

# 重复时间对 MR 氢质子波谱定量脑组织代谢物浓度的影响

李来友 许茂盛 曹志坚 王世威 CC Tchoyoson Lim

**【摘要】** 目的 探讨在体单体素氢质子 MR 波谱( $^1\text{H-MRS}$ ) 重复时间(TR) 对定位测量脑组织代谢物绝对和相对浓度的影响。方法 正常志愿者 30 名采用 1.5 T 超导型 MR 成像系统行点分辨自旋回波(PRESS) 序列单体素 $^1\text{H-MRS}$  扫描, 取左侧大脑半球顶枕部白质, 体素  $8\text{ cm}^3$ , TR 分别为 1500 和 5000 ms。采用线性拟合模型(LCModel) 处理原始数据, 测量肌酸和磷酸肌酸(tCr)、谷氨酸(Glu)、肌醇(mI)、N-乙酰天冬氨酸(NAA)、甘油磷酸胆碱(GPC) 和谷氨酸和谷氨酰胺(Glx) 等的绝对浓度和相对浓度, 并采用配对 t 检验对不同 TR 下各代谢物的浓度进行比较。结果 大脑左顶枕部白质代谢物 tCr、Glu、mI、NAA、GPC 和 Glx 在 TR 为 1500 ms 时绝对浓度分别为  $(3.0 \pm 0.2)$ 、 $(4.4 \pm 0.7)$ 、 $(3.0 \pm 0.3)$ 、 $(5.0 \pm 0.4)$ 、 $(1.1 \pm 0.1)$  和  $(5.9 \pm 0.6)$  mmol/L; TR 为 5000 ms 时分别为  $(4.2 \pm 0.4)$ 、 $(5.3 \pm 0.5)$ 、 $(3.7 \pm 0.5)$ 、 $(6.7 \pm 0.7)$ 、 $(1.4 \pm 0.1)$  和  $(6.6 \pm 0.6)$  mmol/L。TR 为 1500 ms 时, Glu、mI、NAA、GPC 和 Glx 的相对浓度分别为  $1.47 \pm 0.27$ 、 $1.00 \pm 0.11$ 、 $1.69 \pm 0.17$ 、 $0.36 \pm 0.05$  和  $1.95 \pm 0.22$ ; TR 为 5000 ms 时分别为  $1.25 \pm 0.12$ 、 $0.89 \pm 0.09$ 、 $1.60 \pm 0.16$ 、 $0.33 \pm 0.04$  和  $1.58 \pm 0.17$ 。不同 TR 时, 各代谢物绝对浓度和相对浓度差异均有统计学意义( $P$  值均  $< 0.05$ )。结论  $^1\text{H-MRS}$  可有效地进行脑组织代谢物绝对浓度和相对浓度的测量, PRESS 序列中不同的 TR 所获得的代谢物绝对和相对浓度均有较大差异, 较短的 TR 可低估代谢物的绝对浓度。

**【关键词】** 脑; 磁共振成像; 磁共振波谱学

The impact of different repetition time in quantifying normal brain metabolites concentrations by proton MR spectroscopy LI Lai-you\*, XU Mao-sheng, CAO Zhi-jian, WANG Shi-wei, CC Tchoyoson Lim. \* Department of Radiology, the Affiliated First Hospital of Zhejiang Chinese Medical University, Hangzhou 310006, China

Corresponding author: XU Mao-sheng, Email: xumaosh@yahoo.com.cn

**【Abstract】** Objective To investigate the variability of absolute and relative biochemical concentrations at different repetition time (TR) in quantifying normal brain by single voxel proton MR spectroscopy. Methods Thirty normal volunteers signed informed consent were recruited for the study. Short echo time (TE = 35 ms) single voxel spectroscopy of the left parieto-occipital white matter were performed on a 1.5 T MR scanner by using point-resolved selective spectroscopy (PRESS) sequence. Two spectra were obtained using the same voxel placement and acquisition parameters but at different TRs: first at TR = 1500 ms then at TR = 5000 ms. Raw data of spectra were processed on a commercial software Linear combination model (LCModel) normalized to spectral date obtained from a reference phantom of known metabolite quantities. Measured metabolites included total creatine (tCr, creatine and phosphocreatine), glutamate (Glu), myo-inositol (mI), N-acetylaspartate (NAA), glycerophosphorylcholine (GPC), glutamate and glutamine (Glx). The t test was performed by using SPSS 11.5 for windows. Results Both the absolute and relative concentrations of normal white matter were significantly different between spectra obtained at TR = 1500 ms and that at TR = 5000 ms ( $P < 0.05$ ). The absolute concentrations (mmol/L) at TR = 1500 ms were tCr,  $3.0 \pm 0.2$ ; Glu,  $4.4 \pm 0.7$ ; mI,  $3.0 \pm 0.3$ ; NAA,  $5.0 \pm 0.4$ ; GPC,  $1.1 \pm 0.1$ ; Glx,  $5.9 \pm 0.6$ ; compared to concentration at TR = 5000 ms, tCr,  $4.2 \pm 0.4$ ; Glu,  $5.3 \pm 0.5$ ; mI,  $3.7 \pm 0.5$ ; NAA,  $6.7 \pm 0.7$ ; GPC,  $1.4 \pm 0.1$ ; Glx,  $6.6 \pm 0.6$ ; respectively. The concentrations relatively to tCr at TR = 1500 ms, were Glu,  $1.47 \pm 0.27$ ; mI,  $1.00 \pm 0.11$ ; NAA,  $1.69 \pm 0.17$ ;

基金项目:浙江省教育厅基金资助项目(20050859)

作者单位:310006 杭州,浙江中医药大学附属第一医院放射科(李来友、许茂盛、曹志坚、王世威);新加坡国立神经学院神经放射科(CC Tchoyoson Lim)

通信作者:许茂盛,Email: xumaosh@yahoo.com.cn

GPC,  $0.36 \pm 0.05$ ; Glx,  $1.95 \pm 0.22$ ; and relative concentrations at TR = 5000 ms were Glu,  $1.25 \pm 0.12$ ; mI,  $0.89 \pm 0.09$ ; NAA,  $1.60 \pm 0.16$ ; GPC,  $0.33 \pm 0.04$ ; Glx,  $1.58 \pm 0.17$ ; respectively. Conclusion Proton MR spectroscopy can accurately quantify absolute and relative concentrations of brain metabolites. Metabolites concentrations may be significant underestimated when using shorter repetition time in short TE spectroscopic study.

【Key words】 Brain; Magnetic resonance imaging; Magnetic resonance spectroscopy

氢质子 MR 波谱 (proton MR spectroscopy,  $^1\text{H-MRS}$ ) 已被广泛用来判断正常脑组织和鉴别颅脑疾病<sup>[1-6]</sup>。波谱分析中影响代谢物测量结果的因素很多<sup>[7-8]</sup>, 其中扫描序列中的重复时间 (repetition time, TR) 可比较明显地影响测量结果。本研究采用线性拟合模型 (linear combination of model, LCModel) 探讨单体素 MR 波谱 (MRS) 不同 TR 对脑组织代谢物浓度测量结果的影响。

### 资料与方法

1. 正常志愿者的选择: 入选志愿者是来自浙江中医药大学附属第一医院的医师和学生, 均符合下列条件: (1) 无神经系统症状; (2) 经神经科高年资医师体格检查排除了神经系统阳性体征; (3) 颅脑常规 MRI 无异常征象。本组符合条件的正常志愿者共 30 名, 其中男 18 名, 女 12 名; 年龄 20 ~ 39 岁, 平均 ( $26 \pm 5$ ) 岁。所有入选者均签署了经医院医学研究伦理委员会批准的 MRS 研究知情同意书。

2. MRI 和 MRS 扫描方法: 使用 GE Signa 1.5 T 超导型 MR 成像系统和头颅专用正交线圈。常规 MRI 采用 SE 序列, 标准横断面  $T_1\text{WI}$ : TR 450 ms, TE 20 ms;  $T_2\text{WI}$ : TR 4000 ms, TE 85 ms; 辅以液体衰减反转恢复 (FLAIR) 序列  $T_2\text{WI}$ 、矢状面和冠状面  $T_1\text{WI}$ 。MRS 采用 PROBE-SV 软件包中的点分辨自旋回波 (point-resolved selective spectroscopy, PRESS) 序列, 常规  $T_1\text{WI}$  或  $T_2\text{WI}$  上取左侧大脑半球顶枕部白质定位为波谱感兴趣区 (ROI) (图 1), 体素为  $2\text{ cm} \times 2\text{ cm} \times 2\text{ cm}$ 。同一部位分别行 TR 为 1500 和 5000 ms 的 2 次扫描, 其他扫描参数均相同, 包括 TE 35 ms, 扫描次数为 64 次, 激励次数为 (NEX) 1 次, 水抑制, 自动匀场。预扫描自动匀场要求半峰全宽 (FWHM) 不大于 7, 水抑制达到 95% 以上, 扫描时间分别为 2 min 12 s (TR 1500 ms) 和 7 min 20 s (TR 5000 ms), 完成上述扫描时间约 30 min。

3. 波谱体模 MRS 扫描: 同期对随机配置的已知代谢物浓度的波谱体模进行扫描, ROI 取体模中央区域, 体素大小、扫描方法及参数与在体扫描时相

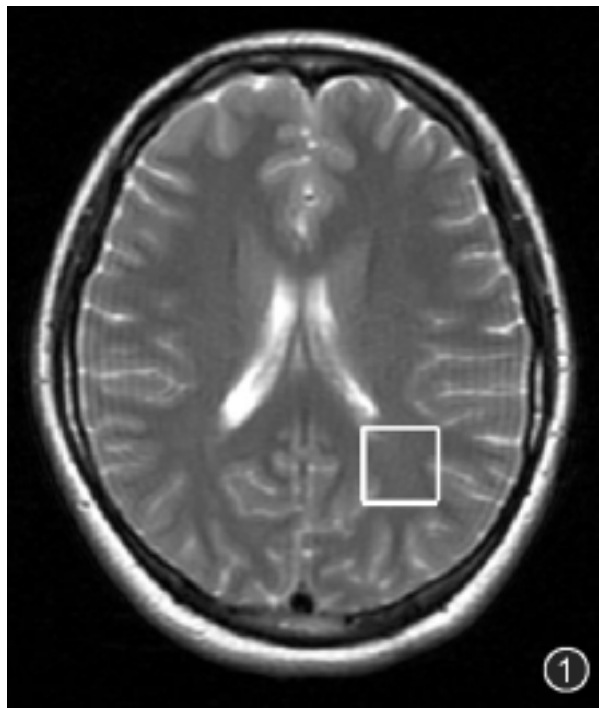


图 1 MR 波谱的感兴趣区选择左顶枕部白质, 体素为  $2\text{ cm} \times 2\text{ cm} \times 2\text{ cm}$

同。体模所含物质浓度分别为: 磷酸氢二钾 50 mmol/L, 氢氧化钠 5 mmol/L, N-乙酰左旋天冬氨酸 12.5 mmol/L, 水合肌酸 10.0 mmol/L, 氯化胆碱 3.0 mmol/L, 肌醇 7.5 mmol/L, 左旋谷氨酸 12.5 mmol/L, 乳酸 5.0 mmol/L, 叠氮化钠 0.10% 和 钆喷替酸葡甲胺 0.10%。

4. 数据分析: 采用随机软件包 Functool 对波谱图形进行初步观察, 并获得谱线图和定位图。将扫描后产生的原始数据即“P 文件”通过 MR 仪随机软件 FTP 导出, 传递至配备分析软件 LCModel 的工作站。采用 LCModel 6.1-0 版本, 按其操作手册提供的方法分析, 所需的基本谱由 LCModel 研制者 Provencher 提供 (<http://www.s-provencher.com/pages/lcm-manual.shtml>)。从已知代谢物体模获取校正系数 ( $F_{\text{calib}}$ ),  $F_{\text{calib}} = C_{\text{true}}/C_{\text{lcm}}$ ,  $C_{\text{true}}$  和  $C_{\text{lcm}}$  分别代表代谢物的真正浓度和 LCModel 分析获得的浓度。然后用该校正系数通过 LCModel 分析正常志愿者的波谱, 即可获得代谢物的绝对浓度, 同时可获得代谢物与肌酸和磷酸肌酸 (tCr) 的比值, 即相对浓度。测量的代谢物包括 tCr、谷氨酸 (Glu)、肌醇 (mI)、N-乙酰天冬氨酸 (NAA)、甘油磷酸胆碱 (GPC)、谷氨酸和谷氨酰胺 (Glx) 等。获得的“.ps”文件用于观察数据初步结果, 使用软件 Gsview 4.8 同时获得的“.xls”文件用来导出各种代谢物具体

值, 采用 Microsoft Office Excel 2003 软件整理数据。

5. 统计学方法: 采用 SPSS 11.5 统计软件对 Excel 获得的数据进行统计学处理, 定量资料以  $\bar{x} \pm s$  表示, 并计算变异系数(CV),  $CV = (s/\bar{x} \times 100\%)$ 。采用配对 t 检验比较不同 TR 下各代谢物浓度均数间的差异,  $P < 0.05$  为差异有统计学意义。

### 结 果

全部正常志愿者左顶枕部白质 TR 分别为 1500 和 5000 ms 的 MRS 扫描均可获得满意的谱线图。同一部位在不同 TR 时所得主要代谢物谱峰肉眼观察相近(图 2, 3)。

获得的原始数据经 LCModel 自动拟合, 在导出的“.ps”文件观察拟合效果, 如代谢物共振峰、基线、残余等情况(图 4)。由“.xls”文件导出的数据包括谱线的 FWHM、信噪比(SNR)以及各代谢物的绝对浓度和相对浓度。经统计, 正常志愿者的 MRS 扫描 TR 分别为 1500 和 5000 ms 的 FWHM 分别为:  $0.049 \pm 0.009$  和  $0.052 \pm 0.010$  (ppm,  $\times 10^{-6}$ ), 经配对 t 检验两者间差异无统计学意义 ( $t = 1.556$ ,  $P > 0.05$ ); 而后的 SNR 较高, 分别为  $13.4 \pm 3.1$  和  $19.4 \pm 3.9$ , 两者间差异有统计学意义 ( $t = -13.416$ ,  $P < 0.01$ ), 说明较长 TR 可获得较高 SNR 的波谱。

所获代谢物在不同的 TR 时其绝对浓度(表 1)和相对浓度(表 2)均不同, 并且差异均有统计学意义( $P < 0.05$ )。所获代谢物浓度数值的 CV 见表 3。

### 讨 论

1. 在体 MRS 脑组织代谢物定量分析方法: 尽管 MRS 的临床应用已有二十余年的历史, 但脑组织代谢物 MRS 定量分析的仍面临挑战。其原因在于

表 1 30 名正常志愿者左顶枕部脑白质代谢物绝对浓度测量结果 (mmol/L,  $\bar{x} \pm s$ )

| 分组 (ms) | 肌酸和磷酸肌酸       | 谷氨酸           | 肌醇            | N-乙酰天冬氨酸      | 甘油磷酸胆碱        | 谷氨酸和谷氨酰胺      |
|---------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|---------------|
| TR 1500 | $3.0 \pm 0.2$ | $4.4 \pm 0.7$ | $3.0 \pm 0.3$ | $5.0 \pm 0.4$ | $1.1 \pm 0.1$ | $5.9 \pm 0.6$ |
| TR 5000 | $4.2 \pm 0.4$ | $5.3 \pm 0.5$ | $3.7 \pm 0.5$ | $6.7 \pm 0.7$ | $1.4 \pm 0.1$ | $6.6 \pm 0.6$ |
| t 值     | -16.20        | -5.78         | -9.44         | -15.47        | -19.91        | -6.53         |
| P 值     | <0.01         | <0.01         | <0.01         | <0.01         | <0.01         | <0.01         |

表 2 30 名正常志愿者左顶枕部脑白质代谢物相对浓度测量结果 ( $\bar{x} \pm s$ )

| 分组 (ms) | 谷氨酸             | 肌醇              | N-乙酰天冬氨酸        | 甘油磷酸胆碱          | 谷氨酸和谷氨酰胺        |
|---------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| TR 1500 | $1.47 \pm 0.27$ | $1.00 \pm 0.11$ | $1.69 \pm 0.17$ | $0.36 \pm 0.05$ | $1.95 \pm 0.22$ |
| TR 5000 | $1.25 \pm 0.12$ | $0.89 \pm 0.09$ | $1.60 \pm 0.16$ | $0.33 \pm 0.04$ | $1.58 \pm 0.17$ |
| t 值     | 3.70            | 5.18            | 2.21            | 5.47            | 7.34            |
| P 值     | <0.01           | <0.01           | <0.05           | <0.01           | <0.01           |

表 3 30 名正常志愿者所测代谢物数据的变异系数 (%)

| 分组 (ms) | 肌酸和磷酸肌酸 | 谷氨酸  | 肌醇   | N-乙酰天冬氨酸 | 甘油磷酸胆碱 | 谷氨酸和谷氨酰胺 |
|---------|---------|------|------|----------|--------|----------|
| 绝对浓度    |         |      |      |          |        |          |
| TR 1500 | 6.7     | 15.9 | 10.0 | 8.0      | 9.1    | 10.1     |
| TR 5000 | 9.5     | 9.4  | 13.5 | 10.4     | 7.1    | 9.1      |
| 相对浓度    |         |      |      |          |        |          |
| TR 1500 | —       | 18.4 | 11.0 | 10.1     | 13.9   | 11.3     |
| TR 5000 | —       | 9.6  | 10.1 | 10.0     | 12.1   | 10.8     |

注: —表示未计算

影响代谢物定量分析的因素太多, 相对浓度和(或)绝对浓度的测量是在体 MRS 代谢物研究的主要方法。常用的是以 tCr、NAA、GPC 等代谢物为参照获得同体素内 2 种代谢物间的相对比值即相对浓度, 其中 tCr 最常用<sup>[9-10]</sup>。tCr 在正常人群和许多颅脑疾病中变化不明显, 该方法可有效地去除磁场不均匀

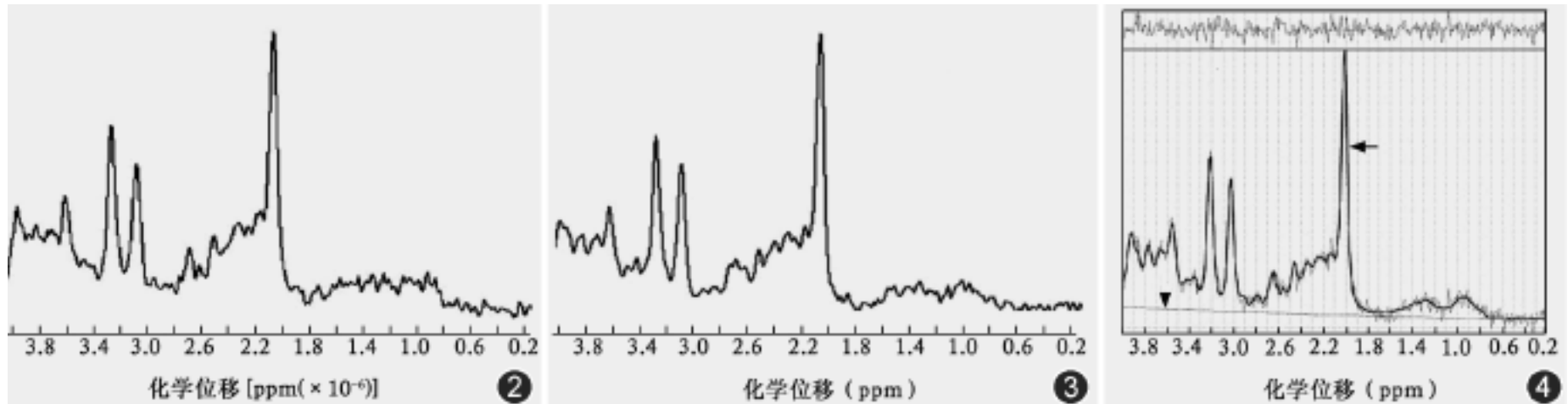


图 2, 3 单体素点分辨自旋回波序列, TE 均为 35 ms, TR 分别为 1500 ms(图 2)和 5000 ms(图 3)时的代谢物波形图肉眼观察十分相似  
图 4 左顶枕部白质波谱在 TR 1500 ms 时线性拟合模型(LCModel)拟合结果。LCModel 拟合谱线为黑色曲线(黑箭), 灰色曲线为原始谱线, 箭头示 LCModel 拟合自动产生的基线, 图上部曲线示拟合后的残余, 即噪声

等因素导致的测量误差,但在 tCr 可有较大变化的疾病(如脑肿瘤)其结果就不可靠。采用正常侧对照是另一较常用的相对浓度定量方法<sup>[2,6]</sup>,该技术多用于多体素波谱研究,它可克服被参照代谢物不恒定导致的误差,但当病变范围较大或对侧也存在病变时就难于实现。

MRS 对脑组织代谢物绝对浓度进行测量较为复杂,但是可行的<sup>[7-8,11]</sup>,且不受上述因素的影响。波谱中共振峰的面积与质子浓度呈正比,因此,对共振峰进行准确积分是获知代谢物浓度的有效途径。由于 MRS 的共振峰高度即纵坐标(Y 轴)采用的是随机单位,即其 Y 轴的标尺是未知的,这就是本组中不同 TR 获得的谱线肉眼观察差别不明显的主要原因。因此,代谢物绝对浓度测量首先有赖于确立该谱线的 Y 轴标尺。常用较可靠的方法有内参照法和体模法<sup>[7,12]</sup>。本研究选用体模法将已知主要脑组织代谢物浓度置于 1 个特制模型中单独进行 MRS 扫描,获取代谢物测量值与实际浓度比较计算出的校正系数,用该系数可以获得相同硬件设备和扫描参数下的被检人体脑组织代谢物浓度。从所获正常代谢物绝对浓度数据来看,其 CV 大多在 10% 左右,最大不超过 16%,说明该方法是相对可靠的。

2. TR 对代谢物浓度测量的影响及优选:外磁场强度、磁场均匀度、磁敏感性以及扫描参数中 TE、TR 等因素均可影响组织代谢物浓度的定量分析结果。因此,在体 MRS 研究时需要使用相同的 MR 仪(多中心研究要用校正技术),高质量的匀场,定位时避免包含颅骨、气体、出血等磁敏感性物体以及采样时使用固定的扫描参数(特别是 TE、TR 等)以获得具有可比性的研究结果。

但波谱扫描时,因扫描时间与 TR 成正比,临床实践中较长的 TR 意味着较长的采集时间,将导致检查成功率的下降(患者移动造成的检查失败将增加)和较低的检查效率;而较短的 TR 将降低波谱的质量。因此,选择合适的 TR 对波谱研究和临床应用十分重要。理论上,代谢物共振峰强度与质子的纵向磁化强度成正比,MRS 扫描时应设法消除纵向弛豫效应( $T_1$  relaxation effect)的影响<sup>[13]</sup>。既往的研究表明,较短的 TR 可导致纵向磁化不完全,从而导致代谢物绝对浓度的低估,这可解释本组资料中 TR 为 1500 ms 时的浓度显著低于 5000 ms 时,该结果与文献中 TR 为 3000 ms 和 6000 ms 的数值成比例<sup>[12,14]</sup>。

从纵向磁化率规律可知,要获得准确的绝对浓

度测量结果需采用较长的 TR 以消除  $T_1$  效应影响。但临床应用时需考虑患者的耐受能力、检查效率等因素,笔者认为 LCMoDel 研制者 Provencher 推荐的 TR 3000 ms 是定量代谢物绝对浓度的较好方案。MRS 相对浓度研究和临床应用中同样需要注意 TR 的影响。

3. 代谢物浓度测量的限度:影响在体代谢物浓度测量的因素众多,包括磁场均匀度、磁敏感性、线圈负载电压、发射和接受增益、代谢物共振峰之间的重叠、体素内部分容积效应以及后处理技术等<sup>[7-8]</sup>,其中,重要且较为复杂的是代谢物共振峰之间的重叠,特别是化学位移在 2.0 ~ 3.8 ppm 之间的共振峰,这在短 TE 的扫描序列中尤其明显。模拟或适配是克服共振峰重叠的有效手段,LCMoDel<sup>[15]</sup>通过各种纯的已知代谢物 MRS 扫描获得其谱线特征,使用专用分析软件组合后形成 1 个基本谱,对在体谱线进行自动适配分析各代谢物浓度,经动物实验和正常人脑组织代谢物进行在体<sup>1</sup>H-MRS 定量分析,取得较为满意的结果,被认为是比较可靠的波谱定量研究方法<sup>[16]</sup>。但由于该技术固有的局限性和波谱扫描过程中的多种因素影响,在定量过程中需要仔细分析,综合考虑各种因素影响,同时考量相对浓度和绝对浓度方可获得可靠的结果。但 LCMoDel 操作较为繁琐,软件价格也较高,影响其临床应用。

综上所述,尽管受扫描时间限制,研究过程中采用恒定的 TR 是获得可比性代谢物定量数据的前提。进一步,准确而简便的 MRS 代谢物定量方法仍有待深入研究。

志谢 感谢新加坡生物医学研究委员会(Biomedical Research Council of Singapore)的部分资助

#### 参 考 文 献

- [1] 杜湘珂,冯义廉.医学磁共振波谱是人体功能代谢病生理检查的一种方法.中华放射学杂志,2000,34:725.
- [2] 许茂盛,潘智勇,曹志坚,等.颅脑肿瘤强化周围区域的多体素氢质子波谱研究.中华放射学杂志,2003,37:1105-1110.
- [3] Andre E, Xu M, Yang D, et al. MR spectroscopy in sinus mucocele: N-acetyl mimics of brain NAA. AJNR, 2006, 27: 2210-2213.
- [4] Ott D, Hennig J, Ernst T. Human brain tumors: assessment with in vivo proton MR spectroscopy. Radiology, 1993, 186: 745-752.
- [5] Law M, Cha S, Knopp EA, et al. High-grade gliomas and solitary metastases: differentiation by using perfusion and proton spectroscopic MR Imaging. Radiology, 2002, 222: 715-721.
- [6] Xu M, See SJ, Ng WH, et al. Comparison of magnetic resonance spectroscopy and perfusion weighted imaging in pre-surgical grading of oligodendroglial tumors. Neurosurgery, 2005, 56: 919-926.
- [7] Michaelis T, Merboldt KD, Bruhn H, et al. Absolute

concentrations of metabolites in the adult human brain in vivo: quantification of localized proton MR spectra. *Radiology*, 1993, 187: 219-227.

[ 8 ] Helms G. Analysis of 1.5 tesla proton MR spectra of human brain using LCModel and an imported basis set. *Magn Reson Imaging*, 1999, 17: 1211-1218.

[ 9 ] Danielsen ER, Ross BD. *Magnetic resonance spectroscopy diagnosis of neurological diseases*. New York: Marcel Dekker, 1999: 194-241.

[ 10 ] Frahm J, Bruhn H, Gyngell ML, et al. 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.

[ 11 ] Woermann FG, McLean MA, Bartlett PA, et al. Quantitative short echo time proton magnetic resonance spectroscopic imaging study of malformations of cortical development causing epilepsy. *Brain*, 2001, 124: 427-436.

[ 12 ] Wellard RM, Briellmann RS, Jennings C, et al. Physiologic variability of single-voxel proton MR spectroscopic measurements at 3 T. *AJNR*, 2005, 26: 585-590.

[ 13 ] Salibi N, Brown MA. *Clinical MR spectroscopy: first principles*. New York: Wiley-Liss, 1998: 29-49.

[ 14 ] Pouwels PJ, Frahm J. Regional metabolite concentrations in human brain as determined by quantitative localized proton MRS. *Magn Reson Med*, 1998, 39: 53-60.

[ 15 ] Provencher SW. Estimation of metabolite concentrations from localized in vivo proton NMR spectra. *Magn Reson Med*, 1993, 30: 672-679.

[ 16 ] Torriani M, Thomas BJ, Halpern EF, et al. Intramyocellular lipid quantification: repeatability with <sup>1</sup>H MR spectroscopy. *Radiology*, 2005, 236: 609-614.

( 收稿日期: 2007-10-24 )

( 本文编辑: 张琳琳 )

## · 读片集萃 ·

### 先天性胆管扩张症自发破裂一例

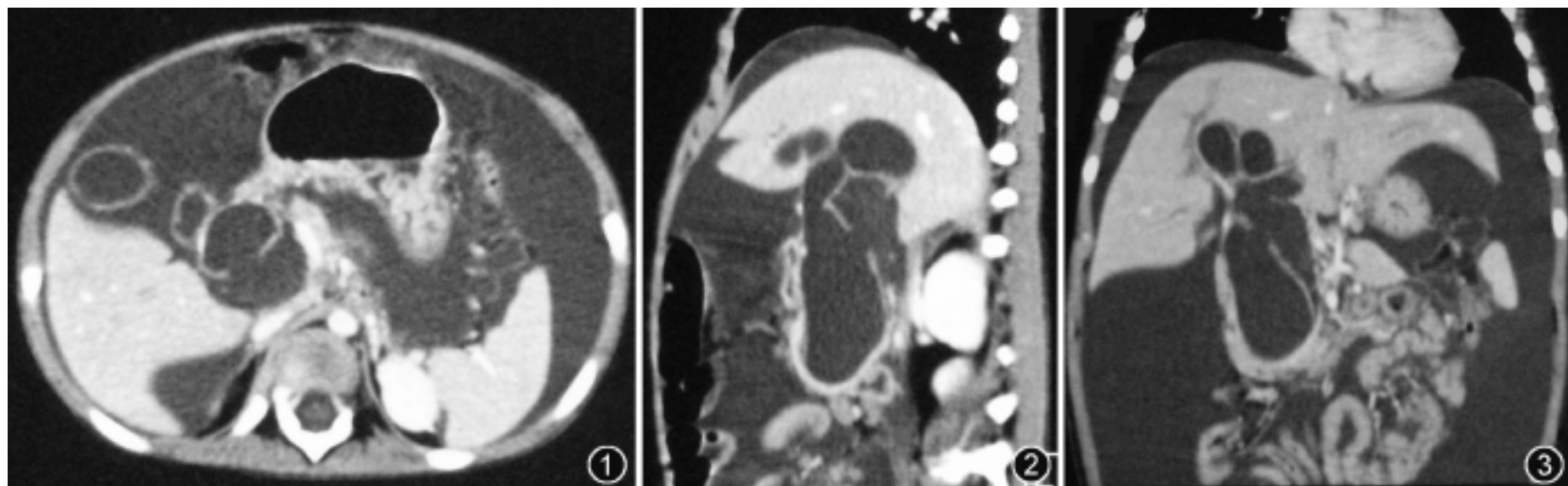
全世杰 任连兴 于秀荣 王琦 王文刚 殷曰慧

患儿 女, 2 岁。5 d 前无诱因出现腹胀、呕吐、阵发性哭闹, 3 d 前在外院诊断为“肠套叠”予以空气灌肠整复。2 d 前再次出现腹胀、烦躁不安, 无呕吐、腹泻, 排陶土样大便 1~2 次/d。体检: 体温最高达 38.6℃, 体型消瘦, 呈脱水貌, 神志清楚, 嗜睡, 皮肤轻度黄染, 全腹部压痛, 腹肌紧张, 移动性浊音阳性 (+), 肠鸣音弱。实验室检查: 白细胞:  $23.5 \times 10^9/L$ , 中性粒细胞: 0.85, 淋巴细胞: 0.12。

CT 检查示: 腹部 CT 轴面平扫, 胆总管裂孔直径 1.5 cm × 1.5 cm, 受腹水挤压肠管向腹中部聚拢(图 1)。胆总管区旁矢状面重组图像示: 肝内、外胆管明显扩张, 裂孔位于胆总管上端偏后部, 上下径约 1.5 cm, 可见大量腹水(图 2)。胆总管区冠状面重组图像示: 肝内、外胆管明显扩张, 裂孔位于胆总管上端偏内侧, 上下径约

1.5 cm, 受腹水挤压肠管向腹中部聚拢(图 3)。手术表现: 常规开腹, 见腹腔有黄褐色混浊液体约 1200 ml; 腹腔脏器黄染, 广泛粘连; 游离肝下胆囊间隙, 见胆总管上端右后壁有直径 2.5 cm 坏疽穿孔, 周边有纤维素样物质; 清除坏死组织, 有泥沙样墨绿色胆汁溢出。行胆总管囊肿破裂修补, T 管引流术, 术后患者恢复良好。病理诊断为胆管囊性变。

说明: 先天性胆管扩张症又称胆总管囊肿, 典型临床表现为腹痛、腹部肿块和黄疸所组成的三联征, 症状多在婴幼儿时期出现。具有先天性胆管扩张症的患者突发急性腹膜炎应想到本病的可能。CT 具有良好的密度分辨率和空间分辨率, 且具有任意层面重组功能, 能更准确的显示破裂孔的实际大小与其解剖部位, 对诊断本病有较大价值。



( 收稿日期 2007-10-17 )

( 本文编辑: 张晓冬 )