

遺伝的アルゴリズムによるファジィ推論の最適化と その医用画像への適用

佐 井 篤 儀 新潟大学医学部教授

要旨：

本研究では、ソフトコンピューティングの一種である遺伝的アルゴリズムを用い、ファジィ推論の最適化を行える手法を提案する。また、この手法を医用コンピュータ支援診断システムの構築への適用を試みる。その適用例として、超音波画像における心筋症のコンピュータ診断支援システムの開発である。提案法の性能を、正確度（正診率）、感度（有病正診率）および特異度（無病正診率）の三つのインデックスで評価した。その結果、本提案手法が診断支援に有効であることが示唆された。

キーワード 人工知能，医用画像，遺伝的アルゴリズム，ファジィ推論

1. まえがき

コンピュータの医療分野への応用は目覚ましく、磁気共鳴画像（MRI）や、超音波画像が心臓疾患の診断に用いられている。超音波画像による心臓機能の正常・異常の識別は、多く存在する診断法の中でも比較的簡単である。しかし、集団検診等で、一度に大量の診断をしなければならない場合には、医師への時間的・精神的負担は大きくなる。したがって、コンピュータを用いた画像情報処理により、人間では得られにくい定量的な情報を抽出、分析し、その結果を第2の意見として医師に示すことにより、診断結果のばらつきを減少させ、診断精度を向上させる診断支援システムの開発が望まれている[1 - 3]。

本研究では、これまで行ってきたニューラルネットワーク（以下；NN）を用いたコンピュータ支援診断（CAD）による心臓疾患識別法の性能比較評価のため、ファジィ推論を用いた識別手法を試みてきた。このファジィ推論による画像判別法は、処理時間が短く、判別結果もNN手法と同等であったが、ファジィ・ルールのメンバーシップ関数に正規化されたガウス分布を用いているため分布の端にある症例が誤認識されやすいという問題点があった[4 - 23]。

本研究では、この問題点の解決を念頭に置いた判別率の向上を目的として、最適解探索法として知られる遺伝的アルゴリズム（Genetic Algorithm; GA）による正規分布型メンバーシップ関数の形状最適化の方法を提案する。

この手法を医用画像への適用の第一歩として、超音波画像における心筋症のコンピュータ支援診断システムの構築を行う。

2. 対象画像および画像特徴の抽出

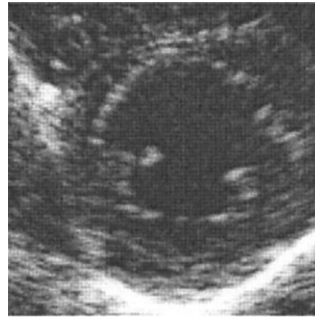
2.1 対象画像

本研究で対象とする画像は心臓超音波画像45例で、その内訳は正常例23例、拡張型心筋症（DCM）12例、肥大型心筋症（HCM）10例である。本実験では両者をまとめて異常カテゴリーとし、正常と異常の2種類のカテゴリーを扱う。本論文では、超音波診断装置SSH-160A（東芝）で出力された画像を用いる。なお、この装置で採集された画像はすべて64階調画像である。使用したトランスデューサは送受信とも2.5MHzの1個のプロープで、検査法は経胸壁Bモード心エコー法である。各症例はあらかじめ診断医によって正常、DCM、HCMのどれかに分類されており、1例につき拡張末期と収縮末期の画像2枚がある。これらの画像はイメージスキャナでコンピュータに取り込むが、その際の取り込み条件は、解像度200dpi、8ビット、白黒濃淡画像とした。取り込み後の画像サイズは縦横ともに256画素である。本研究では拡張末期と収縮末期の画像を直接使用せず、合成画

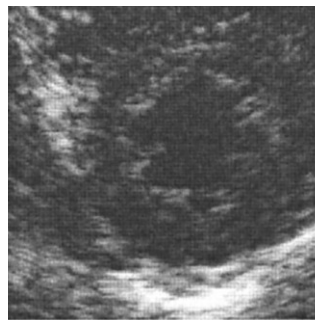
像を作成し用いた。ここでいう合成画像とは、2枚の画像の同位置画素に注目し、輝度(階調値や濃度ともいう)の高い方を出力画素の輝度とした画像である。2枚の画像 $f(x, y)$ と $g(x, y)$ の合成画像 $h(x, y)$ は次式ようになる。

$$h(x, y) = \max [f(x, y), g(x, y)] \quad (1)$$

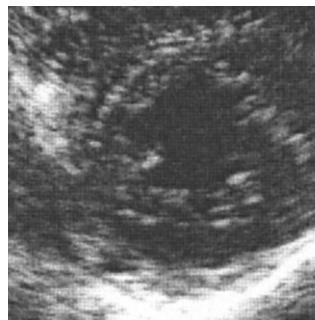
ここで、本研究で用いる超音波心臓像では、心臓内部が黒く(低濃度)、心臓輪郭が白く(高濃度)写る。式(1)を用いた理由は、鑑別診断時に判断材料とする拡張末期、収縮末期の両画像における心臓の輪郭および形状を一枚の画像に現すためである。図1に本研究で使用した超音波心臓短軸断面像の1例を示す。(a)、(b)および(c)はそれぞれ拡張末期、収縮末期および合成画像である。



(a)



(b)



(c)

図1 使用する超音波心臓断面像の1例

(a) 拡張末期, (b) 収縮末期, (c) 合成画像

Fig.1 Examples of echocardiograms.

(a) end-diastole, (b) end-systole, and (c) composite images

2.2 画像特徴の抽出

本研究では、超音波画像に特有なスペックルにおけるパターンが組織領域ごとに異なっていることに着目し、濃度共起行列に基づく統計的特徴量を利用する。濃度共起行列とは、画像内の濃度 m をもつ画素から一定の変

位 $\delta = (r, \theta)$ だけ離れた画素の濃度値が n である頻度（あるいは確率）をすべての濃度対 (m, n) について求めたものである。本研究では濃度共起行列から得られる12種類の特徴量[24]のなかで、経験的にもっとも有効であった angular second moment (Q_1), contrast (Q_2), correlation (Q_3), entropy (Q_4) の4つの特徴量を選択し用いる。また、 $r = 1, \theta = 0^\circ, 45^\circ, 90^\circ, 135^\circ$ とし、各方向の平均値を最終的な特徴値とする。 Q_1 はテクスチャーの均一性を表す特徴であり、特定の濃度対が多く存在する場合、その値は大きくなる。 Q_2 は画素対の濃度差 ($|m-n|$) の画像全体における平均を表しており、その濃度差すなわちコントラストの高い画素対が多いほど、値が大きくなる。 Q_3 は、 -1 から 1 の値となり、 δ の関係にある画素対の濃度値が比例している場合ほど値が大きくなる。つまり δ 方向の周期性パターンを示している。 Q_4 は、共起行列内の値が均等に割り当てられているほど大きくなり、均一性とは逆の性質を示す。なお、本論文で提案する GA を適用したガウス分布型メンバーシップ関数によるファジィ推論法では、これらの各特徴量からそれぞれメンバーシップ関数を作成し、判別を行う。

3. 提案手法

3.1 ファジィ推論法の概要

ファジィ理論が提案されてから35年以上になる。その応用分野也多岐にわたり、医療分野への適用の試みも行われている[25]。ファジィ理論に基づいた推論がファジィ推論である。推論の知識ベースは If Then... 形式のファジィ推論規則（またはファジィ・ルール）、入出力値を判断する前件部および後件部メンバーシップ関数から構成される。ファジィ推論には、いくつかの種類があるが、中でも簡略化ファジィ推論法はよく用いられる手法の一つである[26], [27]。本研究では簡略化ファジィ推論法を用いる。簡略化推論法におけるファジィ・ルールの例を式(2)に示す。

$$\text{rule } i: \text{if } x_1 \text{ is } c_{i1}, \text{ and } \dots, \text{ and } x_M \text{ is } c_{iM} \text{ then } y \text{ is } w_i \quad (2)$$

ここで、 i ($i=1, 2, \dots, M$) はルール番号、 $x_1, \dots, x_M$ はファジィ推論への入力変数、 y は推論出力、 $c_{i1}, \dots, c_{iM}$ は各入力変数について定義されたファジィ・ラベルである。また、 w_i はファジィ・ルールの後件部実数である。

メンバーシップ関数には、三角形、形が英文字の S のような S 関数、中央が凸の関数などがあるが、本研究では、前件部には式(3)に示すような、ガウス分布型メンバーシップ関数を用いる。

$$f(x) = \exp \left\{ -\frac{1}{2} \left(\frac{x - \mu}{\sigma} \right)^2 \right\} \quad (3)$$

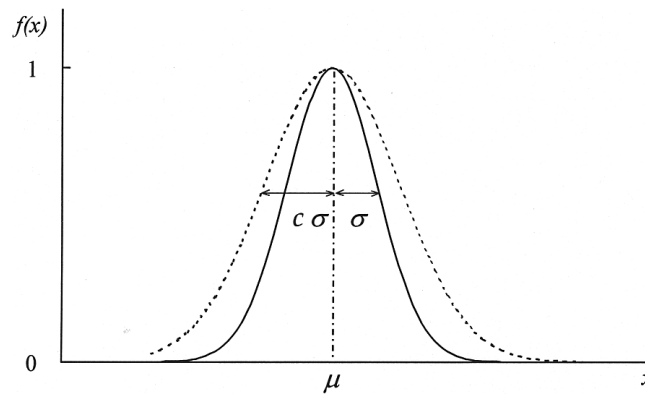


図2 ガウス分布形メンバーシップ関数

Fig. 2 Gaussian-distributed membership functions.

ただし、 μ は平均値、 σ は標準偏差である。式(3)から明らかとなり、あるカテゴリーに属する多数の画像データから抽出した、ある画像特徴量の平均および標準偏差がわかれば、図2の実線に示すようなファジィ・ルールのメンバーシップ関数を決定することができる。しかし、画像データ数が小規模である場合は、このメンバーシップ関数で必ずしも同一カテゴリーの特性を完全に反映できるとは限らない。特に分布の端の周辺にある症例は誤認識されやすい。そこで、本論文では、この問題を解消するために GA によるガウス分布型メンバ

シップ関数形状の最適化手法（以下 GA-Fuzzy 法とする）を考案する。

3.2 遺伝的アルゴリズムによるメンバーシップ関数の最適化

3.2.1 ファジィ・ルールの遺伝子コード化

本手法では、式(4)に示すような標準偏差 σ に係数 c を掛けたガウス分布型メンバーシップ関数を考える。 c はメンバーシップ関数の幅に対応した係数であり、その値は GA に基づく学習法で調整し最適化を行う（図2の破線）。

$$f(x) = \exp \left\{ -\frac{1}{2} \left(\frac{x - \mu}{c\sigma} \right)^2 \right\} \quad (4)$$

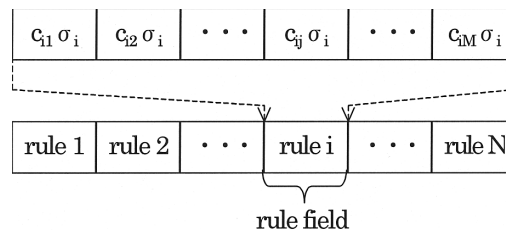


図3 N個のファジィ・ルールから構成される個体

Fig.3 Configuration of an individual consisting of N fuzzy rules.

たとえば、 N 個のファジィ・ルールがあり、それぞれのルールに M 個のメンバーシップ関数を用いている場合、図3に示すように1列に並べることで、これを一つの個体とみなすことができる。この個体の中には $M \times N$ の染色体（または遺伝子）が存在する。本手法では各染色体を一つの変数と考える。また各変数を 8bits の 2 進数 (0, 1) で表す。ここで、本論文の心筋症鑑別の例では、四つのメンバーシップ関数（濃度共起行列から求めた特徴量 $Q_1 \sim Q_4$ に対応）で構成された二つのファジィ・ルール（ルール1：normal rule，ルール2：abnormal rule）を用いる。そのため、一つの個体の中には 8 個の染色体が存在する（図4）。一方、後件部のメンバーシップ関数には、傾きが 45° かつ最大値が 1 の直線を用いる。

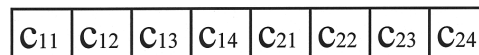


図4 二つのファジィ・ルールからなる個体の中に 8 個染色体が存在する様子

Fig.4 Two-rule set presented by a string having eight variables.

3.2.2 GA 操作

GA では、ある世代を形成している個体の集合、すなわち個体群を基本単位として進化を行う。GA の基本的操作には、選択、交叉、突然変異の三つがある。処理手順として、まず処理のはじめに初期世代の個体群を生成する。この生成された個体群の中で環境への適応度の高い個体が高い確率で生き残るように選択を行う。さらに、交叉や突然変異を行うことで次の世代の個体群が形成されていく。この操作を予め設定した終了条件を満たすまで続け、終了するまでに得た最良の個体を問題の最適解とする。

GA によるメンバーシップ関数の最適化の手順を図5に示す。各手順について以下に述べる。

(1) まず初期世代の個体群として図4に示したようなコードを200個ランダムに決定する。

各個体について、二つの評価関数を用いて各個体の適応度を算出する。評価関数の詳細については、3.3で述べる。

(3) 次に適応度の高い順に個体を並び替える。

(4) 1点交叉および突然変異を施す。方法は、まず、ランキングの上位70%（140個）の i 世代の集団中の個体を親として1点交叉を行い、子を140個生成する。このとき、残りの30%（60個）の親は淘汰される。そ

して、140個の親はそのまま $i+1$ 世代に移し、集団中の個体総数を合わせるため、新たに生成された140個の子のうち、適応度の高い上位60個を $i+1$ 世代に移し、残りは破棄する。次に、集団中の5%の個体（ランダムに選択）に突然変異を行う。

(5) (2)~(4)までを1世代とし、50世代まで終了した時点で最も適応度の高い個体を最適解とする。

なお、最大世代数は実験的に決定した値であり、複数の組み合わせの学習データを用いて実験した結果、そのすべてにおいて50世代までに最大適応度が1.0となったためである。また同様に、個体数、交叉率、突然変異率なども実験的に決定した値である。

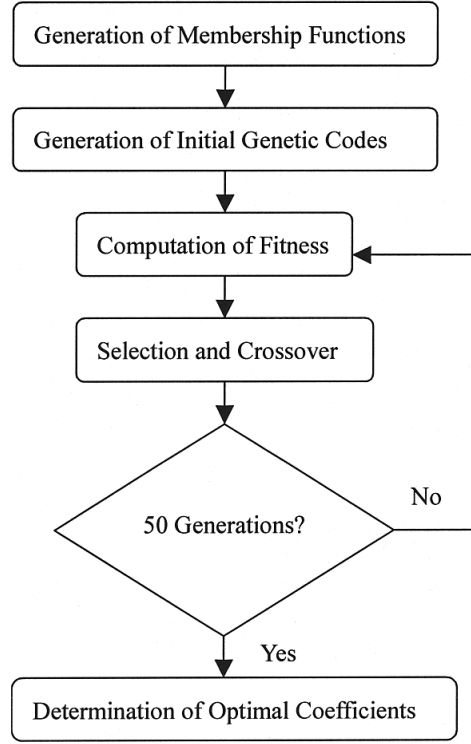


図5 GAによる最適化の手順
Fig.5 Procedure of optimization using CA's.

3.2.3 非ファジィ化の方法

メンバーシップ関数最適化のための学習および判別を行うとき、後件部のメンバーシップ関数を強制的に一つの数値で代表させなければならない。この操作を非ファジィ化（defuzzification）と呼ぶ。最もしばしば用いられる方法は、結論として得られたメンバーシップ関数の重心や面積の中心を求める方法である。本研究では、これらの方法の代わりに、最大のメンバーシップ値を採用する MIN-MAX 合成高さを採用する[28]。以下、本手法での非ファジィ化について述べる。

まず、 $\mu_{nor}(Q_1), \mu_{nor}(Q_2), \mu_{nor}(Q_3), \mu_{nor}(Q_4)$ を正常カテゴリーのある画像から得た四つの統計的特徴量の値とし、同様に、 $\mu_{ab}(Q_1), \mu_{ab}(Q_2), \mu_{ab}(Q_3), \mu_{ab}(Q_4)$ を異常カテゴリーのある画像から得た四つの統計的特徴量の値とする。次に、両画像のそれぞれの特徴量の最小値を式(5)と式(6)で表す。

$$\mu_{nor} = \text{MIN} [\mu_{nor}(Q_1), \mu_{nor}(Q_2), \mu_{nor}(Q_3), \mu_{nor}(Q_4)] \quad (5)$$

$$\mu_{ab} = \text{MIN} [\mu_{ab}(Q_1), \mu_{ab}(Q_2), \mu_{ab}(Q_3), \mu_{ab}(Q_4)] \quad (6)$$

この操作を MIN (minimum) 操作と呼ぶ。さらに、式(7)に示すように、値の大きいほうをとる操作、すなわち MAX (maximum) 操作を行う。

$$\mu_{nor \rightarrow ab} = \text{MAX} [\mu_{nor}, \mu_{ab}] \quad (7)$$

最後に、推論の結果を次のように決める。

$$\text{If } \mu_{nor \rightarrow ab} = \mu_{nor} \rightarrow \text{正常} \quad (8)$$

$$\text{If } \mu_{\text{nor}} = \mu_{\text{ab}} \rightarrow \text{異常} \quad (9)$$

たとえば，ある未知の画像特徴データを入力したとき，図 6 に示すように，ルール 1 の後件部の最小値 (MIN)，すなわち正常の確信度が 0.4，ルール 2 の後件部の MIN，すなわち異常の確信度が -0.2 になったとする。この場合，両者の絶対値の MAX を採用するので，認識用の未知データは正常であると判別される。ここで， $\mu_{\text{nor}} = \mu_{\text{ab}}$ の場合は，判別不能であるため誤認識となる。

3.3 ファジィ推論による判別

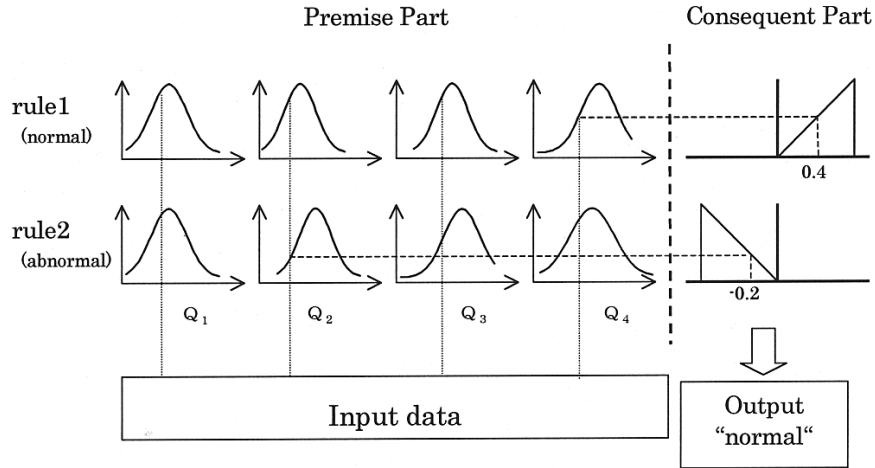


図 6 ガウス分布形メンバーシップ関数を用いたファジィ推論

Fig.6 Fuzzy reasoning using 8 Gaussian-distributed membership functions.

2.1で述べた45例の画像データを Group A (正常12例，異常12例)と Group B (正常11例，異常10例)に分ける。Group A を学習用データとし，学習後 Group B を判別させる。また，学習データと認識データを入れ替えて同じ実験を行い，結果の値の平均をとる。

学習の段階で，式(10)と式(11)に示している評価関数を用いて適応度を算出する。

$$f_1 = \frac{n - m}{n} \quad (10)$$

$$f_2 = \sum_{i=1}^n (d_{1i} - d_{2i})^2 \quad (11)$$

ここで，式(10)の n は学習用の画像データの総数， m は学習用データを順次入力して認識された場合の誤認識の回数である。 $m = n$ ，すなわち入力されたデータ全てが誤認識であった場合は $f_1 = 0$ となり， $m = 0$ ，すなわち入力されたデータが全て正しく認識された場合は $f_1 = 1$ となる。式(11)の d_{1i} と d_{2i} は，それぞれ i 番目の入力データに対するルール 1 とルール 2 の各メンバーシップ関数から得られる最小値，すなわち正常の確信度と異常の確信度を表している。メンバーシップ関数の最小値の差が大きいくほど f_2 は大きくなる。 f_1 と f_2 から得た値を用いて，次の規則に従い集団中の個体を並び替える。

- (1) 集団中の個体を， f_1 の高い順に並び替える。
- (2) 集団中に複数の個体と同じ f_1 の値をもつ場合は， f_2 の高い順に並び替える。

設定された世代数まで学習が完了すれば，その時点の一番適応度が高い個体の遺伝子コードを最適係数とする。得られた最適係数を用いてルールごとの各メンバーシップ関数の幅 ($c\sigma$) を決定し，認識用データを順次入力して判別を行う。

4. 結果と考察

表 1 に本研究で提案している GA-Fuzzy 法，そして筆者らが以前報告した BP-NN 法と GA-NN 法による判別結果を示す。また，GA によるメンバーシップ関数の最適化の有効性を確認するため，GA を使用しない場合の判別結果も調べた。

表1 異なる CAD 手法の性能評価
Table Performance comparison for various CADs.

Method	Accuracy	Sensitivity	Specificity
BP-NN	82.1%	83.0%	80.8%
GA-NN	88.7%	91.7%	86.4%
Fuzzy	91.4%	91.7%	91.3%
GA-Fuzzy	95.9%	91.7%	100%

これらの支援診断システムの性能は，ROC (receiver operating characteristic) 解析でよく用いられる accuracy (正確度：正診率)，sensitivity (感度：有病正診率) および specificity (特異度：無病正診率) を用いて比較評価を行った。これらの三つのインデックスは，式(12)～式(14)で定義されている[29]。

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (12)$$

$$\text{Sensitivity} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (13)$$

$$\text{Specificity} = \frac{TN}{TN + FP} \quad (14)$$

ここで， TP ， FP ， TN および FN は，それぞれ true positive，false positive，true negative および false negative である。

表1から，まず accuracy だけを比較したとき BP-NN 法，GA-NN 法および Fuzzy 法に比べて，GA-Fuzzy 法は95.9%と高い値を示し，最も優れた手法と言える。しかし，判別率だけでシステムの性能の比較をすることは不十分である。それは False Positive か，あるいは False Negative かでは，診断後の受診者に与える影響に大きな違いを見せることになるからである。したがって，sensitivity および specificity の二つの評価パラメータを用いる。

Sensitivity のもつ意味は受診者の体が実際に異常であった場合について正確に判別できたかを示し，また specificity は実際に正常であった場合について正確に判別できたかを示す。実験結果から sensitivity は BP-NN 法の83.0%を除き，他の3手法は共に91.7%であり，有意差はない。BP-NN 法の sensitivity が低い理由としては，FN の症例数は他の方法によるものよりも多いことが挙げられる。Specificity については GA-Fuzzy 法が100%で最も高く，Fuzzy 法，GA-NN 法および BP-NN 法の順に低くなる。またこの結果は GA によるメンバーシップ関数の最適化が，有効であることを示している。

ファジィ推論を用いた場合では，Fuzzy 法よりも GA-Fuzzy 法の方が良好な結果を示した。判別率が向上した理由として，入力データがメンバーシップ関数の端の値になる症例であったときに，ファジィ推論だけでは対処できず，誤認識の原因となったと考えられる。そのため，GA を用いてメンバーシップ関数の幅を最適化したことが，判別率の向上に寄与したと考える。

NN を用いた場合と Fuzzy を利用した場合とでは，Fuzzy を用いた方が判別率は良好であった。両手法ともあいまいさを取り扱う理論であるが，両者の違いは画像から得た特徴量の捕え方にある。結果から，Fuzzy 推論の方が特徴量の捕え方が優れており，また，GA による Fuzzy メンバーシップ関数の最適化も有用であったと考える。なお，文献15では，線形判別法と NN の比較実験を行っており，NN のほうが有用であったと結論付けている。それに従って，今後は NN と Fuzzy の特徴量の捕え方に対する厳密な比較実験をシミュレーション等で行う必要があると考える。

また，今後は症例を増やしてからの再実験が必須であり，母体数 (学習データ数) による Fuzzy 法と GA-Fuzzy 法の有意差なども検定する予定である。つまり，どれぐらいの学習データがあれば，GA によるメンバーシップ関数の補正が不要になるかなどを検討する。また，実際に臨床現場での試用を考えると，多種多様の症例が必要であり，そのためには症例の収集が今後の最も大きな課題であると考えられる。

5. むすび

本研究では、ファジィ推論を用いたコンピュータ支援診断の一手法を提案した。この手法の特徴は、ガウス分布型のメンバーシップ関数を用いたことと、GA を用いてそのメンバーシップ関数の形状を最適化したことである。本手法の有効性を明らかにするため、従来の手法との比較を行った。Accuracy, sensitivity および specificity の結果から、本手法によるシステムが評価対象とした心筋症の CAD としては最も優れたシステムであることがわかった。また、これらの実験結果から、GA によるメンバーシップ関数の最適化が有効であることを示した。

今後の課題としては、症例を増やすこと、簡略化したファジィ・ルール後件部のメンバーシップ関数形状の再検討、等が挙げられる。

文 献

- [1] 小塚隆弘, 画像医学プロGRESSシリーズ1——心臓超音波, 中山書店, 1992.
- [2] 土井邦雄 “世界における CAD 開発研究の動向” INNERVISION, vol.8, no.9, pp.16-17, 1993.
- [3] 鳥脇純一郎 “画像診断支援——研究開発の動向” Med. Imag. Tech., vol.12, no.3, pp.171-179, 1994.
- [4] 尾崎 弘, 谷口慶治, 画像処理——その基礎から応用まで, コロナ社, 1989.
- [5] 安居院 猛, 長尾智晴, 画像の処理と認識, 昭晃堂, 1992.
- [6] R.C. Gonzalez and R.E. Woods, Digital Image Processing, Addison-Wesley Publishing, 1992.
- [7] 内田 勝監修, デジタル放射線画像, オーム社, 1998.
- [8] P.D. Wasserman, Neural Computing, Van Nostrand Reinhold, 1989.
- [9] J.A. Anderson and E. Rosenfeld, Neuro-Computing Foundations of Research, The MIT Press, 1990.
- [10] 萩原将文, ニューロ・ファジィ・遺伝的アルゴリズム, 産業図書, 1994.
- [11] D.E. Goldberg, Genetic Algorithm in Search, Optimization, and Machine Learning, Addison-Wesley Publishing, 1989.
- [12] 米澤保雄, 遺伝的アルゴリズム——進化理論の情報科学, 森北出版, 1994.
- [13] 伊藤斉志, 遺伝的アルゴリズムの基礎——GA の謎を解く, オーム社, 1994.
- [14] D.Y. Tsai and M. Tomita, “A computer-aided system for discrimination of dilated cardiomyopathy using echocardiographic images” IEICE Trans. Fundamentals, vol.E-78-A, pp.1649-1654, 1995.
- [15] 蔡 篤儀, 渡邊伸司, 小島克之, 富田政明 “超音波画像処理を用いた心筋症の支援診断システム” 医用画像情報学会雑誌, vol.13, no.2, pp.61-69, 1996.
- [16] 蔡 篤儀, 渡邊伸司, 小島克之, 富田政明 “遺伝的アルゴリズムによる伸筋鑑別回路網の荷重値決定” Med. Imag. Tech., vol.15, no.4, pp. 557-558, 1997.
- [17] D.Y. Tsai, S. Watanabe, K. Kojima and T. Tomita “Comparative performance study of BP- and GA-based neural networks for automated classification of heart diseases from ultrasound images” Proc. of CARS '98-Computer Assisted Radiology and Surgery, pp. 248-253, 1998.
- [18] D.Y. Tsai “Classification of heart diseases in ultrasonic images using neural networks trained by genetic algorithm” Proc. IEEE Fourth International Conference on Signal Processing (ICSP '98), vol. 2, pp.1213-1216, 1998.
- [19] D.Y. Tsai, Sh. Watanabe, Sa. Watanabe, K. Kojima and I. Yamada “Application of a genetic-algorithm-based fuzzy reasoning for classification of myocardial heart disease” Proc. CARS '99 Computer Assisted Radiology and Surgery, pp.398-402, 1999.
- [20] D.Y. Tsai and S. Watanabe “A method for optimization of fuzzy reasoning by genetic algorithms and its application to discrimination of myocardial heart disease” IEEE Trans.Nucl. Sci., vol.46, no.6, pp.2239-2246, 1999.
- [21] 水本雅晴, ファジィ理論とその応用, サイエンス社, 1990.
- [22] 寺野寿郎, 浅居喜代治, 菅野道夫, ファジィシステム入門, オーム社, 1990.
- [23] 柴田崇徳, 福田敏男, ファジィロボット, 朝倉書店, 1997.

- [24] 高木幹雄，下田陽久，画像解析ハンドブック，東京大学出版社，1991。
- [25] 有田清三郎，メディカル・ファジイのはなし，日刊工業新聞社，1992。
- [26] 菅野道夫，ファジイ制御，日刊工業新聞社，1996。
- [27] 大木 誠，森山敏明，大北正昭 “ 可変型ビット選択確率を用いた遺伝的アルゴリズムによるファジイ推論の最適化 ” 信学論，vol. J81-D- ，no.1, pp.127-136, 1998。
- [28] 寺野寿郎，浅居喜代治，菅野道夫，応用ファジイシステム入門，オーム社，1990。
- [29] M.G. Penedo, M.J. Carreira, and A. Mosquera “ A neural-network-based approach to lung nodule detection ” IEEE Trans. Medical Imaging, vol.17, pp. 872-880, 1998.

発 表 資 料

題 名	掲 載 誌 ・ 学 会 名 等	発 表 年 月
Fuzzy-Reasoning-Based Diagnosis Scheme for Automated Classification of Heart Disease from Ultrasonic Images	Proc. of the 10th IEEE International Conference on Fuzzy Systems	2001年11月
ファジイ推論を用いた心臓超音波画像における心筋症のコンピュータ支援診断	電子情報通信学会 A 論文誌	2001年12月
Measurements of Texture Features of Medical Images And Its Application to Computer-Aided Diagnosis in Cardiomyopathy	IMEKO-TC7 Symposium (International Measurement Confederation)	2002年 6 月
Fuzzy Reasoning Based Computer-Aided Diagnosis for Automated Discrimination of Myocardial Heart Disease from Ultrasonic Images	Electronics and Communication in Japan	2002年 (掲載予定)