

## 大腸内視鏡画像タイプ識別のための SVM 推定確率算出ハードウェア

岡本 拓巳<sup>1)\*</sup> 小出 哲士<sup>1)\*</sup> 清水 達也<sup>1)</sup> 杉 幸樹<sup>1)</sup> Anh-Tuan Hoang<sup>1)</sup> 佐藤 光<sup>1)</sup>  
玉木 徹<sup>2)</sup> Bisser Raytchev<sup>2)</sup> 金田 和文<sup>2)</sup> 吉田 成人<sup>3),1)</sup> 三重野 寛<sup>3)</sup> 田中 信治<sup>4)</sup>

1) 広島大学大学院 ナノデバイス・バイオ融合科学研究所 〒739-8527 東広島市鏡山 1-4-2,  
2) 広島大学大学院 工学研究院, 3) JR 西日本 広島鉄道病院 消化器内科,  
4) 広島大学大学院 医歯薬保健学研究所 内視鏡医学

\* E-mail: {okamoto-RNBS, koide}@hiroshima-u.ac.jp

**あらまし** 近年の大腸ガン患者数増加に対して我々研究グループでは、医師へ情報を提示し早期発見・早期治療を促す診断支援システム **eCAD** のハードウェア実装を目指している。システムでは、大腸 NBI 拡大内視鏡から得た大腸表面の画像特徴を用いて Full HD 全画面の病理タイプ識別を行う。本稿では、病理タイプ識別には、Support Vector Machine (SVM)を用いており、これを FPGA 上へ実装することで、ハードウェア実装の利点である並列処理を活かした高速なリアルタイム病理タイプ認識を目標としている。特に SVM における識別率算出部のハードウェア化について検証し、識別率のカットオフ値付近 0.45~0.55 をさらに細かく判断する 2 段階構成 LUT によるシミュレーションの結果、2 段階目 LUT のテーブルサイズ 5 bit を用いた実装が近似を行う前の識別性能と誤差±2%であることから **eCAD** に有効であることを確認した。

**キーワード** Full HD 画像認識, コンピュータ診断支援 (CAD), Support Vector Machine, タイプ識別, FPGA

### Probability Estimation Hardware on SVM for Type Identification of Colorectal Endoscopic Images

Takumi OKAMOTO<sup>1)\*</sup> Tetsushi KOIDE<sup>1)\*</sup> Tatsuya SHIMIZU<sup>1)</sup> Koki SUGI<sup>1)</sup> Anh-Tuan HOANG<sup>1)</sup>  
Hikaru SATO<sup>1)</sup> Toru TAMAKI<sup>2)</sup> Bisser RAYTCHEV<sup>2)</sup> Kazufumi KANEDA<sup>2)</sup>  
Shigeto YOSHIDA<sup>3),1)</sup> Hiroshi MIENO<sup>3)</sup> Shinji TANAKA<sup>4)</sup>

1) Research Institute for Nanodevice and Bio Systems, Hiroshima University

1-4-2 Kagamiyama, Higashi-Hiroshima, 739-8527 JAPAN

2) Graduate School of Engineering, Hiroshima University,

3) Department of Gastroenterology Hiroshima General Hospital of West Japan Railway Company,

4) Department of Endoscopy and Medicine Graduate School of Biomedical and Health Science, Hiroshima University

\* E-mail: {okamoto-RNBS, koide}@hiroshima-u.ac.jp

**Abstract** With the increase of colorectal cancer patients in recent years, the needs of quantitative evaluation of colorectal cancer are increased, and the Computer-Aided Diagnosis (CAD) system which supports doctor's diagnosis is essential. Our goal is to develop a "**eCAD** system" for colorectal endoscopic images with Narrow Band Imaging (NBI) magnification findings. In this paper, we introduce an implementation of FPGA for type identification module which includes Support Vector Machine (SVM) architecture of the **eCAD** system. We also suggest a hardware-oriented method for probability estimation using 5-bit 2-stage look up table. Verification shows that the proposed probability estimation with 2<sup>nd</sup> stage in the range of 0.45 ~ 0.55 performs the same accuracy with software implementation.

**Keywords** Full HD image recognition, Computer-Aided Diagnosis (CAD), Support Vector Machine (SVM), Type identification, FPGA

#### 1. はじめに

近年、国内外において大腸ガンの罹患数は年々増加

傾向にある。しかし、大腸ガンは早期ステージで発見、治療ができれば完治はほぼ可能である。そのための大

腸内視鏡検査方法として、NBI (Narrow Band Imaging) システムを用いた、大腸拡大内視鏡による画像検査がある。大腸 NBI 拡大内視鏡診断では、医師が大腸内壁の血管等の微細模様構造から腫瘍の有無やガン深達度を診断する。この診断を行う医師には専門知識と経験が必要となり、診断できる医師に限られる。

そこで、コンピュータ画像解析を用いて症状の客観的な判断による診断の正確度向上や、定量的な指標による人材育成のための支援を行うことが可能なコンピュータ診断支援 (Computer-Aided Diagnosis : CAD) システムが必要とされている。我々研究グループでは、広島大学病院が提唱する NBI 拡大所見分類[1]に基づき、大腸内視鏡画像を図 1 に示すように 3 タイプ (Type A, Type B, Type C3) に分類する大腸 NBI 拡大内視鏡画像診断支援システムの実現を目指している。診断支援システムに求められる医療現場からの要求性能として、(I)高速性と即応性 (スループット 1~5 fps かつ、レイテンシ 1 秒以内)、(II)高識別精度 (腫瘍部位か、あるいは非腫瘍部位であるかの診断結果が、医師による診断結果と 90%以上一致すること[2]) が求められている。これまでに我々研究グループではソフトウェア実装による診断支援システムを開発しており、大腸 NBI 拡大内視鏡画像中央の 120×120 pixel 領域に対し処理速度 14.7 fps, 正診率約 97%を達成している[3]。

以後、2 節では我々研究グループが開発している、ハードウェア実装によるリアルタイム大腸内視鏡全画面識別システム **eCAD** について述べる。3 節では、**eCAD** の主要モジュールの一つである Support Vector Machine (SVM)について説明し、そのハードウェアアーキテクチャについて述べる。4 節にて、SVM の処理の一つである識別率算出部のハードウェア化について述べる。特にテーブルルックアップによる実装をシミュレーションにより検証し、考察を行った。5 節にてその結果とまとめを述べる。

## 2. リアルタイム大腸内視鏡全画面識別

診断支援システムの次段階として、全画面識別への拡張によって画像内に複数タイプが混在する場合や、画像中央領域外に腫瘍が存在する場合への対応が挙げられる。ソフトウェア実装による診断支援システムを

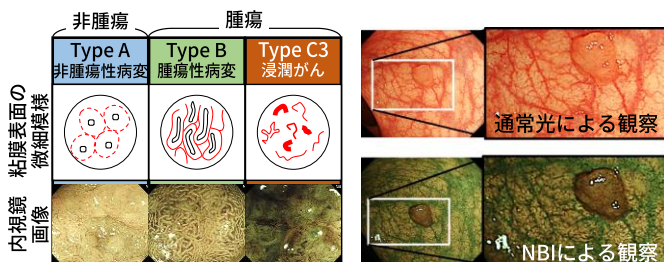


図 1. NBI 拡大所見分類 (広島大学病院提唱) [1].

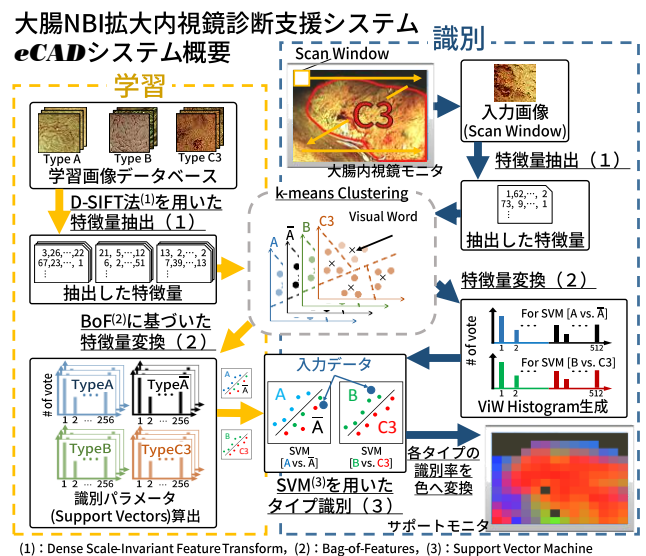
単純に Full HD (1920×1080 pixel) の内視鏡画像に適用した場合、120×120 pixel の領域 (Scan Window: SW, 以降 SW120 のように表記) を 10 pixel 間隔でスキャンすると、1 画像の処理時間は (1SW の処理時間) × (全画面識別に必要な SW 数) = (1/14.7 fps) × (17,557 個) ≒ 20 分となるため、ソフトウェア実装による診断支援システム全画面識別では医師からの要求性能である (I)高速性と即応性が実現できない。そこでリアルタイムで医師の診断を支援するため、ハードウェア実装によるリアルタイム内視鏡全画面識別を実現する診断支援システム **eCAD** の開発を目指す。高速な処理を実現するために、ソフトウェア向けのアルゴリズムをハードウェア向けに改良する必要がある。

**eCAD** の主要モジュールとしては、図 2 に示すように (1)特徴抽出部、(2)特徴変換部、(3)タイプ識別部がある。各種モジュールの FPGA 実装に関して、(1)では約 21 msec., (2)では約 60 msec.の処理速度を実現している (いずれも 100 MHz での見積結果) [4] [5]. (3) タイプ識別部では大きく分けて (3-1)識別関数計算部、(3-2)識別率算出部の 2 つに処理が分かれており、これまでに (3-1)の FPGA 実装の結果、動作周波数 100 MHz の場合でレイテンシ 61 msec, スループット 16 fps を実現可能であり[6], 医療現場からの要求性能を十分満たすことを確認している。

### 2.1. 複数病理タイプや複雑な形状が存在する

#### 内視鏡画像の全画面識別における課題点

**eCAD** による内視鏡画像の全画面識別の実現には、SW による画像のラスタスキャンが必要である。この際、患部の形状は様々で SW のそれに合致したものではないため、SW 内に病理タイプが複数混在してしまうことがシステムの解決すべき課題として挙げられる。



(1) : Dense Scale-Invariant Feature Transform, (2) : Bag-of-Features, (3) : Support Vector Machine

図 2. **eCAD** システム処理フロー概要。

課題解決のためには、**eCAD** で用いる **SW** サイズについて考慮する必要がある。**SW** サイズには、図 3 に示すような識別精度と分解能のトレードオフがある。小さな **SW** サイズを用いて全画面識別を行った場合、高い分解能の識別結果を得ることができるが、**SW** 内で得られる特徴点数が少ないことから、全画面識別の識別精度はサイズが大きなものに比べ低くなってしまふ。サイズが大きい場合はその逆の性質が見られる。

## 2.2. 階層的タイプ識別による全画面識別

前述のトレードオフに対して、複数の **SW** サイズを組合せて識別を行う階層的タイプ識別手法を提案している[7]。その概要を図 4 に示す。

階層的タイプ識別手法では、Unit Window (UW) と呼ばれる **SW** サイズを基にラスタスキャンし特徴抽出を行う。次に、UW の特徴量を組合せて特徴量変換することで、より大きな **SW** サイズの **VW** ヒストグラムを得る。**VW** ヒストグラムを入力として、タイプ識別部で識別を行う。

以上の方法により、上述のトレードオフを解消することができる。図 5 に実際の内視鏡画像に対して手法を適用した場合の全画面識別結果を示す。階層的タイプ識別手法を適用した出力結果の方が、単一階層（一つの **SW** サイズによる全画面識別）の結果よりも正確に病理部位を捉えられていることが確認できている。

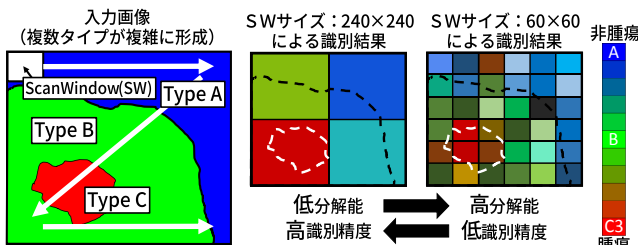


図 3. 全画面識別で用いる **SW** サイズに見られる分解能と識別精度のトレードオフ。

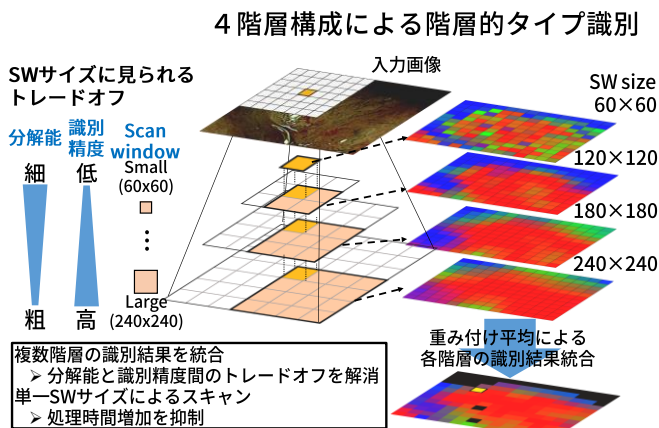


図 4. 階層的タイプ識別手法コンセプト。

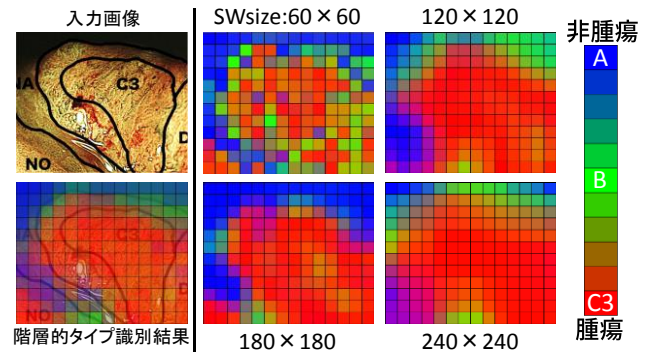


図 5. 実際の内視鏡画像に対する 4 階層構成での階層的タイプ識別手法適用例。

## 3. Support Vector Machine (SVM)

Support Vector Machine (SVM) は、2 タイプ識別を行う分類アルゴリズムである[8]。SVM は教師あり学習により、識別空間において正と負の 2 タイプの距離(マージン)が最大となるような識別超平面を生成する。入力データが識別超平面のどちら側に位置するかどうかを識別関数値の正負によって判断する。

本研究における識別対象となる **NBI** 拡大所見分類の 3 タイプ識別には複数の SVM の組合せが必要となる。**eCAD** システムにおける 3 タイプ識別は、腫瘍・非腫瘍を識別する識別器 (Type A か  $\bar{A}$ (= B&C3)かの識別)、Type B か C3 かを識別する識別器の 2 つを組合せる、2 段階判定手法を採用している。

本研究における SVM の識別関数を式(1)に示す。式(1)は入力データである特徴変換部の出力である **VW** ヒストグラムデータ  $\vec{x}$  が、クラス  $Y$  とクラス  $Z$  のどちらに近いか計算する ( $Y$  vs  $Z$ ) クラス識別器の例である。

$$d_{Y,Z}(\vec{x}) = \sum_{i=1}^{N_Y+N_Z} coef_i \times (\overline{sv}_i \cdot \vec{x}) + \rho_{Y,Z} \quad (1)$$

ここで、 $\overline{sv}_i$  は学習時に求められるサポートベクトル (Support Vector: SV) であり、識別超平面を構成する。本研究において、 $\overline{sv}_i$  及び  $\vec{x}$  は 512 次元ベクトルである。また、 $coef_i$  は各 SV の係数、 $\rho_{Y,Z}$  は識別器の係数であり、学習時に求められる。 $N_Y, N_Z$  はクラス  $Y$  とクラス  $Z$  の SV の数である。 $(\overline{sv}_i \cdot \vec{x})$  の部分はカーネル関数と呼ばれ、入力空間を高次元特徴空間に写像することで線形分離不可能な問題にも適応が可能になる関数である (カーネルトリック) [8]。大腸 **NBI** 拡大内視鏡画像の認識において、SVM のカーネル関数の違いによる認識率の差は 2~3% であることが検証されている [3]。そこで、本研究ではハードウェア実装において計算コストの小さな、積和演算を行う Linear kernel (線形カーネル) を採用している。また、式(1)に示した識別関数計算を行う際、固定小数点を用いた実装を検討

している。シミュレーションによる検証の結果、小数部ビット数は14~16 bit程度あれば、ソフトウェアにおける倍精度浮動小数点による実装と同程度の識別精度が得られることを確認している[9]。

### 3.1. 識別関数計算部アーキテクチャ

識別関数計算部アーキテクチャを図6に示す。サポートベクトル(SV)と入力されるVWヒストグラムとの積和演算はDSPユニットを並列度Pで配置することにより並列に計算する(積和演算部)。係数 $coef_i$ 、 $\rho_{Y,Z}$ との積和演算を経て(係数計算部)、計算は終了となる。

積和演算部での処理は256クロックで完了し、全てのSVに対して同様に実行される。同時に係数計算部では、積和演算部からの計算結果( $\overline{sv}_i \cdot \bar{x}$ )と係数 $coef_i$ の積和演算を順次行う。この乗算では256クロック毎に到着する( $\overline{sv}_i \cdot \bar{x}$ )の処理結果と係数 $coef_i$ とを一度に2つつつ処理する。最後に係数 $\rho_{Y,Z}$ を加算して(1 clock)、識別関数計算は終了する。

この識別関数計算部アーキテクチャをAltera社Stratix IV(EP4SE530H35C2)へと実装した。図6における並列度Pを64とし、階層的タイプ識別手法(SW60, SW120, SW180, SW240)の4階層、2段階判定手法を適用した場合の処理時間見積は表1のようになる。また、表1にはSW60毎の処理クロック数を示したが、その他のSWサイズは積和演算を行うサポートベクトルの数がSW60より少ないことから、表1に示すクロック数よりも少ない値となる。

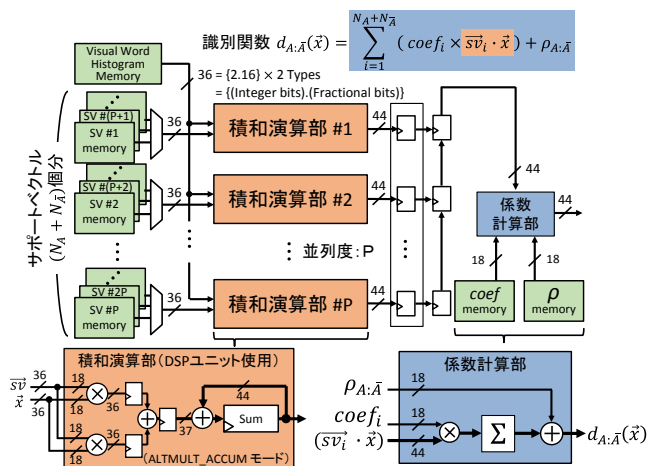


図6. SVM 識別関数計算部アーキテクチャ。

表1. SVM 識別関数計算部の処理時間見積。

Altera Stratix IV Available (EP4SE530H35C2)	
識別関数あたりの並列度P	64
最大動作周波数	133.0 MHz
SW60毎の処理クロック数	7,696 clocks

### 3.2. タイプ識別部ハードウェアアルゴリズム検証のためのeCADテストシステム

eCADシステムの全ハードウェア化のため、システムのテストシステムを構築し、主要モジュール毎のハードウェアアルゴリズムやデータ連携の検証を行う。テストシステムでは、Full HD 内視鏡画像を入力として、120×120 pixel領域を識別し識別率を算出する。全てのモジュールをPC上(ソフトウェア)で実装した場合のタイプ識別部の処理時間は、約0.63 msecとなった。測定条件は以下の通りである。タイプ識別部のハードウェア動作検証時には、階層的タイプ識別手法ではなく単一階層(SW120)をFPGA上にタイプ識別部を実装する(図7)。

- CPU : AMD FX™-8120 8-Core 3.1 GHz
- Memory : 32.0 GB
- OS : Windows 7 64 bit

### 4. 識別率算出部のための識別関数近似化

SVMにおいて、推定確率とは入力されたデータ $x$ に対し、どの程度自信をもって識別結果を計算したのかを百分率で示したものである[10]。本稿では、推定確率のことを識別率(Prediction Rate)と呼ぶこととする。

識別率は、式(1)に示した識別関数の計算結果をもって算出され識別関数値と識別率の分布は図8の灰色の線に示すようなシグモイド曲線を描く[11][12]。この算出は対象とする全てのタイプの組合せで行われ、誤差最小となるように繰返し処理で実現される[10]。ハードウェア実装を考慮する上では固定処理時間かつ高速に識別率を算出できるハードウェアアルゴリズムの開発が望ましい。そこで、分布曲線の直線近似を行い、ルックアップテーブルによる関数参照での識別率算出の実現を目指す。ルックアップテーブルを用いた識別率算出の方法が有効であると判断できれば、固定処理時間での識別率算出が実現し、ハードウェア実装が容易に行える。

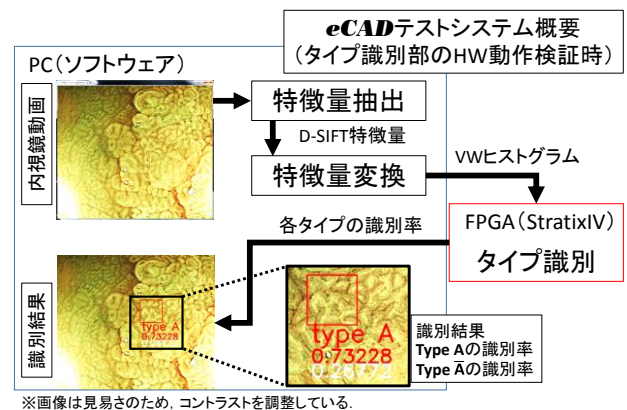


図7. タイプ識別部検証のためのeCADプロトタイプシステム概要。

#### 4.1. 直線近似による識別率算出を適用した場合の

##### 識別性能のシミュレーション評価

**eCAD** システムにおける学習には、広島大学病院から提供される臨床データである大腸 NBI 拡大内視鏡画像を画像データベースとして用いている。画像データベースの一部を表 2 に示す画像枚数に従い、識別器の学習を行った。学習画像は、SW サイズの大きさに合わせて画像中央からトリミングしている。

図 8 に各 SW サイズ、各識別関数(A vs  $\bar{A}$ ), (B vs C3) で算出される計算結果と識別率をプロットした際の曲線を灰色で示し、それらを直線近似したものを一点鎖線及び破線でそれぞれ示している。直線近似後は式(2)に示すような計算式で識別率が算出される。各識別関数の直線の傾き  $a$  及び切片  $b$  は図 8 内の直線式に示すとおりである。

Prediction Rate

$$= \begin{cases} 1 & (\text{decvalue} \times a + b > 1) \\ \text{decvalue} \times a + b & \\ 0 & (\text{decvalue} \times a + b < 0) \end{cases} \quad (2)$$

表 3 に識別性能の違いの比較として、識別の正確さを表す True Positive (TP) と、識別の偏りの無さを示す Precision Rate (PR) とを計算した結果を示している。それぞれの定義式を式(3)(4)に示す。ソフトウェア実装による識別率算出の識別性能 (TP, PR) を Original とし、直線近似を行った場合との差分を近似による差分の行で示している。識別性能の違いは、性能が向上した場合の最大値が SW60 の Type C3 に関する TP の 0.7%、性能が下降した場合の最大値が SW180 の Type B に関する TP の 1.1%であった。TP と PR を用いた識別性能比較によると、直線近似を行っても識別性能への影響は±1%程度であり、識別率算出部の直線近似が有効であると確認できる。

#### 4.2. 識別率算出のテーブルルックアップ実装に

##### 向けた bit 幅と識別性能の評価

識別率算出部において、直線近似による単純化が±1%程度の誤差で実現できることが確認できた。次に、直線近似による識別率算出をルックアップテーブル (Look Up Table: LUT) により実装することを考慮して、テーブルの bit 幅と識別精度のトレードオフを調査する。LUT を適用する範囲は、式(2)に示す 0 以上 1 以下 ( $\text{decvalue} \times a + b$  が適用される範囲) とする。表 4 にテーブルサイズを 6 bit とした場合の近似直線との識別性能の比較結果と、LUT を適用する識別関数値の範囲を示す。

SW サイズや識別関数によって識別性能の変化に違いがあることが分かる。例えば、SW240 では 6 bit 程度 (64 等分) のテーブルサイズでも誤差±1%であるこ

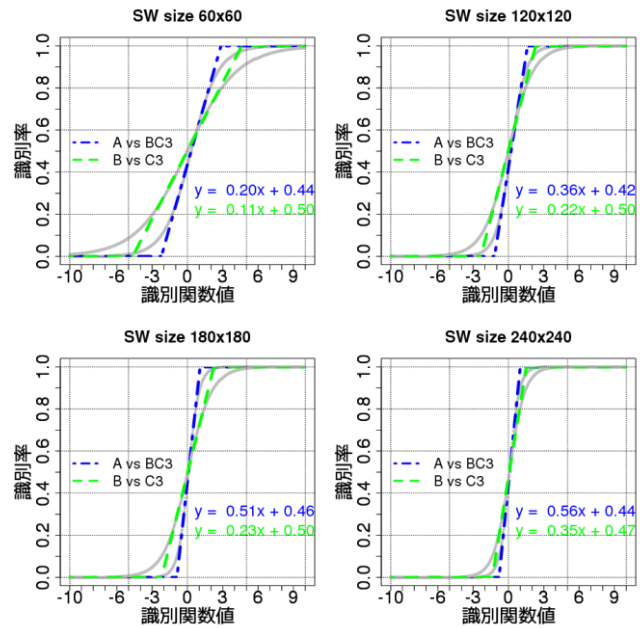


図 8. 各 SW サイズ、各識別関数での直線近似。

表 2. 各 SW サイズ学習のための画像データセット。

SWsize (pixel)	Type A	Type B	Type C3	Total	# of Support Vectors	
					A vs. $\bar{A}$	B vs. C3
60x60	420	420	420	1,260	371	477
120x120	420	420	420	1,260	240	383
180x180	350	350	350	1,050	160	273
240x240	230	230	230	690	103	186

※テスト時は学習画像を右へ90度回転させた画像を入力した

$$\text{True Positive}(i) = \frac{\#Pos(i)}{\#Total(i)} \times 100 [\%] \quad (3)$$

$$\text{Precision Rate}(i) = \frac{\#Pos(i)}{\#Classify(i)} \times 100 [\%] \quad (4)$$

$i$	: Type A, $\bar{A}$ , B, C3.
$\#Total(i)$	: タイプが $i$ である画像の総数.
$\#Pos(i)$	: 正しく識別された画像枚数.
$\#Classify(i)$	: タイプ $i$ であると識別された画像枚数.

表 3. 識別率算出部を直線近似した場合の Original との識別性能比較。

SWサイズ	識別関数	SW 60 (1%≒12枚)				SW 120 (1%≒12枚)			
		A	$\bar{A}$	B	C3	A	$\bar{A}$	B	C3
TP [%]	Original	73.6	89.6	63.8	69.0	84.3	96.1	72.1	77.1
	近似による差分[%]	-0.7	0.4	-1.0	0.7	0.0	0.4	-0.2	0.5
PR [%]	Original	78.0	87.2	67.3	65.6	91.5	92.4	75.9	73.5
	近似による差分[%]	-0.4	0.3	-0.2	0.4	-0.7	0.0	-0.3	0.0

SWサイズ	識別関数	SW 180 (1%≒10枚)				SW 240 (1%≒0.6枚)			
		A	$\bar{A}$	B	C3	A	$\bar{A}$	B	C3
TP [%]	Original	94.6	96.3	70.6	86.6	94.8	97.8	70.4	87.0
	近似による差分[%]	0.0	0.3	-1.1	0.6	0.0	0.0	0.0	0.0
PR [%]	Original	92.7	97.3	84.0	74.6	95.6	97.4	84.4	74.6
	近似による差分[%]	-0.5	0.0	-0.3	0.6	0.0	0.0	0.0	0.0

※色付きセルは誤差±1%以下を示す。

とが確認できる．一方で，SW60やSW120などでは差が±5%ほどになっていることが確認できる．これはLUTの分解能がSWサイズや識別関数で異なることが理由として挙げられる．特に，識別タイプが決定される識別率のカットオフ値は現段階では0.5と定めており，この付近でLUTによる単純化が行われた場合，丸め誤差により元々は正しいタイプに識別されていた入力を誤って識別してしまうことが考えられる．そこで，LUT実装による誤識別を避けるために，カットオフ値付近である識別率0.45～0.55の範囲を2段目のLUTによって細かく判断する2段構成での関数近似を行う．

表5に2段構成LUTにより近似直線を実現した場合の識別性能の比較結果を示す．2段目のLUTのテーブルサイズは5bitとした．カットオフ値付近の分解能を上げることにより，識別性能の差分を±2%以下とすることができた．また，1段目のLUTでのテーブルサイズに関しては，階層的タイプ識別手法による全画面識別の際に行われる識別率によるグラデーションマップ生成の際に影響を受けるため，医師にとって見易いようなグラデーションマップに必要な分解能を今後続けて検証していく必要がある．

表4. LUTにより近似直線を実現した場合の識別性能比較．

SWサイズ		SW 60 (1%≒12枚)				SW 120 (1%≒12枚)			
識別病理タイプ		A	$\bar{A}$	B	C3	A	$\bar{A}$	B	C3
TP [%]	Linear approx.	73.6	89.6	63.8	69.0	84.3	96.1	72.1	77.1
	6 bit (=64等分)	0.7	0.4	4.0	-5.0	1.0	-0.8	-2.4	-1.2
PR [%]	Linear approx.	78.0	87.4	67.3	65.6	91.5	92.4	75.9	73.5
	6 bit (=64等分)	0.8	0.6	-2.4	0.8	-1.6	0.4	6.2	8.7
LUT適用範囲 [min, max] (max - min, 分解能)		[-2.5, 3.1] (5.6, 0.08)		[-5.2, 5.2] (10.4, 0.16)		[-1.4, 1.8] (3.2, 0.05)		[-2.6, 2.6] (5.2, 0.08)	

SWサイズ		SW 180 (1%≒10枚)				SW 240 (1%≒0.6枚)			
識別病理タイプ		A	$\bar{A}$	B	C3	A	$\bar{A}$	B	C3
TP [%]	Linear approx.	94.6	96.3	70.6	86.6	94.8	97.8	70.4	87.0
	6 bit (=64等分)	0.0	0.0	2.0	-0.6	-0.4	0.0	0.4	-0.9
PR [%]	Linear approx.	92.7	97.3	84	74.6	95.6	97.4	84.4	74.6
	6 bit (=64等分)	0.0	0.0	-0.2	1.1	0.0	-0.2	-0.8	0.1
LUT適用範囲 [min, max] (max - min)		[-1.0, 1.2] (2.2, 0.03)		[-2.5, 2.5] (5.0, 0.08)		[-0.9, 1.1] (2.0, 0.03)		[-1.5, 1.7] (3.2, 0.05)	

表5. 2段構成LUTにより近似直線を実現した場合の識別性能比較．

SWサイズ		SW 60 (1%≒12枚)				SW 120 (1%≒12枚)			
識別病理タイプ		A	$\bar{A}$	B	C3	A	$\bar{A}$	B	C3
TP [%]	Linear approx.	73.6	89.6	63.8	69.0	84.3	96.1	72.1	77.1
	5 bit(中央付近)	0.2	0.0	1.0	-0.7	1.0	-0.8	1.9	-0.2
PR [%]	Linear approx.	78.0	87.4	67.3	65.6	91.5	92.4	75.9	73.5
	5 bit(中央付近)	0.1	0.4	-0.2	0.4	-1.6	0.4	0.3	1.2
2段目LUT適用範囲 [min, max] (max - min, 分解能)		[-0.02, 0.59] (0.56, 0.02)		[-0.53, 0.50] (1.04, 0.03)		[0.06, 0.37] (0.32, 0.01)		[-0.28, 0.24] (0.52, 0.016)	

SWサイズ		SW 180 (1%≒10枚)				SW 240 (1%≒0.6枚)			
識別病理タイプ		A	$\bar{A}$	B	C3	A	$\bar{A}$	B	C3
TP [%]	Linear approx.	94.6	96.3	70.6	86.6	94.8	97.8	70.4	87.0
	5 bit(中央付近)	0.0	0.0	2.0	-0.6	-0.4	0.0	0.4	-0.9
PR [%]	Linear approx.	92.7	97.3	84	74.6	95.6	97.4	84.4	74.6
	5 bit(中央付近)	0.0	0.0	-0.2	1.1	0.0	-0.2	-0.8	0.1
2段目LUT適用範囲 [min, max] (max - min, 分解能)		[-0.02, 0.20] (0.22, 0.007)		[-0.23, 0.27] (0.49, 0.015)		[-0.001, 0.20] (0.2, 0.006)		[-0.09, 0.24] (0.32, 0.01)	

※影付きセルは線形近似との誤差±1%以下を示す．

## 5. まとめ

本稿では，**eCAD**の処理の一つであるタイプ識別部で用いるSVMの識別率算出部のハードウェア化に関して，直線近似による単純化について述べた．シミュレーションの結果，LUTを2段構成で構築し，識別タイプのカットオフ値付近を2段目のLUTにより細かく判別することで，直線近似との丸め誤差は±2%程度であることからLUTによる単純化が有効であると確認できた．

## 謝辞

本研究の一部は，JSPS 科研費基盤研究(C)2459102と基盤研究(B)26280015の助成を受けたものです．

Altera FPGA 設計ツールによる開発は，Altera University Programの提供で行われました．

## 文献

- [1] H. Kanao, et al., "Narrow-band imaging magnification predicts the histology and invasion depth of colorectal tumors," *Journal of Gastrointestinal Endoscopy*, vol. 69, no.3, pp. 631-636, 2009.
- [2] D. K. Rex, et al., "The American Society for Gastro- intestinal Endoscopy PIVI (Preservation and Incorporation of Valuable Endoscopic Innovations) on real-time endoscopic assessment of the histology of diminutive colorectal polyps," *Gastrointestinal Endoscopy*, Vol.73, Issue 3, pp.419-422 March 2011.
- [3] T. Tamaki, et al., "Computer-aided colorectal tumor classification in NBI endoscopy using local features", *medical image analysis*, Vol. 17, No. 1, pp. 78-100, 2013.
- [4] 清水達也 他, "全画面大腸内視鏡画像に適したリアルタイム特徴量抽出のFPGA実装," 情報処理学会, DA シンポジウム 2015, pp.71-76, 2015.08.26-28.
- [5] 杉幸樹 他, "大腸内視鏡診断支援のための高速 Visual Word 特徴量変換のFPGA実装," 情報処理学会, DA シンポジウム 2015, pp.77-82, 2015.08.26-28.
- [6] 岡本拓巳 他, "大腸内視鏡画像のタイプ識別に適したSVMのFPGA実装," 情報処理学会, DA シンポジウム 2015, pp.83-88, 2015.08.26-28.
- [7] T. Okamoto, et al, "Effective Diagnostic Image Segmentation with Pyramid Style Support Vector Machine for Colorectal Endoscopic Images," *Proc. of the 30th International Conf. on Circuits / Systems, Computers and Communications*, 2015.
- [8] V. Vapnik, "Statistical learning theory," John Wiley & Sons Inc., New York, 1998.
- [9] S. Shigemi, et al., "Customizable hardware architecture of support vector machine in CAD system for colorectal endoscopic images with NBI magnification," *Proc. of the 18th Workshop on Synthesis And System Integration of Mixed Info. technologies*, pp. 298-303, 2013.
- [10] T.-F. Wu, C.-J. Lin, and R. C. Weng, "Probability estimates for multi-class classification by pairwise coupling," *Journal of Machine Learning Research*, 5:975-1005, 2004.
- [11] C.M.ビショップ, "パターン認識と機械学習 下," 第7章, 元田浩 他(監訳), シュプリンガー・ジャパン, 東京, 2008.
- [12] 平井有三, "はじめてのパターン認識," 第7章, 森北出版, 東京, 2013.