

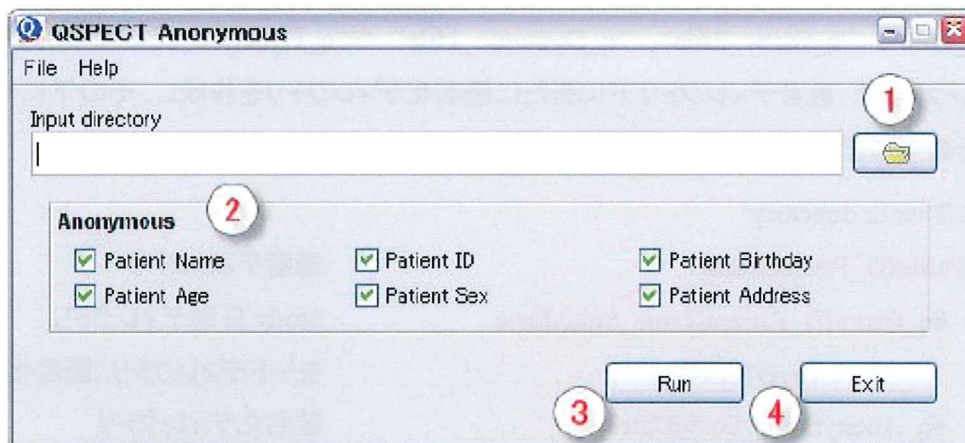
<操作方法>

QSPECT 匿名化処理(QSPECT Anonymous)

本説明書は、QSPECT Version 2.4 以降で処理したデータで、QSPECT Anonymous プログラムを使用して匿名化処理する方法を記載します。

起動方法

[スターメニュー]から[すべてのプログラム] → [QSPECT Anonymous] → [QSPECT Anonymous]をクリックします。(もしくはデスクトップにある[QSPECT Anonymous]をダブルクリックします)
プログラムが起動すると、以下の画面が表示します。



- ① 匿名化するデータディレクトリを選択します。
- ② 匿名化する項目を決定します。(チェックが有効な項目を匿名化します)
- ③ 匿名化処理の実行
- ④ プログラムの終了

パラメータ

本プログラムでは、以下の項目を匿名化する事が可能です。

Patient Name(患者名) Patient ID(患者 ID) Patient Birthday(患者誕生日) Patient Age(患者年齢)

Patient Sex(患者性別) Patient Address(患者住所)

ここでチェックした項目は、画像データにこれらの情報が存在する場合、匿名化処理を行います。ただし、LogPrint 画面で出力されたイメージファイルの場合、すべての項目を塗り潰し、ログファイル等のテキストファイルの場合は、情報のある行を削除します。

入力ディレクトリと出力ディレクトリ

入力ディレクトリは QSPECT work directory 下にある患者ディレクトリ、Study 日時ディレクトリ下にあるモードディレクトリを指定します。モードディレクトリには "q_DTARG"、"q_ARG"、"q_IMZ_2Scan"、"q_Static_1file"、"q_Static_2file"、"q_Dynamic_1file" や "q_Dynamic_2file" があります。

出力ディレクトリは 患者ディレクトリ下に新たに匿名化ディレクトリを作成し、その下にモードディレクトリを作成して、その中に匿名化したデータをコピーします。

QSPECT work directory

¥q_PatintID_PatientName	患者ディレクトリ
¥q_PatintID_PatientName_StudyDate	Study 日時ディレクトリ
¥q_DTARG	モードディレクトリ(匿名化するディレクトリ)
¥q_Anonymous_StudyDate	匿名化ディレクトリ
¥q_DTARG_Anonymized	モードディレクトリ (ここに匿名化したデータを作成します)

赤字部分は、患者や撮像日時によって変わります。

匿名化処理の実行

- ①のボタンをクリックして、匿名化するディレクトリを指定し、②の中から匿名化する項目を確認します。
- ③の Run ボタンをクリックすると匿名化処理が開始します。処理中はマウスカーソルが砂時計になります。処理が完了すると "Complete" のメッセージボックスを表示します。

プログラムの終了

- ④の Exit ボタンでプログラムを終了するか、画面右上にある × ボタンをクリックします。

対応フォーマット

医療画像ファイル

Analyze

DICOM

ACR-NEMA(東芝)

島津(ダイナミックファイルには対応していません)

その他のファイル

LogPrint の画像ファイル

Log のテキストファイル

リスライス用パラメータファイル(mat)

データ管理用 XML ファイル(study_info.xml)

2009年12月吉日

国立循環器病センターQSPECTプロジェクト

飯田 秀博 iida@ri.ncvc.go.jp

国立循環器病センター研究所先進医工学センター 放射線医学部

〒565-8565 大阪府吹田市藤白台5-7-1

Tel. 06-6833-5012 (ext 2559, PHS 8370) Fax 06-6835-5429

日本メジフィジックス株式会社

以上

JET-3 study画像データの解析について

本研究事業では、国立循環器病センター研究所が開発した定量的SPECT画像再構成・解析パッケージ(QSPECT)を用いて、撮像および解析環境を整備して脳血流SPECT定量評価法の標準化を行った。標準化された環境下で得られたSPECT画像情報は十分なエビデンスとして治療効果の客観的な評価に用いられ、医療の実践に反映させる体系が定着している。この体系を利用し、先行研究より正確な脳血流SPECT定量評価のもとに、脳血行再建術の適応を評価した上で、治療方針を決定することを目的として、別の研究事業において、「標準化された脳血流量および神経細胞密度測定に基づくバイパス手術の効果判定に関する多施設共同研究 -Japanese EC-IC Bypass Trial (JET)-3 Study-」に利用された。

JET-3 studyの標準化された診断プロトコルで得られたSPECTを中心とした画像データは、本研究事業によって育成された事務局が集約・統一化された一連の解析を行っている。今後、他の研究においても標準化された画像データを同様の統一化された方法で解析処理を行っていく体制が整った。

統一化された一連の解析の中で、PVElabを用いている。PVElabはEUの研究事業でも利用されているソフトウェアで、MRI画像を用いて核医学画像の部分容積効果補正を行うことができる。本研究成果により得られた画像は、このPVElabを用いてMRI画像とSPECT画像の位置合わせ、灰白質抽出、Reslice処理を行っている。他の研究においても、このソフトウェアを用いて機能画像の部分容積効果補正を行うことにより、一層正確な画像評価の体制が整うと考えられる。

JET-3 studyで得られた画像データは前述の事務局で集約・解析され、本研究事業で構築・整備されたWebシステム上で各施設から送られたデータの受取・解析進捗状況を公開している。このシステムを用いることにより、物理的距離に関係なくWeb上で最新のデータ解析結果等が確認できることは、多施設共同研究には大変有用である。常にWeb上でデータを確認できるため、今後、他の多施設共同研究においても画像集約・解析・常時公開が可能なシステム体制が整った。

(資料 7)では、本研究事業によって育成された事務局に集約された画像データについて行われる一連の解析処理について、JET-3 study画像データを用いて説明する。

(資料 8)では、本研究事業で構築・整備されたWebシステム上で、データの受取・解析進捗状況を公開する流れについて、説明する。

——お知らせ——

JET-3 study データの解析状況のご説明

秋涼の候、先生方には益々御健勝のこととお慶び申し上げます。

平素は JET-3 study (Japanese EC-IC Bypass Surgery Trial-3) にご協力頂き誠にありがとうございます。さて、JET-3 study におきましては、定量的 SPECT 画像再構成・解析パッケージである QSPECT を用いて、撮像および解析環境を整備して脳血流 SPECT 定量評価法の標準化を行うことになっております。

また、平成 21 年 3 月 21 日に行われた JET-3 班会議にて案内致しましたとおり、すべての脳血流量画像および ^{123}I -iomazenil 結合能画像は、登録時の安静時脳血流量画像に位置合わせすること、さらに MRI 形態画像から脳灰白質体積を求める処理を行う所存です。

解析方法・手順につきまして、下記の通りご報告申し上げます。各症例の解析レポートと併せてご確認頂ければ幸いです。よろしくお願い致します。

<データ解析の基本方針>

- 解析においては確立した方法を採用し、新たな研究要素を含まない。一連の解析手順を公開する。
- 解析フォルダ、結果出力ファイルを症例ごとに取りまとめ、集約解析に必要な情報を抽出する。
- 協力施設には解析の進捗状況を報告する。

<データ解析の流れ>

- ① QSPECT-DTARG ARG/IMZ の再計算(ピクセルサイズ、スライス数の統一)
- ② 登録時の安静時脳血流画像に全ての画像を位置合わせ処理
- ③ iSSP を用いた解剖学的標準化と SEE JET 解析
- ④ MRI 画像と SPECT 画像の位置合わせ
- ⑤ MRI 画像を用いて灰白質領域の抽出(セグメンテーション画像)
- ⑥ MRI 画像を SPECT 画像に Reslice
- ⑦ 各症例の解析レポートの作成

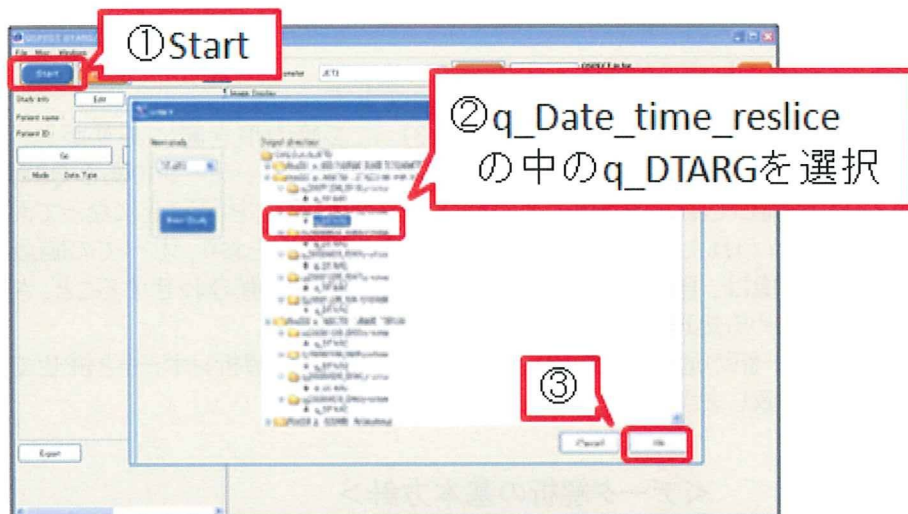
飯原 弘二
〒565-8565 大阪府吹田市藤白台 5-7-1
国立循環器病センター 脳神経外科
JET-3 study 事務局
TEL:06-6833-5012
FAX:06-6836-2876

以上

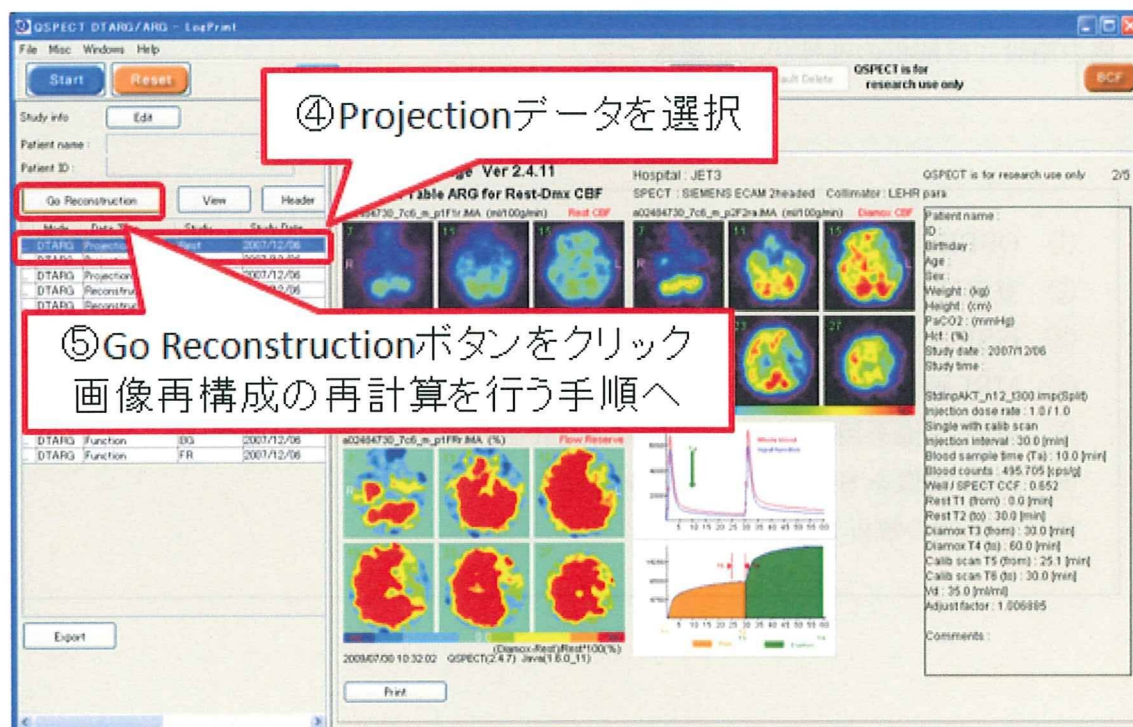
<データ解析の流れ>

1 QSPECT-DTARG ARG/IMZ の再計算(ピクセルサイズ、スライスの統一)

1.1 QSPECT-DTARG ARG プログラムを起動し、過去の計算結果のデータ読み込み



1.2 画像再構成を再計算



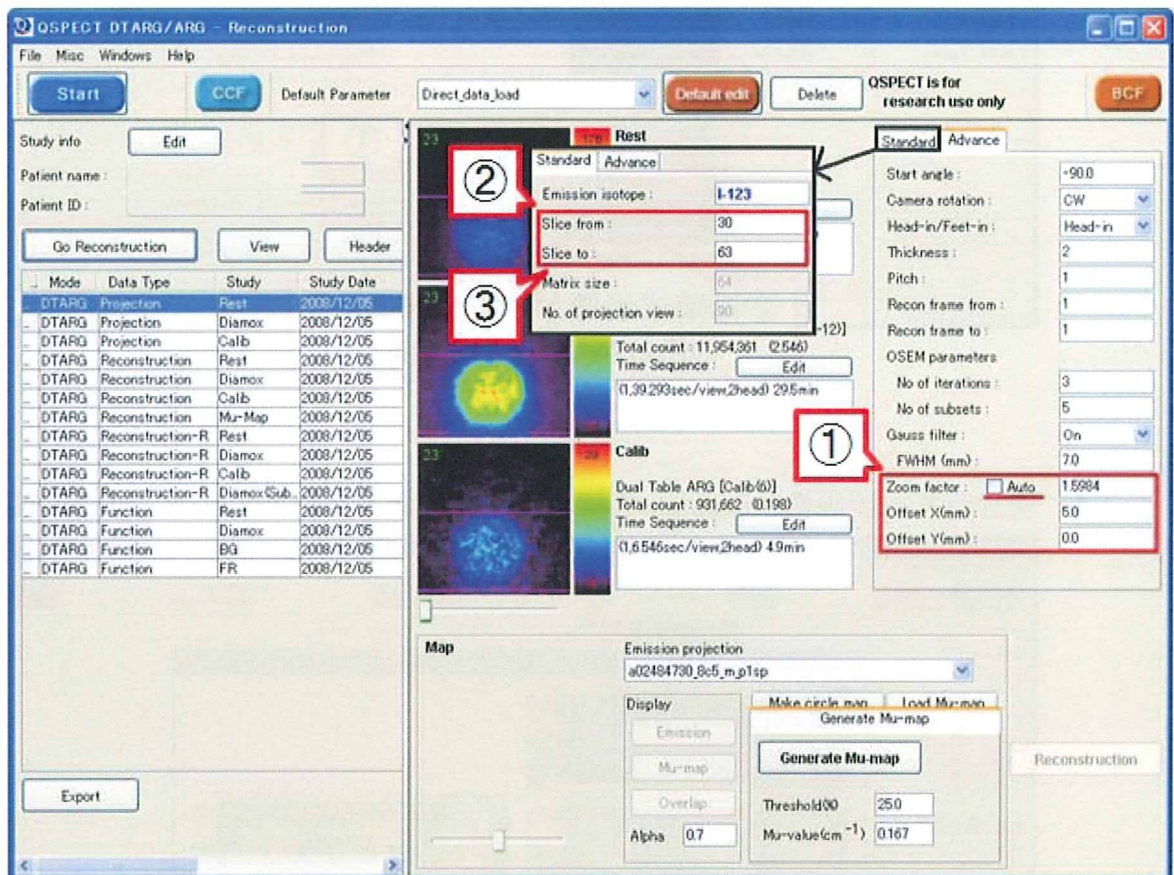
1.3 画像再構成パラメータの入力

<入力項目>

①Zoom Factor ②Slice from ③Slice to

<入力する数値について>

- 全症例画像の X,Y 方向のピクセルサイズを 3mm に統一
Zoom Factor = (プロジェクションのピクセルサイズ) / (3mm)
- 再構成画像のスライス数を調整(Slice from, Slice to)
症例ごとに(Slice to)と(Slice from)の差の値が一定になる、かつ、プロジェクション画像の頭部が画像再構成範囲に収まるよう設定



※注意 オフセットの値を任意に調節

OSPECT DTARG/ARG - Reconstruction

File Mac Windows Help

Start Reset CCF Default Parameter JET3 Default Delete OSPECT is for research use only BCF

Study info Edit

Patient name:

Patient ID:

Go Reconstruction View Header

Mode	Data Type	Study	Study Date
DTARG	Projection	Rest	2008/01/10
DTARG	Projection	Diamox	2008/01/10
DTARG	Projection	Calib	2008/01/10
DTARG	Reconstruction	Rest	2008/01/10
DTARG	Reconstruction	Diamox	2008/01/10
DTARG	Reconstruction	Calib	2008/01/10
DTARG	Reconstruction	Mu-Map	2008/01/10
DTARG	Reconstruction-R	Rest	2008/01/10
DTARG	Reconstruction-R	Diamox	2008/01/10
DTARG	Reconstruction-R	Calib	2008/01/10
DTARG	Reconstruction-R	Diamox(Sub)	2008/01/10
DTARG	Function	Rest	2008/01/10
DTARG	Function	Diamox	2008/01/10
DTARG	Function	BG	2008/01/10
DTARG	Function	FR	2008/01/10

Rest [RALL]
Total count: 2,237,100 (0.000)
Time Sequence: Edit
(0.37462sec/view,2head) 28.1min

Diamox [DALL]
Total count: 5,590,122 (2.494)
Time Sequence: Edit
(0.37462sec/view,2head) 28.1min

Calib
rest [CALIB]
Total count: 389,311 (0.174)
Time Sequence: Edit
(0.5351sec/view,2head) 4.0min

Standard Advance

Start angle: 1800

Camera rotation: CW

Head-in/Feet-in: Head-in

Thickness: 2

Pitch: 1

Recon frame from: 1

Recon frame to: 1

OSEM parameters

No of iterations: 3

No of subsets: 6

Gauss filter: On

FWHM (mm): 7.0

Zoom factor: Auto 1.5984

Offset X(mm): -6.0

Offset Y(mm): 17.0

②再構成画像が中心に来るよう
Offsetパラメータを調節

X→正(左), 負(右)
Y→正(下), 負(上)

1.4 安静時脳血流画像と Diamox 負荷時脳血流画像の自動アラインメントの精度を確認

OSPECT DTARG/ARG - Reconstruction

File Misc Windows Help

Start Reset CCF Default Parameter JET3 Default Delete OSPECT is for research use only BCF

Study info Edit

Patient name:

Patient ID:

Go Reconstruction

Mode	Data Type	Study	Study Date
DTARG	Projection	Rest	2008/01/10
DTARG	Projection	Diamox	2008/01/10
DTARG	Projection	Calib	2008/01/10
DTARG	Reconstruction	Rest	2008/01/10
DTARG	Reconstruction	Diamox	2008/01/10
DTARG	Reconstruction	Calib	2008/01/10
DTARG	Reconstruction	Mu-Map	2008/01/10
DTARG	Reconstruction-R	Rest	2008/01/10
DTARG	Reconstruction-R	Diamox	2008/01/10
DTARG	Reconstruction-R	Calib	2008/01/10
DTARG	Reconstruction-R	Diamox(Sub)	2008/01/10
DTARG	Function	Rest	2008/01/10
DTARG	Function	Diamox	2008/01/10
DTARG	Function	BG	2008/01/10
DTARG	Function	FR	2008/01/10

Rest Total count: 126,116,740,871 (0.000)

Diamox(after alignment) Total count: 334,352,083,354 (2.651)

Diamox(before alignment) Total count: 338,818,730,290 (2.687)

Calib Total count: 147,867,463,299 (0.172)

Angle: X:1.839 Y:1.263 Z:-0.850 (deg)
Offset: X:1.129 Y:0.076 Z:-0.422 (mm)

Alignmentの精度を確認
Diamox画像→安静時画像
(位置合わせ)

1.5 Reslice パラメータはご提供頂いたデータを元に設定

Resliceパラメータを確認

Resliceしていれば、Apply → OK

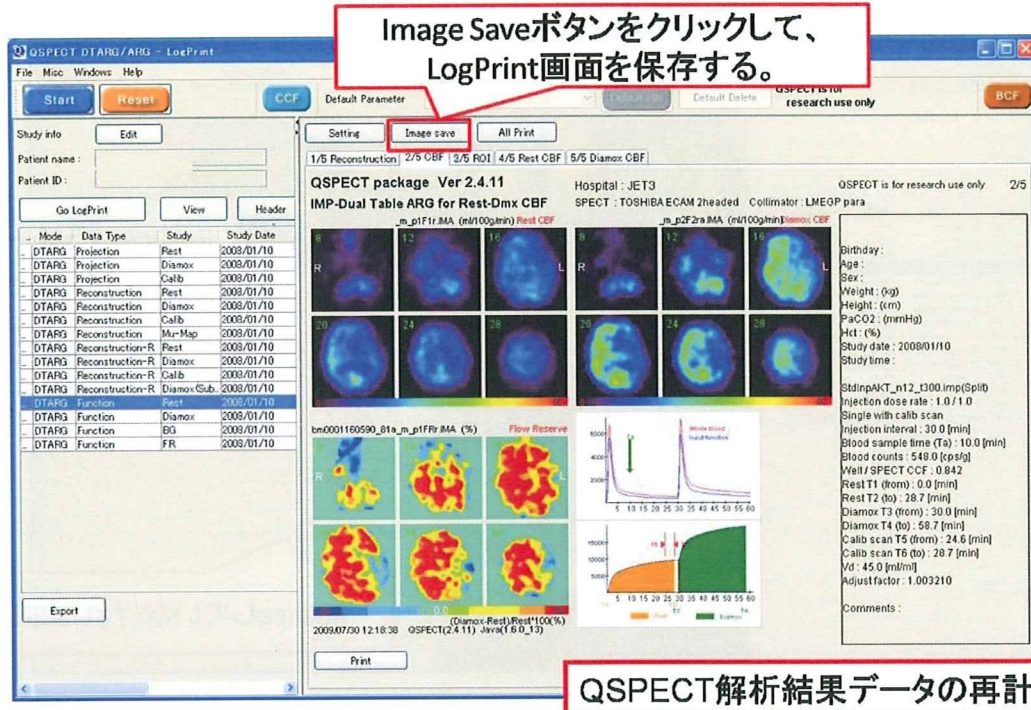
ResliceしていなければSkip

1.6 Function 計算パラメータはご提供頂いたデータを元に設定

QSPECT解析結果フォルダの中にあるFuncLog.txtと照らし合わせてパラメータを確認

Calculateボタンをクリック

1.7 QSPECT LogPrint 画面を保存



- 2 登録時の安静時脳血流画像に全ての画像を位置合わせ処理
(QSPECT version1 での提供ソフト^{※1}を使用)

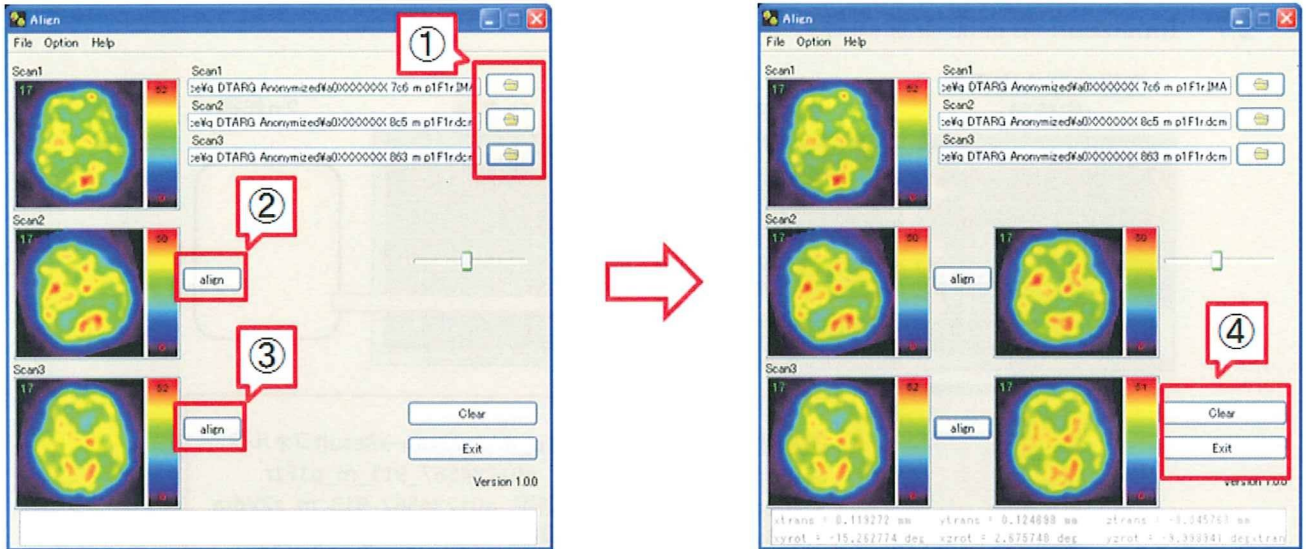
※1 QSPECT&DTARG 法インフォメーション No.3

<参考論文>

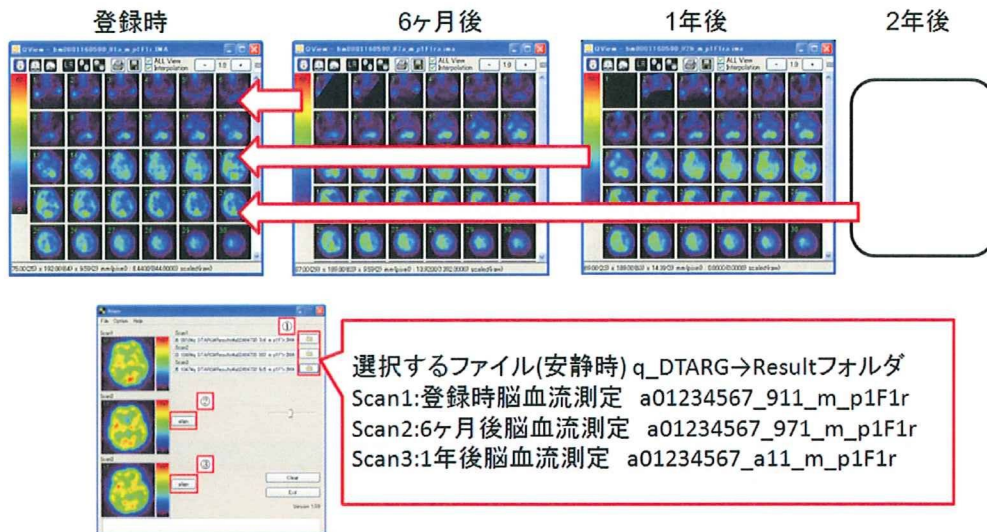
Eberl S. et al., Automated Interstudy Image Registration Technique for SPECT and PET. *J Nucl Med* 37:137-145, 1996

- 2.1 Scan1 に位置合わせの基準となる画像を選択(登録時の安静時脳血流画像)
- 2.2 Align させたい画像を Scan2,3 に Load
- 2.3 Align ボタンをクリック
- 2.4 Align したデータは Scan2,3 のファイルが存在するディレクトリに自動保存
ファイル名の例)

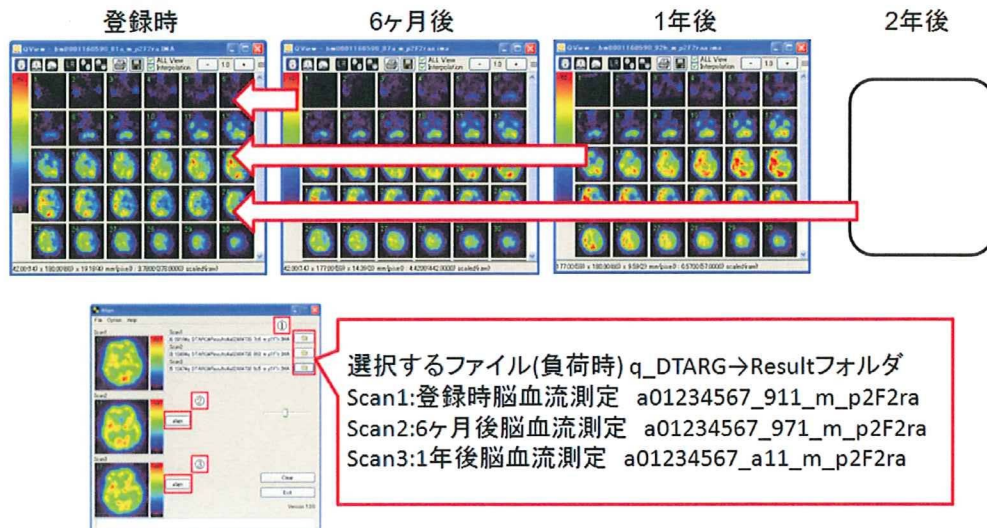
a01234567_911_m_p1F1r.dcm → a01234567_911_m_p1F1ra.dcm



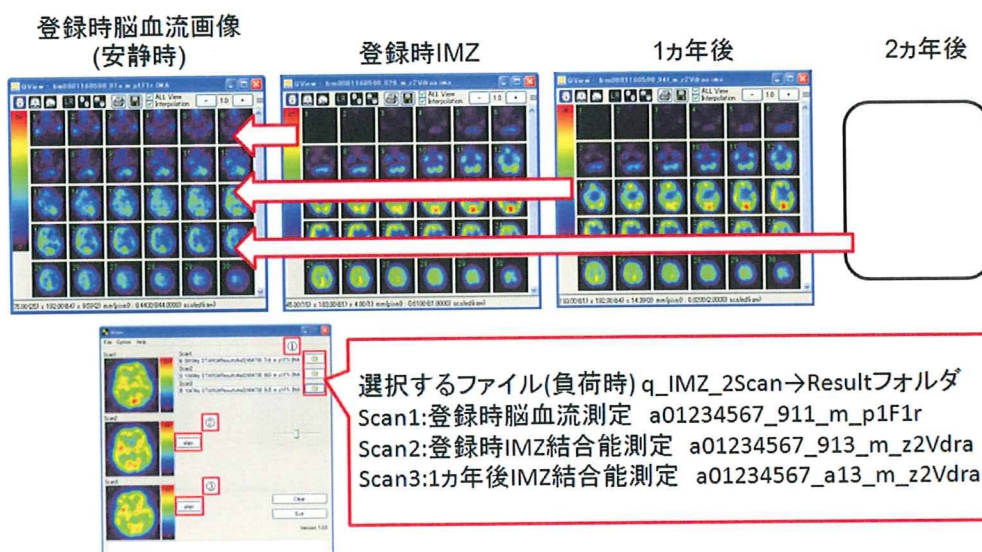
2.5 フォローアップデータの安静時脳血流検査画像の場合



2.6 フォローアップデータの Diamox 負荷時脳血流検査画像の場合



2.7 Iomazenil 結合能検査画像の場合

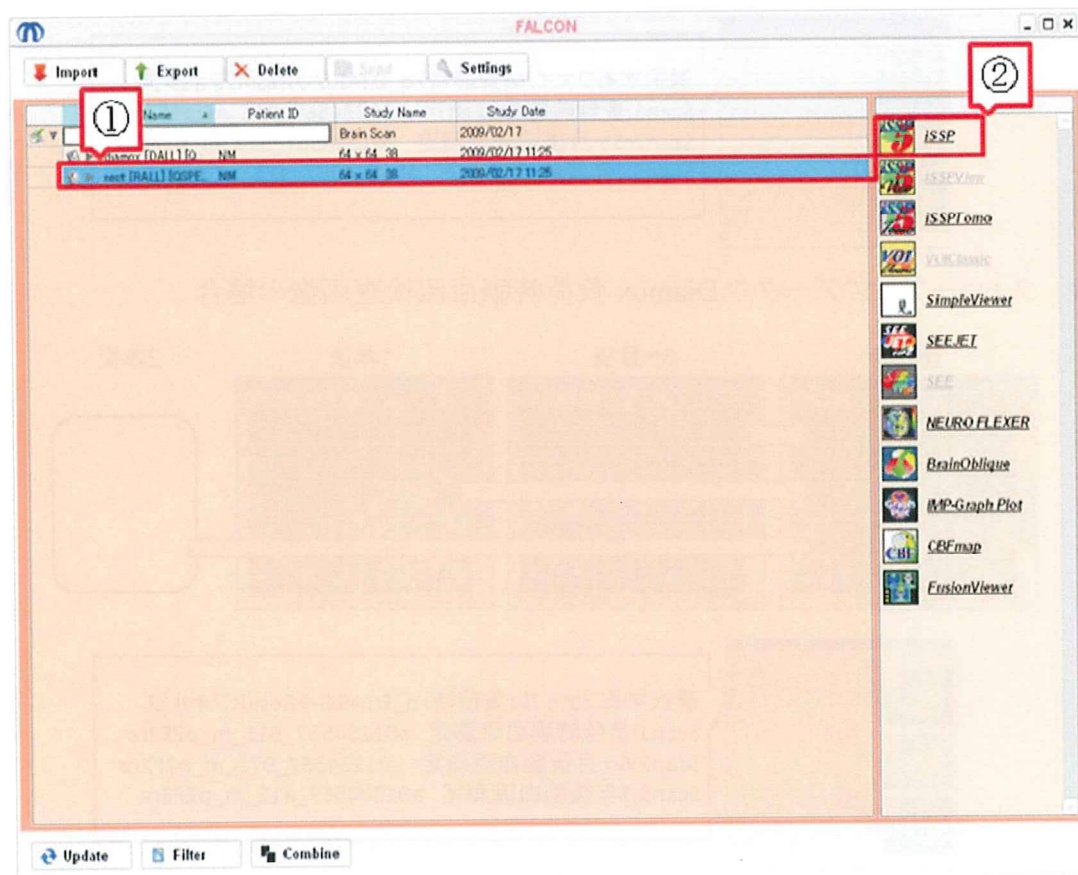


3 iSSP を用いた解剖学的標準化と SEE JET 解析

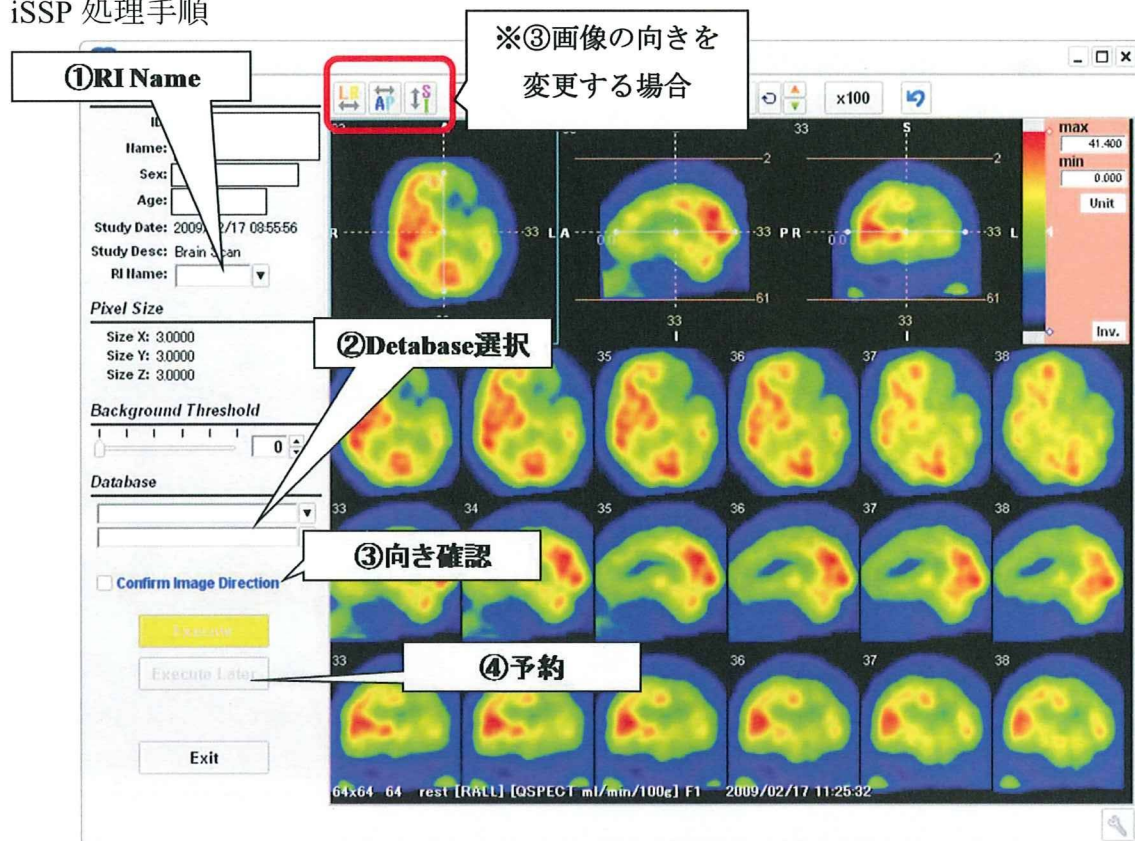
3.1 FALCON を起動

解析したいデータを FALCON にドラッグ & ドロップ

①でファイルを選択し iSSP を起動

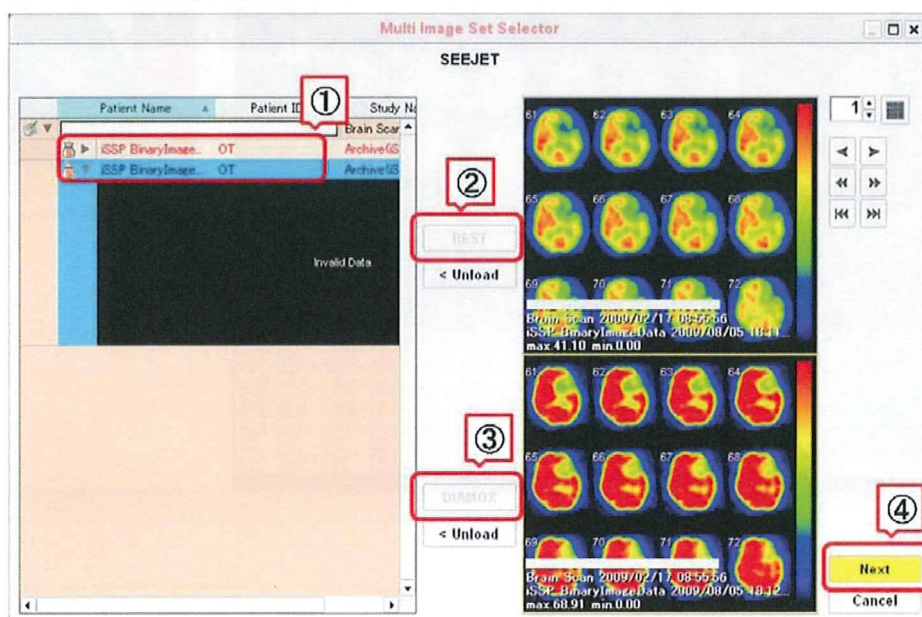


iSSP 処理手順



- ①RI Name : IMP
- ②Database :aichi-med, IMP ALLDB A
- ③向きの確認 :島津装置データの場合、画像向きを変更(AP、SI をチェック)
- ④予約 :Execute Later(他に標準化する画像がある場合)
:Execute(標準化開始)

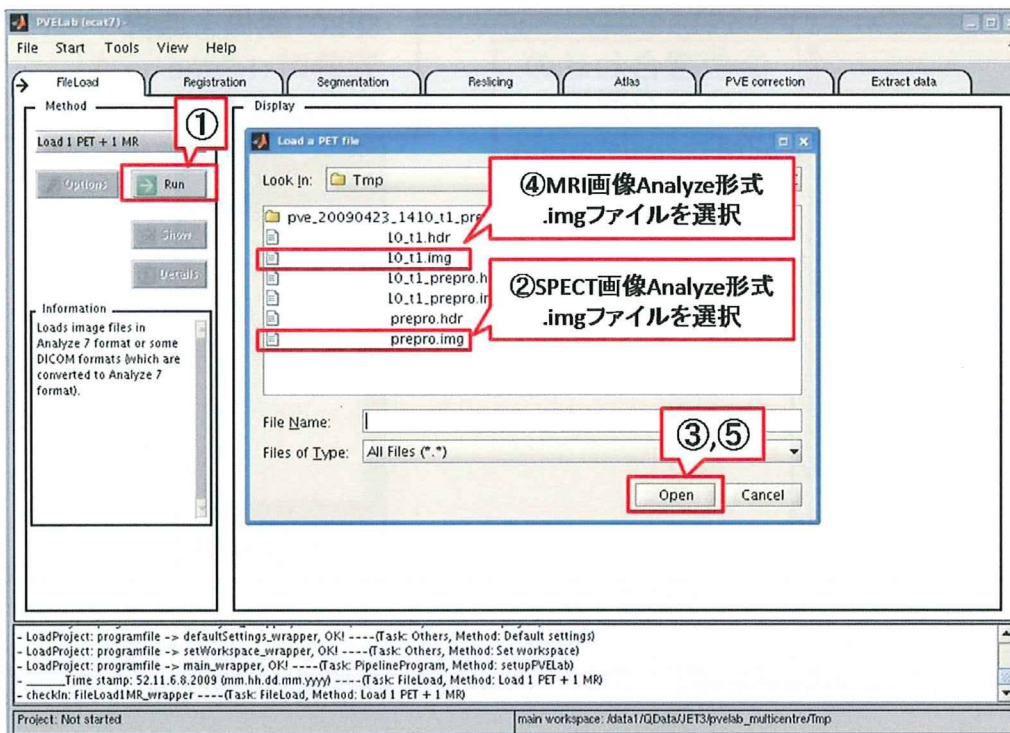
3.2 SEE JET 処理手順



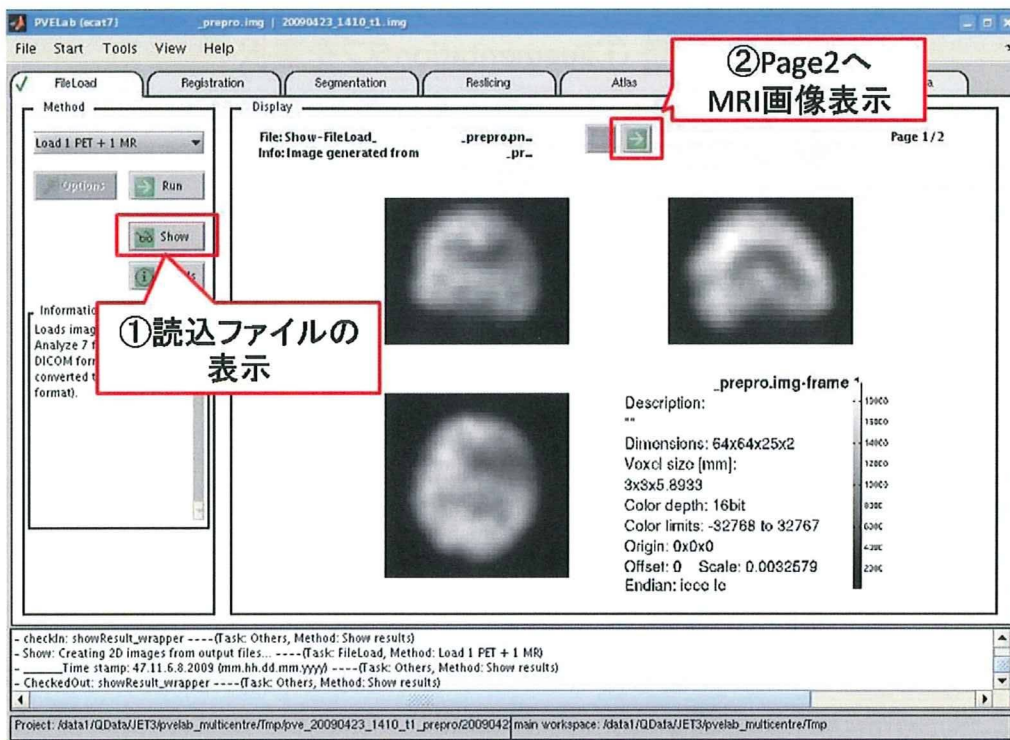
4 PVElab ソフトを用いた MRI 画像と SPECT 画像の位置合わせ

4.1 位置合わせする SPECT 画像と MRI 画像を選択

まず、MRI 画像と SPECT 画像は Analyze フォーマットに変換(Dr.View を使用)

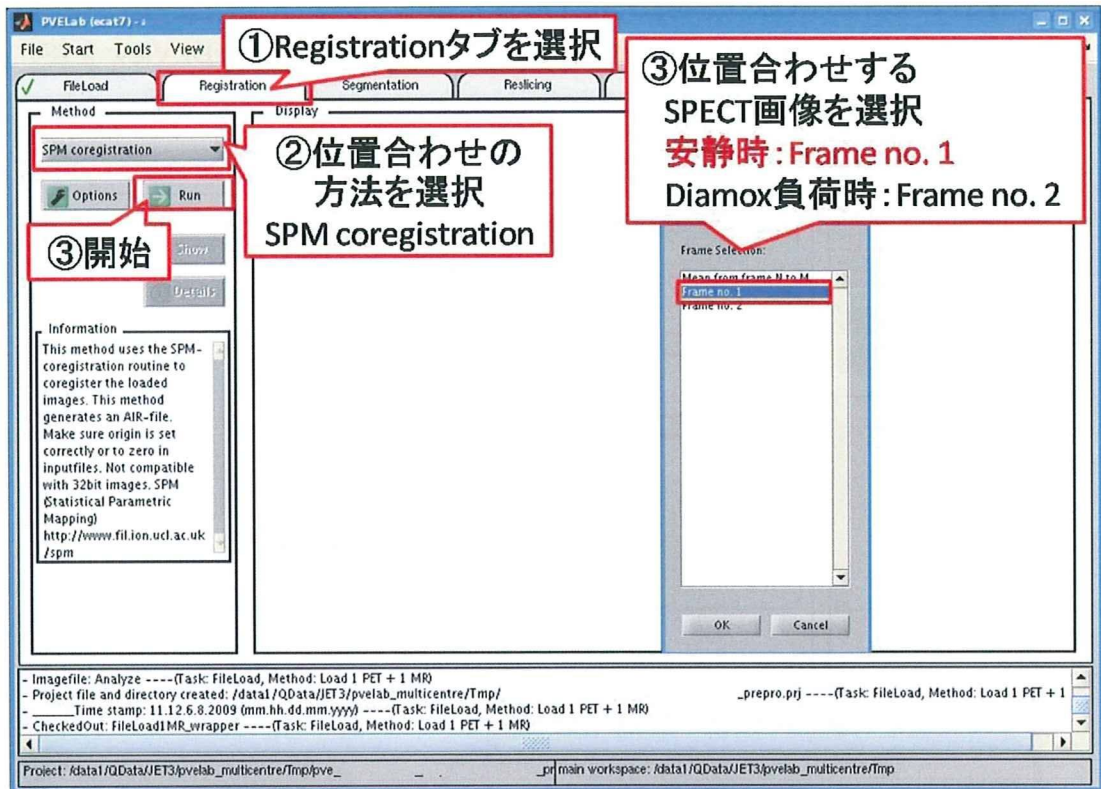


※.img ファイルを選択 .hdr ファイルの場合は読込エラー



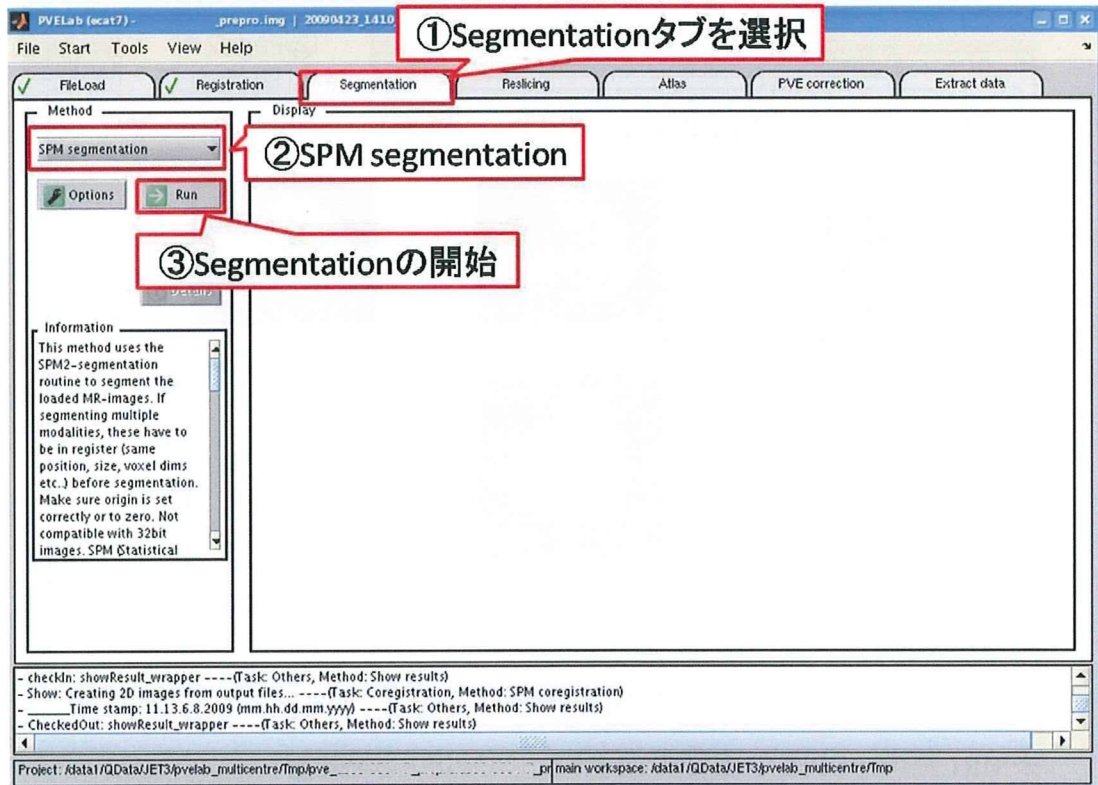
※MRI 画像と SPECT 画像の向きが同じであることを確認

4.2 SPECT 画像と MRI 画像を位置合わせ

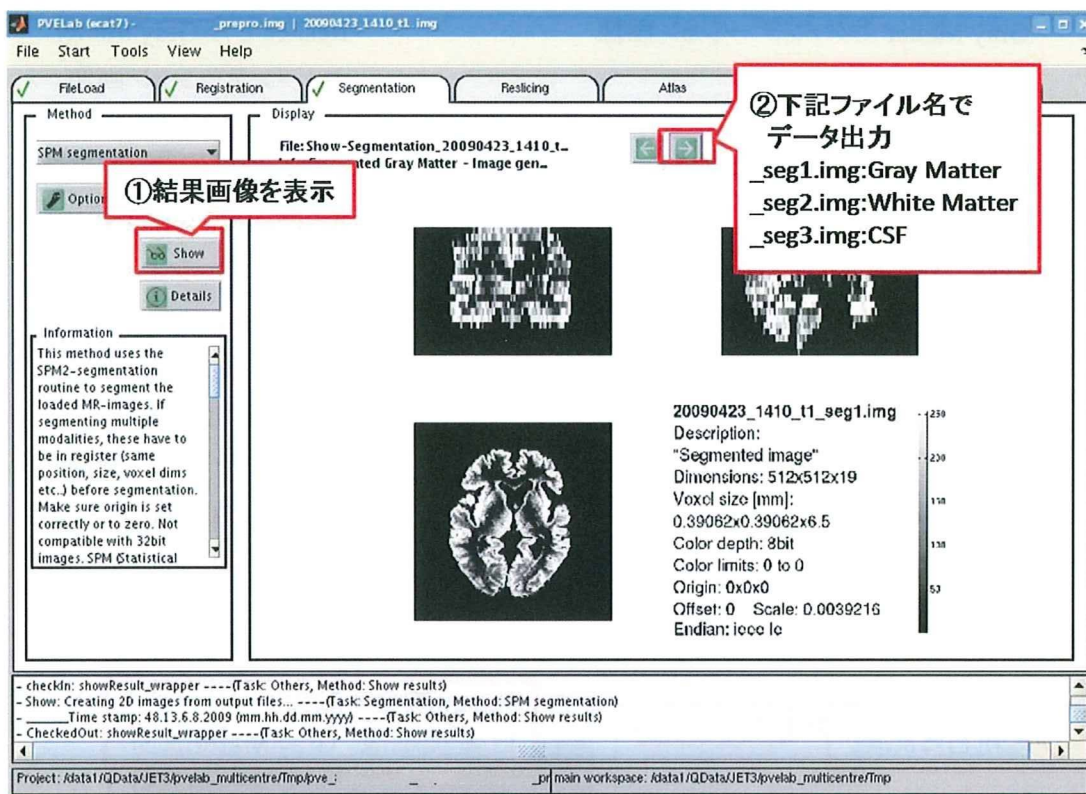


5 MRI 画像を用いて灰白質領域の抽出(セグメンテーション画像)

5.1 セグメンテーション処理

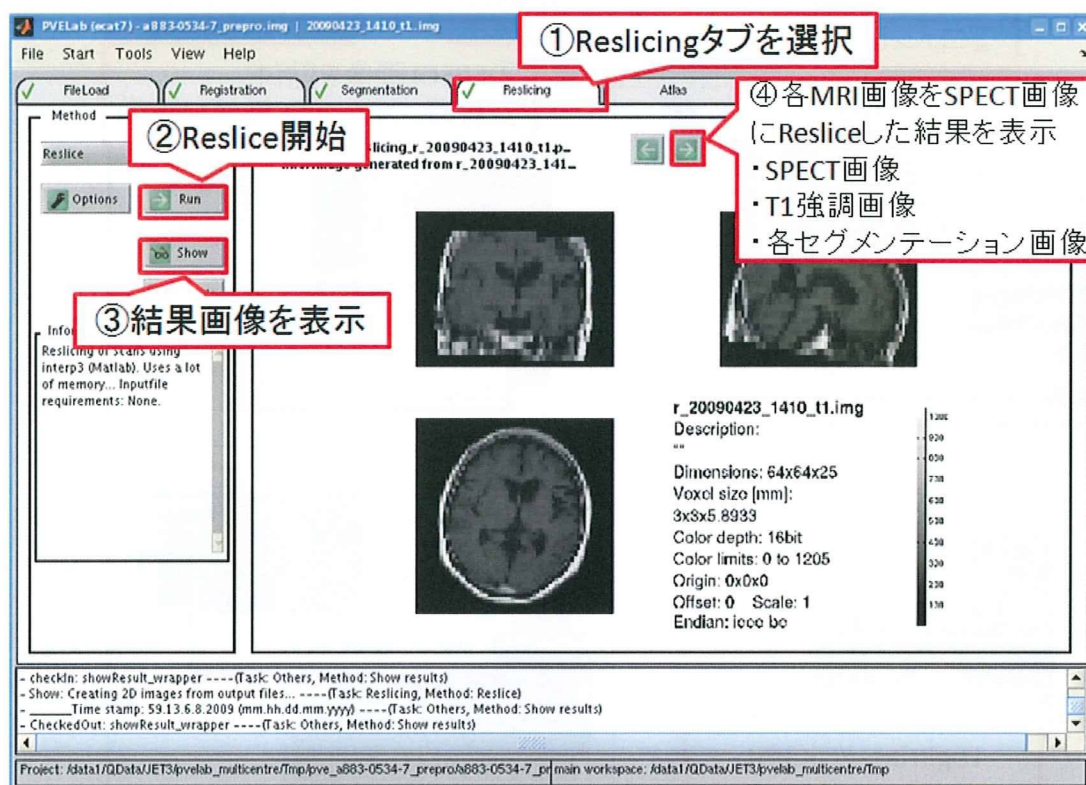


5.2 セグメンテーション解析結果



6 MRI 画像を SPECT 画像に Reslice

6.1 Reslice 処理



6.2 出力されるファイル名

- Gray Matter セグメンテーション画像

xxxx_seg1.hdr

xxxx_seg1.img

- White Matter セグメンテーション画像

xxxx_seg2.hdr

xxxx_seg2.img

- CSF セグメンテーション画像

xxxx_seg3.hdr

xxxx_seg3.img

- Reslice した T1 強調画像

r_xxxx.hdr

r_xxxx.img

- Reslice した Gray Matter
セグメンテーション画像

r_xxxx_seg1.hdr

r_xxxx_seg1.img

- Reslice した White Matter
セグメンテーション画像

r_xxxx_seg2.hdr

r_xxxx_seg2.img

- Reslice した CSF
セグメンテーション画像

r_xxxx_seg3.hdr

r_xxxx_seg3.img

7 各症例の解析レポートの作成

①更新日を記載

更新日 2009年10月26日

登録症例番号: No.002
施設: 国立循環器病センター
JET3-STUDY 解析

②コメント欄

③MRI画像を貼付
T1強調画像、Gray Matter, CSF

登録時検査データ

④SPECT画像を貼付
安静時, Diamox負荷, IMZ検査

⑤SEE JET解析結果を貼付

⑥脳血流測定
LogPrint_ROI(3/5)

⑦Iomazenil結合能測定
LogPrint_ROI(3/5)

6ヶ月後検査データ



以上

お知らせ

JET-3 study 症例登録・解析状況 Web 公開システムのご連絡

晩秋の候、先生方には益々御健勝のこととお慶び申し上げます。

平素はJET-3 study (Japanese EC-IC Bypass Surgery Trial-3) にご協力頂き誠にありがとうございます。この度、貴施設のJET-3 study 症例登録・解析の状況を Web 上で閲覧いただけるシステムを作成いたしましたので、下記の通りご案内申し上げます。よろしくお願い致します。

https://exweb.ex.asahi-kasei.co.jp/ajs/spect_data.nsf/

