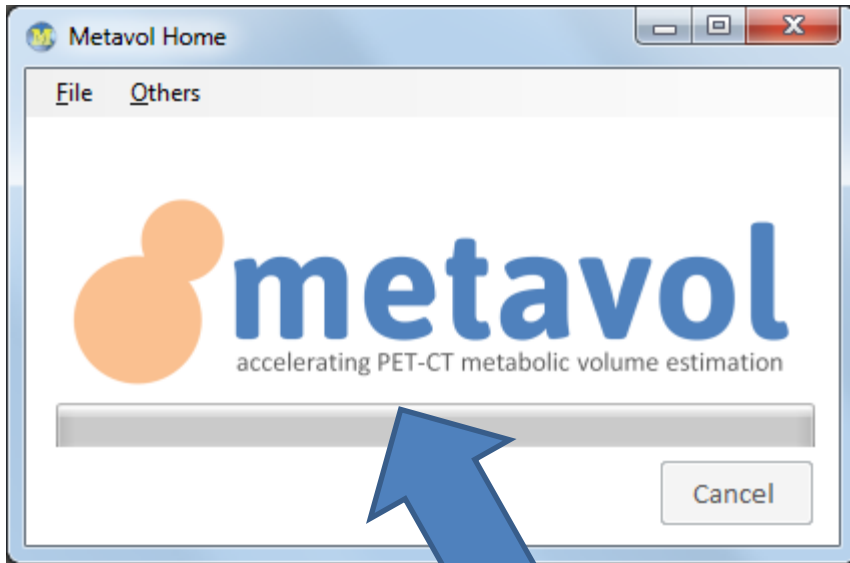


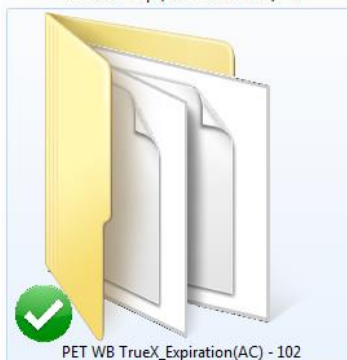
Metavolの使い方

2014/9/16



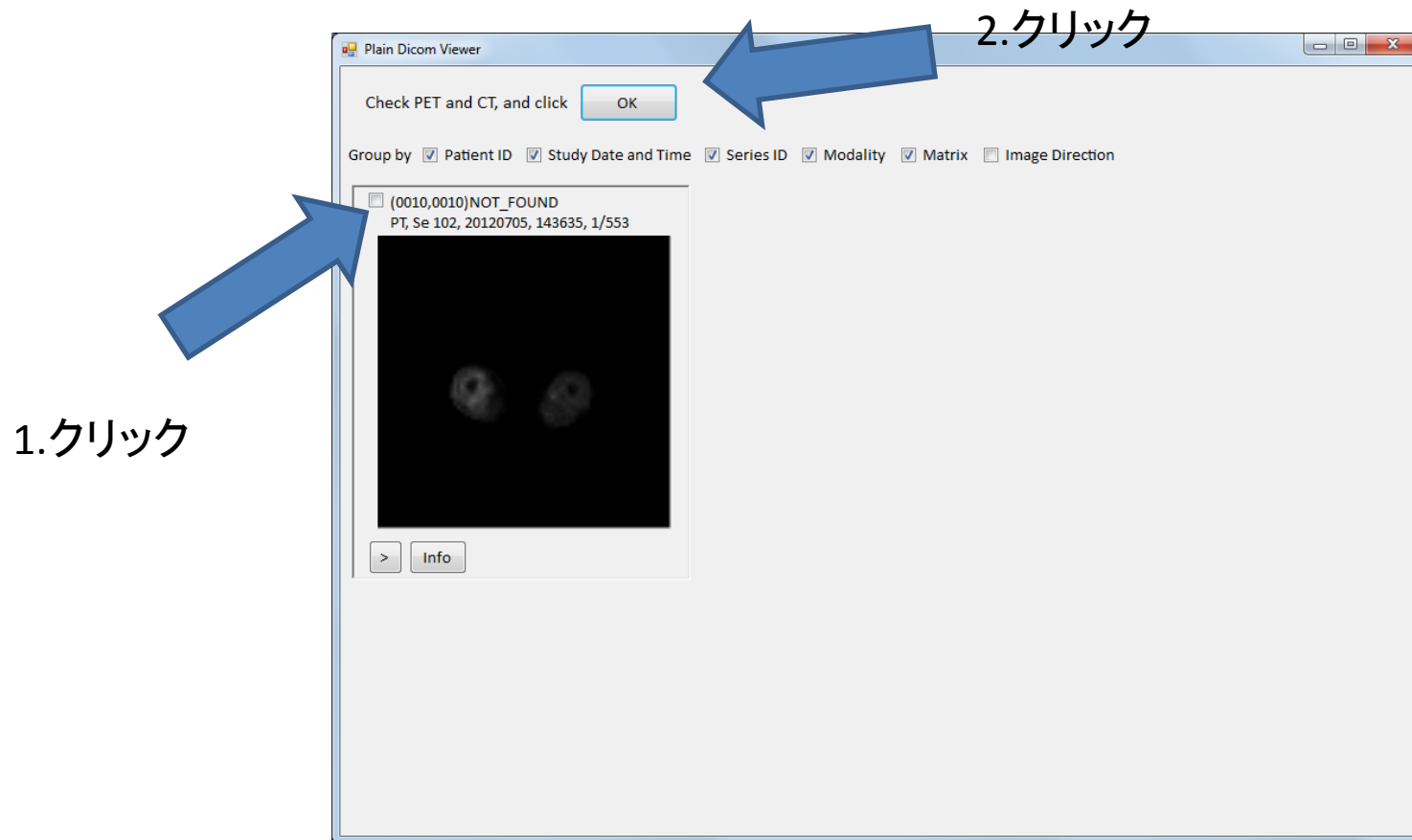
ファイルを開くには、

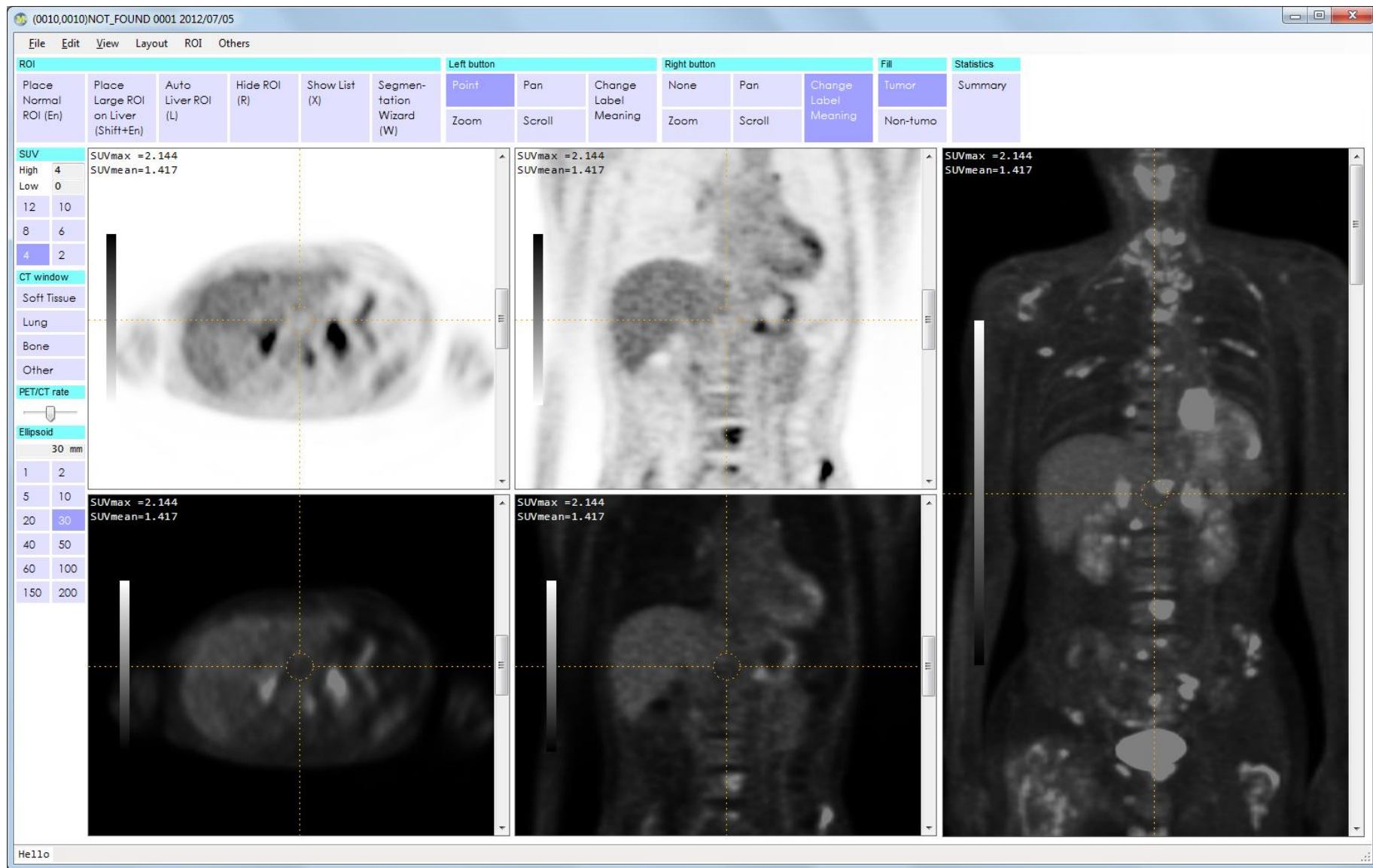
ドラッグ・アンド・ドロップ



DICOMフォルダー

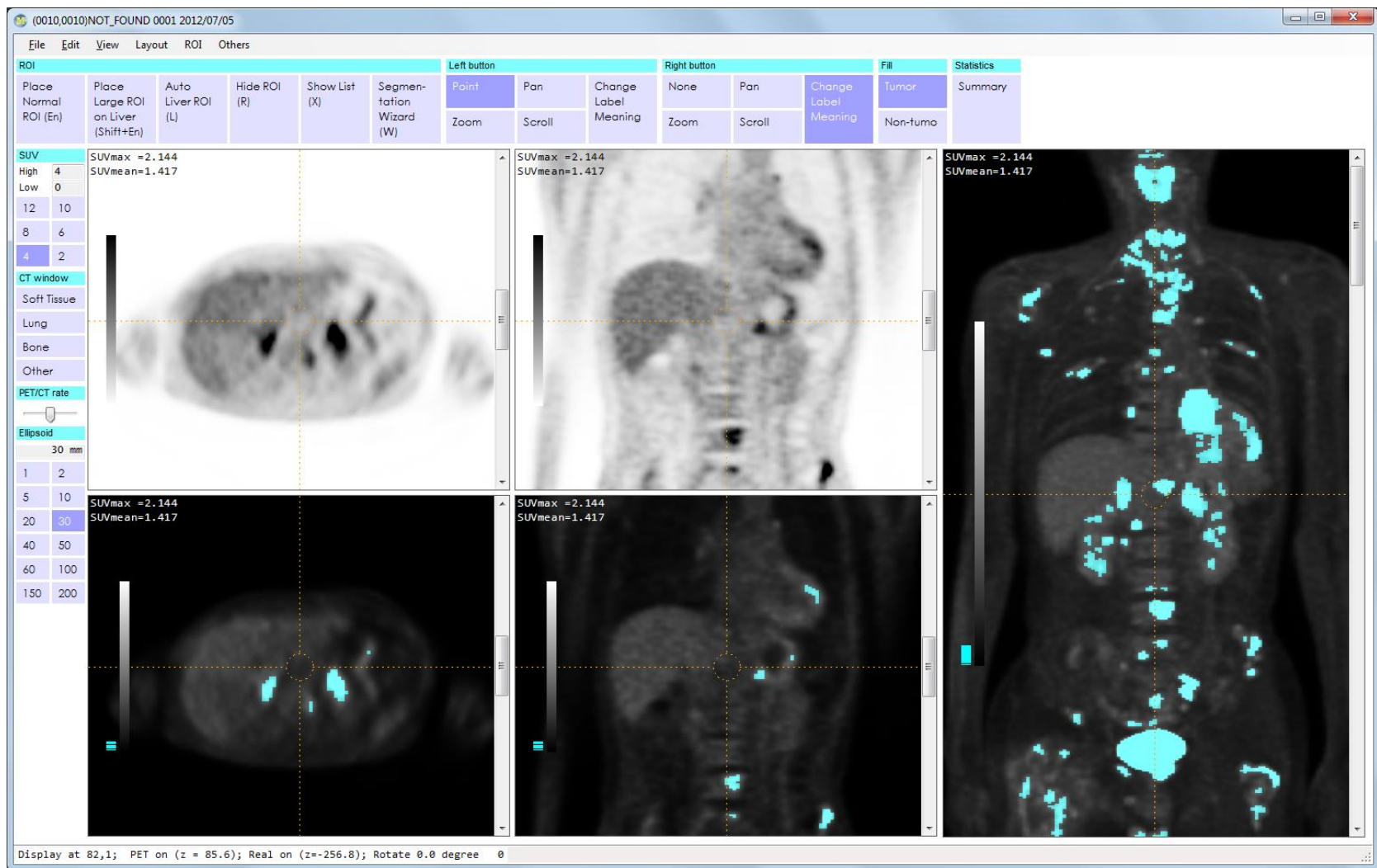
PET 1シリーズが含まれ、CTが含まれない場合



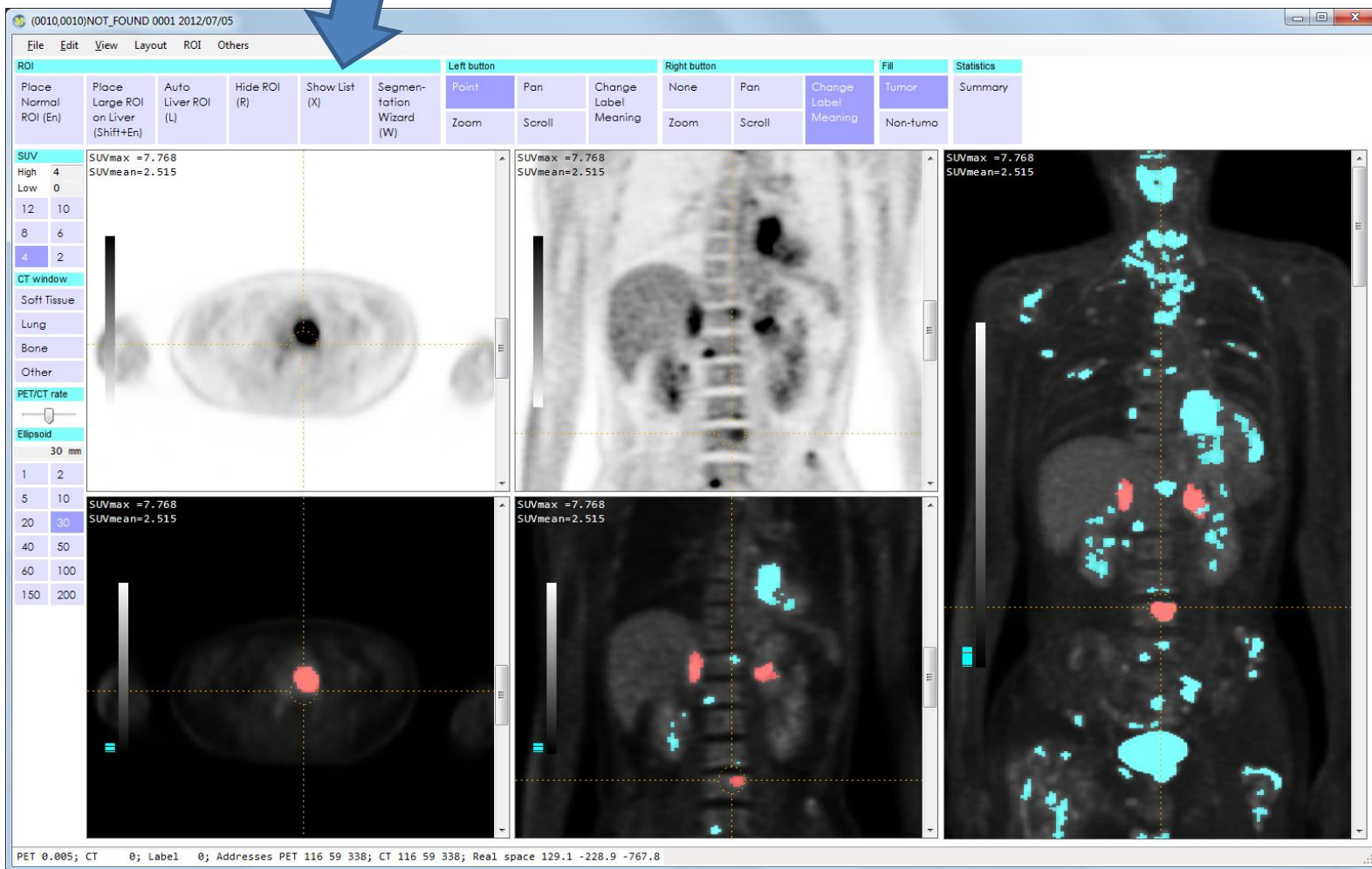


ビューアーが開く。
ビューアーのサイズを変えたり、レイアウトを変えたりした後に、View->Make Defaultで
次回以降その環境で開く。

肝臓のVOIを使うか、
SUV=2.5あるいは3.0を固定値として使うかして、
Segmentationを行う。
ややこしいのでこの手順の説明は省略します。

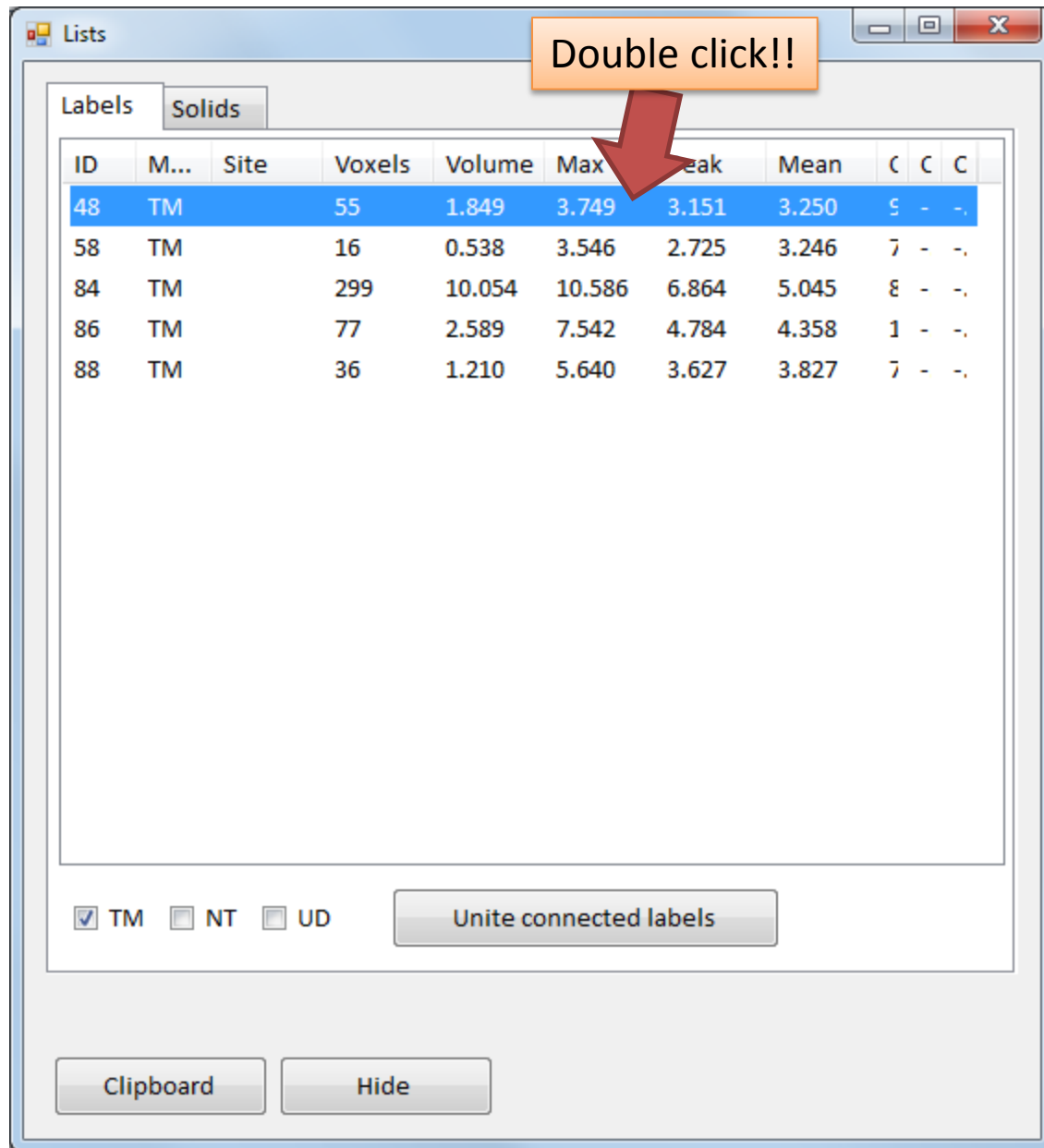


閾値以上の集積体を拾い上げたところ。



右クリックを使っていくつかの腫瘍を赤にしてみたところ。

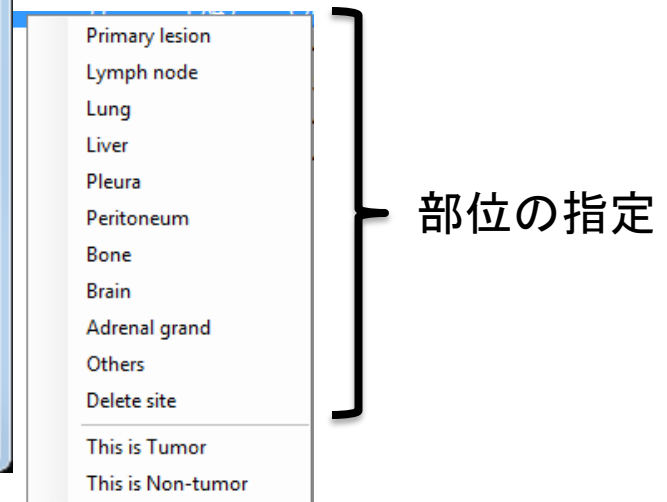
ここで Show List をクリック。

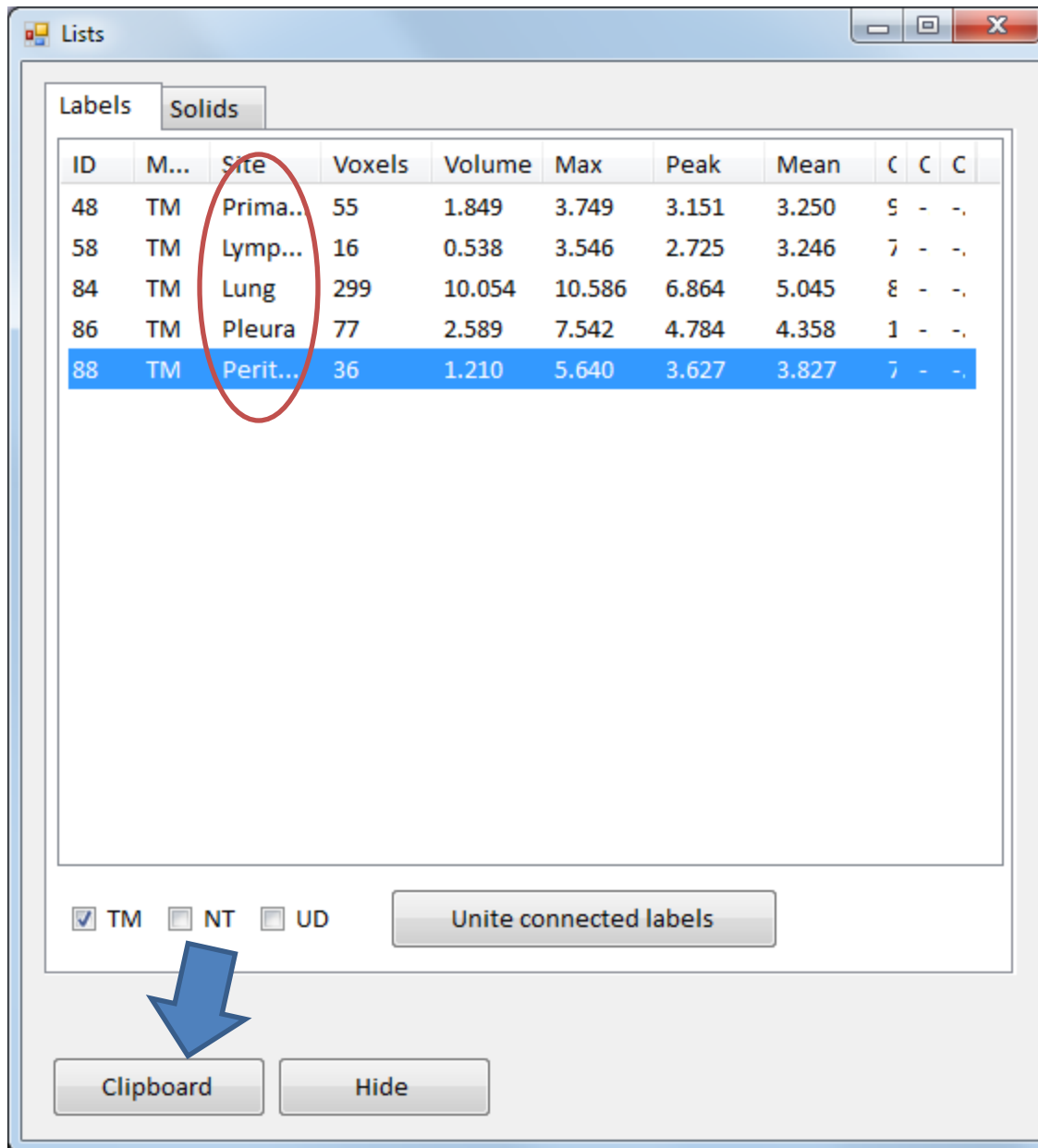


現在の腫瘍一覧が表示される。

リストを**ダブルクリック**すると、その病変がフォーカスされる。

右クリックでメニューを開き、病変の部位を指定する。
一覧にない病変(腎、皮膚等)はOthersで直接入力。



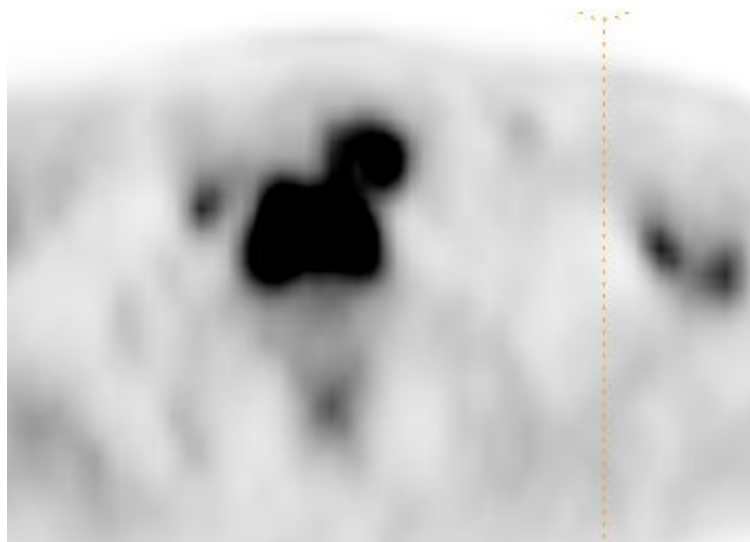


作業が完了したら、

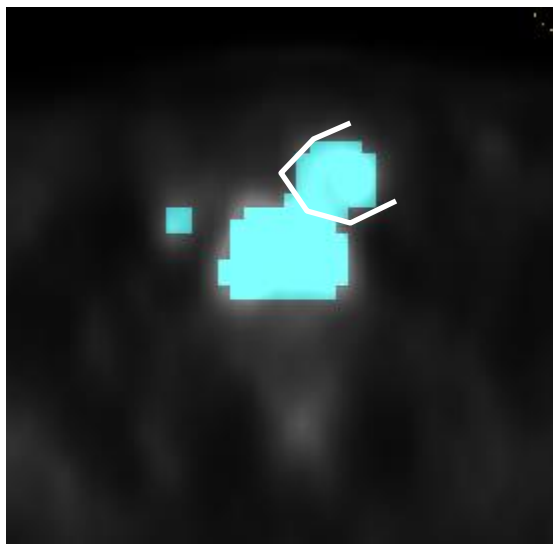
Clipboardをクリックして
従来の”Summary”と同等の
ものを得られる。
Summaryを使用してもOK。

全記録を残したい、
途中で中断したい
というときは、
ビューアーの
File -> Save ROIsで保存、
File -> Load で読み込み
ができる。

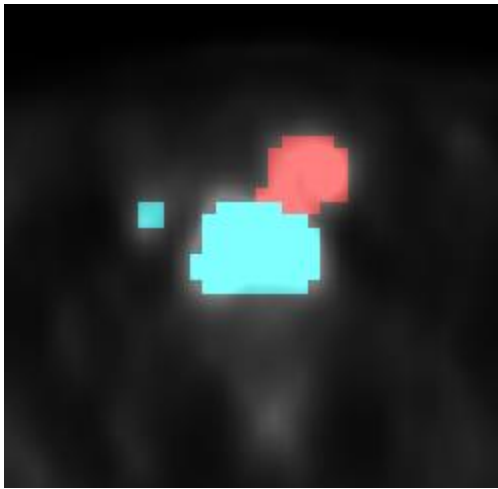
さて、腫瘍体積測定のコツは、腫瘍と非腫瘍が結合しているときにうまくこれを分離すること。



膀胱と恥骨転移が結合している例。

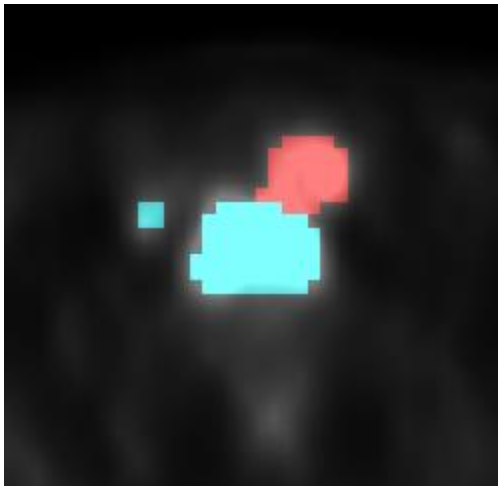


CTRLキーを押しながらクリックを繰り返し
多角形ROIで腫瘍を囲む。
すると、、、

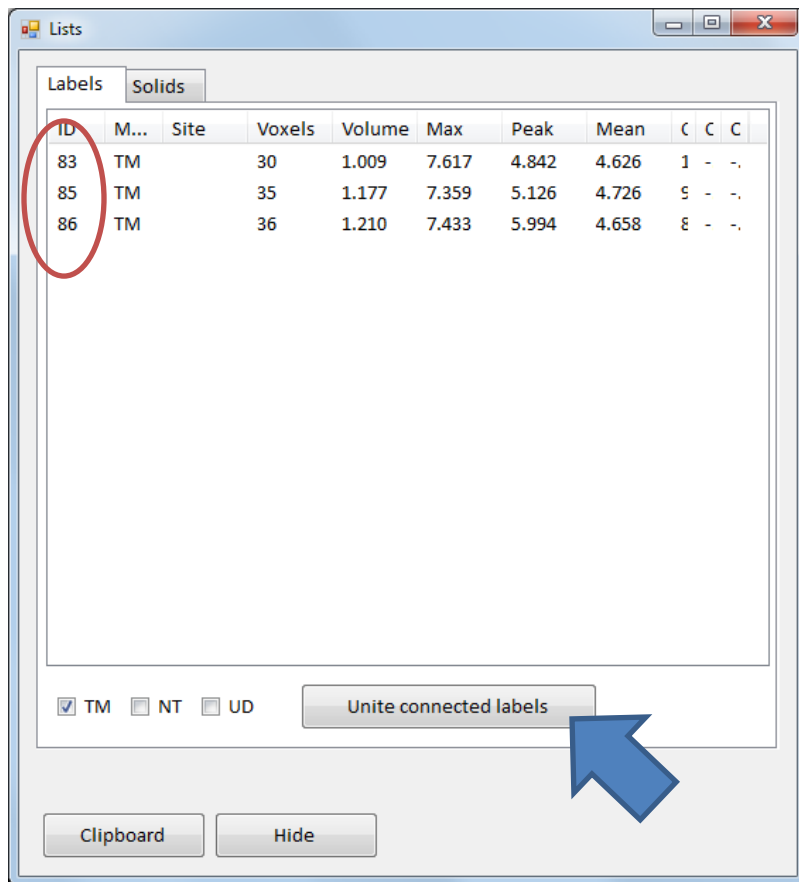


すると、
囲んだ部分が腫瘍(赤)になる。

これを繰り返して全スライスに行く、
または、
ある程度この作業をしたら、
残った腫瘍を右クリックしてみてもよい。
自動的にうまく分離できるかもしれない。



失敗したらCTRL+Zで戻る。

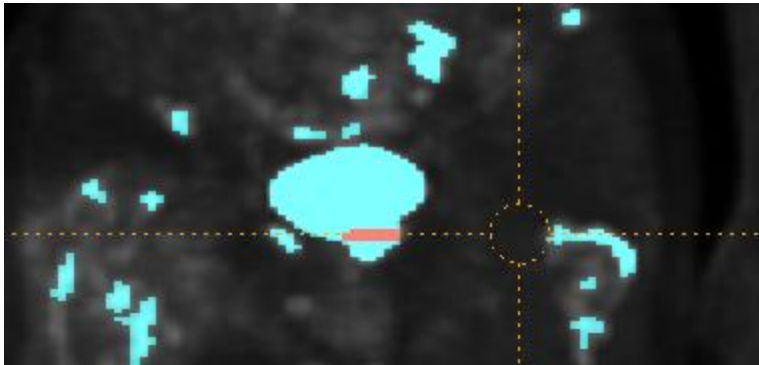


多角形ROIを使用すると、
スライスごとに別の集積体IDが
与えられる。

左上図の83,85,86は、
左下図のように隣接スライスのもの
なので、
本来は同じIDを与えたい。

そのときは”Unite connected labels”を
クリック。

なお、siteを与えていた集積体が
統合されると、siteが空欄になるので
Siteを与える作業は最後に行うほうがよい。



MIP

説明おわり