

УДК 611.81: 577.121]: 616-073.584

© Ю. И. Неронов, Л. А. Тютин, Зияд Гарайбех

РАЗРАБОТКА ПАКЕТА ПРОГРАММНОГО ОБЕСПЕЧЕНИЯ И ЕГО ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ КОНЦЕНТРАЦИИ МЕТАБОЛИТОВ В ТКАНЯХ ГОЛОВНОГО МОЗГА РЯДА ДОБРОВОЛЬЦЕВ НА ОСНОВЕ МР-СПЕКТРОСКОПИИ

С помощью томографа "Magnetom Vision" получены магнитно-резонансные спектры белого вещества головного мозга *in vivo* для группы из 16 здоровых добровольцев 19–60-летнего возраста. Разработан пакет программного обеспечения, который позволяет обрабатывать спектры с минимизацией ряда систематических погрешностей и с вычислением доверительных границ погрешности результатов. Для обследованной группы получено, что средняя молярная концентрация метаболитов тканей белого вещества мозга равна: N-ацетиласпартат $C(\text{NAA}) = 10.70 \pm 1.25$; фосфокреатин $C(\text{PCr}) = 6.53 \pm 0.67$; холин $C(\text{Cho}) = 1.67 \pm 0.35$; миоинозитола $C(\text{Ins}) = 6.39 \pm 1.54$ ммоль/л.

ВВЕДЕНИЕ

Современные МР-томографы с высоким полем, как правило, комплектуют приставками для МР-спектроскопии, что позволяет выполнять сравнительный анализ регистрируемых веществ. Оценку содержания обменных веществ (метаболитов) мозга по спектрам живого мозга выполняют двумя различными способами. Первый использует только экспериментальные отношения интенсивностей МР-сигналов. Отношения получают непосредственно из измеренного спектра. Второй способ основывается на расчетах абсолютных концентраций, в этом случае требуется использование опорного сигнала.

В первом случае толковать спектральные изменения необходимо с осторожностью, поскольку использование отношений метаболитов в некоторой степени понижает результативность анализа из-за следующего. Пиковые отношения, показывающие параллельные сдвиги концентраций, при развитии патологии могут оставаться в пределах, характерных для нормального диапазона отношений, хотя каждое из веществ фактически может уменьшаться. В этой связи пиковые отношения следует объединить с определением абсолютной концентрации. Определение абсолютных концентраций с указанием погрешности данных требует усложнения экспериментальной методики и разработки дополнительного программного обеспечения.

МЕТОДИКА И МАТЕРИАЛ

В настоящей работе концентрации определялись методом внутренней передачи, при котором

известное содержание воды в тканях используется как стандартное. Регистрация спектров и МР-изображений выполнялись на томографе "Magnetom Vision" (Siemens Erlangen, Germany), который укомплектован сверхпроводящим магнитом с полем 1.5 Тл и установлен в ЦНИРРИ (Санкт-Петербург). Использовалась стандартная главная катушка с циркулярной поляризацией, отлаженная и настроенная изготовителем. Установка резонансных радиоимпульсов контролировалась автоматически действующей процедурой регулирования параметров.

Магнитно-резонансный протокол состоял из сагиттального, продольного и поперечного мультисрезов спин-эха T2-взвешенных МР-изображений (время повтора $T_R = 5400$ мс; $T_E = 99$ мс; угол поворота 180° ; толщина среза 5 мм; область обзора 260 мм; матрица 192×256 ; время накопления 1.21 мин).

Томограммы были использованы для процедуры точной локализации положения области спектрального исследования в трех проекциях. Область исследования выбиралась в форме "куба" ($20 \times 20 \times 20$ мм) и размещалась в тканях белого вещества мозга (рис. 1).

Для накопления спектра применялась методика STEAM с параметрами импульсного режима: $T_R / T_E / T_M / N_A = 5000 / 10 / 15 / 64$ (интервал времени между возбуждающими высокочастотными импульсами $T_R = 5000$ мс; эффективный интервал времени между первым импульсом возбуждения и началом регистрации МР-сигнала $T_E = 10$ мс; интервал времени между вторым и третьим высокочастотными импульсами $T_M = 15$ мс; число повторных запусков для суммирования ЯМР-сигналов $N_A = 64$).

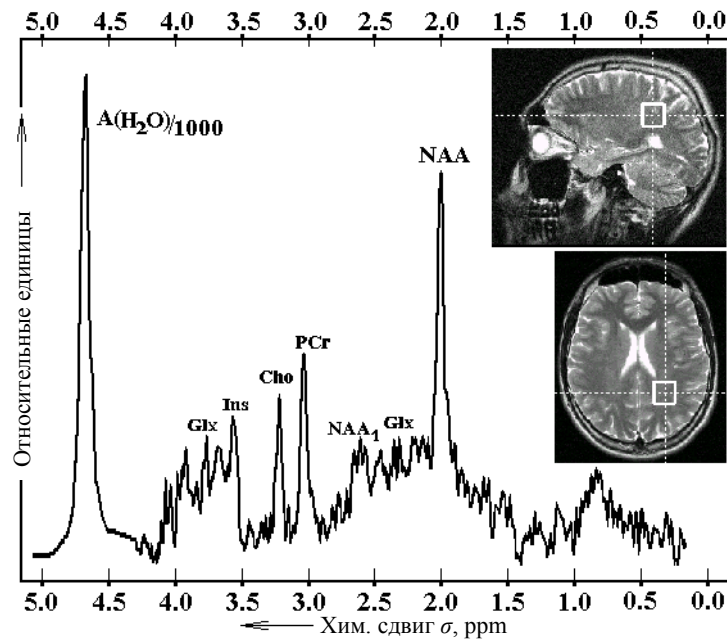


Рис. 1. Выбор области для накопления спектров и типичный вид ЯМР-спектра для нормальной ткани белого вещества головного мозга

Табл. 1. Результаты определения концентраций C N-ацетиласпартата (* — без подавления сигнала воды, ** — с подавлением сигнала воды) и хим. сдвига σ . Пояснение в тексте

Инициалы и возраст	C (NAA)*, ммоль / л	C (NAA)**, ммоль / л	σ (H_2O)*, ppm
IV-19	11.90 ± .83	10.82 ± .25	4.688 ± .005
ZB-19	12.78 ± .70	11.42 ± .35	4.691 ± .002
SK-19	8.30 ± .90	9.41 ± .35	4.674 ± .002
NS-19	9.75 ± .28	9.56 ± .56	4.692 ± .002
KZ-19	12.89 ± .48	13.04 ± .15	4.681 ± .004
KZ-20	11.88 ± 1.03	11.35 ± .50	4.690 ± .002
KB-20	11.41 ± 1.22	10.67 ± .16	4.694 ± .003
DR-21	10.58 ± .68	11.17 ± .36	4.688 ± .003
GZ-21	9.26 ± .84	11.46 ± 1.09	4.682 ± .001
FD-21	10.71 ± .81	11.91 ± .37	4.693 ± .003
NM-23	10.29 ± .98	8.54 ± .26	4.694 ± .004
AL-24	12.65 ± .87	11.96 ± .27	4.693 ± .003
ZM-30	9.73 ± .95	9.36 ± .43	4.695 ± .005
AR-32	9.85 ± .91	10.63 ± .50	4.691 ± .003
BR-60	12.29 ± .66	11.03 ± .33	4.687 ± .003
NR-60	9.59 ± .24	8.97 ± .10	4.703 ± .001
Среднее	10.87 ± 1.44	10.70 ± 1.25	4.690 ± .007
LCModel, [4]	—	10.66 ± 1.46	—

Исходный числовой материал был накоплен от группы из 16 здоровых добровольцев, возраст добровольцев от 19 до 60 лет (табл. 1). Причем с целью определения абсолютных концентраций для каждого добровольца спектры регистрировались дважды. При первом накоплении использовали подавление сигнала протонов воды в режиме автоматических установок [1].

В последующем запуске без изменения укладки добровольца повторно использовалась та же импульсная последовательность, но при выключенном режиме подавления МР-сигнала воды. В этом случае из-за большого амплитудного динамического диапазона сканера (16-разрядные АЦП) регистрировался не только интенсивный сигнал от протонов свободной воды тканей (который далее использовался как опорный сигнал), а также и слабые сигналы от малых количеств молекул метаболитов.

Перед каждым накоплением спектральной информации выполнялась тщательная минимизация статических градиентов магнитного поля в области спектрального исследования. Время пребывания добровольца в томографе составляло около 20 минут. Спектральная информация для каждого из 16 добровольцев была накоплена в виде двух числовых массивов по 1024 комплексных числа

(1024 действительных числа и 1024 мнимых числа) в шкале времени, которые затем пересылались для обработки на персональный компьютер Pentium-3.

На рис. 1 демонстрируются разрешающие возможности используемого нами прибора. На спектре по вертикали представлены относительные единицы; по горизонтали — химический сдвиг в миллионных долях (ppm).

Интенсивные сигналы накоплены от протонов молекулярных соединений: N-ацетиласпартата (NAA: 2.01, 2.48, 2.60, 2.64 ppm), фосфокреатина (PCr: 3.03, 3.94 ppm), холина (Cho: 3.22 ppm), миоинозитола (Ins: 3.56 ppm); более слабые сигналы регистрируются от таурина (3.36 ppm), глутамата (2.11, 2.18, 2.28, 2.36, 3.77 ppm) и от липидных соединений. Время накопления спектра: $T_A = 5$ мин 6 с. Для сравнения на спектре представлен также сигнал от протонов воды, уменьшенный по амплитуде в 1000 раз. Для каждого из 16 пар спектров аппаратное разрешение $\Delta B / B < 5 \cdot 10^{-8}$, что не уступает возможностям других лучших аппаратов такого класса.

Поскольку было обеспечено постоянство коэффициента усиления аппарата и ряда других установочных параметров сканера в режимах накопления спектра и накопления сигнала воды, то последующая совместная обработка накопленных МР-сигналов x -метаболитов и H_2O позволяет определять абсолютные концентрации метаболитов. Обработка сигналов спектра включает определение трех параметров сигнала: амплитуду спектрального максимума $A(x)$, его ширину $\Delta\nu(x)$ на половине высоты и его положение — химический сдвиг $\sigma(x)$.

Протонные сигналы метаболитов, характерные для тканей белого вещества мозга здоровых людей, предварительно просматривались на спектрах, восстановленных математической процедурой, включающей Фурье-преобразование.

Литературные данные и наша практика [2, 3] показывают, что результаты определения концентрации $C(x)$, как правило, могут содержать систематические погрешности. Причем погрешности зависят как от методики получения исходных числовых массивов, так и от способа математической обработки данных.

ПРОГРАММА ОБРАБОТКИ ЧИСЛОВЫХ МАССИВОВ

С целью уменьшения погрешности результатов мы вычисляли концентрацию метаболитов при вариации расчетных параметров в ходе вычислительной процедуры с последующим усреднением данных и определением погрешности по разбросу данных. Из каждого исходного числового массива

(1024 числа) для Фурье-преобразования мы использовали 500 чисел. Этого было достаточно, поскольку 500 числам соответствует время регистрации 0.5 секунды. За этот временной интервал МР-сигналы уменьшаются до уровня шумового электромагнитного фона.

Процедура Фурье-преобразования в нашей программе повторяется для каждого исходного числового массива несколько раз. Причем первый спектр получали с учетом начальных чисел исходного массива, а каждый следующий начинался с отбросом начальных 2 чисел (смещение окна на два отсчета) и учетом для Фурье-преобразования следующих 500 чисел исходного числового массива. Как и в нашей предшествующей работе [2], мы использовали скользящее Фурье-преобразование с окном 500 чисел по выборке 1024 с шагом смещения окна на два числа. Поскольку оцифровка на томографе проводилась с интервалом включения АЦП 1 мс, то каждому отбросу двух чисел соответствует дополнительная "задержка" ΔT_j в регистрации ЯМР-сигнала на 0.002 секунды.

Расчет концентрации x -метаболита выполняли по соотношению

$$C_{ij}(x) = C(H_2O) \cdot \frac{S_i(x)}{S(H_2O)} \cdot \frac{N_p(H_2O)}{N_p(x)} \times \frac{\exp[-(T_E + \Delta T_j) / T_2^*(H_2O)]}{\exp[-(T_E + \Delta T_j) / T_2^*(x)]}, \quad (1)$$

где $C(H_2O) = 40$ моль/л — концентрация молекул воды в исследуемой ткани (внутриклеточная и внеклеточная вода; МР-сигналы от молекул воды, входящих в состав биополимеров, не регистрируются данной методикой);

$S_i(x)$ — интенсивность (площадь) протонного сигнала x -метаболита;

$S(H_2O)$ — интенсивность сигнала от протонов воды, который определяется по спектрам, накопленным без подавления (опорный сигнал);

$N_p(H_2O) = 2$ — число протонов в молекуле воды;

$N_p(x)$ — число эквивалентных протонов в молекулярной группе x -метаболита (например, $N_p(NAA) = 3$ для основного сигнала $-CH_3$ - группы NAA);

$T_2^*(x)$ — эффективное время спин-спиновой релаксации протонов x -метаболита;

$T_2^*(H_2O)$ — эффективное время спин-спиновой релаксации протонов воды;

ΔT_j — интервал времени, который соответствует исключению начальных чисел исходного числового массива до процедуры Фурье-преобразования.

Число молей чистой воды определяется ее

плотностью $C(\text{H}_2\text{O}) = 55.5$ моль/л, а использованная в формуле величина (40 моль/л) была определена из отношений интенсивности ЯМР-сигналов воды, зарегистрированных последовательно от белого вещества головного мозга и от спинномозговой жидкости желудочков мозга.

Поскольку в соотношении (1) входит отношение $S(x) / S(\text{H}_2\text{O})$, то для определения интенсивности каждого сигнала достаточно было использовать произведение амплитуды спектрального максимума $A_i(x)$ МР-сигнала на его ширину $\Delta\nu_i(x)$ на половине высоты. Вычисления проводили при использовании спектрального окна ширины i (рис. 2), выбранного из общего спектра (рис. 1). Ширина окна при вычислениях изменялась в пределах до 25 %.

Сомножитель, содержащий отношение экспонент, характеризует поправку на уменьшение ЯМР-сигналов за время $T_E + \Delta T_j$ из-за спин-спиновой релаксации с временем T_2 и неоднородности магнитного поля ΔB в области спектрального исследования: $1/T_2^*(x) = 1/T_2(x) + \gamma \cdot \Delta B$. Константа T_2^* оценивалась по ширине спектрального сигнала $\Delta\nu(x)$ по соотношению: $T_2^*(x) = 1/[\pi \Delta\nu(x)]$.

С целью минимизации влияния этого сомножителя на конечный результат был использован минимальный параметр T_E , который допускал используемый томограф в режиме локального спектрального анализа — $T_E = 10$ мс. Изменение интервала времени ΔT_j также было ограничено; при обработке спектра этот параметр циклически изменялся от 0 до 10 мс с шагом 2 мс. В этом случае сомножитель с отношением экспонент в (1) может заменить результат (неточность оценок T_2^* — не более чем на несколько процентов). Регистрируемое изменение концентрации отражает

уменьшение интенсивности сигналов от других более короткоживущих обменных соединений, присутствующих в спектре.

Верхняя часть спектра (рис. 2) содержит действительную часть, нижняя — мнимую часть спектра. Левая пара спектров содержит экспериментальный материал; центральная пара — расчетная функция, используемая для аппроксимации экспериментальных данных; правая пара сигналов показывает соответствие между расчетной функцией и экспериментальным материалом.

Таким образом, достоверность наших результатов гарантировалась тем, что первоначально вычислялась матрица искоемых величин $C_{ij}(x)$, затем эти данные усреднялись. Концентрация x -метаболита и ее погрешность определялись по соотношению

$$C(x) \pm \Delta(x) = 1/N \sum C_{ij}(x) \pm \sqrt{\sum [C_{ij}(x) - C_{cp}(x)]^2 / (N - 1.5)}, \quad \dots\dots\dots(2)$$

где $C_{ij}(x)$ — концентрация x -метаболита, вычисленная при использовании j -го смещения окна до Фурье-преобразования и i -й ширины спектра; $C_{cp}(x)$ — средняя величина для совокупности данных $C_{ij}(x)$; суммирование квадратичных отклонений под корнем выполняли N раз, N — число элементов матрицы $C_{ij}(x)$. Представленная в таблицах погрешность $\Delta(x)$ характеризует 68 %-ную доверительную вероятность. Большая часть погрешности связана с обработкой сигналов метаболита, поскольку $\Delta(x) > \Delta(\text{H}_2\text{O})$. Аналогично вычислялся химический сдвиг $\sigma(\text{H}_2\text{O})$ и соответствующая погрешность.

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

Результаты расчетов концентрации $C(\text{NAA})$ представлены в табл. 1. В первом столбце указаны инициалы обследованных добровольцев и их возраст. Разработанный нами пакет программ позволяет обрабатывать МР-сигналы от NAA на спектрах, накопленных как с подавлением, так и без подавления сигнала воды. В табл. 1 символом * отмечены результаты, которые были вычислены из числовых массивов, накопленных без подавления сигнала воды; символом ** отмечены результаты, полученные при использовании режима подавления сигнала воды. Концентрации даны в единицах ммоль/л.

Из сопоставления данных $C(\text{NAA})^*$ и $C(\text{NAA})^{**}$ следует, что поскольку частота ЯМР-сигнала от NAA примерно на 170 Гц меньше частоты ЯМР-сигнала воды (рис. 1), то концентрация $C(\text{NAA})$ достаточно хорошо определяется как по спектрам с использованием режима подавления

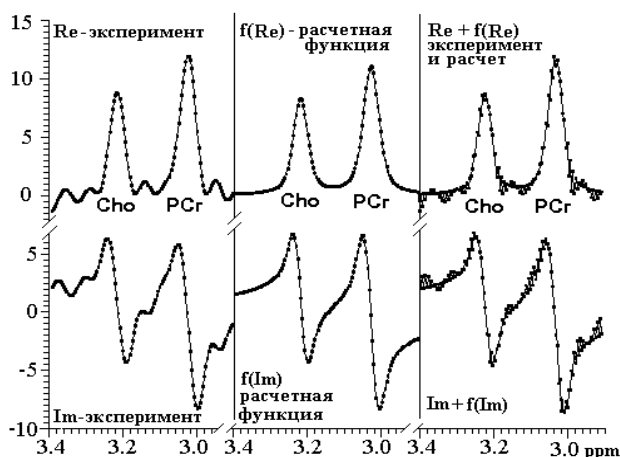


Рис. 2. Пример выбора спектрального окна, использованного для вычисления параметров МР-сигналов от холина и фосфокреатина. Пояснение в тексте

сигнала воды, так и по спектрам без подавления сигнала воды.

Погрешность данных для $C(\text{NAA})$ находится в пределах от 2 до 9 %. Этот разброс данных отражает следующее.

1. Имеются индивидуальные отличия в норме, характерные для добровольцев на момент обследования (один из них обследовался дважды в 19 и 20 лет), в частности из-за присутствия на момент накопления кроме основного сигнала других малых по величине сигналов, близких по химическому сдвигу.

2. Имеются колебания концентраций, вызванные физиологическими действиями мозга.

3. Кроме этого, разброс определяется приближенностью вычислительной процедуры коррекции базовой линии спектра и уровнем случайных электромагнитных шумов.

В табл. 1 представлен также химический сдвиг для ЯМР-сигнала воды $\sigma(\text{H}_2\text{O})$, который был вычислен по спектрам без подавления воды при использовании NAA как опорного сигнала ($\sigma(\text{NAA}) = 2.010 \text{ ppm}$ [1]). Как видим, химический сдвиг воды определяется с высокой точностью. Он отражает индивидуальные отличия обследованных добровольцев (связанные, вероятно, прежде всего с отличием отношения количества внутриклеточной и внеклеточной воды). Данные о $\sigma(\text{H}_2\text{O})$ могут служить, по-видимому, дополнительным параметром оценки состояния тканей головного мозга в норме и патологии.

Выражение (2) было использовано и для вычисления средних данных по группе добровольцев ($N = 16$). В нижней строке (табл. 1) наши усредненные данные C_{cp} (NAA) сопоставляются с данными группы авторов [4], которые на аналогичном аппарате определяли концентрацию метаболитов в белом веществе мозга у группы из 20 добровольцев (возраст 24 ± 2 года). Авторы использовали LC-модель, в которой абсолютные концентрации были определены при совмещении обследования добровольца с последующей калибровкой состояния сканера с помощью поверочного устройства (шара с водным раствором, содержащим известное количество лактата и ацетата). Сопоставление наших данных для C_{cp} (NAA) и данных [4] показывает совпадение результатов и совпадение разброса данных (в обеих работах базовая линия спектра корректировалась схожим образом). Отметим, что наша группа добровольцев состояла не только из студентов (как в работе [4]), но и из аспирантов и преподавателей.

ЯМР-сигналы метаболитов PCr, Cho и Ins расположены ближе к интенсивному сигналу воды (рис. 2), поэтому концентрацию этих веществ мы определяли по спектрам (типа изображенного на рис. 2), накопленным в режиме с подавлением воды.

В табл. 2 представлены результаты определе-

Табл. 2. Результаты определения концентраций C для фосфоркреатина (PCr), холина (Cho) и миоинозитола (Ins)

Инициалы и возраст	C (PCr), ммоль / л	C (Cho), ммоль / л	C (Ins), ммоль / л
IV-19	$5.37 \pm .64$	$1.53 \pm .21$	4.44 ± 1.23
ZB-19	$7.42 \pm .96$	$2.12 \pm .32$	$8.26 \pm .06$
SK-19	$5.97 \pm .34$	$1.37 \pm .14$	$6.46 \pm .39$
NS-19	$6.16 \pm .26$	$1.22 \pm .07$	$4.84 \pm .15$
KZ-19	$7.39 \pm .52$	$2.26 \pm .14$	$5.74 \pm .47$
KZ-20	$6.71 \pm .90$	$1.34 \pm .26$	$4.89 \pm .41$
KB-20	$6.24 \pm .29$	$1.49 \pm .12$	$6.65 \pm .29$
DR-21	$5.13 \pm .78$	$1.55 \pm .34$	$7.84 \pm .47$
GZ-21	$7.00 \pm .53$	$1.19 \pm .19$	$4.77 \pm .20$
FD-21	$6.43 \pm .59$	$2.12 \pm .21$	$5.69 \pm .47$
NM-23	$6.46 \pm .42$	$1.52 \pm .20$	$7.07 \pm .77$
AL-24	$6.95 \pm .11$	$1.81 \pm .06$	5.03 ± 1.34
ZM-30	6.40 ± 1.43	$1.99 \pm .42$	$6.74 \pm .13$
AR-32	$6.62 \pm .66$	$1.44 \pm .19$	$5.73 \pm .30$
BR-60	6.91 ± 1.14	$1.98 \pm .29$	$8.77 \pm .29$
NR-60	$7.31 \pm .59$	$1.78 \pm .15$	$9.28 \pm .03$
Среднее	$6.53 \pm .67$	$1.67 \pm .35$	6.39 ± 1.54
LCModel, [4]	5.92 ± 1.36	$1.74 \pm .32$	4.60 ± 0.92

ния концентраций для фосфоркреатина, холина и миоинозитола. Как видим, наши усредненные данные для холина, как и в случае NAA, достаточно хорошо согласуются с данными работы [4]. Отметим, что для фосфоркреатина разброс наших данных вдвое меньше. Для миоинозитола наши средние данные выше, и величина разброса данных $C(\text{Ins})$ также выше. Это подтверждается, например, данными группы [5], которые на аппарате Bruker Medsp S200 с полем 2 Тл для той же ткани у мужчины 62 лет определили: $C(\text{NAA}) = 11.12$; $C(\text{PCr}) = 8.75$; $C(\text{Cho}) = 2.02$; $C(\text{Ins}) = 9.35$ ммоль/л. Значение $C(\text{Ins})$ отражает возрастные изменения: концентрация миоинозитола в тканях белого вещества мозга увеличивается с возрастом.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Для внедрения этой методики в клиническую практику с целью выявления начальных стадий патологии представляют интерес в равной степени как средняя величина нормы самих концентраций метаболитов, так и пределы их вариаций из-за физиологического и биохимического состояния исследуемого участка мозга. Такие вариации связаны с динамикой дыхания и с движением крови (как отмечено у других авторов [6, 7]). Эти факторы у каждого добровольца частично усредняются за время накопления (обычно используется 5–6 минут для накопления одного спектра).

В целом как наши данные, так и данные других авторов позволяют считать, что методы МР-спек-

троскопии *in vivo* могут быть сопоставимы по информативности с другими аккредитованными биохимическими методами анализа нервных тканей.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Frahm J., Michaelis T., Verboldt K.D., et al.* Improvements in Localized Proton NMR Spectroscopy of Human Brain // *J. Magnetic Resonance*. 1990. V. 90. P. 464–473.
2. *Неронов Ю.И., Тютин Л.А., Стуков Л.А.* Некоторые проблемы обеспечения точности определения концентрации метаболитов в тканях головного мозга при ЯМР-спектральных исследованиях // *Научное приборостроение*. 2001. Т. 11, № 2. С. 57–64.
3. *Тютин Л.А., Рохлин Г.Д., Неронов Ю.И. и др.* Протонная магнитно-резонансная спектроскопия головного мозга // Сб. "Магнитно-резонансная томография в клинической практике". СПб.: Изд. ЦНИРРИ, 1996. С. 67–71.
4. *Hajek M., Burian M., Dezortova M.* Application of LCModel for control and quantitative *in vivo* ¹H MR spectroscopy by short echo time STEAM sequence // *Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine*. 2000. V. 10. P. 6–17.
5. *Rose S.E., Chalk J.D., Galloway G.J., Dod-*

drell D.M. Detection of dimethyl sulfone in the human brain by *in vivo* proton MRS // *Magnetic Resonance Imaging*. 2000. V. 18. P. 95–98.

6. *Weber O.M., Duc C.O., Trabesinger A.H. et al.* Reproducibility of *in vivo* ¹H-MRS in the human brain // *ESM-RMB Meeting, Brussels, Abstracts*. *Magma*, 1997. N 511, 5(suppl.). P. 167.
7. *Moser E., Radlbauer R.* Quality assessment and quantitation on clinical ¹H MRS spectrometers // *Eurospin Annual 1995–1996* / Podo F. et al., editors. Rome: Instituto Superiore di Sanita, 1996. P. 242–254.

Санкт-Петербургский государственный университет информационных технологий, механики и оптики (Неронов Ю.И.)

Центральный научно-исследовательский рентгено-радиологический институт Минздрава РФ, Санкт-Петербург (Тютин Л.А., Гарайбех Зияд)

Материал поступил в редакцию 10.07.2003.

SOFTWARE PACKAGE FOR DETERMINATION OF METABOLITE CONCENTRATIONS IN BRAIN TISSUE OF SEVERAL VOLUNTEERS USING MAGNETIC RESONANCE SPECTROSCOPY

Yu. I. Neronov, L. A. Tyutin*, Z. Garaibekh*

St. Petersburg State University of Information Technologies, Mechanics and Optics

**Central X-Ray Radiology Research Institute, Saint-Petersburg*

A "Magnetom *Vision*" tomograph was used to obtain *in vivo* magnetic resonance spectra of white brain matter from a group of 16 healthy volunteers 19 to 60 years old. The paper presents a software package for processing these spectra with minimal systematic errors and estimation of confidence levels. For the group tested the mean molar metabolite concentrations (mmol / L) of white brain matter were 10.70 ± 1.25 (N-acetylaspartate C(NAA)); 6.53 ± 0.67 (phosphocreatine C(PCr)); 1.67 ± 0.35 (choline C(Cho)); 6.39 ± 1.54 (myo inositol C(Ins)).