

頭部の MRS : 緩和時間の変化と定量化

磯辺 智範¹, 阿久津博義¹, 椎貝 真成¹, 増本 智彦¹,
只野 喜一¹, 平野 雄二², 佐藤 英介¹, 山本 哲哉¹,
阿武 泉³, 松村 明¹

¹筑波大学大学院人間総合科学研究科 ²同附属病院放射線部

³茨城県立医療大学保健医療学部

はじめに

MRS は生体中の生化学情報を非侵襲的に検出して種々の病態解析を行えるという臨床上極めて有用な手法であるが、市民権を得るまでに至っていないのが現状である。この原因には、高く均一な磁場が求められる、測定や解析が煩雑であるなどが挙げられていたが、近年、高磁場装置が普及し、測定や解析の自動化が進んだこともあり、これらの問題点は解決されつつある。しかし、得られたスペクトルの臨床的意味づけ、すなわち、スペクトルの評価が難しいという点は解決されていない。この点が解決されなければ、疾患別データベースの構築も進まず、MRS の普及も難しいと思われる。

スペクトルの評価法は、大きく、視覚評価・相対評価・定量評価の三つに分類できる。視覚評価は、正常では認められないピークを確認したり、見た目ピークの高さを判断する主観的な評価法である。この評価法は、N-acetylaspartate (NAA) の有無による髄内腫瘍と髄外腫瘍の鑑別、他の脳内占拠性病変とは明らかにスペクトルパターンが異なるという特徴をもつ brain abscess の診断などには有用である。し

かし、ピークの増減を把握することは難しいため、glioma の悪性度の評価、glioma と悪性リンパ腫の鑑別、多発性硬化症と low grade glioma の鑑別、治療効果の判定などには不向きである。

この点を補う客観的評価法として、NAA, Creatine and Phosphocreatine (t-Cr), Choline-containing compounds (Cho) の各ピーク面積から NAA/t-Cr, Cho/t-Cr などの信号強度比 (ピーク比) を求める相対評価がある。最近では、スペクトル解析の自動化が進み、ほとんどの MR 装置が画面上にこれらのピーク比を表示する機能を有しており、日常臨床に貢献している。しかし、例えば、Fig. 1(a) のようなスペクトルが得られたとする。このスペクトルを評価するにあたり、同一条件で取得した Cho/t-Cr の正常値が 0.7 (Cho/t-Cr=0.7/1.0) であり、このスペクトル (病変部) から算出された Cho/t-Cr が 1.4 になったとすると、病変部の Cho/t-Cr は正常よりも高いことになる (Fig. 1 (b))。これを解釈すると、Fig. 1(c) のような三つのパターンが考えられる。Cho は不変で t-Cr が減少、t-Cr は不変で Cho のみ増加、Cho が微増して t-Cr が僅かに減少というパターン

この総説は、第 37 回日本磁気共鳴医学会大会シンポジウムⅣ「MRS の臨床応用と最新技術～MRS 追加のタイミング～」での講演を中心にまとめたものである。

キーワード proton MRS, brain, metabolite, relaxation time, quantification

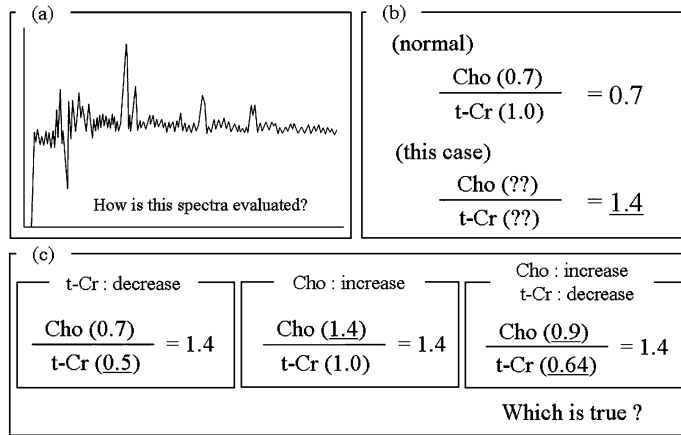


Fig. 1. Evaluation of spectrum
 (a) Spectrum from a lesion, (b) Cho/t-Cr : normal value and value of this case in the same conditions, (c) Interpretation of data : three patterns can be considered.

である。要するに、Cho が変化したのか、t-Cr が変化したのか、あるいは両方とも変化したのか把握できないことになる。相対評価の基準として t-Cr がよく使用されるが、特に腫瘍では t-Cr が noise level になることも多く、ピーク比を取得できない場合もある (Fig. 2)。

一方、代謝物の濃度を求めて評価する定量評価は、個々の代謝物の増減が把握でき、スペクトルの解釈を容易にする可能性を有していると考えられる。しかし、定量評価は代謝物濃度を算出するまでに煩雑な作業工程が必要であるという一面をもつ。

相対評価および定量評価は、視覚評価と異なり、数値を算出してその値を評価するという点で客観性を有しているが、緩和の影響を受けるため、どんな繰り返し時間 (repetition time : TR) とエコー時間 (echo time : TE) によりデータを取得したのが非常に重要となる。本稿では、緩和時間および定量化を keyword に proton MRS の頭部への臨床応用について解説する。

緩和時間の変化

1. データ取得条件によるスペクトルの変化

脳のスペクトルの良否に影響するデータ取得条件を Table 1 にまとめた。磁場強度や加算回数は信号雑音比 (signal to noise ratio : SNR) に影響し、number of samples や spectral bandwidth (Hz) はスペクトル分解能に関係する。その他、sequence, CHES pulse 幅, shimming 手法などもスペクトルに影響を与える。特に、TR と TE は、SNR に寄与することはもちろんであるが、スペクトルの臨床的解釈に最も影響を与える重要なパラメータである。

MRI では、T₁ 強調画像や T₂ 強調画像のように、異なる TR と TE によって得られた画像が全く異なったコントラストの画像になることは知られている。MRS 測定の場合にもこれと全く同じ現象が生じる。Fig. 3 には TR を変化 (TE 144 ms 固定) させたときの正常脳白質のスペクトルを示した。Fig. 4 は TE を変化 (TR 2000 ms 固定) させたときの正常脳白質

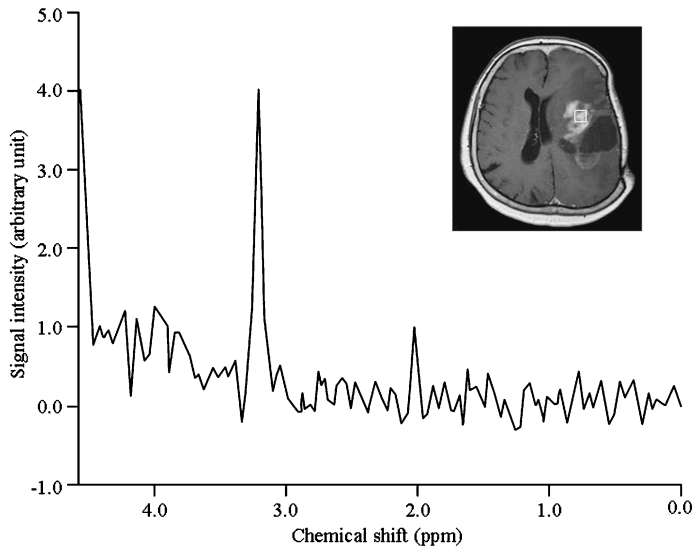


Fig. 2. Proton MRS of glioma showing low t-Cr
 Proton MRS of a glioma case acquired under TR 2000 ms, TE 144 ms. In this case, Cho/t-Cr ratio cannot be calculated because t-Cr is too low.

Table 1. Conditions of Data Acquisition

Magnetic field strength	1.5T, 3.0T
Sequence	PRESS*1, STEAM*2
TR	Long (>5000 ms), Short (1500~2000 ms)
TE	Short (20~40 ms), Long (144 ms, 288 ms)
Number of signal average (NSA)	64, 96, 128, 256
Spectral bandwidth	1000 Hz, 2000 Hz
Number of samples	512, 1024
CHES pulse	50~60 Hz (1.5T), 120~140 Hz (3.0T)

*1 PRESS¹⁾ : point resolved spectroscopy

*2 STEAM²⁾ : stimulated echo acquisition mode

のスペクトルである。代謝物の信号強度は、 T_1 緩和により TR が長いほど上昇し、 T_2 緩和の影響により TE が長いほど減衰していることがわかる。

2. 代謝物および組織水の緩和時間

Fig. 5(a)に TE を 40 ms, 72 ms, 144 ms, 288

ms と変化 (TR 2000 ms 固定) させたときの正常脳白質における組織水および代謝物の信号強度をプロットし、Eq. I (single exponential 関数) でカーブフィッティングしたグラフを示す。

$$M_s = M_0 \times \exp\left(\frac{-2\tau}{T_2}\right) \dots\dots\dots \text{Eq. I}$$

M_s : 2τ (= TE) での信号強度

M_0 : TE = 0 ms での信号強度

τ : TE/2 ms

組織水は良好なフィッティングが得られている。一方、代謝物は single exponential 関数でフィッティングせず、少なくとも二つの成分 (multi-component : 短い成分と長い成分) をもつものと考えられる。Fig. 5(b)には TE 40 ms のデータを削除し、TE 72 ms, 144 ms, 288 ms の3点で Eq. I でカーブフィッティングしたグラフを示した。組織水だけでなく、代謝物も single exponential 関数で良好なフィッティングが得られている。このことから、短い TE で

頭部の MRS : 緩和時間の変化と定量化

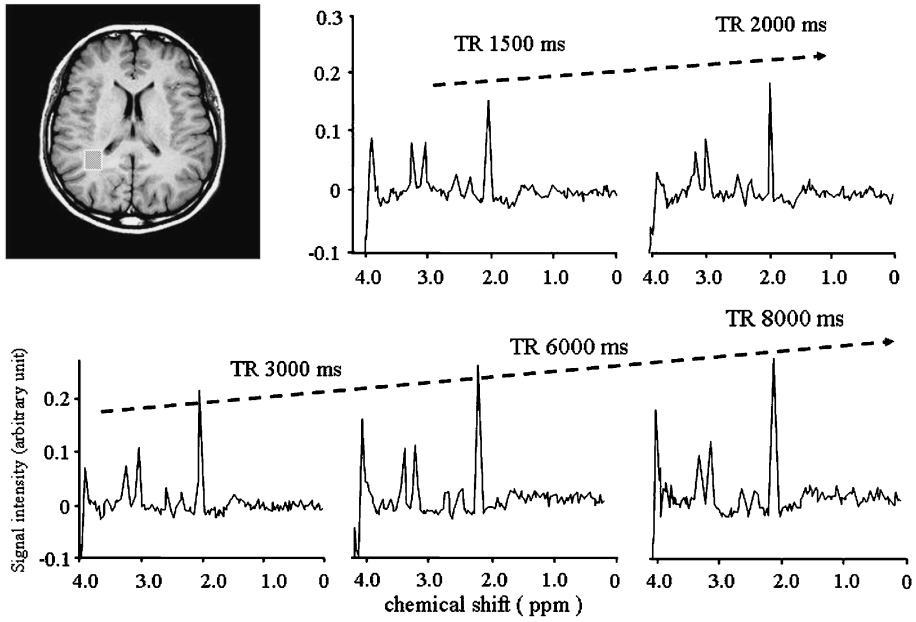


Fig. 3. Relation between T₁ relaxation and spectrum
Proton MRS of a healthy volunteer's white matter obtained with different TR (TE 144 ms). Influenced by T₁ relaxation, higher signal intensity of metabolites is obtained with longer TR.

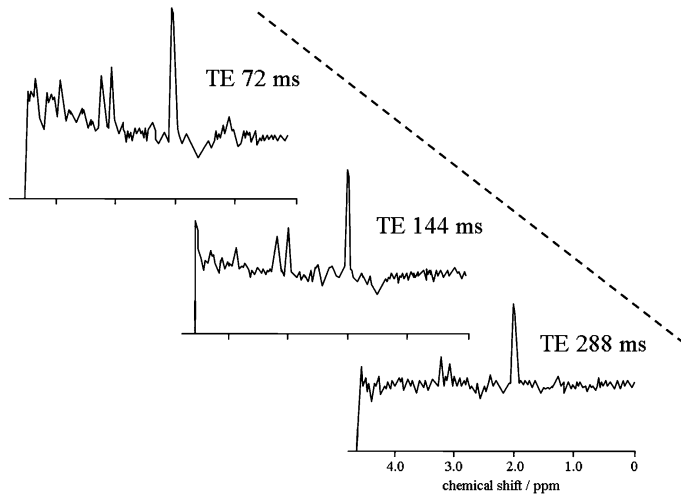


Fig. 4. Relation between T₂ relaxation and spectrum
Proton MRS of a healthy volunteer's white matter obtained with different TE (TR 2000 ms). Influenced by T₂ relaxation, lower signal intensity of metabolites is obtained with longer TE.

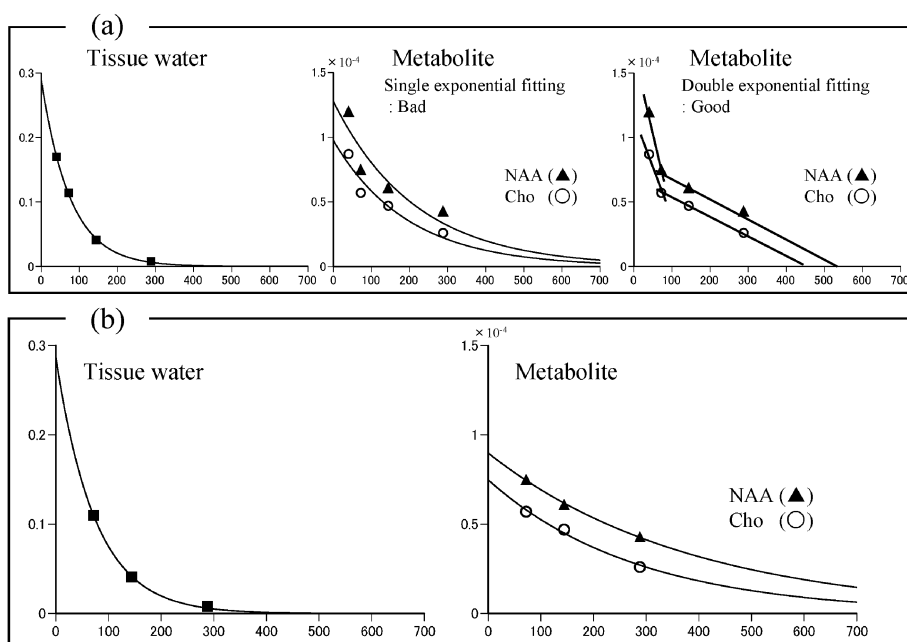


Fig. 5. Curve fitting for calculation of T_2 relaxation time
 (a) : Signal intensity of the metabolites and tissue water in the normal brain white matter with TE 40 ms, 72 ms, 144 ms, and 288 ms (TR 2000 ms). When curve fitting is performed with a single exponential function (Eq. 1), good fitting curve can be obtained in tissue water but not in metabolites.
 (b) Calculated without TE 40 ms (TE 72 ms, 144 ms, and 288 ms), good curve fitting is obtained in both tissue water and metabolites.

は高分子の信号がベースラインを乱し (大きなうねり), その乱れの影響により全体の信号強度が高くなるために, single exponential 関数で良好にフィッティングしない可能性も考えられる. 代謝物が single exponential 関数でフィッティングしない理由が, 代謝物の成分が multi-component であるためなのか, 短い TE による高分子からの信号のベースラインへの影響なのかは今後の研究が待たれる.

Fig. 6 に健常ボランティアおよび glioma 患者における代謝物および組織水の T_2 緩和時間を示す. 健常ボランティア (20~28 歳, 7 例) は頭頂後頭葉白質からの, glioma 症例 (low-grade 7 例, high-grade 7 例) は腫瘍実質からのデータである. T_2 緩和時間は, TE を 72

ms, 144 ms, 288 ms と変化 (TR 2000 ms 固定) させたスペクトルの信号強度から Eq. 1 により算出した. なお, 全例インフォームドコンセントを得ている. この結果から, 正常脳であっても代謝物ごとに T_2 緩和時間が異なることがわかる. このことは, 異なった条件, 例えば TE 144 ms と TE 288 ms では, NAA/t-Cr, Cho/t-Cr などの信号強度比による相対評価においてデータの解釈に違いを生じることを意味している. また, glioma 症例では悪性度による T_2 緩和時間の有意な変化は認められなかったが, 正常と比較すると, low-grade, high-grade とともに, 組織水で有意な延長, NAA で有意な短縮が認められた. よって, 例えば同じ NAA においても, 正常と疾患では T_2 緩和時間が異なる

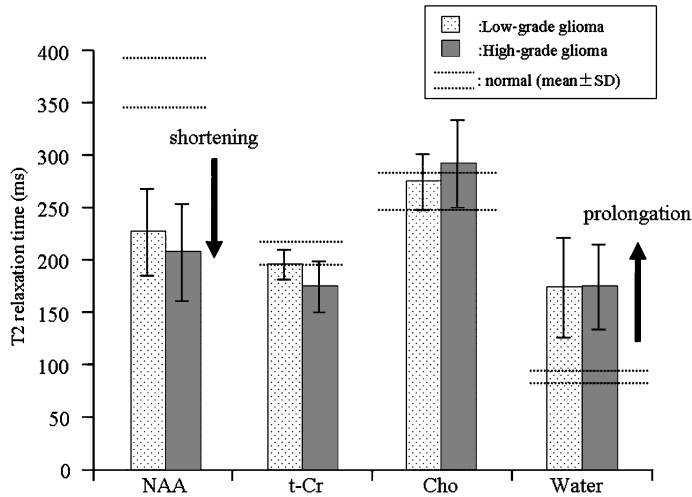


Fig. 6. T₂ relaxation time of metabolites and tissue water in normal white matter, low and high grade glioma
 T₂ relaxation time differs not only between normal white matter and glioma, but also between low and high grade glioma in every metabolite. T₂ relaxation time of the tissue water of low and high grade glioma is longer than normal. Moreover, T₂ relaxation time of the NAA of low and high grade glioma is significantly shorter than normal.

ため、NAA/t-Cr の値を正常と疾患で比較するとき（ここでは、t-Cr は濃度も T₂ 緩和時間も変化していないと仮定）、示される値は NAA の濃度変化だけをとらえているのではなく、その中に T₂ 緩和時間の変化を含んでいることも念頭に入れて評価する必要がある。なお、健常ボランティアの頭頂後頭葉白質の T₁ 緩和時間は、NAA : 1433.5 ± 102.5 ms, t-Cr : 1471.6 ± 106.9 ms, Cho : 1450.9 ± 129.8 ms, water : 1134.6 ± 57.9 ms であった。Glioma 症例では検査時間の制約から T₁ 緩和時間の測定を行っていない。

定 量 化

定量化においても組織水や代謝物の緩和時間をいかに処理するかは重要な問題である。理想的には、TR = ∞, TE = 0 ms でデータを取得 (Fig. 7) すれば、全く緩和の影響のない、¹H

原子核の密度を反映した信号強度のスペクトルになる。しかし、臨床で許容される時間内で、TR = ∞での測定は困難であり、TE = 0 ms でデータを取得することは物理的に不可能である。しかし、TR = ∞, TE = 0 ms での測定とはいかないまでも、TR = 7000 ms, TE = 20 ms 程度の long TR・short TE でデータ取得することにより、緩和の影響を可能な限り抑えたスペクトルを得ることができる。

TE に関しては、TE が 20 ms であれば TE = 0 ms の 90% の信号強度を得られることになり、これ以下の TE であれば T₂ 緩和の影響はほとんど無視できる³⁾。このような short TE での測定は T₂ 緩和の影響の少ない高信号が得られるため、より小さな関心領域の設定、データ加算のある程度の省略が可能となるなどの利点がある。さらに、T₂ 緩和時間が短い代謝物のピークもとらえられるため、より詳細な代謝診断が可能となる。しかし、short TE での測

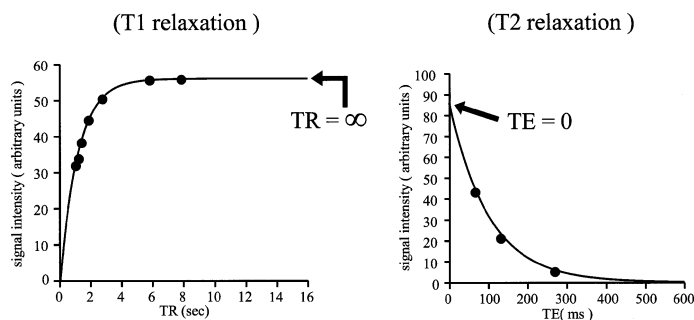


Fig. 7. Relation between signal intensity and data acquisition conditions. The signal intensity under different T₁ and T₂ relaxation is shown. If data is acquired with TR=∞ and TE=0, signal intensity directly reflects proton density without influence of relaxation.

定は、ピーク間のオーバーラップ、渦電流の影響および T₂緩和時間の短い macromolecule によるスペクトルのベースラインのゆがみが生じ、代謝物ピークの解析を困難にする。我々は、TE 72 ms, 144 ms, 288 ms の3点のスペクトルデータを取得している。この条件では、上記の悪影響を排除しつつ、T₂緩和時間や TE=0 ms のときの信号強度を求めることができる。放射線治療効果の判定や脳腫瘍の悪性度診断において、necrosis を反映する lipids (Lip) の確認を必要とする場合もあるが、TE 72 ms 程度でも T₂緩和時間が短い Lip の信号をとることが可能である。また、上記3点の TE によりデータを取得することは、lactate (Lac) と Lip の判別という点からも有効であると考えられる。Lac と Lip はピークが 1.33 ppm 付近でオーバーラップするため⁴⁾、その判別に苦慮する場合があるが、3点の TE によりデータを取得することで、Lac と Lip の緩和時間の差から両者を分離できる。Fig. 8 に我々の経験に基づいた、疾患における TE による 1.33 ppm 付近のピークの位相変化パターンを示した。(a) のように、TE 144 ms の条件において2峰性で完全に下向きのピークになったときには、TE 288 ms では2峰性で完全に上向きのピークになり、Lip は存在しない場合が多い。悪性

度の低い glioma では Lip が存在しないことが多く、このパターンを示す⁵⁾。我々は epidermoid の症例⁶⁾でもこのパターンを経験している。(b) のように、TE 144 ms の条件においてバイポーラ型のピークになった場合には、TE 288 ms において2峰性で完全に上向きのピークになる例 (b-1) と全くピークが現れない例 (b-2) に分けられる。これらに対して TE 72 ms でデータを取得すると、(b-1) では Lip が小さく、(b-2) では Lip が大きい場合が多い。また、(c) のように、TE 144 ms, 288 ms とともにピークが確認できない場合でも TE 72 ms で大きなピークを認める場合がある。これは、Lac が存在せず、Lip のみが存在する場合であり、我々は hemangioblastoma 症例⁷⁾と放射線壊死の症例⁸⁾でこのパターンを経験している。以上のように TE を変化させてスペクトルを得ることは、1.33 ppm 付近のピークを解析するためには有用である。さらに、異なった TE のデータから代謝物の T₂緩和時間が得られ、病態における T₂緩和時間の変化をとらえることも可能となるため、臨床的意義も大きいと考える。

T₁緩和時間であるが、我々が測定対象としている脳内代謝物においては 1500 ms 程度である⁵⁾。その4~5倍の時間で T₁緩和がほぼ完了することを考慮すると TR が 7000 ms 以上

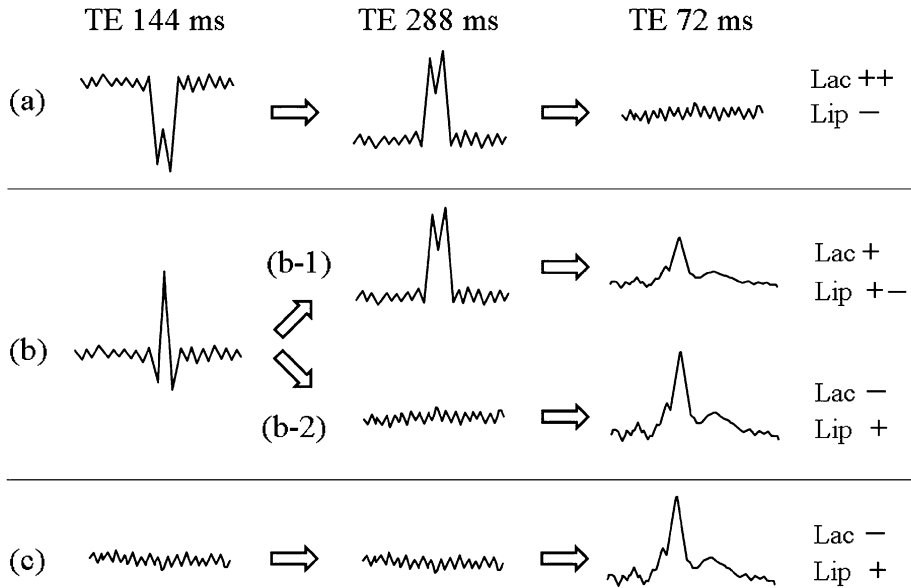


Fig. 8. Peak phase change around 1.33 ppm with different TE
Phase change patterns of the peak around 1.33 ppm under different TE based on our experience.
A phase change pattern depends on a disease.

であれば T_1 緩和の影響を無視できると考える。しかし、TR 7000 ms 以上の測定は時間を要する。検査時間を考慮すると、長くても 2000 ms 程度の TR が適当であると考えている。

我々は、PRESS シーケンス、TR 2000 ms 固定で、TE を 72 ms, 144 ms, 288 ms と変化させ、得られたスペクトルデータから、内部標準法^{5),9)}を用いて Eq. II により定量を行っている。

$$C_{\text{metabolite}} = C_{\text{water}} \times \left(\frac{2}{n}\right) \times \left(\frac{S_{\text{metabolite}}}{S_{\text{water}}}\right) \dots \text{Eq. II}$$

$C_{\text{metabolite}}$ は代謝物の濃度 (mmol/kg wet weight) である。 C_{water} は組織水の濃度であり、35 mol/kg wet weight としている^{10),11)}。 $S_{\text{metabolite}}$ は測定した代謝物の信号強度であり、 S_{water} は測定した組織水の信号強度である。 n は各代謝物の信号に寄与する ^1H 原子核の数である。NAA (2.02 ppm) と t-Cr (3.02 ppm) の信号に寄与

するのは $-\text{CH}_3$ の三つの ^1H 原子核であり、Cho (3.22 ppm) の信号に寄与するのは $-\text{N}(-\text{CH}_3)_3$ の 9 個の ^1H 原子核である。また、水は H_2O の 2 個の ^1H 原子核が信号に寄与しているため、Eq. II に 2 という係数が入っている。なお、信号強度は、TE 72 ms, 144 ms, 288 ms のデータから Eq. I で T_2 緩和時間を求めて T_2 緩和補正を行っている。 T_1 緩和は測定に多くの時間を要するため、補正していない。Fig. 9 に TR 2000 ms が定量値にどの程度影響を及ぼすかを検討した結果を示す。これは、緩和時間がどの程度定量値に影響するか、normal volunteer の Cho のデータを用いて、定量式 (Eq. II) により計算シミュレーションした結果である。 T_1 緩和および T_2 緩和の両方の補正を行った定量値 (真値) は 2.0 mM であるが、TR 2000 ms, TE 144 ms の条件でデータを取得して全く緩和の補正を行わない場合には 4.9 mM であった。 T_1 緩和補正のみでは 5.1 mM であった。よって、 T_1 緩和補正が定量値に与え

る影響は極めて小さいと考える。T₂緩和補正のみ行った場合は1.8 mM となり、真値に大きく近づいた。このことは、T₂緩和の影響が極めて大きいことを示している。

現在、汎用性ある proton MRS の処理ソフトとして LCMoDel¹²⁾ が多くの施設で使用されている。しかし、LCMoDel により疾患を解析

した場合には結果の解釈に注意が必要である。すなわち、LCMoDel では、コイルの90度パルスのゲインから信号強度が較正されているだけであり、緩和時間の影響を補正しているわけではない。極端に言えば、代謝物や組織水は、正常組織の緩和時間でふるまうと仮定されているのである。

代謝物の濃度を求める場合の問題点や労力を考えると、ルーチン検査の一環として臨床診断を行う場合には信号強度比(ピーク面積比)を利用し、代謝物濃度などの定量値は参考程度に留めておくほうが良策かもしれない。しかし、いずれにしろ、信号の解釈には緩和時間の影響を十分に考慮する必要がある。

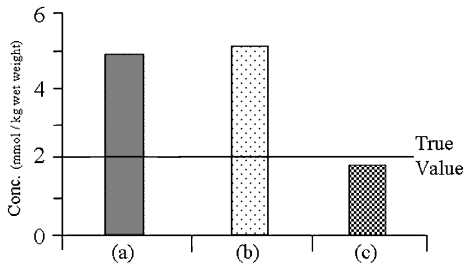


Fig. 9. Simulation of quantification
Quantification value of Cho with or without relaxation compensation using Eq. II. Quantification without relaxation correction (a), with T₁ relaxation compensation (b), with T₂ relaxation compensation (c). The quantification value with both T₁ and T₂ relaxation compensation is true value.

MRS を追加すべき病態や疾患 (定量化の意義)

我々は、proton MRS が MRI への追加情報として臨床診断に役立つ情報をもたらすと考えている。脳領域の MRI 検査に対する proton MRS の追加情報としての役割を「Grade I : 必須, Grade II : 有効, Grade III : 補助的」の三つに分類し Table 2 にまとめた。この中

Table 2. Degree of Requirement of Proton MRS (Table is modified from reference 13)

Grade 1 necessary	<ul style="list-style-type: none"> • Brain abscess (differentiation of ring enhancing lesion) • Differentiation between radiation necrosis and tumor recurrence • Evaluation for efficacy of radiation and/or chemotherapy • Grading of glioma • Hyperlactatemia (MELAS, Leigh encephalomyelopathy) • Other differentiation between tumors and cerebrovasucular disease, degenerative disease and encephalitis
Grade 2 useful	<ul style="list-style-type: none"> • Differential diagnosis for complex tumors (central neurocytoma, malignant lymphoma, etc.) • Differentiation between intra-and extra-axial tumor • Grading of meningioma (atypical/anaplastic) or differentiation from hemangiopericytoma • Evaluation for extent of invasion in patient with primary brain tumor • Evaluation for disease activity in patient with multiple sclerosis
Grade 3 supplementary	<ul style="list-style-type: none"> • Psychiatric disorder such as schizophrenia • Neuropediatric disease such as autism and hyperactivity disorder • Evaluation of severity or disease activity for encephalitis or encephalopathy • Possibly useful for autopsy imaging

で、定量の有効性が高いのは、放射線壊死と再発の鑑別、治療効果判定、glioma の grading である。放射線壊死の多くは Cho をはじめほとんどすべての代謝物が低下するが、再発では Cho が上昇することが知られている^{14),15)}。一方で、放射線壊死の反応が強い一時期には Cho が上昇するとの報告もあり^{16),17)}、今後の研究が待たれる。放射線治療効果の判定にも Cho の定量が有用であると考えている。我々は、画像上の変化が出現する前に proton MRS において Cho 濃度の変化をとらえることに成功し、その臨床的有用性に関して過去に報告した⁸⁾。さらに、glioma の grading においては、t-Cr が指標になるのではないかと過去に報告している⁵⁾。

最 後 に

日常のルーチン検査で使用しているような特定の条件（例えば、TR 2000 ms, TE 144 ms）で取得したスペクトルでは、真の信号強度が得られているわけではない。代謝物の濃度以外に T_1 緩和と T_2 緩和の影響を受けている。仮に代謝物濃度が大きく変化するような場合があるとすれば、 T_1 緩和と T_2 緩和の影響はほとんど無視できるかもしれない。しかし、通常、代謝物の信号変化はわずかであるため、相対評価、定量評価にかかわらず、信号強度が代謝物の濃度を反映しているのか緩和時間の変化を反映しているのかを常に考えながらデータを解釈する必要がある。

本稿では脳の proton MRS について、緩和時間および定量化を keyword にして解説した。本稿が MRS に興味をもつ臨床家の先生方のお役に立てば幸いである。

謝 辞

本研究を行うにあたり、医学物理的な観点から MRS 測定および解析にご助言いただいた筑

波大学大学院人間総合科学研究科、榮 武二博士および熊田博明博士に深謝いたします。本研究の一部は、文部科学省科学研究費若手研究 (No. 21890028) に依った。

文 献

- 1) Bottomley PA : Selective volume method for performing localized NMR spectroscopy. US patent 4480228 : 1984
- 2) Frahm J, Bruhn H, Gyngell ML, Merboldt KD, Hänicke W, Sauter R : Localized high-resolution proton NMR spectroscopy using stimulated echoes : initial applications to human brain *in vivo*. Magn Reson Med 1989 ; 9 : 79-93
- 3) 磯辺智範, 松村 明, 阿武 泉, 吉澤 卓, 長友 康, 板井悠二, 能勢忠男 : Proton MR spectroscopy による脳内代謝物の定量化 : 緩和時間補正を用いた内部標準法. INNERVISION 1998 ; 13 : 115-120
- 4) Isobe T, Matsumura A, Anno I, Kawamura H, Muraishi H, Umeda T, Nose T : Effect of J coupling and T_2 relaxation in assessing of methyl lactate signal using PRESS sequence MR spectroscopy. Jpn J Med Phys 2005 ; 25 : 68-74
- 5) Isobe T, Matsumura A, Anno I, Yoshizawa T, Nagatomo Y, Itai Y, Nose T : Quantification of cerebral metabolites in glioma patients with proton MR spectroscopy using T_2 relaxation time correction. Magn Reson Imaging 2002 ; 20 : 343-349
- 6) Isobe T, Matsumura A, Anno I, Yoshizawa T, Itai Y, Nose T : Proton MRS in a case of intracerebellar epidermoid. BRAIN and MERVE 2002 ; 54 : 163-166
- 7) Isobe T, Yamamoto T, Akutsu H, Anno I, Shiigai M, Zaboronok A, Masumoto T, Takano S, Matsumura A : Proton magnetic resonance spectroscopy findings of hemangioblastoma. Jpn J Radiol 2010 ; 28 : 318-321
- 8) Isobe T, Matsumura A, Anno I, Nagatomo Y, Yoshizawa T, Itai Y, Nose T : Changes in ^1H MRS in glioma patients before and after irradiation : the significance of quantitative analysis of choline-containing compounds. No Shinkei

- Geka 2003 ; 31 : 167-172
- 9) Frahm J, Bruhn H, Gyngell ML, Merboldt K-D, Hancic W, Sauter R : Localized proton NMR spectroscopy in different regions of the human brain *in vivo* : relaxation times and concentrations of cerebral metabolites. Magn Reson Med 1989 ; 11 : 47-63
 - 10) Ernst T, Kreis R, Ross B : Absolute quantitation of water and metabolites in the human brain. I : compartments and water. J Magn Reson 1993 ; B102 : 1-8
 - 11) Christiansen P, Toft PB, Gideon P, Danielsen ER, Ring P, Henriksen O : MR-visible water content in human brain : a proton MRS study. Magn Reson Imaging 1994 ; 12 : 1237-1244
 - 12) Provencher SW : Estimation of metabolite concentration from localized *in vivo* proton NMR spectra. Magn Reson Med 1993 ; 30 : 672-679
 - 13) 原田雅史 : 頭部 3 T MRI における MRS. 画像診断 2008 ; 28 : 1045-1051
 - 14) Ott D, Hennig J, Ernst T : Human brain tumors : assessment with *in vivo* proton MR spectroscopy. Radiology 1993 ; 186 : 745-752
 - 15) Zeng QS, Li CF, Zhang K, Liu H, Kang XS, Zhen JH : Multivoxel 3D proton MR spectroscopy in the distinction of recurrent glioma from radiation injury. J Neurooncol 2007 ; 84 : 63-69
 - 16) Szigety SK, Allen PS, Huyser-Wierenga D, Urtasun RC : The effect of radiation on normal human CNS as detected by NMR spectroscopy. Int J Radiat Oncol Biol Phys 1993 ; 25 : 695-701
 - 17) Nakajima T, Kumabe T, Kanamori M, Saito R, Tashiro M, Watanabe M, Tominaga T : Differential diagnosis between radiation necrosis and glioma progression using sequential proton magnetic resonance spectroscopy and methionine positron emission tomography. Neurol Med Chir (Tokyo) 2009 ; 49 : 394-401

Change of Relaxation Time and Quantification of Brain Metabolites in Proton MR Spectroscopy

Tomonori ISOBE¹, Hiroyoshi AKUTSU¹, Masanari SHIGAI¹,
Tomohiko MASUMOTO¹, Kiichi TADANO¹, Yuji HIRANO²,
Eisuke SATO¹, Tetsuya YAMAMOTO¹, Izumi ANNO³,
Akira MATSUMURA¹

¹*Graduate School of Comprehensive Human Sciences, University of Tsukuba
1-1-1 Tennodai, Tsukuba, Ibaraki 305-8575*

²*Department of Radiology, Tsukuba University Hospital*

³*Department of Radiological Sciences, Ibaraki Prefectural University of Health Sciences*

Proton magnetic resonance spectroscopy (MRS) is useful in clinical practice because it enables noninvasive analysis of biochemical information in normal and pathological conditions of the human body. However, difficulty in interpretation and clinical application of obtained spectrum have limited its use for clinical examination.

We consider relaxation time and metabolite quantification as key factors in interpreting the spectrum and discuss about these 2 factors using our and reported data.

Because signal intensity is influenced by T_1 and T_2 relaxation in addition to metabolite concentration, the spectrum obtained in specific conditions does not show true signal intensity. If metabolite concentration would change dramatically, the influence of T_1 and T_2 relaxation could be disregarded, but generally, metabolite concentration changes slightly. Therefore, care must always be taken with regard to change in relaxation time for correct evaluation of metabolite concentration in both semi-quantification and quantification studies. We believe that proton MRS is useful in clinical practice and able to be added to routine diagnostic imaging if clinicians know correct methods of interpretation.