

재구성 연산 방식에 따른 흉부의 정상 조직과 종괴의 CT 밀도 측정

— CT Densitometry of Normal Tissue and Mass of Lung according to Reconstruction Algorithm —

원광보건대학 방사선과

윤 한 식

— 국문요약 —

흉부 종괴와 정상 조직의 CT밀도에 대해 재구성 연산방식에 따른 영향을 평가하기 위해 흉부 종괴가 있는 50명의 환자를 대상으로 연구를 시행하였다.

CT영상은 연부, 표준, 골 그리고 선예의 4가지 재구성 연산법을 사용하여 평가하였다.

그 결과, 관심영역에 대한 폐종괴 밀도의 최대 차이는 평균 1HU 미만으로 나타났다.

또한 폐종괴의 조영증강의 최대 차이는 ROI 0.5, 3, 6 cm²에서 각각 0.1~3.2, 0.1~2.8, 0.0~2.1 HU로 나타났다.

흉부의 정상 조직에서 평균 밀도는 골 연산법에서 가장 높았으나, 4가지 재구성 연산법에 따라 의미 있는 차이는 없었다(P = 1.00).

I. 서 론

전산화단층촬영술에서 CT번호(Hounsfield Unit ; HU)는 신체조직의 상대적 X선 감약계수로서 인체 조직의 구성 성분에 대한 정보를 제공한다¹⁾. CT번호는 조직의 절대적 감약계수가 아니라 물을 기준으로 설정하였을 때 각 조직의 상대적인 감약율을 계수형 수치로 나타낸 것으로, 이에 영향을 미치는 요인으로는 사용기기, kVp,

mA, 단편두께, 잡음(noise) 등이 있으며 재구성 연산 방식(reconstruction algorithm)도 중요한 요소로 작용한다^{2,3)}.

흉부에서도 CT번호를 측정하여 폐결절의 석회화 유무를 알 수 있고 조영제를 사용한 조영증강은 악성과 양성 결절의 감별진단에 이용되고 있다. 또한 폐기종의 정량적 진단에 폐실질의 밀도 측정이 이용되고 있다^{4~10)}.

*이 논문은 2002학년도 원광보건대학 교내 연구비 지원에 의해 연구되었음.

흉부 전산화단층촬영에서는 폐실질을 관찰하기 위한 골 연산법(bone algorithm), 종격동을 위한 표준 연산법(standard algorithm) 등, 다양한 재구성 연산법이 사용되고 있다^{11,12)}. 1980년대에 폐조직의 석회화 여부를 판단하기 위하여 CT를 이용한 결절의 밀도 측정이 이루어졌다. 이 경우 결절내 CT번호의 분포를 분석하여 고밀도 영역의 유무를 판단하는데, 각 재구성 연산유형에 따라 CT번호의 분포에 차이가 있기 때문에 측정된 밀도의 비교가 불가능하다고 알려져 왔다^{13~15)}.

최근에는 결절의 조영증강 정도를 측정하기 위하여 CT를 이용한 밀도측정이 많이 사용되고 있으며, 고밀도 영역 보다 관심영역(region of interest)의 평균 밀도(mean density)가 주로 측정된다. 그러나 결절의 밀도 측정에서 관심영역의 평균 밀도가 다양한 재구성 연산방식에 따라 어느 정도 변화하는지는 잘 알려져 있지 않다.

또한 기술적인 진보에 따라서 최근에 제작된 전산화단층촬영 기기에서는 CT번호에 영향을 미치는 요인들의 영향이 무시될 정도로 감소되고 있다¹⁶⁾.

따라서 본 연구는 최신의 전산화단층촬영 기기를 사용하였을 때, 흉부의 정상 조직과 종괴에서 측정된 관심 영역의 평균 CT번호가 다양한 재구성 연산방식에 따라 어떻게 변화하는가를 알아보려고 하였다.

II. 연구 대상 및 방법

1. 연구 대상

2002년 3월부터 2002년 6월까지 흉부 전산화단층촬영술을 시행하고 흉부 종괴가 있는 50명의 환자를 대상으로

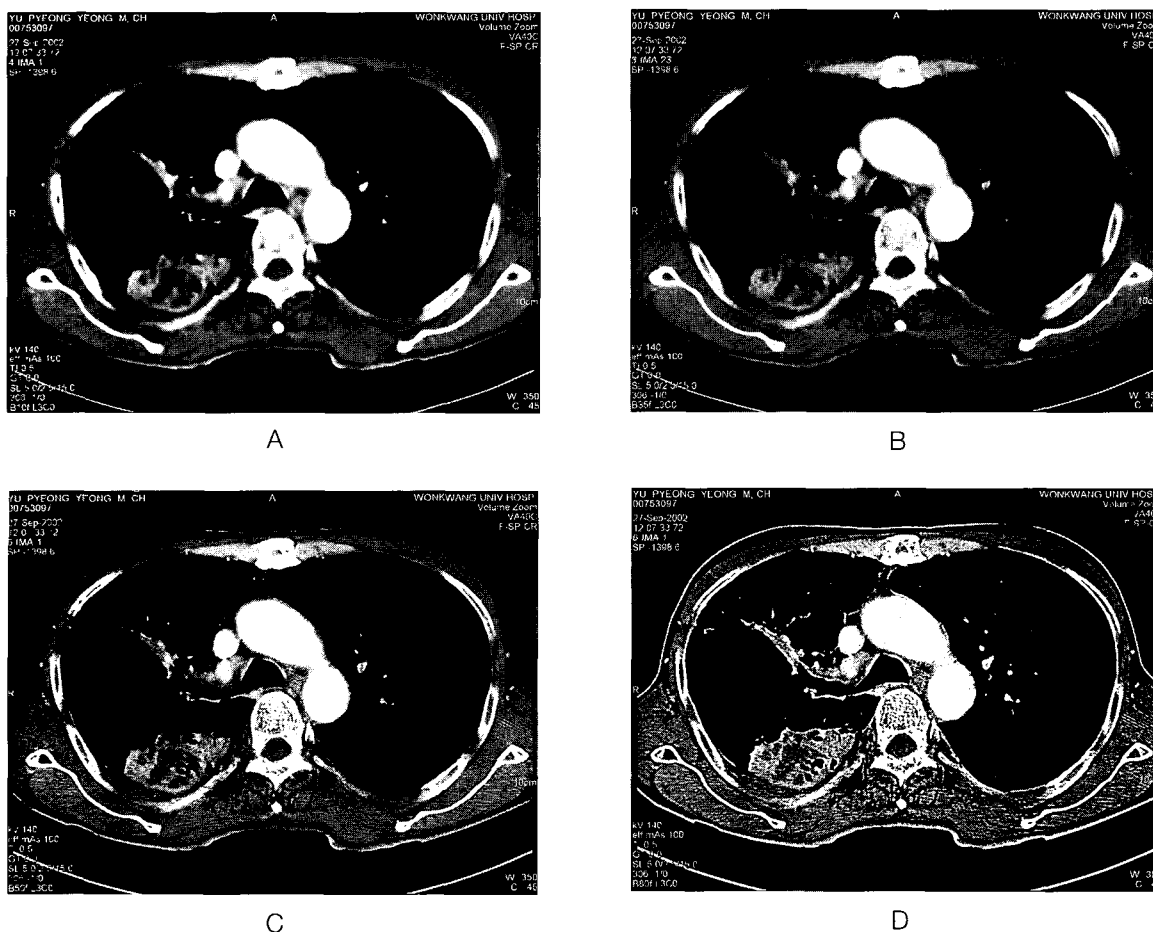


Fig. 1. Examples of CT images according to 4 different reconstruction algorithms in a 57 year-old woman with lung mass in right lower lobe. Reconstruction algorithms are used soft(A), standard(B), bone(C), and detail(D) algorithm.

로 연구를 시행하였다. 총 50예의 흉부 종괴는 원발성 폐암이 16예, 전이성 폐암이 4예, 폐 림프종 2예, 폐결핵 17예였으며 병리적 및 방사선학적 소견상 종양 또는 결핵으로 의심되었으나 조직학적으로 확진되지 않은 경우가 11예로 나타났다. 병변의 크기는 2.5 cm~8 cm로 분포되었으며 평균 3.8 cm이었다.

2. 연구 방법

전산화단층촬영 장치는 Somatom Volume Zoom(Siemens MD CT), 영상의 매개변수(parameter)는 140 kVp, 100 mAs, pitch 6으로 유지하여 흡기상태에서 스캔을 실시하였다.

병변이 있는 부위에서 5 mm의 일정한 단편두께로 조영전 스캔과 비이온성 저삼투압 요오드 조영제(Iomeron) 140 cc를 power injector로 1.5 ml/sec의 속도로 주입하고, 주입개시 30초 후에 폐첨부에서 폐기저부까지 조영 스캔을 시행하였으며 약 90초 후에 병변 부위에 대해 지연 조영증강 스캔을 실시하였다.

31.6 cm의 영상영역(field of view ; FOV)과 512×512의 행렬(matrix) 영상을 얻고 종격동을 보기 위한 window width와 window center를 각각 350HU, 40HU, 폐실질을 보기 위한 window width와 window center를 각각 1400HU, -850HU로 하였다.

조영증강 스캔은 종괴의 중앙에서 하나의 단면을 선택하여 연부(soft, 10f), 표준(standard, 35f), 골(bone, 50f), 선예(detail, 80f)의 4가지 영상 재구성법으로 모니터에서 직접 CT번호를 측정하였다(Fig. 1). 관심영역(region

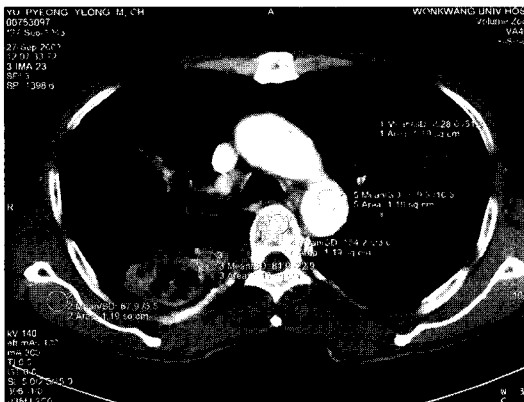


Fig. 2. Axia CT inage(ROI size = 1.19 cm²) in 57 year-old woman with lung mass in right lower lobe, ROI 1: normal lung, ROI 2: muscle, ROI 3: lung mass, ROI 4: bone, ROI 5: vessel

of interest ; ROI)의 크기는 0.5, 1.2, 3 cm²의 3가지로 각 영상의 동일한 위치에서 평균값과 표준편차를 측정하였다. 종괴 외 정상조직의 폐, 근육, 혈관에서도 1.2 cm²의 ROI로 CT밀도를 측정하였다(Fig. 2).

정상의 폐조직은 병변 반대측의 폐를 측정하였고, 정상의 근육은 극상근(sufraspinatus)에서, 뼈는 척추체의 중앙에서, 혈관은 상행 대동맥에서 측정하였다.

III. 연구 결과

폐종괴의 관심영역에 대하여 4종류의 재구성 연산법을 사용하여 종괴 밀도의 평균값과 표준편차를 구하였다(Table 1).

측정치는 일반적으로 골 연산법에서 가장 높았고, 연부 연산법에서 가장 낮게 측정되었으나 통계적으로 의미있는 차이는 없었다(p = 1.00). 각 재구성 연산 영상에서 측정치의 최대 차이는 평균 1HU 미만이었다. 0.5 cm²와 1.2 cm²의 ROI를 선정하였을 때 측정치의 최대 차이는 3 cm²보다 상대적으로 작게 나타났다. 1.2 cm²의 ROI 사용시 0.2~3.8HU로 범위가 넓어졌으나 0.5 cm²를 사용하였을 때는 최대 범위가 0.1~3.4HU로 나타났다(Fig. 3). 또한 동일 부위에 대한 38예의 지연 조영증강 스캔에서도 측정된 종괴의 조영증강 정도는 골 연산법이 다른 연산법보다 낮게 측정되었으나 각 연산법 사이에 의미있는 차이는 없었다(p = 1.00)(Table 2).

각각의 연산법에서 조영증강 정도의 최대 차이는 0.5 cm²의 ROI를 설정하였을 때 0.1~3.2HU 범위로 분포하였으며 1.2 및 3 cm²로 선정시 그 범위는 각각 0.1~2.8, 0.0~2.1로 줄어들었다(Fig. 4).

Table 1. Mean and standard deviation in CT densities of lung mass according to 4 different reconstruction algorithms(n = 50)

Algorithm	ROI(cm ²)		
	0.5	1.2	3
Soft	36.4±21.5	36.2±22.4	34.5±26.2
Standard	26.7±22.4	35.9±24.4	33.9±24.2
Detail	37.5±20.9	36.1±23.2	35.4±25.4
Bone	38.1±22.2	37.2±22.5	36.2±26.4
Maximum difference	0.7±0.6	0.6±0.8	0.7±0.6
(Range)	(0.1~3.4)	(0.2~3.8)	(0.2~2.2)

Table 2. Degree(Mean and standard deviation) of contrast enhancing at delayed phase of lung mass according to 4 different reconstruction algorithms (n = 38)

Algorithm	ROI(cm ²)		
	0.5	1.2	3
Soft	18,4±19,2	20,1±21,2	21,2±20,1
Standard	19,2±20,1	21,8±18,8	22,6±19,6
Detail	19,4±21,6	18,9±19,9	22,8±20,4
Bone	18,8±18,9	19,1±20,5	22,2±20,8
Maximum difference	1,4±1,2	0,8±1,1	0,6±0,7
(Range)	(0,1~3,2)	(0,1~2,8)	(0,0~2,1)

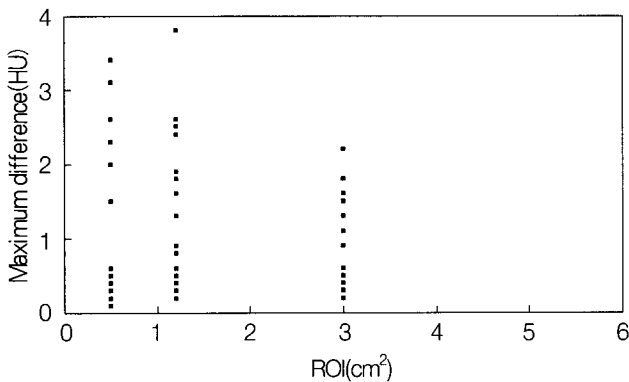


Fig. 3. Distribution of maximum difference of mass density measured in 50 patients
Maximum difference are mostly less than 3HU.

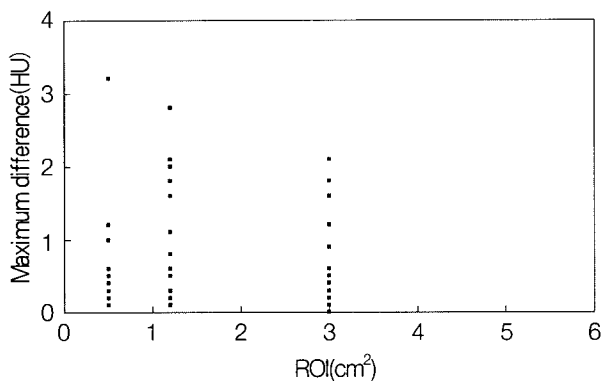


Fig. 4. Distribution of maximum difference of enhancement degree of mass density measured in 32 patients maximum difference are mostly less than 2HU.

Table 3. Mean and standard deviation in CT densities of normal thoracic tissues according to 4 different reconstruction algorithms(n = 50)

Algorithm	Normal thoracic tissues			
	Lung	Muscle	Bone	Vessel
Soft	-868,2±76,2	36,2±12,6	149,1±40,4	169,2±20,2
Standard	-869,4±68,6	37,6±13,2	152,2±39,6	170,1±21,6
Detail	-866,6±75,2	36,4±12,8	151,6±38,4	169,6±22,4
Bone	-868,5±58,4	37,9±14,2	152,7±39,1	171,8±20,9
Maximum difference	2,1±0,4	1,2±0,6	2,2±0,9	1,8±0,8
(Range)	(0,5~2,9)	(0,1~2,2)	(0,1~3,8)	(0,1~2,4)

Table 4. Standard deviation of CT densities in ROI according to 4 different reconstruction algorithms(n = 50)

Algorithm	Mass	Lung	Muscle	Bone	Vessel
Soft	14,6±13,4	28,5±16,6	16,7±8,4	29,8±16,5	8,6±6,9
Standard	15,4±12,8	26,4±16,6	14,9±6,3	26,5±15,2	12,6±7,8
Detail	15,8±18,9	29,2±18,2	19,1±6,30	30,4±15,1	11,9±7,3
Bone	16,9±20,2	28,4±19,3	17,6±9,8	31,4±18,8	18,9±8,6

정상 조직에서 측정된 CT번호 평균치는 골 연산법에서 가장 높게 나타났으나 각각의 정상 조직에서 4종류의 재구성 연산법에 따른 측정치는 의미있는 차이는 없었다(p = 1,00).

뼈나 혈관이 폐나 근육보다 차이가 컸으나 최대 차이는 3.8HU 이하로 나타났다(Table 3).

각 재구성 연산법사이의 ROI의 표준 편차는 폐종괴의 경우 골 연산법에서 16.9HU로 가장 높았고 연부 연산법에서 14.6HU로 가장 낮게 나타났다. 정상 조직의 경우 뼈가 다른 조직보다 표준편차가 비교적 높게 측정되었다(Table 4).

IV. 고 찰

전산화단층촬영에서는 피사체를 통과한 X선이 여러 각도에서 검출기(detector)에 검출되고, 이후 피사체의 각 voxel의 선감약계수를 조합하여 영상을 재구성한다.

전산화단층촬영에서 재구성 연산은 각각의 투영를 sine

파와 cosine 파의 함수로 분해하여 공간 주파수 여과 과정(spatial frequency filtration process)을 거친 후 영상판(image plane)으로 역투영 하는 여과 역투영(filtered back projection) 방법과 일련의 신호나 data를 삼각함수의 급수로서 Fourier 급수로 변환시켜 잡음을 제거하는 image filtering이나 영상 재구성을 하는 2차원적 Fourier 분석 방법으로 하고 있다.

1980년대 초에 양성 및 악성 폐결절의 감별 진단을 위해 CT밀도 측정으로 석회화 검출을 시도하는 많은 연구가 있었다. 일부에서는 좋은 결과를 보고하였지만, 당시의 기술 수준에서는 CT번호가 사용기기, kVp, mA, 단편 두께, 재구성 연산방식, 폐결절 주변의 밀도 차, 결절의 흉곽내에서의 위치 등에 따라 중대한 영향을 받는 것으로 알려져 일정한 기준의 CT번호를 석회화 검출에 적용하는데 어려움이 있었다¹⁷⁾. Geer 등¹⁸⁾은 이러한 기술적 문제를 극복하기 위하여 기준 모형(phantom reference)을 이용한 폐결절의 표준화된 정량 분석을 시도하였으나 기준 모형의 크기에 따라 CT번호의 차이가 크고 양성과 악성 결절을 구분하는 역치가 없어서 최근에는 자주 사용되지 않는다.

이러한 석회화 검출을 위해 결절의 밀도를 측정할 때에는 결절내 CT번호의 분포를 분석하여 고밀도 역의 유무를 판단한다. 폐결절의 가장자리에서는 주변 폐와 결절의 경계 부위에 밀도의 급격한 변화가 있고 고밀도측의 CT번호는 과대 평가되고 저밀도 측은 과소 평가된다. 이러한 효과는 CT 재구성 연산방식에서 수학적 변환의 내인적 요소 때문이며 골 연산법을 적용하였을 때 폐 결절의 가장자리에서 약 9%의 밀도 차이가 생기나 연성 연산방식(smooth algorithm)에서는 관찰되지 않는다¹⁹⁾.

이러한 현상은 낮은 해상력을 개선하여 신호 대 잡음 비율을 높이기 위하여 제조 회사들이 추가의 연산 단계를 사용하기 때문이며 서로 다른 전산화단층촬영 기기 제작 회사들은 다른 정도의 선예도(sharpness)나 평탄도(smoothness)의 재구성 연산방식을 사용한다. 예를 들어 GE사의 CT기기는 연부(soft), 표준(standard), 선예(detail) 및 골(bone) 연산법 등으로, Siemens 사의 경우는 연부(soft), 표준(standard), 고해상(high-resolution), 초고해상(ultra high-resolution) 등으로 구분하고 있다. 이로 인하여 서로 다른 시스템 사이에서 측정된 폐 결절의 CT번호의 직접적인 비교는 문제가 있는 것으로 알려져 왔다¹⁵⁾.

최근에 Swensen 등⁶⁾의 보고에 의하면 악성 병변은 평균 40HU의 조영증강을 보이고 양성 병변은 평균 12HU

의 조영증강을 보여 20HU를 역치로 정할 경우 양성 과 악성을 구분할 수 있다고 하였으며, Yamashita 등⁷⁾은 역동적 컴퓨터촬영술에서 20~60HU의 최대 조영증강이 악성 병변의 좋은 지표라고 하여, 조영증강 정도의 측정이 폐 결절의 감별 진단에 유용하게 이용될 수 있음을 보여 주었다. 이러한 경우에는 결절내 CT번호의 분포에 상관없이 관심영역내 CT번호의 평균값이 비교에 이용된다. 저자의 연구에서는 CT영상에서 측정된 종괴 밀도의 관심영역 평균값이 다양한 재구성 연산방식을 사용한 영상에서 평균 1HU 미만의 차이를 보이고 350 mm² 이상 크기의 관심영역을 사용했을 때에는 그 범위가 2 HU 미만으로서 서로 비교가 가능함을 입증하였다.

또한 종괴의 조영증강 정도의 측정에서도 각 연산방식을 사용한 영상간에 의미있는 차이가 없으며, 서로 다른 연산방식을 사용한 조영 전 및 조영증강 스캔을 이용하여도 조영증강 정도를 정확하게 측정할 수 있음을 보여 주었다. 이는 결절의 석회화검출을 위한 밀도 측정을 시행했던 기존의 연구들과는 다른 결과로서, 재구성 연산방식이 결절의 CT번호의 분포에는 영향을 주지만 관심 영역 평균값에는 의미있는 영향이 없음을 시사한다. 저자는 종괴 밀도를 측정하는데 있어서 종괴의 가장자리는 포함시키지 않고 중심부에서 측정하였다. 이러한 방법은 종괴의 가장자리에서 일어나는 부분 용적 효과(partial volume averaging effect)를 피하기 위한 것으로 폐 결절의 조영증강 정도를 측정한 기존의 다른 연구들에서와 동일한 방법이다. 이러한 측정 방법이 골 연산방법을 사용한 영상에서 종괴의 가장자리에서 나타나는 overshoot-undershoot effect의 영향을 피할 수 있게 하여 서로 다른 연산방법을 사용한 영상에서의 측정치 차이를 감소 시켰을 것으로 생각된다. 기술적인 진보에 따라 최근의 CT기기에서는 물리적, 기술적 요인에 의한 CT번호의 변동이 크지 않고 물이나 공기 영역의 CT번호가 서로 다른 CT기기 사이에도 동일하게 유지되고 있다. Groell 등²⁰⁾은 나선식 CT와 전자선 CT(electron-beam CT) 간에 CT번호의 의미있는 차이가 있으나 공기를 제외하고는 물, 연조직, 폐, 뼈 등의 모형에서 평균 CT 번호의 의미 있는 차이가 없음을 보고하였다.

또한 Somatom Plus Scanner(Siemens, Erlangen, Germany)와 폴리에틸렌 거품(polyethylene foam)의 폐 모형을 사용한 연구에서 Kemerink 등²¹⁾은 연부, 표준, 고해상의 재구성 연산방식을 사용한 영상에서 25 cm²의 원형 영역의 밀도 평균의 최대 차이는 0.1HU이었고 초고해상 필터를 사용했을 때만 약간 증가하여 +2.0HU의 변

동이 있었다고 하였다. 또한 물 모형(water phantom)의 밀도 측정에서는 4가지 재구성 연산방식 모두에서의 차이가 0.3HU에 불과하였다고 하여 저자의 연구 결과를 뒷받침하고 있다. CT번호의 표준 편차는 잡음과 연관이 있다. 골 연산법에서 잡음이 큰 것은 주기적 잡음(periodic noise)때문으로 이 연산법과 연관된 overshoot-undershoot의 특성에 의하여 생긴다.

연부 또는 표준 연산법에서는 감약 계수의 평균에 의해 주기적 잡음이 없으며 신호 대 잡음 비율(signal to noise ratio)이 높다¹⁷⁾. 그러므로 관심영역의 크기가 밀도 측정에 영향을 줄 수 있어, 그 크기가 작을수록 CT번호의 변동이 클 것으로 생각된다. 실제로 이 연구에서도 측정된 관심영역 평균값의 재구성 연산방식간의 최대 차이는 관심영역이 작을수록 컸으며, 0.5 cm²나 1.2 cm²의 관심영역을 사용하였을 때 3HU 이상의 차이를 보인 예가 있었다. 또한 정상 조직에서도 폐나 뼈조직처럼 밀도가 상대적으로 낮거나 높을 때 더 큰 차이가 있었다.

본 연구에서 대상이 된 폐종괴는 크기가 2.5 cm 이상으로서 약 1.2 cm²의 관심영역으로 가장자리를 포함하지 않고 밀도 측정이 가능한 크기였다. 더 작은 폐절절에서는 골 연산법을 사용하였을 때 가장자리에서의 overshoot-undershoot효과에 의한 영향을 더 많이 받을 수 있기 때문에 다른 결과를 가져올 수도 있을 것이다. 따라서 더 작은 크기의 절절에서도 이 연구의 결과를 이용할 수 있을지는 의문점이 있으며 차후에 더 많은 연구가 필요하다고 본다. 또한 이 연구는 한 종류의 CT기기를 사용하였고 다양한 촬영 조건의 적용이 없었으므로, 앞으로 다양한 CT기기 및 촬영 조건을 적용하여 더 많은 연구가 있어야 하겠다.

IV. 결 론

2.5 cm² 이상의 흉부 종괴에서 측정된 CT밀도의 관심영역 평균값은 재구성 연산방법에 따라 의미있는 차이가 없으므로 최신의 전산화단층촬영기기를 사용하였을 때 재구성 연산간에 밀도 측정의 비교가 가능하리라 생각된다.

참 고 문 헌

1. Phelps ME, Ter-pogossian MM. Attenuation coefficients of various body tissues, fluids, and lesions at photon energy of 18 to 136 kev. *Radiology* 1975;117:575-583.
2. Zerhouni EA, Spivey JF, Morgan RH, Leo FP, Stitik FP, Siegelman SS. Factors influencing quantitative CT measurements of solitary pulmonary nodules. *J Comput Assist Tomogr* 1982; 6(6):1075-1087.
3. Im JG, Gamsu G, Gordon D, et al. CT densitometry of pulmonary nodules in a frozen human thorax. *AJR Am J Roentgenol* 1988;150: 61-663.
4. Siegelman SS, Zerhouni EA, Leo FP, Khouri NF, Stitik FP. CT of the solitary pulmonary nodule. *AJR Am J Roentgenol* 1980;135:1-13.
5. Proto AV, Thomas SR. Pulmonary nodules studied by computed tomography. *Radiology* 1985;156: 149-1534.
6. Swensen SJ, Brown LR, Colby TV, Weaver AL. Pulmonary nodules: CT evaluation of enhancement with iodinated contrast material. *Radiology* 1995; 194:393-398.
7. Yamashita K, Matsunobe S, Tsuda T, et al. Solitary pulmonary nodule: preliminary study of evaluation with incremental dynamic CT. *Radiology* 1995;194:399-405.
8. Muller NL, Staples CA, Miller RR, Abboud RT. "Density mask" An objective method to quantitate emphysema using computed tomography. *Chest* 1988;94:782-787.
9. Archer DC, Coblenz CL, Dekemp RA, Nahmias C, Norman G. Automated in vivo quantification of emphysema. *Radiology* 1993;188:835-838.
10. Gevenois PA, de Maertelaer V, De Vuyst P, Zanen J, Yernault JC. Comparison of computed density and macroscopic morphometry in pulmonary emphysema. *Am J Respir Crit Care Med* 1995;152:653-657.
11. Zwirowich CV, Terriff B, Muller NL. High-spatial-frequency(bone) algorithm improves quality of standard CT of the thorax. *AJR Am J Roentgenol* 1989;153:1169-1173.
12. Hopper KD, Kasales CJ, Mahraj R, et al.

1. Phelps ME, Ter-pogossian MM. Attenuation co-

- Routine use of higher order interpolator and bone algorithm in thoracic CT. *AJR Am J Roentgenol* 1996;167:947-949.
13. Godwin JD, Speckman JM, Fram EK, et al. Distinguishing benign from malignant pulmonary nodules by computed tomography. *Radiology* 1982;144:349-351.
 14. Godwin JD: The solitary pulmonary nodule. *Radiol Clin North Am* 1983;21(4):709-721.
 15. Swensen SJ, Morin RL, Aughenbaugh GL, Leimer DW. CT reconstruction algorithm selection in the evaluation of solitary pulmonary nodules. *J Comput Assist Tomogr* 1995; 19(6):932-935.
 16. Kemerink GJ, Lamers RJS, Thelissen GRP, Van Engelshoven JMA. Scanner conformity in CT densitometry of the lungs. *Radiology* 1995;197: 749-752.
 17. Levi C, Gray JE, McCullough EC, et al. The unreliability of CT numbers as absolute values. *AJR Am J Roentgenol* 1982;139:443-447.
 18. De Geer G, Gamsu G, Cann C, Webb WR. Evaluation of a chest phantom for CT nodule densitometry. *AJR Am J Roentgenol* 1986;147: 21-25.
 19. Bracewell RN. The Fourier transform and its application. New York: McGraw-Hill, 1978:210-211.
 20. Groell R, Rienmueller R, Schaffler GJ, Portugaller HR, Graif E, Willfurth P. CT number variations due to different image acquisition and reconstruction parameters: a thorax phantom study. *Comput Med Imaging Graph* 2000;24: 53-58.
 21. Kemerink GJ, Lamers RJS, Thelissen GRP, Van Engelshoven JMA. CT densitometry of the lungs: scanner performance. *J Comput Assist Tomogr* 1996;20:24-33.

CT Densitometry of Normal Tissue and Mass of Lung according to Reconstruction Algorithm

Han Sik Yoon

Dept. of Radiotechnology, Wonkwang Health Science College

Fifty patients with lung mass were studied to evaluate the effect of reconstruction algorithm on the CT number of lung mass and normal thoracic tissues.

In each examination, the CT image of the lung mass was reconstructed using soft, standard, detail and bone algorithm.

The results were shown as follows

1. The average maximum difference of lung mass density on the ROIs using 4 different algorithms was less than 1HU.
2. The maximum difference in the degree of lung mass enhancement was respectively 0.1~3.2HU (ROI 0.5 cm²), 0.1~2.8HU(ROI 3 cm²) and 0.0~2.1(ROI 6 cm²).
3. The mean density of the normal thoracic tissues was highest in the bone algorithm, though there was no significant between 4 different reconstruction algorithms(p = 1.00).

Key words : lung mass, reconstruction algorithm, lung density, enhancement