

T1 이완시간의 영상화

정 은기, 서 진석, 이 종태, 추 성실⁺, 이 삼현*, 권 영길**

연세대학교 진단방사선과학교실, 치료방사선과학교실⁺

연세대학교 물리학과*

한국 전기연구소 초전도부**

초 록

인체내 구조물의 T₁ 영상화(T₁ mapping)는 각각 다른 조직들사이 또는 정상/병변 조직들사이에 독특한 음영대조를 준다. 이 논문에서는 각각 다른 TR의 몇 영상들로부터 비선형 curve-fitting을 이용하여 T₁을 만드는 방법을 기술하겠다. 일반적인 curve-fitting 알고리즘은 주어진 자료로부터 찾아내고자하는 변수들에 대한 초기시행치(T₁'와M₀')를 요구한다. 본 연구에서는 이들 초기시행치를 입력하는 방법으로서 세 가지를 다른 방법들을 제시하고 각각의 정확도와 계산 속도를 비교하였다. Curve-fitting을 위하여 SUN 워크스테이션에서 ANSI C를 이용하여 프로그램하고 실행하였다. Curve-fitting의 정확성을 검증하기 위하여 몇가지 다른 농도의 Gd-DTPA/중류수는 혼합물 모형들을 만들었다. 이들 모형들을 이용한 MR 영상 하나를 이론적인 양성자 밀도영상으로 가정하고 T₁이 각각 250, 500, 1000msec인 영상들을 만들고, 각각의 군들에 대하여 1, 5, 10%의 임의잡음(random noise)을 첨가하였다. 이들 영상들을 이용하여 T₁ map을 계산하여 만들고, 계산되는 T₁ map에 자기공명영상 화시에 발생하는 잡음의 크기가 어떻게 영향을 미치는지 분석하였다.

1. 서 론

자기공명영상(MRI)에서 각각의 화소(pixel)에 나타나는 영상 신호의 세기는 관측하고자 하는 양성자 원자핵(1H)을 포함하고 있는 물 분자의 물리/화학적 본질에 관계된 내적 요인들과 분자의 특성에 직접적인 관계가 적은 외적 요인들에 의하여 결정된다. 분자의 운동성이나 화학적 구조에 의한 내적인 요인들은 온도와 그자들을 감싸고 있는 주변 환경 또는 특정 물리적 상태에서 T1과 T2라는 이완 시간으로 나타난다. 또는 영상화하려는 각 공간을 구성하는 물 분자의 양을 나타내는 양성자 밀도도 내적인 요인으로 구분될 수 있다. 이들 이완 시간들은 생체의 조직의 종류와 병변의 특성에 따라 다른 값을 가진다. 반면에 외적 요인들은 정지 자기장의 세기, 영상화에 사용된 펄스열과 반복 시간 TR, 에코시간 TE, 단면의 두께 등을 포함한 영상화할 때 조절이 가능한 다양한 매개변수들이 있다. 일반적으로 병변의 감별에 사용되는 T1 강조 영상이나 T2 강조 영상들은 이들 요인에 의하여 서로 다른 조직간의 경계선과 병변을 정상 조직으로부터 구별을 위하여 절절한 신호의 대조(contrast)를 주는데, 대체적으로 시각적인 구별에 목적을 둔다.(1)

인체 조직내의 물 분자들은 500-1100msec 범위의 T1을 가지고, CSF는 4000msec 이상의 순수한 물에 가까운 T1 이완 시간을 가진다. 이들의 각기 다른 값들은 각 조직 내의 물분자가

T1 이완시간의 영상화

경험하는 물리적 환경을 나타낸다. 어느 특정 조직에 화학적 환경을 형성하여 T1과 T2 이완 시간이 달라지게 된다. 이들 이완 시간의 변화의 정도는 병변의 종류와 진행 정도에 따라 다르다. 즉 이론적으로 관측되는 T1과 T2 이완 시간을 이용하여 최소한 조직 내의 물분자의 동적 특성과 주변 환경을 예측할 수 있다. 대개 병변 조직들의 T1은 큰 폭으로 변하는데 비하여 T2 이완 시간은 그 변화 정도가 작다.(1)

일반적으로 서로 다른 시간 또는 서로 다른 MR 영상 기기로 측정된 동일한 부위에 대한 영상이 같은 영상 신호를 제공하지 않는다. 비록 T1 강조 영상, T2 강조 영상, 또는 양성자 밀도 영상이 지방질과 같은 주변의 다른 조직과의 상대적인 신호 비교를 통하여 병변에 대한 정성적인 정보를 주지만 절대성 또는 정량성이 결여된다. 이 논문은 T1 이완 시간이 영상 신호를 이루는 T1 영상(T1 map)을 만드는 만들고 T1 및 T2 강조 영상들과 신호 대조성을 비교 검사하였다. 병변에 의한 T1 이완 시간의 변화를 T1 값 자체가 영상의 신호의 세기인 T1 영상(T1 map)은 조직의 특성 분석에 이용될 수 있는 정량적인 정보를 제공한다.(2-5)

T1 map은 TR만이 다르고 나머지 다른 영상화 변수들이 같은 적어도 4개 이상의 영상들을 측정하고, 각각의 영상 화소에 대하여 신호가 어느 값의 T1 이완 시간으로 횡열평형상태(longitudinal thermal equilibrium)로 이완 되는지를 계산한다. 각각의 화소에 대하여 계산된 T1 값 자체가 영상 신호가 되는 새로운 영상(T1 map)이 작성된다.(2) 좀더 정확한 계산을 위하여 250-1200msec의 T1 이완 시간을 가진 인체 조직들의 경우에 예를 들어서 TR을 100, 200, 400, 800, 1600msec 처럼 TR은 적어도 100-2000msec의 범위에서 log 형으로 변하는 5개 이상의 되도록 하여야 한다. 이 정도 범위의 TR은 2000msec이상의 T1을 가진 CSF나 또는 수분을 많이 포함하는 병변 조직에 대해서 충분히 길지 않아서 계산에 큰 오차를 가져 올 수 있다. 그러나 T1 mapping 방법을 인체에 적용하기 위하여 영상화 시간을 너무 길게 하면 영상화 중에 또는 각 TR 영상화 사이에 생길 수 있는 움직임으로 화소 단위의 계산에 오차를 가져올 수 있다. T1 영상화를 위한 영상 측정 및 각 화소에서 원하는 T1 값을 찾기 위한 알고리즘(curve fitting)을 기술하였다. 얼마나 빨리 영상들을 측정하느냐에 연구의 초점을 맞추지는 않았다.(6-8)

계산되는 T1 map의 절대치에로의 정확도는 특히 인체를 MR 영상화할 때에 항상 발생하는 임의의 잡음(random noise)의 실제 신호에 대한 상대적인 세기에 크게 좌우된다. 한 영상을 참양성자밀도 영상으로 가정하고 수개의 정해진 T1 시간과 여러개의 TR 값들에 대하여 각각 1, 5, 10%의 임의의 잡음이 첨가된 영상들을 만들고(simulation), 이들을 역으로 curve-fitting하여 계산될 T1 값들이 잡음의 세기에 따라서 어떻게 영향을 받는지 알아보았다.(9)

2. 재료 및 방법

각각 다른 값의 T1 이완 시간을 가진 모형을 Gd-DTPA와 증류수를 각각 다른 농도로(0.32, 0.63, 1.3, 2.5, 5.0mmol/L) 섞어 만들었다. 각 농도의 모형은 2cm 외경과 10cm의 길이의 유리관에 담겨졌다. 인체의 경우는 건강한 정상인의 대퇴부의 단면영상을 이용하여 임의의 잡음을 첨가하여 여러개의 TR에 대한 영상을 simulation하여 만들고 이들을 이용하여 역으로 T1 map과 양성자 영상을 curve-fitting을 하여 만들었다. 그리고 약물 치료 후의 골육종을 가진 환자의 대퇴부에 적용하여 보았다.

사용된 자기공명영상기는 GE사의 임상용 MRI 장비인 Signa 1.5T이었다 (General Electric Co., milwaukee, WI, USA) 모형들은 원형 편광 머리 코일(quadrature head coil) 속에 세워진

상태로 영상화되었다. T1 map 작성을 위한 영상 획득은 스핀에코와 IR-스핀에코 펄스열을 사용하였다. 모형에 대해서는 50-1500msec 범위의 7개의 다른 TR을 사용하였고, 256개의 phase-encoding과 15msec TE, 5mm 단면 두께를 사용하였다. 인체에 대해서는 영상화 시간을 되도록 짧게 하여야 하나 T1 map 작성시의 정확도를 위하여 되도록 많은 TR의 영상자료들과 충분히 긴 TR 영상이 하나 필요하므로, (10) 100, 200, 400, 800, 1600, 2400msec의 6개의 TR을 선택하였고, 128 phase-encoding을 하여서, 각 TR 영상 사이의 준비 과정을 포함하여 전체 영상화 시간을 15분 이내에 마칠 수 있었다. 인체 영상화 부위의 움직임 최소화하기 위하여 RF 코일과의 사이를 다른 물질로 채워 고정시켰다.

한개의 T1 map 작성을 위하여 얻어지는 각각의 TR들에 해당하는 영상들은 같은 비율의 증폭률을 가져야한다. 이 실험에 사용된 영상 기기는 각각의 TR에 대하여 영상화 준비 과정인 Auto-PreScan에서 스스로 아날로그 신호 증폭률 R1과 디지털 신호 증폭률 R2를 적절한 값으로 맞추는데, T1 mapping을 위하여는 같은 증폭률 R1과 R2를 가지도록 하였다.

T1 map 계산 프로그램의 정확도 및 방법을 검증하기 위하여 제작된 모형들에 대한 각 농도의 시료들의 일부를 직경 5mm의 작은 시험관에 넣고 물리/화학에서 물질 분석에 사용되는 NMR 분광기로 T1 이완 시간을 측정하였다. 물 분자 내의 양성자 원자핵의 T1 이완 시간은 측정에서 사용된 펄스열에 무관한 미시적 특성이나 외부 자기장의 세기에 따라 다른 값을 가지므로, NMR 분광기에서 사용된 자기장은 1.5T이었다.

NMR 분광기에서 T1 이완시간을 측정할 때 사용되는 펄스는 90° RF 펄스를 사용하고 바로 이어지는 FID를 측정하였다. 모든 TR에 대하여 같은 초기 조건인 $M_z \% 0$ 에서 횡자성이 시작하도록 하기 위하여 5개의 90° 펄스를 약 10msec 정도의 사이를 두고 연속으로 스핀계에 가하여 횡자성 M_z 가 0이 되도록 하였다. 측정된 NMR 신호가 FID였으므로 T2에 의한 신호의 감쇄는 없다.

측정된 영상들은 네트워크를 통하여 SUN Workstation SPARC-20 (SUN Microsystem, CA, USA)와 PowerMac(Apple Computer, Cupertino, CA, USA) 컴퓨터로 디지털 전송되어 curve-fitting을 포함한 T1 map 작성 및 영상후 처리를 하였다. T1 map 작성을 위하여 SUN 워크스테이션에서는 GNU C 컴파일러인 gcc (version 2.7.2)를 사용하였고, 매킨토시에서는 MPW 환경에서(Macintosh Programming Workshop : Apple Computer) MPW C와 영상 처리 전문 소프트웨어인 IDL(Interrative Data Language)을 사용하여 프로그램 하였다. 매킨토시에서 영상 후 처리를 위하여 NIH Image(version 1.59 : 미국 보건원)을 이용하였다.(11)T

T1 map의 작성

영상위 각 화소의 신호가 영상화에 사용된 펄스열의 종류에 따라 다르고, 따라서 T1을 계산하는 식이 달라진다. 이 연구에서는 스핀에코와 IR-스핀에코를 사용하였고 이들에 대한 영상 신호의 TR과 TE에 대한 식은 각각 다음과 같다.(1,12)

$$SE : S(TR, TE) = \rho(x,y) e^{-TE/T_2} (1 - 2e^{-(TR-TE/2)/T_1} + e^{-TR/T_1}) \dots \dots \dots (식 1)$$

$$IR-SE : S(TR, T1, TE) = \rho(x,y) e^{-TE/T_2} (1 - 2e^{-(T1-TE/2)/T_1} + e^{-TR/T_1}) \dots \dots \dots (식 2)$$

윗 식들에서 TR, TE, T1는 각각 phase-encoding 반복 시간, 에코시간, 그리고 inversion 시간을 나타내고, $\rho(x,y)$ 는 각 화소의 양성자 밀도에 해당한다. 스핀에코의 첫 단면 선택 RF 펄스가 90° 가 아닌 α 인 경우에는 윗 식들에 다음 식을 곱하여 수정하여 사용하여야 한다.(12)

$$F(\alpha) = S(TR)/(1 - e^{-TR/T_1} \cos \alpha) \dots \dots \dots (식 3)$$

측정된 영상군들이 같은 TE를 가지고 있으므로 $\rho(x,y)e^{-TR/TE}$ 와 T1을 curve-fitting하여 계산할

수 있다 만약 TE를 매우 짧게 하면 $\rho(x,y)e^{-TK/12}$ 를 양성자 밀도 영상으로 볼 수 있으므로 영상화시에 최소 TE를 선택할 필요가 있다. 위의 식에서처럼 T1이 측정되는 자기 공명 신호에 대하여 비선형적인 관계를 가지고 있으므로 각 화소들에 대하여 위 식들에 비선형 curve-fitting을 하여야 한다.

Curve-fitting을 위한 알고리즘은 Gauss-Newton 방법의 변형의 하나로서 널리 쓰이는 Levenverg-Marquardt 방법을 사용하였다. Levenverg-Marquardt 알고리즘은 Numerical Recipes C 라이브러리 함수들을 사용하였다. 다른 컴퓨터의 다른 C 컴파일러로의 응용을 프로그램 소스 코드를 변형을 하지 않기 위하여 ANSI C로 프로그램하였다.(13,14,19) 또 사용된 알고리즘의 정확성을 검증하기 위하여 같은 방법으로 IDL 내에서 프로그램하고 얻어지는 T1 map을 비교하였다. 일반적으로 많이 쓰이는 MR 영상의 행열의 크기가 256×256으로서 65536개의 화소에 대하여 각각 T1 값을 계산하여야 하므로 프로그램의 효율성이 중요하다.

프로그램이 실행할 때 영상 위에서 사각형의 관심부위(ROI)에 대한 좌표를 입력하게 함으로서 원하는 부위에 대해서만 T1 map을 만들도록 하였다. 일반적으로 선형 또는 비선형 fitting시에 얻고자 하는 미지수에 대하여 초기 시행 값을 입력하여야 하는데, 이 연구에서는 세 가지 다른 방법으로 각각의 화소에 대한 초기 시행 T1과 $r(x,y)$ 를 가지도록 하였다. 세 가지 모두에 대해 초기 시행 $r(x,y)$ 는 각 화소에 대하여 TR이 가장 큰 영상으로부터 얻을 수 있는 최대 영상 신호에 적절한 값을(예를 들어서 1.3배) 곱한 값을 사용하였다.

1. 모든 화소에 대하여 같은 초기 시행 T1 값을 사용한다.
2. 각각의 화소에 대하여 위의 식에서 TE/T2 효과를 없앤 다음 식을 이용하여 T1 값을 예측한다.

$$S(TR) = \rho(x,y)(1 - e^{-TR/T1}) \dots \dots \dots (식4)$$

3. 바로 이웃 화소의 이미 계산된 T1을 초기 시행 값으로 이용한다. 첫 화소와 이웃 화소의 초기 시행 $\rho(x,y)$ 가 주어진 임계값(threshold)보다 작은 경우에는 두 번째 방법에 의하여 예측치를 계산하도록 한다.

각 화소에 대하여 초기 시행 $\rho(x,y)$ 가 임계값보다 작은 경우에 T1과 $r(x,y)$ 가 0이 되도록 하였다. 프로그램을 실행할 때 이들 세 가지 방법 중에서 한 가지를 선택할 수 있게 하였다.

Curve-fitting 실행 중에 특히 서로 다른 장기 조직들 사이 또는 병변/정상 조직 사이에 어떤 화소의 영상 신호가 움직임 등에 의하여 주변의 다른 화소의 영상 신호와 섞여 있을 수 있고 이는 프로그램 내부에서 계산 오류를 발생시킨다. 이런 경우에는 프로그램 실행 과정에서 즉시 해당 화소에 대한 T1 계산을 중단하고 0을 갖게 한 후에, 다음 좌표로 진행토록 하였다.

임의의 한 MR 영상을1 양성자밀도 영상으로하여 이로부터 T1이 250, 500, 1000msec인 영상들을 각각 T1에 대하여 TR이 50, 100, 200, 400, 800msec인 영상들을 TE가 0으로하고 식 1를 이용하여 만들었다. 각각의 영상들에 임의의 잡음(random noise) 신호를 각각 1, 5, 10%를 포함시켰다. 그리고 이들을 이용하여 T1 map 작성용 curve-fitting 알고리즘을 적용하여보고 만들어진 T1 map과 이론치와의 비교를 하였다. Simulation되는 각 화소좌표 (1x,y)에서의 영상신호는 다음식으로 계산되었다.(9)

$$S(TR,T1,\delta;x,y) = S_0(x,y)(1 - e^{-TR/T1})(1 + \delta) \dots \dots \dots (식 5)$$

위 식에서 $S_0(x,y)$ 는 좌표 (x,y)의 원영상 신호로 양성자 밀도에 해당하고, δ 는 random 오차(0.01, 0.05, 또는 0.10)로서 각 화소마다 다른 임의의 값을 가진다.

3. 결과 및 고찰

T1 값을 영상화하는 연구에 한 종류는 인체의 T1 map용 영상 획득을 빨리하는 펄스열의 개발에 관한 연구이고, 일부의 연구는 획득한 영상들을 이용하여 T1 이완시간을 비선형 curve-fitting할때 영상획득에 관련된 매개변수 또는 방법에 관한 연관성과 정확도에 관한 연구들이다.^(1,5,7-9,15,16)

T1이 다른 여러 개의 모형을 준비하기 위하여 각각 다른 농도의 Gd-DTPA를 함유한 증류수 시료를 제작하였다. 이들 각각에 대하여 1.5T 전자석을 사용한 화학용 NMR 분광기를 이용하여 T1 이완 시간을 측정하였고, 그 결과를 T1 map 계산 알고리즘을 검증하기 위한 표준치로 이용하였다. 그리고 이들 모형들에 대하여 임상용 영상 기기에서 스핀에코를 사용하여 T1 map을 만들고 T1 map상에서 각 농도에 해당하는 ROI에 대한 평균치를 비교하였다.

각 농도에 대한 T1 map에서 적당한 ROI에 대한 평균치를 다음 표에 열거하였다. 첫째 행의 표준 값은 NMR 분광기에서 측정된 T1 이완 시간들이다. 셋째와 넷째 행은 각각 IR 스핀에코 펄스열로 획득된 영상들로 T1 map을 만든 다음의 결과와 MR 영상기 자체에 장착된 프로그램으로 계산한 T1 값들로서 약간의 차이를 보인다. 이들 T1 map을 위한 curve-fitting과 MR 영상기에서 사용된 curve-fitting 식은 위의 식 2이다.

표 1은 Gd-DTPA를 증류수에 섞어 만든 모형들에 대한 T1 값들로서 스핀에코 영상을 이용한 T1 map은 표준치라 정한 NMR 분광기에서 측정된 값에 대략 10% 정도 작은 T1 값을 주었다. 그리고 IR-SE로 얻은 영상들로부터 식 2를 사용하여 curve-fitting하여 만든 T1 map은 30% 정도 작은 T1 이완 시간을 주어서 SE 펄스열보다 덜 정확한 결과를 제공하였다.

스핀에코 T1 map을 위한 curve-fitting 과정에서 초기시행 T1을 앞 절에서 나열한 세가지 방법들을 각각 사용하여 T1 계산에 걸리는 시간과 과정 중에 발생될 수 있는 계산오류 (numerical recipe runtime error)를 비교하였다. 다음 보인 골육종 환자의 영상에 대한 T1 map을 작성 하는데 약 35초 정도의 시간이 소요되었고, 초기 시행치를 어떻게 주었나에 따른 큰 차이는 없었다. 그리고 얻어진 T1 map들은 계산 오류가 생기는 경계 부위를 제외하고 세 방법 모두 거의 차이가 없었다. 그러나 각 영상화소마다 초기시행 T1 이완시간을 예측하는 둘째 방법은 다른 두 방법에 비해서 훨씬 많은 계산오류를 발생시켰다.⁽¹⁴⁾

영상을 이루는 모형들이나 인체의 일반적인 부위들은 물리적으로 거의 연속적인 분포를 한다. MR 영상에 관해서는 T1이 급격히 변하는 CSF나 또는 뼈의 각질과 연조직 사이의 경계부위에서 영상 신호의 원만한 연속성이 결여된다. 이론적으로는 세번째인 이웃값의 평균치를 초기치로 사용하는 방법이 가장 효율적인 듯 하나 컴퓨터의 속도가 빠른 이유로 시간상에서는 큰 이득이 없었으나 계산오류의 발생이 적었다.

표 2는 양성자밀도로 가정한 한 영상으로부터 임의의 잡음을 1, 5, 10%를 첨가한 영상들로 T1 map을 만들어서 약 100개의 화소를 포함하는 ROI 내의 평균 T1을 계산하였다. 250, 500, 100msec의 T1에 대하여 각각 0msec의 TE와 50, 100, 200, 400, 800msec의 TR을 사용하였고 이들 T1값의 잡음 신호에 대한 관련성과, 각 T1에 대한 curve-fitting에 사용된 영상 자료들이 충분히 길고 적절한 간격의 TR을 가지고 있나에 관한 상관성을 알 수 있다. 최대 TR인 800msec은 1000msec의 T1에 충분히 길지 못하다. 그래서 잡음이 심해질 수록(10%) 계산되는 T1값은 원래 값에서 크게 벗어나고, 표준편차도 다른 작은 잡음 및 작은 T1에 비하여 크다. 즉 T1 map을 만드는데 각각 화소에 대한 잡음의 영향은 T1이 길수록 심하며 계산되는 T1을 길게한다.⁽¹⁷⁾

T1 이완시간의 영상화

Table 1. T1 relaxation times of phantoms with various Gd-DTPA/water solution concentration in msec.

concentration (mmol/L)	standard values (NMR spectrometer)	T1 map (SE)	T1 map (IR-SE)
0.033	1200	1054	931
0.063	697	638	570
0.13	399	363	3011
0.25	228	206	164
0.50	118	103	74

Table 2. The comparison of the average T1 values of an ROI, containing 100 pixels, on a T1 map calculated from simulated images. Random noise of 1, 5, and 10% were added into each simulated images.

random noise: 1 %			5 %		10%	
T1	ROI 1	ROI 2	ROI 1	ROI 2	ROI 1	ROI 2
250	250/6	249/6	253/27	251/27	259/59	256/60
500	503/16	501/15	514/91	517/91	596/332	577/225
1000	1029/28	1009/30	1100/429	1108/450	1676/1396	1920/1257



Figure 1. MR images of a osteosarcoma after the chemotherapy:(a)T1 map, (b)FSE 2400/15msec), and (d)calculated proton density weighted image.

그림 1에 있는 영상들은 항암제 치료후 수술하기 직전의 골육종 환자의 자기공명영상들로서 (a)는 T1 map이고, (b)는 2000/96msec의 TR/TE와 8 ETL(echo train length)의 FSE 펄스열로 얻은 T2 강조영상이며, (c)와 (d)는 각각 2400/15msec의 스핀에코로 얻은 양성자 밀도 영상과 curve-fitting 계산을 통하여 얻은 양성자 밀도 영상들이고, 정확하게 말해서 $r(x,y)e^{-TE/T2}$ 로서 T2 감쇄가 가미된 양성자 밀도이다. 영상 (a)와 (b)에서 서로 다른 조직들 사이에 전혀 다른 음영의 대조를 보인다.

MR 영상 (a1)의 T1 map 계산과정에서 초기시행치를 세가지 방법중에 어떤 것을 사용하는 상관없이 조직의 종류가 달라지는 경계부위의 T1 값은 일반적으로 계산되기 어렵든지 또는 무의미한 값을 주었다. 이는 각각의 TR에 대한 영상화 사이에 쉽게 수개의 화소만큼 움직임이 있어서 얻어지는 영상들의 해당위치의 신호가 서로 중첩이 되기 때문이며 인체를 영상화하는데 거의 항상 존재한다. 예를 들어서 FOV 20cm를 256 화소로 분할하면 한 화소의 크기가 0.78 mm이고 인체의 자기공명 영상화를 하는 중에 이 정도 또는 이의 수배의 움직임은 피할 수 없다. 그러므로 화소단위로 계산하는 T1 map 작성은 주위 수개의 화소에 대한 평균화의 개념이 포함되어 있다.

표 3은 T1 map상에서 적절한 ROI를 설정하여 얻은 평균 T1 이완시간들이 이미 논문에 보고된 값들과 비교하였다. 표준치로 참고되는 이들 값들은 in vivo로 측정된 값들이 아니고 조직을 인체로부터 추출하여 MR 분광기 또는 영상기에서 측정된 대략적인 값들로서 움직임에 의한 오차가 없는 값들이다. 앞의 표 2에서처럼 T1이 클수록 오차가 더 심하고 T1 값을 더 크게 계산하였다.^(5,18)

표 4에서는 T2 강조 영상, T1 강조 영상, 그리고 계산된 T1 map과 양성자 밀도 영상들에 대하여 지방과 근육 및 병변이 있는 곳과 없는 골수 부위들의 음영대조를 비교하였다. 다른 영상들에 비하여 계산된 T1 map이 음영대조성이 전반적으로 좋다고 할 수는 없으나 이 경우에 병변과 정상 골수 사이에는 뚜렷한 비교가 되었다.

Table 3. T1 relaxation times of various tissues measured from an ROI on the T1 map and the values reported in the articles.(unit: msec)

	W. matter	G. matter	muscle	fat
reported T1	790	920	870	260
T1 map	885	1477	1260	295

Table 4. The contrast between fat and muscle, and between a legion and marrow among the various weighted images.

	T1WI	T2WI	T1 map	proton density
fat/muscle	349/93.6	645/116	464/1029	986/387
legion/marrow	2728/353	133/515	452/236	1056/794

4. 결론

T1 map의 일반적인 작성에 위한 수학적 방법론에 관하여 기술하였다. T1 map을 만드는 과정에서 프로그램은 각 화소에서 초기 시행치를 요구한다. 이 연구에서는 T1과 양성자 밀도 M0를 curve-fitting하기 때문에 이들에 각각의 초기 시행값을 주어야한다. 양성자 밀도는 얻어진 영상들중에서 TR이 가장 긴 영상의 각 화소의 신호에 사용자가 적절한 factor를 주고 이를 곱해서

초기시행치로 사용하였다. T1에 대한 초기 시행치는 세가지 다른 방법을 시도하였다. 초기시행치를 프로그램내로 입력함에 있어서 첫째는 모든 좌표에 대하여 같은 시행치를 사용하였고, 둘째는 각 화소에 대하여 대략적인 T1을 TE에 의한 신호의 감쇄를 무시하고 예측하는 방법이고, 셋째 방법은 한 좌표에 대한 초기시행치를 그의 이웃의 값들을 평균하여 사용하였다. 이론적으로는 세번째 방법이 가장 타당하였으나 실제 T1 map을 만들때 시간적으로 큰 차이는 없었다. 그러나 두번째 방법은 인체에 적용되었을때 MR 영상신호가 급격히 변하는 조직들 사이에서 프로그램이 실행중에 계산오류를 많이 발생시켰다.

인위적으로 만들어진 영상들에 대하여 T1 map 방법을 적용하였을때 첨가된 임의잡음의 신호에 대한 상대적 크기, 즉 SNR에 따라서 계산되는 T1 값들이 실제 값에 대한 차이가 달랐다. 잡음이 클수록 계산되는 T1 값들은 실제치보다 길어지는 방향으로 달라졌다. 그리고 가장 긴 TR 시간이 T1 보다 충분히 길지 못한경우, 즉 T1이 큰 지점일수록 실제 T1보다 계산된 값이 훨씬 컸다. T1 영상화 방법을 인체에 적용할때 여러개의 TR에 대한 영상들을 얻어야 하므로 항상 움직임에 의한 영상의 왜곡이 마치 각각의 영상들 사이에 잡음으로 작용하고, 일반적으로 T1에 대하여 충분한 큰 TR 영상을 얻을 수 없으므로 계산되는 T1이 실제값보다 상당히 크다.

약물치료후의 골육종환자에 적용한 T1 map은 T1 또는 T2 강조영상들과 전혀 다른 음영대조를 주었다. SUN Sparc20 워크스테이션에서 256x256 행렬의 T1 map을 계산하는 시간이 약 30여초가 걸렸다. 이 정도의 속도이면 임상용 MR 영상기기에 장착하여 사용할 수 있다. 그러나 실제 임상에서 질병의 진단 목적으로 T1 영상화 방법을 사용하기 위하여서는 우선 T1 map 방법이 어느 종류의 병변의 구별에 통상적으로 사용되는 양성자 밀도 또는 T1 및 T2 강조 영상에 비하여 상대적으로 우수거나 또는 독특한 음영의 대조를 제공하는지 더 연구가 진행되어야한다.

감사의 글

이 연구는 주로 연세대학교 의과대학 과별프로젝트 연구비와, 한국전기연구소 위탁 연구과제에 의하여 진행되었음.

5. 참 고 문 헌

1. P.J. Morris: Nuclear Magnetic Resonance in Medicine and Biology, Clarendon Press, London, 1984
2. A.P. Crawley, R.M. Henkelman: A comparison of one shot and recovery methods in T1 mapping., Magn. Reson. Med. 7, 23(1988)
3. P.A. Martin, R. Kohli, and R.H.T. Edwards, 1993 SMRM Book of Abstract, 740 (1993)
4. R. Herfkens, P. Davis, L. Crooks, et.al.: Nuclear Magnetic Imaging of the Abnormal Live Rat and Correlations with Tissue Characteristics, Radiology 14, 211(1981)
5. P.A. Bottomley, C.J. Hardy, R.E. Argersinger, et.al.: A review of 1H NMR relaxation in pathology, Med. Phys. 14, 1(1987)
6. R. Graumann, M. Deimling, T. Heilmann, et.al.: A new method for fast and precise T1 determination, 1986 SMRM Book of Abstract, 922(1986)
7. W.H. Hinson, W.T. Sobel, P.R. Moran, and D.A. Saloner: In vivo relaxation time measurements from a single dynamic equilibration acquisition sequence ..., Magn. Reson. Imag. 5, 103(1987)

8. D.C. Look and D.R. Locker: Time saving in measurement of NMR and EPR relaxation times, *Rev. Sci. Instrum.* 41, 250(1970)
9. J. Liu, A.O.K. Nieminen, and J.L. Koenig: Calculation of T1, T2, and proton density images in Nuclear Magnetic Resonance Imagings, *J. Magn. Reson.* 85, 95 (1989)
10. F.S. Prato, D.J. Drost, T. Keys, et.al.: Optrimization of signal-to-noise ratio in calculated T1 images derived from two spin-echo images., *Magn. Reson. Med.* 3, 63(1986)
11. E.K. Jeong: Simple post-processing of medical images, *Yonsei Med. Jour.* 36, 77(1995)
12. P.T. Callaghan: *Principle of Nuclear Magnetic Resonance Microscopy*, Oxford Press, London, England, 1991.
13. B.W. Kernighan and D.M. Ritchie: *The C Progamming Language*, DTP Prentice-Hall Press, New Jersey, 1992
14. W.H. Press, S.A. Teukolsky, W.T. Vetterling, and B.P. Flannery: *Numerical Recipes in C*, Cambridge University Press, Cambridge, England, 1992
15. C.Y. Tong and F.S. Prato: A fast T1-mapping method, 1993 SMRM Book of Abstract, 1255 (1993)
16. C.Y. Tong and F.S. Prato: A novel fast T1-mapping method, *J. Magn. Reson. Imaging*, 702 (1994)
17. J.R. MacFall, S.J. Riederer, H.Z. Wang: An analysis of noise propagation in computed T2, pseudodensity, and synthetic spin-echo images., *Med. Phys.* 13, 285(1986)
18. P.A. Bottomley, T.H. Foster, R.E. Argersinger, et.al.: A review of normal tissue hydrogen relaxation times ..., *Med. Phys.* 11, 425(1984)
19. S. Kuo: *Computer Applications of Numerical Methods*, Addison-Wesley Pub. Co., New York, 1972

Construction of T₁ Map Image

E.-K. Jeong, J.-S. Suh, J.-T. Lee, S.-S. Chu⁺, S.-H. Lee^{*}, Y.-K. Kwon^{**}
Dept. of Diagnostic Radiology, Dept. of Therputic Radiology⁺, and Dept. of Physics^{*}
Yonsei University
Superconductivity Lab. Korean Electrotechnology Research Institute^{**}

Abstract

The T₁ mapping of an human anatomy may give a characteristic contrast among the various tissues and the normal/abnormal tissues. Here, the methodology of constructing T₁ map out of several images with different TRs, will be described using non-linear curve fitting. The general curve fitting algorithm requires the initial trial values T_{1t} and M_{0t} for the variables to be fitted. Three different methods of suppling the trial T_{1t} and M_{0t} are suggested and compared for the efficiency and the accuracy. The curve-fitting routine was written in ANSI C and excuted on a SUN workstation. Several distilled-water phantoms with various concentrations of Gd-DTPA were prepared to examine the accuracy of the curve-fitting program. An MR image was used as the true proton density image without any random noise, and several images with different TRs were generated with the theoretical T₁ relaxation times 250, 500, and 1000msec. The random noise of 1, 5, and 10% were embedded into the simulated images. These images were used to generate the T₁ map, and the resultant T₁ maps for each T₁ were analyzed to study the effect of the random noise on the T₁ map.