

In-Vivo Spectroscopic Imaging auf MR-Ganzkörpergeräten

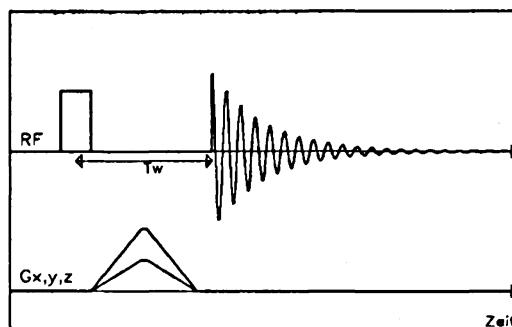
Meier D., Burger C., Duc C., Boesiger P.

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 Schichtrichtung 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.