表示する任意線を選択する。(複数選択可)

・患者位置再現 (《Option》を Reset Position に設定)

実際の BNCT 実施時に 3 次元空間上の座標測定装置 (3 次元ディジタイザ) を使って得られる患者の照射位置データを基に、ビーム孔に対する頭部位置照射条件を再現する。Fig.4.9.24 は患者の照射位置データを設定するための 3 次元表示画面を示している。

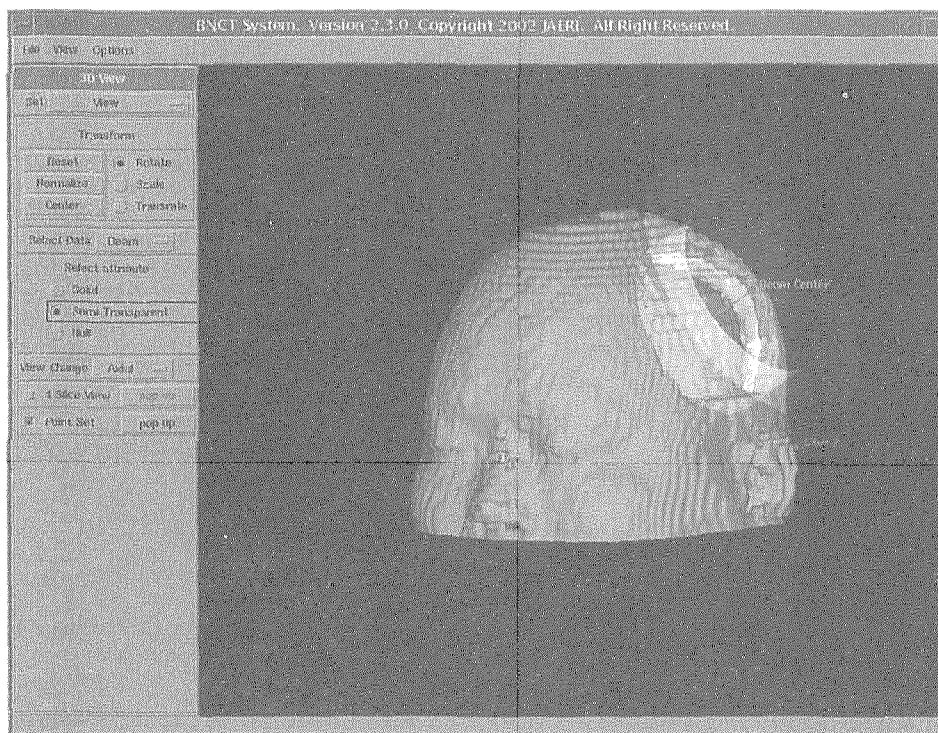


Fig.4.9.24 患者位置再現のための 3 次元表示図

患者位置を再現するために、前述の“任意点の定義”で作成する任意点および、“Image1/Image2 合成”で作成した Compound 点を使用する。照射設備で実測された点に対応する位置を前述の任意点の定義 (《Option》を Set User Point) で設定する。各点の照射設備で実測された 3 次元座標値を患者位置再現パネルに入力し、《Do Reset》ボタンにより患者位置再現を実行する。患者位置再現機能を使用するには、上記の設定を行った点が最低 3 点必要である。4 点以上の点を使用する場合は、最小二乗法により患者位置を再現する。任意点と Compound 点は患者位置再現に使用するか否かを各点ごとに設定できる。

パラメータ :

Fig.4.9.25 の患者位置再現設定のパラメータ設定画面において、

- 1) 《User Point》 リストから任意点を選択する。  
 《X》、《Y》、《Z》：選択された任意点の照射設備で実測された3次元座標値をmm単位で入力する。  
 《Use》：選択された任意点を患者位置再現に使用するか否かを選択する On/Off ボタン。
- 2) 《Compound Point》 リストから Compound 点を選択する。  
 《X》、《Y》、《Z》：選択された Compound 点の照射設備で実測された3次元座標値をmm単位で入力する。  
 《Use》：選択された Compound 点を患者位置再現に使用するか否かを選択する On/Off ボタン。
- 3) 《Do Reset》 患者位置再現を行う。

Fig.4.9.25 患者位置再現設定のパラメータ設定画面

#### 4.10 MCNP 入力データ作成 [File] - [Mesh Gener]

作成された頭部計算モデルに基づく、線量計算の基本的な操作の流れは以下のとおりである。

- (1) モデル化範囲の自動検索  
計算モデル範囲の自動検索後、メッシュ分割イメージを表示する。
- (2) メッシュ分割の設定・変更  
メッシュサイズ及び分割範囲を必要に応じて変更する。
- (3) 境界条件の設定・変更  
MCNP 計算の境界条件を設定する。
- (4) 組成データの作成  
計算モデルの全メッシュについて組成計算を行う。
- (5) MCNP 入力データの保存  
計算条件及び組成データから MCNP 入力データを作成・保存する。

##### 4.10.1 モデル化範囲の自動検索

組織情報からモデル化に適した画像範囲を求めメッシュ分割範囲とし、画面に計算モデルのモデル範囲座標及びメッシュ分割イメージを表示する。基本のメッシュ分割時のメッシュの大きさは10mm としている。画面に表示されるメッシュ分割イメージは、DICOM 画像における座標系(Image1 座標系)におけるものである。実際の計算に使用する座標系(設備座標系)ではプレ処理において指定したビーム孔に対する頭部の位置、角度、距離等を考慮した計算モデルとしてメッシュ分割が行われる。Fig.4.10.1 にメッシュ分割処理の画面表示を示す。

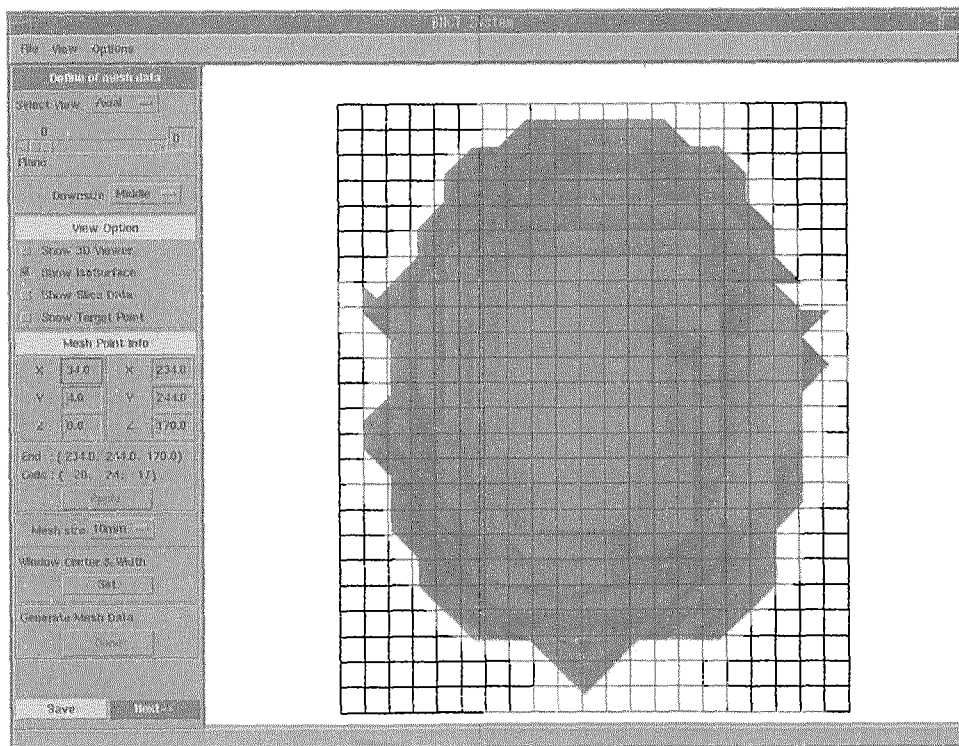


Fig.4.10.1 メッシュ分割処理の画面表示

#### 4.10.2 メッシュ分割の設定・変更

自動作成された計算モデルについて、モデル化範囲及び分割メッシュサイズを変更することができる。

Fig.4.10.2 に示すメッシュ分割処理の第1処理のパラメータ設定画面において、

(1) モデル化範囲変更時のパラメータ：《Mesh Point Info》 モデル化範囲の表示  
システムが求めたモデル化範囲を **Imagel** 座標系で表示する。各軸の右側に配置した数値フィールドにキーインすることで範囲を変更することが可能であるが、変更の際にはメッシュサイズを考慮した入力を要する。

(2) メッシュ変更時のパラメータ：《Mesh size》 メッシュサイズの選択  
計算モデルを構成する1ボクセルの大きさを指定する。10mm、5mm の2種類から選択する。

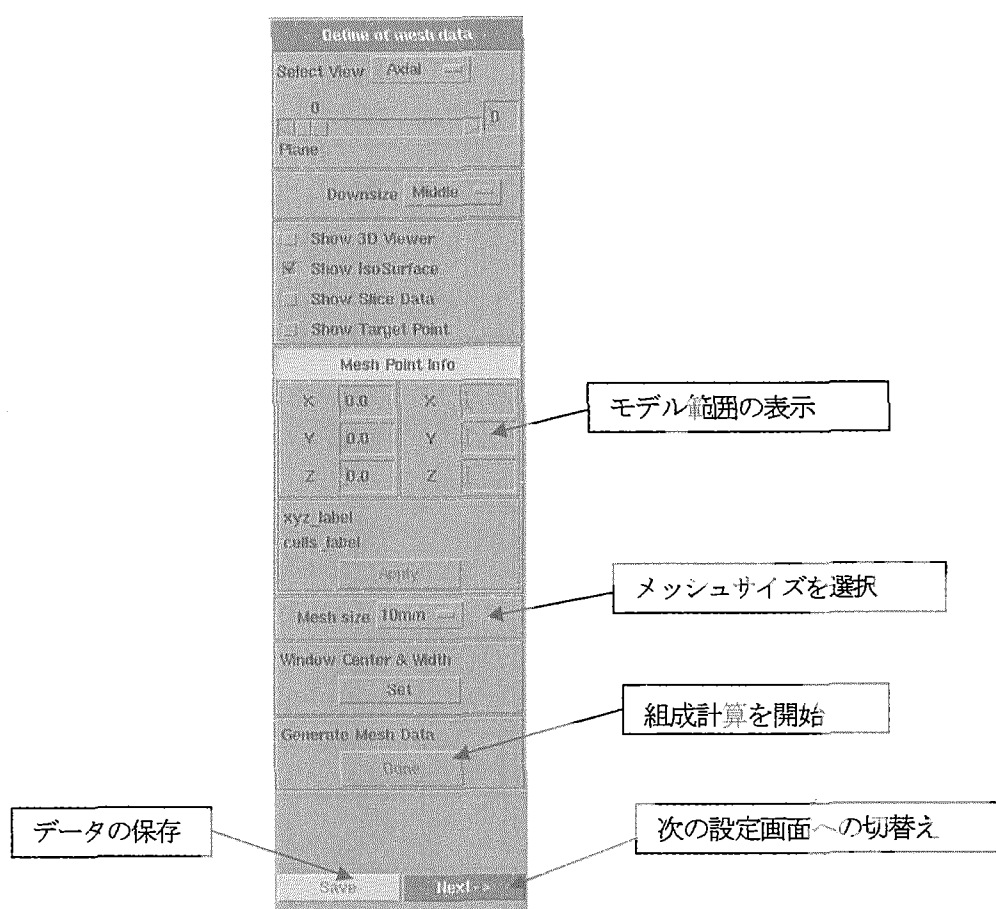


Fig.4.10.2 メッシュ分割処理の第1処理のパラメータ設定画面

### 4.10.3 MCNP 計算条件の設定

コリメータ径等のモデル条件、エネルギー群データ及び結果ファイルへの出力内容等の MCNP 計算に必要な各種計算条件の指定・入力を行う。デフォルトで中性子3群、光子1群のエネルギー群で「フラックス計算」を行う MCNP 入力データを作成するよう設定されている。

Fig.4.10.3 に示すメッシュ分割処理の第2処理のパラメータ設定画面において、

- (1) タイトル・カード入力時のパラメータ：《Title》入力データタイトルの指定

MCNP 入力データのタイトル・カードとして使用する。入力はテキストフィールドにキーインすることで行う。

- (2) 照射条件情報変更時のパラメータ：

以下の3つのパラメータは直接計算に使用されないが、入力データ冒頭のコメント部に書き込まれ、入力データを管理するのに有効である。

- 1) 《Irradiate time》                      照射時間を指定
- 2) 《Power》                                炉出力を指定
- 3) 《Multiplier》                        MCNP の計算結果から適切な Flux 値、線量値に換算する係数を指定

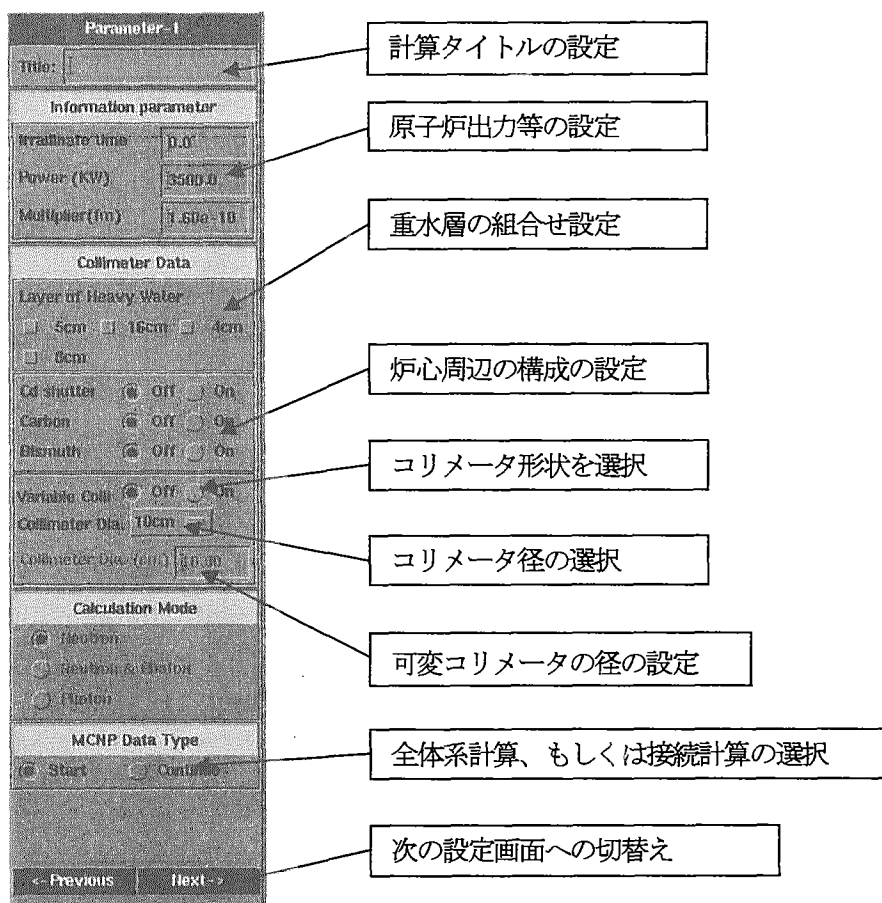


Fig.4.10.3 メッシュ分割処理の第2処理のパラメータ設定画面

## (3) ビームスペクトル条件変更時のパラメータ :

## 1) &lt;Layer of Heavy Water&gt; 重水層の組合せを指定

炉心部の重水層の組合せをトグルボタンで指定する。(ただし、接続計算時には指定不要である。)

## 2) &lt;Cd shutter&gt; カドミシッターの指定

カドミシッターの ON/OFF を指定する。

## 3) &lt;Carbon&gt; 黒鉛の指定

黒鉛の ON/OFF を指定する。

## 4) &lt;Bismuth&gt; ビスマスの指定

ビスマスの ON/OFF を指定する。

ただし、これらの設定は、後述の<MCNP Data Type>において「Continue」を選択した場合は不要となるため、設定不可状態となる。

## (4) コリメータ変更時のパラメータ :

## 1) &lt;Variable Colli&gt; 可変コリメータの指定

コリメータ形状の指定を行う。ON の場合には可変コリメータが、OFF の場合には既存のコリメータ形状が指定される。指定したコリメータ形状に対応するモデルファイルが読み込まれる。

## 2) &lt;Collimator Dia.&gt; コリメータ径を指定

コリメータ径の指定を行う。既存のコリメータ形状の場合には用意された 4 種類のコリメータ径(10cm、12cm、15cm、20cm)から選択する。可変コリメータを指定した場合は、数値フィールドにキーボードから入力する。

## (5) 計算条件変更時のパラメータ : &lt;MCNP Data Type&gt; 計算内容を指定

炉心部を含む体系での計算を行う場合は「Start」を選択し、つなぎ面からの接続計算を行う場合は「Continue」を指定する。

Fig.4.10.4 に示すメッシュ分割処理の第 3 処理のパラメータ設定画面において、中性子及び光子の計算条件設定を行う。

## (6) 中性子エネルギー群変更時のパラメータ : &lt;Neutron Energy Group&gt; 中性子エネルギー境界を指定

Fig.4.10.4 のパラメータ設定画面の<Neutron Energy Group>の「Change」ボタンから Fig.4.10.5 に示すパラメータ設定画面を呼び出し、中性子に関するフラックス及び吸収線量タリーに関するエネルギー境界の指定・変更を行う。デフォルトで 3 群のエネルギー境界が適用され、その範囲は以下の値である。

熱中性子	:	5.3E-07 MeV 未満
熱外中性子	:	5.3E-07 MeV 以上 1.0E-02 MeV 未満
速中性子	:	1.0E-02 MeV 以上 2.0E+01 MeV 未満

## (7) 光子エネルギー群変更時のパラメータ : &lt;Photon Energy Group&gt; 光子エネルギー境界を指定

Fig.4.10.4 のパラメータ設定画面の<Photon Energy Group>の「Change」ボタンから Fig.4.10.5 に示すパラメータ設定画面を呼び出し、光子に関するフラックス及び吸収線量タリーに関するエネルギー境界の指定・変更を行う。デフォルトではエネルギー範囲の定義を行わず 1 群とする。

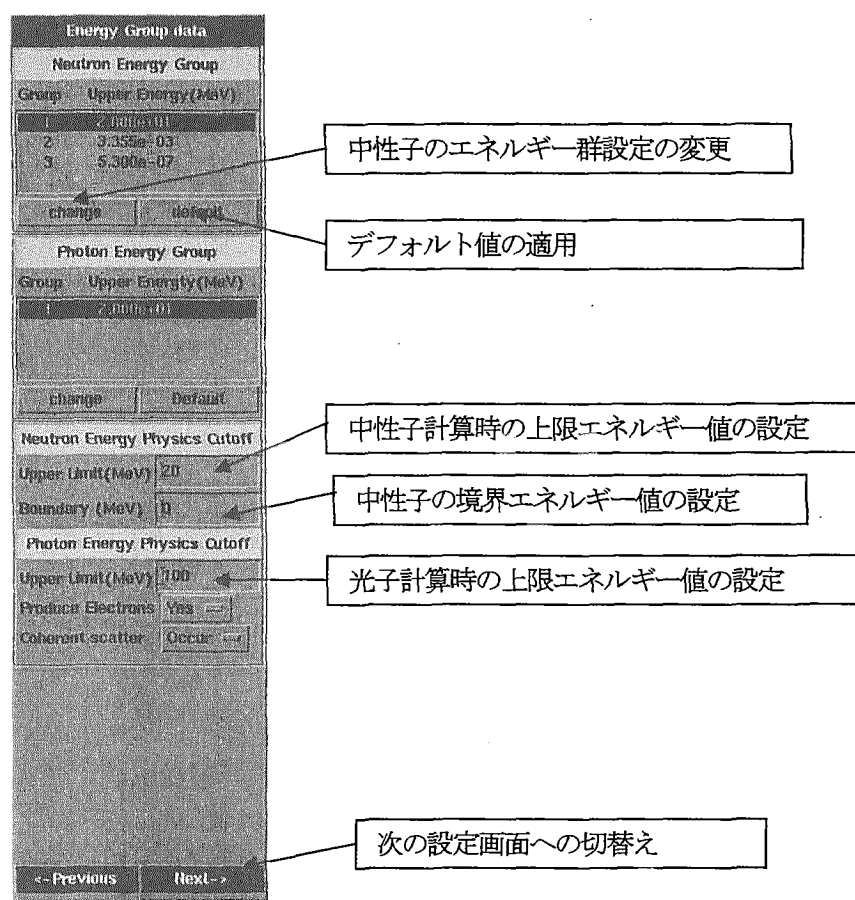


Fig.4.10.4 メッシュ分割処理の第3処理のパラメータ設定画面

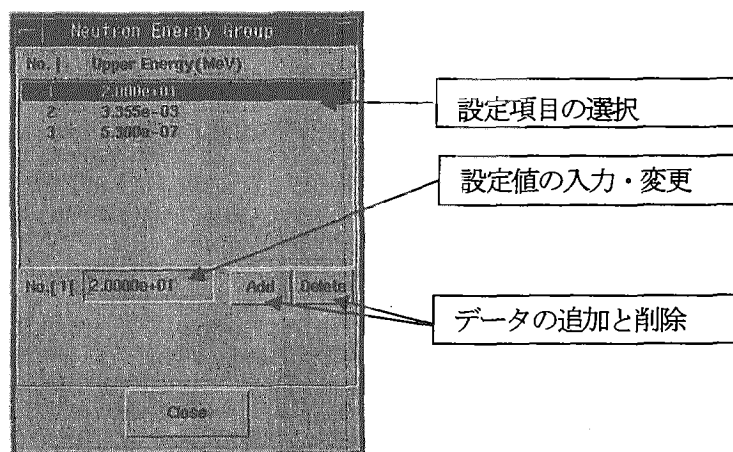


Fig.4.10.5 中性子及び光子エネルギー群変更設定画面

(8) 中性子フィジックデータ変更時のパラメータ :

《Neutron Energy Physics Cutoff》

1) [Upper Limit (MeV)] 上限エネルギーの指定

この値を超えるエネルギーの断面積は格納しない。

## 2) [Boundary (MeV)] 境界エネルギーの指定

適用する捕獲タイプの境界エネルギー値であり、この値を超えるエネルギーには[Implicit Capture]を、この値以下のエネルギーには[Analog Capture]を適用する。

## (9) 光子フィジックデータ変更時のパラメータ :

## 《Photon Energy Physics Cutoff》

## 1) [Upper Limit (MeV)] 上限エネルギーの指定

## 2) [Produce Electrons] 電子生成の有無

## 3) [Coherent scatter] コヒーレント散乱の発生の有無の設定

Fig.4.10.6 に示すメッシュ分割処理の第4処理のパラメータ設定画面において、以下の設定を行う。

## (10) 計算内容の指定・変更時のパラメータ :

Fig.4.10.6 の Output 設定項において、計算項目の設定を行う。

## 1) 《Output》出力内容を指定

指定可能な項目は以下の3項目であり、

- ・ Flux Ratio...フラックス出力
- ・ Dose Ratio...線量率出力
- ・ Both.....フラックス、線量率の両方を出力

## 2) 《Select Calculate Dose》線量率

- ・ Gamma... $\gamma$ 線量の計算 (F6 タリーによる線量計算)
- ・ H.....水素(H)の線量計算
- ・ B10.....ホウ素 10 の線量計算
- ・ N.....窒素(N)の線量計算

## 3) 《Total Head Dose Option》必要に応じて全線量オプションを指定する。

- ・ F4 Neutron-Dose.....全体線量の計算 (F4 タリーによるセル毎の計算値から算出)
- ・ F6 Neutron-Dose.....全体線量の計算 (F6 タリーによるセル毎の線量計算)
- ・ F6 Gamma-Dose.....ガンマ線量の計算 (F6 によるセル毎の線量計算)



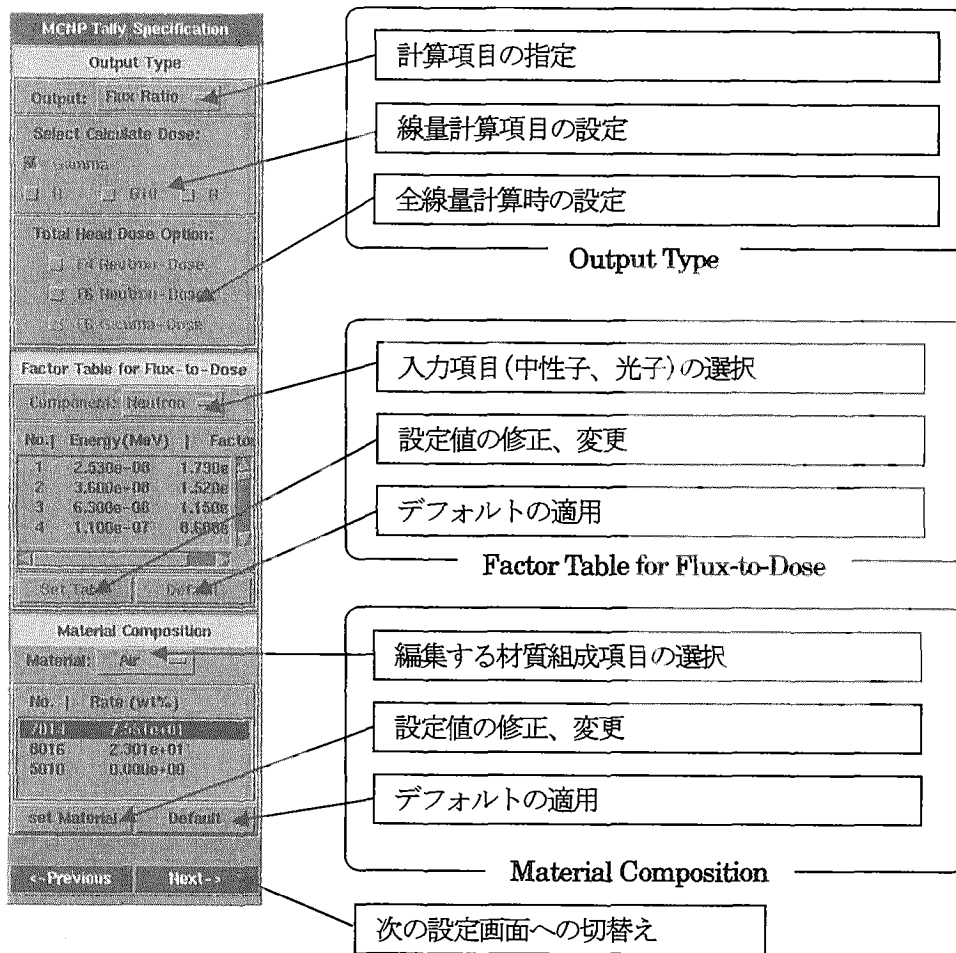


Fig.4.10.6 メッシュ分割処理の第4処理のパラメータ設定画面

(11) 線量変換係数及び組成データ変更時のパラメータ :

1) ≪Factor Table for Flux-to-Dose≫線量率変換係数の入力・変更を行う。

Fig.4.10.6 の≪Factor Table for Flux-to-Dose≫項の「Set Table」ボタンから Fig.4.10.7 の設定画面を呼び出し、線量変換係数の設定を行う。

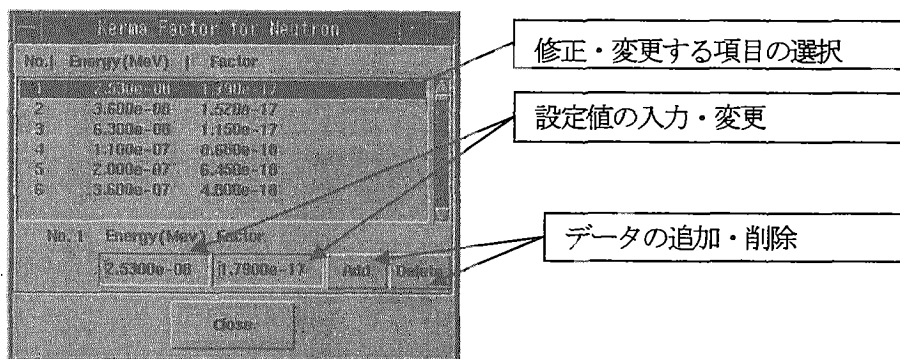


Fig.4.10.7 Factor Table for Flux-to-Dose 設定画面

2) ≪Material Composition≫材料組成の入力・変更を行う。

Fig.4.10.6 の≪Material Composition≫項の「Set Material」ボタンから Fig.4.10.8 の画面を呼び出し、計算モデル（頭部モデル）を構成する材料組成として、空気、骨、軟組織、腫瘍、リチウムヘルメットの5種類について材料組成の入力及び変更を行う。

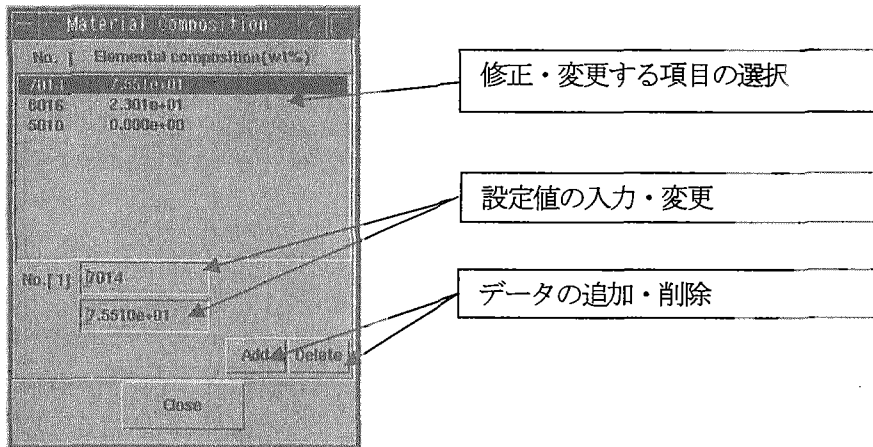


Fig.4.10.8 Material Composition 設定画面

Fig.4.10.9 に示すメッシュ分割処理の第5処理のパラメータ設定画面において、MCNP 計算時の各設定を行う。

(12) 計算条件及び出力内容の指定・変更時のパラメータ：

1) ≪set Calculation Option≫MCNP 計算条件の指定・変更を行う。

以下の MCNP 計算オプションについて指定可能である。

- NPS..... 線源粒子発生個数
- CTIME..... 計算時間(分)
- NDM..... RUNTAPE へのダンプ出力間隔
- NDP..... タリー出力間隔
- MCT..... MCTAL ファイル作成オプション

2) ≪Select Print items≫リスト出力項目を指定する。

固定線源問題では Table 4.1 に示す内容が標準項目として自動的に出力される。ここでは、標準項目以外の Table 4.2 に示す項目について出力を指定することができる。

3) ≪Problem Cutoff Card≫中性子のカット・オフ条件を指定する。

- Time cutoff..... 時間(shakes, 1 shake=1.0E-08sec)
- Low energy cutoff... 下限エネルギー(MeV)

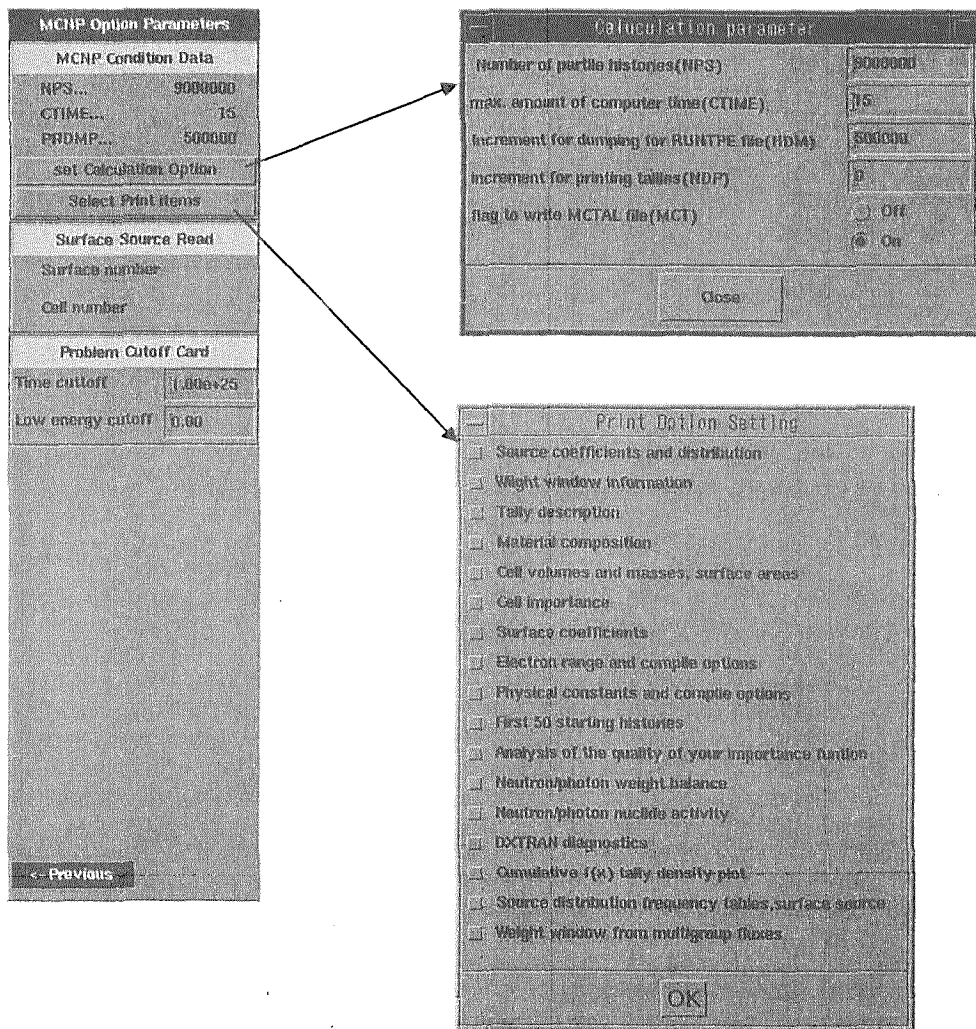


Fig.4.10.9 メッシュ分割処理の第5処理のパラメータ設定画面とその中の各設定項目画面

Table 4.1 標準出力項目一覧

Table No.	内 容
-	入力データリスト
-	粒子の発生及び消滅のサマリー
-	タリー計算結果
-	タリー・フラクチュエーション・チャート
62	Forced collision and exponential transformation
72	Cell temperature
80	Use of storage space
100	Cross section tables
126	Particle activity in each cell
160	TFC bin tally analysis
161	f(x) tally density plot
190	Weight window generator summary
200	Weight window generated windows

Table 4.2 選択可能出力項目一覧

Table No.	内 容
10	Source coefficient and distribution
20	Weight window information
30	Tally description
40	Material composition
50	Cell volumes and masses, surface areas
60	Cell importance
70	Surface coefficients
85	Electron range and straggle tables
98	Physical constants and compile options
110	First 50 starting histories
120	Analysis of the quality of your importance function
130	Neutron/photon weight balance
140	Neutron/photon nuclide activity
150	DXTRAN diagnostics
162	Cumulative f(x) tally density plot
170	Source distribution frequency tables, surface source
198	Weight windows from multi-group fluxes

#### 4.10.4 組成データの作成

リスタートファイルの組織及びROI設定のデータをもとに計算モデルの全ボクセルの材料組成を求める。

◇組成データ作成時のパラメータ：

Fig.4.10.2 に示す第1処理のパラメータ設定画面中の《Generate Mesh Data》項の「Done」ボタンを押して、頭部全体を含有する矩形領域を利用者が指定したサイズのボクセルに切り分け、各ボクセルに対して腫瘍、軟組織、骨及び空気の占める体積割合を計算する。

ボクセル番号：901～956 ... 要素ボクセル

腫瘍、軟組織、骨及び空気の体積割合を20%刻みで丸めて用いるため、均質化された物質の種類は最大56通りになる。

#### 4.10.5 MCNP 入力データの保存

作成した計算モデルについて、MCNP 入力データ形式にファイル保存する。Fig.4.10.2 に示す第1処理のパラメータ設定画面中の一番下にある「Save」ボタンを押すと保存ダイアログがポップアップ表示される。保存するファイル名をキーボードから入力した後、「OK」ボタンを押してファイルへ保存する。

#### 4.11 MCNP 結果ファイル読み込み [File] - [Load MCNP]

MCNP コードの計算結果を読み込む。JCDS で扱える MCNP コード計算結果は JCDS で作成されたデータにより計算された結果だけである。

“Load MCNP result”パネル(ファイルダイアログ)が表示されるので、MCNP 計算結果ファイル(MCTAL ファイル)を選んで、《OK》ボタンを押すと MCNP 計算結果が読み込まれる。ただし、JCDS では、MCNP 入力データファイル及びMCNP 計算結果ファイル(MCTAL ファイル)のファイル名を、以下のルールにより命名しなければならない。

<u>ファイル</u>	<u>ファイル名</u>
・ MCNP 入力データファイル	****.inp
・ MCNP 計算結果ファイル(MCTAL ファイル)	****.mctal

JCDS による MCNP ファイル選択時には、拡張子が “mctal” のファイルのみが表示され、選択した mctal と同名の inp を自動的に読み込むことになる。よって、\*\*\*\*部分のファイル名は、inp と mctal を共通の名前にしなければならない。

4.12 2次元コンター表示 [View] - [2D Contour]

MCNP 計算結果の2次元コンターを表示する。表示方法は、1スライス画像毎もしくは、任意断面の2種類から選択可能である。任意断面表示時は、マウスによる画像の回転も可能である。Fig.4.12.1は、2次元コンター表示の画面レイアウトを示している。

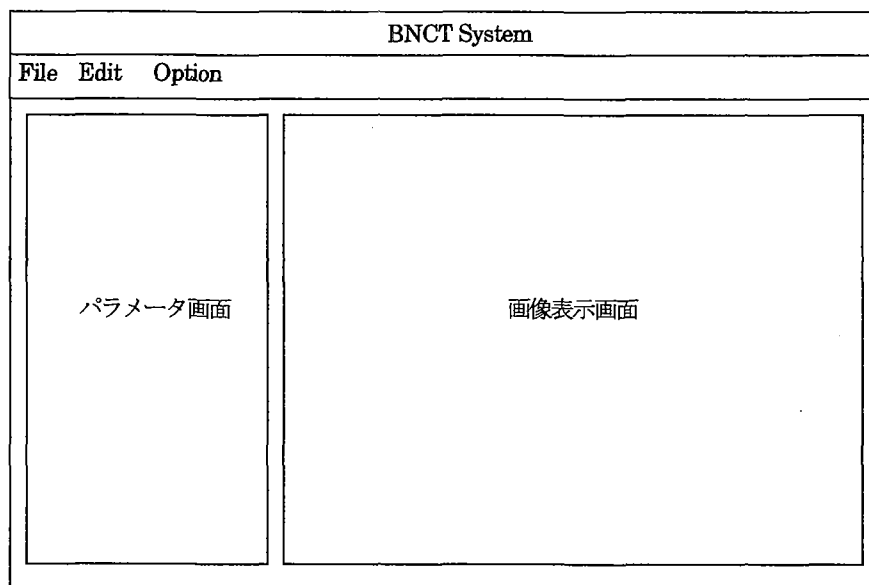


Fig.4.12.1 2次元コンター表示の画面レイアウト

◇共通パラメータ：

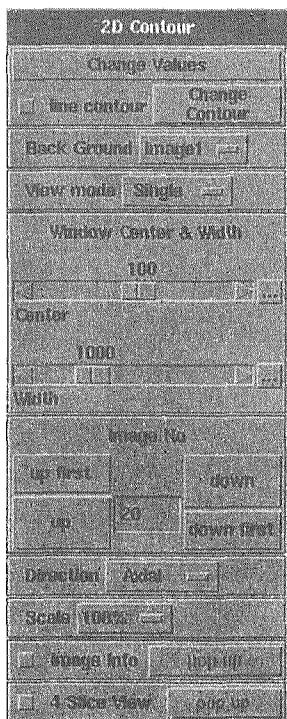


Fig.4.12.2 2次元コンター表示のパラメータ設定画面

Fig.4.12.2 の2次元コンター表示のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Change Value》表示する線量を選択。

表示される線量には MCNP の計算内容によって以下の種類がある。

- ① Flux
- ② Dose
- ③ 組成ごとの Dose

「①Flux」及び「②Dose」を選択した場合、Fig.4.12.3 の Flux と Dose に関する計算結果表示設定パネルが表示され、エネルギー群分けされた計算結果を組み合わせて表示可能である。

- ◆ 《炉出力》フィールド

炉の出力を設定する。デフォルトは 3500KW。

- ◆ 《Kind》表示する線量を選択する。

- ◆ 《エネルギー群選択》リスト

《Kind》で選択した線量がエネルギー群分けされて計算されていた場合は、表示するエネルギー群を複数選択できる。複数選択された場合は、その合計の線量が表示される。

- ◆ 《Do Change》上記の《炉出力》、《Kind》、《エネルギー群選択》を

変更した時、その変更を実行し、計算結果表示選択パネルを閉じる。《Do Change》を実行しないと、変更は無効となる。

◆ 《Quit》上記の《炉出力》、《Kind》、《エネルギー群選択》を変更した時、その変更を無効とし計算結果表示選択パネルを閉じる。

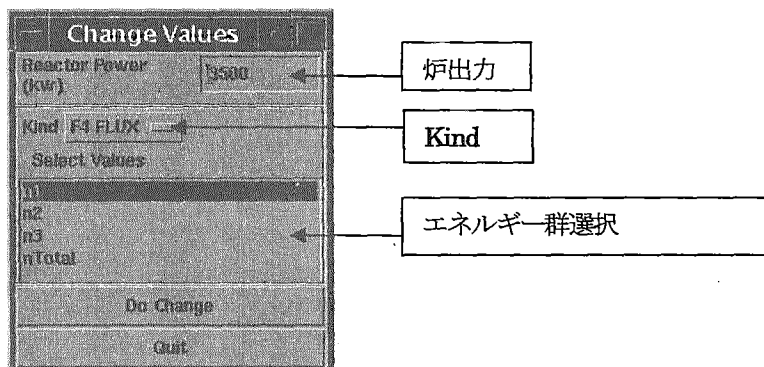


Fig.4.12.3 Flux と Dose に関する計算結果表示設定パネル

「③組成ごとの Dose」の場合、Fig.4.12.4 の計算結果表示設定パネルが表示され、各組成の計算結果を組み合わせて表示可能である。

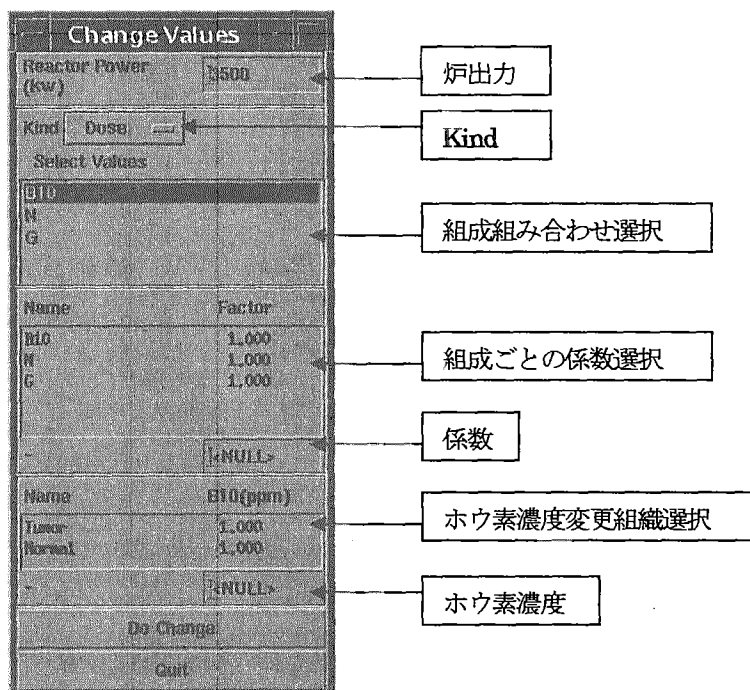


Fig.4.12.4 各 Dose に関する計算結果表示設定パネル

- ◆ 《炉出力》フィールド  
炉の出力を設定する。デフォルトは3500KW。
  - ◆ 《Kind》表示する線量を選択  
「組成ごとのDose」の場合は「Dose」を選択する。
  - ◆ 《組成組み合わせ選択》リスト  
表示する組成を複数選択できる。複数選択された場合は、その合計の線量が表示される。
  - ◆ 《組成ごとの係数選択》リスト  
表示する値にかける係数を変更する組成を選択する。選択された組成が、下の組成名に表示され、係数が《係数》フィールドに表示される。
  - ◆ 《係数》フィールド  
表示する値にかける係数を変更する。
  - ◆ 《ボロン濃度変更組織選択》リスト  
ホウ素濃度は、腫瘍および正常軟組織に対して、デフォルト1ppmとしている。骨および空気はホウ素を含まないものとする。腫瘍および正常軟組織のホウ素濃度を変更する時は、《ホウ素濃度変更組織選択》リストから変更する組織を選択する。選択された組織が、下の組織名に表示され、ホウ素濃度が《ホウ素濃度》フィールドに表示される。
  - ◆ 《ボロン濃度》フィールド  
ホウ素濃度を変更する。
  - ◆ 《Do Change》上記の《炉出力》、《Kind》、《組成組み合わせ選択》、《係数》、《ボロン濃度》を変更した時、その変更を実行し、計算結果表示選択パネルを閉じる。《Do Change》を実行しないと、変更は無効となる。
  - ◆ 《Quit》上記の《炉出力》、《Kind》、《組成組み合わせ選択》、《係数》、《ボロン濃度》を変更した時、その変更を無効とし、計算結果表示選択パネルを閉じる。
- 2) 《line contour》等高線表示を行う。
- 3) 《Change Contour》コンター表示の最大値、最小値の変更を行う。  
《Change Contour》のボタンを押すことにより、Fig.4.12.5 に示す Contour Value パネルが開かれるので、その中で最大値、最小値を設定する。各値の《Reset》ボタンにより、表示されている値の最大値、最小値にリセットされる。



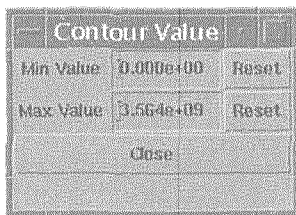


Fig.4.12.5 《Change Contour》設定パネル

- 4) 《Back Ground》バックグラウンド表示の選択  
 計算結果の重ね合せ表示のバックグラウンドを選択する。Image1 画像 (Image1)、組織区分(Tissue)、ROI(Roi)、Image2 画像(Image2)の中から選択する。選択された画像の上に MCNP 計算結果が半透明で重ね書きされる。
- 5) 《View mode》表示形式の選択  
 1 枚(Single)、任意断面(Oblique)から選択する。
- 6) 《Window Center & Width》ウィンドウレベルの調整。(詳細は 4.3 節参照)
- 7) 《4 Slice View》4 面図表示の起動。(詳細は 4.3 節参照)
- 8) 《popup》4 面図表示パネルのポップアップ。(詳細は 4.3 節参照)

◇1 枚(Single)時パラメータ :

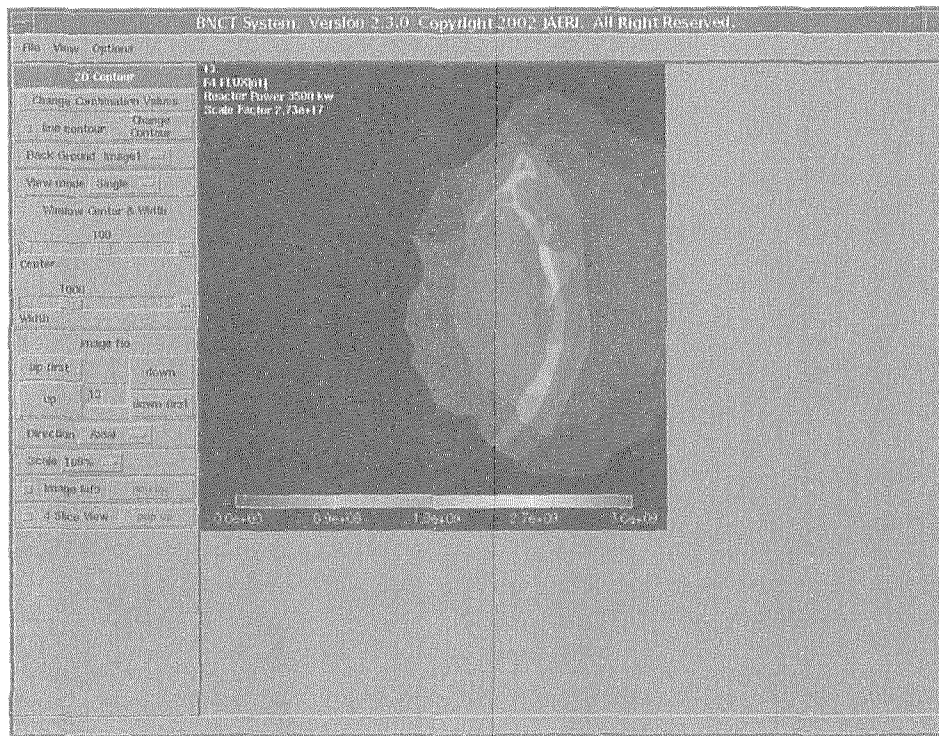


Fig.4.12.6 1 枚 (Single) 表示によるスライス画像上への 2 次元コンター表示

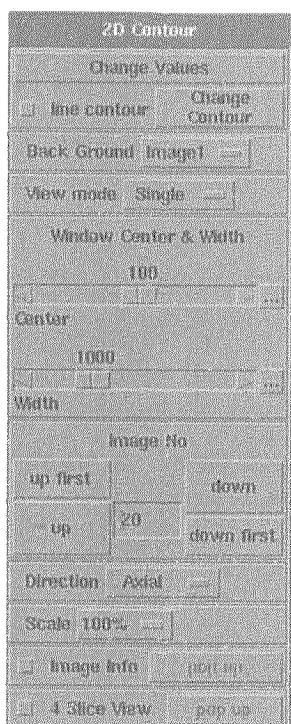


Fig.4.12.6 は、Single 表示によるスライス毎の 2 次元コンター表示の様子を示している。

Fig.4.12.7 の Single 表示のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Image No》表示する断面の選択。(詳細は 4.3 節参照)
- 2) 《Direction》表示軸の選択。(詳細は 4.3 節参照)
- 3) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択。(詳細は 4.4 節参照)
- 4) 《Image Info》2 次元画像情報の表示。(詳細は 4.3 節参照)
- 5) 《popup》2 次元画像情報表示パネルのポップアップ。  
(詳細は 4.3 節参照)

Fig.4.12.7 Single 表示による 2 次元コンター表示のパラメータ設定画面

◇任意断面(Oblique)時パラメータ :

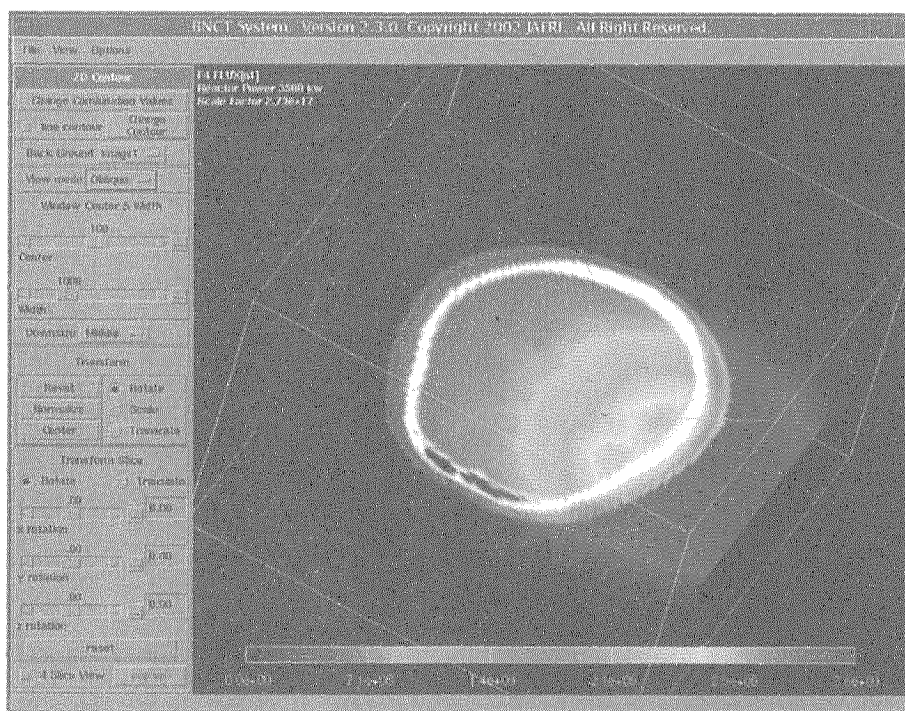


Fig.4.12.8 任意断面 (Oblique) 表示による 2 次元コンター表示

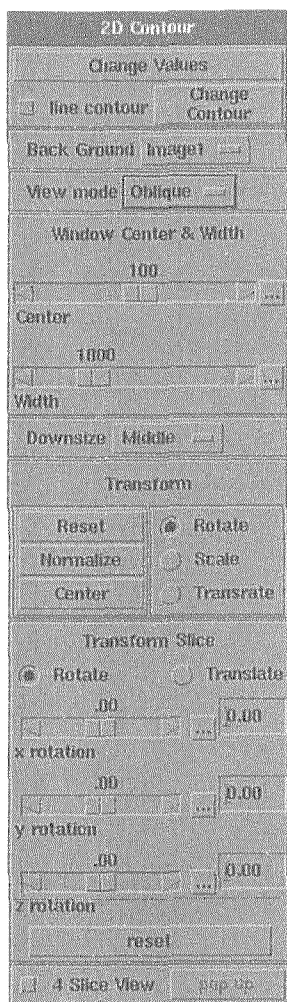


Fig.4.12.8 は、Oblique 表示による任意断面の 2 次元コンター表示の様子を示している。

Fig.4.12.9 の Oblique 表示のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Downsize》 画像データの間引き率の選択。(詳細は 4.3 節参照)
- 2) 《Transform》 マウスの機能割り振り及び表示制御を行う。(詳細は 4.3 節参照)
- 3) 《Transform Slice》 任意断面の設定。(詳細は 4.3 節参照)

Fig.4.12.9 Oblique 表示による 2 次元コンター表示のパラメータ設定画面

### 4.13 3次元コンター表示 [View] - [3D Contour]

MCNP コード計算結果を、設定された組織区分や ROI の 3次元画像にコンター表示する。Fig.4.13.1 は、3次元コンター表示の画面レイアウトを示している。また、Fig.4.13.2 は、3次元コンター表示によって、ROI 上に Flux 分布を表示した例を示している。

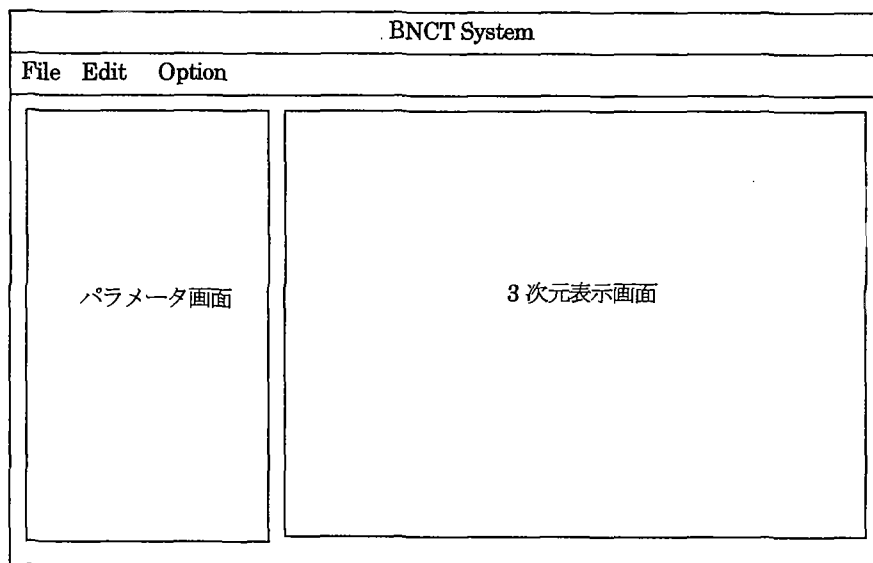


Fig.4.13.1 3次元コンター表示の画面レイアウト

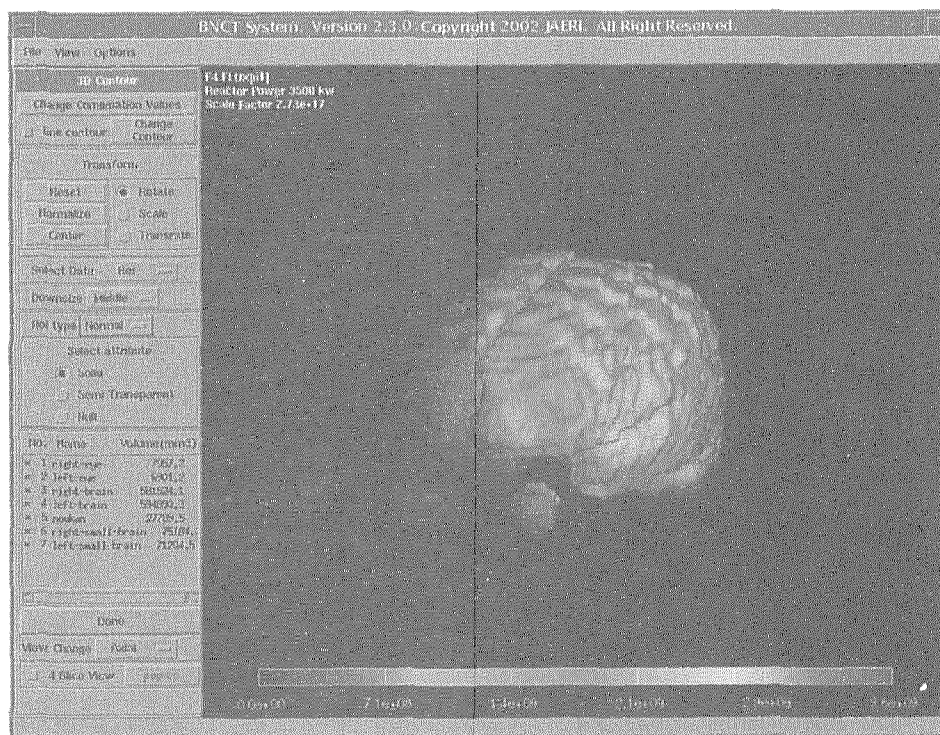


Fig.4.13.2 3次元コンター表示例

◇パラメータ：

Fig.4.13.3 の各パラメータ設定画面において、

- 1) 《Change Value》表示する線量を選択。(詳細は 4.12 節参照)
- 2) 《line contour》等高線表示を行う。
- 3) 《Change Contour》コンター表示の最大最小値の変更を行う。(詳細は 4.12 節参照)
- 4) 《Transform》マウスの機能割り振り及び表示制御を行う。(詳細は 4.9 節参照)
- 5) 《Select Data》制御対象の選択。(詳細は 4.9 節参照)
- 6) 《Downsize》データの間引き率の選択。(詳細は 4.9 節参照)
- 7) 《4 Slice View》4 面図表示の起動。(詳細は 4.3 節参照)
- 8) 《popup》4 面図表示パネルのポップアップ。(詳細は 4.3 節参照)

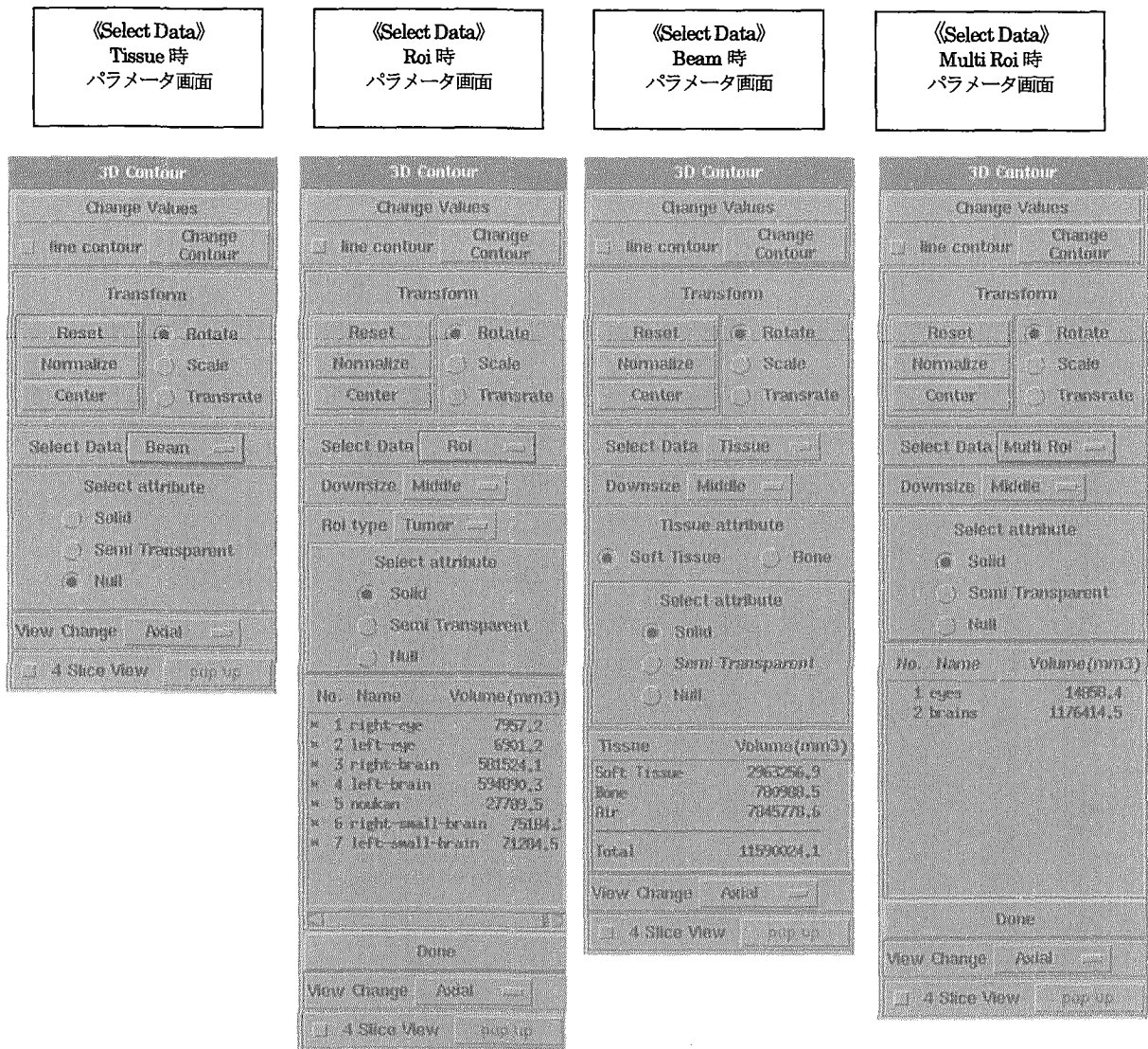


Fig.4.13.3 3次元コンター表示における各パラメータ設定画面

#### 4.14 ヒストグラム表示 [View]-[Histogram]

MCNP 計算結果のヒストグラム表示を行う。組織区分又は ROI 毎のヒストグラムを表示する。入射ビーム沿いと任意線沿いのプロファイルとヒストグラムも表示する。Fig.4.14.1 は、ヒストグラム表示の画面レイアウトである。また、Fig.4.14.2 は、計算結果のヒストグラム表示の例を示している。

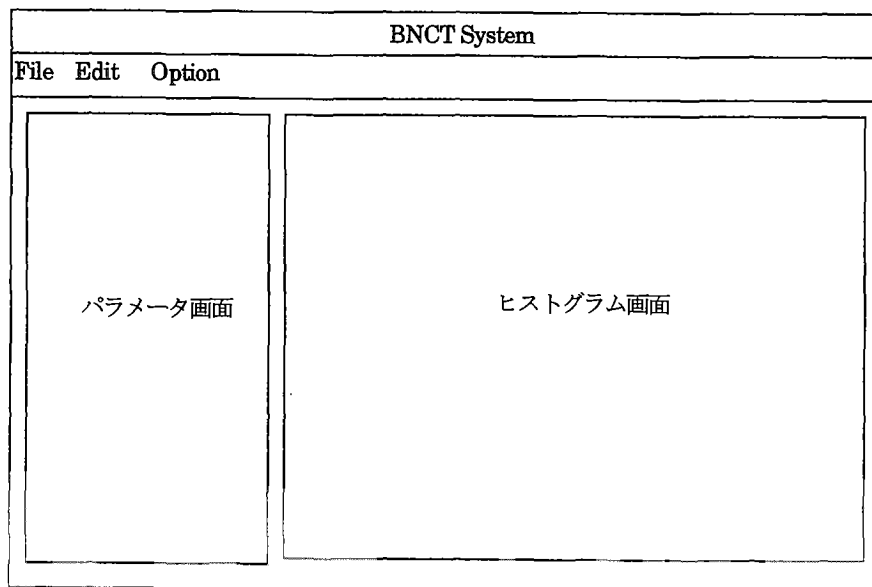


Fig.4.14.1 ヒストグラム表示の画面レイアウト

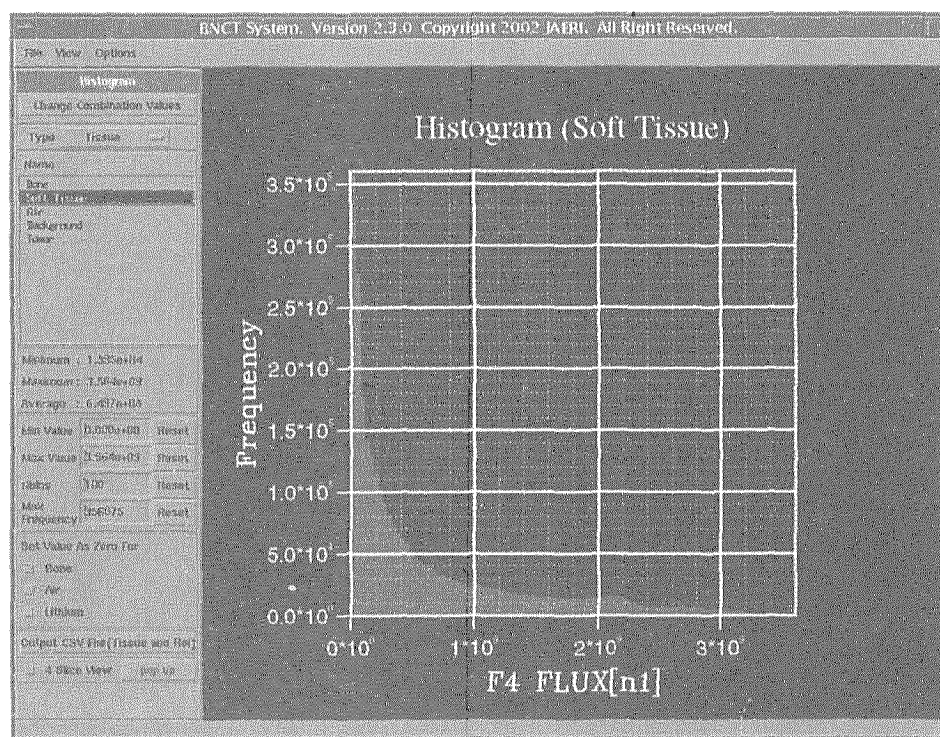


Fig.4.14.2 計算結果のヒストグラム表示

## (1) 共通パラメータ :

Histogram		
Change Combination Values		
Type	Tissue	
Name		
Done		
Soft. Tissue		
Air		
Background		
Tumor		
Minimum : 1.395e+04		
Maximum : 3.564e+09		
Average : 6.457e+08		
Min Value	0.000e+00	Reset
Max Value	3.564e+09	Reset
Nbins	100	Reset
Max Frequency	356675	Reset
Set Value As Zero For		
<input type="checkbox"/>	Done	
<input type="checkbox"/>	Air	
<input type="checkbox"/>	Lithium	
Output CSV File (Tissue and Roi)		
<input type="checkbox"/>	4 Slice View	pop up

Fig.4.14.3 のヒストグラム表示の共通パラメータ設定画面において、

- 1) 《Change Value》表示する線量を選択(詳細は 4.12 節参照)
- 2) 《Type》タイプ選択  
組織区分毎の表示(Tissue)、ROI 毎の表示(Roi)、ターゲット領域毎の表示(Target Volume)、マルチ ROI 毎の表示(Multi Roi)、入射ビーム中心軸沿いの表示(Beam Center)、任意線 (Line) から選択する。
- 3) 《4 Slice View》4 面図表示の起動。(詳細は 4.3 節参照)
- 4) 《popup》4 面図表示パネルのポップアップ。(詳細は 4.3 節参照)

Fig.4.14.3 ヒストグラム表示の共通のパラメータ設定画面

## (2) Tissue、Roi、Target Volume、Multi Roi 時パラメータ :

各組織区分「Tissue」、ROI「Roi」、ターゲット領域「Target Volume」、マルチ ROI「Multi Roi」のヒストグラムを表示する。それぞれのパラメータ設定画面を Fig.4.14.4 に示す。

- 1) 《領域リスト》ヒストグラム表示する領域をリストから選択。
- 2) 《最大最小値》選択された領域の最大値、最小値、平均値を表示。
- 3) 《Min value》ヒストグラムの横軸の最小値を変更する。
- 4) 《Max value》ヒストグラムの横軸の最大値を変更する。
- 5) 《Nbins》ヒストグラムの分割数を変更する。
- 6) 《Max Frequency》ヒストグラムの縦軸の最小値を変更する。
- 7) 《Set Value As Zero For》骨、空気、リチウムの各組織の線量値を強制的にゼロにするオプション。
- 8) 《Output CSV File (Tissue and Roi)》組織、ROI、マルチ ROI のヒストグラムをカンマ区切りフォーマットのファイル (CSV 形式) として出力する。

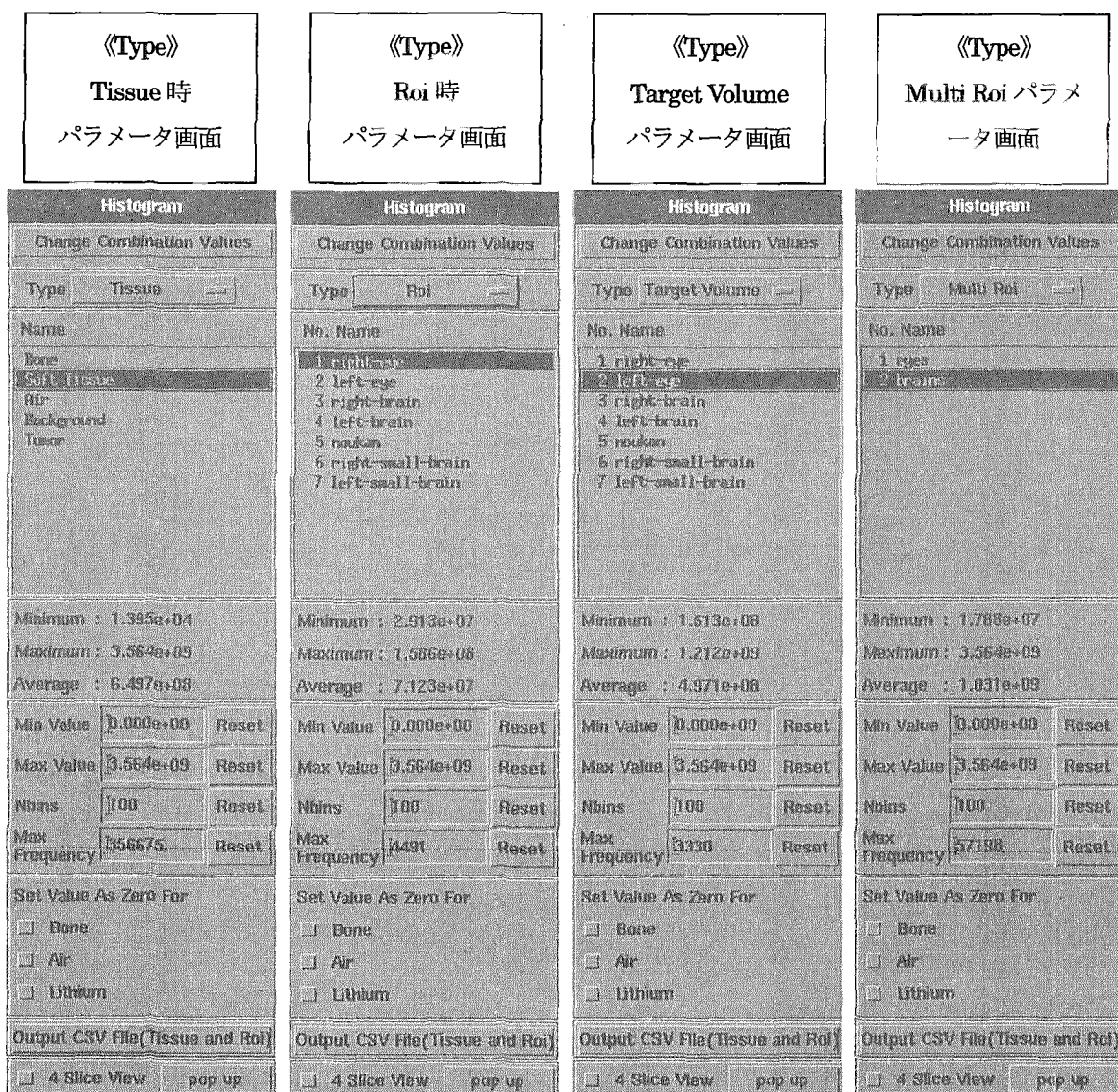


Fig.4.14.4 Tissue、Roi、Target Volume、Multi Roi それぞれのパラメータ設定画面



(3) Beam Center 時パラメータ :

入射ビームの中心軸上のヒストグラムとプロファイルを表示する。Fig.4.14.5 は、ビーム中心軸上の Flux 分布を表示した様子である。

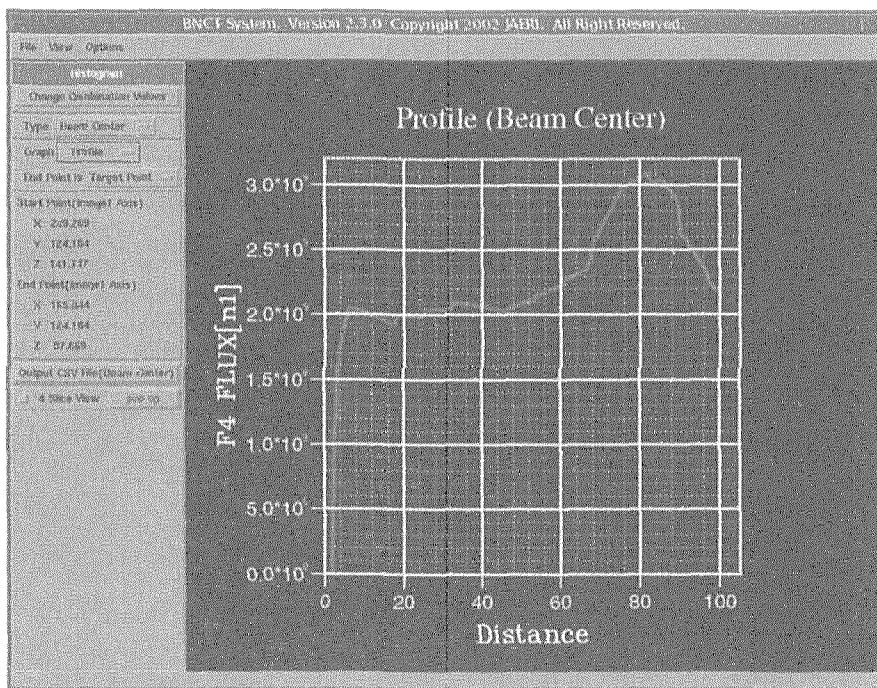


Fig.4.14.5 ビーム中心軸上の Flux プロファイル表示例

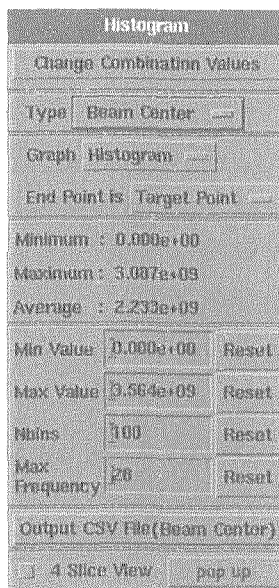


Fig.4.14.6 ビーム軸上プロファイル、ヒストグラム表示のパラメータ設定画面

Fig.4.14.6 の共通の設定画面と Fig.4.14.7 のビーム軸上プロファイルもしくはヒストグラムそれぞれのパラメータ設定画面において、

- 1) 《Graph》 ヒストグラム(Histogram)かプロファイル(Profile)かを選択。
- 2) 《End Point is》 表示する入射ビーム沿いの出力の終点を指定。照射点(Target Point)か頭部の端(Out of Head)を選択する。

ヒストグラム表示時は以下の項目が表示される。

- ・ 《最大最小値》 選択された領域の最大値、最小値、平均値を表示。
- ・ 《Min value》 表示するヒストグラムの最小値を変更する。
- ・ 《Max value》 表示するヒストグラムの最大値を変更する。
- ・ 《Nbins》 表示するヒストグラムの分割数を変更する。
- ・ 《Max Frequency》 ヒストグラムの縦軸の最小値を変更する。

プロファイル表示時は以下の項目が表示される。

- ・ 《Start Point》 始点の座標(Image1 座標系)を表示。
- ・ 《End Point》 終点の座標(Image1 座標系)を表示。

- 3) 《Output CSV File (Beam Center)》 ビーム中心線沿いのヒストグラムとプロファイルをカンマ区切りフォーマット (CSV 形式) のファイルとして出力する。

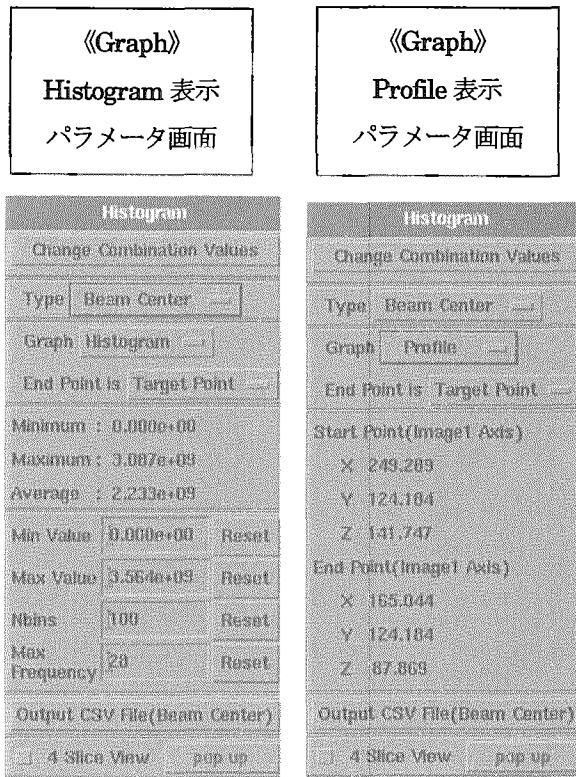


Fig.4.14.7 ビーム中心軸上のヒストグラム表示もしくは、プロファイル表示のパラメータ設定画面

(4) Line 時パラメータ :

任意線沿いのヒストグラムとプロファイルを表示する。Fig.4.14.8 に任意線上の Flux のプロファイル表示例を示している。

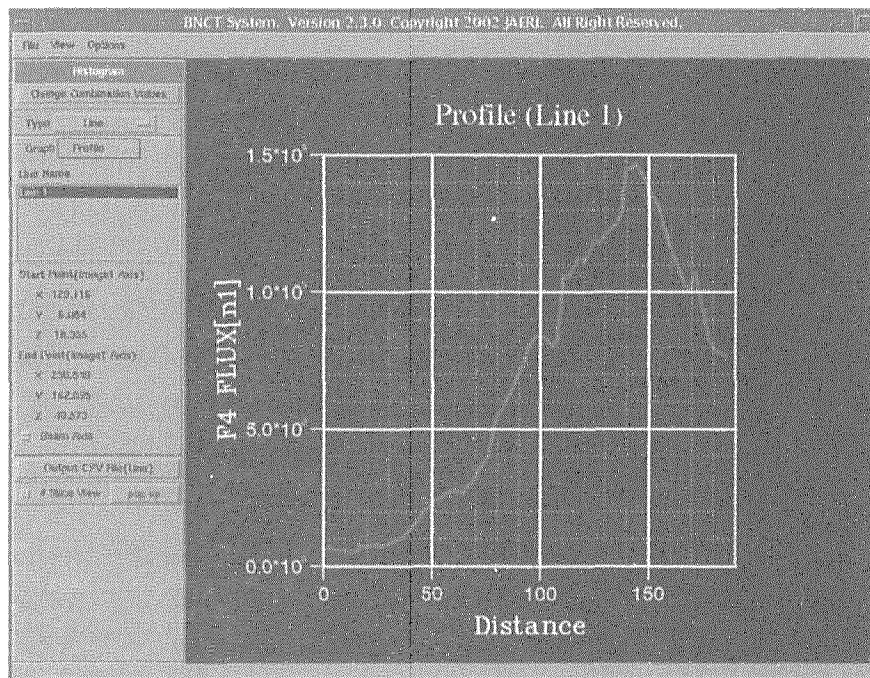


Fig.4.14.8 任意線上の Flux のプロファイル表示例

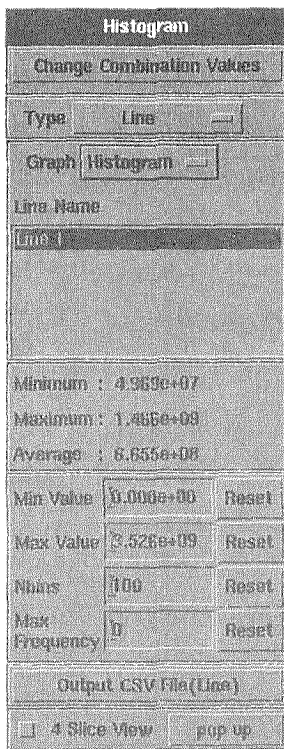


Fig.4.14.9 及び Fig.4.14.10 の任意線上のヒストグラムもしくはプロファイル表示のパラメータ設定画面において、

1) 《Graph》ヒストグラム(Histogram)かプロファイル(Profile)かを選択、

ヒストグラム表示時は以下の項目が表示される。

- ・ 《最大最小値》 選択された領域の最大値、最小値、平均値を表示。
- ・ 《Min value》 表示するヒストグラムの最小値を変更する。
- ・ 《Max value》 表示するヒストグラムの最大値を変更する。
- ・ 《Nbins》 表示するヒストグラムの分割数を変更する。
- ・ 《Max Frequency》 ヒストグラムの縦軸の最小値を変更する。

プロファイル表示時は以下の項目が表示される。

- ・ 《Start Point》 始点の座標を表示。
- ・ 《End Point》 終点の座標を表示。
- ・ 《Beam Axis》 始点・終点の座標系を設備座標系にする。

2) 《Output CSV File (Line) 》カンマ区切りフォーマット (CSV 形式) のファイルを出力する。

Fig.4.14.9 任意線上プロファイル、ヒストグラム表示のパラメータ設定画面

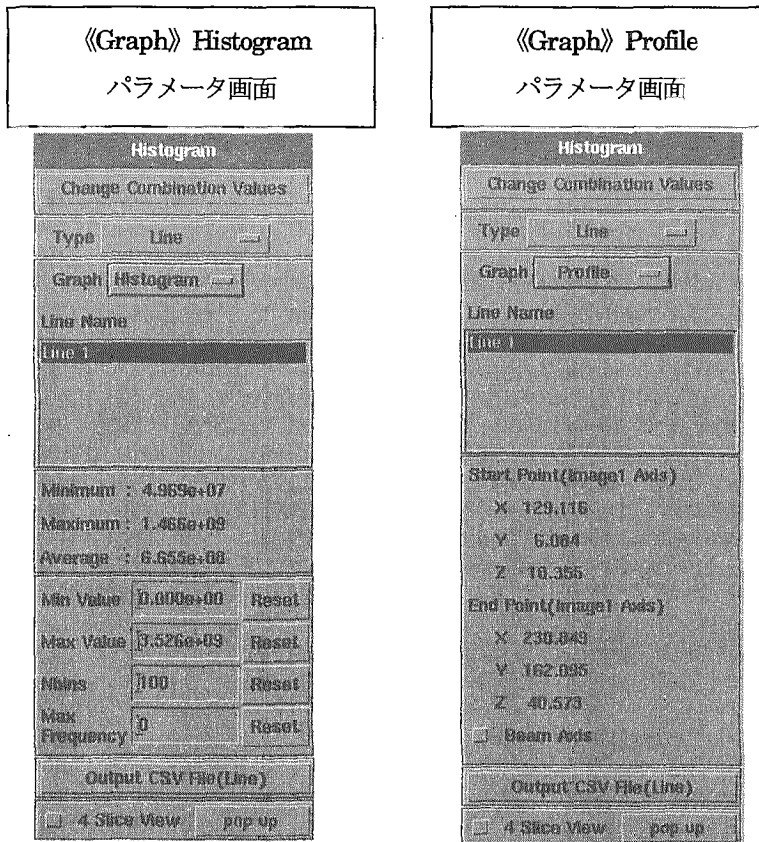


Fig.4.14.10 任意線上のヒストグラム表示もしくは、プロファイル表示のパラメータ設定画面

#### 4.15 スプレッドシート書き込み [File] - [Save Spread Sheet]

MCNP 計算結果をスプレッドシートに書き込む。JCDS では、カンマ区切りフォーマットの CSV 形式のファイルを作成する。この CSV ファイルを表計算ソフトに入力する事により、スプレッドシートを作成する。

スプレッドシートには、MCNP 計算結果の各 Flux 値、吸収線量値と 4.12 節の「計算結果表示設定パネル」で設定した組み合わせの Flux 値または吸収線量が出力される。

組成ごとの吸収線量値は、「計算結果表示設定パネル」で設定した各組成の係数が掛けられている。

また、組成ごとの吸収線量値におけるホウ素の線量は、「計算結果表示設定パネル」で設定したホウ素濃度を使用されており、骨と空気のホウ素濃度はゼロとしている。

“Spread Sheet”パネルがオープンされるので、必要なオプションを選択する。

##### (1) Spread Sheet パラメータ :

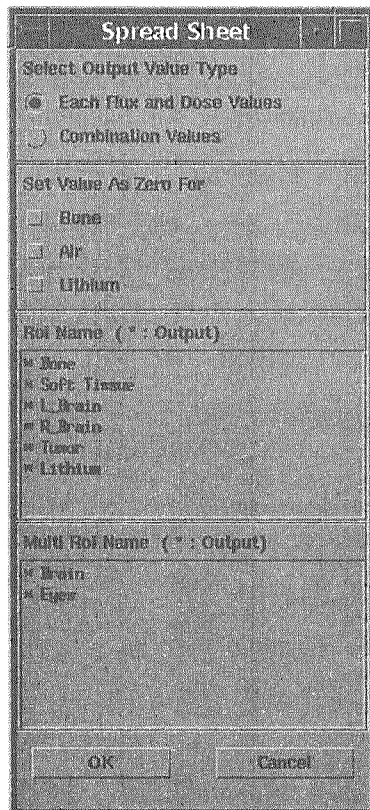


Fig.4.15.1 スプレッドシートのファイル出力のためのパラメータ設定画面

Fig.4.15.1 に示すスプレッドシートのファイル出力のためのパラメータ設定画面において、

- 1) 《Select Output Value Type》出力するスプレッドシートの種類を選択する。“Each Flux and Dose Values”は各 FLUX 値、吸収線量値の出力、“Combination Values”は 4.12 節の「計算結果表示設定パネル」で設定した組み合わせ線量値の出力となる。
- 2) 《Set Value As Zero For》骨、空気、リチウムの各組織の線量値をゼロに設定するオプション。
- 3) 《Roi Name》スプレッドシートに出力しない ROI を選択する。リスト上で\*マークの付いている ROI はスプレッドシートに出力される。リスト上の ROI の名前をマウスでクリックするたびに、On/Off される。
- 4) 《Multi Roi Name》スプレッドシートに出力しないマルチ ROI を選択する。リスト上で\*マークの付いているマルチ ROI はスプレッドシートに出力される。リスト上のマルチ ROI の名前をマウスでクリックするたびに、On/Off される。
- 5) 《OK》スプレッドシート出力を行う。“Save Spread Sheet”パネル(ファイルダイアログ)がオープンされるのでファイル名を入力して《OK》ボタンを押す。カンマ区切りフォーマット (CSV 形式) のファイルが出力される。スプレッドシート出力は、各 Flux、各線量について患者頭部モデルへの補間を行う。
- 6) 《Cancel》スプレッドシート出力を中止する。

(2) スプレッドシート・フォーマット

スプレッドシートの出力タイプを各 FLUX 値、吸収線量値 (“Each Flux and Dose Values”) とした場合のフォーマットは Fig.4.15.2 に示すとおりである。

Image1	99999991	TEST	19990518
Image2	1	TEST MRI	19990518
Reactor Power 3500 kw			
Scale Fcator 2.73e+17			
B10(Tumor 1 ppm Normal 1 ppm)			
Zero Option			
Bone	=	1	
Air	=	0	
Lithium	=	0	
F4 FLUX			
		n1	n2
	Volume	Average	Minimum Maximum Average Minimum Maximum
Bone	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00 0.00E+00 0.00E+00 0.00E+00 0.00E+00
Soft Tissue	2.65E+06	6.20E+08	3.23E+04 3.53E+09 6.03E+07 2.00E+00 7.73E+08
Air	8.01E+06	3.86E+08	0.00E+00 3.02E+09 1.12E+08 0.00E+00 1.10E+09
Background	2.64E+06	6.16E+08	3.23E+04 3.53E+09 6.01E+07 2.00E+00 7.73E+08
Tumor	6.85E+03	2.25E+09	1.64E+09 2.97E+09 1.23E+08 3.99E+07 2.50E+08
Target(tumor)	1.25E+05	2.15E+09	9.09E+08 3.45E+09 1.97E+08 1.10E+06 6.86E+08

Fig.4.15.2 Each Flux and Dose Values で出力したスプレッドシートデータを表計算ソフトで表示した例

出力されている内容を以下に示す。

行番号	内容
1	Image1 画像の患者 ID、患者名、撮影日付
2	Image2 画像の患者 ID、患者名、撮影日付
4	炉出力
5	スケールファクター(MCNP 計算値に乗じた値)
6	腫瘍部および正常細胞部の B-10 濃度
9	骨のゼロ化オプション (骨の値をゼロとするオプションを設定しているとき、“1”と表示される)
10	空気のゼロ化オプション
11	リチウムのゼロ化オプション
13~15	見出し
16~	各組織、ターゲット領域、ROI、マルチ ROI の積分値。最初の 2 つの項目は名前、体積、その後各 Flux、吸収線量の平均値、領域内での最小値、最大値が出力される。

組織については、骨、軟組織、空気、腫瘍部以外の骨と軟組織、腫瘍部が出力される。ターゲット領域は、Target(ROI名)という名前で出力される。

出力される順番は、骨、軟組織、空気、腫瘍部以外の骨と軟組織、腫瘍部、ターゲット領域、ROI、マルチROIの順番である。なお、ターゲット領域、ROI、マルチROIは、実際に領域が存在しない(体積がゼロ)の場合は出力されない。

スプレッドシートの出力タイプを組合せ線量値 (“Combination Values”)とした場合のフォーマットは Fig.4.15.3 に示すとおりである。

Image1	99999991 TEST	19990518			
Image2	1 TEST MRI	19990518			
Reactor Power 3500 kw					
Scale Factor 2.73e+17					
B10(Tumor 5 ppm Normal 2 ppm)					
Zero Option					
Bone	= 0				
Air	= 0				
Lithium	= 0				
		Dose			
		B10 × 1			N × 1
	Volume	Average	At Pmin	At Pmax	Average
Bone	8.48E+05	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00
Soft Tissue	2.65E+06	2.31E-04	6.99E-06	3.93E-05	0.00E+00
Air	8.01E+06	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00	0.00E+00
Background	3.49E+06	1.72E-04	6.99E-06	3.93E-05	0.00E+00

続く →

上記出力の右側の続き)

Combination Values			Coordinates Of					
Dose[B10×1+N×1+G×1]			Point At Minimum Value (Pmin)			Point At Maximum Value		
Average	Minimum	Maximum	X	Y	Plane No.	X	Y	
2.00E+00	1.03E-01	3.90E+01	6.29E+01	1.14E+02	4	7.50E+01	1.07E+02	
2.50E+00	1.83E-03	5.17E+01	5.88E+01	1.30E+02	0	8.72E+01	9.73E+01	
1.19E+00	0.00E+00	5.35E+01	0.00E+00	0.00E+00	0	2.43E+01	1.16E+01	
2.37E+00	1.83E-03	5.17E+01	5.88E+01	1.30E+02	0	8.72E+01	9.73E+01	
5.98E+00	4.73E+00	7.70E+00	1.56E+02	1.26E+02	23	1.74E+02	1.24E+02	
6.00E+00	2.80E+00	9.41E+00	1.56E+02	1.44E+02	18	1.60E+02	1.30E+02	

Fig.4.15.3 Combination Values によって出力したスプレッドシートデータを表計算ソフトで表示した例

出力されている内容を以下に示す。

行番号	内容
1	Image1 画像の患者 ID、患者名、撮影日付
2	Image2 画像の患者 ID、患者名、撮影日付
4	炉出力
5	スケールファクター(MCNP 計算値に乗じた値)
6	腫瘍部および正常細胞部の B10 濃度
9	骨のゼロ化オプション(1 の時、骨の値をゼロとしている)
10	空気のゼロ化オプション
11	リチウムのゼロ化オプション
13~15	見出し
16~	各組織、ターゲット領域、ROI、マルチ ROI の積分値。最初の 2 つの項目は名前、体積、その後に組合せ線量を構成する各線量の平均値、領域内での組合せ線量最小値位置における線量値、同最大値位置における線量値が出力される。最後に、組合せ線量の平均値、領域内での最小値、最大値の出力と、最小値、最大値の位置情報 (Image1 座標系における X,Y 座標値とスライス番号が出力されている)。

組織については、骨、軟組織、空気、腫瘍部以外の骨と軟組織、腫瘍部が出力される。

ターゲット領域については 3 通りの出力を行っている。1 つ目は、ターゲット領域内の腫瘍部には腫瘍の B10 濃度を、正常細胞部には正常細胞の B10 濃度を適用して計算したもの、2 つ目は、ターゲット領域内全てに腫瘍の B10 濃度を適用して計算したもの、3 つ目は、ターゲット領域内全てに正常細胞の B10 濃度を適用して計算したものである。1 つ目の出力は、ターゲット領域名を Target(ROI 名)としており、2 つ目と 3 つ目の出力は、ターゲット領域名を Target(ROI 名)B10=\*\*\*ppm として領域内に適用した B10 濃度を表示している。

出力される順番は、骨、軟組織、空気、腫瘍部以外の骨と軟組織、腫瘍部、ターゲット領域、ROI、マルチROIの順番である。なお、ターゲット領域、ROI、マルチROIは、実際に領域が存在しない(体積がゼロ)の場合は出力されない。

#### 4.16 ダンプファイル書き込み [File] - [Save Dump File]

MCNP 計算メッシュの各 FLUX 値、吸収線量値および、その値を患者頭部モデルに内挿補間した値をダンプファイルに出力する。

Fig.4.16.1 に示す“Dump File”パネルがオープンされるので、MCNP 計算メッシュの出力の場合は“MCNP Values (Voxel)”を、患者頭部モデルに内挿補間した値の出力する場合は“Interpolated Values (Pixel)”を選択する。

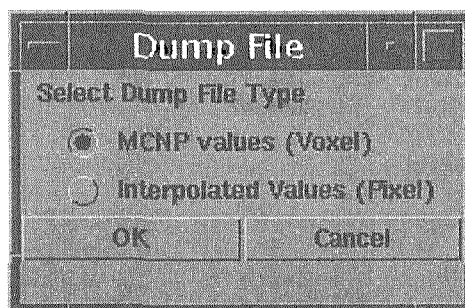


Fig.4.6.1 Dump File を実施するパネル

《OK》ボタンをクリックすると、“Save Dump File”パネル(ファイルダイアログ)がオープンされるのでファイル名を入力して《OK》ボタンを押す。

MCNP 計算メッシュの値は ASCII ファイルで出力し、患者頭部モデルに内挿補間した値は大量のデータとなるので C 言語のバイナリーファイルで出力される。各ファイルの出力フォーマットについて以下に示す。

##### (1) MCNP 計算メッシュ(“MCNP Values (Voxel)”)の出力フォーマット

MCNP 計算メッシュ上の線量は、Fig.4.16.2 に示すフォーマットで出力される。



Voxel Dump File. BNCT System. Version 2.3.0

Image Data Information

	ID	Name	Date
Image1	99999991	TEST	19990518
Image2	1	TEST MRI	19990518

Flux and Dose Information

Number of Flux and Dose 7

Name	Index	Atomic Weight
F4 FLUX[n1]	0	1
F4 FLUX[n2]	0	1
F4 FLUX[n3]	0	1
F4 FLUX[nTotal]	0	1
Dose[B10]	5010	10.81
Dose[N]	7014	14.01
Dose[G]	0	1

Material Information

Number of Materials 5

Name	Density	Number of Tables	Index	fraction	Index	fract
Tumor	1.04	5	1001	10.7	6012	
Soft Tissue	1.04	5	1001	10.7	6012	
Bone	1.1	7	1001	5	6012	
Air	0.001204	3	7014	75.51	8016	
Lithium	0.001204	3	7014	75.51	8016	

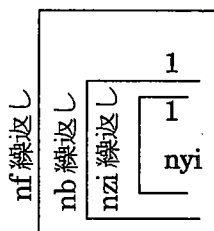
Collimator Information

Collimator	Target Point			Incidence Angle			Dist
No.	X	Y	Z	Xrot	Yrot	Zrot	
14	165.044	124.184	87.8694	0	57.4	0	

Fig.4.16.2 MCNP Values (Voxel)で出力されたダンプファイルを表計算ソフトで表示した例

出力されている内容を以下に示す。

繰り返し行数	内容
1	ファイルタイトル
1	見出し
1	見出し
1	<b>Image1</b> 画像の患者 ID、患者名、撮影日付
1	<b>Image2</b> 画像の患者 ID、患者名、撮影日付
1	見出し
1	<b>Flux</b> および吸収線量の数[nf]
1	見出し
nf	線量名、核種断面積テーブルでの核種のインデックス番号 ( <b>Flux</b> 、 $\gamma$ 線の場合は0)、 密度 ( <b>Flux</b> 、 $\gamma$ 線の場合は1.0)
1	見出し
1	物性数[nm]
1	見出し
nm	物性値名、密度、核種テーブル数、(核種のインデックス番号、含有率%)、 0 内を核種テーブル数繰り返し
1	見出し
1	見出し
1	見出し
1	コリメータ番号、ターゲット点 x 座標、ターゲット点 y 座標、ターゲット点 z 座標、 ビーム回転角度(x)、ビーム回転角度(y)、ビーム回転角度(z)、ビーム孔からターゲ ット点までの距離、ビーム中心軸回りの回転角度
1	見出し
1	<b>MCNP</b> メッシュブロック数[nb]
1	見出し
nb	<b>MCNP</b> メッシュ X 方向分割数[nxi]、Y 方向分割数[nyl]、Z 方向分割数[nzi]、メッ シュ始点 X 座標値、メッシュ始点 Y 座標値、メッシュ始点 Z 座標値、メッシュ終点 X 座標値、メッシュ終点 Y 座標値、メッシュ終点 Z 座標値
1	出力線量名
1	出力ブロック番号、スライス番号
1	線量値(nxi 個繰り返し)



## (1) 患者頭部モデルに内挿補間した線量("Interpolated Values (Pixel)")の出力フォーマット

患者頭部モデルに内挿補間した線量は C 言語のバイナリーファイルであり、以下のフォーマットで出力される。

項目	型	バイト数	繰返し数	内 容
n	int	4	1	文字数
str[]	char	n	1	タイトル("Pixel Dump File")
n	int	4	1	文字数
product[ ]	char	n	1	プログラム名("BNCT System.")
n	int	4	1	文字数
version[ ]	char	n	1	バージョン("Version 2.3.0")
n	int	4	1	文字数
Image1_ID[ ]	char	n	1	Image1 の患者 ID
n	int	4	1	文字数
Image1_name[ ]	char	n	1	Image1 の患者名
n	int	4	1	文字数
Image1_date[ ]	char	n	1	Image1 の日付
n	int	4	1	文字数
Image2_ID[ ]	char	n	1	Image2 の患者 ID
nint41	文字数			
Image2_name[ ]	char	n	1	Image2 の患者名
n	int	4	1	文字数
Image2_date[ ]	char	n	1	Image2 の日付
Num_eg_total	int	4	1	Flux 数+Dose 数
Numeq_total 繰返し	n	int	4	文字数
	name[ ]	char	n	Flux 名または Dose 名
	tally_index	int	4	核種断面積テーブルでの核種のインデックス番号 (Flux、 $\gamma$ 線の場合は0)
	tally_w	float	4	密度 (Flux、 $\gamma$ 線の場合は1.0)

項目	型	バイト数	繰返し数	内 容
material_num	int	4	1	物性数
n	int	4	1	文字数
mat_name[ ]	char	n	1	物性値名
mass_dens	float	4	1	密度
table_num	int	4	1	核種テーブル数
index	int	4	1	核種断面積テーブルでの核種のインデックス番号
w	float	4	1	含有率 (%)
selected_col	int	4	1	コリメータ番号
x_str	float	4	1	ターゲット点 x 座標 (mm)
y_str	float	4	1	ターゲット点 y 座標 (mm)
z_str	float	4	1	ターゲット点 z 座標 (mm)
Incidence_x	float	4	1	ビーム回転角度(x) (°)
Incidence_y	float	4	1	ビーム回転角度(y) (°)
Incidence_z	float	4	1	ビーム回転角度(z) (°)
Distance	float	4	1	ビーム孔からターゲット点までの距離 (mm)
Angle	float	4	1	ビーム中心軸回りの回転角度 (°)
Power	float	4	1	炉出力 (kW)
Power_eq	float	4	1	換算係数
B10_tumor	float	4	1	B10 濃度(腫瘍部) (ppm)
B10_normal	float	4	1	B10 濃度(正常細胞) (ppm)
factor_num	int	4	1	Dose 係数の数
factor[ ]	float	4	factor_num	各 Dose の係数
tis_num	int	4	1	組織の数
n	int	4	1	文字数
tis_name	char	n	1	組織名
tis_level	int	4	1	組織レベル値(0 : 空気、50 : 軟組織、100 : 骨)
Roi_num	int	4	1	ROI の数
n	int	4	1	文字数
Roi_name	char	n	1	ROI 名
Roi_division	int	4	1	ROI 区分(0 : 腫瘍、1 : 正常細胞、2 : リチウム)
Roi_level	int	4	1	ROI レベル値

	項目	型	バイト数	繰返し数	内 容
Roi2_num 繰返し	Roi2_num	int	4	1	マルチ ROI の数
	n	int	4	1	文字数
	Roi2_name	char	n	1	マルチ ROI 名
	Roi2_inum	int	4	1	マルチ ROI に含まれる ROI 数
	Roi2_i	int	4	Roi2_inum	ROI 番号
	dims[ ]	int	4	3	頭部モデルのピクセル数 (dims[0] : x 方向、 dims[1] : y 方向、 dims[2] : z 方向、)
	points[ ]	float	4	6	頭部モデルの位置情報 (points[0] : x_min、 points[1] : y_min、 points[2] : z_min、 points[3] : x_max、 points[4] : y_max、 points[5] : z_max)
	Tissue[ ]	char	1	m	組織データ。各ピクセルの値は組織レベル値であり、上記の tis_lebel との比較により組織を判定できる。 m=dims[0]*dims[1]*dims[2]であり、書き出される順番は、まず x 方向、次に y 方向、最後に z 方向である。
	Roi[ ]	char	1	m	ROI データ。各ピクセルの値は ROI レベル値であり、上記の Roi_lebel との比較により ROI を判定できる。 個数mおよび書き出し順序は Tissue と同じ。
	Target[ ]	char	1	m	ターゲットデータ。各ピクセルの値は ROI レベル値であり、上記の Roi_lebel との比較により ROI を判定できる。個数mおよび書き出し順序は Tissue と同じ。
Num_eg_total 繰返し	inter[ ]	float	4	m	頭部モデルに補間された Flux 値( $\text{cm}^2\text{sec}^{-1}$ )および Dose 値(Gy/h)。個数mおよび書き出し順序は Tissue と同じ。

#### 4.17 システム終了 [File]-[Exit]

JCDS を終了する。

#### 4.18 リスタートファイル書き込み [File]-[Save data]

リスタートファイルを作成する。組織編集やROI設定等の作業を、JCDSを再起動後に引き続き行う場合、リスタートファイルを作成する。“Save data”パネルがオープンされるのでファイル名を入力して《OK》ボタンを押す。

#### 4.19 リスタートファイル読み込み [File]-[Load data]

リスタートファイルを読み込む。、JCDS起動後に、以前に行った組織編集やROI設定等の作業を引き続き行う場合、リスタートファイルを読み込む。

“Load data”パネルがオープンされるのでファイル名を入力して《OK》ボタンを押す。

#### 4.20 2次元画像情報表示 《Image Info》

2次元表示画面上のデータの情報を表示する。表示する内容は、座標値、データ値、2点間の距離、3点間の角度、2次元断面全体のヒストグラム、2点間のヒストグラム、2点間のプロファイルである。

本機能は以下の2次元画面に対して機能する。

2次元画像表示機能の1枚(Single)表示時の画像表示画面

- 画像データ編集機能の編集画面
- 組織設定機能のオリジナル画面
- 組織編集機能の編集画面
- ROI設定&編集機能の編集画面
- Image1/Image2合成機能の編集画面
- 3次元表示機能の照射点設定時のAxial画面
- 2次元コンター表示機能の1枚(Single)表示時の画像表示画面

各機能のパラメータ画面上の《Image Info》ボタンをonにする事により、Fig.4.20.1、Fig.4.20.2に示す2次元画像情報パネルが開かれる。

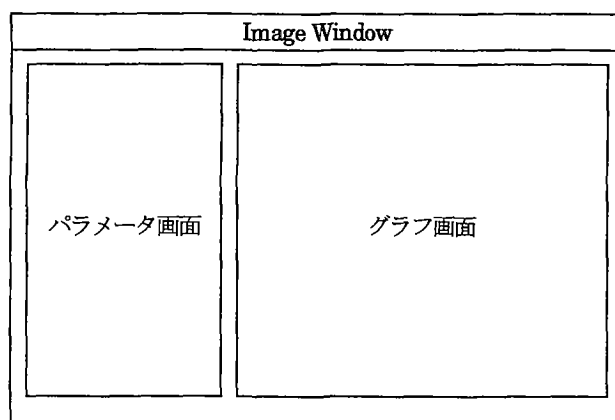


Fig.4.20.1 2次元画像情報表示の画面レイアウト

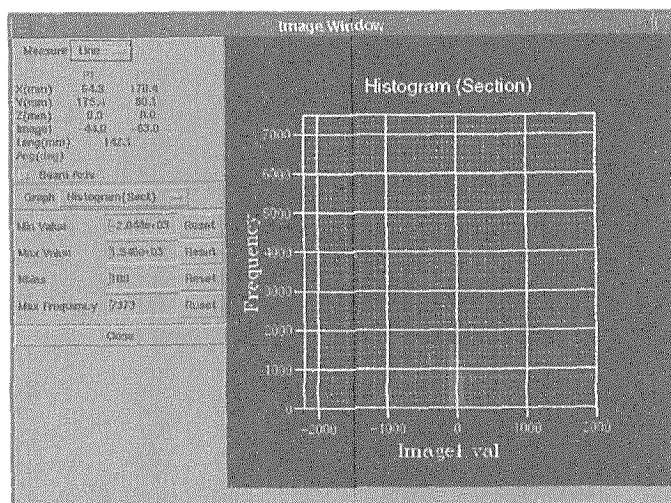


Fig.4.20.2 2次元画像情報の表示例

## ◇ パラメータ :

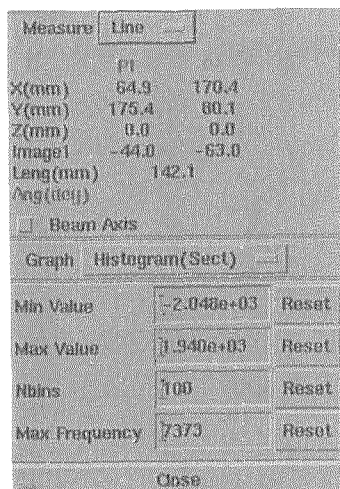


Fig.4.20.3 パラメータ設定画面

Fig.4.20.3 のパラメータ設定画面において、

## 1) 《Measure》座標、データ値を出力する点の数

1点(Point)、2点(Line)、3点(Angle)から選択する。2次元表示画面をCntrlキー+マウスクリックする事により情報が2次元画像情報表示パネルのパラメータ画面に表示される。表示される情報は、クリックされた点の座標値(X,Y,Z)、表示されているデータの値、2点間の距離、3点間(真ん中の点における)角度である。

## 2) 《Collimater axis》座標系の選択

on ; 設備座標系、off ; Image1 座標系又は Image2 座標系。

## 3) 《Graph》グラフ表示の選択。

断面全体のヒストグラム(Histogram(Sect))、2点間のヒストグラム(Histogram(P1-P2))、2点間のプロファイル(Profile(P1-P2))から選択する。2点間のヒストグラムと2点間のプロファイルを表示する場合は、上記《Measure》で2点(Line)か3点(Angle)を選択し、表示させたい2点をCntrl+マウスクリックで選ぶ。

## 4) 《Min value》表示するヒストグラムの最小値を変更する。

## 5) 《Max value》表示するヒストグラムの最大値を変更する。

## 6) 《Nbins》表示するヒストグラムの分割数を変更する。

## 7) 《Max Frequency》ヒストグラムの縦軸の最小値を変更する。

## 8) 《Close》2次元画像情報表示を終了する。



4.21 4面図表示 《4 Slice View》

Sagittal、Coronal、Axial、Oblique の4断面によりデータを表示する。

各機能のパラメータ画面上の《4 Slice View》ボタンを on にする事により、Fig.4.21.1、Fig.4.21.2 に示す4面図パネルが開かれる。

Axial、Sagittal、Coronal の表示断面の移動は、各断面をマウスクリックする事により行う。

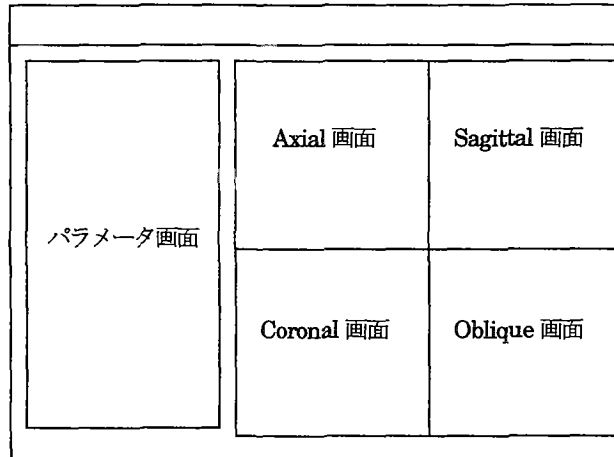


Fig.4.21.1 4面図の画面レイアウト

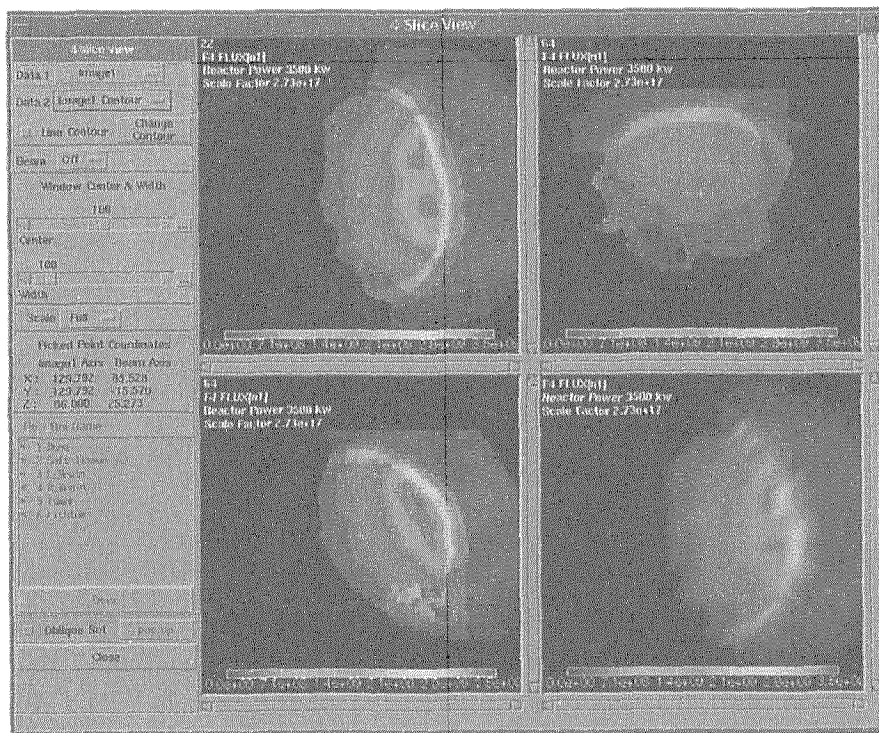


Fig.4.21.2 4面図によってFlux分布をImage1のCTデータ上に表示した例

## (1) パラメータ :

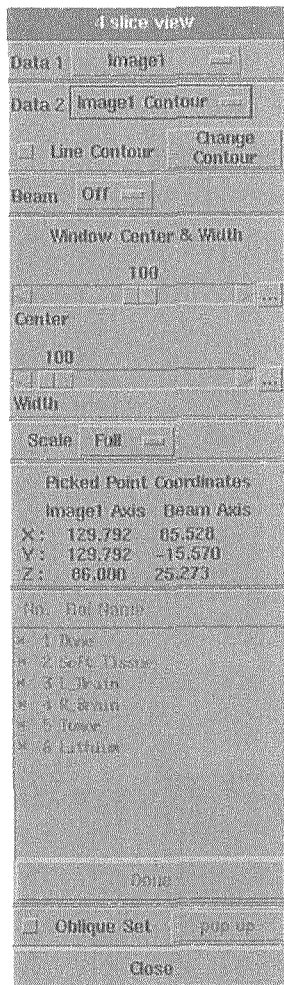


Fig.4.21.3 パラメータ設定画面

Fig.4.21.3 のパラメータ設定画面において、

- 1) 《Data 1》下絵として表示するデータを選択  
Image1 画像 (Image1) 、 Image2 画像 (Image2) 、 組織 (Tissue) 、 Image1-ROI (Image1 Roi) 、 Image2-ROI (Image2 Roi) 、 Image1 ターゲット領域 (Image1 Target) 、 Image2 ターゲット領域 (Image2 Target) 、 ROI (Roi) 、 ターゲット領域 (Target) から選択する。
- 2) 《Data 2》下絵 (Data 1) に上書きするデータを選択  
組織 (Tissue) 、 Image1-ROI (Image1 Roi) 、 Image2-ROI (Image2 Roi) 、 Image1 ターゲット領域 (Image1 Target) 、 Image2 ターゲット領域 (Image2 Target) 、 ROI (Roi) 、 ターゲット領域 (Target) 、 Image1 座標系での MCNP 計算結果コンター (Image1 Contour) 、 Image2 座標系での MCNP 計算結果コンター (Image2 Contour) から選択する。
- 3) 《line contour》等高線表示を行う。
- 4) 《Beam》ビームの外枠表示を行う。
- 5) 《Window Center & Width》下絵 (Data 1) のウィンドウレベルの調整。(詳細は 4.3 節参照)
- 6) 《Scale》画面サイズ(拡大縮小)の選択。(詳細は 4.3 節参照)
- 7) 《Picked Point Coordinates》マウスピックされた点の座標。
- 8) 《No. Roi Name》ROI の表示・非表示の選択  
リスト上の ROI をマウスクリックする事により、各 ROI の可視性を On/Off する。
- 9) 《Done》設定した ROI の表示・非表示に従って、ROI の再表示を行う。
- 10) 《Oblique Set》Oblique 断面の設定を行うパネルを表示する。
- 11) 《popup》Oblique 断面設定パネルのポップアップ  
Oblique 断面設定パネルが他のウィンドウの後ろに隠れてしまった時にこのボタンを押す。
- 12) 《Close》4 面図表示を終了する。

## (2) Oblique 断面表示パネルのパラメータ :

「Oblique Set」ボタンにより Fig.4.21.4 に示す Oblique 断面表示のパラメータ設定画面を呼び出し、Oblique 断面の設定を行う。

- 1) 《Downsize》画像データの間引き率の選択。(詳細は 4.3 節参照)
- 2) 《Oblique Plane Axis》Oblique 断面の選択  
任意断面 (3D) かビーム中心線を含む断面 (Beam) かを選択する。
- 3) 《Close》Oblique 断面表示パネルを閉じる。

任意断面表示時のパラメータ：

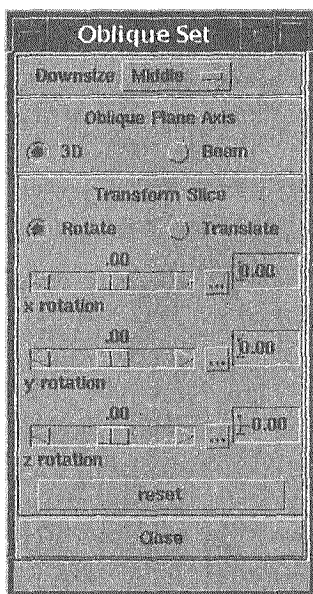


Fig.4.21.4 任意断面設定時の  
Oblique パラメータ設定画面

Fig.4.21.4 の Oblique 設定の任意断面のパラメータ設定画面において、

4) 《Transform Slice》任意断面の設定

表示する任意断面を設定する。トグルボタン《Rotate》(回転)、《Translate》(移動)で設定する値を指定する。

- 《Rotate》(回転)の時は任意断面の回転を指定  
[x rotation]、[y rotation]、[z rotation]によりそれぞれ X、Y、Z 軸回りの回転角度(deg)を指定する。指定はスライダーバーか数値フィールドを用いて行う。
- 《Translate》(移動)の時は任意断面の移動を指定  
[xtran]、[ytran]、[ztran]によりそれぞれ X、Y、Z 軸方向の移動を指定する。指定はスライダーバーか数値フィールドを用いて行う。
- 《reset》ボタンで回転と移動がすべてゼロにリセットされる。

ビーム中心軸線を含む断面表示時のパラメータ：

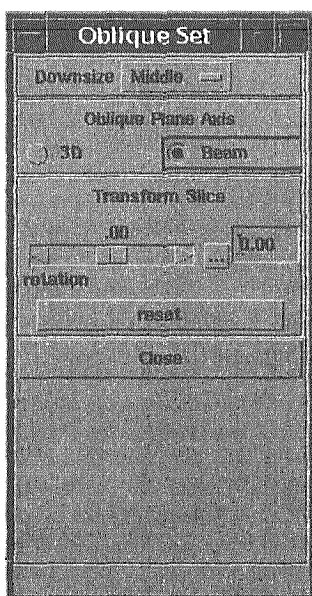


Fig.4.21.5 ビーム中心軸を含む  
断面設定時の Oblique パラメ  
ータ設定画面

Fig.4.21.5 の Oblique 設定のビーム中心軸線を含む断面表示のパラメータ設定画面において、

5) 《Transform Slice》ビーム中心軸線を含む断面の設定

表示するビーム中心軸線を含む断面を設定する。

- [rotation]によりビーム中心線回りの回転角度(deg)を指定する。  
指定はスライダーバーか数値フィールドを用いて行う。
- 《reset》ボタンで回転がゼロにリセットされる。

#### 4.22 グラフィックス表示オプション [Option]

グラフィックス表示のオプション設定を行う。JCDS は 3 次元グラフィックスを使用しており、使用するマシン環境によってはグラフィックス表示に時間がかかる場合がある。その様な場合には、本オプションを変更して最適な稼動環境を設定する。

(1) [Option]-[Graphics Type] :

使用するグラフィックスをサブメニューから選択する。使用しているマシンの環境によって違うが、以下のグラフィックスが選択できる。

Software、OpenGL、XGL、PEX、XIL

## 5. MCNP 計算コード用の入力データ

### 5.1 ファイル構成

JCDS では、MCNP 計算コード用の頭部計算モデル作成のために、以下に示すファイルが用意されている。

#### (1) 線源データ

MCNP コードによるシミュレーション計算には多大な時間を要するため、時間的制限から、ビーム照射口の出口あるいはその近くの平行な面に線源を指定して計算を行う。そのために予め MCNP コードを用いて炉心から線源面までの中性子及びガンマ線の輸送計算を行い、線源データファイルとして保存して接続計算に使用する。

#### (2) 形状データ

JCDS で作成する計算モデルにおいて、患者頭部モデルを除いた設備構造物の形状は、コリメータ等の一部を除いては形状が固定である。これら固定形状の構造物については、幾何形状の定義データを予め作成してファイルに保存している。

#### 5.1.1 線源データファイル

JCDS では、計算モデルは頭部モデル部分のみを新規作成し、予め準備した線源データと接続して計算を実行する接続計算手法を用いている（ただし、炉心から頭部までの全体系をモデル化することも可能である）。

JCDS では、Fig.5.1.1 に示す様にコリメータ部の傾斜位置（境界番号 300）を接続計算用の面線源位置としている。炉心から接続計算用の面線源位置までのシミュレーション計算の際、MCNP 入力データの線源入力オプションとして SSW(面線源書き出し) を指定することで面線源位置の線源ファイルが出力される。

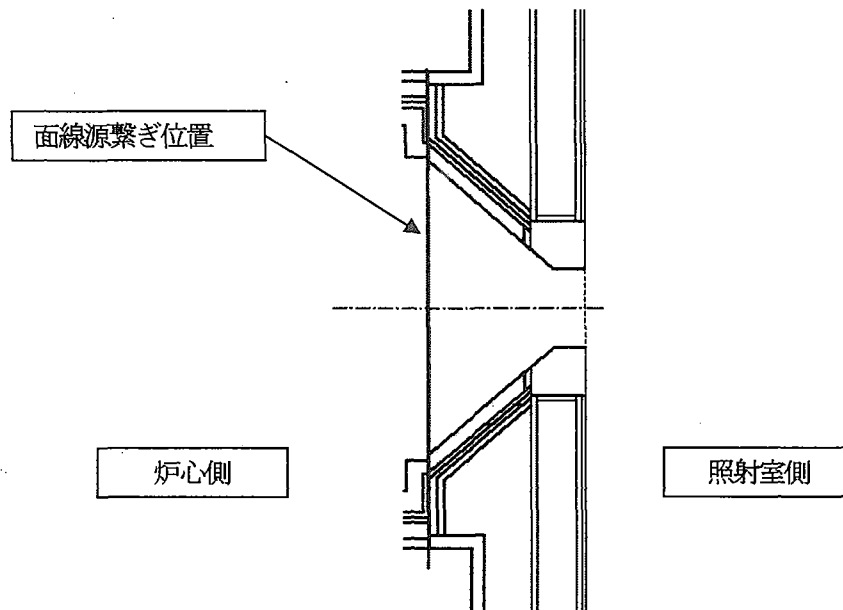


Fig.5.1.1 コリメータ周辺の断面図

## 5.1.2 形状データファイル

コリメータ等の一部を除く設備構造物の形状は固定であるため、これらの設備構造物のデータ（モデルを定義する格子及び格子を構成する境界表面データ等）を外部ファイルとして保存している。このファイルを計算条件に合わせて読み込むことにより、MCNP 計算用入力データの作成及び出力を行っている。これらのデータのファイルは JCDS の実行スクリプトファイルが格納されているディレクトリ下 (bnct\_system/data) に格納されている。ファイル名及び内容を Tabel 5.1.1 に示す。

Table 5.1.1 JCDS の実行スクリプトファイル名とその内容

ファイル名	内容	種別
voxel_core_dat	炉心部セル定義データ	セル
voxel1_dat	コリメータ部セル定義データ(コリメータ共通部)	セル
voxella_dat	コリメータ部セル定義データ(既存コリメータ)	セル
voxel2_dat	コリメータ部セル定義データ(既存コリメータ)	セル
voxel2a_dat	コリメータ部セル定義データ(既存コリメータ)	セル
voxel3_dat	コリメータ部セル定義データ(既存コリメータ)	セル
voxel3a_dat	コリメータ部セル定義データ(既存コリメータ)	セル
v_voxelco_dat	コリメータ部セル定義データ(可変コリメータ)	セル
v_voxel1_dat	コリメータ部セル定義データ(可変コリメータ)	セル
v_voxella_dat	コリメータ部セル定義データ(可変コリメータ)	セル
v_voxel2_dat	コリメータ部セル定義データ(可変コリメータ)	セル
Sdef_dat	線源定義ファイル	線源
mixture_core	炉心部構造材の材料データ	材料
mixture_other	その他構造材の材料データ	材料
imp1_dat	セルインポートランス定義データ(炉心周辺部)	インポートランス
imp1a_dat	セルインポートランス定義データ(ビームポート付近)	インポートランス
imp2_dat	セルインポートランス定義データ(1)	インポートランス
imp2a_dat	セルインポートランス定義データ(2)	インポートランス
imp_core_dat	炉心部のセルインポートランス定義データ	インポートランス
nodes_core_1	炉心部の境界定義データ(1)	境界
nodes_core_2	炉心部の境界定義データ(2)	境界
nodes_less	炉心部近辺の境界定義データ	境界
nodes_cd_on	カドミウムシャッター (on) の境界データ	境界
nodes_cd_off	カドミウムシャッター (off) 境界データ	境界
nodes_core	炉心部境界データ	境界
v_nodes_coli	可変コリメータ境界データ	境界
nodes_c10	既存コリメータ境界データ(内径 10mm)	境界
nodes_c12	既存コリメータ境界データ(内径 12mm)	境界

nodes_c15	既存コリメータ境界データ(内径 15mm)	境界
nodes_c20	既存コリメータ境界データ(内径 20mm)	境界

### 5.1.3 コリメータ形状

JRR-4では、開口部が円柱形状である固定形状コリメータと照射条件に合わせて開口部を任意形状に設定できる「可変コリメータ」の2種類のコリメータ形状が整備されている。

利用者が選択したコリメータ形状に対応する形状ファイルを用意している。以下に各コリメータ形状について説明を行う。ただし、前者の固定形状のコリメータを「可変コリメータ」と区別するために、「既存コリメータ」と称する。

#### (1) 既存コリメータ：

Fig.5.1.2 に示すように、既存の固定形状コリメータに関しては、内径が 10mm、12mm、15mm、20mm の4種類をモデル化の対象としている。形状ファイルでの予約セル番号及び境界番号を以下に示す。

セル番号：780～783()

790～793()

800～803()

810(ビーム出口孔)

820(照射室側への突起部)

821～824(コリメータ・カバー)

境界番号：306～312

320～330

360～370

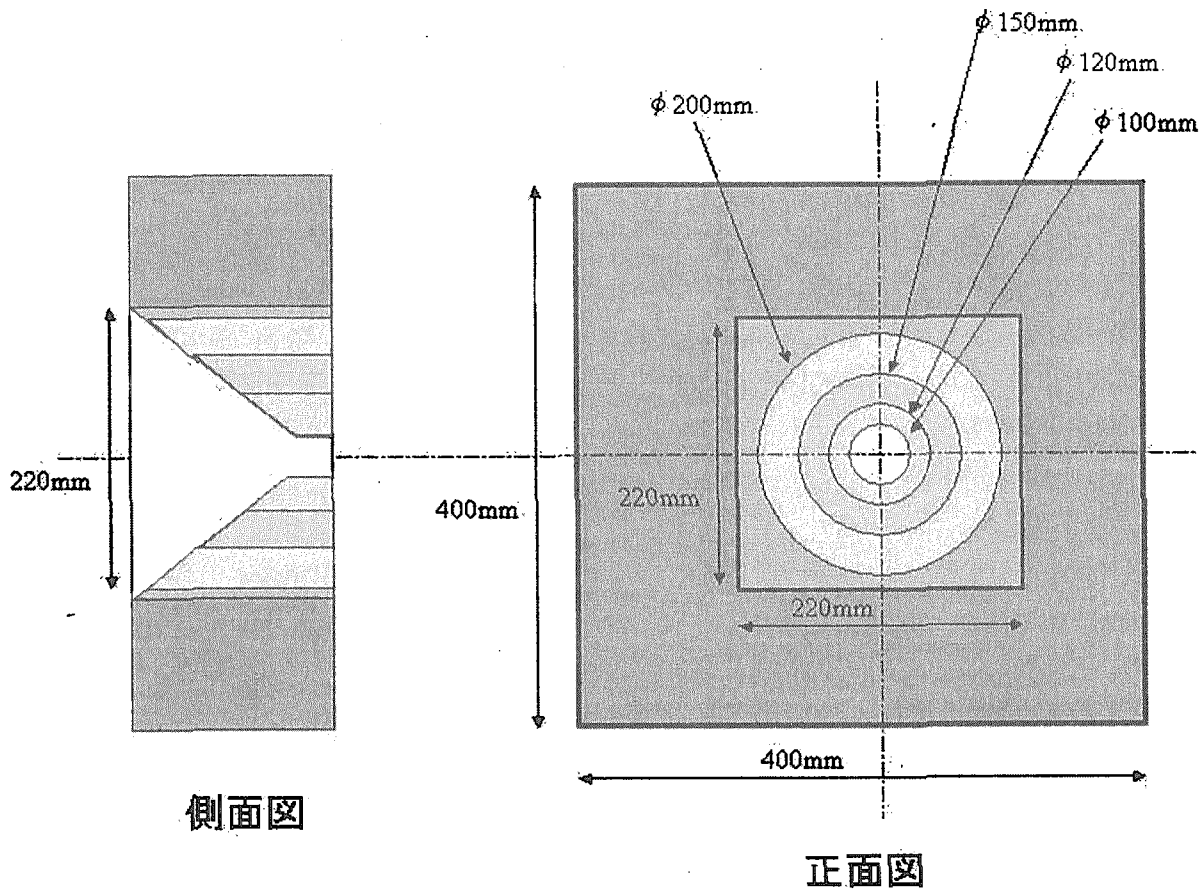


Fig.5.1.2 既存の円形コリメータの側面図及び正面図

(2) 可変コリメータ :

Fig.5.1.3 はマルチリーフ可変コリメータ (以下、可変コリメータという) の側面図及び正面図を示している。可変コリメータは開口部を 0mm~180mm の間で照射条件に合わせて任意の形状をとることが可能である。開口形状は様々なものが考えられるが、JCDS では一例として“ひし形”の形状ファイルを用意する。形状ファイルでの予約セル番号及び境界番号を以下に示す。

- セル番号 : 1600 (Slices Upper Side)
- 1700 (Slices Lower Side)
- 1601~1630 (Slices Right Side)
- 1701~1730 (Slices Left Side)
- 境界番号 : 651~679 (Slices Vertical)
- 701~730 (Right Slice center)
- 751~780 (Right Slice outer)
- 801~830 (Left Slice center)
- 851~880 (Left Slice outer)



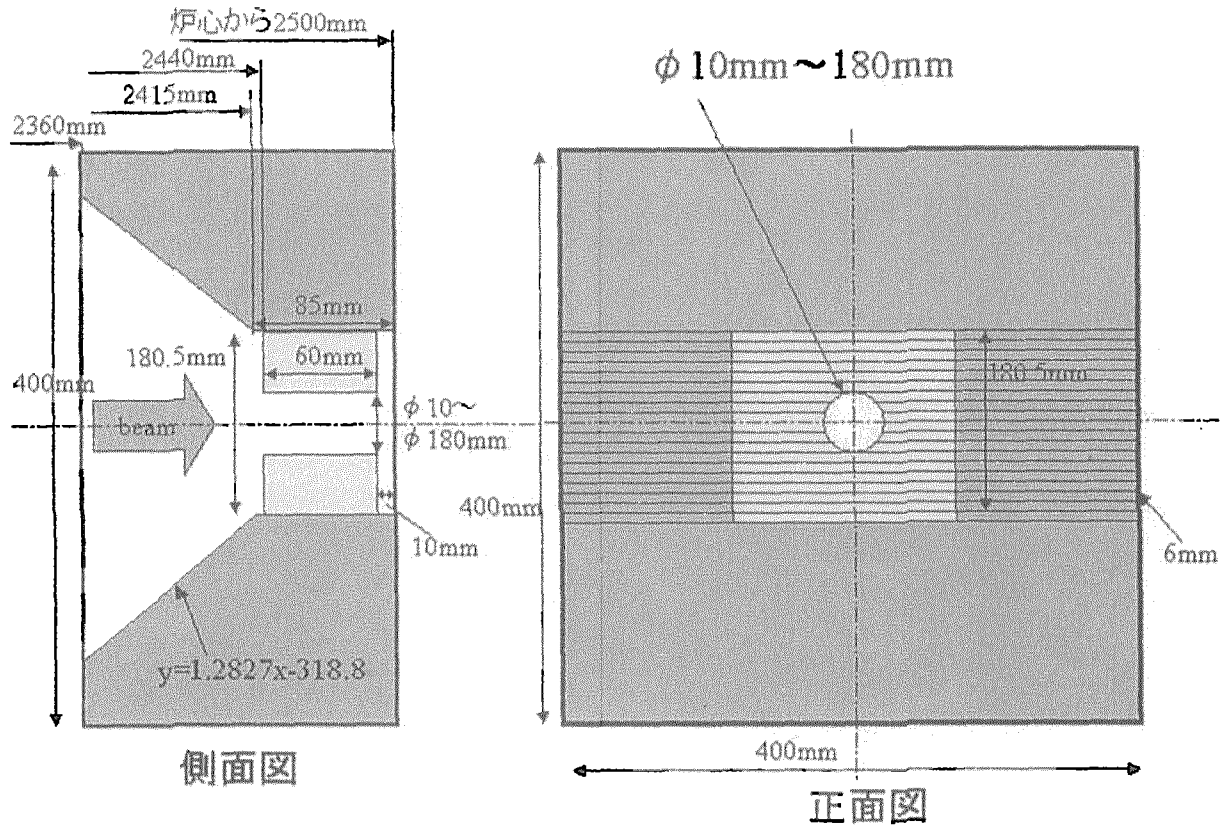


Fig.5.1.3 マルチリーフ可変コリメータの側面図及び正面図

## 5.2 処理手順

### 5.2.1 計算モデルの作成

#### (1) 画像データに関する情報の取得

画像情報(dataSpool 構造)から CT 画像の解像度及びスライス画像数、画像の大きさ (範囲) に関する情報を取得する。

#### (2) ROI の確認

画像データでは、全 CT スライス画像の組織区分情報を「組織区分関連(Tissue)」に、MRI 画像データから作成した ROI 及び腫瘍領域、ターゲット領域の情報を「ROI 関連(Roi)」に格納している。

「組織区分関連」には、全 CT スライス画像の組織分布を正常組織、骨及び空気の 3 つに区分した領域データが格納されている。作成された ROI の組織区分を確認し、腫瘍の指定がある場合は「ROI 関連」の組織情報を用いる。

#### (3) 組織分布データの作成

作業用のデータ配列を作成して「組織区分関連」の組織データを複写する。ROI に腫瘍の指定が確認された場合は、「ROI 関連」から腫瘍の領域データを取得し、作業用データ配列の該当領域のデータを腫瘍のものに入れ替える。この時の領域データは、「Match Image」処理によって MRI 画像から

作成した ROI を CT 画像の座標系へ座標変換を行ったものを使用する。

#### (4) 座標系の定義

CT 画像からモデルを定義する画像範囲を求めるための局所座標系を定義する。Fig.5.2.1 に示すように、座標軸はそれぞれ、CT スライス画像の左から右方向を X 軸、下から上方向を Y 軸、体軸方向を Z 軸とし、1 スライス目の画像の左下を座標原点とする。この座標系を本書では以後「頭部座標系」と称する。

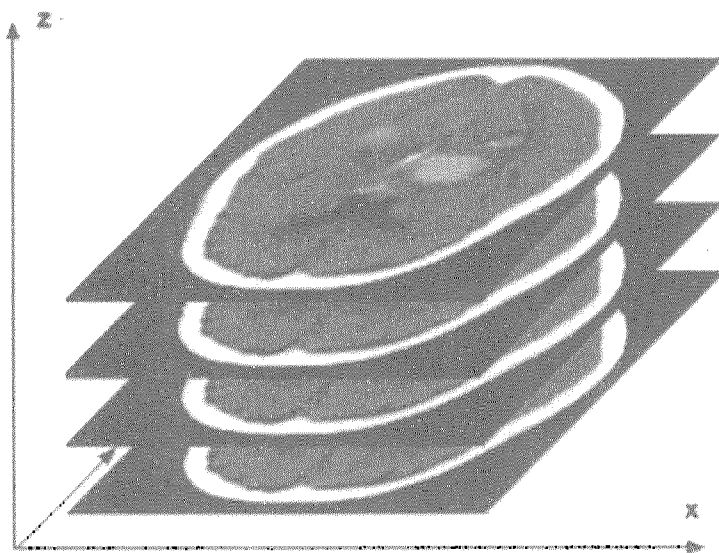


Fig.5.2.1 スライス画像の座標系

#### (5) スライス画像の走査

患者周辺の空気領域を小さくするため、CT スライス画像の画素を走査し、空気以外の組織が指定されている範囲を求める（ただし、体内に設定された空気領域は除く）。以下の手順で CT スライス画像の水平方向及び垂直方向の走査を行う。

- ① 走査位置を $(px, py, pz)$ で説明する ( $px$ ,  $py$  は画素の位置、 $pz$  はスライス番号を表す)。
- ② 画像上端から下端に向かって空気以外の組織の画素が見つかるまで、水平方向の走査を行い、最初に見つかった画素の位置を $(px1, py1, pz)$ とする。
- ③ 空気以外の組織の画素が見つからない場合、 $(0,0,0)-(0,0,0)$ として走査を終了する。
- ④ 画像下端から上端に向かって空気以外の組織の画素が見つかるまで、水平方向の走査を行い、最初に見つかった画素の位置を $(px2, py2, pz)$ とする。
- ⑤ 画像右端から左端に向かって空気以外の組織の画素が見つかるまで、垂直方向の走査を行い、最初に見つかった画素の位置を $(px3, py3, pz)$ とする。
- ⑥ 画像左端から右端に向かって空気以外の組織の画素が見つかるまで、水平方向の走査を行い、最初に見つかった画素の位置を $(px4, py4, pz)$ とする。
- ⑦ スライス画像の空気外組織の範囲を $(px3, py2, pz)-(px4, py1, pz)$ の矩形領域とする。

## (6) モデル化領域の取得

(5) 項の処理を全スライス画像について行う。全スライス画像について求めた矩形領域から、全矩形領域を網羅する最小の矩形領域を求め、これを計算モデルの作成対象の領域（モデル化領域）とする。

全矩形領域 $(px1,py1,pz1)-(px2,py2,pz2)$ について、開始位置 $(px1,py1,pz1)$ の各成分の最小値を、終了位置 $(px2,py2,pz2)$ の各成分の最大値を検索する。ただし、高さ方向(スライス方向)の位置 $(pz1,pz2)$ が0のデータは検索対象外とする。

## (7) モデル領域の座標変換

画像情報（解像度と画像範囲）を用い、モデル化領域の開始及び狩猟位置を座標値へ変換する。

CT 画像の解像度を $(Px, Py)$ 、画像領域を $(X1,Y1,Z1)-(X2,Y2,Z2)$ とすると1画素の1辺の長さは $(X2-X1)/Px$ である。また、スライス画像数を $Nz$ とするとスライス間隔は $(Z2-Z1)/(Nz-1)$ となる。

従って、モデル領域を $(x1,y1,z1)-(x2,y2,z2)$ とし、モデル化領域のスライス面での画素範囲を $(n1,m1)-(n2,m2)$ とすると、開始座標 $(x1,y1)$ 及び終了座標 $(x2,y2)$ は、式(5.1)、(5.2)となる。

$$x1 = (n1-1) \times (X2-X1)/Px + X1, \quad y1 = (m1-1) \times (Y2-Y1)/Py + Y1 \quad (5.1)$$

$$x2 = n2 \times (X2-X1)/Px + X1, \quad y2 = m2 \times (Y2-Y1)/Py + Y1 \quad (5.2)$$

また、体軸方向の開始及び終了面番号を $(s1,s2)$ とする座標 $(z1,z2)$ は、式(5.3)、(5.4)となる。

$$z1 = (s1-1) \times (Z2-Z1)/(Nz-1) + Z1 \quad (5.3)$$

$$z2 = (s2-1) \times (Z2-Z1)/(Nz-1) + Z1 \quad (5.4)$$

## (8) モデル領域の調整

(7) 項で求めたモデル領域の各軸方向の長さをボクセルの大きさを除して各軸方向の分割数 $(Nx,Ny,Nz)$ を求め、各軸方向の分割数にボクセルの大きさを乗じた値とモデル領域の各軸方向の大きさを比較し、

(モデル領域の大きさ) > (分割数 × ボクセルの大きさ)

の場合に該当する各方向の分割数を1つ増やす。

つまり、モデル領域の開始・終了座標を $(x1,y1,z1)-(x2,y2,z2)$ 、計算ボクセルのサイズを $bs$ として以下の式(5.5)～(5.7)の条件判定及び処理を行う。

$$(x2-x1) > (Nx \times bs) \text{ の場合、 } Nx = Nx + 1 \quad (5.5)$$

$$(y2-y1) > (Ny \times bs) \text{ の場合、 } Ny = Ny + 1 \quad (5.6)$$

$$(z2-z1) > (Nz \times bs) \text{ の場合、 } Nz = Nz + 1 \quad (5.7)$$

次に、Z軸以外について分割数にボクセルの大きさを乗じた値とモデル領域の大きさとの差を求め、差の半分の値をモデル領域の開始・終了座標から引き、モデル領域の移動・修正を行う。

つまり、以下の式(5.8)～(5.10)の処理を行い、新たなモデル領域(x3,y3,z3)-(x4,y4,z4)を求める。

$$x3 = x1 - 0.5 \times ((Nx \times bs) - (x2 - x1)), \quad x4 = x2 - 0.5 \times ((Nx \times bs) - (x2 - x1)) \quad (5.8)$$

$$y3 = y1 - 0.5 \times ((Ny \times bs) - (y2 - y1)), \quad y4 = y2 - 0.5 \times ((Ny \times bs) - (y2 - y1)) \quad (5.9)$$

$$z3 = z1, \quad z4 = z1 + Nz \times bs \quad (5.10)$$

(9) 設備座標系

炉設備及び医療照射設備等の構造物を MCNP 入力データとしてモデル化する際、ビーム照射方向を X 軸、照射室水平面にビーム照射方向と直行方向を Y 軸、照射室垂直面にビーム照射方向と直行方向を Z 軸、座標原点を原子炉中心とする座標系（以後、設備座標系と呼称）を定義している。接続計算に使用する面線源データは、この設備座標系で作成した計算入力データによるシミュレーション計算で得られる。

頭部座標系から設備座標系への変換は、プレ処理で作成された座標変換行列を利用して以下の変換式(5.11)～(5.13)で行う。

$$X = (x-m[12]) \times m[0] + (y-m[13]) \times m[1] + (z-m[14]) \times m[2] + m[3] \quad (5.11)$$

$$-Z = (x-m[12]) \times m[4] + (y-m[13]) \times m[5] + (z-m[14]) \times m[6] + m[7] \quad (5.12)$$

$$Y = (x-m[12]) \times m[8] + (y-m[13]) \times m[9] + (z-m[14]) \times m[10] + m[11] \quad (5.13)$$

ただし、(x,y,z): 頭部座標系における座標

(X,Y,Z): 設備座標系

m[16]: 座標変換行列(dataSpool.Incident.matrix)

(10) 設備座標系のモデル領域

頭部座標系のモデル領域を設備座標系へ変換し、設備座標系でのモデル領域を求める。

変換後のモデル領域を内部に有し、YZ 平面に平行な面を持つ最小の直方体を求める。この直方体の領域を計算モデル領域とし、計算ボクセルの大きさにあわせて微調整を行った後、計算モデル領域のボクセル分割を行う。

(11) 計算モデルの組成計算

計算モデルの各ボクセルに含まれる組織、腫瘍、骨、空気及びリチウムプラスチックの含有率を計算する。

頭部座標系のモデル領域内を 1 辺が 1 画素と同じ大きさの立方体で分割する。

ただし、立方体の組成は立方体中心よりも下側のスライス面の組織と同じとする。

次に、立方体の中心座標を設備座標系へ座標変換し、設備座標系の計算モデル内のどのボクセル含まれるか判定し、ボクセルの組織数としてカウントする。

1 ボクセルが含み得る立方体の数を 100%として、計算モデルの組織の体積割合を求める。ただし、各組織の体積割合が 100%に満たない場合には、不足分を空気として体積割合を調整する。

## (12) 材料組成の補正計算

ボクセルの組成データは、そのボクセル内に含まれる組織の材質データの個数密度割合を体積割合に基づいて均質化して求める。ただし、ボクセルの組成データをそのまま材料データに変換すると数百から数千の材料データになり、計算時間にも影響することが考えられる。

従って、JCDS では各組織の体積割合を 0%、20%、40%、60%、80%、100%の 20%刻みとしてボクセル材料を制限する。

ボクセルの各組織の体積割合を以下の基準で 20%刻みの丸め補正を行う。

体積割合	丸めた結果
10%未満	0%
10%以上30%未満	20%
30%以上50%未満	40%
50%以上70%未満	60%
70%以上90%未満	80%
90%以上	100%

以下に、組織の体積割合の丸め補正の手順を示す。

- ① 数値モデルから計算された腫瘍、軟組織、骨、空気、リチウムプラスチックの体積割合 (%) をそれぞれ、 $x$ 、 $y$ 、 $z$ 、 $v$ 、 $w$  ( $x+y+z+v+w=100$ ) とした時、体積割合は以下の基準で 20%の刻み幅で丸める。腫瘍、軟組織、骨、空気、リチウムプラスチックの体積割合を丸めた結果を  $a$ 、 $b$ 、 $c$ 、 $d$ 、 $e$  ( $a+b+c+d+e=100$ ) とする。
- ② まず、軟組織が含まれる場合は、 $y$  を丸め  $b$  とする。丸めた値  $b$  と元の値との差は、腫瘍が存在する場合には  $x$  に加える。腫瘍が存在せずに骨が存在する場合は  $z$  に加え、骨が存在しない場合には  $w$  に加える。
- ③ 腫瘍が存在する場合は、②の修正を行った後 (軟組織が存在しない場合は元の値  $x$ ) に対して丸めを行い、 $a$  とする。丸めた値  $a$  と修正した値との差は、骨が存在する場合は  $z$  に加える。骨がない場合には  $w$  に加える。
- ④ 骨が存在する場合は、② 及び ③の修正を行った値 (正常軟組織も腫瘍もない場合は元の値  $y$ ) に対して丸めを行い  $c$  とする。丸めた値  $c$  と修正された値との差は  $w$  に加える。
- ⑤ リチウムプラスチックが存在する場合は、②、③、及び④の修正を行った値 (軟組織も腫瘍も骨もない場合は元の値  $v$ ) に対して丸めを行い  $e$  とする。丸めた値  $c$  と修正された値との差は  $w$  に加える。
- ⑥ 20%の刻み幅で丸められた体積割合で  $a+b+c+d+e=100$  を満たす、解の組み合わせは 56 通りとなるが、各ボクセル毎にどの組み合わせに相当するかデータを保存しておく。腫瘍、軟組織、骨、空気、リチウムプラスチックの標準組成データから変更行う場合に、均質化された材質の組成データを変更する時に有効である。
- ⑦ 腫瘍、軟組織、骨、空気、リチウムプラスチックの質量密度 [g/cc] をそれぞれ、 $r_1$ 、 $r_2$ 、 $r_3$ 、

r4、r5 とした時、均質化された材質の質量密度 r は式(5.14)のようになる。この値は、セルの定義に使用する。

$$r = (a \times r1 + b \times r2 + c \times r3 + d \times r4 + e \times r5) / 100 \quad (5.14)$$

また、腫瘍、正常軟組織、骨、空気、リチウムプラスチックに含まれる核種 i の個数密度をそれぞれ、n1、n2、n3、n4、n5 とした時、均質化された材質の核種 i の個数密度 Ni は以下の式(5.15)のようになる。この値は物質データの定義に使用する。

$$Ni = (a \times n1 + b \times n2 + c \times n3 + d \times n4 + e \times n5) / 100 \quad (5.15)$$

### (13) 計算条件の設定

利用者が入力及び指定を行った計算条件を MCNP 計算コードの入力形式としてファイルへの出力を行う。

## 5.22 デフォルト設定データ

JCDS では、「MCNP\_data」において、特定の入力項目につき、デフォルト値が用意されている。これらデータ項目を以下に示す。

### (1) 組成データ

MCNP 計算用の頭部モデルを作成する際、頭部に含まれる対象組織としては腫瘍、正常軟組織、骨及び空気の 4 種類と考えている。ICRU46 のデータを参考にして作成した。これらの各組織の化学組成を Table 5.2.1 に示す。

### (2) 線量計算

中性子による各材質の線量計算は、MCNP 計算時に average heating number ([MeV/collision]) をトータル断面積に乗じるオプション (fm タリーカードで “-4” を設定) によって線量を計算する。

光子の線量計算は、MCNP 計算時にエネルギー群毎の Photon Flux に対して  $\gamma$  線量変換係数を乗じて  $\gamma$  線量を算出する。デフォルトとして Table 5.2.2 に示す変換係数を設定している。このデフォルトの変換係数は MCNP のマニュアルの Appendix H Table H.2 「Photon Flux-to-Dose Rate Conversion Factors」を使用している。

これらの線量変換係数は、ユーザーによって変更することが可能である。

Table 5.2.1 対象組織の組成一覧

	Elemental composition (%)											
	H	C	N	O	Na	P	S	Cl	K	Mg	Ca	B
骨	5	21.2	4	43.5	0.1	8.1	0.30			0.2	17.6	
軟組織	10.7	14.5	2.2	71.2	0.2	0.4	0.2	0.3	0.3			
空気			75.51	23.01								

(ICRU-46 Appendix A Body Tissues Compositions<sup>3</sup>)

Table 5.2.2 光子のエネルギー群に対する線量率変換係数 (デフォルト値)

No.	エネルギー (MeV)	線量変換係数 (rem/hr)/(photon/cm <sup>2</sup> /s)	No.	エネルギー (MeV)	線量変換係数 (rem/hr)/(photon/cm <sup>2</sup> /s)
1	1.500e+01	1.330e-05	20	1.000e+00	1.980e-06
2	1.300e+01	1.180e-05	21	8.000e-01	1.680e-06
3	1.100e+01	1.030e-05	22	7.000e-01	1.520e-06
4	9.000e+00	8.770e-06	23	6.500e-01	1.440e-06
5	7.500e+00	7.660e-06	24	6.000e-01	1.360e-06
6	6.750e+00	7.110e-06	25	5.500e-01	1.270e-06
7	6.250e+00	6.740e-06	26	5.000e-01	1.170e-06
8	5.750e+00	6.370e-06	27	4.500e-01	1.080e-06
9	5.250e+00	6.010e-06	28	4.000e-01	9.850e-07
10	5.000e+00	5.800e-06	29	3.500e-01	8.780e-07
11	4.750e+00	5.600e-06	30	3.000e-01	7.590e-07
12	4.250e+00	5.230e-06	31	2.500e-01	6.310e-07
13	3.750e+00	4.830e-06	32	2.000e-01	5.010e-07
14	3.250e+00	4.410e-06	33	1.500e-01	3.790e-07
15	2.800e+00	4.010e-06	34	1.000e-01	2.830e-07
16	2.600e+00	3.820e-06	35	7.000e-02	2.580e-07
17	2.200e+00	3.420e-06	36	5.000e-02	2.900e-07
18	1.800e+00	2.990e-06	37	3.000e-02	5.820e-07
19	1.400e+00	2.510e-06	38	1.000e-02	3.960e-06

(MCNP-4C manual Appendix H Photon Flux-to-Dose Rate Conversion Factors)

## 6. 開発環境及びシステム構成

### 6.1 開発環境

JCDS は、サン・マイクロシステムズ社製ワークステーション上で開発を行った。開発環境を以下に示す。

- (1) Operating System : Solaris2.60
- (2) Compiler : SPARC Compiler C4.0 & SPARC Compiler C++4.1
- (3) System Memory : 2Gbyte
- (4) Hard Disk : 2Gbyte
- (5) AVS/Express Developer Edition Version4.1
- (6) Medical Viewer/INTAGE library 1.0

### 6.2 ディレクトリ構成

プロジェクト名(bnct)をトップディレクトリとし、必要なファイル類は全てこの下に配置する構造を採用している。最終成果物がランタイム版であるため、AVS Express の構造上開発環境とランタイム版の環境を別プロジェクト名として区別している。今回ランタイム環境をプロジェクト名(bnct)、開発環境をプロジェクト名(bnct\_dev)としたディレクトリ構造とした。以下に開発環境<sup>注1</sup>を示す。なお、

(《 》 : ディレクトリ)

bnct_dev/	《トップ》
├ avsenv	AVS/Express 環境ファイル
├ bin/	《実行ファイル関連》
│ └ s2/	《システム依存ファイル(Solaris)》
├ include/	《インクルードファイル》
│ └ Dicom/	《DICOM 関連ヘッダーファイル》
│ └ Intage/	《Intage 関連ヘッダーファイル》
├ kgtlib/	《KGT 社作成 method 及びマクロ》
│ └ src/	《プログラムファイル》
│ │ └ Bnct/	《BNCT 用独自モジュールソースファイル》
│ │ └ Dicom/	《Dicom 関連モジュールソースファイル》
v/	《v 関連》
Bnct/	《JCDS 用 method 定義 v ファイル》
Dicom/	《Dicom 関連 v ファイル》

注1:ランタイム環境は、AVS Express に依存する。



Intage/	《Intage 関連 v ファイル》
sealib1/	《SEA 社製 method 及びマクロ(その1)》
src/	《BNCT 用独自モジュールソースファイル》
v/	《v 関連》
bnct.v	BNCT システムメイン v ファイル
comman/	《機能単位 v ファイル》
menu/	《メニュー単位 v ファイル》
sea_command/	《機能単位 v ファイル》
sea_tools/	《共通ライブラリー v ファイル》
method/	《method 関連 v ファイル》
param/	《共通 v ファイル》
sealib2/	《SEA 社製 method 及びマクロ(その2)》
src/	《BNCT 用独自モジュールソースファイル》
v/	《v 関連》
v/	《v ファイル関連》
command/	《機能単位 v ファイル》
menu/	《メニュー単位 v ファイル》
templ.v	AVS/Express メイン v ファイル
tools/	《共通ライブラリー v ファイル》
lib/	《ライブラリー》
s2/	《システム依存ファイル》
libdicom.a	Dicom 関連ライブラリー
libintage.a	INTAGE 関連ライブラリー
run	実行シェルスクリプト

### 6.3 ファイル構成

JCDS では複数の場所で同時開発を行う事と今後の機能拡張を考慮して、機能毎に独立した構成を採用している。機能毎の依存関係を以下に示す。(各ファイルは1階層下のファイルに依存した内容となっている。)

`./sealib1/v/bnct.v` (JCDS の最終型)

`./v/menu/top.v`

`./sealib1/v/menu/file.v`

`./v/command/load_dicom.v` (CT 及び MRI データ読み込み)

`./kgtlib/v/Dicom/method.v`

`./kgtlib/v/Dicom/object.v`

`./kgtlib/v/Intage/method.v`

`./sealib1/v/command/load.v` (リスタートファイル読み込み)

`./sealib1/v/command/save.v` (リスタートファイル書き込み)

`./sealib1/v/sea_command/loadMCNP.v` (MCNP 結果ファイル読み込み)

`./sealib1/v/sea_command/saveSpread.v` (スプレッドシート書き出し)

`./sealib1/v/sea_command/saveDump.v` (ダンプファイル書き出し)

`./v/command/exit.v` (終了)

`./sealib1/v/menu/process.v`

`./sealib1/v/command/slice.v` (2次元画像表示)

`./v/tools/param.v`

`./v/tools/uimacro.v`

`./v/tools/macro.v`

`./v/tools/object.v`

`./kgtlib/v/Bnct/method.v`

`./kgtlib/v/Intage/method.v`

`./sealib1/v/sea_tools/param.v`

`./sealib1/v/sea_tools/method.v`

`./sealib1/v/command/edit_data.v` (データ編集)

`./v/tools/param.v`

`./v/tools/uimacro.v`

`./v/tools/macro.v`

`./v/tools/object.v`

`./kgtlib/v/Bnct/method.v`

`./kgtlib/v/Intage/method.v`

`./sealib1/v/sea_tools/param.v`

`./sealib1/v/sea_tools/method.v`

./sealib1/v/command/set\_tissue.v (組織区分設定)

./v/tools/param.v  
./v/tools/uimacro.v  
./v/tools/macro.v  
./v/tools/object.v  
./kgtlib/v/Bnct/method.v  
./kgtlib/v/Intage/method.v  
./sealib1/v/sea\_tools/param.v  
./sealib1/v/sea\_tools/method.v

./sealib1/v/command/edit\_tissue.v (組織編集)

./v/tools/param.v  
./v/tools/uimacro.v  
./v/tools/macro.v  
./v/tools/object.v  
./kgtlib/v/Bnct/method.v  
./kgtlib/v/Intage/method.v  
./sealib1/v/sea\_tools/param.v  
./sealib1/v/sea\_tools/method.v

./sealib1/v/command/edit\_roi.v (ROI 設定)

./v/tools/param.v  
./v/tools/uimacro.v  
./v/tools/macro.v  
./v/tools/object.v  
./kgtlib/v/Bnct/method.v  
./kgtlib/v/Intage/method.v  
./sealib1/v/sea\_tools/param.v  
./sealib1/v/sea\_tools/method.v

./sealib1/v/command/match\_image.v (Image1/Image2 合成)

./v/tools/param.v  
./v/tools/uimacro.v  
./v/tools/macro.v  
./v/tools/object.v  
./kgtlib/v/Bnct/method.v  
./kgtlib/v/Intage/method.v  
./sealib1/v/sea\_tools/param.v  
./sealib1/v/sea\_tools/method.v

./sealib1/v/command/view3d.v (3 次元 ROI 表示)

```
./v/tools/param.v
./v/tools/uimacro.v
./v/tools/macro.v
./v/tools/object.v
./kgplib/v/Bnct/method.v
./kgplib/v/Intage/method.v
./sealib1/v/sea_tools/param.v
./sealib1/v/sea_tools/method.v
./sealib1/v/sea_command/cont_2d.v (2次元コンター表示)
./v/tools/param.v
./v/tools/uimacro.v
./v/tools/macro.v
./v/tools/object.v
./kgplib/v/Bnct/method.v
./kgplib/v/Intage/method.v
./sealib1/v/sea_tools/param.v
./sealib1/v/sea_tools/method.v
./sealib1/v/sea_command/cont_3d.v (3次元コンター表示)
./v/tools/param.v
./v/tools/uimacro.v
./v/tools/macro.v
./v/tools/object.v
./kgplib/v/Bnct/method.v
./kgplib/v/Intage/method.v
./sealib1/v/sea_tools/param.v
./sealib1/v/sea_tools/method.v
./sealib1/v/sea_command/histogram.v (ヒストグラム表示)
./v/tools/param.v
./v/tools/uimacro.v
./v/tools/macro.v
./v/tools/object.v
./kgplib/v/Bnct/method.v
./kgplib/v/Intage/method.v
./sealib1/v/sea_tools/param.v
./sealib1/v/sea_tools/method.v
./v/menu/option.v
./v/command/version.v (バージョン表示)
```

## 7. データ構造

JCDS のデータ構造は、大きく分けて一連の画像処理に必要なシステム処理データ群と MCNP 計算に必要なデータ類を管理するため MCNP データ群の 2 つのデータ群よりなる。

## 7.1 システム処理データ群

システム処理データ群では、全てのデータを **dataSpool** グループと **Result** グループ内で一括管理する手法を採用している。各機能はこれらのグループのデータを基に表示、編集を行う。ここでは、**dataSpool** と **Result** の構造と複数の機能に関連するフラグの役割を持つ **status** について記述する。**dataSpool**、**Result** 及び **status** のある場所は、システムのトップ階層となる **bnct\_system** の下である。

## 7.1.1 dataSpool の構造

**dataSpool** には **Image1** (CT または MRI) データ、**Image2** (CT または MRI) データ、組織区分、ROI のデータが格納されている。以下に登録されている項目を示す。

```

dataSpool {
  current          表示されているデータ (0 : Image1、 1 : Image2)
  position{
    np             マーカ点数
    place[np] {
      use          使用フラグ(=1 Image2-Image1 座標変換に使用)
      ct_set       Image1 設定(=1 Image1 上で設定済み)
      mri_set      Image2 設定(=1 Image2 上で設定済み)
      rst_use      使用フラグ(=1 照射条件再現に使用)
      name         マーカ点の名前
      ct[3]        Image1 座標系での座標値
      mri[3]       Image2 座標系での座標値
      ct2[3]       ワークエリア
      mri2[2]      ワークエリア
      beam[3]      設備側で測定した座標値(設備座標系)
    }
  }
}

user{
  np             任意点点数
  matrix[16]    照射条件再現用座標変換マトリクス (4x4)
  place[np] {
    use          使用フラグ(=1 照射条件再現に使用)
  }
}

```

```

set          設定(=1 設定済み)
name        任意点の名前
coord[3]    座標値(Image1 座標系)
beam[3]     設備側で測定した座標値(設備座標系)
}
}
line{       任意線データ
  np        任意線本数
  place[np] { 任意線構成点
    use     1
    set1    点1 設定(=1 設定済み)
    set2    点2 設定(=1 設定済み)
    name    任意線の名前
    p1[2]   点1の構成点
             p1[0]=0 : 任意点 =1 : マーカ点
             p1[1] : 点番号
    p2[2]   点2の構成点
             p2[0]=0 : 任意点 =1 : マーカ点
             p2[1] : 点番号
  }
}
matrix[16]  Image1/Image2 重ね合わせに用いる合成マトリクス (4x4)
data[2]     [0] : Image1 データ、[1] : Image2 データ
Roi {       ROI 関連データ
  num       ROI の個数
  list[num] { 個々の ROI に関する情報
    id      番号
    name    名前
    division 区分 (0 : 腫瘍、1 : 正常組織、2 : リチウム)
    level   設定レベル
    visible 表示/非表示フラグ (3次元表示用)
    modality モダリティーコード (0 : Image1、1 : Image2)
    expand_value ターゲット指定時の拡張幅
    boron_level ホウ素濃度
  }
}
data[6]     ROI データ
             [0] : Image1 上の ROI

```

[1] : Image2 上の ROI  
 [2] : Image1 上のターゲット  
 [3] : Image2 上のターゲット  
 [4] : Image1/Image2 重ね合わせ後の ROI  
 [5] : Image1/Image2 重ね合わせ後のターゲット

}

Tissue {                   組織区分関連データ  
 num                    区分数 (3 個)  
 list[num] {            個々の組織区分に関する情報  
 id                    番号 (list[0].id=1、list[1].id=2、list[2].id=3)  
 name                  名前 (list[0].name=Bone、list[1].name=Soft Tissue、list[2].name=Air)  
 division              区分 (list[0].division=1、list[1].division=2、list[2].division=3)  
 level                 設定レベル (list[0].level=100、list[1].level=50、list[2].level=0)  
 visible               表示/非表示フラグ (3 次元表示用)  
 }  
 volume                組織データ  
 bone\_min              骨の最小 Image1 値  
 bone\_max              骨の最大 Image1 値  
 soft\_tissue\_min       軟組織の最小 Image1 値  
 soft\_tissue\_max       軟組織の最大 Image1 値  
 }  
 Incidence {  
 selected\_col         入射コリメータ番号  
 x\_str                 照射点 X 座標  
 y\_str                 照射点 Y 座標  
 z\_str                 照射点 Z 座標  
 Incidence[3]        入射角 ([0] : X 軸回り、[1] : Y 軸回り、[2] : Z 軸回り)  
 distance             入射点から照射点までの距離  
 angle                入射点と照射点を結ぶ線上の回転角  
 matrix[16]          Image1 座標系と設備座標系の変換マトリクス (4x4)  
 x\_end                入射点の X 座標  
 y\_end                入射点の Y 座標  
 z\_end                入射点の Z 座標  
 x\_max                Image1 画像の X 方向の大きさ  
 y\_max                Image1 画像の Y 方向の大きさ  
 z\_max                Image1 画像の Z 方向の大きさ  
 }  
 patient\_CT {         Image1 画像の患者情報

```

patient_id      患者番号
patient_name    患者名
patient_age     患者年齢
patient_sex     患者性別
study_date      撮影年月日
study_id        撮影番号
serial_number   通し番号
acquisition_number 取得番号
pixel           画像サイズ
slice_thickness 断面厚さ
min             最小値
max            最大値
}
patient_MRI { Image2 画像の患者情報
  patient_id      患者番号
  patient_name    患者名
  patient_age     患者年齢
  patient_sex     患者性別
  study_date      撮影年月日
  study_id        撮影番号
  serial_number   通し番号
  acquisition_number 取得番号
  pixel           画像サイズ
  slice_thickness 断面厚さ
  min             最小値
  max            最大値
}
Roi2 { マルチ ROI 関連データ
  num             マルチ ROI の個数
  list[num] { 個々のマルチ ROI の情報
    id            番号
    name          名前
    division      区分 (0 : 腫瘍、1 : 正常組織、2 : リチウム)
    level         設定レベル
    visible       表示非表示フラグ (3次元表示用)
    modality      モダリティーコード (0 : Image1、1 : Image2)
    expand_value   ターゲット指定時の拡張幅
    boron_level   ホウ素濃度
  }
}

```



```

    multi[]          マルチ ROI を構成する ROI の番号
  }
}
}

```

### 7.1.2 Result の構造

Result グループは MCNP コードにより計算された線量結果を保持している。以下に登録されている項目を示す。

```

Result {
  interp_go          補間機能動作スイッチ
  current            現在表示している線量番号
  talli_num          表示できる線量数
  avogadro           アボガドロ数(=6.02e23)
  equivalent         炉出力換算係数(=7.8e13)
  nblock            MCNP メッシュブロック数
  Tally[talli_num] {
    Name             名前
    no               番号
    id               ID 番号
    index            インデックス
    atmic_w          原子量
    tally_type       タリータイプ(0:FLUX、1:DOSE、2:DOSE(原子毎))
    eg_type          エネルギータイプ(0:中性子、1:光子)
    num_eg           エネルギー数
    neutron_eg       中性子エネルギー数
    photon_eg        光子エネルギー数
    select[num_eg]  表示選択エネルギー
    label[num_eg] {
      name1          エネルギー名
    }
    calc             MCNP 計算値
  }
  material_num       材料数
  Material[material_num] {
    name             材料名
    mass_dens        質量密度
  }
}

```

table_num	テーブル数
Table[table_num] {	テーブル
index	インデックス
wt	密度比
wf	個数密度比
kind_index	Kind へのインデックス
table_index	Kind の Table へのインデックス
}	
}	
kind_num	Kind 数
Kind[kind_num] {	Kind
name	Kind 名
type	タイプ(0:FLUX、1:DOSE、2:DOSE(原子毎))
table_num	Table 数
Table[table_num] {	
label	名前
tally_id	Tally の ID
tally_index	Tally の index
tally_no	Tally の no
eg_no	エネルギー番号
tally_type	Tally の type
B10	ホウ素(1:ホウ素)
GAMMA	$\gamma$ (1: $\gamma$ )
atmin_w	原子量
}	
selectedItem[]	表示選択項目
}	
kind_select	選択 Kind
name1	表示ラベル1
name2	表示ラベル2
num_eg_total	全エネルギー数
factor_num	Factor 数
Factor[factor_num] {	原子 DOSE 係数
name	名前
factor	係数
}	
B10_tumor	腫瘍部ホウ素濃度(ppm)

B10_normal	正常細胞部ホウ素濃度(ppm)
Power	炉出力(KW)
matMCNP[16]	Image1 座標系から MCNP メッシュ座標系への変換
calc	MCNP 計算の頭部メッシュの計算結果
interCT	calc の値を Image1 メッシュに内挿したもの
interMRI	calc の値を Image2 メッシュに内挿したもの
Roi {	線量の ROI 体積積分値
num	数
name[num]	名前
volume[num]	体積
volum1[num]	ゼロオプション使用後の体積
values[<-num_eg_total+1][num]	線量積分値
valmin[<-num_eg_total+1][num]	線量最小値
valmax[<-num_eg_total+1][num]	線量最大値
valmin2[<-num_eg_total+1][num]	組合せ線量最小値位置の線量
valmax2[<-num_eg_total+1][num]	組合せ線量最大値位置の線量
Pmin[num]	組合せ線量最小値位置(Pixel 番号)
Pmax[num]	組合せ線量最大値位置(Pixel 番号)
}	
Target {	線量のターゲット体積積分値
Num	数
name[num]	名前
volume[num]	体積
volum1[num]	ゼロオプション使用後の体積
values[<-num_eg_total+1][num]	線量積分値
valmin[<-num_eg_total+1][num]	線量最小値
valmax[<-num_eg_total+1][num]	線量最大値
valmin2[<-num_eg_total+1][num]	組合せ線量最小値位置の線量
valmax2[<-num_eg_total+1][num]	組合せ線量最大値位置の線量
valout[<-num_eg_total+1][num]	ターゲット領域存在 (1 : 存在)
values1[<-num_eg_total+1][num]	線量積分値(腫瘍部 B10 濃度使用)
val1min[<-num_eg_total+1][num]	線量最小値
val1max[<-num_eg_total+1][num]	線量最大値
val1min2[<-num_eg_total+1][num]	組合せ線量最小値位置の線量
val1max2[<-num_eg_total+1][num]	組合せ線量最大値位置の線量
values2[<-num_eg_total+1][num]	線量積分値(正常部 B10 濃度使用)
val2min[<-num_eg_total+1][num]	線量最小値

```

val2max[<-num_eg_total+1][num]      線量最大値
val2min2[<-num_eg_total+1][num]     組合せ線量最小値位置の線量
val2max2[<-num_eg_total+1][num]     組合せ線量最大値位置の線量
Pmin[num]                            組合せ線量最小値位置(Pixel 番号)
Pmax[num]                            組合せ線量最大値位置(Pixel 番号)
Pmin1[num]                           腫瘍部 B10 濃度使用時組合せ線量最小値位置(Pixel 番号)
Pmax1[num]                           腫瘍部 B10 濃度使用時組合せ線量最大値位置(Pixel 番号)
Pmin2[num]                           正常部 B10 濃度使用時組合せ線量最小値位置(Pixel 番号)
Pmax2[num]                           正常部 B10 濃度使用時組合せ線量最大値位置(Pixel 番号)
}
Tissue {                             線量の組織体積積分値
  num                                 数
  name[num]                          名前
  volume[num]                         体積
  volum1[num]                         ゼロオプション使用後の体積
  values[<-num_eg_total+1][num]      線量積分値
  valmin[<-num_eg_total+1][num]      線量最小値
  valmax[<-num_eg_total+1][num]      線量最大値
  valmin2[<-num_eg_total+1][num]     組合せ線量最小値位置の線量
  valmax2[<-num_eg_total+1][num]     組合せ線量最大値位置の線量
  Pmin[num]                          組合せ線量最小値位置(Pixel 番号)
  Pmax[num]                          組合せ線量最大値位置(Pixel 番号)
}
Roi2 {                                線量のマルチ ROI 体積積分値
  num                                 数
  name[num]                          名前
  volume[num]                         体積
  volum1[num]                         ゼロオプション使用後の体積
  values[<-num_eg_total+1][num]      線量積分値
  valmin[<-num_eg_total+1][num]      線量最小値
  valmax[<-num_eg_total+1][num]      線量最大値
  valmin2[<-num_eg_total+1][num]     組合せ線量最小値位置の線量
  valmax2[<-num_eg_total+1][num]     組合せ線量最大値位置の線量
  Pmin[num]                          組合せ線量最小値位置(Pixel 番号)
  Pmax[num]                          組合せ線量最大値位置(Pixel 番号)
}
Zero {                                スプレッドシート出力時に線量をゼロにするオプション

```

```

Soft_Tissue      軟組織の線量ゼロオプション
Bone             軟組織の線量ゼロオプション
Air              軟組織の線量ゼロオプション
Lithium          軟組織の線量ゼロオプション
}
}

```

### 7.1.3 status の構造

status グループは、機能単位で独立ではなく他の機能にも影響する設定事項を格納している。以下に登録されている項目を示す。

```

status {
    CT          Image1 データの有無 (0 : 無し、1 : あり)
    MR          Image2 データの有無 (0 : 無し、1 : あり)
    setTissue   組織区分設定 (0 : 未実行、1 : 実行)
    fitPosition Image1/Image2 の合成 (0 : 未実行、1 : 実行)
    Load_data  リスタートデータ (0 : 未読、1 : 既読)
    graphics   グラフィックス(0:Software、1:OpenGL、2:XGL、3:PEX、4:XIL)
    altobj1    Move Fast オプション
    altobj2    Move Fast オプション2
    cursol     マウスカーソルオプション
}

```

### 7.1.4 データ動作仕様

システムを起動した直後は、dataSpool、Result、status グループは組織区分の list 以外は全て初期化(ゼロ設定)されている。各データが更新されるタイミングを機能毎に以下に示す。

#### (1) Load Image1

読み込みファイルを指定し《Load》ボタンを押すと、dataSpool.data[0]及び dataSpool.patient\_CT に読み込まれたデータが格納される。この際、dataDpool.Roi.data[0]、dataSpool.Roi.data[2]、dataSpool.Tissue.volume に読み込んだ Image1 画像と同一サイズのデータが作成され、status.CT に 1 がセットされる。dataSpool.Roi.data[0]、dataSpool.Roi.data[2]、dataSpool.Tissue.volume は全て 0 で初期化されている。

#### (2) Load Image2

読み込みファイルを指定し《Load》ボタンを押すと、dataSpool.data[1]及び dataSpool.patient\_MRI に読み込まれたデータが格納される。この際、dataSpool.Roi.data[1]、dataSpool.Roi.data[3]に読み込んだ Image2 画像と同一サイズのデータが作成され、status.MRI に 1 がセットされる。

`dataSpool.Roi.data[1]`、`dataSpool.Roi.data[3]`は全て0で初期化されている。

(3) Load data

読み込みファイルを指定し《OK》ボタンを押すと、`dataSpool` がリスタートファイルの内容によって書きかえられる。また、`status.Load_data` に1がセットされる。

(4) Load MCNP

読み込みファイルを指定し《OK》ボタンを押すと、`Result` が MCNP 結果ファイルの内容によって書きかえられる。

(5) Edit Data

《Edit Finished Done》ボタンを押すと編集結果データが、`Image1` の場合 `dataSpool.data[0]`、`Image2` の場合は `dataSpool.data[1]` に上書きされる。

(6) Set Tissue

《Done》ボタンを押すと `dataSpool.Tissue.volume` データが更新され、`status.setTissue` に1がセットされる。また、その時の骨、軟組織の最小最大値が `dataSpool.Tissue` に登録される。

(7) Edit Tissue

《Done》ボタンを押すと `dataSpool.Tissue.volume` データが更新される。

《Tissue To Roi》ボタンを押すと軟組織と骨がそれぞれ `Soft Tissue`、`Bone` という名前の ROI として `dataSpool.Roi.data` に書き込まれる。

(8) Edit Roi

《Done》ボタンを押すと `dataSpool.Roi.data` データが更新される。また、ROI の属性(名前、腫瘍正常組織/リチウムの区別、ターゲット拡張幅)を変更すると `dataSpool.Roi.list` が変更される。

マルチ ROI の設定を変更すると `dataSpool.Roi2` が修正される。

(9) Match Image

《Set》ボタンを押すと `dataSpool.Posistion` データが更新される。《Done》ボタンを押すと `Image1/Image2` 合成マトリクスが作成されて `dataSpool.matrix` に格納される。

《Compound(Image1+Image2)》ボタンを押すと `dataSpool.Roi.data[0]` と `dataSpool.Roi.data[2]` に入っている `Image1` の ROI とターゲットが `dataSpool.Roi.data[4]` と `dataSpool.Roi.data[5]` にコピーされ、`dataSpool.Roi.data[1]` と `dataSpool.Roi.data[3]` に入っている `Image2` の ROI とターゲットのデータが座標変換されてそれぞれに重ね合わされる。

(10) View 3D

入射ビームの設定やホウ素濃度を変更すると、`dataSpool.Incidence` と `dataSpool.Roi.list` の該当するデータが変更される。

(11) 2D Contour

表示する線量を変更すると、`Result.interCT` と `Result.interMRI` に該当する線量の値が内挿されて格納される。

(12) 3D Contour

表示する線量を変更すると、`Result.interCT` と `Result.interMRI` に該当する線量の値が内挿されて格納される。

## (13) Histogram

表示する線量を変更すると、Result.interCT と Result.interMRI に該当する線量の値が内挿されて格納される。

## 7.2 MCNP データ群の構造

MCNP データ群は、MCNP 計算用に、利用者が各ユーザー・インターフェイス画面から入力・指定した幾何形状、境界条件及び出力条件等を格納するためのデータ管理しており、「MCNP\_data」を定義し、入力データ作成に用いている。以下に、グループ内の主要変数について記述する。

```
group MCNP_data {
  string title           タイトル
  string filename       保存ファイル名
  int Calc_mode         計算モードの指定(0:中性子 1:中性子及び光子 2:光子)
  int sys_mode          計算条件(0:新規計算 1:接続計算)
  int tally_mode        全線量計算オプション
  int output_mode       出力の指定(0:線束 0:線量率 2:線束及び線量率)
  group collimeter {
    float Diamater      コリメータ径(cm)
    float water_t       重水厚さ
    int Cd_shutter      カドミウムシャッターの有無(0:無 1:有)
    int Carbon_shutter  カーボンシャッターの有無(0:無 1:有)
    int Bismuth_shutter ビスマスシャッターの有無(0:無 1:有)
    int hw_layer[4]     重水層組合せ(16,4,8,5cm の組合せ)
    int type            コリメータ径(0:10cm 1:12cm 2:15cm 3:20cm)
    int vtype           コリメータ種類(0:固定 1:可変)
  }
  group Incidence {
    int num             配列サイズ(=3)
    int selected_col    入射コリメータ番号
    float target[.num]  照射対象点の座標データ(x,y,z)
    float incidence[.num] 入射角([0]:X 軸回り [1]: Y 軸回り [2]: Z 軸回り)
    float distance      コリメータ出口中心から照射対称点までの距離(mm)
    float angle         入射点と照射点とを結ぶ線上の回転角
    float axis_vec[9]   Image1 座標系の軸マトリックス(3x3)
    float origin[]      CT 画像の座標範囲
  }
  group transform {
```

```

int num 配列サイズ(=3)
float shift[3]                ビーム出口面中央座標(x,y,z)
group trans1 {                Image1 座標系からの変換データ
  float xyz[3]                基準座標系における原点の座標(x,y,z)
  float rot[3][3]            基準座標系に対する回転行列データ
}
group trans2 {                計算モデル移動データ
  float xyz[3]                基準座標からの移動量(x,y,z)
  float rot[3][3]            回転行列データ
}
}
group mesh_info {
  int num                    配列サイズ(=3)
  float size                 ボクセルの大きさ(mm)
  int ndiv[.num]             計算モデルのボクセル分割数
  float xyz[2][.num]         Image1 座標系での計算モデルの座標範囲
}
group Energy_grp {
  group Neutron {
    int num                  中性子エネルギー群数
    float values[]           中性子エネルギー群
  }
  group Photon {
    int num                  光子エネルギー群数
    float values[]           光子エネルギー群
  }
  group default {           デフォルトデータ
    group neutron {
      int num                デフォルト中性子エネルギー群数(=3)
      float values[.num]     デフォルト中性子エネルギー群(=20, 0.0033546, 5.3e-07)
    }
    group photon {
      int num                デフォルト光子エネルギー群数(=1)
      float values[.num]     デフォルト光子エネルギー群(=20)
    }
  }
}
}
}

```



```

group energy_cutoff {
  group energy {
    group neutron {
      float emax          中性子フィジックスデータ
                        上限エネルギー(MeV)
      float emcnf        境界エネルギー(MeV)
    }
    group photon {
      float emcpf        光子フィジックスデータ
                        上限エネルギー(MeV)
      int ides           電子生成オプション(0:する 1:しない)
      int nocoh          コヒーレント散乱オプション(0:する 1:しない)
    }
    group electron      {電子フィジックスデータ
      float emax          上限エネルギー(MeV)
      int ides           光子→電子生成オプション(0:する 1:しない)
      int iphot          電子→光子生成オプション(0:する 1:しない)
      int ibad           制動放射のオプション
      int istr          オプション
    }
  }
}

group problem {
  group neutron {
    float shakes        中性子のカット・オフ条件
                        時間 (shake)
    float energy        下限エネルギー(MeV)
    float wct[2]        重量 (weight)
    float swtm          最小線源重量 (minimum source weight)
  }
  group photon {
    float shakes        光子のカット・オフ条件
                        時間 (shake)
    float energy        下限エネルギー(MeV)
    float wct[2]        重量 (weight)
    float swtm          最小線源重量 (minimum source weight)
  }
  group electron {
    float shakes        電子のカット・オフ条件
                        時間 (shake)
    float energy        下限エネルギー(MeV)
    float wct[2]        重量 (weight)
    float swtm          最小線源重量 (minimum source weight)
  }
}

```

```

}
}
group default {                                デフォルトデータ
  group neutron {                               中性子フィジックスデータ
    float emax
    float emcnf
  }
  group photon {                               光子フィジックスデータ
    float emcpf
    int ides
    int nocoh
  }
  group electron {                             電子フィジックスデータ
    float emax
    int ides
    int iphot
    int ibad
    int istrg
  }
}
group problem {                                デフォルトのカット・オフ条件データ
  group neutron {
    float shakes;
    float energy;
    float wct[2];
    float swtm;
  }
  group photon {
    float shakes;
    float energy;
    float wct[2];
    float swtm;
  }
  group electron {
    float shakes;
    float energy;
    float wct[2];
    float swtm;
  }
}

```

```

    }
  }
}
group run_data {
  int nps                発生粒子数
  int ctime              計算時間(分)
  group prdmp {
    int ndp              結果タリーの出力間隔
    int ndm              RUNTPE ファイルへのダンプ出力間隔
    int mctMCTAL        ファイルの出力フラグ
    int ndmp             RUNTPE ファイルへのダンプ出力数(最大)
    int dmmp
  }
  group restart {
    int surf_no          接続計算時の対応する面番号
    int cell_no          接続計算時の対応するセル番号
  }
}
group Print_option {
  int style              計算終了条件(0:計算時間指定 1:発生粒子数指定)
  int ndim               標準出力項目数
  int prt_items[.ndim]  標準出力項目のテーブル番号配列
  int item_no[.ndim]    標準出力項目の出力フラグ配列
}
group tally_option{
  float fm              補正乗数
  float irradi_time     照射時間(時)
  float reactor_pw      炉出力
  group default{
    float time          照射時間(=0.0)
    float fm            補正乗数(=1.60e-10)
    float power         炉出力(= 3500.0)
  }
}
group material {
  int nmat              材料データ
  group bone {

```

```

int num;                核種数
int zaid[.num]         構成核種のインデックス番号
float rates[.num]     構成核種の重量分率(%)
float rho              材料密度(g/cm3)
}
group tissue {        軟組織の材料データ
  int num              核種数
  int zaid[.num]      構成核種のインデックス番号
  float rates[.num]   構成核種の重量分率(%)
  float rho           材料密度(g/cm3)
}
group tumore {       腫瘍の材料データ
  int num              核種数
  int zaid[.num]      構成核種のインデックス番号
  float rates[.num]   構成核種の重量分率(%)
  float rho           材料密度(g/cm3)
}
group air {          空気の材料データ
  int num              核種数
  int zaid[.num]      構成核種のインデックス番号
  float rates[.num]   構成核種の重量分率(%)
  float rho           材料密度(g/cm3)
}
group shield {       遮へい材の材料データ
  int num              核種数
  int zaid[.num]      構成核種のインデックス番号
  float rates[.num]   構成核種の重量分率(%)
  float rho           材料密度(g/cm3)
}
group default {     材料データ(デフォルト)
  group air {
    int num=3;
    int zaid[.num]= {7014,8016,5010}
    float rates[.num]= {75.51,23.01,0.0}
    float rho= 1.2039e-03;
  }
  group bone {

```

```

int num=7;
int zaid[.num]= {1001,6012,7014,8016,15031,20000,5010}
float rates[.num]= {5.0,21.2,4.0,43.5,8.1,17.6,0.0}
float rho= 1.100;
}
group tissue {
  int num=5;
  int zaid[.num]= {1001,6012,7014,8016,5010}
  float rates[.num]= {10.7,14.5,2.2,71.2,0.0}
  float rho= 1.04;
}
group tumore {
  int num=5;
  int zaid[.num]= {1001,6012,7014,8016,5010}
  float rates[.num]= {10.7,14.5,2.2,71.2,0.0005}
  float rho= 1.04;
}
group shield {
  int num;
  int zaid[.num];
  float rates[.num];
  float rho;
}
}
}
group flux_to_dose{
  float n_ratio          線量変換係数
  float fm               1核分裂での中性子発生割合(=2.5)
  float fg               補正係数(=1.0E+00)
  float fg               補正係数(= 8.77E-03)
  group options {
    int chkd[4]          出力フラグ配列
    int tally[4]         タリー配列
    int types[4]         オプション配列
    float fm[4]          補正係数配列
  }
  group elements {
    int chkd[5]          注目要素データ
                        計算フラグ

```

```

int zaid[5]                核種のインデックス番号
float fm[5]                変換係数
}

group neutron {           中性子線量変換係数テーブル
  int num                 テーブル個数
  int type                フラグ
  float energy[.num]     エネルギー
  float factor[.num]     エネルギーに応する変換係数
}

group photon {           光子線量変換係数テーブル
  int num                 テーブル個数
  int type フラグ
  float energy[.num]     エネルギー
  float factor[.num]     エネルギーに応する変換係数
}

group default {          変換係数データ(デフォルト)
// ICRU-64
  group neutron {
    int num=117;
    int type=1;
    float energy[.num];  ICRU-64 の中性子エネルギー
    float factor[.num]; ICRU-64 の中性子カーマ係数
  }

  group photon {
    int num=38;
    int type=1;
    float energy[.num];  ICRU-64 の光子エネルギー
    float factor[.num]; ICRU-64 の光子カーマ係数
  }
}

group add_dose_info {
  int num                 テーブル個数
  group table[.num]{

```

int zaid	核種インデックス番号
float factor	係数
string title	タイトル文字列
}	
}	
group add_info {	メッシュ分割情報
int num	定数(= 3)
int ndim	定数(= 5)
int nspc	計算モデルのメッシュ数
float target[num]	設備座標系での照射点座標
group mesh {	
int num	配列数
float size	メッシュサイズ
int  dims[num]	モデルのメッシュ分割数
float xyz[]	モデルの大きさ(x,y,x)
}	
group mixture {	材料データ情報
int mnum	材料数
int tables[]	組成データ情報配列
int mflags[]	組成情報の使用フラグ配列
int mnodes[]	ボクセルの材料情報配列
}	
}	
}	
}	

## 8. ライブラリー構成

JCDS では、AVS/Express Developer Edition 標準ライブラリーの他に BNCT\_Library としての追加機能を別ライブラリーとして登録して開発を行った。ここでは、BNCT\_Library についての構成を簡単に説明する。

ライブラリーは、INTAGE\_LIB、Common、Common2、Command、Menu、BNCT\_System の6つの区分に分けて管理している。INTAGE\_LIB は(株)ケイ・ジー・ティー社で開発・販売している Medical Viewer/INTAGE 用に開発されたライブラリーである。各ライブラリー内のサブ項目で重要と思われるものについては簡単な説明を列挙した。

<ライブラリー区分>	<説明>
(1)INTAGE_LIB	Medical Viewer/INTAGE 用に開発されたものを登録
IntageMethod	INTAGE メソッド集。
DicomObject	DICOM 読み込み関連オブジェクト集。
DicomMethod	DICOM 読み込み関連メソッド集。
DicomMacro	DICOM 読み込み関連マクロ集。WindowLevel&Width 設定モジュールと DICOM 読み込みモジュールを登録。
(2)Common	各コマンドに共通して使用されるものを登録。(その1)
object	オリジナルオブジェクト集。主に内部データ構造を定義したもの。
UIMacros	コマンドインターフェース関連のマクロ集。主に各機能を切り替えるメニューに使用。
Macros	オリジナルマクロ集。
Parameter	各機能で使用するユーザー・インターフェースのプロトタイプ集。複数の機能で同一命令を定義する際、このクラスを継承したものを使用。
Method	独自開発メソッドを登録。
(3)Common2	各コマンドに共通して使用されるものを登録。(その2)
Method2	独自開発メソッドを登録。
Parameter2	各機能で使用するマクロ集。
(4)Command	各機能単位のモジュールを登録。
Load	リスタートファイル読み込み。
Load_Dicom	DICOM データ読み込み。
Save	リスタートファイル書き込み。
Exit	システム終了。
Slice	2次元画像表示。
EditData	データ編集。
SetTissue	組織区分設定。
EditTissue	組織区分編集。



EditRoi	ROI 設定及び編集。
MatchImage	Image1/Image2 合成。
View3D	3次元画像表示。
Version	バージョン表示。
Cont_2D	2次元線量表示。
Cont_3D	3次元線量表示。
Histogram	線量ヒストグラム表示。
Load_MCNP	MCNP コード計算結果読み込み。
Save_Spread	スプレッドシート書き込み。
Save_Dump	ダンプファイル書き込み。
(5)Menu	大項目単位のモジュールマクロを登録。
Top	画面レイアウト定義。
Input	Top メニューFile 関連マクロ。
Process	Top メニューView 関連マクロ。
Option	Top メニューOption 関連マクロ。
(6)BNCT_System	システム本体だけを登録。
bnct_system	システム本体。

## 9. メソッド仕様

JCDS では、AVS/Express に標準で搭載されている標準 method の他、JCDS 用に独自に開発した method と(株)ケイ・ジー・ティー社で開発・販売している医療画像表示システム用に開発した Medical Viewer/INTAGE 用のライブラリー<sup>注1</sup>の3種類を組み合わせ使用している。ここでは、AVS/Express 標準以外の method についての仕様を述べる。区分に独自開発したものを JCDS 用とし、INTAGE ライブラリー用のものを INTAGE 用として分けた。これらのメソッドについて Table 9.1 に説明する。

Table 9.1 メソッド一覧

No	メソッド名	区分	機能
1	add_1_dim	JCDS用	配列に要素を加える。
2	blend	JCDS用	2次元Image1画像等とROIや線量を重ね合わせる。
3	collimater	JCDS用	入射ビームの形状作成。
4	copy_value	JCDS用	value1とoutput1、value2とoutput2をそれぞれ比較し違う値がvalue側に指定された場合にoutput側にコピーする。
5	create_emptydata	JCDS用	入力したデータと同じnodeサイズのデータを作成する。作成されたデータは入力データに関係なく1node当たり1byteとなり、全て0で初期化された状態となる。
6	create_emptydata2	JCDS用	動作はcreate_emptydataと同じ。相違点は、データが入力された時点で自動的にtriggerがかかること。
7	create_matrix	JCDS用	2つの座標系上にある同一の点の座標値から座標変換行列を作成する。
8	delete_index_volume	JCDS用	入力したデータ中のidで指定した値を0に置き換えて出力する。
9	delete_multi	JCDS用	マルチROIを削除する。
10	delete_position	JCDS用	マーカ点を削除する。
11	dicom_spool	INTAGE用 (DICOM入力)	指定ディレクトリ内の全てのDICOMデータを読み込み、ヘッダー情報をdataグループに登録する。
12	dumpfile	JCDS用	MCNP線量計算結果のダンプファイルを出力する。
13	DV_create_matrix	INTAGE用	3点マーカによる合成マトリクスの作成。
14	DV_rect_to_uni	INTAGE用	不等間隔直交格子型(rectilinear)データを入力し、各軸毎の大きさを求め不等間隔直交格子型(uniform)に強制的に割り振る。実際にはpointsの値を[2][3]に変更しているだけで、スライスの切り直しは行っていない。従って、スライス間隔が画像毎に違っているデータを入力すると実際の位置とズレて扱われる。
15	DV_roi_cont	INTAGE用	マウスドラッグによる領域抽出を行う。
16	DV_updown	INTAGE用	数値のup/downを制御する。
17	DV_window_lebel	INTAGE用	入力されたデータからウィンドウレベルと幅を考慮したデータを出力する。出力されるデータは1byteに正規化される。

注1 : ライブラリー形式での提供であるが、method 単位での使用には何ら制限を設けていない。

No	メソッド名	区分	機能
18	DVaffine3_unif	INTAGE用	ボリウムデータに対してアフィン変換をかける。入力2が設定されているとマトリクスサイズが入力2のサイズで出力される。
19	DVcopy_data	INTAGE用	Mesh_Unif+Node_Data型のコピーを行う。
20	DVextract2_mal_u	INTAGE用	マウスドラッグによる領域抽出を行う。
21	DVmulti_slicer	INTAGE用	入力したボリウムデータを、1スライス上にフォーマットを決めて出力する。
22	DVrep_slice_u	INTAGE用	ボリウムデータ。
23	DVreverse_u	INTAGE用	入力データを反転して出力する。
24	edit_list	JCDS用	ROI情報（属性）の編集を行う。
25	edit_list2	JCDS用	Image2-ROIをImage1-ROIに移動後、modalityをImage1に変更する。
26	edit_plane	JCDS用	ボリウムデータの指定スライスとスライスデータを比較しidで指定した値に対してeditTypeの処理を行う。出力はボリウムデータとなる。
27	edit_volume	JCDS用	ボリウムデータ1とボリウムデータ2を比較しeditTypeの処理を行う。(ボリウムデータ1に対する処理)
28	expand_volume	JCDS用	入力したデータのvalue値に対してsize分データを膨張させる。
29	expand_volume2	JCDS用	ROI領域を拡張してターゲット領域を作成する。
30	figure	JCDS用	正面図、側面図に表示させるビーム中心線と任意線を作成する。
31	get_current_volume	JCDS用	入力されたボリウムデータからlistで指定されたレベル値のピクセルをlevelの値に、それ以外の値のピクセルを0に置換して出力する。出力されるのは、0かlevelで指定された値の2値となる。
32	get_list_index	JCDS用	ROI情報として登録されているidと該当する配列内の位置を出力する。その逆も可能。
33	get_roi_volume	JCDS用	ROI情報として登録されているidと該当する配列内の位置を出力する。その逆も可能。
34	get_roi_volume2	JCDS用	マルチROIの3次元表示データの作成。
35	histogram	JCDS用	ヒストグラムのテーブルを作成する。
36	interpolation	JCDS用	MCNP計算結果をImage1座標系とImage2座標系に補間する。補間は1次補間を用いる。
37	level_sweep	JCDS用	入力データからレベル値に対応するデータだけを取り出す。(ROI、ターゲット領域用)
38	level_sweep2	JCDS用	入力データからレベル値に対応するデータだけを取り出す。(マルチROI用)
39	level_sweep3	JCDS用	入力データからレベル値に対応するデータだけを取り出す。(組織用)
40	load_data	JCDS用	リスタートファイルを読み込む。
41	Multi_calc	JCDS用	マルチROIの体積積分。
42	naname	JCDS用	斜めに撮影されたCT及びMRI画像データを直行データに変換する。

No	マノット名	区分	機能
43	picked_count	JCDS用	Cntl+マウスクリックをカウントする。maxpでゼロに戻す。
44	points_cross	JCDS用	マーカ点の十字の作成。
45	put_tissue	JCDS用	入力されたボリュームデータの値を骨、軟組織、空気に3分割する。本処理実行後は、bone_level、soft_level、air_levelの3値にけされたデータが出力される。 min_level、max_levelが他のと重なった場合の優先順位は、骨、軟組織、空気の順として扱われる。
46	read_dicom_field	INTAGE用 (DICOM入力)	DICOMの実データを読み込む。
47	read_line	JCDS用	2次元データから線分上のデータを拾い出す。
48	read_line3d	JCDS用	3次元データから線分上のデータを拾い出す。
49	read_MCNP	JCDS用	MCNPコードの入力データとmctalファイルから計算結果を読み込む。
50	Roi_calc	JCDS用	MCNP計算結果を組織・ROI領域で体積積分する。
51	roi_edit	JCDS用	ROI情報として登録されているidと該当する配列内の位置を出力する。その逆も可能。
52	Roi_surface	JCDS用	ROIの3次元表面形状を作成する。
53	Roi_sweep	JCDS用	ROIの抽出。
54	Roi2_surface	JCDS用	マルチROIの3次元表面形状を作成する。
55	save_data	JCDS用	リスタートファイルの書き込み。
56	selectData	INTAGE用 (DICOM入力)	検査情報からそれに該当するファイルを抽出する。
57	selectPatient	INTAGE用 (DICOM入力)	ヘッダー情報から指定の患者情報を抽出する。
58	selectStudy	INTAGE用 (DICOM入力)	患者情報から指定の検査情報を抽出する。
59	set_position	JCDS用	out[0]、out[1]、out[2]にそれぞれx、y、zの値を代入する。
60	set_target_value	JCDS用	ターゲット指定時の拡張幅を設定する。inの値が0以外の場合、switchに1を設定し、valueにinの値を出力する。値が0の場合、switchに0を設定する。switchとvalueの設定によりinを変更する事(逆)も可能。
61	spreadsheet	JCDS用	スプレッドシート用CSVファイルの書き込み。
62	TissuToRoi	JCDS用	軟組織と骨をROIに変換する。
63	Volume_calc	JCDS用	ROI体積を求める。
64	window_CW_item	INTAGE用 (DICOM入力)	window levelとwidthを編集する。
65	write_histogram	JCDS用	ヒストグラムのCSVファイルへの書き込み。
66	write_position	JCDS用	ユーザー定義点およびラインのCSVファイルへの書き込み。

(1) add 1 dim

区分：JCDS 用

機能：配列に要素を加える。

パラメータ：

int	n1	要素番号
float	rin	要素
float	rout[]	配列

(2) blend

区分：JCDS 用

機能：2次元 Image1 画像等と ROI や線量を重ね合わせる。

パラメータ：

int	num	コンター本数
float	in1_min	入力1の最小値
float	in1_max	入力1の最大値
float	in2_min	入力2の最小値
float	in2_max	入力2の最大値
Mesh_Unif+Node_Data	&in1	入力1
Mesh_Unif+Node_Data	&in2	入力2
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力
float	min	出力の最小値
float	fac	出力の係数

(3) collimater

区分：JCDS 用

機能：入射ビームの形状作成。

パラメータ：

float	triger	実行フラグ
group	&Incidence	入射条件
int	nnode	節点数
int	nelem	要素数
float	rnode[nnode][3]	節点座標
int	ielem[nelem×4]	要素構成節点
int	nnode2	節点数
int	nelem2	要素数
float	rnode2[nnode][3]	節点座標
int	ielem2[nelem×4]	要素構成節点

**(4) copy\_value**

区分：JCDS 用

機能：value1 と output1、value2 と output2 をそれぞれ比較し違う値が value 側に指定された場合に output 側にコピーする。

パラメータ：

int	input	実行フラグ
int	value1	入力1
float	value2	入力2
int	output1	出力1
float	output2	出力2

**(5) create\_emptydata**

区分：JCDS 用

機能：入力したデータと同じ node サイズのデータを作成する。作成されたデータは入力データに関係なく 1node 当たり 1byte となり、全て 0 で初期化された状態となる。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
int	trigger	実行フラグ
Mesh_Unif+Node_Data	out	in と同サイズのデータを出力

**(6) create\_emptydata2**

区分：JCDS 用

機能：動作は create\_emptydata と同じ。相違点は、データが入力された時点で自動的に trigger がかかる場所。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
Mesh_Unif+Node_Data	out	in と同サイズのデータを出力

**(7) create\_matrix**

区分：JCDS 用

機能：2つの座標系上にある同一の点の座標値から座標変換行列を作成する。

座標点は3点以上必要である。与えられた座標点から座標変換行列を求める方法を以下に示す。

座標系1での点の座標を  $P_{1i}(x,y,z)$ 、座標系2での点の座標を  $P_{2i}(X,Y,Z)$  とする。

**1) 座標点が3点の場合**

Fig.9.1 において、座標系1で点1を原点とし、点1から点2の方向を  $x$  軸、点1、点2、点3が  $xy$  平面となる新たな座標系(測定点座標系)を作成する。

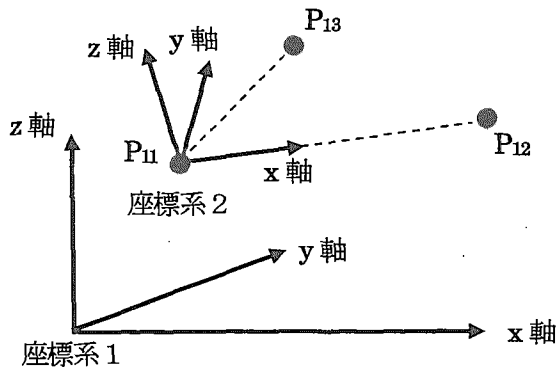


Fig.9.1 座標変換処理説明図 1

この時、座標系 1 と測定点座標系の変換行列は以下の方法により求める。

- ① 座標系 1 で点 1 から点 2 へのベクトルを  $\mathbf{a}_1$  とし、点 1 から点 3 へのベクトルを  $\mathbf{b}_1$  とする。

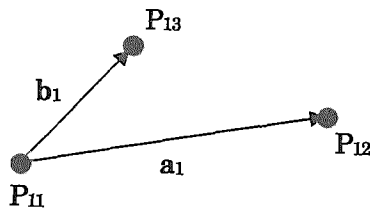


Fig.9.2 座標変換処理説明図 2

- ②  $\mathbf{a}_1$  と  $\mathbf{b}_1$  との外積をとり  $\mathbf{c}_1$  とする。

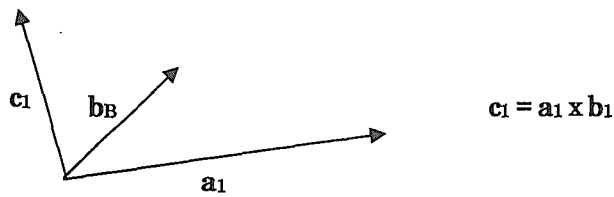


Fig.9.3 座標変換処理説明図 3

- ③  $\mathbf{a}_1$  の単位ベクトルを  $\mathbf{A}_1$ 、 $\mathbf{c}_1$  の単位ベクトルを  $\mathbf{C}_1$  とする。

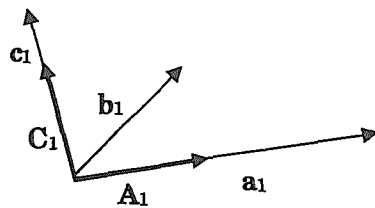


Fig.9.4 座標変換処理説明図 4

- ④  $C_1$ と $A_1$ との外積をとり $B_1$ とする。

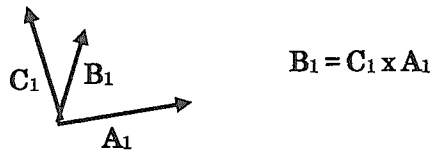


Fig.9.5 座標変換処理説明図5

- ⑤ ④で求められたベクトルと点1の座標値を用いて、座標系1から測定点座標系への変換行列を作成する。

座標系2でも①から④までの処理を行う。⑤の処理では、座標系1のときとは逆に測定点座標系から座標系2への変換行列を作成する。以上の処理により、座標系1から座標系1上の測定点座標系への変換、座標系2上の測定点座標系から座標系2への変換行列が求められる。測定点の座標値が正確なものであれば、求められた座標系1上の測定点座標系と座標系2上の測定点座標系は、同じものになる。従って、これらの変換行列を用いて、座標系1から座標系1上の測定点座標系への変換を行い、その値を座標系2上の測定点座標系から座標系2への変換を行えば、座標系1から座標系2への変換が行えることになる。即ち、座標系1から座標系1上の測定点座標系への変換行列を $K_1$ 、座標系2上の測定点座標系から座標系2への変換行列を $K_2$ とすると、座標系1から座標系2への変換行列 $K$ は以下の式(9.1)から求められる。

$$K = K_2 K_1 \quad (9.1)$$

## 2) 座標点が4点以上の場合

座標点が4点以上の場合には最小二乗法により座標変換行列を作成する。座標系1での各点の座標値を座標系2での各点の座標値に変換する行列を $K$ とすると、以下の式(9.2)が書き下せる。

$$K P_{1i} = P_{2i} \quad (9.2)$$

ここで、

$$K = \begin{bmatrix} K_{11} & K_{12} & K_{13} & K_{14} \\ K_{21} & K_{22} & K_{23} & K_{24} \\ K_{31} & K_{32} & K_{33} & K_{34} \\ 0. & 0. & 0. & 1. \end{bmatrix} \quad (9.3)$$

$$P_{1i} = \begin{Bmatrix} x_i \\ y_i \\ z_i \\ 1 \end{Bmatrix} \quad (9.4)$$



$$P_{2i} = \begin{Bmatrix} X_i \\ Y_i \\ Z_i \\ 1 \end{Bmatrix} \quad (9.5)$$

であるから、式(9.2)は、以下となる。

$$\begin{bmatrix} K_{11} & K_{12} & K_{13} & K_{14} \\ K_{21} & K_{22} & K_{23} & K_{24} \\ K_{31} & K_{32} & K_{33} & K_{34} \\ 0. & 0. & 0. & 1. \end{bmatrix} \begin{Bmatrix} x_i \\ y_i \\ z_i \\ 1. \end{Bmatrix} = \begin{Bmatrix} X_i \\ Y_i \\ Z_i \\ 1. \end{Bmatrix} \quad (9.6)$$

この式の上の3式を各々最小二乗法により求める。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ (1 : Image1/Image2 の Compound、 2 : 照射条件再現)
group	&position	ユーザー定義点
float	&matrix	座標変換行列
group	&compound	マーカデータ
group	&Incidence	入射データ
int	fitPosition	Image1/Image2 座標変換行列作成済みフラグ

#### (8) delete\_index\_volume

区分：JCDS 用

機能：入力したデータ中の id で指定した値を 0 に置き換えて出力する。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
boolean	trigger	実行フラグ
int	id	削除するレベル値
Mesh_Unif+Node_Data	out	in と同サイズのデータを出力

#### (9) delete\_multi

区分：JCDS 用

機能：マルチ ROI を削除する。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ
int	delete	削除するマルチ ROI 番号
group	&Roi2	マルチ ROI データ

#### (10) delete\_position

区分：JCDS 用

機能：マーカ点を削除する。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ
int	delete	削除するマーカ点番号
group	&position	マーカデータ
group	&line	ラインデータ

#### (11) dicom\_spool

区分：INTAGE 用 (DICOM 入力)

機能：指定ディレクトリ内の全ての DICOM データを読み込み、ヘッダー情報を data グループに登録する。

パラメータ：

string	data_directory	DICOM データ格納ディレクトリ名
group	data {	DICOM ヘッダー情報
	INTAGE_LIBRARY.patient patient[] {	患者単位
	INTAGE_LIBRARY.study study[] {	study 単位
	INTAGE_LIBRARY.data data[]	ファイル単位
	}	
	}	
int	modify_flag	実行フラグ

#### (12) dumpfile

区分：JCDS 用

機能：MCNP 線量計算結果のダンプファイルを出力する。

パラメータ：

string	filename	ダンプファイル名
int	file_type	タイプ (0 : MCNP メッシュ、1 : 頭部)
group	&dataSpool	dataSpool データ
group	&Result	Result データ
group	&VerInfo	BNCT バージョン

#### (13) DV\_create\_matrix

区分：INTAGE 用

機能：3 点マーカによる合成マトリクスの作成。

パラメータ：

boolean	trigger	実行フラグ
float	in_ct[9]	Image1 画像上の 3 点マーカの座標値
float	in_mri[9]	Image2 画像上の 3 点マーカの座標値
float	out[16]	合成マトリクス

**(14) DV\_rect\_to\_uni**

区分: INTAGE 用

機能: 不等間隔直交格子型(rectilinear)データを入力し、各軸毎の大きさを求め不等間隔直交格子型(uniform)に強制的に割り振る。実際には points の値を[2][3]に変更しているだけで、スライスの切り直しは行っていない。従って、スライス間隔が画像毎に違っているデータを入力すると実際の位置とズレて扱われる。

パラメータ:

Mesh+Node_Data	in	入力
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力

**(15) DV\_updown**

区分: INTAGE 用

機能: 数値の up/down を制御する。

パラメータ:

int	up1	カウントを1進める
int	down1	カウントを1戻す
int	step	upn、downn 使用時の増減カウント値
int	upn	カウントをstep分進める
int	downn	カウントを1step分戻す
int	flag	マイナス値設定切り替えフラグ (0以下でマイナス値設定可能)
int	max	設定できる最大値
int	count	出力

**(16) DV\_roi\_cont**

区分: INTAGE 用

機能: マウドラッグによる領域抽出を行う。

パラメータ:

```
init_func = "Dvroi2d_cont_create"
del_func = "Dvroi2d_cont_delete"
upd_func = "Dvroi2d_cont_update"
上記 func 以外は、GDroi2d_cont と同等。
```

**(17) DV\_window\_level**

区分: INTAGE 用

機能: 入力されたデータからウィンドウレベルと幅を考慮したデータを出力する。出力されるデータは 1byte に正規化される。

パラメータ:

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力
int	WL_value	ウィンドウレベル

int WW\_value ウィンドウ幅

**(18) DVaffine3\_unif**

区分: INTAGE 用

機能: ボリュームデータに対してアフィン変換をかける。入力 2 が設定されているとマトリクスサイズが入力 2 のサイズで出力される。

パラメータ:

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力 1
Mesh_Unif+Node_Data+		
Dim2+Scalar+Float	in_matrix	変換マトリクス
Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力 2 (オプション)
int	mode	サンプリング方法(0:最近傍法、1:線形補間法)
int	center	回転原点(1:オブジェクト中心、0:[0.0,0.0,0.0])
boolean	trigger	実行フラグ
Mesh_Unif+Node_Data	out	in と同サイズのデータを出力

**(19) DVcopy\_data**

区分: INTAGE 用

機能: Mesh\_Unif+Node\_Data 型のコピーを行う。

パラメータ:

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力
int	trigger	実行フラグ

**(20) DVextract2\_mal\_u**

区分: INTAGE 用

機能: マウスドラッグによる領域抽出を行う。

パラメータ:

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
Groi2d_buffer	&in_points	抽出範囲を指定した point 情報
int	mode	
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力

**(21) DVmulti\_slicer**

区分: INTAGE 用

機能: 入力したボリュームデータを、1 スライス上にフォーマットを決めて出力する。

パラメータ:

Mesh_Unif+Node_Data	&in	出力されるレベル値
int	axis	スライス方向軸
int	start_num	スライス番号 (何枚目からの画像を表示するかを指定)
int	step	スライス間隔

int	width	横方向の表示枚数
int	height	縦方向の表示枚数
int	downsize	間引き率
int	show_num	スライス番号の表示/非表示
int	show_frame	フレーム枠の表示/非表示
Mesh_Unif+Node_Data	out	in と同サイズのデータを出力

**(22) DVrep slice u**

区分：INTAGE 用

機能：ボリウムデータ。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
Mesh_Unif+Dim2+Node_Data	&in_replace	スライス入力
int	slice_num	スライス番号
int	reset	リセットフラグ
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力

**(23) DVreverse u**

区分：INTAGE 用

機能：入力データを反転して出力する。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
int	data	データを反転する/しないフラグ
int	points	座標情報を反転する/しないフラグ
int	axis_x	x 軸方向にを反転する/しないフラグ
int	axis_y	y 軸方向にを反転する/しないフラグ
int	axis_z	z 軸方向にを反転する/しないフラグ
Mesh_Unif+Node_Dat	aout	出力

**(24) edit list**

区分：JCDS 用

機能：ROI 情報（属性）の編集を行う。

パラメータ：

BNCT_TOOLS.roi	&in	入力
int	id	ROI 情報内の No.
boolean	trigger	実行フラグ
boolean	trigger2	実行フラグ 2
enum	editType	search、new、add、delete、compound から選択
int	error_flag	エラー時に trigger をかける
BNCT_TOOLS.roi	current	in と同サイズのデータを出力

**(25) edit\_list2**

区分：JCDS 用

機能：Image2-ROI を Image1-ROI に移動後、modality を Image1 に変更する。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ
group	&Roi	ROI データ

**(26) edit\_plane**

区分：JCDS 用

機能：ボリュームデータの指定スライスとスライスデータを比較し id で指定した値に対して editType の処理を行う。出力はボリュームデータとなる。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	ボリュームデータ
Mesh_Unif+Dim2+Node_Data	&replace	スライスデータ
int	plane	編集対象のスライス番号
int	id	編集対象の値
int	outside	内側、外側の区別 (未設定時は内側)
boolean	active	実行/非実行フラグ (1 の時実行)
enum	editType	reset、add、delete、replace から選択
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力

**(27) edit\_volume**

区分：JCDS 用

機能：ボリュームデータ 1 とボリュームデータ 2 を比較し editType の処理を行う。(ボリュームデータ 1 に対する処理)

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	ボリュームデータ 1
Mesh_Unif+Node_Data	&replace	ボリュームデータ 2
boolean	trigger	実行フラグ
enum	editType	add、replace、delete、reset から選択
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力

**(28) expand\_volume**

区分：JCDS 用

機能：入力したデータの value 値に対して size 分データを膨張させる。

パラメータ：

boolean	trigger	実行フラグ
Mesh_Unif+Node_Data	&in	入力
int	level	処理を行う値
float	size	膨張させる大きさ (mm)

Mesh\_Unif+Node\_Data      out      出力

**(29) expand\_volume2**

区分：JCDS 用

機能：ROI 領域を拡張してターゲット領域を作成する。

パラメータ：

boolean	trigger	実行フラグ
Mesh_Unif+Node_Data+Iparam	&in	ROI データ
int	level	ROI 番号
float	size	拡張サイズ(半径)
Mesh_Unif+Node_Data+Oparam	&out	ターゲット領域データ

**(30) figure**

区分：JCDS 用

機能：正面図、側面図に表示させるビーム中心線と任意線を作成する。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ
group	&DATA	線データ

**(31) get\_current\_volume**

区分：JCDS 用

機能：入力されたボリュームデータから list で指定されたレベル値のピクセルを level の値に、それ以外の値のピクセルを 0 に置換して出力する。出力されるのは、0 か level で指定された値の 2 値となる。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	field の uniform 型でかつ byte データに対して有効
int	id	抽出する level 値
char	level	出力される level 値
Mesh_Unif+Node_Data	out	in と同じサイズのデータを出力

**(32) get\_list\_index**

区分：JCDS 用

機能：ROI 情報として登録されている id と該当する配列内の位置を出力する。その逆も可能。

パラメータ：

BNCT_TOOLS.roi	&in	ROI 情報リスト
int	id	設定 No.
int	selectedItem	配列内の位置

**(33) get\_roi\_volume**

区分：JCDS 用

機能：ROI 情報として登録されている id と該当する配列内の位置を出力する。その逆も可能。

パラメータ：

group	&in	ROI データ
boolean	trigger	実行フラグ
int	normal_level	正常組織 ROI の出力レベル値
int	tumor_level	腫瘍 ROI の出力レベル値
int	target_level	ターゲットの出力レベル値
group	list	ROI 情報リスト
group	data	ROI ボリュームデータ
Mesh_Unif+Node_Data	out	in と同サイズのデータを出力

**(34) get\_roi\_volume2**

区分: JCDS 用

機能: マルチ ROI の 3 次元表示データの作成。

パラメータ:

group	&in	ROI データ
group	&Roi2	マルチ ROI データ
boolean	trigger	実行フラグ
int	data_no	0:Image1-ROI, 1:Image1-Target, 2:Image2-ROI, 3:Image2-Target
int	normal_level	正常細胞の出力レベル
int	tumor_level	腫瘍の出力レベル
int	lithium_level	リチウムの出力レベル
group	&list[]	=> in.list
group	&data	=> in.data[data_no]
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力

**(35) histogram**

区分: JCDS 用

機能: ヒストグラムのテーブルを作成する。

パラメータ:

float	low	ヒストグラムの最小値
float	high	ヒストグラムの最大値
int	nbins	ヒストグラムの分割数
int	fre	ヒストグラムの縦軸の値
int	fre_max	ヒストグラムの縦軸の値の最大値
prim	Table[]	入力データ
float	Xtable[]	ヒストグラム
int	Ytable[]	ヒストグラム



## (36) interpolation

区分：JCDS 用

機能：MCNP 計算結果を Image1 座標系と Image2 座標系に補間する。補間は 1 次補間を用いる。

いま、補間しようとする点を取り囲む MCNP 計算点によって作られる直方体を考える。

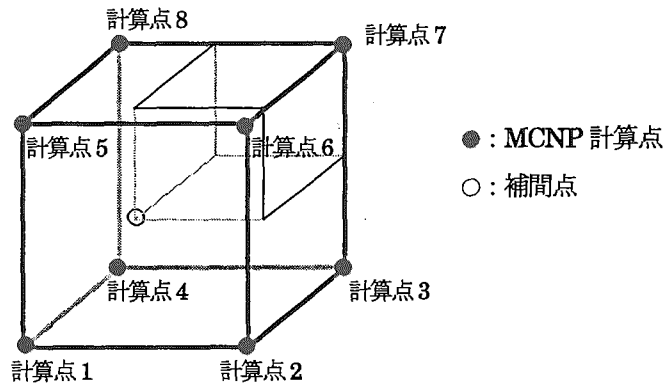


Fig.9.6 補間処理概念図

Fig.9.6 における補間点での値は、各 MCNP 計算点における計算値を重み付けして総和をとって求める。

各 MCNP 計算点における計算値を  $V_i$ 、各計算点の重みを  $W_i$  とすると、補間点における値  $V$  は式 (9.7) により評価される。

$$V = \sum_{i=1}^8 V_i \cdot W_i \quad (9.7)$$

重み  $W_i$  は、MCNP 計算点によってできる直方体内の、MCNP 計算点の補間点をはさんで対角側の体積率を用いる。上図において計算点 1 の重みは、細線で表示された部分の体積の、太線で表示された体積に対する比となる。

組成ごとの線量は、上式により求められた値が 1g 中に  $1 \times 10^{24}$  個の分子が存在した場合なので、それぞれの組成成分の重量割合を考慮して、単位質量中の分子数での値に換算して評価する。

また、組成ごとの線量におけるホウ素の線量は、「計算結果表示設定パネル」で設定したホウ素濃度が使用されており、骨と空気のホウ素濃度はゼロとしている。

MCNP 計算メッシュは複数のブロックに分割されているので、各ブロックについてこの補間処理を行う。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ
group	&dataSpool	dataSpool データ
group	&Result	Result データ

(37) level\_sweep

区分：JCDS 用

機能：入力データからレベル値に対応するデータだけを取り出す。(ROI、ターゲット領域用)

パラメータ：

int	level	レベル値
Mesh_Unif+Node_Data	&in1	レベルデータ
Mesh_Unif+Node_Data	&in2	入力データ
Mesh_Unif+Node_Data	&Tissue	組織データ
Mesh_Unif+Node_Data	&Roi	ROI データ
Int	Zero_Soft	軟組織ゼロオプション
Int	Zero_Bone	骨ゼロオプション
Int	Zero_Air	空気ゼロオプション
Int	Zero_Lithium	リチウムゼロオプション
group	out	出力

(38) level\_sweep2

区分：JCDS 用

機能：入力データからレベル値に対応するデータだけを取り出す。(マルチ ROI 用)

パラメータ：

int	level	レベル値
Mesh_Unif+Node_Data	&in1	レベルデータ
Mesh_Unif+Node_Data	&in2	入力データ
group	&in3	マルチ ROI データ
group	&in4	ROI データ
Mesh_Unif+Node_Data	&Tissue	組織データ
Int	Zero_Soft	軟組織ゼロオプション
Int	Zero_Bone	骨ゼロオプション
Int	Zero_Air	空気ゼロオプション
Int	Zero_Lithium	リチウムゼロオプション
group	out	出力

(39) level\_sweep3

区分：JCDS 用

機能：入力データからレベル値に対応するデータだけを取り出す。(組織区分用)

パラメータ：

int	level	レベル値
Mesh_Unif+Node_Data	&in1	レベルデータ
Mesh_Unif+Node_Data	&in2	入力データ
group	&in3	組織区分データ

Int	Zero_Soft	軟組織ゼロオプション
Int	Zero_Bone	骨ゼロオプション
Int	Zero_Air	空気ゼロオプション
Int	Zero_Lithium	リチウムゼロオプション
group	out	出力

(40) load\_data

区分：JCDS 用

機能：リスタートファイルを読み込む。

パラメータ：

string	filename	ファイル名
group	&status	status グループ
group	&dataSpool	dataSpool グループ
int	errno	エラーフラグ

(41) Multi\_calc

区分：JCDS 用

機能：マルチ ROI の体積積分。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ
int	level	マルチ ROI 番号
group	&Roi	シングル ROI データ
group	&Roi2	マルチ ROI データ
double	Roi_value[]	シングル ROI 体積積分結果
double	Roi2_value[]	マルチ ROI 体積積分結果
double	Combi_value[]	シングル ROI 体積積分結果
int	Roi_Pval[]	シングル ROI 最大 or 最小 Pixel 位置
int	Roi2_Pval[]	マルチ ROI 最大 or 最小 Pixel 位置

(42) naname

区分：JCDS 用

機能：斜めに撮影された CT 及び MRI 画像データを直行データに変換する。

Fig.9.7 に示すような斜めに撮影された画像データを JCDS で取り扱えるように変換する。

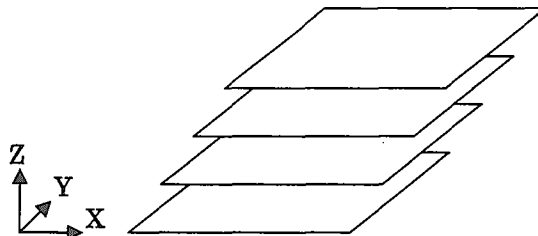


Fig.9.7 斜めに撮影されたスライス画像のイメージ

Fig.9.7 に示すようなデータを X、Y 方向に画像エリアを広げて Fig.9.8 に示す直行データに変換する。

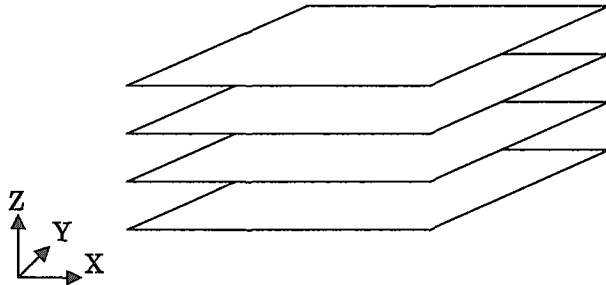


Fig.9.8 斜めに撮影されたスライス画像の直行画像への変換処理の概略 1

各断面のオリジナルの画像領域を点線で、拡張後の画像領域を実線で表すと Fig.9.9 に示すようになる。拡張されたエリアの値はゼロを設定している。

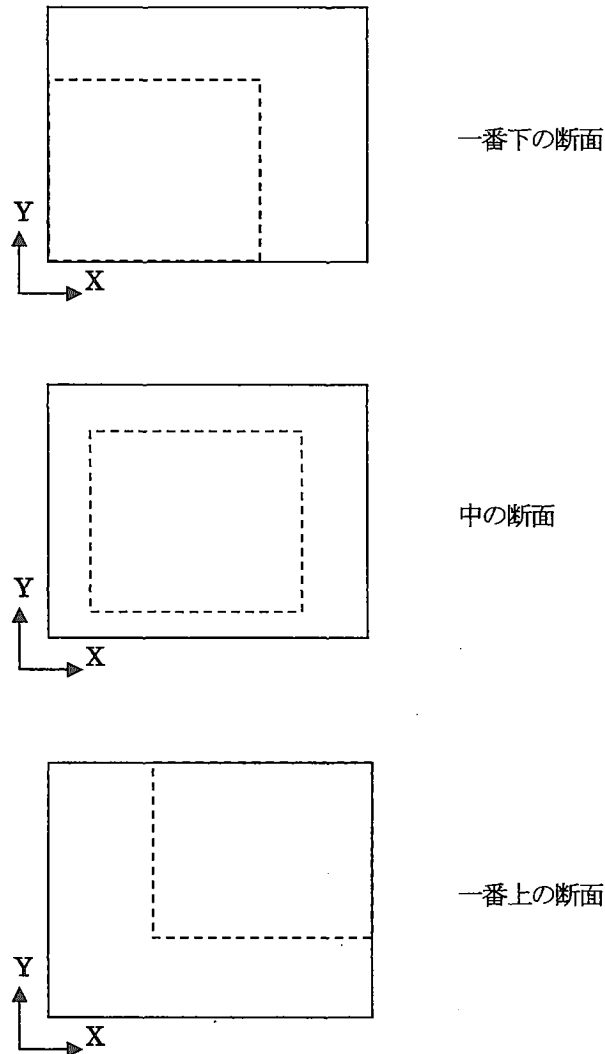


Fig.9.9 斜めに撮影されたスライス画像の直行画像への変換処理の概略 2

パラメータ :

string	filename	ファイル名
group	&data	画像データ
int	start_id	読み込み開始断面
int	end_id	読み込み終了断面
group	&study	DICOMstudy データ

(43) picked\_count

区分 : JCDS 用

機能 : Cntl+マウスクリックをカウントする。maxp でゼロに戻す。

パラメータ :

int	trigger	実行フラグ
int	maxp	最大カウント数
int	icount	カウント

(44) points\_cross

区分 : JCDS 用

機能 : マーカ点の十字の作成。

パラメータ :

int	trigger	実行フラグ
int	modality	Image1 or Image2 (=0 : Image1 =1 : Image2)
int	select	現在選択されているマーカ点番号
int	plane	面番号
float	height	十字の大きさ
int	np	マーカ点数
int	use[np]	Image1/Image2 座標変換使用フラグ(=1 : 使用)
int	set[np]	設定済みフラグ
string	name[np]	マーカ点名前
float	points[np][3]	マーカ点座標
field	cross	十字データ
string	text1[]	マーカ点名前1
string	text2[]	マーカ点名前2

(45) put\_tissue

区分 : JCDS 用

機能 : 入力されたボリュームデータの値を骨、軟組織、空気に 3 分割する。本処理実行後は、bone\_level、soft\_level、air\_level の 3 値に区分けされたデータが出力される。min\_level、max\_level が他の区分と重なった場合の優先順位は、骨、軟組織、空気の順として扱われる。

パラメータ :

Mesh_Unif+Node_Data	&in	byte データに対して有効
---------------------	-----	----------------

boolean	trigger	実行フラグ
int	bone_max	骨の上限値
int	bone_min	骨の下限値
int	bone_level	骨の値
int	soft_max	軟組織の上限値
int	soft_min	軟組織の下限値
int	soft_level	軟組織の値
int	air_level	空気の値
Mesh_Unif+Node_Data	out	in と同じサイズのデータを出力

**(46) read\_dicom\_field**

区分：INTAGE 用 (DICOM 入力)

機能：DICOM の実データを読み込む。

パラメータ：

int	go	実行フラグ
int	switch	範囲指定/配列番号指定フラグ
int	start_id	読み込み開始配列番号
int	end_id	読み込み終了配列番号
string	patient_id	患者番号
string	patient_name	患者名
string	data_directory	ディレクトリ名
INTAGE.LIBRARY.study	&study	検査ヘッダー情報
int	number_of_data	読み込みデータ数
int	number_of_selected_id[]	読み込みデータ配列番号
Mesh_Unif+Node_Data	out	出力
string	direction_label[4]	画像方向
double	matrix[4]	[4]マトリクス情報 (未使用)
INTAGE.LIBRARY.data_information	data_information	ヘッダー情報

**(47) read\_line**

区分：JCDS 用

機能：2次元データから線分上のデータを拾い出す。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	2次元データ
int	x1	始点位置(x)
int	y1	始点位置(y)
int	x2	終点位置(x)
int	y2	終点位置(y)

int	icount	位置個数
int	num	出力データ個数
float	Xtable[]	出力データ X
float	Ytable[]	出力データ Y

(48) read\_line3d

区分：JCDS 用

機能：3次元データから線分上のデータを拾い出す。

パラメータ：

Mesh_Unif+Node_Data	&in	3次元データ
int	opt	≠0:線分を始点から終点方向に3次元データの端まで延長する。
float	p1[3]	始点座標(X, Y, Z)
float	p2[3]	終点座標(X, Y, Z)
float	p3[3]	新終点座標(X, Y, Z)
int	num	出力データ個数
float	Xtable[]	出力データ X
float	Ytable[]	出力データ Y
double	Y_min	出力データ Y 最小値
double	Y_max	出力データ Y 最大値
double	Y_sum	出力データ Y 累積値
double	Y_average	出力データ Y 平均値

(49) read\_MCNP

区分：JCDS 用

機能：MCNP コードの入力データと mctal ファイルから計算結果を読み込む。

MCNP 計算メッシュは複数のブロックに分割されている。i 番目のブロックの X,Y,Z 方向の各分割数を  $N_x, N_y, N_z$  とした時、本コード内でメッシュを各方向の正負両側に1メッシュずつ増やして、 $N_x+2, N_y+2, N_z+2$  のメッシュとしている。各方向に増やしたメッシュ上の値は、隣り合うブロックの対応するメッシュの値を用いて求めている。

パラメータ：

string	filename	ファイル名
group	&Result	Result グループ
Mesh_Unif+Node_Data	&Incidence	入射条件
int	errno	エラーフラグ
in	tOK	読み込み成功時に1をセット。

(50) Roi\_calc

区分：JCDS 用

機能：MCNP 計算結果を組織区分・ROI 領域で体積積分する。

パラメータ :

int	trigger	実行フラグ
int	SpreadType	スプレッドシートタイプ (0 : 各線量、1 : 組合せ線量)
group	&dataSpool	dataSpool データ
group	&Result	Result データ

#### (51) roi\_edit

区分 : JCDS 用

機能 : ROI 情報として登録されている id と該当する配列内の位置を出力する。その逆も可能。

パラメータ :

BNCT_TOOLS.roi	&in	ROI 情報リスト
int	id	設定 No.
int	selectedItem	配列内の位置

#### (52) Roi\_surface

区分 : JCDS 用

機能 : ROI の 3 次元表面形状を作成する。

パラメータ :

int	Roi_num	ROI の数
group	&Roi_list	ROI リスト
Mesh_Unif+Node_Data	&in	ROI データ
int	trigger	実行フラグ
int	val	表示する ROI の値
int	division	表示するタイプ
int	target	表示するターゲット
float	level	出力する値
int	cell_data[]	セルデータ
Mesh_Unif+Node_Data	w1	ワークエリア
Mesh	w2	ワークエリア
group	w3	ワークエリア
Mesh+Node_Data	out	ROI の 3 次元形状

#### (53) Roi\_sweep

区分 : JCDS 用

機能 : ROI の抽出。

パラメータ :

int	trigger	実行フラグ
int	opt	オプションフラグ
Mesh_Unif+Node_Data	&in1	ROI データ
int	Roi_num	ROI の数



int	&Roi_id[]	ROI の ID 番号
int	&Roi_division[]	ROI のタイプ
int	&Roi_visible[]	ROI の可視性
Mesh_Unif+Node_Data	out	抽出後の ROI データ

**(54) Roi2\_surface**

区分：JCDS 用

機能：マルチ ROI の 3 次元表面形状を作成する。

パラメータ：

int	Roi_num	ROI の数
group	&Roi_list	ROI リスト
int	Roi2_num	マルチ ROI の数
group	&Roi2_list	マルチ ROI リスト
Mesh_Unif+Node_Data	&in	ROI データ
int	trigger	実行フラグ
int	val	表示するマルチ ROI の値
float	level	出力する値
intc	ell_data[]	セルデータ
Mesh_Unif+Node_Data	w1	ワークエリア
Mesh	w2	ワークエリア
group	w3	ワークエリア
Mesh+Node_Data	out	マルチ ROI の 3 次元形状

**(55) save\_data**

区分：JCDS 用

機能：リスタートファイルの書き込み。

パラメータ：

string	filename	ファイル名
grou	p&status	status グループ
group	&dataSpool	dataSpool グループ
group	&VerInfo	BNCT バージョン

**(56) selectData**

区分：INTAGE 用 (DICOM 入力)

機能：検査情報からそれに該当するファイルを抽出する。

パラメータ：

link	in	検査ヘッダー情報
string	data_title	登録されているファイル単位の情報
int	select_data[]	抽出するファイルの配列番号
group	out {	DICOM ヘッダー情報

```

INTAGE_LIBRARY.patient patient[] {           患者単位
    INTAGE_LIBRARY.study study[] {         study 単位
        INTAGE_LIBRARY.data data[]       抽出されたファイル単位
    }
}

```

**(57) selectPatient**

区分：INTAGE 用 (DICOM 入力)

機能：ヘッダー情報から指定の患者情報を抽出する。

パラメータ：

link	in	DICOM ヘッダー情報
string	patient_title	登録されている患者単位の情報
ints	elect_patient	抽出する患者の配列番号
group	out {	DICOM ヘッダー情報

```

INTAGE_LIBRARY.patient patient[] {           抽出された患者単位
    INTAGE_LIBRARY.study study[] {         study 単位
        INTAGE_LIBRARY.data data[]       ファイル単位
    }
}

```

**(58) selectStudy**

区分：INTAGE 用 (DICOM 入力)

機能：患者情報から指定の検査情報を抽出する。

パラメータ：

link	in	患者ヘッダー情報
int	grouping_code	グループ分け単位(Study, Series, Aquisition)
string	study_title	登録されている検査単位の情報
int	select_study	抽出する検査の配列番号
group	out {	DICOM ヘッダー情報

```

INTAGE_LIBRARY.patient patient[] {           患者単位
    INTAGE_LIBRARY.study study[] {         抽出された study 単位
        INTAGE_LIBRARY.data data[]       ファイル単位
    }
}

```

**(59) set\_position**

区分：JCDS 用

機能：out[0]、out[1]、out[2]にそれぞれx、y、zの値を代入する。

パラメータ：

float	x	実数値
float	y	実数値
float	z	実数値
boolean	trigger	実行フラグ
float	out[3]	出力

#### (60) set\_target\_value

区分：JCDS 用

機能：ターゲット指定時の拡張幅を設定する。in の値が 0 以外の場合、switch に 1 を設定し、value に in の値を出力する。値が 0 の場合、switch に 0 を設定する。switch と value の設定により in を変更する事(逆)も可能。

パラメータ：

int	in	設定値
int	switch	On/Off フラグ
int	value	設定値

#### (61) spreadsheet

区分：JCDS 用

機能：スプレッドシート用 CSV ファイルの書き込み。

スプレッドシートには各組織、各 ROI の体積、MCNP 計算結果の各 FLUX 値、線量値と、ポスト表示されている値の平均値、最小値および最大値が出力される。

各値には、計算結果表示設定パネル(4.12 節参照)で指定される炉出力の係数が掛けられている。また、組成ごとの線量の値には、計算結果表示設定パネルで指定される各組成の係数が掛けら、さらにホウ素の線量は、計算結果表示設定パネルで指定されるホウ素濃度が使用されている。

パラメータ：

string	filename	ファイル名
group	&dataSpool	dataSpool グループ
group	&Result	Result グループ
int	Roi_spread[]	ROI 出力オプション
int	Roi2_spread[]	マルチ ROI 出力オプション
int	SpreadType	スプレッドシートタイプ(0：各線量、1：組合せ線量)

#### (62) TissuToRoi

区分：JCDS 用

機能：軟組織と骨を ROI に変換する。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ
Mesh_Unif+Node_Data	Tissue	組織データ

Mesh\_Unif+Node\_Data                      Roi                      ROI データ

**(63) Volume\_calc**

区分：JCDS 用

機能：ROI 体積を求める。

パラメータ：

int	num	ROI の数
float	deltav	ROI の最小体積
int	level[]	ROI 番号テーブル
byte	values[]	ROI データ
double	volume[]	ROI 体積
int	iopt	0:各 ROI、1:全 ROI
Mesh_Unif+Node_Data	Tissue	組織データ

**(64) window\_CW\_item**

区分：INTAGE 用 (DICOM 入力)

機能：window level と width を編集する。

パラメータ：

string	file_name	ファイル名
INTAGE_LIBRARY.windowitem[]		登録されている window center & width
int	mode	編集モード
short	original_window_center	window center の初期値
short	original_window_width	window width の初期値
short	original_colormap_name	colormap name の初期値
int	selected_item	編集対象の配列番号
int	item_origin	編集結果後の配列番号
INTAGE.LIBRARY.window work		作業用エリア (編集値を入れる)

**(65) write\_histogram**

区分：JCDS 用

機能：ヒストグラムの CSV ファイルへの書き込み。

パラメータ：

int	trigger	実行フラグ
string	filename	ファイル名
group	&in	dataSpool グループ
group	&Result	Result グループ
group	&dataHist	ヒストグラムデータ
group	&dataLine	Line データ
group	&Beam	ビームデータ

**(66) write\_position**

区分：JCDS 用

機能：ユーザー定義点およびラインの CSV ファイルへの書き込み。

パラメータ：

<b>int</b>	<b>trigger</b>	実行フラグ
<b>string</b>	<b>filename</b>	ファイル名
<b>group</b>	<b>&amp;in</b>	dataSpool グループ
<b>group</b>	<b>&amp;DATA</b>	コントロールデータ

## 謝 辞

筑波大学の松村明講師及び山本哲哉先生並びに国立療養所香川小児病院の中川義信副院長には、放射線医学及び臨床医学研究の立場より、JCDS の使用方法及びユーザー・インターフェイス等について、貴重なご意見を頂きました。また、JCDS の概念設計にあたり、保健物理部外部被ばく防護研究室の山口恭弘室長には MCNP の線量評価方法について、保健物理部放射線リスク研究室長の斎藤公明氏には医療画像 (CT、MRI) からボクセル生成手法について助言を頂きました。ここに記して、皆様方に感謝申し上げます。

本書をまとめるにあたり御指導下さった研究炉技術管理課の内山順三課長及び山本和喜係長、ならびに研究炉部の小林晋昇部長、中島照夫次長、高柳政二前部長にはここに感謝の意を表します。

## 参考文献

- (1) G.L.Locher: "Am.J.Roentgenol" 36,1-13(1936)
- (2) 研究炉利用課: 欧州及び英国におけるホウ素中性子捕捉療法の実施状況に関する調査, JAERI-Tech 2000-064,(2000)
- (3) R.G.Fairchild: "Phys.Med.Biol" 10, 491-504(1965)
- (4) Kumada, H., et al: "Frontiers in Neutron Capture Therapy, Vols.1 and 2", Hawthorne et al ed., Kluwer Academic/Plenum Publishers, p611-614(2001)
- (5) 熊田博明、他: BNCT のための線量評価システムの開発, 日本原子力学会「1999 春の年会」予稿集 F49, p347, (1999)
- (6) 松村 明、他: "先端医療シリーズ: 明日の脳神経外科。21 世紀の新領域とニューテクノロジー", 堀智勝、平孝臣、伊関 洋編, 東京, p21-30,(2000)
- (7) Judith, F.: MCNP-A General Monte Carlo Code N-Particle Transport Code Version 4C, LA-13709-M, Manual, (2000)
- (8) 熊田博明、他: 原子炉による医療照射のための患者セッティングシステムの開発, 日本原子力学会和文論文誌, 第 1 巻第 1 号 p59-p68, (2002)
- (9) P.F. Rose: "ENDF-201, ENDF/B-VI Summary Documentation", BNL-NCS-17541, 4th Edition (1991)
- (10) T.Nakagawa, K.Shibata, et al: "Japanese Evaluated Nuclear Data Library Version 3 Revision-2: JENDL-3.2", J. Nucl. Sci. Technol., 32, 1259 (1995)
- (11) 株式会社ケイ・ジー・ティー: "AVS/Express 日本語マニュアル; ユーザーズガイド", (2002)
- (12) ICRU REPORT 46 (Photon, Electron, Proton and Neutron Interaction Data for Body Tissues), THE INTERNATIONAL COMMISSION ON RADIATION UNITS AND MEASUREMENTS, (1992)



ホウ素中性子捕捉療法の治療計画の作成を支援する線量評価システム：JCDSユーザーズマニュアル