

Intensitäts-Normalisierung von CSI-Bildern angewandt in lokalisierter in vivo MR-Spektroskopie

Studiengang: MAS Medizintechnik

Prüfungsleiter: Jürg Steck

Experte: PD Dr. sc. nat. Michael Fix

Industriepartner: PD Dr. sc. nat. Johannes Slotboom (Inselspital)

Bei Hirntumoren, metabolische Erkrankungen und Epilepsie kann eine Spektroskopie der chemischen Zusammensetzung des Gehirns, mittels eines Magnetresonanztomographen, durchgeführt werden. Die Auswertung der MR-Spektroskopie ist dabei nicht ganz einfach, weil bei der Multivoxelspektroskopie (CSI) die Signal-Anregung und Detektion nicht homogen erfolgen. Ziel ist es ein Plugin mit einer Homogenitätskorrektur der CSI-Signale zu erweitern.

1

Einleitung

Im Rahmen des EU-Projektes TRANSACT wurde in unserem Institut bereits ein Plugin einer Auswertesoftware erstellt, namentlich SpectrIm für jMRUI, welches die CSI-Signale filtert, quantifiziert und darstellt. Diese Arbeit beschreibt die ersten Pilotversuche das SpectrIm-Plugin mit einer Homogenitätskorrektur der CSI-Signale zu erweitern. Ziel ist es die Auswertung weiter zu vereinfachen, zu beschleunigen und die Methode in den klinischen Alltag zu integrieren.

Methode

Mit Phantommessungen von Metabolitenlösungen konnten die räumlichen Intensitätsverteilungen mittels homogenen Phantomen bestimmt werden. Diese räumlichen Intensitätsverteilungen ermöglichen die Amplitudennormalisierung von Patientenspektren. Die Normalisierung wird auf die vier essenziellen Hirnmetaboliten Cholin, Kreatin, N-acetylaspartate (NAA) und Laktat beschränkt. Pro Metabolit und Achsenebene wurden Korrekturkarten, welche sich am Mittelwert orientieren, erstellt. (Bsp. Abb. 1 & Abb.2)

Resultate

Die Resultate sind mehr als zufriedenstellend, weil die Abweichungen der Korrekturebenen sehr gering sind. Ausser beim Laktat gibt es grössere Abweichungen, was auf einen grösseren Artefakt der chemischen Verschiebung zurückzuführen ist. Was dazu kommt, ist das für veränderte Volumina dementsprechende Korrekturkarten erstellt werden müssen und nicht, wie angenommen, durch Interpolation ausgerechnet werden kann. Der Grund dafür ist, dass der Scanner nicht die Radio Frequenz (RF)-Bandbreite anpasst um das angeregte Volumen zu ändern, sondern die Feldstärke der Gradienten, was zu räumlich anderen Anregungen führt.

Diskussion

Anhand dieser Arbeit konnte ein wichtiger Grundstein für die Integration des Plugin in den klinischen Alltag gelegt werden, da somit schneller und effizienter Auswertungen getätigt werden können. Zudem könnte durch die generalisierte Verifizierung eine Referenzdatenbank erstellt werden.



Samuel Stettler
samstettler@gmx.ch

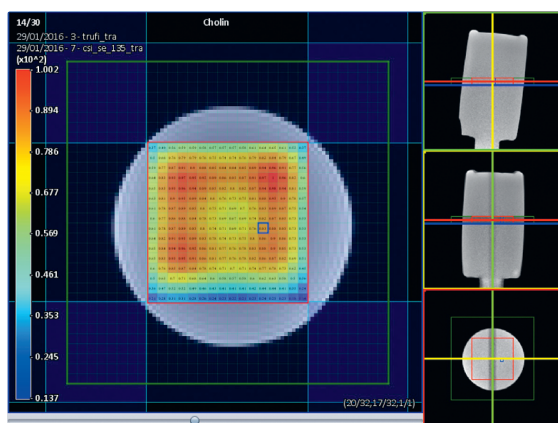


Abbildung 1: CSI-Bild von Cholinphantom

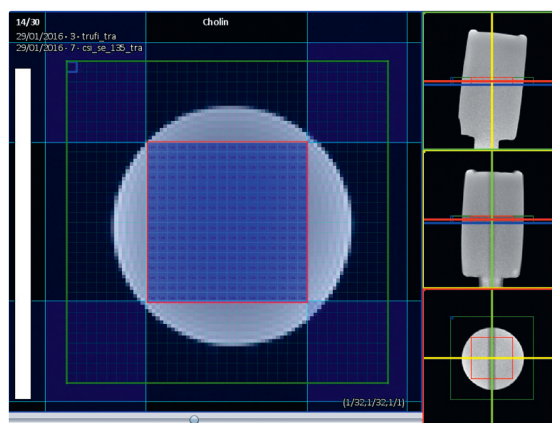


Abbildung 2: CSI-Bild von Cholinphantom nach Korrektur