

健常者の脳の<sup>31</sup>P化学シフトイメージング法による研究

藤元登四郎<sup>1</sup>, 辻 隆之<sup>2</sup>, 中野寿彦<sup>3</sup>, 寺田耕作<sup>4</sup>,  
有満金郎<sup>5</sup>, 笹平正廣<sup>6</sup>, 朝倉哲彦<sup>6</sup>

<sup>1</sup>南日本健康科学センター, 藤元病院精神神経科

<sup>2</sup>国立循環器病センター研究所

<sup>3</sup>南日本健康科学センター, 藤元病院生化学

<sup>4</sup>同 脳神経外科

<sup>5</sup>同 内科

<sup>6</sup>鹿児島大学医学部脳神経外科

## はじめに

リン(<sup>31</sup>P)のmagnetic resonance spectroscopy (<sup>31</sup>P-MRS)を用いると、非侵襲的に<sup>31</sup>P代謝化合物の情報が得られるので、特に脳については注目され、多くの報告がなされてきた<sup>1)</sup>。<sup>31</sup>P-MRSを臨床に応用するためには脳の局在する領域(volume)から空間分解能の優れたスペクトルを短時間で得なければならない。その方法に、大きく分けて、single voxel選択法<sup>2),3)</sup>とchemical shift imaging (CSI)法とがある<sup>4)~6)</sup>。CSI法は空間的に分割された領域から、同時に多数のスペクトルが短時間で得られるので、注目されている。われわれは1988年以来、旭メディカル(現シーメンス旭メディテック)と共同で2Tの<sup>31</sup>P-CSI法の開発を行ってきた<sup>7)~10)</sup>。

FID信号を検出する<sup>31</sup>P-CSI法は位相エンコード傾斜磁界パルスの印加を必要とするので、この印加時間だけデータ収集に遅延が生じる(dead time)という欠点がある。そのため位相補正後のスペクトルのベースラインは、得られなかったデータのために歪みを生じる。従来の

CSI法ではこのベースラインの歪みが問題とされ、これを補正する種々の方法が提唱されてきた<sup>11)~13)</sup>。今回使用された新しいベースライン補正方法はベースラインを数値計算的に推定する方法である<sup>14)</sup>。このベースライン補正法を使用した<sup>31</sup>P-CSI法の特性を*in vitro*実験で検討し、健常者群について大脳の<sup>31</sup>P-MRSを行った。

## 対象ならびに方法

*In vitro*実験の対象として、直径156mmの球形の容器に、無機リン(Pi)とATPをそれぞれ3.7mMの濃度で混和し、pHを7.0に調節した<sup>31</sup>Pファントムを作成した。

ヒト対象群として、30代の健常者20名(男性15名、女性5名、平均年齢35±2.5歳)を対象とした。

QD(Quadrature detection)コイルを装備した静磁場強度2.0TのMRS(シーメンス旭メディテック製)を使用し、2D-CSI法を行った。繰り返し時間を2,000ms、dead timeを1.72ms、マトリクスサイズを1,024、積算回数を12回、マトリクスサイズを8×8ピクセル、スライス厚を4cmとした。CSIの計測対象となる大脳の容

キーワード MRS, phosphorus 31, chemical shift imaging, human brain, base line correction

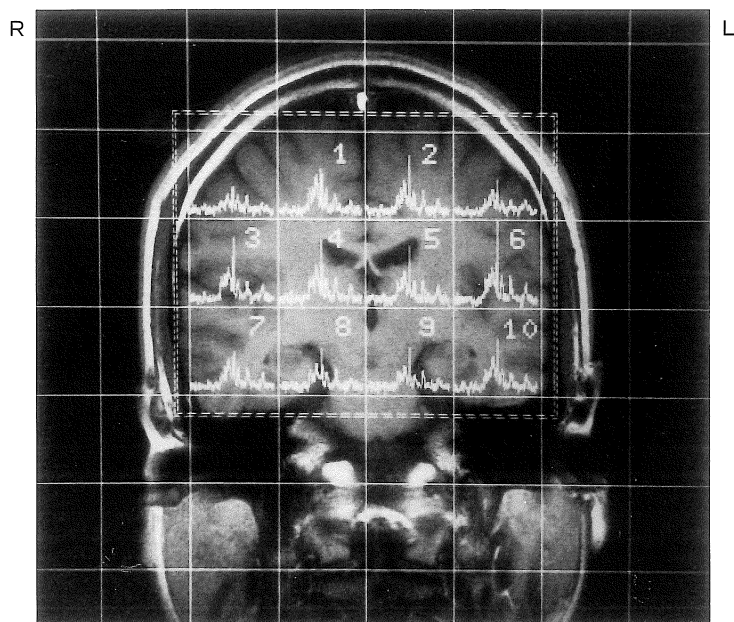


Fig.1. Volumes of interest of  $3 \times 3 \times 4$  (cm<sup>3</sup>) were selected from the corresponding area of T<sub>1</sub> weighted coronal image (SE 500/15).

量, すなわちヴォクセルサイズを  $3\text{cm} \times 3\text{cm} \times 4\text{cm}$  (36cc) とした. なおヴォクセルの定義はデータ検出に用いた field of view を  $8 \times 8$  のマトリックスでわたったものである. 測定時間は26分であった.

データ収集後に T<sub>1</sub> 強調の冠状断面像 (SE 500/15) 上において, ヴォクセルを定められた位置に移動させた (ヴォクセルシフト). 冠状断面像におけるヴォクセルを, Fig.1 のように 1~10 までの番号をつけて区別した. 解剖学的には, ヴォクセル 1 は右前頭頭頂葉, 2 は左前頭頭頂葉, 3 は右側頭葉上部, 4, 5 は側脳室や大脳基底核, 6 は左側頭葉上部, 7 は右側頭葉下部, 8, 9 は側頭葉内側部や脳幹部, 10 は左側頭葉下部におおのほぼ対応する. 得られた <sup>31</sup>P-NMR スペクトルはまず位相補正を行った. 位相補正は任意のヴォクセルのスペクトルを, 2つのポテンシオメーターを用いて 0 次位相 (Constant

phase) 及び 1 次位相 (Linear frequency dependent phase) を変化させて, 位相補正の結果をリアルタイムで観察しながら行った.

続いてベースライン補正を行った (Fig.2 A, B). ベースライン補正後, カーブフィッティングのパラメータ, すなわちピークの高さ, 位置, 幅が得られた<sup>14)</sup> (Fig.3).

これらのパラメーターより, 各ヴォクセルにおいて, phosphomonoesters (PME), inorganic phosphate (Pi), phosphodiester (PDE), phosphocreatine (PCr),  $\gamma$ -ATP,  $\alpha$ -ATP,  $\beta$ -ATP の 7 つのピーク面積をおおの計算した. 各ヴォクセルについて, 7 つのピーク面積すべての合計面積 (トータルピーク面積) に対するおおののピーク面積の比を % で求めた (以下おおの, % PME, % Pi, % PDE, % PCr, %  $\gamma$ -ATP, %  $\alpha$ -ATP, %  $\beta$ -ATP とする).

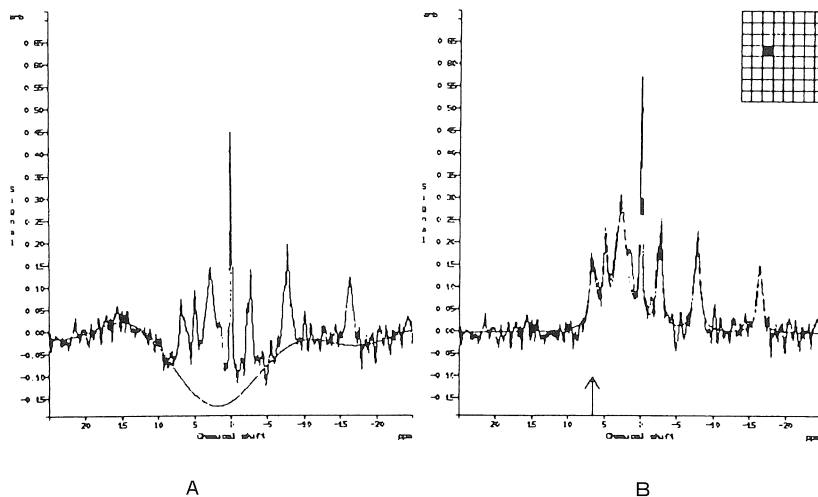


Fig.2. Base line correction.

A : <sup>31</sup>P NMR spectrum after phase correction and estimated base line. B : Fit spectrum curve and base line corrected spectrum.

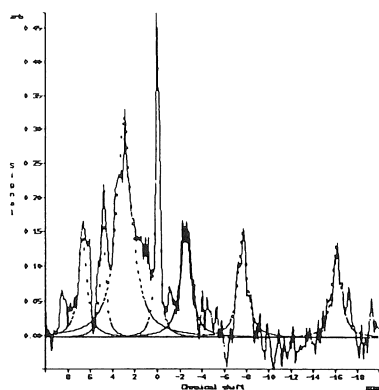


Fig.3. Each peak area was calculated using values of curve fitting parameters which are peaks with height, position and width.

得られたデータより標本分散値を求め、母標準偏差の右片側検定を行い、上限を95%の信頼度と99%の信頼度で求めた。

pH は Pi と PCr のケミカルシフト差<sup>15)</sup>から計算し、各ヴォクセルについて求めた。

選択された領域のピーク信号の積分値から8×

8 ピクセルのイメージを作成し、次にこれを3次の spline 関数を用いて補間し、256×256 のイメージを作成し、このイメージの信号強度を用いて contour map を描いた。ここでは10%ずつの信号強度の差異を示す線を冠状断面像上に重ね合わせた。トータルな<sup>31</sup>P の積分値による contour map と、PCr と PDE のピーク面積に対するトータルピーク面積の比の contour map をおのおの作製した。

## 結 果

ファントム (3×3×4cm<sup>3</sup>) についてのヴォクセル (36cc) の<sup>31</sup>P スペクトルが、Fig.4 のように得られた。記録右上のマトリックスの黒く塗られた部位のヴォクセルは、スペクトルが検出されたヴォクセル部位を示している。いずれのヴォクセルでもスピン-スピンカップリングによる ATP によるピークの分裂が観察された。すなわち、S/N 比がよく分解能の高いスペクトルが得られた。

Fig.5 はヒト健常者についての、左前頭頭頂葉

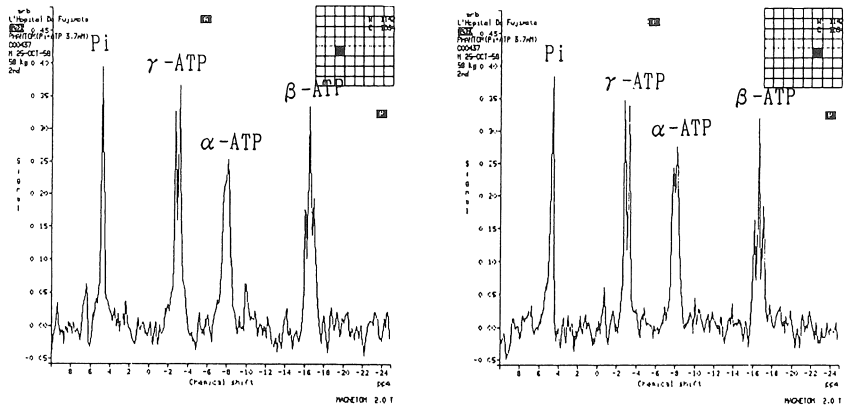


Fig.4.  $^{31}\text{P}$  NMR spectrum of  $^{31}\text{P}$  phantom from a voxel ( $3 \times 3 \times 4\text{cm}^3$ ).  $^{31}\text{P}$  phantom : 3.7mM Pi and ATP, pH 7.0.

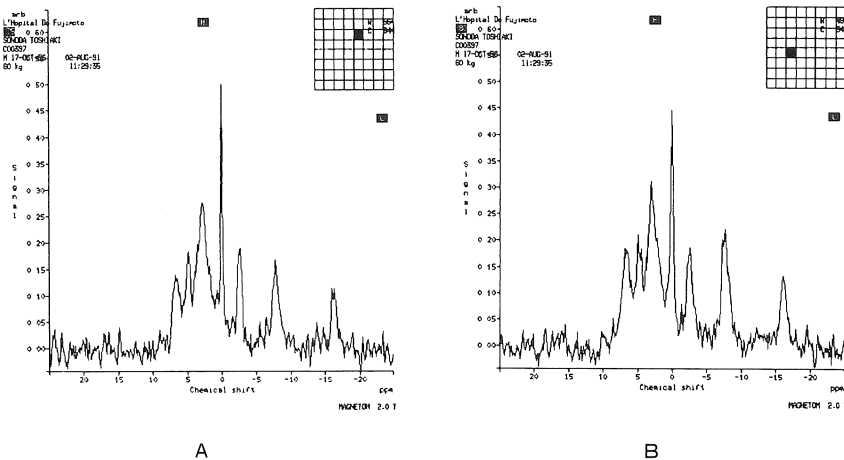


Fig.5.  $^{31}\text{P}$  NMR spectra in a normal subject.  
 A : Voxel 2 (voxel size :  $3 \times 3 \times 4\text{cm}^3$ ). B : Voxel 7 (voxel size :  $3 \times 3 \times 4\text{cm}^3$ )

(ヴォクセル 2) と右側頭頭葉下部 (ヴォクセル 7) におけるスペクトルの 1 例である。

10 箇所ヴォクセルの $^{31}\text{P}$ -NMR スペクトルの各ピークにおける平均値、標準偏差およびそれから推定される母標準偏差の上限の右片側検定を Table 1 に示す。および pH の平均値、および標準偏差 (%) は、Table 2 のようであった。Contour map は、おのおの Fig.6, Fig.7 のように作成できた。

## 考 察

今回、冠状断面を用いた CSI 法では厚さ 4cm のスライスの中に、前頭頭頂葉から側頭葉までの領域が包含された。これに比べて横断面を用いた場合には前頭葉前部の厚みが十分にないため、4cm のスライス厚ではポジショニングがむづかしく、筋肉からの contamination が強く認

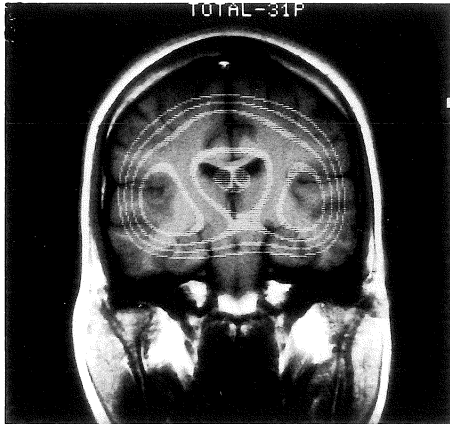


Fig.6. Contour map of spatial distribution of total signal intensities (total peak areas) of the  $^{31}\text{P}$ -NMR spectrum. Contour lines are drawn at every 10% of total signal intensities and the line width is 3% of total signal intensities.

められる場合があった。したがって冠状断面を使用すると側頭葉の情報が解剖学的に対応づけて得られるという利点があった。

Contour map はプロトンイメージと $^{31}\text{P}$ イメージとの対応について理解を容易にした。フーリエ変換法による CSI 法の場合には隣接するヴォクセルからの localization error があり<sup>16)</sup>、特に筋肉からの contamination は考慮されなければならない問題である。PCr のトータル比の contour map では、内側部の信号強度が外側部よりも高く、PCr に関しては側頭筋など筋肉からの contamination は大きくないと考えられた (Fig. 7 B)。

ファントム実験により、各ピークの絶対値は磁場の不均一性の影響を受けるが、各ピークの面積比はその影響を受けないので、各ピーク的面積比を求めた。われわれの得た各ピーク的面積比はある平均値から幅をもって分布し、一定の標準偏差をもっていた。またサンプル数は 20 と小さいので、母標準偏差の上限を一定の危険率で検定しておく必要があった (Table 1)。

今回使用した dead time は 1.72ms であるがこ

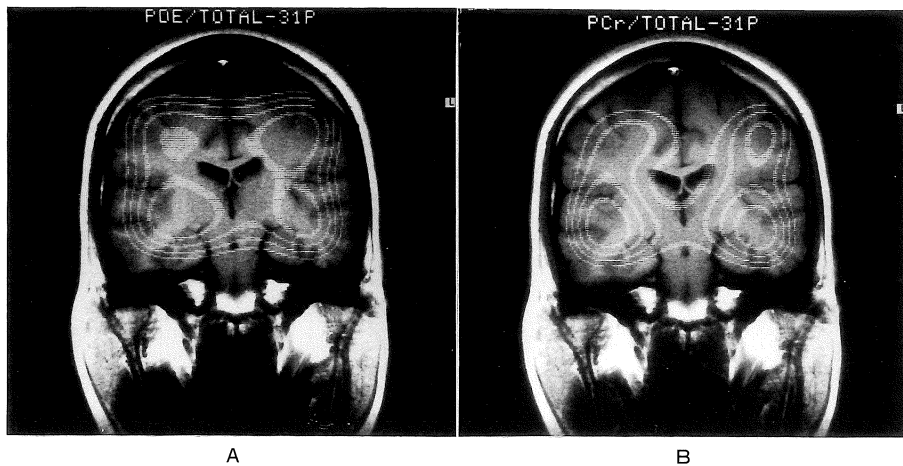


Fig.7. A : Contour map of the spatial distribution of the PDE/total  $^{31}\text{P}$  ratio of the  $^{31}\text{P}$ -NMR spectrum. B : Contour map of the spatial distribution of the PCr/total  $^{31}\text{P}$  ratio of the  $^{31}\text{P}$ -NMR spectrum. Contour lines are drawn at every 10% of each peak ratio and the line width is 3% of each ratio.

Table 1. Peak Ratios (%) and One-Sided Test of Population Standard Deviation in Normal Subjects in Their Thirties (N = 20).

PME		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Mean (%)	Voxel (%)	10.12	10.04	10.00	9.45	9.31	9.15	10.42	10.54	9.44	9.51
standard deviation (s) (%)		1.81	1.93	1.98	2.22	2.46	2.11	1.95	2.51	2.81	2.64
one-sided test of population	P=0.05	2.55	2.72	2.79	3.13	3.46	2.97	2.75	3.53	3.96	3.72
standard deviation ( $\sigma$ ) (%)	P=0.01	2.93	3.13	3.21	3.60	3.99	3.42	3.16	4.07	4.55	4.28
Pi											
Mean (%)		5.77	5.89	6.08	5.33	5.50	5.20	5.39	5.04	5.79	5.08
standard deviation (s) (%)		1.91	1.91	1.88	1.67	1.99	1.69	1.94	1.66	1.75	2.19
one-sided test of population	P=0.05	2.69	2.69	2.65	2.35	2.80	2.38	2.73	2.34	2.47	3.08
standard deviation ( $\sigma$ ) (%)	P=0.01	3.10	3.10	3.05	2.71	3.23	2.74	3.15	2.69	2.84	3.55
PDE											
Mean (%)		40.32	40.19	38.81	41.62	40.21	40.59	36.87	39.75	36.50	39.59
standard deviation (s) (%)		3.71	3.37	4.84	2.98	3.62	2.97	4.21	2.98	4.72	4.44
one-sided test of population	P=0.05	5.22	4.74	6.81	4.19	5.09	4.18	5.92	4.19	6.64	6.25
standard deviation ( $\sigma$ ) (%)	P=0.01	6.01	5.46	7.84	4.83	5.86	4.81	6.82	4.83	7.65	7.19
PCr											
Mean (%)		9.49	9.75	10.57	10.11	10.35	10.37	11.76	12.05	11.94	11.48
standard deviation (s) (%)		1.28	1.12	1.31	1.52	1.68	1.72	1.47	2.18	2.02	1.64
one-sided test of population	P=0.05	1.80	1.58	1.85	2.14	2.37	2.42	2.07	3.07	2.85	2.31
standard deviation ( $\sigma$ ) (%)	P=0.01	2.08	1.82	2.13	2.47	2.72	2.79	2.38	3.53	3.27	2.66
$\gamma$ -ATP											
Mean (%)		10.71	10.51	10.49	10.56	11.30	10.66	10.01	10.39	11.56	9.82
standard deviation (s) (%)		1.43	1.53	1.58	1.61	1.95	1.59	1.86	2.11	2.10	2.11
one-sided test of population	P=0.05	2.02	2.16	2.23	2.27	2.75	2.24	2.62	2.97	2.96	2.97
standard deviation ( $\sigma$ ) (%)	P=0.01	2.32	2.48	2.56	2.61	3.16	2.58	3.02	3.42	3.40	3.42
$\alpha$ -ATP											
Mean (%)		14.17	14.05	13.76	12.89	13.02	13.83	14.72	13.36	14.14	13.83
standard deviation (s) (%)		3.46	2.67	2.05	2.26	2.49	2.25	1.94	2.24	3.00	2.88
one-sided test of population	P=0.05	4.87	3.76	2.89	3.18	3.51	3.17	2.73	3.15	4.22	4.05
standard deviation ( $\sigma$ ) (%)	P=0.01	5.61	4.33	3.32	3.66	4.04	3.65	3.15	3.63	4.86	4.67
$\beta$ -ATP											
Mean (%)		9.46	9.60	10.34	10.11	10.35	10.25	10.87	8.91	10.68	10.76
standard deviation (s) (%)		2.67	2.32	1.67	2.40	2.23	1.50	2.13	1.77	2.08	2.98
one-sided test of population	P=0.05	3.76	3.27	2.35	3.38	3.14	2.11	3.00	2.49	2.93	4.19
standard deviation ( $\sigma$ ) (%)	P=0.01	4.33	3.76	2.71	3.89	3.61	2.43	3.45	2.87	3.37	4.83

Table 2. Intracellular pH in Normal Subjects in Their Thirties (N=20).

Voxel (%)	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Mean	7.04	7.05	7.04	7.01	7.03	7.04	7.08	7.03	7.04	7.05
standard deviation (s) (%)	0.04	0.04	0.04	0.03	0.03	0.03	0.12	0.06	0.08	0.05

の影響によるスペクトルの変化を調べるために、fast rotating gradient spectroscopy (FROGS) 法と比較を行った。FROGS 法は、関心領域自体は先行する励起を受けず、スペクトルは短い非選択的な RF パルスの直後に得られるので、dead time によるベースラインの歪みは生じない<sup>17)</sup>。Stanley<sup>18)</sup>らは 2T の MRS 装置を用い、サーフェイコイルを使用した FROGS 法で健常者の左の dorsal prefrontal cortex で PME と PDE のトータルピーク面積に対する割合 (% PME, % PDE) を得た。それと著者らの得たデータとを比較した。著者らのデータは、Stanley が信号を得た位置に最も近い左の前頭部頭頂葉 (ヴォクセル 2) の値を用いた。その結果、% PME は Stanley らが  $13.3 \pm 0.4\%$ 、著者らが  $10.0 \pm 1.9\%$  であった。% PDE についてはおのおの  $37.7 \pm 1.4\%$ 、 $40.2 \pm 3.4\%$  で、両者は近似の値を示した。in vivo の脳の PDE の T<sub>2</sub> は 2T において 20ms 程度とされている<sup>19)</sup>。われわれの <sup>31</sup>P-MRS における 1.72ms の dead time は、ベースラインコレクションの仮定に対して、RF パルスの中心から測定され十分短いので、PDE ピークの信号のロスは少ないと考えられた。

Short TE spin-echo は比較的平坦なベースラインが得られるので注目されている方法である。Hugg<sup>20)</sup>らの 2T の short TE spin-echo 法による <sup>31</sup>P-MRS で得た健常者の PCr/PDE 比を、著者らが本法で得た値と比較した。Hugg らのスペクトルは両側の頭頂葉 (84cc) からのもので、著者らはそれと近い位置にある両側前頭部頭頂葉 (ヴォクセル 1+2, 72cc) からのものである。PCr/Pi は、Hugg らが  $2.02 \pm 0.39$  に対して著者らは  $2.00 \pm 0.51$  と、両者はほぼ一致していたが、PCr/PDE は、 $0.52 \pm 0.06$  と  $0.23 \pm 0.02$  で、両者間で大きく異なっていた。この相異は主に broad component の処理の違いによるためと思われる。

In vivo の PDE ピークは、磁場依存性があり、また PDE の信号がどこから由来しているかの問題があり<sup>21)</sup>、今後検討されなければならない課題

である。われわれが使用した MRS で得た健常者群での結果は、他機種の MRS を使用して得られる結果とは必ずしも一致するとは限らない。しかし、同一のシステムで集積された健常者の大脳各部位（ヴォクセル）における<sup>31</sup>P-MRS のデータは、今後そのシステムで検査される患者に対して基礎的なデータとなる。したがって、健常者の母群の数が増えるほどデータの信頼性が向上するので、さらに検討しつつある。

今後さまざまな器質的脳疾患患者に対して本法を行い、健常者群のデータと比較検討すれば、病態生理学的理解、治療効果の判定や予後の予測など、さらには未だ原因が不明の痴呆や精神分裂病など精神神経疾患の解明のためにも有用であると考えられる<sup>22)~24)</sup>。

## 結 語

2T の MRS 装置を用い、ベースライン補正を行った<sup>31</sup>P-CSI 法によって得られた健常者の大脳の各ヴォクセルにおける<sup>31</sup>P スペクトルの各ピーク面積に対するそれらのトータル面積の割合などを、健常者群について測定した。

その結果、それらが今後さまざまな疾患群と比較検討できるような健常者群コントロール値として有用性を持つ可能性が示された。

謝辞 1986 年の共同研究の開始以来、終始懇切なる御指導を賜りましたシーメンス・旭メディテックの牧壮先生、入口紀男先生をはじめとする開発チームの皆様方に深甚なる謝意を表します。

## 文 献

- Bottomley PA : Human *in vivo* NMR spectroscopy in diagnostic medicine : Clinical tool or research probe?!. *Radiology*, 170 : 1-15, 1989.
- Ordidge RJ, Connelly A, Lohman JAB : Image-selected *in vivo* spectroscopy (ISIS). A new technique for spatially selective NMR spectroscopy. *J Magn Reson*, 66 : 283-294, 1986.
- 上嶋康裕 : 領域選択スペクトロスコピー. *日磁医誌*, 7 : 3-23, 1987.
- 山本 徹 : ケミカルシフトイメージング. *日磁医誌*, 6 : 221-239, 1987.
- Bottomley PA, Charles HC, Roemer PB, et al. : Human *in vivo* phosphate metabolite imaging with <sup>31</sup>P NMR. *Magn Reson Med*, 7 : 319-336, 1988.
- Coutts GA, Bryant DJ, Collins AG, et al. : <sup>31</sup>P magnetic resonance spectroscopy of the normal human brain : Approaches using four dimensional chemical shift imaging and phase mapping techniques. *NMR in Biomedicine*, 1 : 190-197, 1989.
- 宮崎敏幸 : 多核種イメージング (ケミカルシフトイメージングを含む) と領域選択スペクトロスコピーの技術. *Innervision*, 4 : 28-32, 1989.
- 藤元登四郎, 笹平正廣, 岡田明彦, 他 : <sup>31</sup>P ケミカルシフトイメージングと<sup>31</sup>P スペクトルの臨床応用. *Innervision*, 4 : 33-38, 1989.
- Sasahira M, Uchimura K, Asakura T, et al. : P-31 chemical shift imaging of human brain tumours. *Neuroradiology*, 33 (Suppl. 1) : 313-314, 1991.
- 藤元登四郎, 寺田耕作, 下本地 優, 他 : MR スペクトロスコピーの今後. *映像情報*, 22 : 81-84, 1990.
- Maudsley AA, Twieg DB, Sappey-Marinier D, et al. : Spin echo <sup>31</sup>P spectroscopic imaging in the human brain. *Magn Reson Med*, 14 : 415-422, 1990.
- Allman T, Holland GA, Lenkinski RE, et al. : A simple method for processing NMR spectra in which acquisition is delayed : Applications to *in vivo* localized <sup>31</sup>P NMR spectra acquired using the DRESS technique. *Magn Reson Med*, 7 : 88-94, 1988.
- Nelson SJ, Brown TR : The accuracy of quantification from 1D NMR spectra using the PIQABLE algorithm. *J Magn Reson*, 84 : 95-109, 1989.
- 宮崎敏幸 : <sup>31</sup>P-CSI のための基線補正. *日磁医誌*, 12 : 322-327, 1992.
- Prichard JW, Shulman RG : NMR spectroscopy of brain metabolism *in vivo*. *Ann Rev Neurosci*, 9 : 61-85, 1986.
- Wang Z, Bolinger L, Subramanian VH, et al. :



- Errors of Fourier chemical-shift imaging and their corrections. *J Magn Reson*, 92 : 64-72, 1991.
- 17) Sauter R, Mueller S, Weber H : Localization in *in vivo* <sup>31</sup>P NMR spectroscopy by combining surface coils and slice-selective saturation. *J Magn Reson*, 75 : 167-173, 1987.
- 18) Stanley JA, Williamson P, Drost DJ, et al. : Membrane phospholipid metabolism abnormalities in the left prefrontal cortex in drug-naive and chronic schizophrenics via <sup>31</sup>P NMR spectroscopy. *Book of Abstracts, Society of Magnetic Resonance in Medicine* : 1062, 1991.
- 19) Merboldt KD, Chien D, Hanicke W, et al. : Localized <sup>31</sup>P NMR spectroscopy of the adult human brain *in vivo* using stimulated echo (STEAM) sequences. *J Magn Reson*, 89 : 343-361, 1990.
- 20) Hugg JW, Matson GB, Twieg DB, et al. : Phosphorus-31 MR spectroscopic imaging (MRSI) of normal and pathological human brains. *Magn Reson Imag*, 10 : 227-243, 1992.
- 21) Murphy EJ, Rajagopalan B, Brindle KM, et al. : Phospholipid bilayer contribution to <sup>31</sup>P NMR spectra *in vivo*. *Magn Reson Med*, 12 : 282-289, 1989.
- 22) 藤元登四郎, 中野寿彦, 寺田耕作, 他 : 痴呆, てんかん, 精神分裂病の<sup>31</sup>P-CSI. *日本臨床*, 49 : 233-237, 1991.
- 23) 藤元登四郎, 中野寿彦, 野口重次, 他 : <sup>31</sup>P ケミカルシフトイメージングによる初老期アルツハイマー病の研究. *精神科治療学*, 7 : 531-540, 1992.
- 24) Fujimoto T, Nakano T, Takano T, et al. : Study of chronic schizophrenics using <sup>31</sup>P magnetic resonance chemical shift imaging. *Acta Psychiatr Scand*, 86 : 455-462, 1992.

## Study of Normal Human Brain Using Phosphorus-31 Chemical Shift Imaging

Toshiro FUJIMOTO<sup>1</sup>, Takayuki TSUJI<sup>2</sup>, Toshihiko NAKANO<sup>3</sup>,  
Kosaku TERADA<sup>4</sup>, Kaneo ARIMITSU<sup>5</sup>, Masahiro SASAHIRA<sup>6</sup>,  
Tetsuhiko ASAKURA<sup>6</sup>

<sup>1</sup>*Department of Psychiatry, South Japan Health Science Centre, Fujimoto Hospital  
17-4, Hayasuzu-cho, Miyakonojo-shi, Miyazaki 885*

<sup>2</sup>*National Cardiovascular Center Research Institute*

<sup>3</sup>*Departemnt of Biochemistry, South Japan Health Science Center, Fujimoto Hospital*

<sup>4</sup>*IBID Department of Neurosurgery*

<sup>5</sup>*Department of Internal Medicine*

<sup>6</sup>*Department of Neurosurgery, University of Kagoshima*

We examined the brains of 20 normal volunteers in their 30's (mean age  $35 \pm 2.5$ y.) using *in vivo* <sup>31</sup>P chemical shift imaging with the FID method by 2T MRS. <sup>31</sup>P-NMR spectra from 10 voxels with a size of 36cc ( $3 \times 3 \times 4$ cm<sup>3</sup>) were acquired with a data measuring time of 26 minutes. The baseline of <sup>31</sup>P-NMR spectra from each of these 10 voxels was corrected using a newly developed method. After the phase correction and the base line correction, ratios (%) of each peak area of PME (phosphomonoesters), Pi (inorganic phosphate), PDE (phosphodiester), PCr (phosphocreatine) and  $\gamma$ -,  $\alpha$ -,  $\beta$ -ATP to total observable phosphorus peak areas were calculated. These ratios (%) almost corresponded with reported data using FROGS sequence. These results suggested that loss of PDE signal due to dead time of 1.72ms was small and the baseline correction was satisfactory. These results indicated that the ratios which were acquired with the new method of base line correction are reliable and can be available as the control for comparison with those ratios obtained from patients.