

3. MRSの解析ソフト：LCModel

原田 雅史 徳島大学大学院ヘルスバイオサイエンス研究部放射線科学分野

MRSの後処理について

MR spectroscopy (MRS) は、代謝物の磁気共鳴信号を周波数解析し、化学構造の違いによる共鳴周波数の違いから代謝物の種類や構造などを測定する方法である。特定の周波数で見られる信号の強度は、その周波数に寄与するプロトン (^1H) 原子の数と相関があることから、単一の代謝物であれば、相対的な濃度を反映することになる。通常、磁気共鳴信号は、時間軸の情報として取得されるため、これを周波数解析するためにフーリエ変換を行うことが普通である。ただし、フーリエ変換前に時間分解能の向上やノイズ成分を除去する目的で、

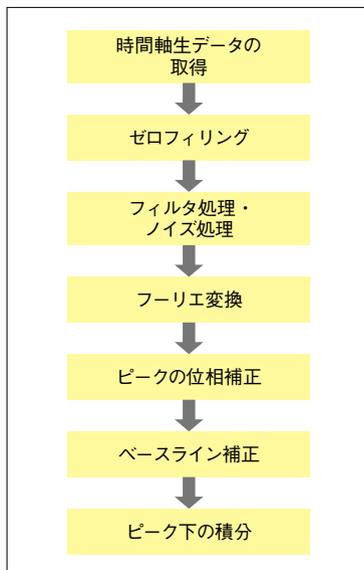


図1 MRSデータ測定後の後処理の一連の流れ

前処理を行うことが一般的である。ゼロフィリングと呼ばれる方法は、得られた信号の後の時間軸にも0のデータを充填することにより、フーリエ変換するときのデータ点数を増加させ、見た目の分解能を増加させる手法である。また、信号の取り込みの終わり部分は、高周波成分が多く雑音となる。そのため、これに指数関数やガウス関数などをかけると低周波成分を残し、高周波成分を抑制することができる。さらに、フーリエ変換後にピークの位相補正やベースラインの歪みの補正を行う必要がある。その後ピークの信号強度を得るためには、ピーク下面積を積算する。しかし、MRSでのピークは複雑で重なり合うことが多く、そのためピークを分離するために、ピーク合成による波形分離プログラムが用いられる。溶液のスペクトルは、波形が理想的なローレンツ型ピークに近い場合、化学シフトと頂点を指定することにより、ローレンツ型の波形で良好にカーブフィットすることが可能で、波形の重なりを分離することが容易である。しかし、生体においては、信号が幅広く、ベースラインの歪みも強く、単純な関数のカーブフィットでは重なった信号を正確に分離することができないことが多い。また、操作者が波形のピークや化学シフトを指定させることは操作者によってバイアスが入りやすく、後処理の再現性が低下する原因ともなり得る。

このようにMRS測定後に信号の測定値を得るまでの一連の手順を「後処理」

と呼んでいる(図1)。測定されたMRSのデータの一連の後処理を行うソフトウェアには、操作者に依存せずに複雑に重なった波形を高精度に分離することができるプログラムが望まれる。その代表的なものに「LCModel」が挙げられる。

LCModelの経緯と特徴

LCModelの作成者は、S.W. Provencherであり、最初の論文は1993年に*Magn. Reson. Med.*に発表されている¹⁾。当初から生体における ^1H -MRSのデータの後処理を目的に作成され、生体で検出できる代謝物の既知情報を基に、線形結合モデル(linear combination of model)でカーブフィットを行う手法である²⁾。代謝物の既知情報として、ファントムで測定された ^1H -MRSのスペクトルをbasis-setとして用いるが、磁場強度、測定シーケンスやエコー時間により、代謝物のスペクトルパターンが異なるため、生体で測定する磁場強度や測定条件とおなじ条件のbasis-setを利用する必要がある。LCModelの最も煩雑な部分は、このbasis-setを準備することであると言える。最近では、コンピュータでのシミュレーションにより、モデルスペクトルを作成してbasis-setに用いることもできるようになっているが、作成にはそれなりの時間が必要なようである。

LCModelは、フーリエ変換した後のデータに対して、basis-setを基に線形結合モデルを用いてカーブフィットを行うプログラムであるが、フーリエ変換前