

# 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<br>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 |
|---------|-----------------|

|                  |          |
|------------------|----------|
| Picker (Marconi) | DUMPファイル |
|------------------|----------|

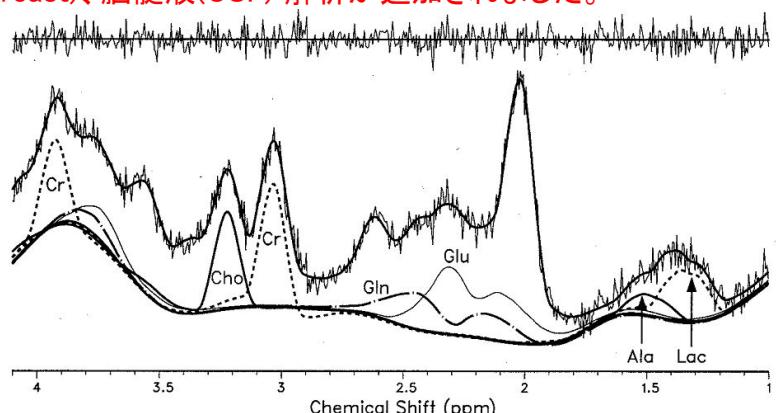
|         |  |
|---------|--|
| Siemens | syngo PCコンソールで変換済みの*rsa fileおよびSiemens rawファイル(old)Numaris-3 Unix console. |
|---------|--|

|    |  |
|----|--|
| 東芝 | rawDataファイルおよびVersion 7.xx(以降の)DICOMファイル |
|----|--|

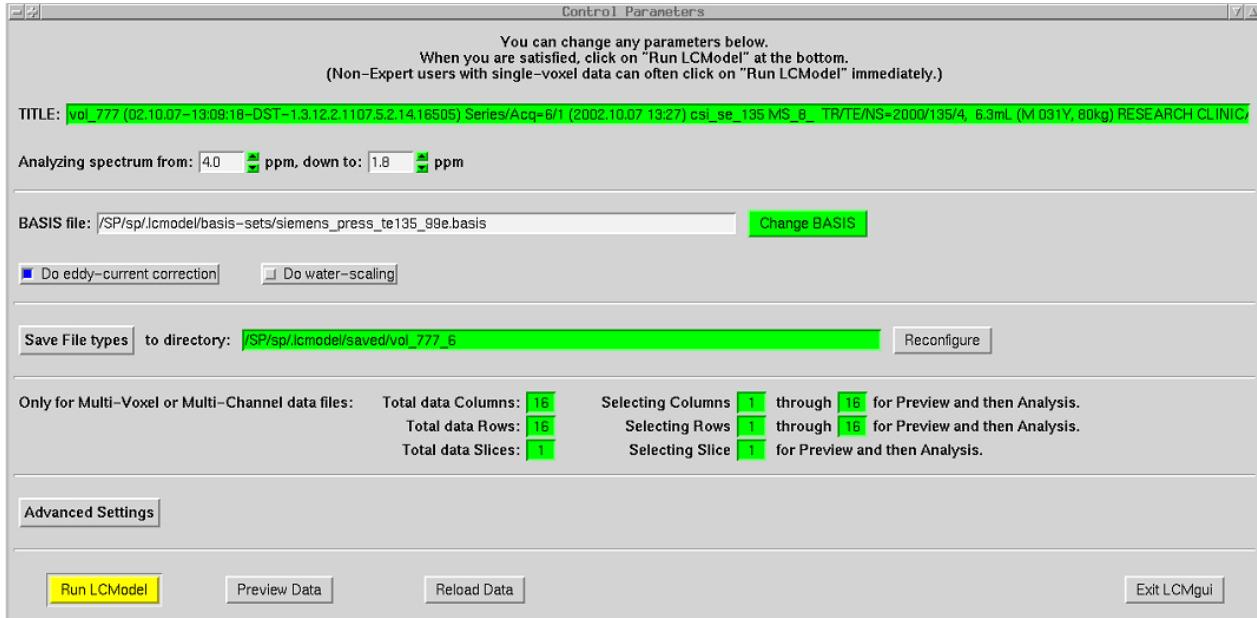
Bruker社、Varian社のRAWデータファイルにも対応

#### ○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



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    | Asparate                       | NAA                | N-Acetyl aspartate         |
| Cr     | Creatine                       | NAAG               | N-Acetyl aspartylglutamate |
| GABA   | $\gamma$ -Aminobutyric Acid    | Scyllo             | Scyllo-Inositol            |
| Glc    | Glucose                        | Tau                | Taurine                    |
| Gln    | Glutamine                      | -CrCH <sub>2</sub> | Creatine methylene 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 <sub>2</sub> ピーク |
| Lip09 | 脂肪の0.9ppm付近のCH <sub>3</sub> ピーク |
| Lip20 | 脂肪の2.0ppm付近のCH <sub>2</sub> 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 <sub>2</sub> ピーク |
| EMCL | (extramyocellular)筋細胞外脂肪 1.5ppm付近のCH <sub>2</sub> ピーク |
| Cr   | Creatine  |
| I09  | IMCLに基づく0.9ppm付近のCH <sub>3</sub> ピーク                  |
| E11  | EMCLに基づく1.1ppm付近のCH <sub>3</sub> ピーク                  |
| Tau  | Taurine   |

### ○脳腫瘍(tumor)

脳腫瘍においてNAA、クレアチニ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

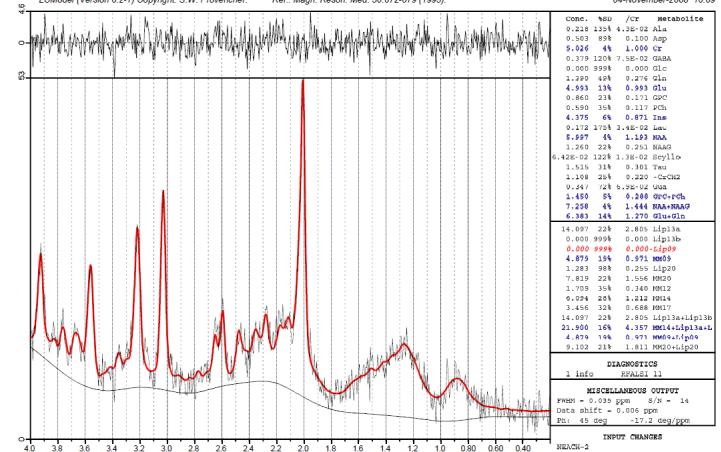


図1 : LCModelによる脳MRSの解析結果

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.

Data of: LCModel Users

LCModel (Version 6.2-1) Copyright: S.W. Provencher. Ref. Magn. Reson. Med. 30:672-679 (1993).

INPUT CHANGES

NMACH-2

NAMAC(1)=NAA'

NAAGC(1)=NAAG'

happgen=84.47

happ