

3.0T 1H MR Spectroscopy를 위한 기존 STEAM 펄스시퀀스의 최적화**백현만^{1,2} · 정성택¹ · 현정호¹ · 류완석¹ · 류택현¹ · 최환준¹ · 김시승¹ · 최보영²**¹메디너스(주), ²가톨릭의과대학 의공학교실

목적 : Phase cycling과 fat suppression을 기존 STEAM 펄스시퀀스에 추가 및 최적화 함으로써 3.0T 1H MRS 스펙트럼의 quality를 향상시키는 데 그 목적이 있다.

대상 및 방법 : 가톨릭의대에 설치된 3.0T MRI를 이용하여 STEAM 펄스시퀀스를 최적화 하였다. 우선 CHESSE 펄스시퀀스를 이용하여 물 신호를 억제하고, 대사물질의 신호에 영향을 주는 Fat 신호를 제거하도록 펄스시퀀스 최적화를 시험하였다. 또한 Phase cycling을 이용하여 Noise 신호를 제거하였다. 스펙트럼을 분석하기 위하여 본 사에서 개발한 MaqSpec 프로그램을 이용하였고, Post-processing을 한 후 펄스시퀀스 변경 전후의 MRS 스펙트럼을 비교하였다.

결과 : Phase cycling과 Fat suppression을 추가한 STEAM 펄스시퀀스를 이용하여 *In-vivo phantom* 및 Human test를 한 결과 대사물질의 정량분석을 위해 아주 향상된 3.0T 1H MR Spectroscopy 스펙트럼을 획득하였다.

결론 : 3.0T 1H MR Spectroscopy를 위해 최적화된 STEAM 펄스시퀀스는 향후 CMC에서 임상학적으로도 유용하게 쓰일 수 있으리라 사료되며, 더불어서 현재 1.5T 1H MR Spectroscopy를 위해 사용되고 있는 기존 STEAM 펄스시퀀스에도 적용할 예정이다.