

(19) 日本国特許庁 (JP)

(12) 特 許 公 報 (B2)

(11) 特許番号

特許第5219440号
(P5219440)

(45) 発行日 平成25年6月26日 (2013. 6. 26)

(24) 登録日 平成25年3月15日 (2013. 3. 15)

(51) Int. Cl.

F 1

GO 1 N 21/17 (2006. 01)

GO 1 N 21/17 6 1 0

GO 1 N 21/35 (2006. 01)

GO 1 N 21/35 Z

GO 1 N 21/49 (2006. 01)

GO 1 N 21/49 Z

請求項の数 10 (全 27 頁)

(21) 出願番号 特願2007-236439 (P2007-236439)
 (22) 出願日 平成19年9月12日 (2007. 9. 12)
 (65) 公開番号 特開2009-68940 (P2009-68940A)
 (43) 公開日 平成21年4月2日 (2009. 4. 2)
 審査請求日 平成22年9月10日 (2010. 9. 10)

(73) 特許権者 000001007
 キヤノン株式会社
 東京都大田区下丸子3丁目30番2号
 (74) 代理人 100110412
 弁理士 藤元 亮輔
 (74) 代理人 100104628
 弁理士 水本 敦也
 (72) 発明者 吉田 拓史
 東京都大田区下丸子3丁目30番2号 キ
 ヤノン株式会社内
 (72) 発明者 西原 裕
 東京都大田区下丸子3丁目30番2号 キ
 ヤノン株式会社内

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 測定装置

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項 1】

それぞれが 6 0 0 n m 乃至 1 0 0 0 n m の波長領域のうちの異なる波長を有する複数の種類の光を被検体に照射することによって、前記被検体の内部の吸収特性と散乱特性のうち少なくとも一方を測定する測定部と、

コラーゲンと脂肪を含む複数の構成要素の全体に対するコラーゲンと脂肪のそれぞれの割合を、各構成要素の吸収係数と前記測定部の測定結果から フィッティング手法を用いて 算出し、脂肪及びコラーゲンのそれぞれのフィッティング係数と生体組織の状態の関係と、算出されたコラーゲンの割合と脂肪の割合から前記被検体の生体組織の状態を判定する演算処理部と、

前記演算処理部による処理の結果を表示する表示部と、
 を有することを特徴とする測定装置。

【請求項 2】

前記測定部は、前記複数の種類の光に、6 0 0 n m 乃至 7 0 0 n m の波長領域のうちの所定の波長を有する光と、7 3 0 n m 乃至 7 6 0 n m の波長領域のうちの異なる波長を有する少なくとも 2 種類の光とを使用することを特徴とする請求項 1 記載の測定装置。

【請求項 3】

前記複数の構成要素は水を更に含み、

前記測定部は、前記複数の種類の光に、9 0 0 n m 乃至 1 0 0 0 n m の波長領域のうちの異なる波長を有する 2 種類の光を使用し、

前記演算処理部は、脂肪と水のそれぞれの量、前記複数の構成要素の全体に対する割合、並びに、脂肪と水の合計の量の分布のうちの少なくとも一つを算出することを特徴とする請求項 1 又は 2 記載の測定装置。

【請求項 4】

前記演算処理部は、コラーゲンと脂肪のそれぞれの量、前記複数の構成要素の全体に対する割合、並びに、コラーゲンと脂肪の合計の量の分布のうちの少なくとも一つを算出することを特徴とする請求項 1 乃至 3 のうちいずれか一項記載の測定装置。

【請求項 5】

前記複数の構成要素は、還元ヘモグロビンと酸化ヘモグロビンを更に含み、

前記測定部は、前記複数の種類の光に、760nm 乃至 850nm の波長領域のうちの異なる波長を有する少なくとも 2 種類の光を使用し、

10

前記演算処理部は、還元ヘモグロビンと酸化ヘモグロビンのそれぞれの量と、前記複数の構成要素の全体に対する割合、並びに、還元ヘモグロビンと酸化ヘモグロビンの合計の量の少なくとも一つを前記測定部の測定結果から算出することを特徴とする請求項 1 乃至 4 のうちいずれか一項記載の測定装置。

【請求項 6】

前記演算処理部は、還元ヘモグロビンのモル濃度と酸化ヘモグロビンのモル濃度の合計に対する酸化ヘモグロビンのモル濃度の割合で与えられるヘモグロビンの酸素飽和度を場所ごとに算出することを特徴とする請求項 5 記載の測定装置。

【請求項 7】

20

前記表示部は、前記状態の分布と前記ヘモグロビンの酸素飽和度の分布を重ねて表示する請求項 6 記載の測定装置。

【請求項 8】

前記測定部は、前記被検体から射出される拡散光を検出する光検出器を有し、

前記演算処理部は、前記被検体の吸収係数を算出し、前記被検体の吸収係数から前記被検体の各構成要素の割合を算出することを特徴とする請求項 1 乃至 7 のうちいずれか一項に記載の測定装置。

【請求項 9】

前記測定部は、

超音波を発生して被検部位に集束する超音波トランスデューサアレイと、

30

被検部位における入射光と集束された超音波の相互作用によって発生する信号を検出する光検出器と、
を有し、

前記演算処理部は、前記信号から前記被検体の吸収係数を算出し、前記被検体の吸収係数から前記被検体の各構成要素の割合を算出することを特徴とする請求項 1 乃至 7 のうちいずれか一項に記載の測定装置。

【請求項 10】

前記測定部は、前記被検体の内部の被検部位からの弾性波を検出する超音波トランスデューサアレイを有し、

前記演算処理部は、前記被検部位の位置と吸収係数を算出し、前記被検体の吸収係数から前記被検体の各構成要素の割合を算出することを特徴とする請求項 1 乃至 7 のうちいずれか一項に記載の測定装置。

40

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明は、被検体内部の分光特性を測定する測定装置に関する。

【背景技術】

【0002】

光を用いて測定するマンモグラフィなど、被検体内部の代謝と関係する分光特性を測定して分光特性の分布を画像化する測定装置が知られている。ここで、分光特性は吸収（分

50

光)特性と散乱(分光)特性を含む。医療診断からは、分光特性から生体組織の状態を簡単に判定する技術を確立することが好ましい。ここでいう「生体組織の状態」とは、正常組織、良性腫瘍、悪性腫瘍などを意味する。従来、腫瘍の特定やその種別を行う方法が幾つか提案されている。

【0003】

特許文献1及び非特許文献1は、近赤外光を利用し、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビン及びその合計の量に対する酸化ヘモグロビンの割合(酸素飽和度)を求め、腫瘍を特定する方法を開示している。この方法(以下、「ヘモグロビン法」と呼ぶ)は、腫瘍が正常組織よりも還元ヘモグロビンと酸化ヘモグロビンの合計の量は多く、酸素飽和度は少ないことを利用している。

10

【0004】

非特許文献2は、被検体から微小组織を抽出し、ラマン分光法を用いてコラーゲンを検出し、検出されたコラーゲンを利用して腫瘍を検出する方法を開示している。正常組織に対する腫瘍のコラーゲンの割合はヘモグロビンの酸素飽和度よりも高いため、コラーゲンを利用する方法は、腫瘍の検出精度が高いという特長を有する。更に、非特許文献2は、脂肪とコラーゲンの全体に対する割合を調べることで腫瘍の状態の判断ができると報告している。

【0005】

非特許文献3では、幅広い波長領域の近赤外光を利用して被検体の吸収係数を求め、コラーゲンを含む構成要素の割合をフィッティングにより求めている。

20

【0006】

非特許文献4では、637nm、680nm、785nm、905nm、933nm、1060nmの波長を用いて被検体の構成要素の割合をフィッティングにより求めている。非特許文献4は、コラーゲンをパラメータとして使用することによって精度良くヘモグロビンを見積もり、腫瘍の検出精度を高めている。更に、非特許文献4によれば、コラーゲン量が多いとされる高いマンモグラフィ濃度の領域は腫瘍になる可能性が高い。また、間質の主成分がコラーゲンで、間質の構造と構成の変化が良性・悪性両方の病変の状況と関連していることから、コラーゲンは乳癌発癌の初期の役割を担っている。

【特許文献1】特許第3107914号明細書

【非特許文献1】Near - Infrared Characterization of Breast Tumors In Vivo using Spectrally - Constrained Reconstruction, Dartmouth, Pogue, 2005

30

【非特許文献2】Diagnosing breast cancer by using Raman spectroscopy, MIT, Haka, Proc Natl Acad Sci USA, 2005

【非特許文献3】Absorption properties of breast: the contribution of collagen, ULTRAS - CNR - INFM and IFN - CNR, Politecnico di Milano, 2006

40

【非特許文献4】Assessment of collagen absorption and related potential diagnostic applications, SPIE - OSA Vol. 6629 66290D - 1

【発明の開示】

【発明が解決しようとする課題】

【0007】

しかし、ヘモグロビン法は腫瘍特性精度が低く、ラマン分光法は被検体を切開して組織を抽出するために被検体に負担をかける。

【0008】

非特許文献3に開示された手法は、幅広い波長領域の光を使用するために測定時間が長

50

く実用的ではない。また、非特許文献4はコラーゲンを用いて見積もられたヘモグロビンにより生体組織の状態を判定しているだけであり、直接コラーゲンを用いて生体組織の状態を判定しているわけではない。

【0009】

このように、従来の測定方法は、いずれも被検体の生体組織の状態を高精度かつ簡単に（即ち、測定に長時間かけたり、被検体に切開などの負担をかけたりすることなく）判定することができなかった。

【0010】

本発明は、被検体の生体組織の状態を高精度かつ簡単に判定する測定装置に関する。

【課題を解決するための手段】

10

【0011】

本発明の一側面としての測定装置は、それぞれが600nm乃至1000nmの波長領域のうちの異なる波長を有する複数の種類の光を被検体に照射することによって、前記被検体の内部の吸収特性と散乱特性のうち少なくとも一方を測定する測定部と、コラーゲンと脂肪を含む複数の構成要素の全体に対するコラーゲンと脂肪のそれぞれの割合を、各構成要素の吸収係数と前記測定部の測定結果からフィッティング手法を用いて算出し、脂肪及びコラーゲンのそれぞれのフィッティング係数と生体組織の状態の関係と、算出されたコラーゲンの割合と脂肪の割合から前記被検体の生体組織の状態を判定する演算処理部と、前記演算処理部による処理の結果を表示する表示部と、を有することを特徴とする。

20

【0012】

本発明の更なる目的又はその他の特徴は、以下、添付図面を参照して説明される好ましい実施例によって明らかにされるであろう。

【発明の効果】

【0013】

本発明によれば、被検体の生体組織の状態を高精度かつ簡単に判定する測定装置を提供することができる。

【発明を実施するための最良の形態】

【0014】

30

本発明の実施例の測定装置は、測定部と、演算処理部と、表示部と、を有する。

【0015】

測定部は、それぞれが600nm乃至1000nmの波長領域のうちの異なる波長を有する複数の種類の光を吸収散乱体としての被検体に照射することによって、被検体の内部の分光特性を測定する。このように測定部は、近赤外光の生体の窓と呼ばれる波長領域を利用し、特許文献2のような被検体の切開を必要としない。

【0016】

測定部は、後述するように、拡散光トモグラフィ(DOT)、音響光学トモグラフィ(AOT)、光音響トモグラフィ(PAT)のいずれの測定方法も使用することができる。DOT(Diffused Optical Tomography)は、近赤外光を被検体に導入してその拡散光を検出する。入射光は光源の光の強度を変調してもよいし、パルス光を利用してもよい。AOT(Acousto-Optical Tomography)は、被検部位にコヒーレント光及び集束超音波を照射し、超音波集束領域で光が変調される効果(音響光学効果)を利用し、変調光を光検出器で検出する。PAT(Photo-Acoustic Tomography)は、被検部位とそれ以外の組織との光エネルギーの吸収率差を利用し、被検部位が照射された光エネルギーを吸収して瞬間的に膨張する際の超音波(光音響信号)をトランスデューサで受信する。

40

【0017】

演算処理部は、コラーゲンと脂肪を含む複数の構成要素の全体に対するコラーゲンと脂肪のそれぞれの割合を、各構成要素の吸収係数と測定部の測定結果とから算出する。次に

50

、演算処理部は、脂肪及びコラーゲンのそれぞれのフィッティング係数と生体組織の状態の関係と、算出されたコラーゲンの割合と脂肪の割合から被検体の生体組織の状態を判定する。以下の実施例は、被検体の生体組織を、正常組織、繊維腫瘍、線維嚢胞性変化及び浸潤癌のいずれの状態であるかを判定するが、本発明では被検体の生体組織の状態の種類と数は限定されない。

【0018】

表示部は、演算処理部による処理の結果を表示する。

【0019】

以下、測定装置の実施例について説明する。

【実施例1】

10

【0020】

図1は、本発明の実施例1の測定装置100のブロック図である。被検体Eは、吸収散乱体としての測定対象物であり、具体的には、乳房などの生体組織である。図2は、測定装置100を被験者Bの被検体（乳房）Eの乳癌の検出に適用した構成の概略断面図である。

【0021】

測定装置100の測定部は、信号発生器1、光源2、光ファイバ3及び11、測定容器4、光検出器12、信号抽出部13を有する。

【0022】

被検体Eは測定容器4に収められる。被検体Eと測定容器4の間は、光の屈折率や散乱係数及び、超音波の音響特性が被検体Eにほぼ同等とみなせる、特性が既知で均一の媒質（マッチング材5）で満たされる。半導体レーザーなどを利用した光源2からは、信号発生器（正弦波発信器）1を用いて周波数 f_1 で強度変調された光が射出される。一般に生体計測においては、数十～数百MHzの正弦波で変調することが望ましい。光源2からの変調光は、光ファイバ3を通して測定容器4の側面から入射される。容器内に入射された変調光は、光拡散理論から導かれるように、変調周波数 f_1 のエネルギー密度波（拡散光子密度波）Wとして被検体Eの中を伝播する。この変調周波数 f_1 で伝わる拡散光子密度波Wを信号光として、光ファイバ11を通してPMT（Photo Multiplier）やAPD（Avalanche Photo Diode）などの光検出器12で検出する。拡散光子密度波Wから必要な情報を信号抽出部13で抽出する。

20

30

【0023】

信号抽出部13が抽出した分光特性の情報に基づいて、演算処理部14は、被検体内部の吸収係数と散乱係数を算出し、吸収係数と散乱係数から被検体Eの構成要素の割合を算出する。演算処理部14は、算出した吸収係数と散乱係数及び構成要素の割合をメモリ15に保存する。画像生成部16は、保存した値をマップ化する。表示部17は、3次元的な吸収係数と散乱係数および構成要素の割合の分布を表示する。

【0024】

図3は、被検体Eの一断面の断層像を得るための測定装置100の動作を説明するためのフローチャートである。まず、ステップ101では、信号発生器1が、光源2を周波数 f_1 （数十～数百MHz）で強度変調させて、ある波長の光源として駆動させる。ステップ102で、光源2は、光ファイバ3を介して、ある位置から光を被検体Eに入射させる。次にステップ103で、光検出器12は、光ファイバ11を介して、変調光の振幅 $I_A(r, t)$ と位相 $\phi(r, t)$ を計測する。一般的に拡散光子密度波を伝播する拡散光子密度波Wは紡錘形状となり、得られる吸収係数と散乱係数はこの光路上の平均の値となる。

40

【0025】

得られた振幅と位相からステップ104で吸収係数 μ_a と等価散乱係数 μ_s' を求める。なお、本実施例は、光拡散方程式から導かれる近似解を用いるが、本発明は、より厳密な解にも適用することができる。

【0026】

50

均一な吸収散乱体内の点光源から距離 r の位置で時刻 t における光強度 $I(r, t)$ [光子 / sec · mm²] は次式で与えられる。

【 0 0 2 7 】

【 数 1 】

$$I = I_{DC} + I_{AC} \exp[-i(\Phi + \varepsilon)]$$

【 0 0 2 8 】

但し、

【 0 0 2 9 】

【 数 2 】

$$I_{AC} = \frac{A}{4\pi Dr} \exp\left[-r \left(\frac{v^2 \mu_a^2 + \omega^2}{v^2 D^2}\right)^{1/4} \cos\left[\frac{1}{2} \tan^{-1}\left(\frac{\omega}{v \mu_a}\right)\right]\right]$$

【 0 0 3 0 】

【 数 3 】

$$\Phi = r \left(\frac{v^2 \mu_a^2 + \omega^2}{v^2 D^2}\right)^{1/4} \sin\left[\frac{1}{2} \tan^{-1}\left(\frac{\omega}{v \mu_a}\right)\right]$$

【 0 0 3 1 】

【 数 4 】

$$D = 1 / 3 \mu_s'$$

【 0 0 3 2 】

ここで、 I_{DC} は検出光強度のバイアス成分 [光子 / sec · mm²]、 ε は任意の位相項、 A は第二の光源における入射光子数 [光子 / sec]、 D は拡散係数 [mm]、 v は吸収散乱体内部の光速 [mm / sec] である。また、 μ_a は吸収係数 [mm⁻¹]、 μ_s' は等価散乱係数 [mm⁻¹]、 ω は超音波で変調された変調波の角周波数 [rad / sec] (変調周波数を f とすると $\omega = 2\pi f$) である。

【 0 0 3 3 】

振幅 $I_{AC}(r, t)$ と位相 $\Phi(r, t)$ を測定すれば、数式 2 及び 3 より、吸収係数 μ_a と等価散乱係数 μ_s' を算出することができる。

【 0 0 3 4 】

次にステップ 105 で、光ファイバ 3 の被検体 E に対する位置を d だけずらし、同様に拡散光子密度波 W を光検出器 12 で検出する。あるいは、予め d だけずらした位置に光ファイバ 3 を複数取り付けおき、拡散光子密度波 W を光検出器 12 で検出してもよい。このように d だけずらすことにより被検体 E に対する拡散光子密度波の光路がずれ、ずれた位置での吸収係数及び散乱係数を算出することが可能となる。以上の手順を繰り返し、被検体 E の吸収・散乱特性をステップ 107 でマッピングすれば、一断面の断層像を得ることができる。これは、光ファイバ 11 と被検体 E の一方又は両方の位置をずらして測定しても同様に被検体 E の一断面の断層像を得ることができる。この断面を紙面鉛直方向に走査することで、最終的に被検体 E の 3 次元的な吸収・散乱情報を取得可能となる。

【 0 0 3 5 】

10

20

30

40

50

次に、ステップ108では、光源の波長を変える。この方法については、波長の異なる複数の光源を別々の場所から入射させても、ファイバで束ね一箇所から入射させてもよく、あるいは白色の光源を用意し、回折格子を用いて分光させたり、波長フィルターを用いて特定の波長だけを選択したりしてもよい。これらのいずれかの方法によって別の波長で被検体Eに変調光を入射させ、上記のステップ101から107の操作を繰り返し、測定された振幅 $I_{AC}(r_i, r_j)$ と位相 (r_i, r_j) 、及び算出された μ_a と μ_s' は、ステップ109で各波長ごとにメモリ15に随時記憶される。用いる波長数を被検体Eの構成要素の数と同じにすれば一意に求まる。しかし、測定した μ_a と μ_s' に何らかの誤差(光源2の出力のぶれ、光源2と光検出器12の位置のぶれ、外乱光によるぶれなど)で測定値が真値とずれてしまうと構成割合の見積もり誤差となる。そこである程度構成要素の数よりも多い波長を入射させる。

10

【0036】

次にステップ110で、演算処理部14は、後述する方法でフィッティングを行い、測定対象物の構成割合、特にコラーゲン、脂肪、水の割合を求める。

【0037】

測定する波長は、求めたい構成要素に応じて変えるのが一般的である。それは各々の構成要素の吸収係数が、波長によって独特の吸収係数のスペクトル(以下、「吸収スペクトル」と呼ぶ)を示すため、構成要素に応じた特徴的な波長を用いて測定することで見積もり精度が向上するためである。

【0038】

20

図4は、生体組織の主要な構成要素であるコラーゲン、脂肪、水、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの吸収スペクトルである。例えば、還元ヘモグロビン及び酸化ヘモグロビンの吸収スペクトルに着目する。両者は約800nmでお互いが交差し、還元ヘモグロビンは約760nmで鋭いピーク(周囲の波長よりも吸収係数が高い箇所)が存在するが、酸化ヘモグロビンは約920nmで緩やかなピークがあるのみである。また、両者は短波長になるほど大きくなり、逆に長波長にいくほど小さくなる傾向にある。

【0039】

従来のヘモグロビン法は、この特徴に鑑みて両者の特定を試みており、600nmから700nmと800nm前後の波長を主として使用する。また、還元ヘモグロビン及び酸化ヘモグロビンのみならず、水、脂肪を特定する際には900nm以上の波長が用いる。これは、前述の特徴的なピークが900nm以上に存在するためである。非特許文献1が、661nm、761nm、785nm、808nm、826nm、849nmの波長を用いるのもかかる理由によるものと考えられる。

30

【0040】

一方、コラーゲンを特定するためには600nmから700nmと800nm前後及び900nm以上の波長では精度良く見積もれない。これは、図3に示すコラーゲンの吸収スペクトルがこの波長範囲でピークがないからである。

【0041】

但し、他の構成要素の吸収スペクトルとの比較により、以下の特徴的な波長を見出すことができる。第1に、600nmから700nmの範囲で他の吸収スペクトルと比較してコラーゲンの吸収係数が大きい。第2に、730nmから760nmの範囲で他の吸収スペクトルと比較して、コラーゲンの吸収係数のみが負の傾き(波長が大きくなると吸収係数が小さくなる)となっている。

40

【0042】

図5は、コラーゲンの吸収スペクトルに関する実測値と非特許文献3に記載された値との比較を示すグラフである。同図を参照するに、絶対値の違いが大きいものの、上記2点において、両者に違いはなくコラーゲンが特定できることが理解される。更に、図4から分かるように1000nm付近で水の吸収係数が大きくなるため、被検体E中に水が多く含まれる場合には水による吸収が顕著になり、生体組織深部の測定が困難になる。

【0043】

50

コラーゲンのみの構成割合を誤差に埋もれにくく見積もるために、600 nm乃至700 nmの波長を有する光と、730 nm乃至760 nmの波長領域のうちの少なくとも2つの異なる波長を有する光を使用することが好ましい。一般に、求めたい構成要素の吸収係数が大きい波長領域で測定すると、その構成要素の感受度が高く見積もり精度が向上し易いために600 nm乃至700 nmの波長領域の波長を選択する。なお、吸収係数が大きくなると被検体から射出される光量も小さくなるため、吸収係数が大きくなりすぎても測定精度が低下することに注意する必要がある。また、上記第2の特徴と傾きを見るためには最低2波長が必要であることから、730 nm乃至760 nmの波長領域のうちの少なくとも2つの異なる波長を有する光を使用する。それらの波長で測定すると、マッピングしたある部分の吸収係数 μ_a の波長ごとのデータを μ_a と置き、上記3波長で測定すると、3つの μ_a 、即ち、

【0044】

【数5】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-640} \\ \mu_{a-730} \\ \mu_{a-760} \end{pmatrix}$$

【0045】

がメモリ15に記憶される。構成割合を $C_{content}$ とすると、

【0046】

【数6】

$$\begin{pmatrix} C_{collagen} \\ C_{HbO_2} \\ C_{Hb} \\ C_{lipid} \\ C_{water} \end{pmatrix}$$

【0047】

と表すことができる。これに、図4に示す既知の構成要素の吸収係数 $\mu_{a_content}$ の分布を乗ずることで吸収係数を得ることができる。

【0048】

【数7】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-640-collagen} & \mu_{a-640-HbO_2} & \mu_{a-640-Hb} & \mu_{a-640-lipid} & \mu_{a-640-water} \\ \mu_{a-730-collagen} & \mu_{a-730-HbO_2} & \mu_{a-730-Hb} & \mu_{a-730-lipid} & \mu_{a-730-water} \\ \mu_{a-760-collagen} & \mu_{a-760-HbO_2} & \mu_{a-760-Hb} & \mu_{a-760-lipid} & \mu_{a-760-water} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} C_{collagen} \\ C_{HbO_2} \\ C_{Hb} \\ C_{lipid} \\ C_{water} \end{pmatrix}$$

【0049】

数式7を数式5に最小二乗法などのフィッティング手法で $C_{content}$ をフィッティングすることで、測定としては全ての構成割合を求めることが可能である。ただし上記波長の測定範囲においては、コラーゲン以外の求めた構成割合に誤差が多い。それは前述した通りコラーゲンのみに特徴的な波長を用いたことによるものである。一方コラーゲンのみ、誤差に埋もれにくい構成割合を算出することができ、コラーゲンの量あるいは全体の量に対する割合を求めることが可能となる。

【 0 0 5 0 】

以上のように、被検体 E の一断面の一部分についてコラーゲンの量あるいは全体の量に対する割合を求めた後、マッピングされた吸収係数 μ_a を用いて同様の手順をとる。これによって、被検体 E の一断面のコラーゲンの量あるいは全体の量に対する割合をマッピングすることができる。更に、この断面を走査することで、最終的に被検体 E の 3 次元の吸収・散乱情報およびコラーゲンの量あるいは全体の量に対する割合の分布を取得できる。

【 0 0 5 1 】

このコラーゲンの割合をマッピングした例を図 6 に示す。被検体内部のそれぞれの場所で算出した $C_{collagen}$ の値を対応する位置に表示し、色の濃さによって値の大小を定めた。このように表示することで、コラーゲンがどの位置に多く、どの位置に少ないかを一目で確認することができる。

10

【 0 0 5 2 】

以上の波長に加えて 900 nm 乃至 1000 nm の波長領域で 2 波長を用いることで、コラーゲン、脂肪及び水の量あるいは全体の量に対する割合を誤差に埋もれにくく求めることができる。これは、図 4 に示すように、脂肪・水の吸収係数は 900 nm 以上で高くなっているからである。例えば、910 nm と 970 nm を付加して、640 nm、730 nm、760 nm、910 nm 及び 970 nm を用いて測定する。マッピングしたある部分の吸収係数 μ_a の波長ごとのデータを μ_a とおき、上の 5 波長で測定すると、以下の 5 つの μ_a がメモリ 15 に保存される。

【 0 0 5 3 】

20

【数 8】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-640} \\ \mu_{a-730} \\ \mu_{a-760} \\ \mu_{a-910} \\ \mu_{a-950} \end{pmatrix}$$

【 0 0 5 4 】

30

構成割合を $C_{content}$ とすると次式で表される。

【 0 0 5 5 】

【数 9】

$$\begin{pmatrix} C_{collagen} \\ C_{HbO_2} \\ C_{Hb} \\ C_{lipid} \\ C_{water} \end{pmatrix}$$

40

【 0 0 5 6 】

数式 9 を図 3 に示す既知の構成要素の吸収係数 μ_a $C_{content}$ の分布を乗することで吸収係数の値となる。

【 0 0 5 7 】

【数 10】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-640-collagen} & \mu_{a-640-HbO_2} & \mu_{a-640-Hb} & \mu_{a-640-lipid} & \mu_{a-640-water} \\ \mu_{a-730-collagen} & \mu_{a-730-HbO_2} & \mu_{a-730-Hb} & \mu_{a-730-lipid} & \mu_{a-730-water} \\ \mu_{a-760-collagen} & \mu_{a-760-HbO_2} & \mu_{a-760-Hb} & \mu_{a-760-lipid} & \mu_{a-760-water} \\ \mu_{a-910-collagen} & \mu_{a-910-HbO_2} & \mu_{a-910-Hb} & \mu_{a-910-lipid} & \mu_{a-910-water} \\ \mu_{a-970-collagen} & \mu_{a-970-HbO_2} & \mu_{a-970-Hb} & \mu_{a-970-lipid} & \mu_{a-970-water} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} C_{collagen} \\ C_{HbO_2} \\ C_{Hb} \\ C_{lipid} \\ C_{water} \end{pmatrix}$$

10

【0058】

数式 10 を数式 8 に最小二乗法などのフィッティング手法で $C_{content}$ をフィッティングすることで、コラーゲン、脂肪、水のみ誤差に埋もれにくい構成割合を算出することができ、コラーゲン、脂肪、水の量あるいは全体の量に対するそれらの割合を求めることが可能である。

【0059】

以上のように、被検体 E の一断面の一部分についてコラーゲン、脂肪、水の量あるいは全体の量に対するそれらの割合を求めた後、マッピングされた吸収係数 μ_a を用いて同様の手順をとる。これによって、被検体 E の一断面のコラーゲン、脂肪、水の量あるいは全体の量に対するそれらの割合をマッピングすることができる。更に、この断面を走査することで、最終的に被検体 E の 3 次元の吸収・散乱情報およびコラーゲン、脂肪、水の量あるいは全体の量に対するそれらの割合の分布を取得できる。

20

【0060】

図 7 は、脂肪の割合と水の割合をマッピングした例を示す。被検体 E 内部のそれぞれの場所で算出した C_{lipid} と C_{water} の値を対応する位置に表示し、色の濃さによって値の大小を定めた。このように表示することで、脂肪と水がどの位置に多く、どの位置に少ないかを一目で確認することができる。

【0061】

更に、測定装置 100 は、コラーゲンと脂肪の割合を評価することで病変部位の確認も行うことが可能となる。図 8 は、脂肪のフィッティング係数 ($Fit\ Coefficient : FC$) を横軸にし、コラーゲンのフィッティング係数を縦軸にしたときの生体組織の状態の関係を示すグラフである。FC はフィッティングしたときの係数で、全体の量を 1 としたときの割合で値を決めている。図 8 により、脂肪の FC とコラーゲンの FC の組み合わせによって被検体 E の生体組織の状態を判定する。被検部位の脂肪とコラーゲンの FC が見積もられたとき、図 8 にその値をプロットすることによって生体組織の状態を判定する。生体組織は、Normal (正常組織)、Fibrocystic change (線維腺腫)

30

、Fibroadenoma (線維嚢胞性変化) 及び Infiltrating Carcinoma (浸潤癌) のいずれか状態であるかを判定する。図 9 は、状態ごとに色分け及びマッピングした結果を示す。表示部 17 が図 9 に示す被検体 E の一部又は全部の状態の分布を表示することによって、被検体 E の腫瘍の位置及び種類を確認することができる。

40

【0062】

非特許文献 2 は、腫瘍は正常組織と比較するとコラーゲンが約 4 倍、脂肪が 1 / 4 になると記載している。比較対象として周りの組織との比較や、過去の同じ分布との比較、肺や乳房など左右で同じ構成を取る部位の場合は片方の部位と比較して、コラーゲンが約 4 倍かつ脂肪が 1 / 4 倍になっていれば腫瘍と疑うことができる。腫瘍と正常組織で 4 倍変化するという量が、ヘモグロビン法の場合の約 1 . 7 倍よりもはるかに大きく誤差に埋もれにくく測定精度を高めるという利点も有する。

【0063】

50

コラーゲンのみを見積もる波長に、760 nm乃至850 nmの波長領域のうちの2波長を用いることで、コラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの量あるいは全体の量に対する割合を誤差に埋もれにくく求めることができる。これは、図4に示すように、還元ヘモグロビンと酸化ヘモグロビンの交差点が800 nm近傍に存在し、その前後の波長で測定することにより、両者の変化を検出しやすいからである。

【0064】

例えば、800 nmと850 nmの2波長を加えて、640 nm、730 nm、760 nm、800 nm、850 nmを用いて測定する。マッピングしたある部分の吸収係数 μ_a の波長ごとのデータを μ_a とにおいて上記5波長で測定すると、数式11に示す5つの μ_a がメモリ15に保存される。また、構成割合を $C_{content}$ は数式12のように表すことができる。

10

【0065】

【数11】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-640} \\ \mu_{a-730} \\ \mu_{a-760} \\ \mu_{a-800} \\ \mu_{a-850} \end{pmatrix}$$

20

【0066】

【数12】

$$\begin{pmatrix} C_{collagen} \\ C_{HbO_2} \\ C_{Hb} \\ C_{lipid} \\ C_{water} \end{pmatrix}$$

30

【0067】

数式12に、図3に示す既知の構成要素の吸収係数 μ_a と $C_{content}$ の分布を乗ずることで吸収係数の値となる。

【0068】

【数13】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-640-collagen} & \mu_{a-640-HbO_2} & \mu_{a-640-Hb} & \mu_{a-640-lipid} & \mu_{a-640-water} \\ \mu_{a-730-collagen} & \mu_{a-730-HbO_2} & \mu_{a-730-Hb} & \mu_{a-730-lipid} & \mu_{a-730-water} \\ \mu_{a-760-collagen} & \mu_{a-760-HbO_2} & \mu_{a-760-Hb} & \mu_{a-760-lipid} & \mu_{a-760-water} \\ \mu_{a-800-collagen} & \mu_{a-800-HbO_2} & \mu_{a-800-Hb} & \mu_{a-800-lipid} & \mu_{a-800-water} \\ \mu_{a-850-collagen} & \mu_{a-850-HbO_2} & \mu_{a-850-Hb} & \mu_{a-850-lipid} & \mu_{a-850-water} \end{pmatrix} \bullet \begin{pmatrix} C_{collagen} \\ C_{HbO_2} \\ C_{Hb} \\ C_{lipid} \\ C_{water} \end{pmatrix}$$

40

【0069】

数式13を数式11に最小二乗法などのフィッティング手法で $C_{content}$ をフィッティングすることで、コラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンのみ誤差に埋もれにくい構成割合を算出することができ、コラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの量あるいは全体の量に対するそれらの割合を求めることができる。

50

【 0 0 7 0 】

以上のように、被検体 E の一断面の一部分についてコラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの量あるいは全体の量に対するそれらの割合を求めたのち、マッピングされた吸収係数 μ_a を用いて同様の手順をとる。これによって、被検体 E の一断面のコラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの量あるいは全体の量に対するそれらの割合をマッピングすることができる。更に、この断面を走査することで、最終的に被検体 E の 3 次元の吸収・散乱情報及びコラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの量あるいは全体の量に対するそれらの割合の分布を取得できる。

【 0 0 7 1 】

図 10 は、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの割合をマッピングした結果である。被検体 E の内部のそれぞれの場所で算出した C_{HbO_2} と C_{Hb} の値を対応する位置に表示し、色の濃さによって値の大小を定めた。表示部 17 がこのように表示することで、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンがどの位置に多く、どの位置に少ないかを一目で確認することができる。

10

【 0 0 7 2 】

このように、コラーゲン、還元ヘモグロビン及び酸化ヘモグロビンの量あるいは全体の量に対するそれらの割合の分布を得ると、ヘモグロビン法のみ又はコラーゲンで癌を検出する方法のみを使用するよりも腫瘍の検出精度が高まる。

【 0 0 7 3 】

本実施例では、例えば 640 nm、730 nm、760 nm、800 nm、850 nm、910 nm 及び 970 nm の波長を有する複数の種類の光を用いて被検体 E の分光特性を測定する。これにより、コラーゲン、脂肪、水、還元ヘモグロビン及び酸化ヘモグロビンの量あるいは全体の量に対する割合を誤差に埋もれにくく求めることができる。マッピングしたある部分の吸収係数 μ_a の波長ごとのデータを $\mu_{a_}$ と置き、上記 7 波長で測定すると、数式 14 で示す 7 つの μ_a がメモリ 15 に保存される。

20

【 0 0 7 4 】

【 数 1 4 】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-640} \\ \mu_{a-730} \\ \mu_{a-760} \\ \mu_{a-800} \\ \mu_{a-850} \\ \mu_{a-910} \\ \mu_{a-970} \end{pmatrix}$$

30

【 0 0 7 5 】

また、求めたい構成割合を $C_{content}$ とすると、数式 15 の表すことができる。

【 0 0 7 6 】

【 数 1 5 】

$$\begin{pmatrix} C_{collagen} \\ C_{HbO_2} \\ C_{Hb} \\ C_{lipid} \\ C_{water} \end{pmatrix}$$

40

【 0 0 7 7 】

これに、図 3 に示す既知の構成要素の吸収係数 $\mu_{a_content}$ の分布を乗ずることで、数式 16 に示すように、吸収係数の値となる。

50

【 0 0 7 8 】

【 数 1 6 】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-640-collagen} & \mu_{a-640-HbO_2} & \mu_{a-640-Hb} & \mu_{a-640-lipid} & \mu_{a-640-water} \\ \mu_{a-730-collagen} & \mu_{a-730-HbO_2} & \mu_{a-730-Hb} & \mu_{a-730-lipid} & \mu_{a-730-water} \\ \mu_{a-760-collagen} & \mu_{a-760-HbO_2} & \mu_{a-760-Hb} & \mu_{a-760-lipid} & \mu_{a-760-water} \\ \mu_{a-800-collagen} & \mu_{a-800-HbO_2} & \mu_{a-800-Hb} & \mu_{a-800-lipid} & \mu_{a-800-water} \\ \mu_{a-850-collagen} & \mu_{a-850-HbO_2} & \mu_{a-850-Hb} & \mu_{a-850-lipid} & \mu_{a-850-water} \\ \mu_{a-910-collagen} & \mu_{a-910-HbO_2} & \mu_{a-910-Hb} & \mu_{a-910-lipid} & \mu_{a-910-water} \\ \mu_{a-950-collagen} & \mu_{a-950-HbO_2} & \mu_{a-950-Hb} & \mu_{a-950-lipid} & \mu_{a-950-water} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} C_{collagen} \\ C_{HbO_2} \\ C_{Hb} \\ C_{lipid} \\ C_{water} \end{pmatrix} \quad 10$$

【 0 0 7 9 】

数式 1 6 を数式 1 4 に最小二乗法などのフィッティング手法で $C_{content}$ をフィッティングすると、高精度にコラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビン、脂肪、水の量又は全体の量に対するそれらの割合を求めることができる。

【 0 0 8 0 】

以上のように、被検体 E の一断面の一部についてコラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビン、脂肪、水の量あるいは全体の量に対するそれらの割合を求める。その後、マッピングされた吸収係数 μ_a を用いて同様の手順をとることによって、被検体 E の一断面のコラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビン、脂肪、水の量あるいは全体の量に対するそれらの割合をマッピングする。更に、この断面を走査することで、最終的に被検体 E の 3 次元の吸収・散乱情報およびコラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビン、脂肪、水の量あるいは全体の量に対するそれらの割合の分布を取得できる。

【 0 0 8 1 】

コラーゲン、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビン、脂肪、水の量又は全体の量に対するそれらの割合の分布を得ることによって、腫瘍の位置と量を検出でき、腫瘍の良性・悪性を判別し、更には腫瘍自体の検出精度を増すことができる。

【 0 0 8 2 】

還元ヘモグロビン・酸化ヘモグロビンを用いた正常か腫瘍かの判定は、数式 1 7 で表される酸素飽和度 (S_{rO_2}) を用いて行われる。なお、 $[X]$ は X の 1 リットル辺りのモル濃度を表す。

【 0 0 8 3 】

【 数 1 7 】

$$S_{rO_2} = \frac{[HbO_2]}{[Hb] + [HbO_2]} \times 100[\%]$$

【 0 0 8 4 】

従来は、酸素飽和度で正常か腫瘍かの判定が行われてきたが、その変化量は小さく誤差に埋もれ易く、腫瘍の有無を判定する精度が低い。

【 0 0 8 5 】

そこで、本実施例は、コラーゲンと脂肪の FC による判定を主要な判定として使用し、さらに酸素飽和度を用いた判定を補助的判定として使用することで、正常と腫瘍の判定の精度を上げることができる。場所ごとのコラーゲンの量と脂肪の量を求め、生体組織の状態を判定したのと同様に、場所ごと還元ヘモグロビンと酸化ヘモグロビンの量から数式 1 7 に従って酸素飽和度を求め、その酸素飽和度によっても判定を行う。

【 0 0 8 6 】

図 1 1 は、酸素飽和度の値ごとに色分け及びマッピングした結果であり、表示部 1 7 が表示する。

【 0 0 8 7 】

図 1 2 は、生体組織の状態の分布と酸素飽和度の分布を同時に重ねて表示してマッピン

10

20

30

40

50

グした結果であり、表示部 17 が表示する。この 2 種類の分布の重なり領域がより腫瘍の可能性が高い領域となる。この表示によって、医師や患者に腫瘍の可能性が高い領域を高精度にかつ簡単に提供することができる。その際、この 2 種類の分布のうちの最初の分布は信頼性が高いので重みを与えて表示してもよい。

【0088】

その他、水の量や還元ヘモグロビンと酸化ヘモグロビンの量の合計や、求めた散乱係数を表示部 17 に表示させて、腫瘍の可能性の判断の補助に用いてもよい。例えば、散乱係数が高い領域は、腫瘍になる可能性が高いマンモグラフィ濃度が高い領域と比較的一致する。そのため、診断において表示部 17 に表示された散乱係数の分布の見ることで、付加的な情報を得ることができる。

10

【0089】

一般に、波長数を n とすると、数式 18 に示すように、フィッティングを行う。

【0090】

【数 18】

$$\begin{pmatrix} \mu_{a-\lambda 1} \\ \mu_{a-\lambda 2} \\ \vdots \\ \vdots \\ \mu_{a-\lambda n} \end{pmatrix} \leftarrow \begin{pmatrix} \mu_{a-\lambda 1-water} & \mu_{a-\lambda 1-lipid} & \mu_{a-\lambda 1-Hb} & \mu_{a-\lambda 1-HbQ} & \mu_{a-\lambda 1-collagen} \\ \mu_{a-\lambda 2-water} & \mu_{a-\lambda 2-lipid} & \mu_{a-\lambda 2-Hb} & \mu_{a-\lambda 2-HbQ} & \mu_{a-\lambda 2-collagen} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \mu_{a-\lambda n-water} & \mu_{a-\lambda n-lipid} & \mu_{a-\lambda n-Hb} & \mu_{a-\lambda n-HbQ} & \mu_{a-\lambda n-collagen} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} C_{water} \\ C_{lipid} \\ C_{Hb} \\ C_{HbQ} \\ C_{collagen} \end{pmatrix}$$

20

【0091】

以上のように、被検体 E の一断面の一部分について構成割合を求めたのち、マッピングされた吸収係数 μ_a を用いて同様の手順をとることによって、被検体 E 一断面の構成要素をマッピングすることができる。更に、この断面を走査することで、最終的に被検体 E の 3 次元の吸収・散乱情報および構成要素の分布を取得できる。

【0092】

その他、光源 2 を変調する代わりに、数ピコ秒の短パルス将被検体 E に入射させ、出力される時間波形から μ_a と μ_s' を見積もることもできる。取得した μ_a と μ_s' から構成要素を見積もる方法は前述した通りである。この手法を用いてもなお被検体 E の 3 次元の吸収・散乱情報および構成要素の分布を取得できる。また、被検体 E に一定の強度の光を照射し、その透過光強度から μ_a を求め、取得した μ_a から構成要素を見積もることも可能である。

30

【実施例 2】

【0093】

図 13 は、本発明の実施例 2 の測定装置 100A のブロック図である。測定装置 100A は AOT を利用して被検体 E の分光特性を測定する。図 13 において、図 1 と同様の部材には同一の参照符号を付している。測定装置 100A も図 2 に示す測定装置 100 の代わりに使用することができる。

40

【0094】

レーザーなどのコヒーレントな光が光源 2 から連続的に射出される。射出光は、光ファイバ 3 を通って測定容器 4 の側面から入射される。容器内に入射された光は、媒質内部を吸収と散乱を繰り返しながら伝播する。

【0095】

また、信号発生器 1 で f の正弦波信号を用いて、測定容器 4 の底面に配置された超音波トランスデューサアレイ 7 を駆動する。超音波トランスデューサアレイ 7 を制御して、測定容器 4 の局所的な領域である被検部位に音圧が集束するように超音波を照射する。超音波集束領域 P では、音圧による媒質の密度変化が生じ、媒質の屈折率や散乱係数が変化する。

50

【0096】

超音波集束領域 P を光が通過すると、媒質の屈折率や散乱係数の変化により、光の位相が変調される。超音波集束領域 P で変調を受けると、超音波の駆動周波数 f で変調された光として以後媒質中を伝播する。

【0097】

光検出器 12 には、超音波によって変調された光と変調されていない光が入射し、変調光と非変調光の両方からの信号が検出される。

【0098】

この信号を、信号抽出部 13 が検出信号をフーリエ変換し、非変調信号 I_1 と超音波の周波数 f による変調信号 I_2 とに分離する。分離した信号と参照信号を利用して、測定対象の内部の吸収係数と散乱係数を算出する。同じく演算処理部 14 で吸収係数と散乱係数から被検体 E の構成要素の割合を算出し、算出した吸収係数と散乱係数および構成要素の割合はメモリ 15 に保存される。その保存された値を画像生成部 16 でマップ化され、表示部 17 で 3 次元的な吸収係数と散乱係数および構成要素の割合の分布を表示する。

10

【0099】

図 14 は、被検体 E の一断面の断層像を得るための測定装置 100A の動作を説明するためのフローチャートである。まず、ステップ 201 で、信号発生器 1 が光源 2 を駆動する。ステップ 202 で、光源 2 は光ファイバ 3 を介して、光を被検体 E に入射させる。ステップ 203 で、超音波トランスデューサアレイ 7 は、被検体 E に超音波を照射及び集束させる。ステップ 204 で光検出器 12 は光を検出する。ステップ 205 で、光検出器 12 が検出した光強度から、数式 2 及び 3 を用いて吸収係数 μ_a と等価散乱係数 μ_s' を算出する。

20

【0100】

次に、ステップ 206 で、超音波トランスデューサアレイ 7 を制御して音圧の集束位置をずらす。次に、ステップ 207 で、光と超音波の相互作用によってタグ付けされた局所領域（超音波集束領域 P）を測定容器 4 の内部の吸収散乱体全域にくまなく配置する。被検体 E の既知の領域と未知の領域の差分をとり帰納的に求めることで、光と超音波の相互作用によってタグ付けされた局所的な領域の吸収係数・散乱係数を取得することが可能となる。ステップ 208 が、それらの値をマッピングすれば、被検体 E の一断面の断層像が容易に得ることができる。

30

【0101】

次に、ステップ 209 が駆動させる光源の波長を変える。この方法については、波長の異なる複数の光源を別々の場所から入射させても、ファイバで束ね一箇所から入射させてもよい。あるいは白色の光源を用意し、回折格子を用いて分光させたり、波長フィルターを用いて特定の波長だけを選択したりしてもよい。これらのいずれかの方法によって別の波長の光を被検体 E に入射させ、ステップ 201 から 207 の操作を繰り返し、ステップ 210 で各波長ごとに算出された μ_a と μ_s' メモリ 15 に記憶する。用いる波長数を被検体 E の構成要素の数よりも多くする点は実施例 1 と同様である。

【0102】

入射させる波長は実施例 1 と同様に、検出する構成要素によって決定される。測定する波長及びそこから構成要素を求める手段は実施例 1 に記載したとおりである。本実施例では、光と超音波の相互作用によってタグ付けされた局所的な領域の水、脂肪、酸化ヘモグロビン、還元ヘモグロビン、コラーゲンの構成割合を取得することが可能となる。この断面を走査することで、最終的に被検体 E の 3 次元の吸収・散乱情報（ステップ 210）及び構成要素の分布（ステップ 211）を取得することができる。

40

【実施例 3】

【0103】

図 15 は、本発明の実施例 3 の測定装置 100B のブロック図である。測定装置 100B は PAT を利用して被検体 E の分光特性を測定する。図 16 において、図 1 と同様の部材には同一の参照符号を付している。測定装置 100B も図 2 に示す測定装置 100 の代

50

わりに使用することができる。

【0104】

半導体レーザーなどを利用した光源2からは、信号発信器1を用いてナノ秒オーダーのパルス光が射出される。光源2からのパルス光は、光ファイバ3を通して測定容器4の側面から入射される。容器内に入射された光は被検体Eの中を伝播し、伝播した光が吸収体(被検部位)Rに当たると媒質の膨張収縮で弾性波が発生し、吸収体Rからの弾性波は被検体Eを伝播し、超音波トランスデューサアレイ7で検出される。

【0105】

信号抽出部13において信号発生器1からの同期を取ることにより、アレイごとに検出する時間の差により吸収体Rの位置を求めることができる。弾性波の強度から吸収体Rの吸収係数 μ_a を算出することができる。演算処理部14が吸収係数から被検体Eの構成要素の割合を算出し、算出した吸収係数と散乱係数、並びに、構成要素の割合はメモリ15に保存される。その保存された値を画像生成部16でマップ化され、表示部17で3次元的な吸収係数と散乱係数および構成要素の割合の分布を表示する。

10

【0106】

図16は、被検体Eの一断面の断層像を得るための測定装置100Bの動作を説明するためのフローチャートである。まず、ステップ301が光源2を駆動し、ステップ302がナノ秒オーダーの光を被検体Eに入射させる。ステップ303が吸収体Rからの超音波を検出する。ステップ304は、その強度から μ_a を算出し、ステップ305が時間差から位置を算出してマッピングを行う。ステップ306は、ステップ209と同様に、波長を変化させ、ステップ307はフィッティングにより被検体Eの構成割合を求める。また、算出された μ_a と μ_s と構成割合をメモリ15に記憶する。用いる波長数を被検体Eの構成要素の数よりも多くする点は実施例1と同様である。

20

【0107】

測定する波長及びそこから構成要素を求める方法は実施例1と同様である。本実施例では、局所的な領域の水、脂肪、酸化ヘモグロビン、還元ヘモグロビン、コラーゲンの構成割合を取得することが可能となる。この断面を走査することで、最終的に被検体Eの3次元の吸収・散乱情報および構成要素の分布を取得できる。

【0108】

以上、本発明の好ましい実施例を説明したが、本発明はこれらに限定されずその要旨の範囲内で種々の変形及び変更が可能である。

30

【図面の簡単な説明】

【0109】

【図1】本発明の実施例1の測定装置のブロック図である。

【図2】図1に示す測定装置を乳癌の検出に適用した構成の概略断面図である。

【図3】図1に示す測定装置の動作を説明するためのフローチャートである。

【図4】生体組織の主要な構成要素であるコラーゲン、脂肪、水、還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの吸収スペクトルである。

【図5】コラーゲンの吸収スペクトルに関する実測値と非特許文献3に記載された値との比較を示すグラフである。

40

【図6】コラーゲンの割合をマッピングした結果である。

【図7】脂肪の割合と水の割合をマッピングした結果である。

【図8】脂肪のフィッティング係数とコラーゲンのフィッティング係数との関係を示すグラフである。

【図9】図8に示す状態を色分け及びマッピングした結果である。

【図10】還元ヘモグロビン、酸化ヘモグロビンの割合をマッピングした結果である。

【図11】酸素飽和度の値ごとに色分け及びマッピングした結果である。

【図12】生体組織の状態の分布と酸素飽和度の分布を同時に表示してマッピングした結果である。

【図13】本発明の実施例2の測定装置のブロック図である。

50

【図 1 4】図 1 3 に示す測定装置の動作を説明するためのフローチャートである。

【図 1 5】本発明の実施例 3 の測定装置のブロック図である。

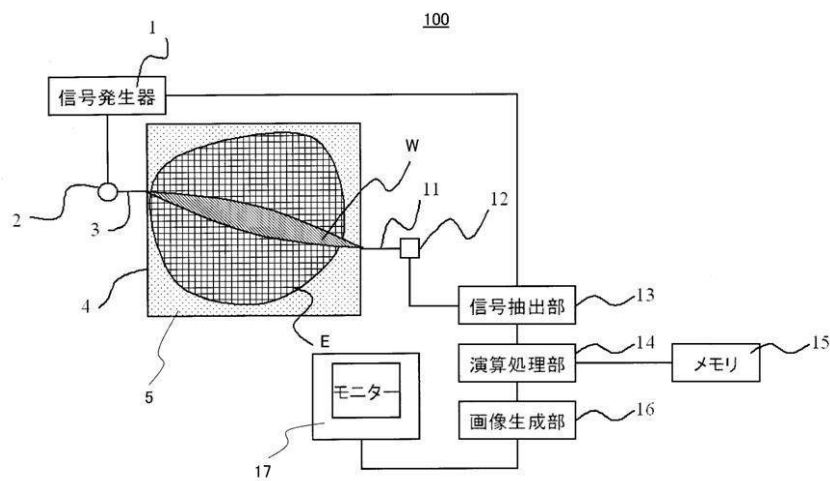
【図 1 6】図 1 5 に示す測定装置の動作を説明するためのフローチャートである。

【符号の説明】

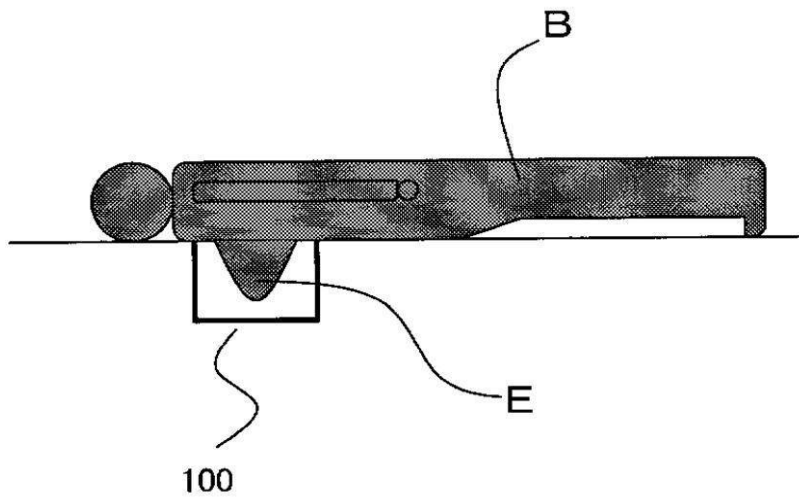
【 0 1 1 0 】

2	光源
1 4	演算処理部
1 7	表示部
1 0 0 - 1 0 0 B	測定装置

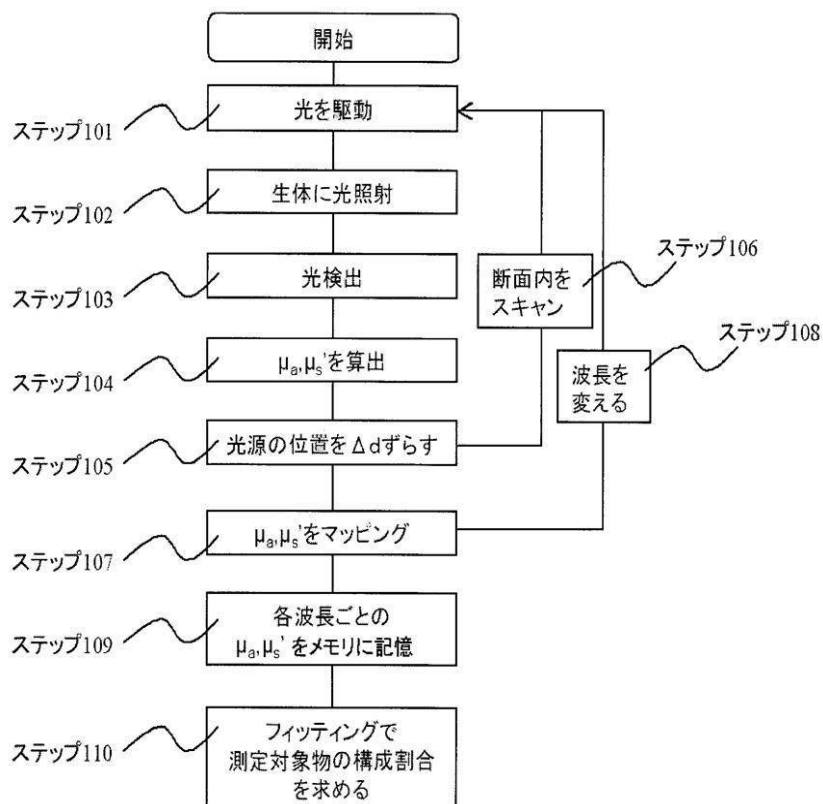
【 図 1 】



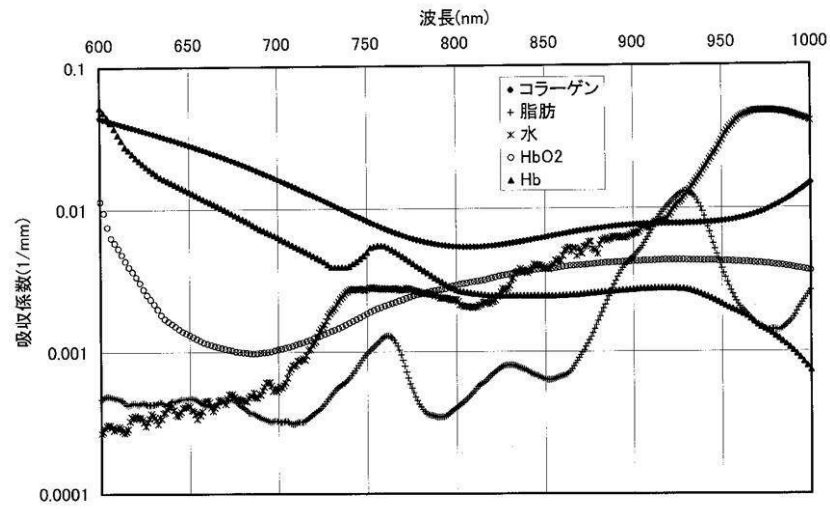
【図2】



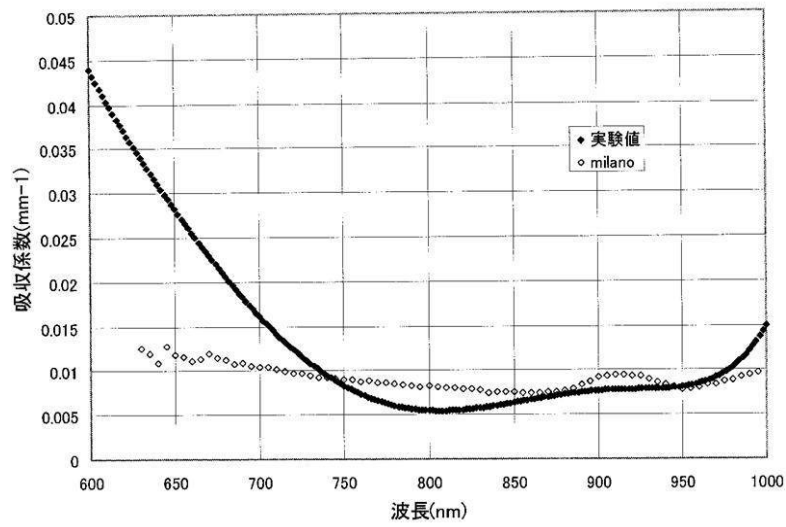
【図3】



【図 4】

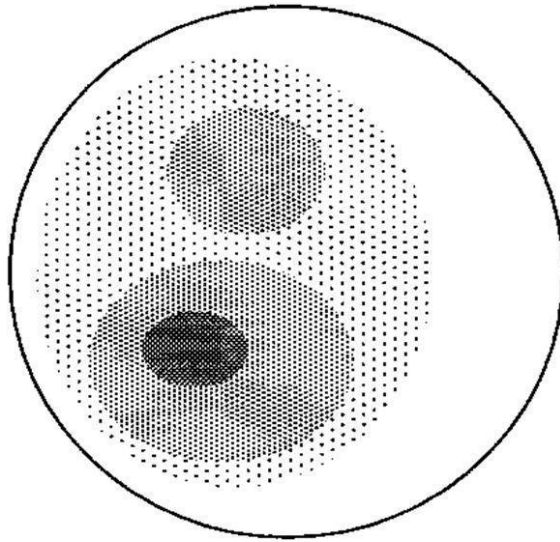


【図 5】



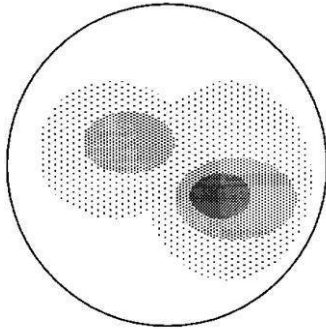
【図 6】

コラーゲンの分布

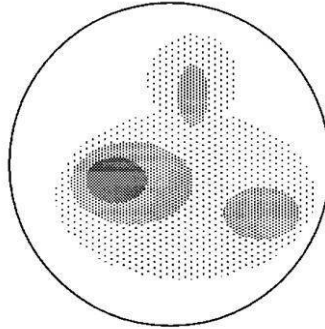


【図 7】

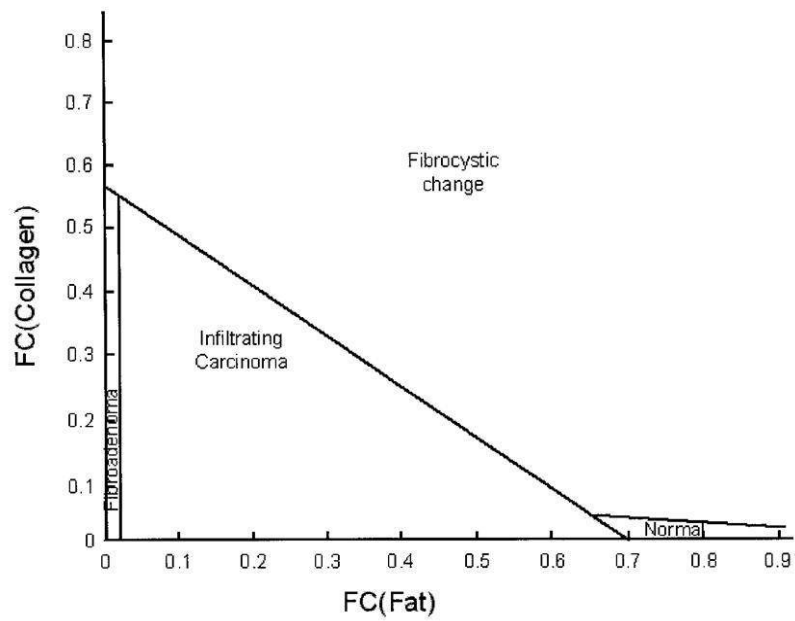
脂肪の分布



水の分布

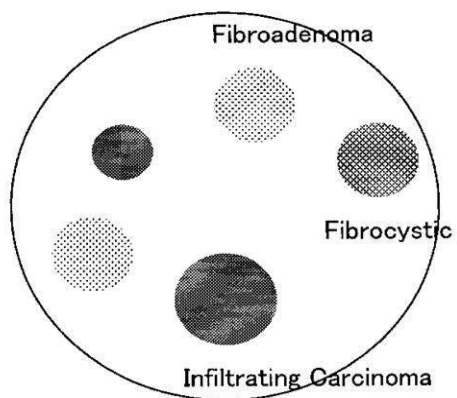


【 図 8 】

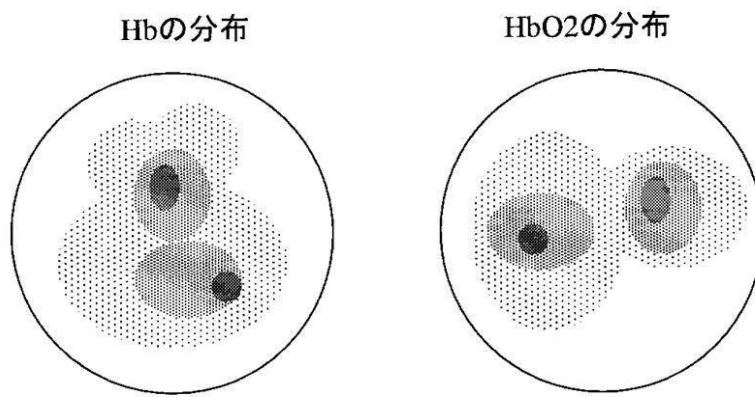


【 図 9 】

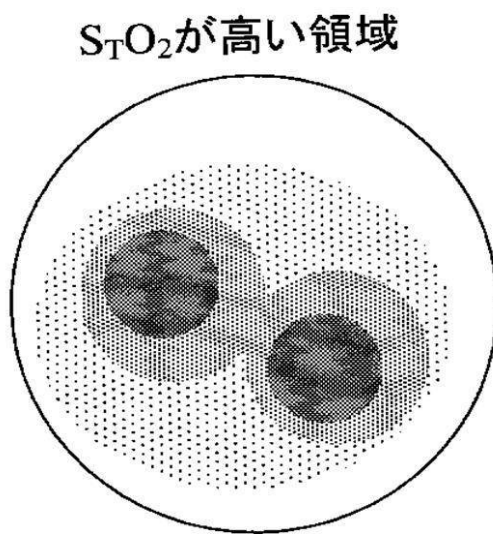
病変の種類分け



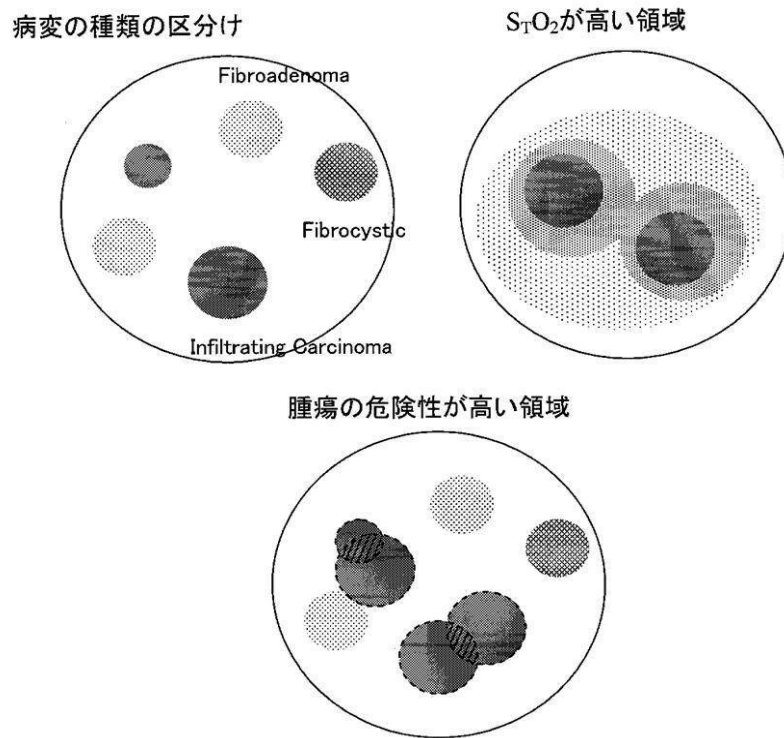
【図 10】



【図 11】

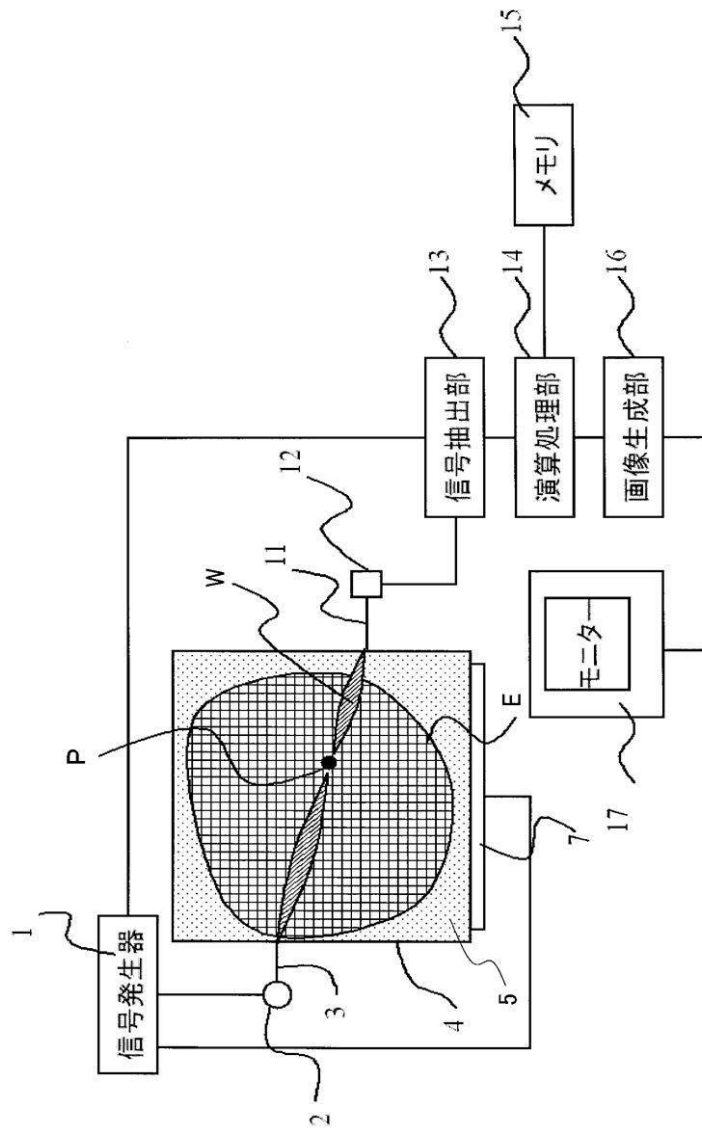


【図 12】

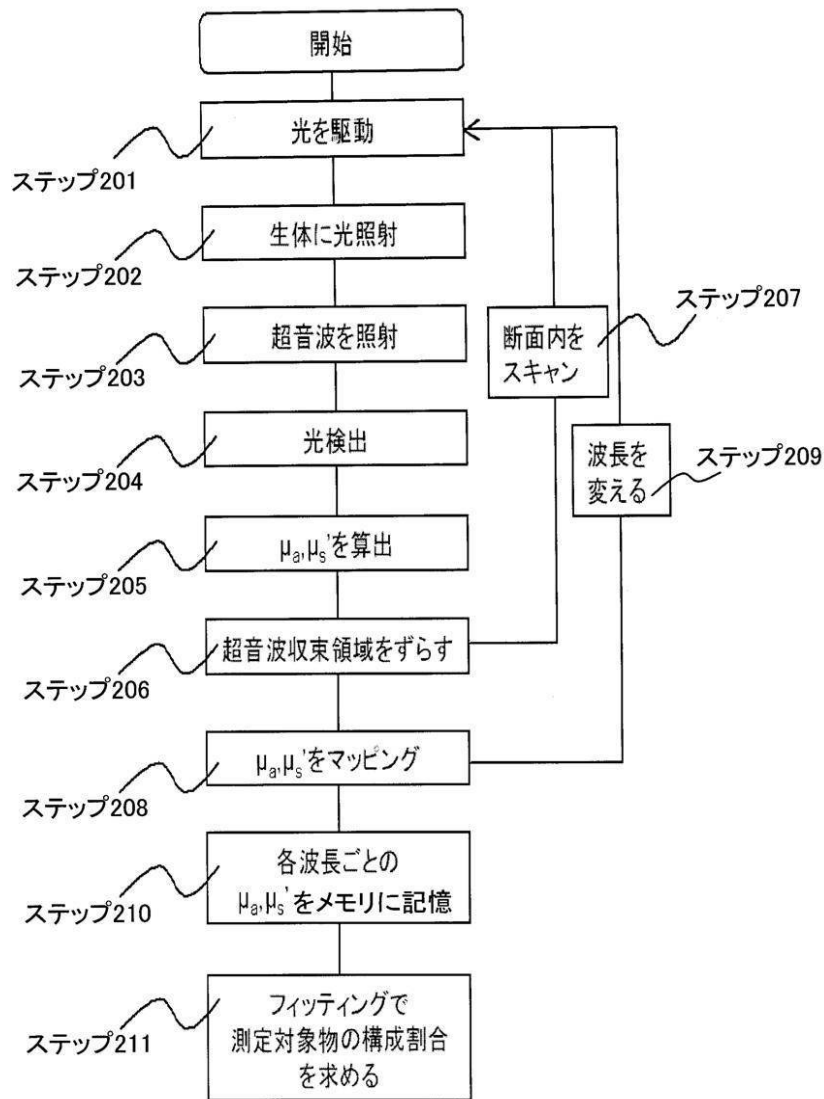


【図 13】

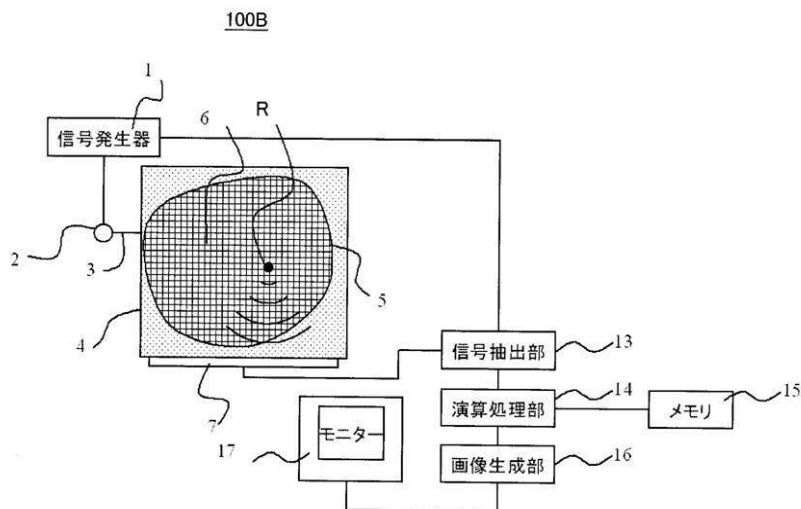
100A



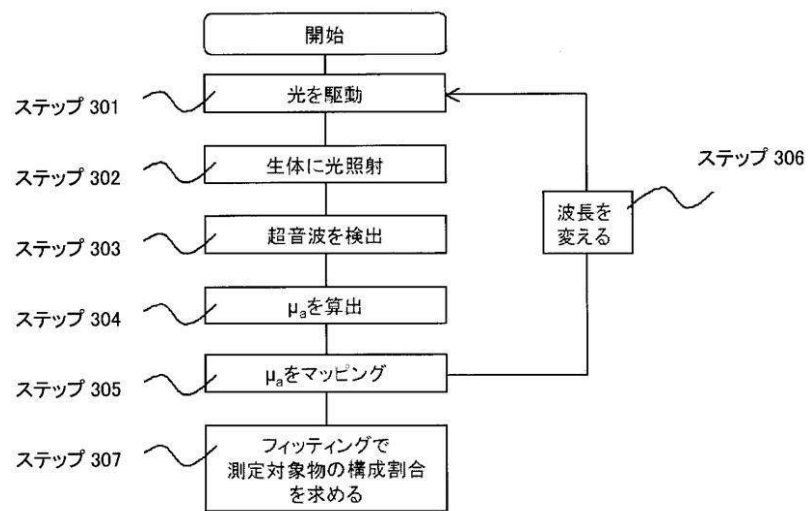
【図 14】



【図 15】



【図 16】



フロントページの続き

(72)発明者 増村 考洋
東京都大田区下丸子3丁目30番2号 キヤノン株式会社内

審査官 森口 正治

(56)参考文献 国際公開第2006/093816(WO,A1)
特表2005-534042(JP,A)
特表2003-501651(JP,A)
国際公開第2007/061754(WO,A1)

(58)調査した分野(Int.Cl.,DB名)
G01N 21/00-21/956