

MRS代謝産物定量解析ソフト

LCModel

Stephen Provencher's homepage
<http://s-provencher.com/index.shtml>
Contact: sp@s-provencher.com

-1H MRスペクトルから代謝産物の濃度を自動定量計算-

LCModel はMRI装置の1H MRS(PressまたはSteam)から代謝産物の定量解析を行うソフトウェアです。代表的なMRメーカーのrawデータの読み込みに対応しており、MRスペクトルを自動処理(FT, 位相補正等)し、カーブフィットした後に、MR装置、TE毎のBasis-setデータと比較し、代謝物毎のピーク分離で計算されるピークエリアから各代謝産物の定量(水分を基準としたmM(mmol/L)濃度、または対Creatine比)を自動的に行います。分析結果はMRスペクトル、代謝産物の名称、濃度、標準偏差(SD)の情報と共にポストスクリプト(PS)ファイル、CSVファイル、TXTファイルへ出力されます。

Ver6.1からIMCL (筋細胞内脂肪)、EMCL (筋細胞外脂肪)の解析が追加されました。

Ver6.2から、脂肪(lipid)、肝脂肪(liver)、胸部脂肪(breast)、脳髄液(CSF) 解析が追加されました。

対応OS

Sun, SGI, Compaq/DEC Unix,
Linux x86 version (Red Hat Enterprise, Fedora Core)

対応RAWデータファイルフォーマット

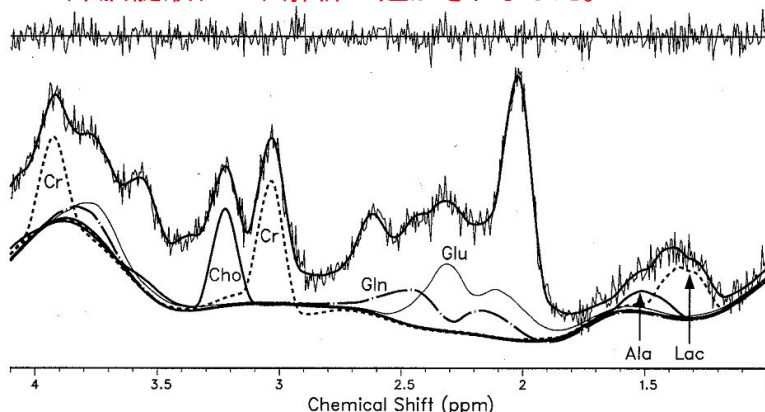
○シングルボクセルフォーマット

GE	5. x Probe raw P-filesおよび spectrum G-file Probe raw P-files, (new) Signa20P-filesを含む P-filesマルチチャンネル(フェイズアレイ)データ
Philips	SDAT & SPARファイル
Pickier (Marconi)	DUMPファイル
Siemens	syngo PCコンソールで変換済みの*rsa file およびSiemens rawファイル(old) Numaris-3 Unix console.
東芝	rawDataファイルおよびVersion 7. xx (以降の) DICOMファイル

Bruker社、Varian社のRAWデータファイルにも対応

○マルチボクセル(CSI)フォーマット

Philips, Siemens, 東芝



LCModel内部でのベースライン補正と
各成分のフィットの解析例

Control Parameters

You can change any parameters below.
When you are satisfied, click on "Run LCModel" at the bottom.
(Non-Expert users with single-voxel data can often click on "Run LCModel" immediately.)

TITLE: vol_777 (02.10.07-13:09:18-DST-1.3.12.2.1107.5.2.14.16505) Series/Acq=6/1 (2002.10.07 13:27) csi_se_135 MS_8 TR/TE/NS=2000/135/4, 6.3mL (M 031Y, 80kg) RESEARCH CLINIC

Analyzing spectrum from: 4.0 ppm, down to: 1.8 ppm

BASIS file: /SP/sp/lcmodel/basis-sets/siemens_press_te135_99e.basis Change BASIS

☒ Do eddy-current correction ☐ Do water-scaling

Save File types to directory: /SP/sp/lcmodel/saved/vol_777_6 Reconfigure

Only for Multi-Voxel or Multi-Channel data files: Total data Columns: 16 Selecting Columns 1 through 16 for Preview and then Analysis.
Total data Rows: 16 Selecting Rows 1 through 16 for Preview and then Analysis.
Total data Slices: 1 Selecting Slice 1 for Preview and then Analysis.

Advanced Settings

Run LCModel Preview Data Reload Data Exit LCModel

LCModel操作時のGUI画面

脳代謝物の解析にはタグ情報を確かめ、basis-setを指定し、オプションを選択するだけです。

解析のモードと解析対象代謝物

○デフォルト(脳代謝物)(図1参照)

略称	化合物名	略称	化合物名
Ala	L-Alanine	Lac	L-Lactate
Asp	Aspartate	NAA	N-Acetylaspaspartate
Cr	Creatine	NAAG	N-Acetylaspaspartylglutamate
GABA	γ -Aminobutyric Acid	Scyllo	Scyllo-Inisutol
Glc	Glucose	Tau	Taurine
Gln	Glutamine	-CrCH ₂	Creartine metylene group
Glu	Glutamate	Gua	Guanideacetate
GPC	Glycerophosphocholine (choline)	MM	MacroMolecule
PCh	Phosphocholine (choline)	Lip	Lipid
Ins, ml	myo-Inositol		

○肝脂肪(Liver-1)のピーク(図2参照)

Lip13	脂肪の1.3ppm付近のCH ₂ ピーク
Lip09	脂肪の0.9ppm付近のCH ₃ ピーク
Lip20	脂肪の2.0ppm付近のCH ₂ ピーク
Lip53	脂肪の5.3ppm付近のCHピーク
Cho	Choline

○筋細胞脂肪(muscle)のピーク

IMCL	(intramyocellular) 筋細胞内脂肪 1.3ppm付近のCH ₂ ピーク
EMCL	(extramyocellular) 筋細胞外脂肪 1.5ppm付近のCH ₂ ピーク
Cr	Creatine
I09	IMCLに基づく0.9ppm付近のCH ₃ ピーク
E11	EMCLに基づく1.1ppm付近のCH ₃ ピーク
Tau	Taurine

○脳腫瘍(tumor)

脳腫瘍においてNAA、クレアチン濃度が低くピークが小さい場合

○髄液(csf)

LacとGlcのピークを基準として脳代謝物を解析

○骨など(lipid)

脂肪のみの汎用解析

○乳腺(breast)

脂肪と水およびコリンのみを解析(乳腺以外にも利用可)

*クエン酸(前立腺腫瘍等)の解析については、現時点では未対応

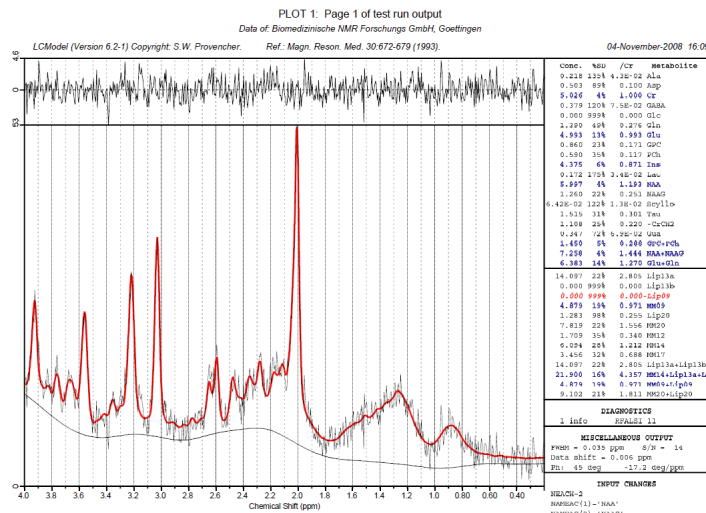


図1: LCMoDelによる脳MRSの解析結果

左: スペクトル

右: 解析結果(化合物名, 濃度, 標準偏差)

(LCModel (Version 6.2-1) Copyright: S.W. Provencher.)

PLOT 11: Liver spectrum using SPTYPE=liver-3. A (very small) possible choline peak was found.
"Conc." values in the top table are ratios of the metabolite resonance area to the water resonance area.

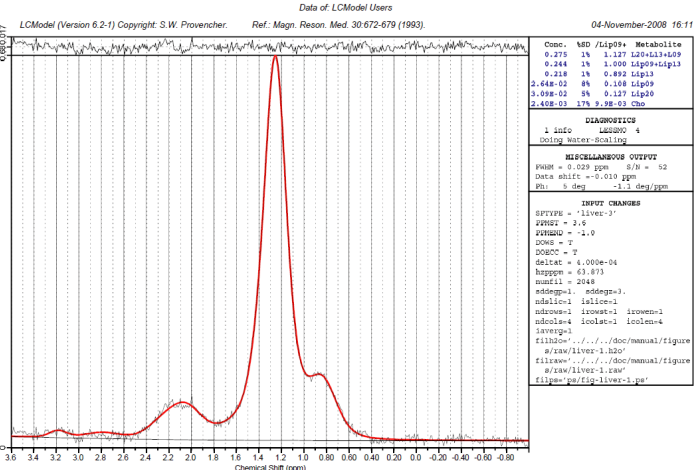


図2: LCMoDelによる肝脂肪MRSの解析結果

(LCModel (Version 6.2-1) Copyright: S.W. Provencher)

LCModel使用のメリット

1: 主観による誤差が生じません。

MRSデータの解析には、主観的な操作を伴うために誤差が生じやすいですが、LCModelは自動解析であるため、主観による誤差が生じません。

2: MRIメーカー間、測定条件による誤差を小さくします。

特定の代謝成分の標準濃度溶液を測定したbasis-setファイルを基準として使用し、解析時に比較することにより、対象となる代謝成分の解析が正確になり、MRIメーカー間、測定条件による誤差をある程度補正できます。



お問い合わせ

株式会社エルエイシステムズ

〒110-0005 東京都台東区上野1-11-5 時計会館ビル1F

TEL: 03-5812-5311 FAX: 03-5807-4050

e-mail: support@las.jp URL: http://www.las.jp