

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

杉幸樹^{†1} 小出哲士^{†1} 清水達也^{†1} 岡本拓巳^{†1} Anh-Tuan Hoang^{†1} 佐藤光^{†1}
 玉木徹^{†2} Bisser Raytchev^{†2} 金田和文^{†2} 吉田成人^{†3,1} 三重野寛^{†3} 田中信治^{†4}

本稿では Full HD (1920×1080 pixel) の大腸 NBI (Narrow Band Imaging) 拡大内視鏡画像に対して局所的特徴量から病理タイプを識別し、医師に提示する大腸 NBI 拡大内視鏡画像診断支援システム **eCAD** における、内視鏡画像から得られた特徴量を Visual-Word (VW) ヒストグラムに変換する特徴量変換処理のハードウェア実装について述べる。限られた FPGA ハードウェアリソースで実装を行うため低リソースでの実装と、医師からの要求性能を満たすための高速処理を実現する。このためマンハッタン距離の使用、正規化処理省略等による高速処理を提案する。これらの結果、Full HD の約 83,000 点の特徴量変換を約 60 msec で処理することを可能とした。

FPGA Implementation of High-Speed Visual Word Feature Transformation for CAD of Colorectal Endoscopic Images

KOKI SUGI^{†1} TETSUSHI KOIDE^{†1} TATSUYA SHIMIZU^{†1}
 TAKUMI OKAMOTO^{†1} ANH-TUAN HOANG^{†1} HIKARU SATO^{†1}
 TORU TAMAKI^{†2} BISSER RAYTCHEV^{†2} KAZUFUMI KANEDA^{†2}
 SHIGETO YOSHIDA^{†3,1} HIROSHI MIENO^{†3} SHINJI TANAKA^{†4}

This paper describes a hardware implementation of feature transformation processing which transforms features of colorectal endoscopic images to Visual Word (VW) histogram. This processing is used in our **eCAD** system for colorectal endoscopic images with narrow band imaging (NBI) magnification, which is used to identify pathology types from local feature in the NBI endoscopic image. We propose a high speed and low cost feature transformation for CAD system by using Manhattan distance calculation and on-the-fly normalization method. The proposed high speed feature transformation can complete the transformation in real time (60 msec) for Full HD NBI endoscopic image, which has about 83,000 key-points of 64-dimension vector.

1. はじめに

近年、日本における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できれば完治はほぼ可能である。そのための検査方法として、Narrow Band Imaging (NBI) システムを用いた、大腸拡大内視鏡による画像検査が有効であるが [1]、これは診断を行う医師に高い専門性と経験が必要となり、診断できる医師に限られる。そこで症状を定量的に評価し、医師の診断を支援する CAD (Computer-Aided Diagnosis) システムが必要とされている。これまでに本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] に基づき内視鏡画像を図 1 に示すように 3 クラス (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ソフトウェアシステム [2] 開発の研究を推進しており、中央の 120×120 pixel の矩

形領域に対して処理速度約 14.7 fps (ソフトウェア実装) を達成している。これを単純に高精細な Full HD (1920×1080 pixel) の内視鏡画像の一画面に適用した場合、高性能の PC でも約 20 分の処理時間が必要となり、リアルタイムでの診断時の処理が困難になってしまう。そこで我々の研究グループではリアルタイムで医師の診断を支援するため、内視鏡画像診断支援システムのハードウェア実装を行う。ハードウェア (FPGA) 実装における目標性能として、(1) 精度に対して Type A (非腫瘍) の識別精度が 90 % 以上 [3]、(2) 処理速度に対して画像の入力から診断支援結果の出力までのレイテンシ (タイムラグ) を 1 sec 以内かつ、フレームレートが 1~5 fps を達成するリアルタイム診断支援の実現を目指している。本稿では、図 2 に示す大腸 NBI 拡大内視鏡画像診断支援システム **eCAD** における特徴量変換処理について述べる。特徴量変換は、特徴量抽出で得ら

†1 広島大学 ナノデバイス・バイオ融合科学研究所
 Research Institute for Nanodevice and Bio System, Hiroshima University.
 †2 広島大学 工学研究科
 Graduate School of Engineering, Hiroshima University
 †3 JR 西日本 広島鉄道病院 消化器内科
 Department of Gastroenterology, Hiroshima General Hospital of West Japan
 Railway Company
 †4 広島大学病院 医歯薬保健学研究所 内視鏡医学
 Department of Endoscopy and Medicine, Graduate School of Biomedical and
 Health Science, Hiroshima University

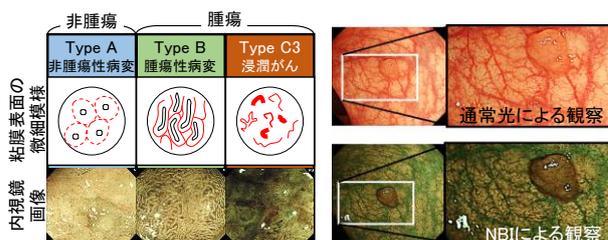


図 1. NBI 拡大所見分類 (広島大学病院提唱) [1].

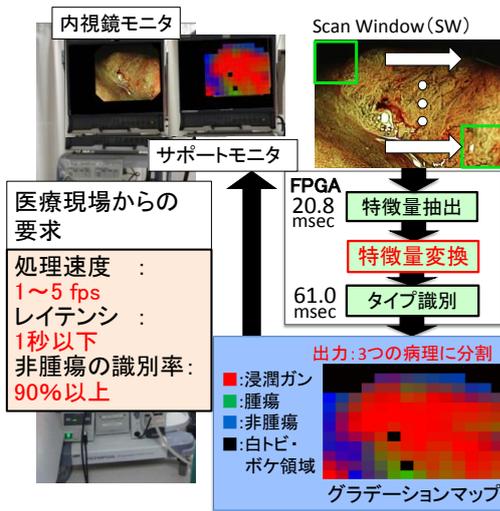


図 2. 目標とする **eCAD** システム概要.

れた入力ベクトルとあらかじめクラスタリングにより決定した参照ベクトルの距離計算が処理の大部分を占める. そこで, 並列化とパイプライン化を導入することにより, リアルタイム処理の実現を目指す. ソフトウェアベースアルゴリズムを用いて単純に並列化と, パイプライン化を導入した場合には FPGA の使用リソースが増加して, 図 2 に示した特徴量変換以外の処理実装が困難になる. そこで, リソース使用量を抑えるため, 距離指標にマンハッタン距離を使用することで, 識別率維持, 低リソース化, 高速処理の実現を図った. 更に, FPGA 実装に関して述べ, その有効性を示す.

2. 大腸 NBI 内視鏡画像診断のための識別アルゴリズム

本研究で使用する大腸内視鏡画像診断支援システム **eCAD** のアルゴリズムの概要を図 3 に示す. 分類には Bag-of-Features (BoF) と呼ばれる手法を用いる. 本研究では, あらかじめ参照用の特徴 (VW: Visual Word) を用意し, 特徴量抽出で得られる特徴量ベクトルから VW の出現頻度である VW ヒストグラムを作成する. その後, ヒストグラ

ムを識別機にかけて教師データとの比較を行うことで, 画像の識別を行う. この識別アルゴリズムは教師データと作成である学習と, 実際の識別処理を行う識別 (テスト) から構成される.

2.1 特徴量抽出

特徴量抽出では入力画像からあらかじめ定めた SW (Scan Window) 内で特徴量の抽出を行う. 本研究では特徴量抽出にソフトウェアライブラリ VLFeat [4] の D-SIFT (Dense Scale-Invariant Feature Transform) をハードウェア向けに改良した手法 [5]を用いる.

特徴量抽出は SW 内で特徴抽出点 (KP: Key-Point) を決定し, 各 KP で輝度値の変化量を局所特徴量として抽出する. D-SIFT では KP を一定のグリッド間隔で決定することで, 画像から密 (Dense) に SIFT 特徴量を抽出する.

2.2 特徴量変換

特徴量変換では大きく 2 つの処理から構成される: (1) クラスタリングと (2) 特徴量変換 (VW ヒストグラム構築). クラスタリングでは, 学習画像群から得られた特徴量から参照ベクトルとなる VW を作成する. 特徴量変換では, 入力される特徴量ベクトル (f_j) とクラスタリングで作成した参照ベクトル VW との距離比較を行い, 参照ベクトルの出現頻度に基づいて VW ヒストグラムを作成することで, 特徴量ベクトル (f_j) を VW ヒストグラム (VW_j) へ変換する. 学習での処理はオフラインで行うため, オンラインで行う識別 (テスト) での処理の高速化がリアルタイム診断支援のため必要とされている.

2.2.1 クラスタリング

クラスタリングは学習時にのみ行われる. 学習用画像から抽出された特徴量を階層的 k-means クラスタリング [6] を使用してクラスタリングする. 特に, 本研究ではソフトウェアライブラリ VLFeat [4] の階層的 k-means 法を使用した. これにより, 図 4 に示すように 2 クラスへのクラスタリングを N 回繰り返すことで 2^N 個の VW と, テスト時に使用

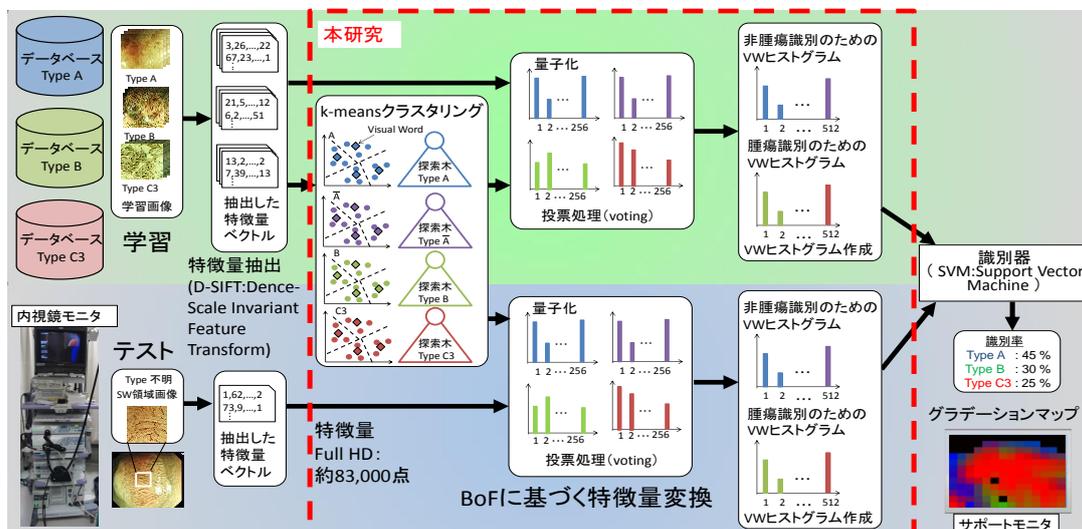


図 3. 大腸 NBI 拡大内視鏡画像診断支援システム **eCAD** の識別アルゴリズム.

する探索木を作成する。本研究では $N=8$ として 1 タイプにつき、256 ($=2^8$) 個の VW を作成する。

2.2.2 特徴量変換

特徴量変換では SW から抽出した各 KP の最近傍 VW を 2.2.1 で作成した 2 分探索木を用いた距離比較により決定し、その VW の出現頻度に応じて投票 (voting) することで VW ヒストグラムを作成する。

最近傍 VW_i の探索は図 5 に示すように、クラスタリングで作成した 2 分探索木を用いる。また、探索木中の各レベル (Lv) での処理は図 6 に示すような、入力特徴量ベクトルと左右クラスタのベクトル (l_{Lv} , r_{Lv}) との距離比較を行い、大小関係に基づいて分岐方向を決定する。この距離比較の計算をレベル 0 から順にすべてのレベルで行うことで、 f_j の最近傍の VW_i ($1 \leq i \leq 256$) を決定する。この処理を全 KP に行い、決定した最近傍 VW_i への投票を繰り返すことで、VW ヒストグラムを作成する。本研究は、この各レベルでの計算処理をパイプライン化することでレイテンシの短縮を図る。また、その際に低リソースでの実装を目指して、距離比較の計算に使用する距離指標をソフトウェア実装で使用しているユークリッド距離 (EU) からマンハッタン距離 (MH) に変更することを検討した。

以上のような特徴量変換処理を入力画像の全ての特徴点 KP に各々行うことで、入力画像の VW ヒストグラムを作成する。一般に、学習時とテスト時の画像サイズが異なる場合には VW ヒストグラムを作成するために使用する KP の数に差があるため、学習 VW ヒストグラムとテスト VW ヒストグラムの投票数に差が生じる。そこで、各次元の VW_i に L2 ノルム正規化を行うことでこの影響を緩和する処理を行う。

VW_i の投票を $N(VW_i)$ 、正規化後の値を $N'(VW_i)$ とすると、正規化は

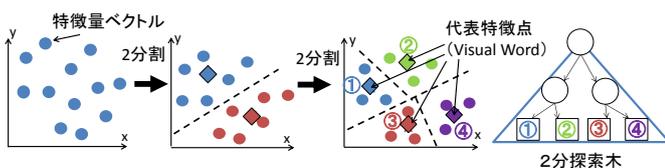


図 4. 階層的 k-means クラスタリングによる探索木構築 [6].

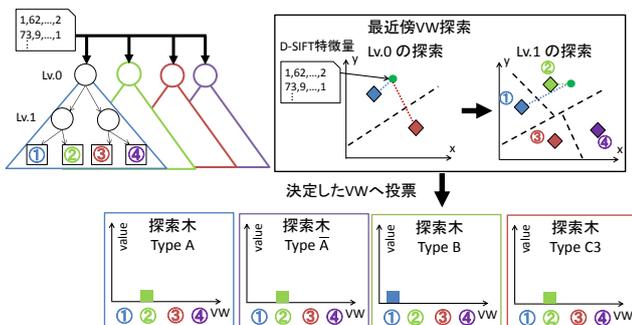


図 5. 探索木による最近傍 VW の探索と投票による VW ヒストグラムの作成。

$$N'(VW_i) = \frac{N(VW_i)}{\sqrt{\sum_{j=1}^{256} (N(VW_j))^2}} \quad (式 1)$$

で表すことができる。その後、SVM を用いた識別器の入力データ生成のために、VW ヒストグラムの最小値と最大値は $[-1, 1]$ のレンジへスケールする [7] (図 7)。

2.3 タイプ識別

タイプ識別を行う識別器にはソフトウェアライブラリ LIBSVM [8] の SVM (Support Vector Machine) で用いられている手法をハードウェア向けに改良した手法 [9] を使用する。識別器 SVM の学習では医師が作成した学習画像の全ての VW ヒストグラムから識別関数を決定する。テスト時にはテスト画像の VW ヒストグラムとサポートベクトルの演算を行うことで図 3 のように各タイプの識別率を出力する。本研究では診断支援のため、その結果からグラデーションマップを作成して、これをサポートモニタに表示することで診断支援への応用を考えている。

3. 距離指標の違いによる識別率の精度の検証

診断時のリアルタイム処理を実現するために有効な高速化手段として、並列化とパイプライン化の導入が考えられる。しかし、ソフトウェアベースのアルゴリズムを使用するとハードウェア実装の使用リソースが増加するため削減のための改良が必要である。そこで、低リソースでの並列化とパイプライン化を行うために距離比較における距離指標をユークリッド距離からマンハッタン距離へと変更することを考える。そのために識別精度の検証を行った。

3.1 シミュレーション方法

特徴量抽出には本研究グループの提案するハードウェア向けに D-SIFT 特徴量の次元数削減等の改良を行った D-SIFT [5] を使用した。また、D-SIFT における KP の抽出間隔は 5 pixel とした。タイプ識別器には LIBSVM のライブラリを

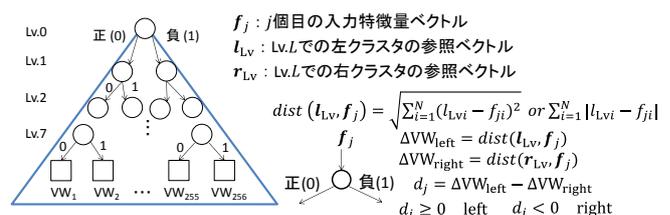


図 6. 探索木中各レベルでの計算方法。

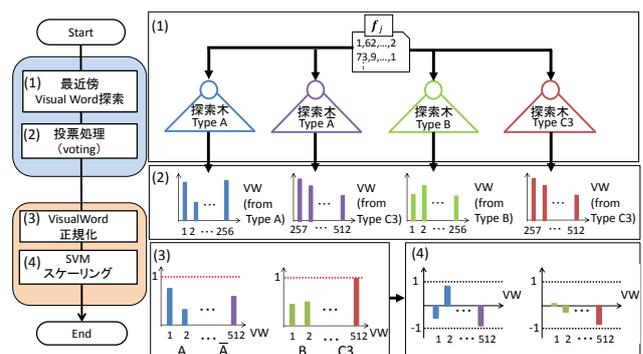


図 7. 実装を行う特徴量変換処理フロー。

基に、入力データを double 型浮動小数点から 18 bit 固定小数点へ変更したハードウェア向けの固定小数点 SVM を使用した [9]。WV 構築に使用する距離比較は学習とテストで各々行われるため、学習とテストの各々にユークリッド距離とマンハッタン距離を使用した図 9 (a) の 4 パターンについて識別精度の検証を行った。

データセットは図 8 に示すように、広島大学病院内視鏡診療科で撮影された大腸内視鏡画像から、NBI 拡大所見分類の各 Type の典型的構造が観測される領域を、内視鏡診断・NBI 拡大所見分類に精通した専門医によってトリミングした画像を使用した。画像はサイズ約 100×300~900×800 pixel の画像を各 Type につき 420 枚ずつの計 1260 枚を用いて学習を行う。シミュレーション方法として、少ないデータセットで汎用性を評価するために 10 fold-Cross Validation を用いた。これは、データセットを 10 分割し 9 つで学習、残りの 1 つを識別という試行を、テスト用画像を変えながら 10 回繰り返すことで、入力したデータセットすべてに対して識別を行うものである。また、識別は図 9 (b) に示す 2 タイプ識別器を 3 つ使用して 3 タイプの識別を行う 1-step と、2 タイプ識別器を 2 つ使用して 3 タイプの識別を行う 2-step で行う。識別性能の評価指標には表 1 に示す True Positive (TP) と Precision Rate (PR) を使用する。

3.2 シミュレーション結果

シミュレーション結果を図 9 (c,d) に示す。1-step 識別及び 2-step 識別での識別結果から、Type A の識別精度において学習にユークリッド距離を使用していた場合、テストで使用する距離指標はユークリッド距離 (EU) とマンハッタン距離 (MH) でほぼ同程度の識別率を得られた。このことから非腫瘍の識別精度はテストに使用する計算の距離指標に依らず同程度と言え。しかし、図 9 (c) において腫瘍である Type B と Type C3 の識別率は TP と PR の両方で最大 6 % 程度低下しており、Type B と Type C3 での識別の間違いがあったことがわかる。これは腫瘍の Type B と Type C3 の輝度特徴量が似ているためである。しかし、2-step 識別によりシンプルな 2 タイプ識別が容易になるため、精度は僅かに上昇している。また 5 章で説明するが、この時の入

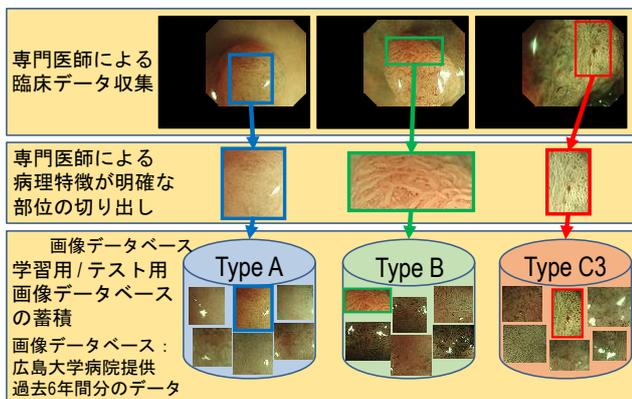


図 8. データベース作成方法。

表 1. シミュレーションの評価方法。

$$TP(x): \text{True Positive } (x|x = A, B, C3) = \frac{N_{x:x}}{\sum_{y=A,B,C3} N_{x:y}} \times 100 \text{ [%]}$$

$$PR(x): \text{Precision Rate } (x|x = A, B, C3) = \frac{N_{x:x}}{\sum_{y=A,B,C3} N_{y:x}} \times 100 \text{ [%]}$$

入力画像の Type	識別された Type				正しく識別された割合
	A	\bar{A}	B	C3	
A	$N_{A:A}$	$N_{A:\bar{A}}$	$N_{A:B}$	$N_{A:C3}$	TP(A)
\bar{A}	$N_{\bar{A}:A}$	$N_{\bar{A}:\bar{A}}$	$N_{\bar{A}:B}$	$N_{\bar{A}:C3}$	TP(\bar{A})
B	$N_{B:A}$	$N_{B:\bar{A}}$	$N_{B:B}$	$N_{B:C3}$	TP(B)
C3	$N_{C3:A}$	$N_{C3:\bar{A}}$	$N_{C3:B}$	$N_{C3:C3}$	TP(C3)
識別の偏りの割合	PR(A)	PR(\bar{A})	PR(B)	PR(C3)	

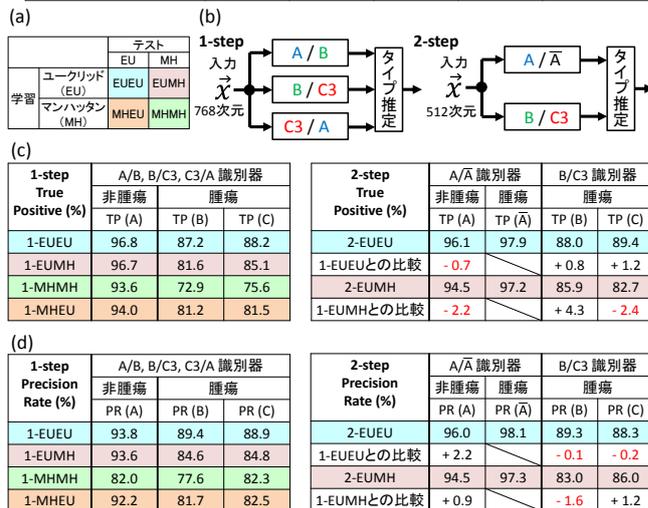


図 9. マンハッタン距離を使用した識別の精度評価 (a) 距離指標の組合せ, (b) 識別方法, (c) 1-step, 2-step 識別の True Positive, (d) 1-step, 2-step 識別の Precision Rate.

力特徴量の次元数が 1-step に比べ 2-step は少なく高速化が可能である。

この結果を見ると、識別に失敗しているものが多いと見えるかもしれないが、実際の診断支援システムでは図 2 に示すようなグラデーションにより結果を表示する。これは図 3 にある SVM の結果である識別率が最も高いもので決定するのではなく、すべてのタイプの識別率から計算している。例えば 2-step 識別において (Type B の識別率, Type C3 の識別率) = (52%, 48%) のような僅差で Type C3 が Type B と識別されるが、グラデーションではどちらかのタイプの色にならないため、怪しい部分として医師に提示が可能である。このため、TP, PR では Type B と Type C3 は 10% 以上の識別間違いがあるように見えるが、実際の診断支援としての目的は成功する。よって、最近傍 VW 探索におけるマンハッタン距離の使用は有効と言え。また、腫瘍の識別ではマンハッタン距離ではユークリッド距離と比べて少し大きい識別率の低下が見られるため、腫瘍の識別に使用するテストの距離指標にはユークリッド距離を使用することも考えられる。その場合でも、使用する乗算器 (DSP ブロック) の数はユークリッド距離を使用した単純な並列化、パイプライン化の場合と比べて半分抑えることができる。

4. 特徴量変換アーキテクチャ

4.1 アーキテクチャ概要

提案する高速な特徴量変換アーキテクチャを図 10 に示す。アーキテクチャは大きく分けて 2 つの部分からなる。2 章で説明した (A) VW ヒストグラムを作成する部分、そして (B) 作成した VW ヒストグラムに対して正規化処理とスケール処理を行う後処理部分である。特徴量変換では VW ヒストグラム作成の部分での処理時間がボトルネックとなっていたため、3 タイプの VW ヒストグラム作成部分を 3 並列化した。また、2 分探索木を用いた、最近傍の VW を探索する Branch Tree Search は 8 段パイプラインを導入した。また、正規化処理を高速化するため、投票と同時に式(1)の分母部分の計算を行う回路を導入する。

4.2 近傍探索ブロック

2 分探索による近傍探索ブロック (BS : Branch Tree Search) を図 11 に示す。BS による最近傍 VW 探索では、入力の特徴量ベクトル f_j と左右のクラスタの代表ベクトル l_L, r_L との距離比較を繰り返して階層的に近傍探索を行い最近傍 VW_i を決定する。BS は探索木の各レベル L での近傍方向の決定を行う部分であり、図 6 の計算処理を行っている。入力ベクトル f_j の 1 つの次元 k ($1 \leq k \leq 64$) の値を順に入力し、Distance Calculation (DC) にて左右クラスタの 1 次元の値と比較した結果をレジスタに保持する。その後、全次元の値の比較を順に行い、それまでの結果に加算して保

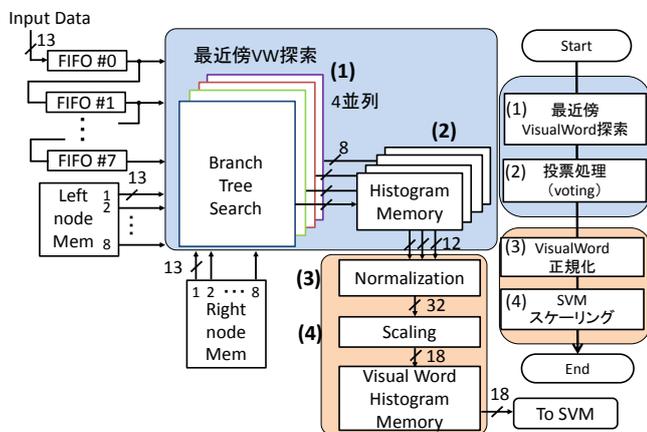


図 10. 特徴量変換アーキテクチャのブロック図。

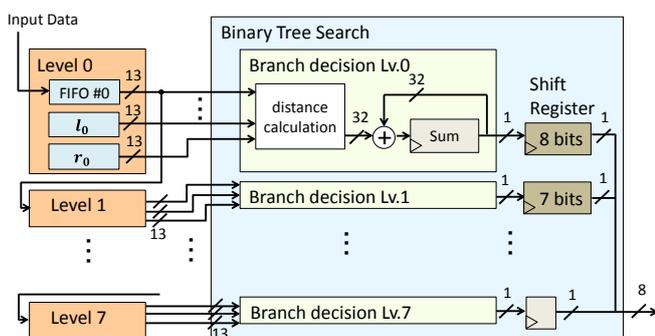


図 11. Branch Tree Search の 8 段 pipeline による高速化。

持する。すべての次元の計算が終了した時点で保持した結果の最上位ビットを出力して Shift Register (SReg) に保持する。これを 8 段パイプライン処理することでパイプライン使用しない場合と比べて待ち時間を削減しスループットを向上することができる。探索木の全ての Level での探索を終えた SReg の 8bit を入力ベクトルの最近傍 VW として出力する。その後、図 12 の Histogram Memory にて投票処理を行うことで VW ヒストグラムを作成する。

図 10 の DC では、ユークリッド距離では 4 個使用していた DSP ブロックを、マンハッタン距離を使用することで削減できる。これにより、8 段パイプラインを使用した場合、1 つの BS で DSP ブロックを 32 個削減することが可能となり、4 つの探索木があるために $32 \times 4 = 128$ 個削減することが可能となる。

4.3 投票と同時に L2 ノルム計算を行う正規化回路

式 1 における分母の j 回目の投票が行われた後の L2 ノルムの計算を $S_j = \sum_{i=1}^{256} N_j(VW_i)^2$ と置くと、投票 1 回の投票後の部分 S_j の値は $S_{j+1} = \sum_{i=1}^{256} N_{j+1}(VW_i)^2$ となる。この式を変形すると、

$$\begin{aligned} S_{j+1} &= \sum_{i=1}^{256} N_{j+1}(VW_i)^2 \\ &= \sum_{i=1, i \neq k}^{256} N_j(VW_i)^2 + (N_j(VW_k) + 1)^2 \\ &= \sum_{i=1}^{256} N_j(VW_i)^2 + (2N_j(VW_k) + 1) \\ &= S_j + 2N_j(VW_k) + 1 \end{aligned}$$

と表すことができる。これより、投票後の部分 S_{j+1} を投票前の部分 S_j と投票先の VW の値から計算することができる (図 12)。さらにこれはシフト演算のみで行うことが可能なため、ハードウェア実装が容易である。これにより DSP ブロックを 4 個削減するとともに、正規化処理に必要なクロック数を約半分に削減した。

5. FPGA 実装

図 10 に示した特徴量変換アーキテクチャの実装を行う。図 11 の DC の計算の距離指標にユークリッド距離とマンハッタン距離を使用した場合のリソース使用率と処理速度の評価を行った。また、図 10 のような並列化の有無、図 11 のようなパイプライン化の有無による使用リソースと処理性能について評価する。実装のターゲットデバイスは Altera 社の Stratix IV (EP4SE530H35C2) を使用する。ターゲットデバイスには 1,024 個の DSP ブロックが搭載されているが、タイプ識別器 SVM の並列化のため DSP ブロックの使用リ

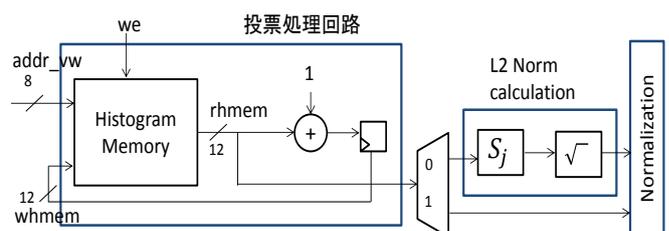


図 12. L2 ノルム同時計算のための改良。

ソースを抑えることが望ましい。図 13 に並列化、パイプライン化をそれぞれ使用した場合の FPGA の使用リソースを示す。ユークリッド距離を使用して 4 並列化、8 段パイプライン化を行った場合、DSP ブロックの使用数はマンハッタン距離よりも 3, 4 % 多い。そして、4 並列化と 8 段パイプライン化を同時に行った場合、使用する DSP ブロックの差は 12 % 程になる。また、効果的なグラデーションマップの作成のため複数の SW サイズを使用する場合の実装手段として、SW サイズ毎に特徴量変換を実装する方法 [10] が考えられるが、その場合、ユークリッド距離の実装では DSP ブロックを約 650 個必要とするため、SVM の高速な実装が不可能になってしまう。しかし、マンハッタン距離ならば、その場合でも DSP ブロックは約 150 個程度で可能なため、SVM で使用する DSP ブロックを残した実装が可能になる。

次に、SW サイズを 60×60 pixel として Full HD の画像をラスタスキャンした場合の各距離指標及びパイプラインの有無での速度性能を表 2 に示す。この際並列化は行っているものとする。レイテンシは特徴量変換回路が Full HD のから 5 pixel 間隔の D-SIFT で得られる特徴量約 83,000 点を処理するための時間、スループットは **eCAD** 全体でのスループットを示す。特徴量変換回路の最近傍 VW 探索は全体の処理で見てボトルネックとなる部分のため、パイプライン化しない場合のレイテンシは 426 msec となり、全体のスループットも 2.3 fps と要求性能の 5 fps を満たさない。しかし、8 段パイプライン化を行うことで、レイテンシを 60 msec と改良前から約 85 % 改善した。また、スループットも約 16 fps を達成し、要求性能の 5 fps を十分上回る速度性能を達成した。更に高速化を行うための手段として、3 章で説明した 2-step 識別の利用が挙げられる。これは識別が容易になり、入力する VW ヒストグラムの次元数が 1-step の 768 (=256×3) 次元から、512 (=256×2) 次元へ削減しているため、1 つの SW の正規化とスケージングの処理時間を 75 % 程度に削減することができる。

6. まとめ

本稿では、大腸 NBI 拡大内視鏡画像診断支援システム **eCAD** のため特徴量変換アーキテクチャの高速化と実装を行った。リソースの削減と高速化を同時に行うため、距離計算におけるマンハッタン距離の使用と、正規化処理の L2 ノルムの投票との同時計算を行う改良を行った。これにより、リソースの使用において DSP の使用を 4 % に抑えた。また、レイテンシ 60 msec を達成した。これは **eCAD** として目標性能を満たすものであり、リアルタイム処理が可能であることを確認した。

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。

表 2. 60×60 pixel の SW により Full HD をラスタスキャンした場合の処理速度。

距離指標	EU		MH	
	無	有	無	有
8段パイプライン				
最大動作周波数 (MHz)	135.08	116.21	119.83	105.85
ワースト・ベスト*	~ 150.24	~ 202.43	~ 179.21	~ 187.48
特徴量変換回路のレイテンシ (msec)	426	60	424	60
eCADのスループット (fps) @100MHz	2.3	16.4	2.3	16.4

* TimeQuest Timing Analyzerのタイミングモデル

距離指標	EU	MH	距離指標	EU	MH
ALUT	3,094 (<1%)	3,163 (<1%)	ALUT	12,378 (3%)	12,652 (3%)
Register	3,287 (<1%)	3,328 (<1%)	Register	13,148 (3%)	13,312 (3%)
Total RAM bits	959,488	959,488	Total RAM bits	959,488	959,488
DSPブロック	40 (4%)	36 (4%)	DSPブロック	52 (5%)	36 (4%)

↓ 8段パイプライン化

距離指標	EU	MH	距離指標	EU	MH
ALUT	11,953 (3%)	11,290 (3%)	ALUT	47,812 (11%)	47,680 (11%)
Register	4,092 (<1%)	3,555 (<1%)	Register	16,368 (4%)	14,220 (3%)
Total RAM bits	962,560	962,560	Total RAM bits	962,560	962,560
DSPブロック	68 (7%)	36 (4%)	DSPブロック	164 (16%)	36 (4%)

図 13. 並列化、パイプライン化による使用リソースの変化。

参考文献

- 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) 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.
- 3) D. K. Rex, et al., "The American Society for Gastrointestinal 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.
- 4) A. Vedaldi, and B. Fulkerson, "Vlfeat: an open and portable library of computer vision algorithms," <http://www.vlfeat.org/>
- 5) T. Mishima, et al., "FPGA implementation of feature extraction for colorectal endoscopic images with NBI magnification," Proc. of the IEEE International Symposium on Circuits and Systems (ISCAS2014), pp.2515-2518, June 1-5 2014.
- 6) J. Nister and H. Stewenius, "Scalable recognition with a vocabulary tree", Proc. of the IEEE Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR2006), pp. 775-781, 2006.
- 7) K. Sugi, et al., "High performance feature transformation architecture based on bag-of-features in CAD system colorectal endoscopic images," Proc. of the 19th Workshop on Synthesis And System Integration of Mixed Information Technologies, pp. 380-385, Mar 16-17, 2015.
- 8) C-C Chang, C-J Lin, "LIVSVM - a library for support vector machins," <http://www.csie.ntu.edu.tw/~cjlin/libsvm/>
- 9) T. Okamoto, et al., "A hierarchical type segmentation algorithm based on support vector machine for colorectal endoscopic images with NBI magnification," Proc. of the 19th Workshop on Synthesis and System Integration of Mixed Information Technologies, pp. 374-379, Mar 16-17, 2015.
- 10) 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.