

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

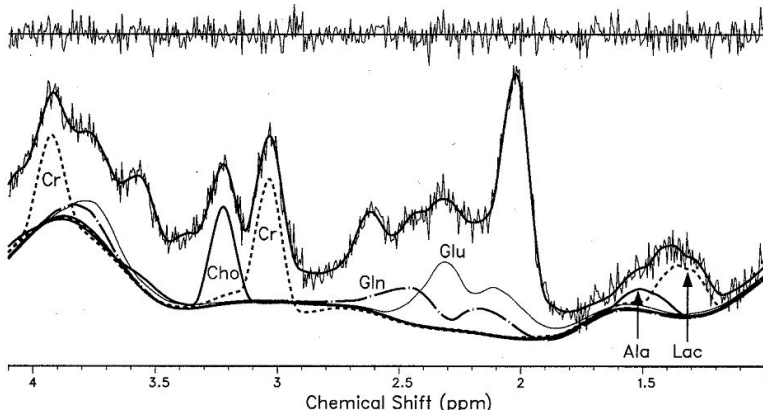
○シングルボクセルフォーマット

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
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

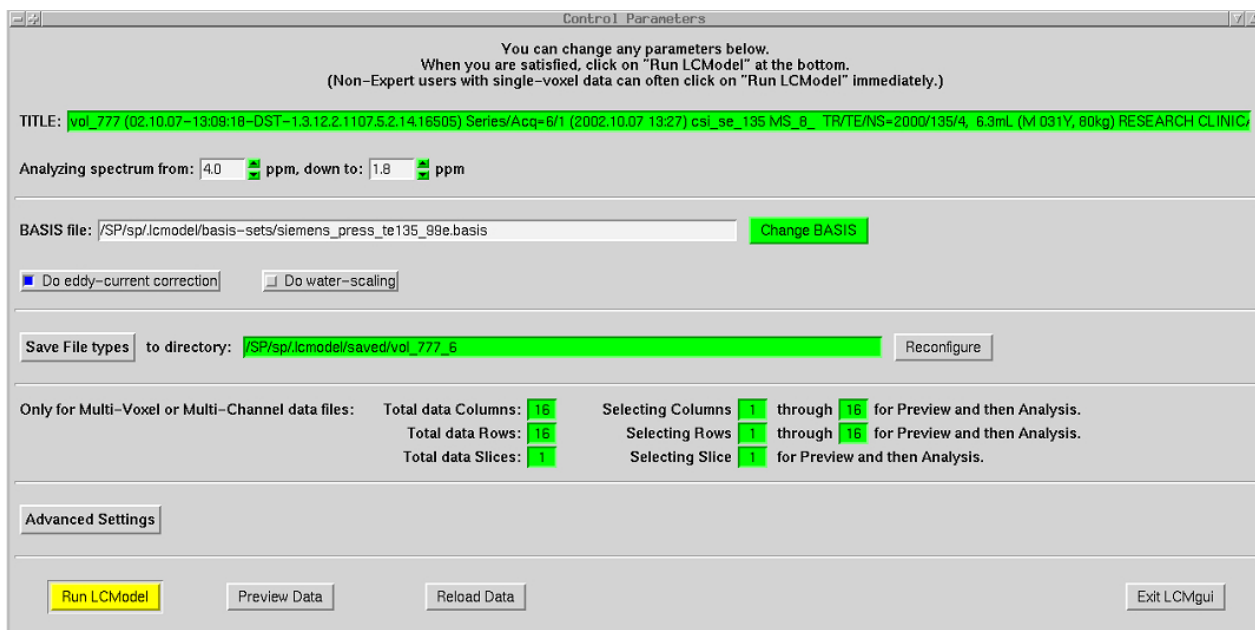
Bruker社、Varian社のRAWデータファイルにも対応

○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。