

# In-Vivo Spectroscopic Imaging auf MR-Ganzkörpergeräten

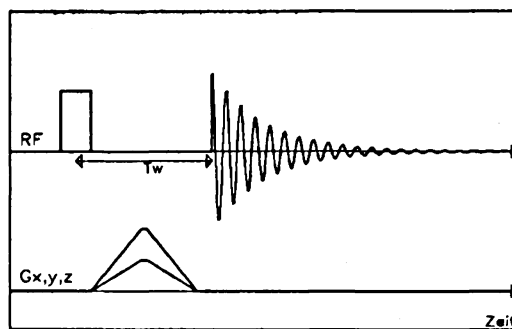
Meier D., Burger C., Duc C., Boesiger P.

Institut für Biomedizinische Technik und Medizinische Informatik  
Universität und ETH Zürich, CH-8044 Zürich Schweiz

**EINLEITUNG:** In der Magnetresonanz-Spektroskopie gewinnen Lokalisationsverfahren, die unter dem Namen 'Spectroscopic Imaging' [1] bekannt sind, mehr und mehr an Bedeutung. Mit diesen Verfahren, die auf einer Erweiterung des konventionellen Fourier-Imagings basieren, können Signale aus Volumenelementen einer Zeile resp. einer Kolonne (1DSI), aus einer Schicht (2DSI) oder aus einem begrenzten räumlichen Volumen (3DSI) innerhalb einer speziellen Mess-Sequenz gleichzeitig registriert werden. Die phasenkodierten Zeitsignale werden mit Fouriertransformation in räumlich dekodierte Signale übergeführt; eine weitere Fouriertransformation liefert schliesslich die Frequenzspektren der einzelnen Volumenelemente.

Die Spektren aus dieser Vielzahl von Volumenelementen erlauben einen direkten Vergleich zwischen verschiedenen Geweberegionen. Somit können metabolische Veränderungen in erkranktem Gewebe direkt der Metaboliteninformation aus gesunden, unter gleichen Bedingungen und gleichzeitig gemessenen Regionen gegenübergestellt werden. Ausserdem können die Flächen der einzelnen Metaboliten als Grau- oder Farbwerte kodiert und bildlich dargestellt werden (Spectroscopic Images; Metabolitenbilder).

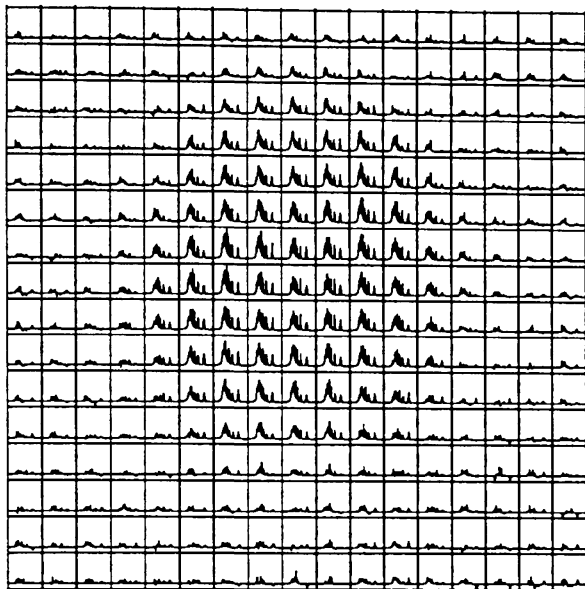
**METHODE:** Die Pulssequenz für 3D-Spectroscopic Imaging besteht im einfachsten Fall (Figur 1) aus einem RF Blockpuls gefolgt von einem Intervall mit den geschalteten Phasenkodiergradienten in allen 3 Raumrichtungen. Daran schliesst die Aufzeichnung des freien Induktionssignals (FID) an. Im Falle von 2DSI besteht die RF-Anregung aus einem frequenzselektiven Sinc-Gauss-Puls, der zusammen mit einem schichtselektiven Gradient angelegt wird. Die Phasenkodierung wird dann nur noch innerhalb der Schichtichtung vorgenommen.



Figur 1: Pulssequenz für Spectroscopic Imaging (3DSI).

Die räumlich dekodierten Zeitsignale werden mit einem Schätzverfahren weiterverarbeitet [2]. Dabei werden die gemessenen Signale der untersuchten Region mit bekannten Resonanzlinien des entsprechenden Gewebes verglichen. Eine Fitprozedur liefert schliesslich die beschreibenden Parameter des Spektrums (zB. die relative Metabolitenkonzentrationen). Phasenfehler und Artefakte der Basislinie werden mit diesem Verfahren ebenfalls eliminiert. Die gemessenen Phosphorspektren können mit diesem Verfahren erfolgreich verarbeitet werden, wogegen die Auswertung der Wasserstoffspektren mit derselben Methode noch problematisch ist.

**ERGEBNISSE:** Die Anwendung der SI-Methode wurde bisher auf den Hirnbereich beschränkt, weil einerseits von der Fragestellung her viele interessante Resultate zu erwarten sind, und andererseits die Messung mit speziellen Kopfspulen unproblematisch ist. In Figur 2 sind die verarbeiteten Spektren der gemessenen Phosphorkerne aus einer Transversalschicht durch das menschliche Gehirn dargestellt. Die Messungen wurden auf einem 1.5 T Ganzkörpergerät, Philips Gyroscan ACS II, durchgeführt.



Figur 2: Phosphorspektren (Fit-Resultate) einer Transversalschicht durch das Gehirn

Die räumliche Auflösung der  $17 \times 17$  Volumenelemente beträgt nominal 14 ml.

Die Resonanzlinien der einzelnen Spektren können chemischen Verbindungen zugeordnet werden und geben Aufschluss über lokale Stoffwechselfvorgänge und die metabolische Zusammensetzung des Gewebes. Die Flächen unter den einzelnen Linien entsprechen dabei den relativen Konzentrationen der entsprechenden Metaboliten. Somit ist eine Konzentrationsverteilung aus allen gemessenen Volumenelementen bestimmbar. Diese relativen Konzentrationswerte können als Grauwerte oder mit Falschfarben kodiert und als Bildinformation dargestellt werden. Zur besseren Verdeutlichung werden Metabolitenbilder, die ursprünglich nur eine sehr kleine Auflösung (typischerweise  $16 \times 16$  für Phosphor-metaboliten bzw.  $32 \times 32$  für Wasserstofflinien) zu einer höheren Auflösung ( $128 \times 128$  resp.  $256 \times 256$ ) extrapoliert und dem Wasserstoff-Konturbild überlagert.

Das folgende Resultat einer Wasserstoff-Spektroskopie-Messung in einer transversalen Schicht durch das menschliche Gehirn (Figur 3) zeigt die Konzentrationsverteilung von N-Acetylaspartat (NAA). Die räumliche Auflösung der gemessenen  $32 \times 32$  Volumenelemente beträgt 0.61ml.



Figur 3: Konzentrationsverteilung von NAA in einer Transversalschicht durch das menschliche Gehirn

In dieser 2DSI Messung wurden nur die Spins innerhalb eines ausgewählten Volumens ( $115 \times 90 \times 10$  mm) innerhalb des Gehirns angeregt. Dies wird mittels PRESS, einer der SI vorangestellten Lokalisationssequenz, erreicht. Ausserdem wird mit einer Sättigungssequenz (CHESS) das Signal des freien Wassers unterdrückt. Die Konzentration wurde mittels einfacher Integration der NAA Linie ermittelt.

DISKUSSION: Spectroscopic Imaging ist eine effiziente Methode um Spektren aus einer Vielzahl von Volumenelementen in kurzer Messzeit zu erhalten. Für die Phosphorsignale stellt die minimale mögliche räumliche Auflösung eine gewisse Limitation für den klinischen Einsatz dar. Die Qualität der Wasserstoffspektren hängt in starkem Mass von der erreichten Wasser- und Fettunterdrückung ab, ermöglicht aber differenzierte räumliche Aussagen über die Metabolitenverteilung.

#### LITERATUR:

- [1] T.R. Brown et al.; Proc. Natl. Acad. Sci. USA 79, 3523 (1982)
- [2] C. Burger et al.; Magn. Reson. Med. 21, 216 (1991)