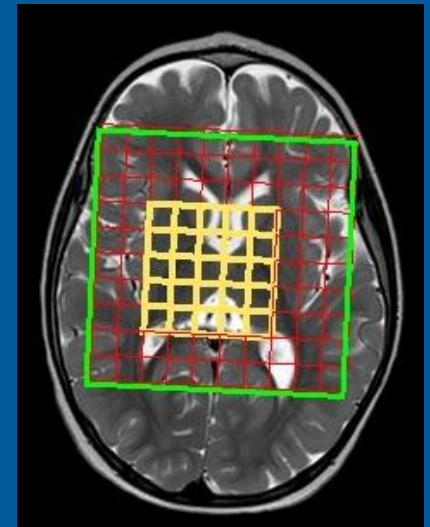


# Tutorial



# Gemelli



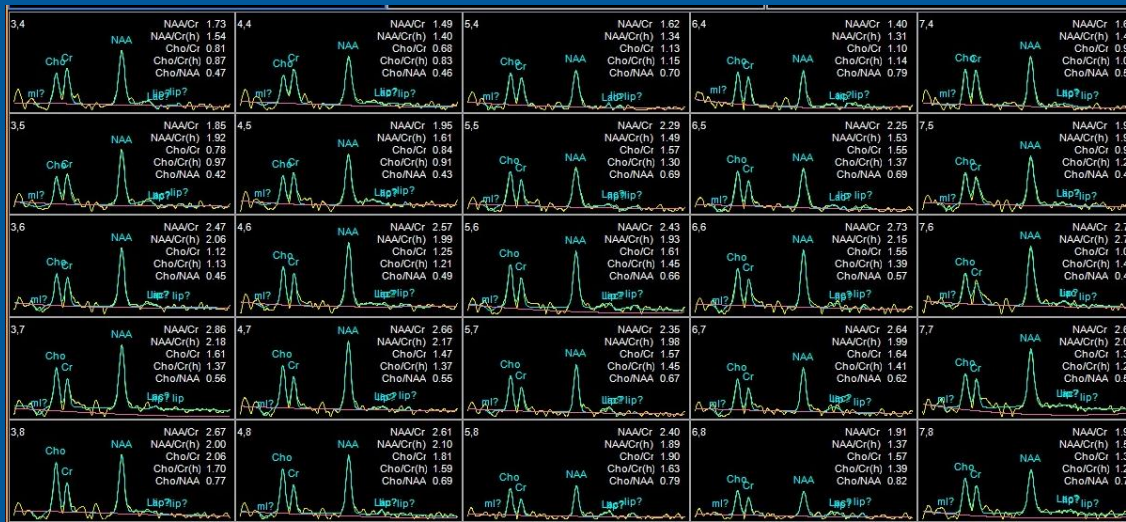
Formazione  
per l'eccellenza



Fondazione Policlinico Universitario Agostino Gemelli IRCCS  
Università Cattolica del Sacro Cuore

dic. '21





# Gemelli



# SPETTROSCOPIA MULTI VOXEL



Fondazione Policlinico Universitario Agostino Gemelli IRCCS  
Università Cattolica del Sacro Cuore

dic. '21





This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.

# *TSRM Ada Guidi - Marino Gentile*

## *Radiographer*

# Gemelli



✉ [marino.gentile@outlook.com](mailto:marino.gentile@outlook.com)

✉ [www.variodyne.it](http://www.variodyne.it)

dic. '21

Fondazione Policlinico Universitario Agostino Gemelli IRCCS  
Università Cattolica del Sacro Cuore

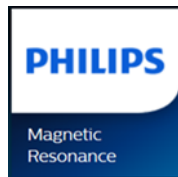




# Apparecchiature utilizzate

# PHILIPS

sense and simplicity



# MR Systems Ingenia

Ingenia (2017-09-19)



Philips Medical Systems Nederland B.V.  
Veenpluis 4-6, 5684 PC Best, The Netherlands.

# RM Ingenia 1.5T

# SPECIFICHE APPARECCHIATURE (RM 2)

## MR Systems Ingenia

SRN: 70750

**Nominal Main Magnetic Field (B0)** 1.5T

**Maximum Gradient of the static Magnetic Field** [View details...](#)

**Main Operation Frequency for 1H** 63.87 MHz

**Frequency range 1H** 63.57 MHz - 64.18 MHz

**Frequency range Multi Nuclei** Option not available

**Maximum Gradient Output**

20.0 cm	40.0 cm	60.0 cm
91.0 T/s	119.0 T/s	180.0 T/s

[View technical details...](#)

IEC/EN 60601-2-33 Ed. 2 Am. 2 (2007)

CE 0344

PHILIPS

Healthcare



# Apparecchiature utilizzate

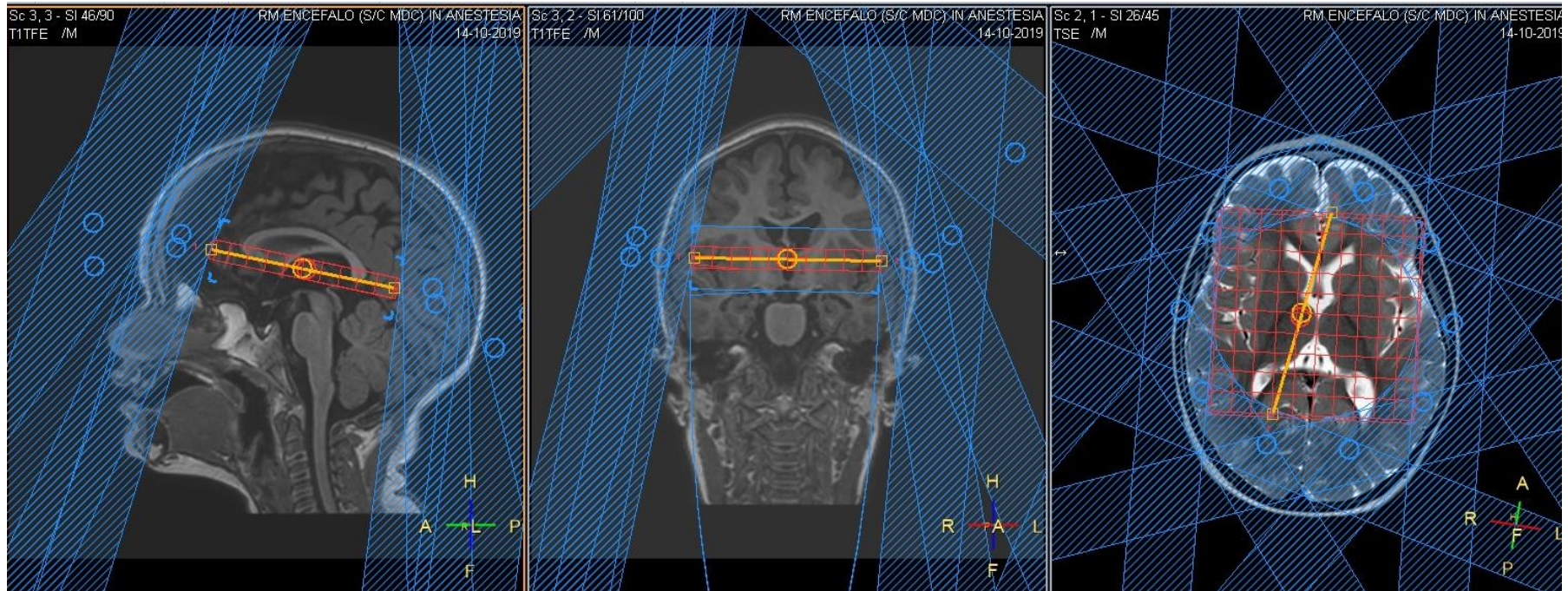


**PHILIPS**

dStream

# Ricostruzione spettroscopia MV

## Esempio di impostazione della sequenza Spettroscopia multivoxel 2D\_PRESS\_144\_10x10x10





# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL

Selezionare la  
sequenza  
Spettroscopia 3D  
MV e fare clic  
con il tasto dx.  
Selezionare  
Spectroview



Gemelli

The screenshot shows the Philips MRI software interface. The top menu bar includes Patients, Examination, Review, Analysis, System, and Help. The patient information section displays Registration ID, Date of Birth, and Gender (Male). The examination details show 'RM ENCEFALO IN..., 31-10-2016'. The sequence list is as follows:

Sequence	Checkmark	Orientation
1,1 Survey	✓	
2,1 T1W_3D_TFE	✓	SAG(1)
3,1 3D_Brain_FLAIR	✓	*SAG
4,1 T2W_TSE_HR	✓	axi
5,1 DWI	✓	axi
6,1 SWIp_HR	✓	axi
7,1 T2W_TSE_COR	✓	cor
8,1 T2W_TSE_SAG	✓	SAG
9,1 3D_PRESS_144	✓	spet 3D

The '3D\_PRESS\_144' sequence is selected. The right side of the interface shows a sagittal MRI scan of the brain. A context menu is open over the '3D\_PRESS\_144' sequence, with 'SpectroView' highlighted. Other menu options include QFlow, IViewBold, Advanced Properties..., Copy (Ctrl+C), Paste (Ctrl+V), Expand All, and Save Protocol to Text File... A green arrow points to the 'SpectroView' option.



# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL

The screenshot displays the Philips SpectroView software interface. The top menu bar includes 'Patients', 'Examination', 'Review', 'Analysis', 'System', and 'Help'. The left sidebar shows patient information: 'Registration ID:', 'Date of Birth:', 'Gender: Male', and a dropdown menu for 'RM ENCEFALO IN..., 31-10-2016'. Below this is a table of sequences for '\* Pediatrico HR'.

Sequence ID	Sequence Name	Orientation
1,1	Survey	
2,1	T1W_3D_TFE	SAG(1)
3,1	3D_Brain_FLAIR	<del>SAG</del>
4,1	T2W_TSE_HR	axi
5,1	DWI	axi
6,1	SWIp_HR	axi
7,1	T2W_TSE_COR	cor
8,1	T2W_TSE_SAG	SAG
9,1	3D_PRESS_144	spet 3D

The right pane shows 'SpectroView - 3D\_PRESS\_144'. An 'Unknown Anatomy' dialog box is open, displaying the message: 'Anatomy is not yet defined for this series. Please specify the anatomy for this study.' The dialog includes a dropdown menu with 'Brain' selected and an 'OK' button.

# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL



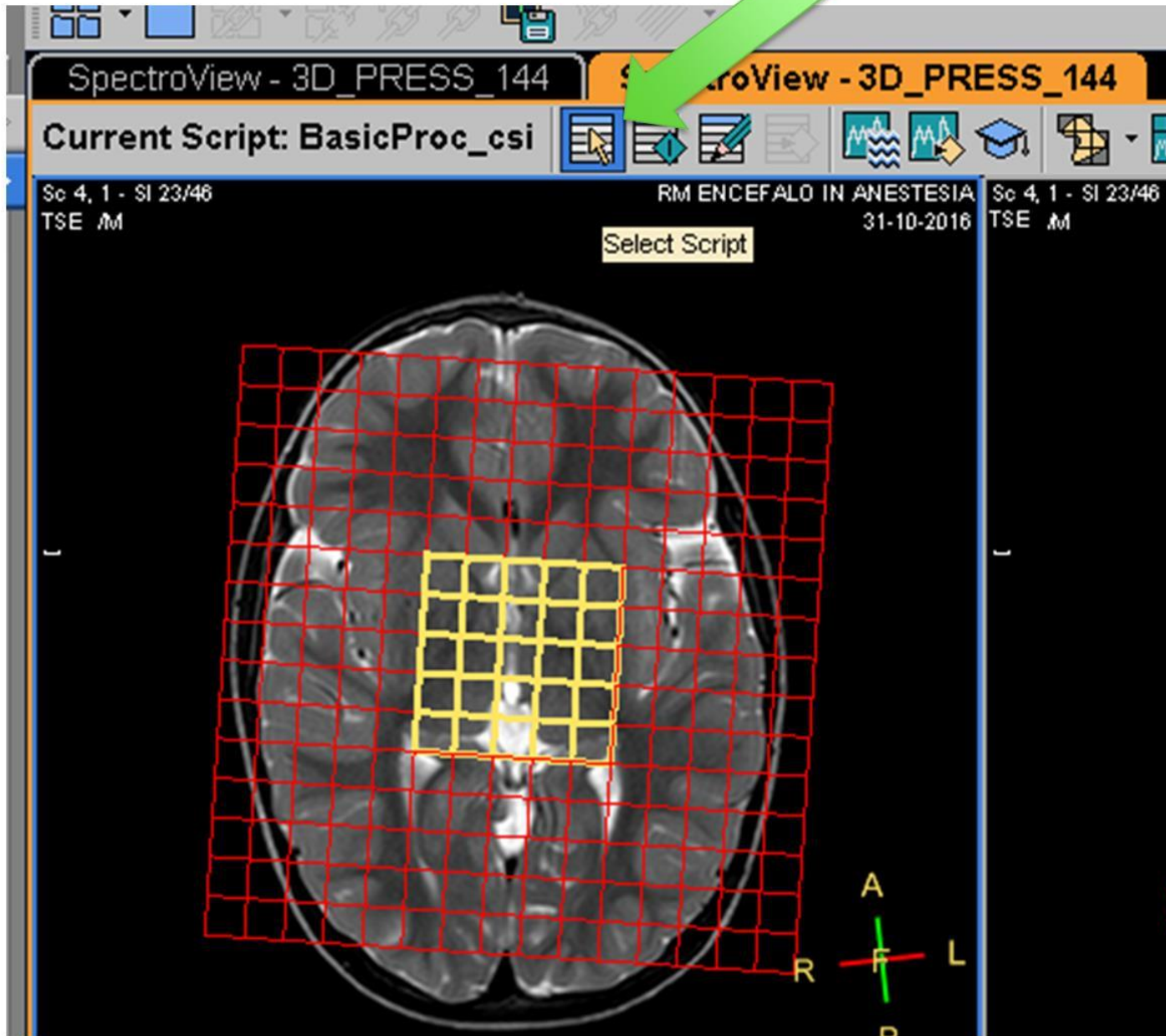
Questo è  
il risultato

...





# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL



Selezionare:  
«Select  
Script»

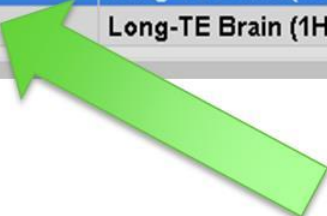
# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL

Please Select a Script

Name	Description	Nucleus	Anatomy	Field	TE
<unnamed>-20161008-110842	Based on Long-TE Brain (1H CSI, real spectra)	1H	Brain	1.0T, 1.5T, 3.0T, 7.0T	long
<unnamed>-20161011-121114	Based on Long-TE Brain (1H CSI or TSI, modu...	1H	Brain	1.5T	long
<unnamed>-20161013-113913	Based on Long-TE Brain (1H CSI or TSI, modu...	1H	Brain	1.5T	long
<unnamed>-20161014-091615	Based on Long-TE Brain (1H CSI, real spectra)	1H	Brain	1.5T	long
<unnamed>-20161014-091708	Based on Long-TE Brain (1H CSI, real spectra)	1H	Brain	1.5T	long
<unnamed>-20161014-091739	Based on Long-TE Brain (1H CSI, real spectra)	1H	Brain	1.5T	long
<unnamed>-20161031-112103	Based on Long-TE Brain (1H CSI or TSI, modu...	1H	Brain	1.5T	long
BasicProc_csi	Basic Processing (1H CSI)	1H	Brain	1.0T, 1.5T, 3.0T, 7.0T	short
<b>LongTeBrain_csi</b>	<b>Long-TE Brain (1H CSI or TSI, modulus spectra)</b>	1H	Brain	1.0T, 1.5T, 3.0T, 7.0T	long
LongTeBrain_csi-real	Long-TE Brain (1H CSI, real spectra)	1H	Brain	1.0T, 1.5T, 3.0T, 7.0T	long

Filter:  
 Nucleus  
 Anatomy  
 Field  
 TE

OK



Selezionare:

**Long-TE Brain (1H CSI or TSI, modulus spectra)** come indicato in figura ...  
e fare clic su **OK**



# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL

**Script Parameters**

Name:

Description:

Anatomy:  Supported Field Strengths:

Nucleus:   1.0T  1.5T  3.0T  7.0T

Echo Time:  Short  Long

Processing Step:

Spectrum Phase Adjustment  
 Initial Baseline Subtraction  
 Shift Peak Frequency  
 Select Peaks  
 Peak Fitting  
 Correct for DSA filter  
 Generate Maps  
 Results Table  
 Graph Display

Ac  
Ala  
Cho  
Cr  
Cr2  
Glx  
H2O  
Lac  
lip  
ml  
NAA  
sl

Note: assuming 1.5T peaks!

Apparirà la  
seguente  
schermata ...



# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL

**Script Parameters**

Name: <unnamed> -20161031-113526

Description: Based on Long-TE Brain (1H CSI or TSI, modulus spectra)

Anatomy: Brain Supported Field Strengths:

Nucleus: 1H  1.0T  1.5T  3.0T  7.0T

Echo Time:  Short  Long


Processing Step: Select Peaks

Spectrum Phase Adjustment  
 Initial Baseline Subtraction  
 Shift Peak Frequency  
 Select Peaks  
 Peak Fitting  
 Correct for DSA filter  
 Generate Maps  
 Results Table  
 Graph Display

All None

Ac  
Ala  
Cho  
Cr  
Cr2  
Glx  
H2O  
Lac  
lip  
ml  
NAA  
sl

Run OK Cancel



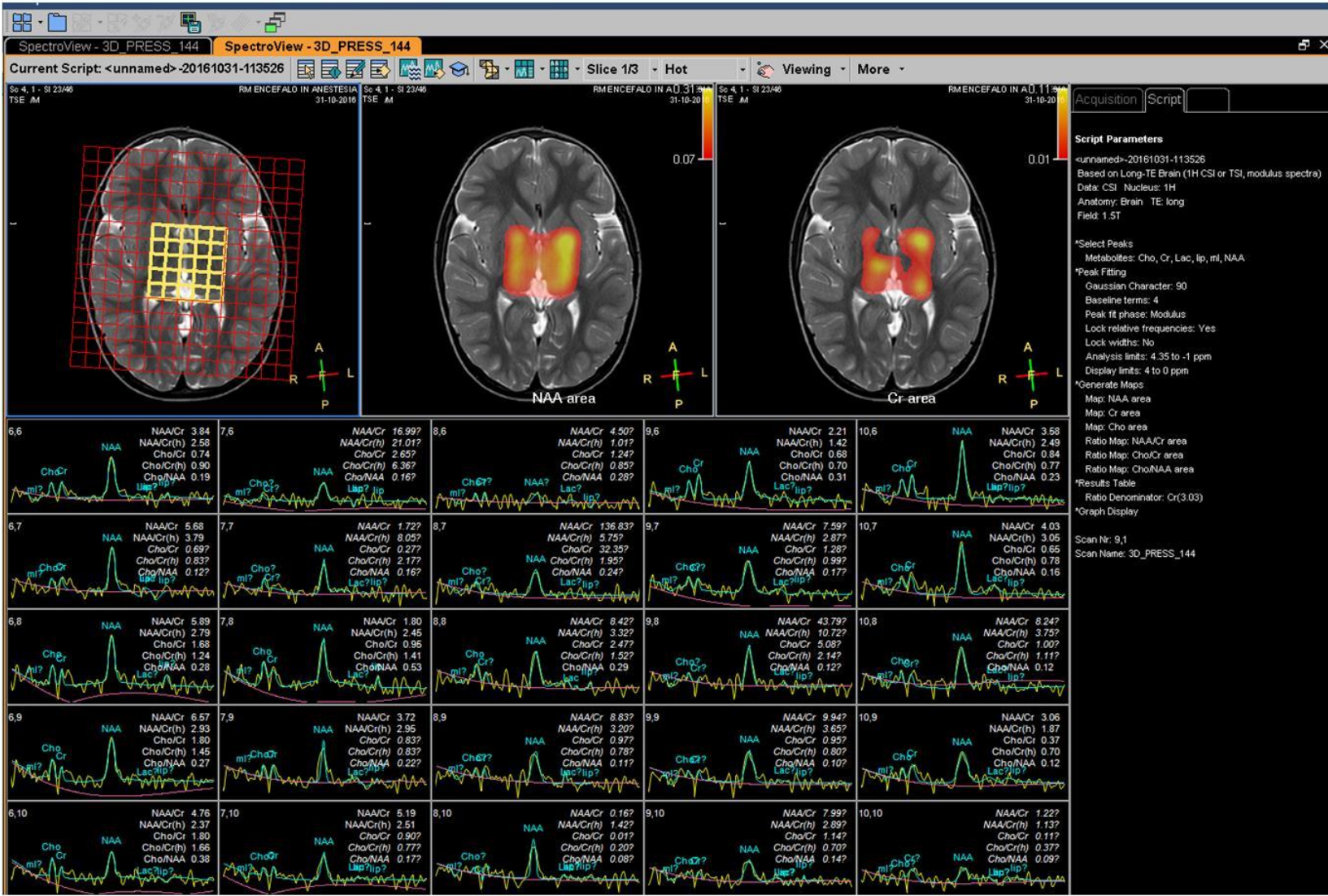
Controllare che sia abilitato solo 1.5T e selezionati (in blu) i metaboliti di interesse

Fare quindi clic su «RUN»





# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL



# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL



Cliccando con il tasto dx sull'immagine del cranio è possibile selezionare una immagine diversa...





# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL



	3.18 (Reconstructor - Cho)
	3 (Reconstructor - Cr)
	2.04 (Reconstructor - NAA)
	1.29 (Reconstructor - lip)
<input checked="" type="checkbox"/>	NAA area
	Cr area
	Cho area
	<b>NAA/Cr area</b>
	Cho/Cr area
	Cho/NAA area

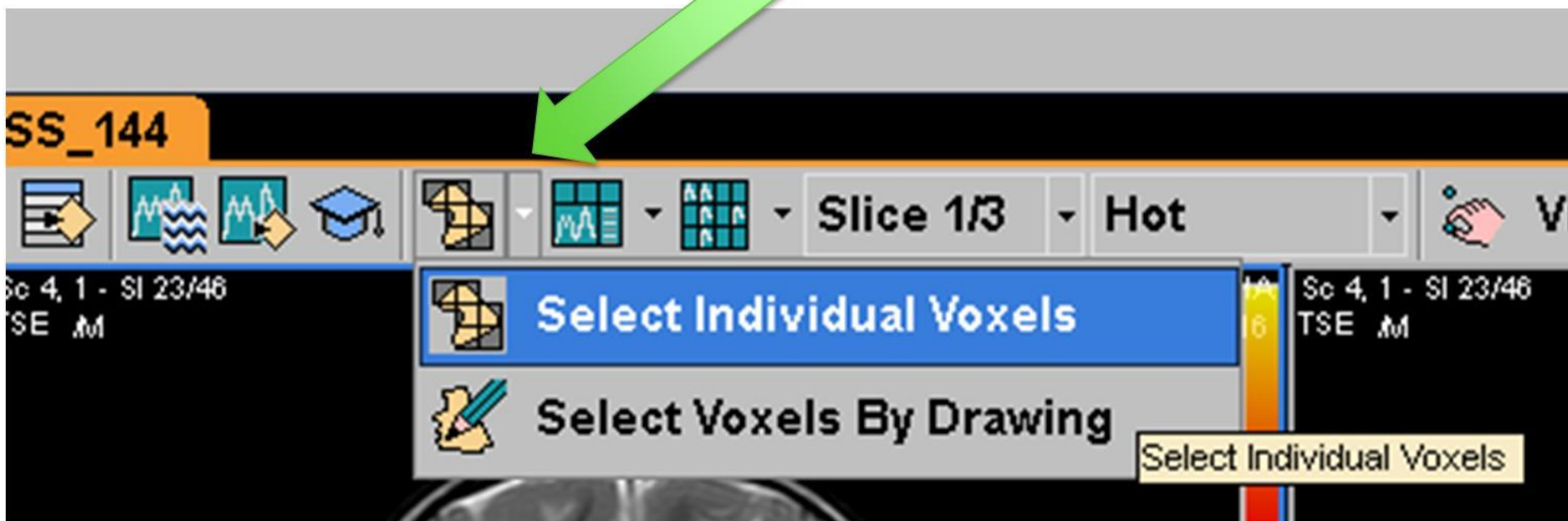
Per esempio il rapporto tra due metaboliti...



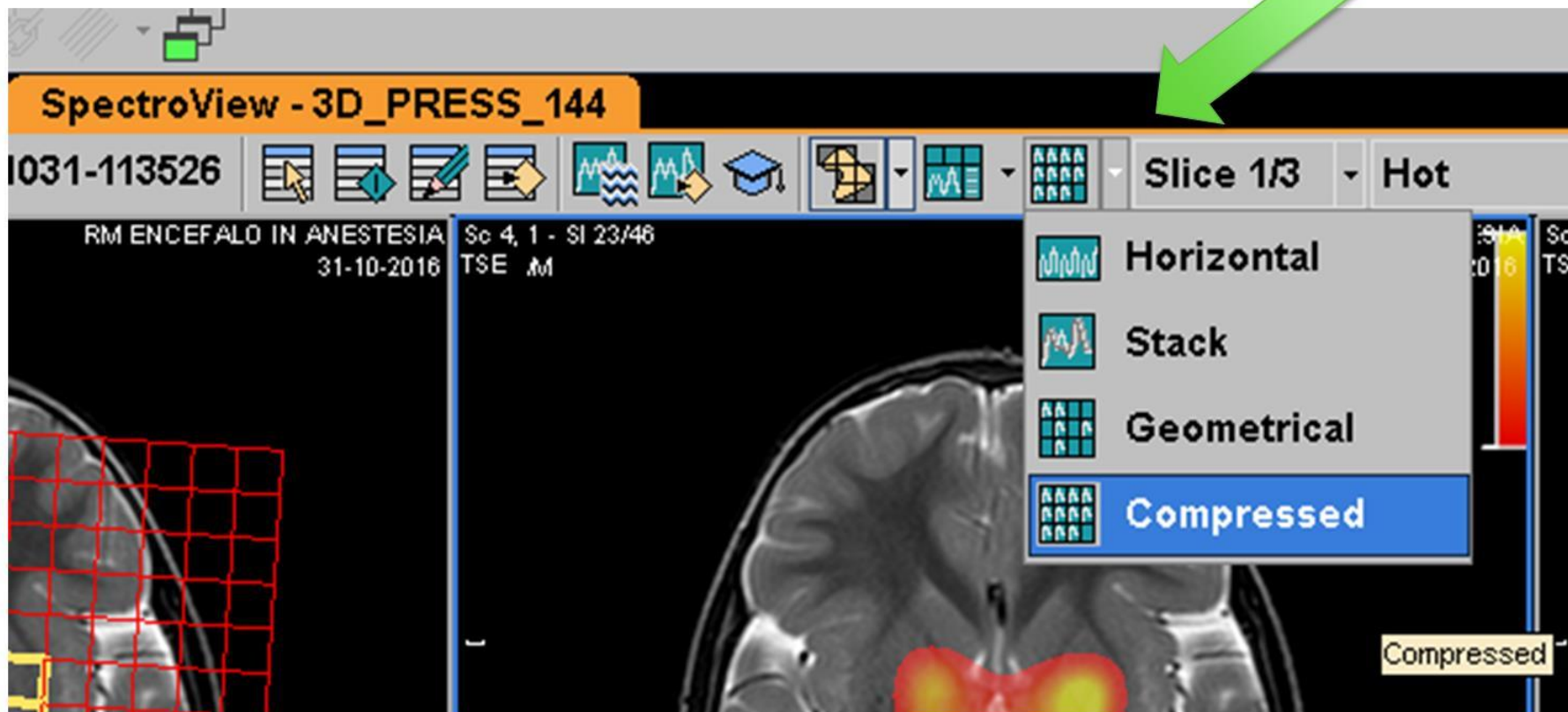
# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL



Per selezionare un singolo voxel o più voxel, cliccare su:



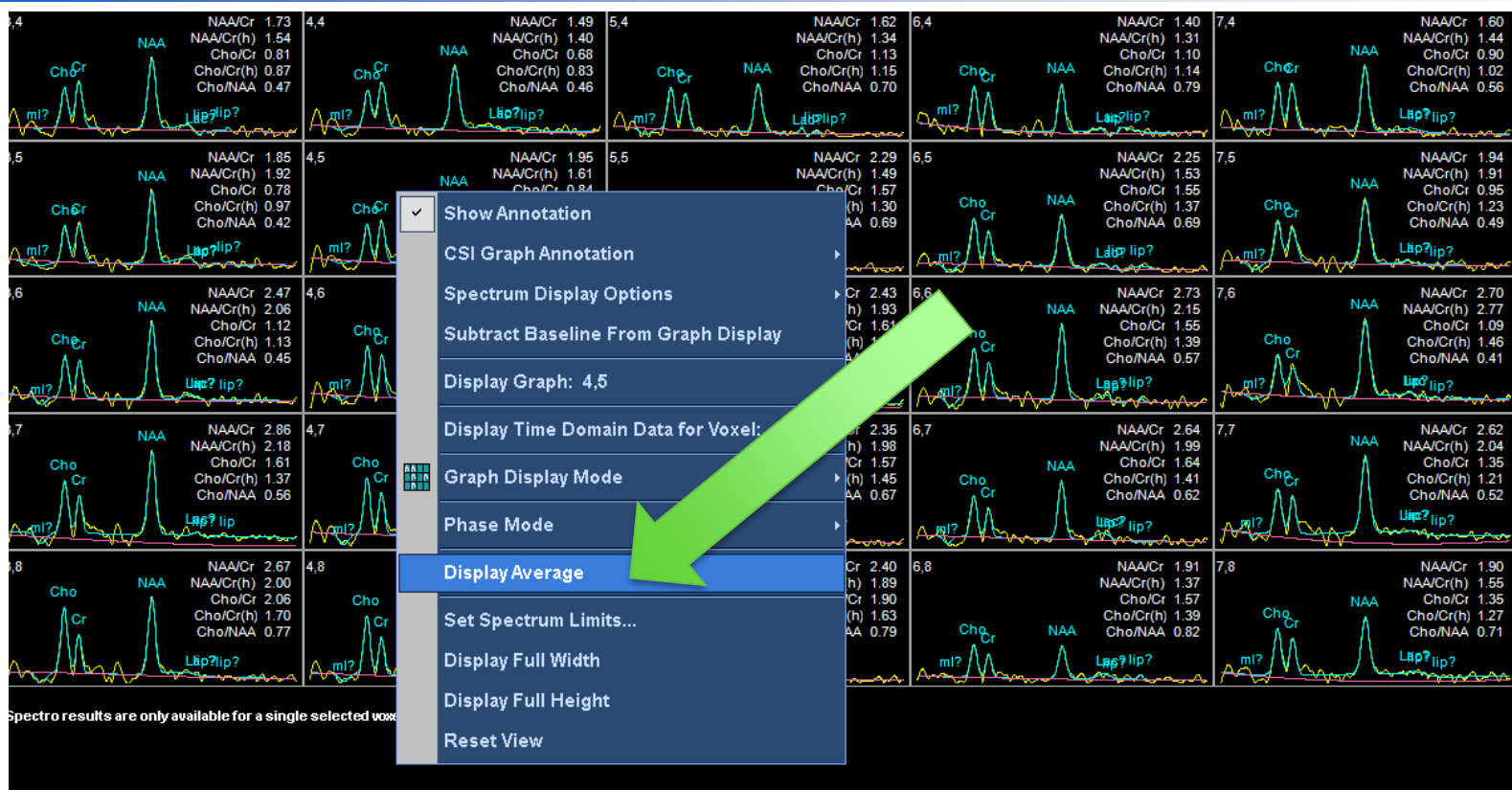
# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL



Per vedere i grafici dei voxel selezionati scegliere:

«**compressed**»

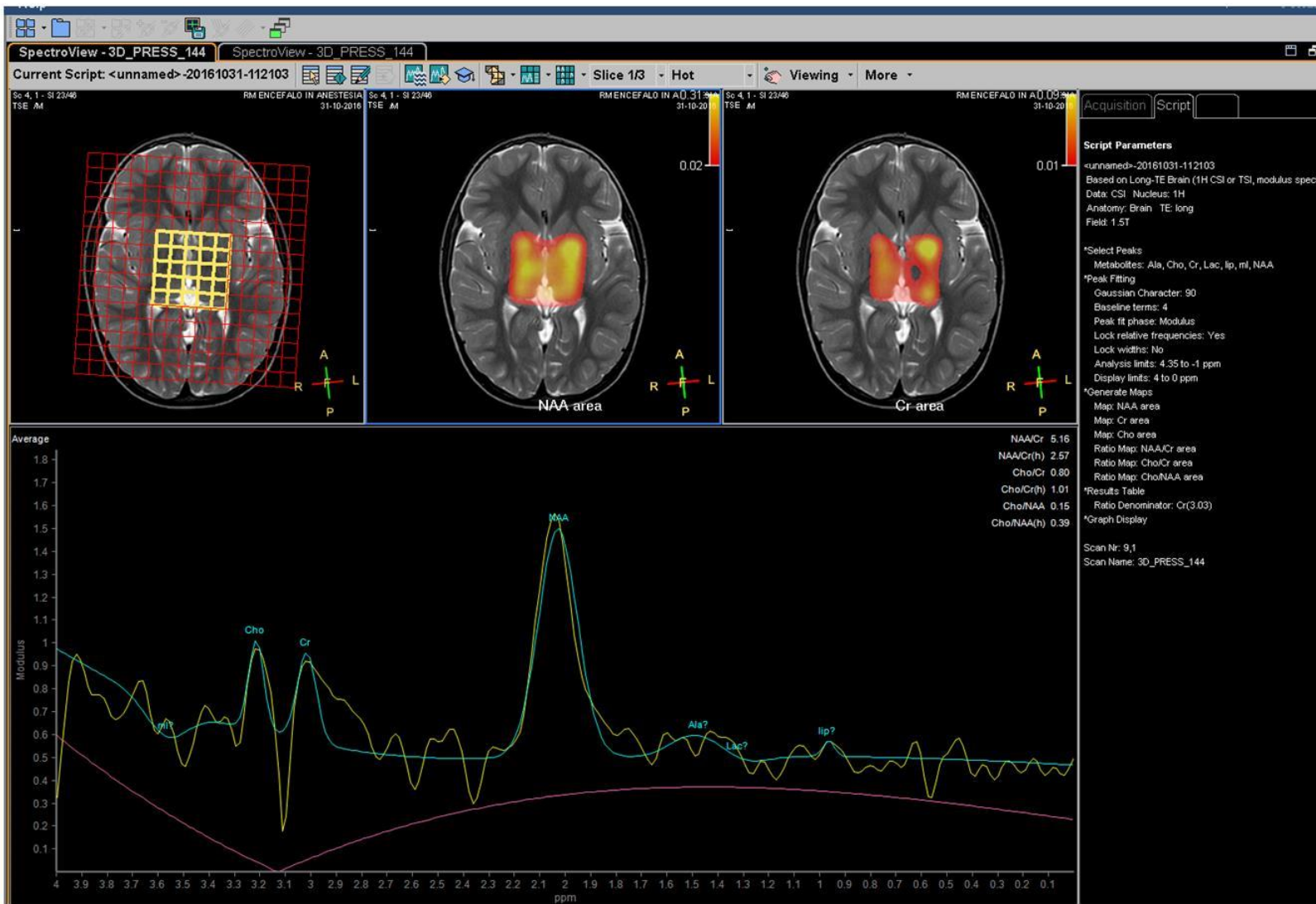
# Ricostruzione spettroscopia MV



Se vogliamo vedere una media di tutti i voxel esaminati, cliccare sull'immagine degli spettri e selezionare «Display Average»

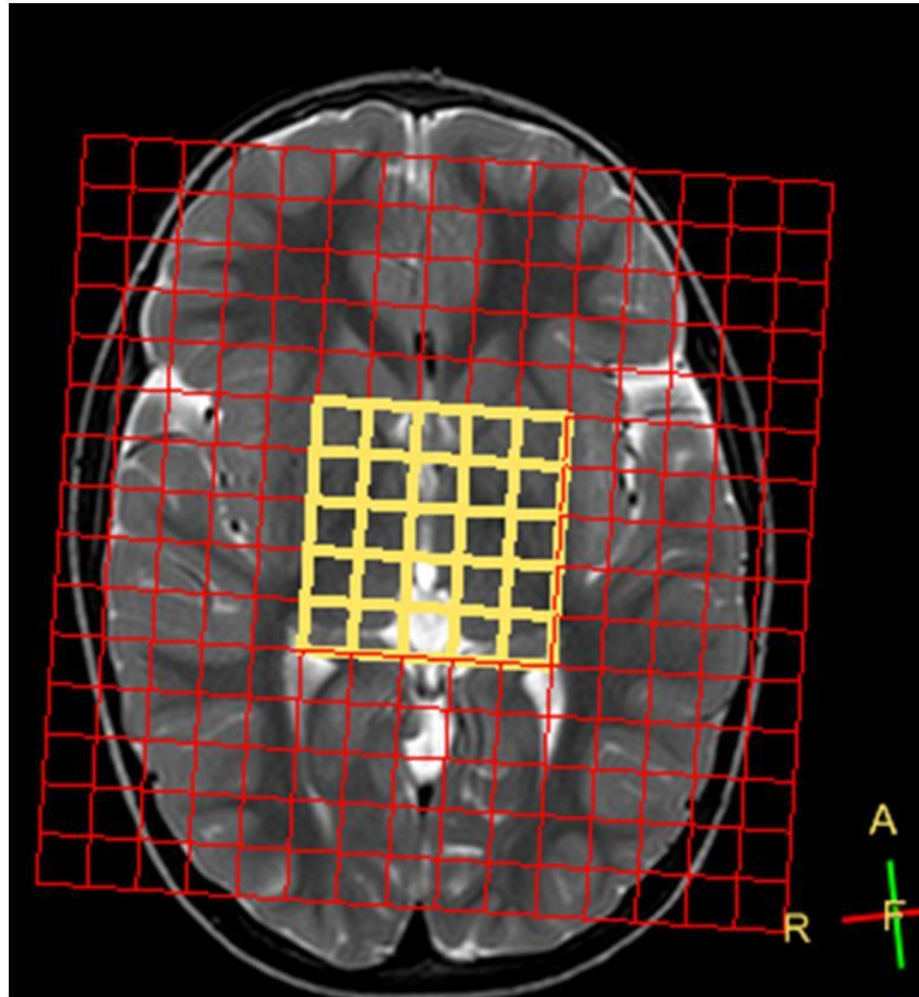


# SPETTROSCOPIA – MULTIVOXEL



# Ricostruzione spettroscopia MV

Nell'immagine potete vedere un quadrato di 5\*5 voxel. È possibile selezionare più di un voxel premendo Ctrl+clic sul voxel scelto.



# Ricostruzione spettroscopia MV



In questo modo potremo, per esempio, vedere gli spettri dei due voxel selezionati (in giallo sull'immagine in alto a sinistra)

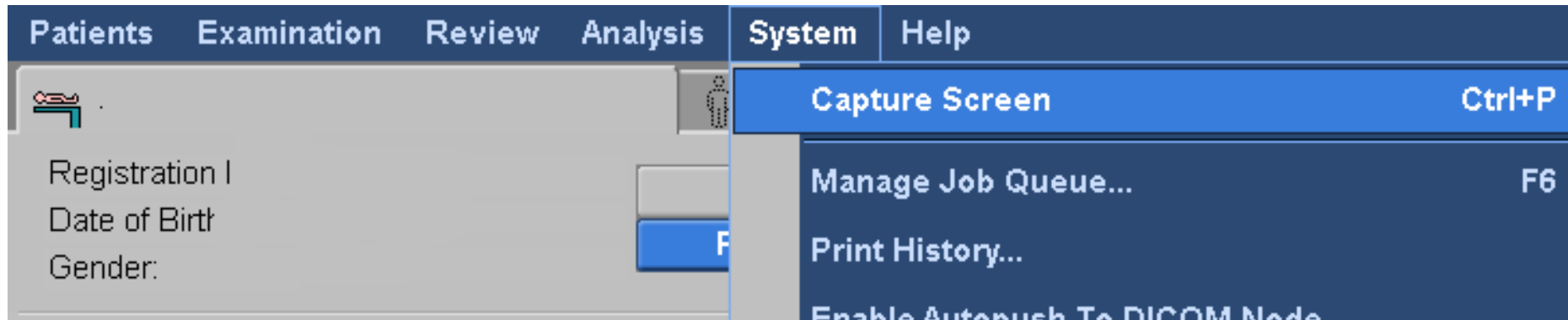


# Ricostruzione spettroscopia MV



Se scegliamo 2 voxel diversi e l'immagine appare come a lato... andare sul menù «Graph Display Mode» e scegliere «Compressed»

# Ricostruzione spettroscopia MV

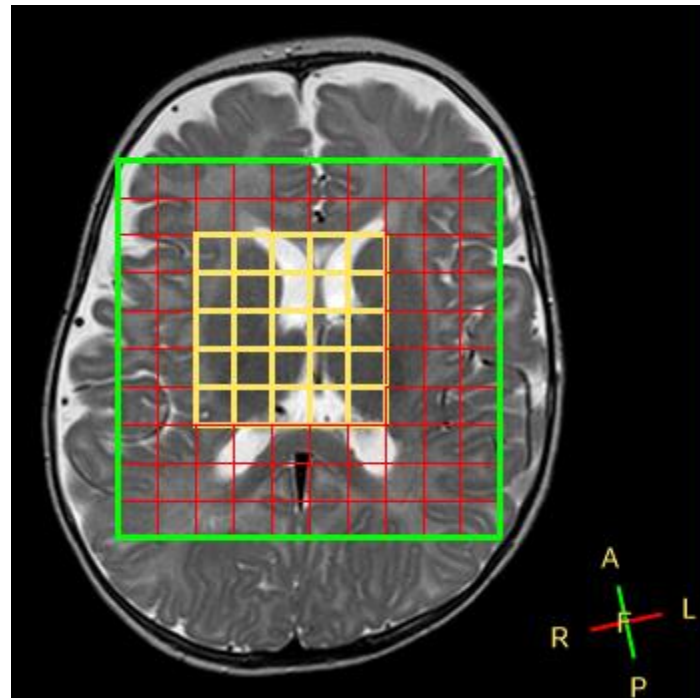


L'ultimo passaggio è salvare il risultato ...

Fare «**Capture Screen**» e ricordarsi di inviare in archivio l'immagine salvata ...

# Ricostruzione spettroscopia MV

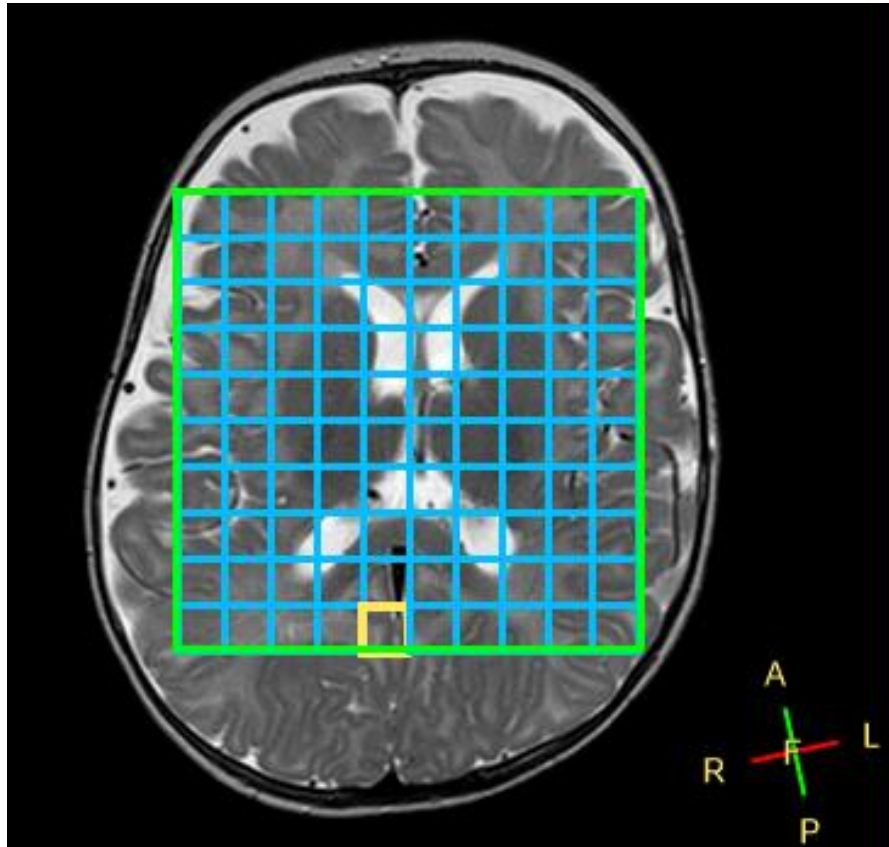
Se vogliamo selezionare i voxel al di fuori della griglia centrale, all'inizio dobbiamo fare clic sul primo voxel in alto a sn, poi tenendo premuto lo shift clicchiamo sull'ultimo voxel in basso a sinistra.





# Ricostruzione spettroscopia MV

In questo modo avremmo la possibilità di selezionare ciascuno dei voxel della nostra sequenza acquisita.



N.B. per selezionare il single voxel usiamo la procedura precedentemente illustrata...

# Ricostruzione spettroscopia MV

È necessario fare di nuovo «RUN» per vedere gli spettri di tutti i voxel.

