

PC를 이용한 자기공명분광 신호처리분석 시스템 개발: 1.5T MR Spectroscopy에서의 정상인 뇌 분광 신호

백문영¹ · 강원석² · 이현용³ · 신운재³ · 은충기^{1,4} · 문치웅^{1,2}

목적 : 자기공명 스펙트럼 데이터의 처리 및 분석을 특정 workstation이 아닌 일반 PC의 windows 운영체제에서 동작할 수 있도록 GUI(Graphical User Interface)기반의 Spectroscopy 분석용 도구를 개발하였다.

대상 및 방법 : S/W의 개발은 MATLAB(Mathwork사, 미국)을 이용하여 PC의 window 운영체제에서 GUI 기반으로 동작하게 하였다. 시간 영역의 raw data와 주파수 영역의 spectrum data를 동시에 display할 수 있게 하였으며 Zero filling, 여러 종류의 filtering, 위상보정, FFT, peak area 측정 등의 기능을 갖추었다. 또한, 1.5T Gyroscan ACS-NT R6(Philips, Amsterdam, Netherland)의 ¹H Spectroscopy 패키지를 이용하여 정상인 뇌의 Parietal white matter, Basal ganglia, Occipital grey matter 영역에서 얻은 ¹H MRS data를 정성·정량적으로 분석하여 타 기종에서 얻어 발표된 ¹H MRS data와 비교분석하였다.

결과 : 본 연구에서 개발된 S/W를 이용하여 정상인 뇌에서 ¹H MRS data를 processing한 결과 NAA/Cr, Cho/Cr, MI/Cr 비율은 TE를 달리하였을 때, 유의수준 5%에서 Parietal white matter(PWM)의 NAA/Cr peak ratio를 제외하고 유의한 차이가 없었다. 그리고 기존에 발표된 문헌과 비교할 때 다른 MR 장치의 NAA/Cr, Cho/Cr, MI/Cr 값들에 비해 평균값과 표준편차가 전반적으로 10-50%의 큰 값을 나타내었다.

결론 : 정상인 뇌에서 세 부위에 대하여 ¹H MRS를 얻고 이에 대한 정성·정량 분석을 함으로써 MRS를 임상적으로 적용하기 위한 준비를 하였으며 이러한 작업을 PC에서 독립적으로 수행함으로써 MRI system의 작업효율을 향상시킬 수 있었다. 그리고 서로 다른 기종간에는 유의한 차이가 있으므로 정상인에 대한 MRS database를 구축한 후에 ¹H MRS를 임상에 적용해야 함을 알 수 있었다.

서 론

1946년 Felix Bloch의 역사적인 핵자기공명현상(NMR)의 발견에서 MR(Magnetic Resonance)의 시작을 알리게 되는데, Bloch는 원자핵(nucleus)이 작은 자석처럼 행동한다는 것을 설명했다 (1-2). 이는 원자핵이 하나의 연합된 자기장

(magnetic field)을 갖게 되며 이것은 하나의 가상 축을 회전하기 때문에 이 field를 magnetic moment라고 부르고, 양자(proton)처럼 전하를 가지고 회전하는 핵자(nucleon)는 훨씬 강한 자기장을 갖게 된다고 설명하고 있다. 또한, Edward Mills Purcell (1)이 spectrum을 만들어 냄으로써 위의 두 사람은 1952년 노벨상을 수상하게 된다. 그 이후 자기공명분광법(Magnetic Resonance Spectroscopy)은 물리학 및 화학

대한자기공명영상학회지 4:128-135(2000)

¹인제대학교 의료영상과학대학원

²인제대학교 의용공학과

³부산백병원 진단방사선과

⁴인제대학교 의과대학 진단방사선과

*본 논문은 1999년도 인제대학교 학술연구조성비 보조에 의한 것임 (This work was supported by Grant from Inje University, 1999년)

접 수 : 2000년 10월 30일, 채 택 : 2000년 12월 16일

통신저자 : 문치웅 (135-270) 인제대학교 의과대학

Tel. 82-55-320-3297 Fax. 82-55-321-4038 E-mail : mcw@bse.inje.ac.kr

등의 분야에서 주로 물질의 NMR spectrum의 분석을 통해 물질의 분자배열을 분석하는데 결정적 도움을 주었다. 처음에는 주로 생체 외의 물질분석에 이용되었는데 생체 외에서 시행하는 검사는 세포 내 물질의 화학적인 환경을 그대로 반영하지 못하며, 또한 생체 외로 물질을 뽑아내서 처리하는 과정에서 물질이 파괴, 변질되는 단점이 있다. 따라서, 생체내의 신진대사에 관여하는 물질들을 비침습적으로 세포의 기능을 저해하지 않고 분석하는 방법으로 MRS에 대한 연구가 시작되어 현재 새로운 연구분야로 발전하고 있다.

생체자기공명분광(In vivo MRS)은 비침습적으로 인체 내부 특정 부위의 에너지 대사 과정이나 여러 가지 대사물질들을 식별하고 정성·정량 분석할 수 있는 방법으로 대사 과정이나 생화학적 정보의 차이로 인해 정상 조직과 병변 조직간에 서로 다른 spectrum을 가지게 된다 (3). 이러한 특성으로 질병 부위의 물질대사 변화를 토대로 병변 조직의 변화를 미리 발견하여 질병의 조기진단 및 치료효과를 평가할 수 있다. 임상적인 MRS의 획득은 고자장 MRI System의 '자기공명분광(MRS)' 패키지라 불리는 부가적인 기기설치를 통하여 이루어진다. 이를 통해 획득한 raw data는 여러 가지 복잡한 data processing을 거쳐 양질의 spectrum을 얻고 적분으로 각 metabolite peak의 면적을 구하여 본격적인 분석을 시작하게 된다.

자기공명분광파일은 영상파일과는 달리 크기가 보통 몇 킬로바이트(1D spectrum의 경우) 정도로서 전송이 용이하며 일반적으로 MRS 분석에 요구되는 여러 가지 data processing은 main console 또는 별도의 workstation과 같은 독립된 컴퓨터 분석 시스템으로 전송되어 이루어진다 (4). 이로서 spectrum data를 처리하는 동안 다른 환자의 scan을 수행하여 MRI system의 작업효율을 높일 수 있다. 그러나 S/W의 구입 가격이 고가이고, 일부 MRI system에서는 이러한

MRS data의 processing 과정을 main console에서만 할 수 있게 되어 있어서 system의 작업효율이 낮은 실정이라 MRS S/W의 개발이 절실하였다.

따라서, 본 연구의 목적은 MRI system에서 수집한 spectrum data를 main console 또는 값비싼 workstation이 아니더라도 일반적인 windows 운영체제의 PC(Personal Computer)로 전송하여 처리하게 함으로서 system의 환자 scan 효율을 향상시키는 GUI(Graphical User Interface) 기반의 S/W를 개발함에 있다. 또한, 개발된 S/W를 사용하여 부산 백병원의 1.5T Gyroscan ACS-NT R6(Philips, Netherlands) system으로부터 획득한 Normal Brain의 ¹H MRS data를 분석하였으며 이를 타 기종의 system에서 획득한 ¹H MRS data와 비교하여 ¹H MRS의 기초자료로 사용하고자 하였다.

MRS 분석 S/W

Philips MRI System에서 얻어진 수소(¹H) 분광 data를 PC로 전송시켜 Fast Fourier Transform(FFT)으로 Spectrum data를 만들어 내고 이를 processing하여 plot 하는 S/W를 개발하였다 (Fig. 1).

개발에 사용된 도구는 Mathwork사(미국)의 MATLAB (5, 6)이며, Graphical User Interface(GUI)를 기반으로 시간 영역의 Free Induction Decay(FID) data와 주파수 영역의 분광(spectrum) data를 동시에 graph로 표시하고 이에 여러 가지 processing(zero filling, DC correction, line broadening, Gauss-Lorentzian filtering, phase correction, 등)을 할 수 있게 하였다. 분석된 spectrum data는 목적하는 바에 따라 save, display, print 또는 image format으로 출력할 수 있다.

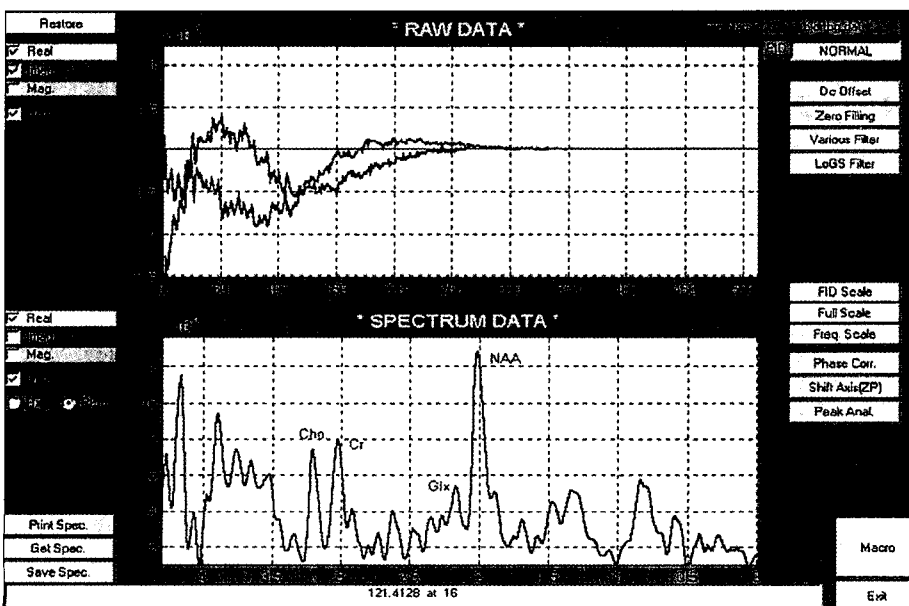


Fig. 1. GUI based MRS post-processing and analysis S/W

데이터 획득

정상인 지원자 29명을 대상으로 MRS 데이터를 획득하였고, 이에 사용된 장비는 1.5T Gyroscan ACS-NT R6(Philips, Netherlands) MR System과 Tx/Rx 겸용방식의 MRS 전용 Head coil이다. 시행된 ¹H MRS 방법은 단일체적선택기법(Single-volume selective method) 중에서 PRESS(Point Resolved Spectroscopic Sequence)이며 Pulse Sequence는 TR=3000 msec, TE=22 (30), 136 msec를 사용하였다 (7, 8). 다른 문헌에서는 30 msec 이하의 TE에서는 STEAM sequence를 사용하나 본 연구에서 사용된 MRS 장치에서는 STEAM sequence 대신에 짧은 TE의 PRESS sequence를 제공하여 이를 사용하였다 (9-13). 선택체적의 크기는 15×15×15(mm³), 20×20×20(mm³)로 하였다. Data Acquisition 변수로서 Sampling 개수 NS=1024, Bandwidth BW=1000Hz, Number of Acquisition (Average) NA=64로 하였고 Data 획득에 걸린 시간은 3분 24초였다. 관심영역은 Brain의 Parietal white matter, Basal ganglia, Occipital grey matter (Fig. 2) 3곳에 중점을 두어 MRS data를 획득하였다.

Philips MRI system의 ¹H spectroscopy 패키지에서 획득된 MRS data는 spectrum data file(.sdat)과 parameters data file(.spar) format으로 저장된다. 이들 data는 공개된 FTP 프로그램을 사용하여 PC로 전송하였고 본 연구에서 제작된 S/W로 처리분석하였다.

데이터 처리

MathWork사(미국)의 MATLAB을 사용하여 Graphical User Interface(GUI)를 기반으로 시계열의 Free Induction Decay(FID) data와 주파수계열의 분광(spectrum)정보를 동시에 graph로 표시하였다. 이 두 정보 모두에

대해 사용자의 선택에 따라 data의 실수, 허수 또는 크기를 각각 또는 동시에 표시할 수 있도록 하였다. Zero-filling(Fig. 3), Apodization, Phase Correction, Scaling, Peak position shift 등을 GUI 기능을 이용하여 쉽게 개별적 또는 연속적(Macro function)으로 수행되도록 하였다.

1. Time-Domain Correction

1) DC offset correction

FID data에 DC offset이 있으면 spectrum의 0 frequency에서 spike가 나타나므로 이를 제거하기 위해 FID data 뒷 부분의 적당한 구간에서 신호의 average를 구하여 전 신호에서 뺀다.

2) Zero filling

Data buffer 내에 열들을 0으로 채워 sampling point가 원래 data보다 많게 하여 time signal의 길이를 늘인다. Fourier Transform하면 spectral point간에 보간(interpolation)이 되어 spectrum data가 보다 부드러운 모습을 갖게 된다. Fourier 변환을 위해서 입력되는 sample 개수는 2의 지수승이 되도록 하였다.

3) Shift samples with zero padding

FID 또는 Spectrum data를 입력한 sampling point 수 만큼 이동되 이동에 의해 생기는 빈자리를 0으로 채워준다. 주로 신호의 시작부분에서의 disturbing sample들을 제거시키는데 사용된다.

4) Fourier Transform

시간영역의 FID data를 주파수 영역의 spectrum data로 변환시킨다. 일반적으로 고속으로 수행되는 아래의 Fast Fourier Transform(FFT) algorithm을 사용하였다.



Fig. 2. Measurement of ROI 1) Parietal white matter, 2)Basal ganglia, 3) Occipital grey matter

$$F(u) = \frac{1}{N} \sum_{x=0}^{N-1} f(x) \exp(-i2\pi ux/N) \quad [1]$$

2. Filter Function

1) Exponential Multiply(Line Broadening)

시간영역의 FID data에 아래 수식의 exponential 함수를 곱하여 주어 큰 값을 가지는 신호는 강조하고 작은 값을 가지는 신호는 억제하여 주파수 영역에서 Lorentzian shape으로 convolution한 효과를 얻는다.

$$e^{-\left| \frac{i \cdot \pi \cdot LB}{F_s} \right|} \quad [2]$$

여기서, LB는 Line Broadening factor(Hz), i는 FID의 point index값이며 Fs는 샘플링 주파수를 나타낸다.

2) Gauss Multiply

Spectrum data의 Line width와 SNR을 조절하기 위해 아래의 자연지수함수를 곱하였다.

$$e^{-\frac{\left(\frac{i \cdot \pi \cdot LB}{2 \cdot F_s} \right)^2}{\log 2.0}} \quad [3]$$

3) Lorentz-Gauss Multiply

FID data의 잡음을 제거하기 위해 Gauss filter를 적용시키며 T2* decay FID에 의해 spectrum peak가 넓어지는 것을 보상하기 위해 Lorentz filter를 적용한다. 아래의 Lorentz-Gauss filter 함수를 이용하였다.

$$e^{\left[\left| \frac{i \cdot \pi \cdot LB}{F_s} \right| - \left| \frac{\pi \cdot LB}{2 \cdot TP \cdot acq} \cdot \left(\frac{i}{F_s} \right)^2 \right| \right]} \quad [4]$$

여기서 acq는 acquisition time을 말하며, TP는 2*(preferred_peak_width)/Fs를 나타낸다.

3. Frequency Domain Correction

1) Baseline correction

현재 신호의 처리 열 범위 내에 있는 모든 열에서 polynomial subtraction을 수행하여 baseline을 보정한다.

2) Phase correction

복소수로 표현되는 spectrum data의 0차, 1차 phase error를 보정한다.

3) Change the frequency axis zero point

이론적으로는 Si(CH₃)₄(TMS)의 peak를 기준(0 ppm)으로 각 peak의 상대적 위치를 보정해야하나 실체는 인체의 'H MRS processing에서 contamination이 가장 적다고 알려진 Cr peak(3.02 ppm)을 기준으로 한다.

4) Change the Frequency domain graph scale

주파수 영역의 spectrum graph에서 수평축과 수직축을 원하는 범위 내에서 표시되도록 조절한다.

4. Quantification

1) Measure of Area

Spectrum data에서 지정된 peak의 위치, 면적, 크기 및 SNR을 측정한다. 이때의 면적은 사용자가 지정한 구간 사이의 peak 면적을 적분하여 계산한 것이다.

2) Peak Ratio

Peak ratio는 앞에서 구한 peak 면적 비를 말하며 일반적으로 생체내에서 오염의 정도가 가장 적다고 알려진 Cr peak를 기준으로 한다.

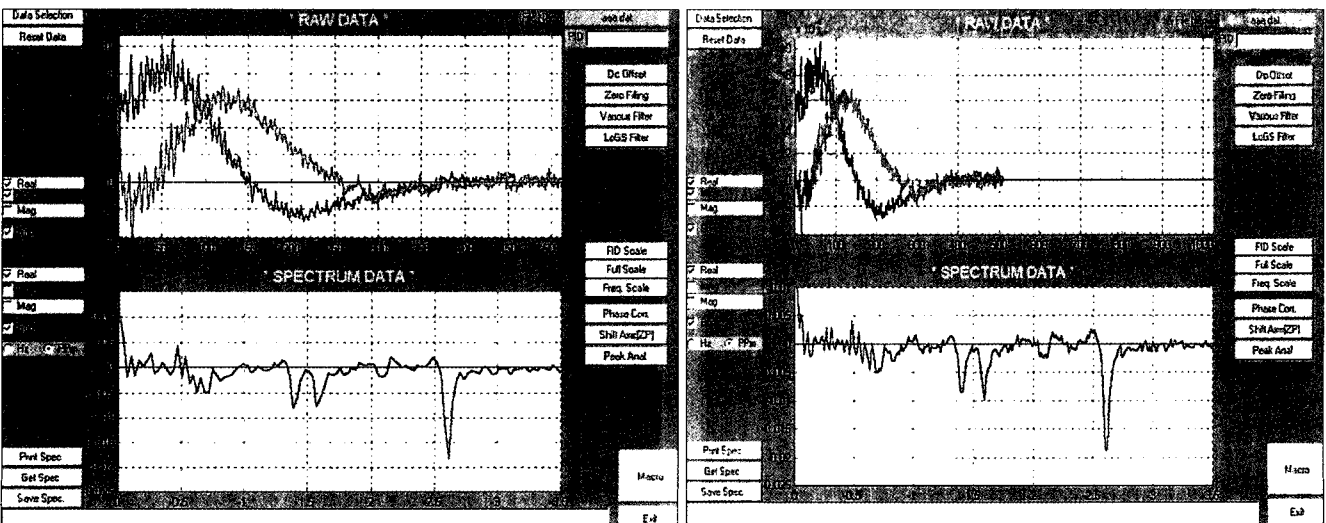


Fig. 3. (a) Before zero-filling (b) After zero-filling

5. Macro Function

이전의 data 처리들을 자동화하여 연속적으로 수행하게 함으로서 사용자에게 따른 오차를 최소화할 수 있다.

데이터 분석

각 관심영역으로부터 얻은 분광정보를 전술한 방법들로 처리한 다음 N-acetylaspartate (NAA), Creatine(Cr), Choline(Cho), Myoinositol(MI)의 metabolite peak를 적분하여 구해진 면적으로 NAA/Cr, Cho/Cr, MI/Cr를 계산하고 이를 타 기종(GE, 미국)의 결과들과 부위별로 나누어 비교하였다 (Table 1, 2).

TE=22msec와 TE=30msec를 Short TE의 group으로 분류하였고 long TE는 TE=136msec를 택하였다. 통계처리에는 Excel program(Microsoft사, 미국)의 통계 package를 사용하였고 데이터의 비교분석을 위해 유의수준 5%에서 t-test의 양측검정을 시행하였다.

결 과

PC를 이용한 자기공명분광 신호처리분석 시스템을 개발하였다. 이 시스템의 기본적인 기능은 main MR console과는 독립적으로 MRS raw data를 읽고 처리하여 결과를 표시(display)하는 것이다. Fig. 1에 보인 것처럼 시간 영역(time-domain)에서와 주파수 영역(frequency-domain)에서 신호를 처리할 수 있는 각 기능의 단추들을 두어 데이터를 순차적으로 수동 처리할 수 있게 하였다. 파일로부터 읽혀진 MRS raw data를 처리하여 결과를 표시해주는 일련의 과정을 한꺼번에 자동으로 할 수 있도록 하는 macro 기능은 사용자가 쉽게 데이터를 처리할 수 있게 했을 뿐만 아니라 데이터를 처리하고 분석하는 시간도 단축시켰다. Susceptibility (자화율)의 영향을 받는 부위 근처에서 MRS data를 얻을 때는 자동 위상보정 후에도 수동으로 정밀하게 위상을 보정할 필요가 있는 경우가 있었다.

본 연구에서 개발된 MRS 처리 분석 시스템을 임상에서 사용한 결과 main console에서는 환자 scan 작업을 하는 동안에

Table 1. The Metabolite MRS Peak Ratios of Normal Human Brain.

		PWM		BG		OGM	
		n	mean ±SD	n	mean ±SD	n	mean ±SD
Shrot TE	NAA/Cr	10	1.9523±0.2789	19	1.8350±0.3028	18	1.9004±0.2133
TE=22 or	Cho/Cr	10	1.0573±0.1865	19	0.8293±0.2125	18	0.7032±0.1096
30 msec	MI/Cr	10	0.7819±0.1509	19	0.6322±0.1760	18	0.6832±0.2664
Long TE							
TE=136	NAA/Cr	10	2.5844±0.3933	10	1.8822±0.3243	10	1.9734±0.2659
msec	Cho/Cr	10	1.2722±0.1764	10	0.9472±0.0857	10	0.9220±0.3441

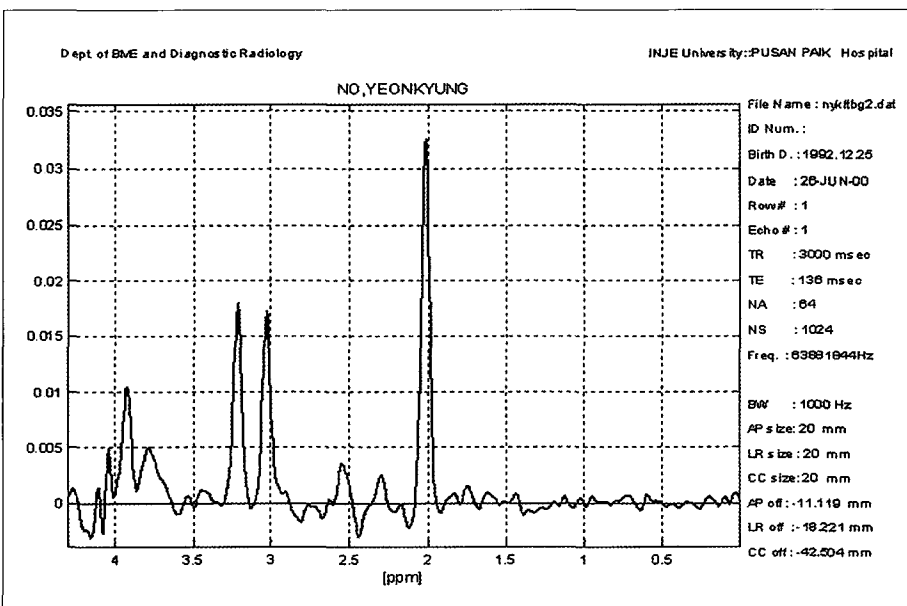


Fig. 4. ¹H MR spectrum data which are being processed.

Table 2. The metabolite ¹H MRS peak ratios of normal human brain.

	PWM		BG		OGM	
	n	mean ± SD	n	mean ± SD	n	mean ± SD
NAA/Cr	4	1.5 ± 0.03	5	1.2 ± 0.04	5	1.30 ± 0.03
Cho/Cr	4	0.74 ± 0.02	5	0.78 ± 0.03	5	0.61 ± 0.02
MI/Cr	3	0.54 ± 0.02	5	0.43 ± 0.02	5	0.59 ± 0.02

도 PC에서 MRS 데이터 처리 및 분석을 할 수 있기 때문에 병원 입장에서는 환자처리의 효율이 높아져 경제적인 상승효과도 볼 수 있었다.

정상인 뇌의 PWM, BG 그리고 OGM에서 ¹H MRS data를 획득하여 PC에서 FTP로 MRS raw data를 download 받은 다음 전술한 바와 같은 처리방법으로 NAA, Cr, Cho, MI 등의 peak 면적을 구하였다. 이렇게 얻어진 각 peak간의 NAA/Cr, Cho/Cr, MI/Cr 면적비를 이용하여 비 정상인의 질병 진단 기준으로 삼았다. Table 1은 각 부위별, TE별(22, 136 msec)로 얻은 MRS 데이터의 처리, 분석 결과이다.

1. Philips 1.5T MR 장치의 정상인 뇌에서 얻은 ¹H MRS Peak 비율(Table 1).

정상인으로부터 획득한 ¹H MRS data는 NAA/Cr비가 Parietal white matter에서 Short TE일 때 평균(±표준편차)이 1.9523(±0.2789), Long TE일 때 2.5844(±0.3933)으로 나타났으며, 이는 5% 유의수준하에서 p-value=0.0055 (<0.05)로 유의한 차이가 있었다. Basal ganglia에서는 Short TE일 때 1.8350(±0.3028), Long TE일 때 1.8822(±0.3243)이었으며, p-value=0.7558로 유의한 차이가 없었다. 또 Occipital grey matter에서는 Short TE일 때 1.9004(±0.2133), Long TE일 때 1.9734(±0.2659)로 나타났으며, p-value=0.5212로 유의한 차이가 없었다.

Cho/Cr비는 Parietal white matter에서 Short TE일 때 평균(±표준편차)이 1.0573(±0.1865), Long TE일 때 1.2722(±0.1764)로 나타났으며, p-value=0.0859로 유의한 차이가 없었다. Basal ganglia에서는 Short TE일 때 0.8293(±0.2125), Long TE일 때 0.9472(±0.0857)이었으며, p-value=0.146으로 유의한 차이가 없었다. 또 Occipital grey matter에서는 Short TE일 때 0.7032(±0.1096), Long TE일 때 0.9220(±0.3441)로 나타났으며, p-value=0.2947로 유의한 차이가 없었다.

2. 타 기종(GE, 미국)의 MR system에서 얻은 정상인 뇌의 ¹H MRS Peak 비율(Table 2).

타 기종에서 정상인으로부터 얻은 ¹H MR spectroscopy data는 NAA/Cr비는 Parietal white matter에서 평균(±

표준편차)가 1.5(±0.03), Basal ganglia에서 1.2(±0.04), Occipital grey matter에서 1.30(±0.03)으로 나타났다. Cho/Cr비는 Parietal white matter에서 0.74(±0.02), Basal ganglia에서 0.78(±0.03), Occipital grey matter에서 0.61(±0.02)로 나타났다 (14).

결론 및 고찰

Spectrum data의 처리 및 분석을 고가의 workstation computer가 아닌 우리 주변에서 흔히 볼 수 있는 일반 PC의 windows 운영체제에서 동작할 수 있는 Spectroscopy 분석용 도구를 개발하여 Philips사의 1.5T Gyroscan ACS-NT R6 시스템에서 획득한 MRS data를 분석하였다. 부산 백병원에 설치된 Philip MR 장치는 MRS postprocessing S/W가 main console에 내장되어 있어 MRS processing 작업을 하는 동안에는 환자 scan을 할 수 없었다. 하지만 본 연구에서 개발한 S/W를 이용하여 PC에서 MRS data를 processing하는 동안 main console에서는 환자를 scan할 수 있도록 하여 환자처리의 효율을 높임으로써 병원경영의 수익에도 도움을 주 고자 하였다.

본 연구에서 개발된 S/W의 기능을 크게 셋으로 나누면 data 읽기, 처리 및 분석, 표시로 나눌 수 있다. MR 제조업체마다 data 형식이 다르기 때문에 제조사별로 data를 읽을 수 있는 기능이 있어야 한다. 본 연구에서는 주로 Philips사의 MRS data를 target으로 하였다. (현재 GE사의 MRS data도 읽을 수 있는 기능이 추가되어 있음.) S/W의 GUI window에 시간영역의 data와 주파수영역의 data가 graph로 표시되고 처리과정이 수행될과 동시에 두 graph가 새롭게 표시되므로 사용자가 신호처리과정을 살펴 볼 수 있게 하였다. Macro 기능은 여러 단계의 처리과정을 한 기능 단추에 의해 수행하도록 한 것으로 각 처리는 사전에 입력된 변수(parameter)를 이용하거나 자동화 처리되도록 하였다. 이는 처리과정에서 걸리는 시간을 단축시킬 뿐만 아니라 사용자 또는 처리 시점에 따른 결과의 변화를 줄일 수 있다.

일반적으로 PRESS 방법은 long TE sequence, STEAM 방법은 short TE sequence로 알려져 있다. 하지만 이론적으로 같은 TE에서 STEAM 방법은 PRESS 방법에 비해 신호가 반밖에 되지 않기 때문에 PRESS와 STEAM sequence 모두가 사용 가능한 TE일 경우 STEAM을 사용하지 않고 PRESS

백문영 외

를 사용하는 것이 유리하다. 최근의 gradient 및 H/W 성능이 향상된 MR 장비에서는 이전의 STEAM에서 사용하던 22-25 msec 정도의 TE를 PRESS에서도 가능하게 되었다. 부산 백병원의 Philips MR 장비에서도 PRESS의 TE가 22 msec까지 가능하여 short TE MRS sequence로 STEAM sequence를 제공하지 않고 있다. 본 연구의 long TE, short TE MRS data 모두 PRESS sequence를 이용하여 얻은 것이다.

정상인 뇌에서 얻은 NAA/Cr, Cho/Cr, MI/Cr 비율은 TE를 달리하였을 때, 유의수준 5%에서 Parietal white matter의 NAA/Cr peak ratio를 제외하고 유의한 차이가 없었다. 이는 NAA, Cho, MI 간의 peak 면적 비는 TE에 크게 영향을 받지 않는 것으로 보인다. 다만 Parietal whiter matter의 NAA/Cr 비가 달리 나온 것은 short TE에서 water suppression의 불안정성, 자장의 비균일성 및 적은 data 수에 기인한 것으로 보여 연구를 계속 중이다. 본 연구에서 사용한 Philips사의 1.5T MRS package에서 얻은 정상인의 뇌의 MRS peak ratio와 다른 기종에서 얻은 data를 비교했을 때 본 연구에서 얻은 peak ratio가 전반적으로 평균값, 표준 편차 모두 10-50%의 큰 값을 나타내었다. Peak의 면적을 구할 때 인접한 peak의 중첩에 의한 영향을 보완된 curve fitting, LPSVD (15), HSVD (16), MEM (17) 등을 이용하여 분리하면 보다 정확한 peak 면적을 구할 수 있을 것이므로 더 좋은 연구결과를 얻을 수 있을 것이다.

전술한 바와 같이 본 연구에서는 short TE에서 PRESS sequence를 사용하였으나 비교된 다른 기종의 MRS data는 STEAM sequence를 사용하였다. 이 또한 Table 1과 Table 2에서 peak 면적 비가 다르게 나타나는 이유 중의 하나일 것으로 추정된다. MRS 장비에 따라서 가장 적절한 sequence의 선택, voxel 크기, average, TR/TE 등과 같은 변수의 설정이 달라지기 때문에 새로운 장비의 MRS setup에 있어서 정상인에 대한 MRS database를 먼저 구축한 후에 'H MRS를 임상에 적용해야 함을 시사하고 있다.

본 연구에서는 뇌의 세 부위에 대한 metabolite peak를 정량 분석하였으나 향후 다른 부위들에 대한 분석도 수행하여 임상적인 기초자료로 삼아야 할 것이다. 또한, 본 연구에서 개발한 S/W는 Philips사(Gyrosan ACS-NT V6)와 GE사(Signa Lx 8.3)의 MR spectroscopy data format을 지원하고 있지만 앞으로 더 다양한 format을 추가시켜 보완해 나가야 할 것이다. 개발기간을 단축하기 위해 MATLAB(V. 5.3)을 사용하여 MATLAB이 설치되어 있는 PC에서만 실행이 가

능하지만 앞으로는 실행파일만 있으면 어느 PC상에서도 수행이 가능한 S/W를 개발하여 사용자의 부담을 줄여야 하는 과제가 남아있다.

참 고 문 헌

1. Purcell EM, Torrey HC, Pound RV : Resonance absorption by nuclear magnetic moments in solids. Phys Rev 1946;69:37-38.
2. Bloch R, Hansen WW, Rackard M : Nuclear induction. Phy Rev 1946;69:127.
3. J.D. DE Certraines, W.M.M.J. Bovee, F. Podo, Magnetic Resonance Spectroscopy in Biology and Medicine, Pergamon press, 1992.
4. Spectroscopy Packages Gyrosan ACS-NT R6, Philips Medical System, 1998.
5. Signal Processing Toolbox User' s Guide for use with Matlab, The Mathworks, Inc. 1998.
6. Using Matlab, The Language of Technical Computing, The Mathworks, Inc. 1998.
7. B.Y. Choe, Magnetic Resonance Spectroscopy. The Korean Society of Magnetic Resonance in Medicine 1997;1:14-17.
8. Aue WP : Localization methods for in vivo NMR spectroscopy. Rev Magn Reson Med 1986;1:21-72.
9. Choe BY, Gil HJ, Suh TS, Shinn KS : Postmortem metabolic alternations of the thalamus of dog brain with use of in vivo 'H MRS. Bul Clinic Res Inst 1995;23:32-38.
10. Gunther H. NMR spectroscopy. John Wiley & Sons. 2nd Ed. New York 1995
11. 최보영, 서태석, 최규호, 박용휘, 신경섭. In vivo 'H MR spectroscopic imaging of human brain. 대한방사선의학회지 1994;31:185-900
12. Frahm J, Bruhn H, Gyngell ML, et al. Localized high resolution proton NMR spectroscopy using stimulated echo : initial application to human brain in vivo. Magn Reson Med 1989;9:79-93
13. Henriksen O. MR spectroscopy in clinical research. Acta Radiologica 1994;35:96-116
14. D.G. Suh, Y.M. Lee, S.T. Kim, C.W. Moon, J.H. Lee. Study and Consideration of Localized in vivo 'H MR Spectroscopy (MRS) for Human Brain. 대한방사선사협회지 제 22권 1996;1: 33-39
15. H. Barkhuijsen, R. De Beer, W.M.M.J. Bovee, and D. van Ormondt, J. Magn. Reson. 1985;61:465.
16. H. Barkhuijsen, R. De Beer, and D. van Ormondt, J. Magn. Reson. 1987;73:553
17. J.G. Ables : Modern Spectrum Analysis. D.G. Childers, Ed., IEEE Press, New York, 1987:23

Development of PC Based Signal Postprocessing System in MR Spectroscopy: Normal Brain Spectrum in 1.5T MR Spectroscopy

M.Y. Paik¹, W.S. Kang², H.Y. Lee³, W.J. Shin³, C.K. Eun^{1,4}, C.W. Mun^{1,2}

¹Graduate School of Medical Imaging Science, Inje University of Korea

²Department of Biomedical Engineering, Inje University of Korea

³Department of Diagnostic Radiology, Paik Hospital of Korea

⁴Department of Diagnostic Radiology, College of Medicine, Inje University of Korea

Purpose : The aim of this study is to develop the Magnetic Resonance Spectroscopy(MRS) data processing S/W, which plays an important role as a diagnostic tool in clinical field.

Materials and methods : Post-processing software of MRS based on graphical user interface(GUI) under windows operating system of personal computer(PC) was developed using MATLAB(Mathwork, U.S.A.). This tool contains many functions to increase the quality of spectrum data such as DC correction, zero filling, line broadening, Gauss-Lorentzian filtering, phase correction, etc. And we obtained the normal human brain ¹H MRS data from parietal white matter, basal ganglia and occipital grey matter region using 1.5T Gyroscan ACS-NT R6 (Philips, Amsterdam, Netherland) MRS package. The analysis of the MRS peaks were performed by obtaining the ratio of peak area.

Results : The peak ratios of NAA/Cr, Cho/Cr, MI/Cr for the different MRS machines have a little different values. But these peak ratios were not significantly different between different echo time MRS peak ratios in the same machine ($p < 0.05$).

Conclusion : MRS post-processing S/W based on GUI using PC was developed and applied to the analysis of normal human brain ¹H MRS. This independent MRS processing job increases the performance and throughput of patient scan of main console. Finally, we suggest that the database for normal in-vivo human MRS data should be obtained before clinical applications.

Index words : Magnetic Resonance Spectroscopy(MRS), Post-processing
Graphical User Interface (GUI)

Address reprint requests to : Chi-Woong Mun, Ph.D., Department of Biomedical Engineering, Inje University of Korea
607 Obang-dong, Kimhae, Kyongnam, 621-749, Korea.
Tel. 82-55-320-3297 Fax. 82-55-321-4038 E-mail : mcw@bse.inje.ac.kr