

MRI シミュレータに対応した数理ファントムの生成手法の検討 [大会長賞記録]

玉田大輝¹, 巨瀬亮一², 本杉宇太郎¹, 巨瀬勝美³

¹山梨大学医学部放射線医学講座 ²株式会社エム・アール・テクノロジー

³筑波大学数理物質系物理工学域

はじめに

MRI 撮像手法の複雑化を背景に, MRI シミュレーションの重要性は増している. MRI シミュレーションを使用する利点としては, 実撮像に要求される時間的・人的コストの削減に加え, 撮像や再構成の定量的な評価が容易である点を挙げることができる. MRI シミュレーションは, MRI シミュレータと数値ファントムで構成されている. 前者の MRI シミュレータは, GPGPU に代表される計算パワーの急速な発展によって実用化に近づいている¹⁾. その一方で, 数値ファントムに関しては, 十分議論されていない.

これまで, 多くのファントムが提案されてきた. Shepp と Logan は, 複数の楕円形から構成される脳の構造を模した CT 用数値ファントムを提案した²⁾. このファントムは Shepp-Logan ファントムと呼ばれ, 現在でも広く用いられている. その後, Smith らによって, プロトン密度, T_1 値および T_2 の要素が加えられた Shepp-Logan ファントムが提案された³⁾. Shepp-Logan ファントムは, 取扱が容易であるという利点がある一方で, 構造が単純すぎるため, 複雑な解析には不向きという問題が存在する. Collins らは, より脳の構造を正確に表現するために, ボランティア脳の MRI 画像を用いた数値ファントムを提案した⁴⁾. このファントムは, 脳 T_1 強調画像の信号輝度に基づき, K 近傍法を用いて灰白質, 白質, 脳脊髄液および脂肪の 4 種類の組織に分類することで, 複雑かつ実用的な数値ファントムを実現し

た. しかしながら, 実際の脳組織は, より複雑な組織構造が存在し, 4 種類の組織分類ですべてを表現することは困難である. また, 組織の構成が未知な場合は, この手法を用いることができない.

本研究の目的は, 高精度の数値ファントムを実現するために, MRI 脳画像の自動組織分類を達成することである. 自動組織分類は, 主成分分析を用いて収集した信号展開を低次元空間に縮退することで実現した. 本成果は, 構造が数式によって定義された数理ファントムの実現に寄与する.

理論

本手法においては, 観測信号と主成分分析を用いて, 代表的な脳組織の抽出とプロトン密度分布の推定を行う. 組織の T_1/T_2 が反映された信号のベクトル $S_i^{T_1}$ および $S_i^{T_2}$ から成る観測信号 y は, 以下の式の通り, 異なる T_1/T_2 値を用いた複数の組織 i ($i=1,2,\dots,m$) からの信号展開 S_i の線形結合で表現できると仮定する.

$$|y\rangle = \sum_i^m \alpha |S_i\rangle, \quad |S_i\rangle = \begin{bmatrix} |S_i^{T_1}\rangle \\ |S_i^{T_2}\rangle \end{bmatrix} \dots\dots\dots(1)$$

ここで, α は線形結合係数であり, プロトン密度を表す.

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \alpha_{11} & \cdots & \alpha_{1m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \alpha_{n1} & \cdots & \alpha_{nm} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} |S_1\rangle \\ \vdots \\ |S_m\rangle \end{bmatrix} \dots\dots\dots(2)$$

キーワード numerical phantom, principal component analysis, Bloch simulator

このシステム行列の主成分分析を行うために、共分散行列の固有値分解を行った。共分散行列は、以下の式で表すことができる。

$$\Sigma = \frac{\begin{bmatrix} \alpha_{11} & \cdots & \alpha_{1m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \alpha_{n1} & \cdots & \alpha_{nm} \end{bmatrix}^T \begin{bmatrix} \alpha_{11} & \cdots & \alpha_{1m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \alpha_{n1} & \cdots & \alpha_{nm} \end{bmatrix}}{(n-1)} \dots\dots\dots (3)$$

次に、この行列を以下の式のとおり固有値分解する。

$$\Sigma = VLVT \dots\dots\dots (4)$$

このときのVとLは、それぞれ以下のような固有ベクトルとそれに対応する固有値行列を表す。

$$V = [|v_1\rangle \cdots |v_m\rangle]$$

$$L = \begin{bmatrix} \lambda_1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & \lambda_m \end{bmatrix} \dots\dots\dots (5)$$

システム行列は寄与率の高い少数の基底のみを用いて近似することができる。寄与率の高い上位k個の固有ベクトルを用いたときの新しい固有ベクトル行列および固有値行列を、それぞれV', L'とすると、低次近似されたシステム関数Aは以下の式で表すことができる。

$$A = \begin{bmatrix} \alpha_{11} & \cdots & \alpha_{1m} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \alpha_{n1} & \cdots & \alpha_{nm} \end{bmatrix} V'$$

$$= \begin{bmatrix} \alpha'_{11} & \cdots & \alpha'_{1k} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \alpha'_{n1} & \cdots & \alpha'_{nk} \end{bmatrix}$$

$$= [| \alpha'_i \rangle \cdots | \alpha'_k \rangle] \dots\dots\dots (6)$$

ここで、α'は新しい固有ベクトルの線形結合係数である。このときの固有ベクトル行列は、新たに分類された各組織の信号展開を表している。つまり、式(6)のベクトル|α'_i>は、分類された組織iにおける、各ボクセルのプロトン密度分布を表すことがわかる。

方 法

本研究においては、健常人の脳MRIデータを用いて数値ファントムを作成した。T₁/T₂を反映した観測信号を得るために、IR-FSE法 (TR/TE = 4100/12 ms, Matrix = 256 × 256, FOV = (22 cm)², Slice thickness = 5 mm, TI = 4000, 2000, 1000, 500, 200, 100 ms) および Multi-echo FSE法 (TR/TE/ΔTE = 1500/7.6/7.7 ms, 16 echoes, Matrix = 256 × 256, FOV = (22 cm)², Slice thickness = 5 mm) を用いた。画像の数は、合計 22 セットであった。式(1)中の信号展開ベクトルSは、スピネコーの信号式を用いて計算した。組織のT₁およびT₂は、それぞれ 100~3000 ms および 10~2000 ms の範囲で、全 207 種類を考慮した。また、各ボクセルの線形結合係数αは、制約付きの最小二乗法を用いて計算した。このときの条件は以下のとおりである。

$$\min_{\alpha} \| [|S_1\rangle \cdots |S_m\rangle] \alpha - |y_i\rangle \|_2^2$$

制約条件: |α> ≥ 0 (7)

すべてのボクセルのαを算出した後に、主成分分析を用いて、式(6)のとおり信号展開ベクトルを直交変換した。固有ベクトルの数を、寄与率の高い上位10個の主成分に縮退した。縮退した後の各成分のT₁/T₂値は、各固有値ベクトルの信号展開に対して、スピネコーの信号式をフィッティングすることで求めた。分類された組織ごとに、プロトン密度、T₁およびT₂値のマップを生成した。

作成したファントムの妥当性を検証するため、シミュレーションによるコントラスト画像の生成を行った。シミュレーション実験では、Bloch Solver¹⁾を用いて、T₁強調画像(SEシーケンス: TR/TE = 2357/8.2 ms, TI = 860 ms, FOV = (22 cm)², Matrix = 256 × 256) と T₂強調画像 (SEシーケンス: TR/TE = 3000/99 ms, FOV = (22 cm)², Matrix = 256 × 256) の二種類を生成した。また、コントラストの正しさを検証するため、同一ボランティアのT₁強調 (TR/TE = 2357/8.2 ms, TI = 860 ms,

FOV = (22 cm)², Matrix = 256 × 256, ETL = 7) および T₂ 強調画像 (TR/TE = 3000/99 ms, FOV = (22 cm)², Matrix = 256 × 256, ETL = 15) を撮像した. 得られたそれぞれの画像のコントラスト比 (CR: 白質/灰白質) を比較した.

結果・考察

Fig. 1 は, 提案手法を用いて, 分類された 10 の主成分 (各組織のプロトン密度分布) である. Fig. 1(b) および (d) の T₁/T₂ 値は, それぞれ白質および灰白質の文献値と近いことを確

認した. さらに, Fig. 1(g) は, 脳脊髄液に相当する成分と考えられる. 脳脊髄液の T₁/T₂ 値の文献値と比較すると, T₁ および T₂ どちらも小さいが, これは脳脊髄液の拡散による影響が原因の一つと考えられる. また, 部分的にプロトン密度が不均一になっている領域が存在するが, これは B₁ 分布と受信感度の不均一性によるものと考えられる. Fig. 2(a) と (b) は, それぞれシミュレーション (CR = 1.58) および撮像実験 (CR = 1.36) で得られた T₁ 強調画像である. 同様に Fig. 2(c) と (d) は, それぞれシミュレーション (CR = 0.67) および撮像実験 (CR = 0.70) で得られた T₂ 強調画像である.

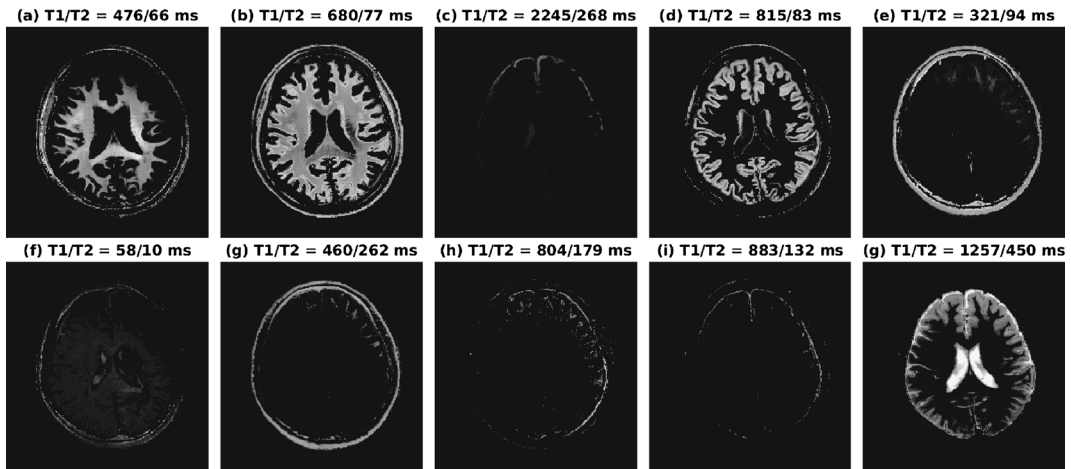


Fig. 1. The approximate decomposition results obtained using the proposed method. (a)–(g) The proton density of the 1st–10th principal component. WM-, GM-, and CSF-like components are observed in (b), (d), and (g), respectively. WM, white matter; GM, gray matter; CSF, cerebrospinal fluid.

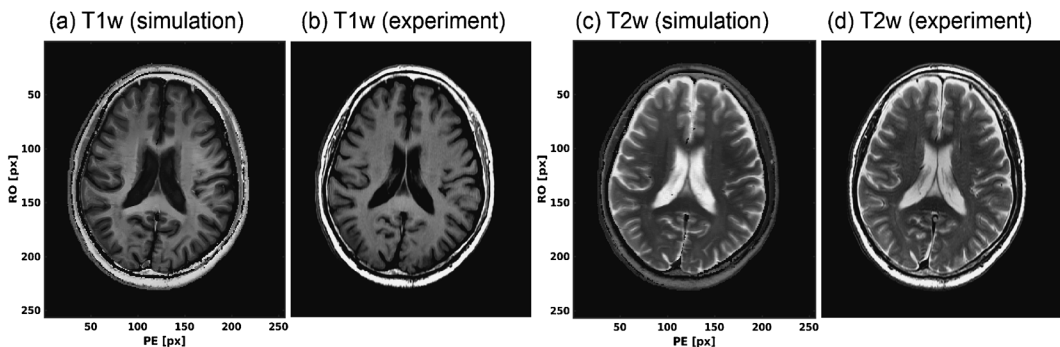


Fig. 2. T₁- and T₂-weighted MR images obtained by the simulation and experiments. IR-FSE (TR/TE = 2357/8.2 ms, TI = 860 ms, FOV = (22 cm)², matrix = 256 × 256) and FSE (SE sequence: TR/TE = 3000/99 ms, FOV = (22 cm)², matrix = 256 × 256) sequences were used for T₁- and T₂-weighted imaging, respectively.

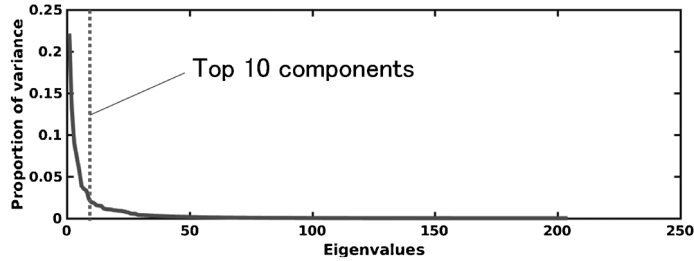


Fig. 3. The principal component variances. The first ten components explained 73% of the signal variation.

コントラスト比は、概ね一致するが、撮像実験で得た T_2 強調画像においては FSE による脂肪輝度の強調を確認した。Fig. 3 は、主成分分析によって導出した各固有ベクトルの寄与率である。上位 10 成分に約 73% の情報が集まっていることがわかった。

さらなる実用性向上のためには、 T_1/T_2 値以外にも様々な要素を加える必要がある。複数の研究グループが、MRI 信号解析のために、特殊なパラメータを加えた数値ファントムを開発している。Wissmann らは、心臓 Perfusion MRI のために、単純なコントラストの数値ファントムに対して、造影剤による T_1 短縮効果の時間変化の要素を加えた 4D 数値ファントムを開発した⁵⁾。さらに同研究グループは、心臓と呼吸による動きを加えたファントムを提案した⁶⁾。また、Guerquin-Kern らは、従来の rasterized 数値ファントムではなく、構造が等高線によって表現された解析的ファントムを提案した⁷⁾。これによって、任意の分解能を表現することが可能になっている。

結 論

本研究では、主成分分析を用いた組織自動分類手法を開発した。分類結果の T_1/T_2 値および撮像実験との比較によって、提案手法の妥当性を確認した。今後は、 B_1 ・受信感度の不均一性による分類エラーの改善や、分類数の最適化を行う。また、Diffusion や磁化率、MT 効果等の要素を組み入れ、より複雑なコントラ

スの再現を行う。最終的な目標として、構造や T_1 、 T_2 等の物理的特性の情報が数式として定義された数値ファントムの実現を目指す。

文 献

- 1) Kose R, Kose K : BlochSolver : a GPU-optimized fast 3D MRI simulator for experimentally compatible pulse sequences. J Magn Reson 2017 ; 281 : 51-65
- 2) Shepp LA, Logan BF : The Fourier reconstruction of a head section. IEEE Trans Nucl Sci 1974 ; 21 : 21-43
- 3) Smith MR, Chen L, Hui Y, Mathews T, Yang J, Zeng X : Alternatives to the use of the DFT in MRI and spectroscopic reconstructions. Int J Imag Syst Tech 1997 ; 8 : 558-564
- 4) Collins DL, Zijdenbos AP, Kollokian V, Sled JG, Kabani NJ, Holmes CJ, Evans AC : Design and construction of a realistic digital brain phantom. IEEE Trans Med Imag 1998 ; 17 : 463-468
- 5) Wissmann L, Schmidt JFM, Kozerke S : A Realistic 4D Numerical Phantom for Quantitative First-Pass Myocardial Perfusion MRI. Proc ISMRM 2013 ; 1322
- 6) Wissmann L, Santelli C, Segars WP, Kozerke S : MRXCAT : realistic numerical phantoms for cardiovascular magnetic resonance. J Card Magn Reson 2014 ; 16 : 63
- 7) Guerquin-Kern M, Lejeune L, Pruessmann KP, Unser M : Realistic analytical phantoms for parallel magnetic resonance imaging. IEEE Trans Med Imag 2012 ; 31 : 626-636

Development of Mathematical Phantom for MRI Simulators
[Presidential Award Proceedings]

Daiki TAMADA¹, Ryoichi KOSE², Utaroh MOTOSUGI¹,
Katsumi KOSE³

¹*Department of Radiology, University of Yamanashi*
1110 Shimokato, Chuo, Yamanashi 409-3898

²*MRTechnology Inc*

³*Institute of Applied Physics, University of Tsukuba*

Realistic numerical phantoms are required for accurate and appropriate MRI simulations. However, structure models used in conventional numerical phantoms are insufficient due to the limited number of components used for simulation. This study proposed an automated technique for the decomposition of brain structures for development of a numerical phantom with an arbitrary number of components. The acquired MRI scans of a volunteer's brain were decomposed into 207 components using a constrained linear least-squares method. Those components were approximated to 10 components using principal component analysis. The simulation and experimental studies demonstrated the usefulness of our method. The proposed approach will contribute to the development of a mathematical phantom, a numerical phantom defined with mathematical modeling.