

Determinazione degli intervalli di valori dei parametri TE e TR per immagini MRI di tuorlo e albume

Daniele Dall'Olio

Carlo Emilio Montanari

5 gennaio 2018

Sommario

Si vogliono determinare gli intervalli dei valori dei tempi T_E e T_R per ottenere immagini MRI di un uovo pesate in T_1 e pesate in T_2 . Per fare ciò si è proceduto a misurare i tempi caratteristici di albume e tuorlo separatamente tramite Inversion Recovery e CPMG. I dati sperimentali ottenuti sono stati processati e valutati tramite software UPENWin.

Introduzione

L'esperimento effettuato si è basato sui principi della risonanza magnetica nucleare [2] ed è stato realizzato secondo specifici metodi di acquisizione.

Risonanza Magnetica e Rilassometria

La risonanza magnetica nucleare è un fenomeno fisico che comporta la transizione tra stati energetici del momento angolare nucleare dei nuclei atomici. Il fenomeno si verifica solo in presenza di nuclei atomici caratterizzati da momento angolare, che permette l'interazione con campi magnetici esterni. La combinazione delle interazioni dei vari nuclei con lo stesso campo magnetico induce la formazione di una magnetizzazione nucleare di equilibrio, da cui è possibile ricavare informazioni sul sistema studiato.

Infatti, le informazioni si rilevano studiando il ritorno della magnetizzazione allo stato di equilibrio. Ciò è realizzato cedendo al sistema energia in condizione di risonanza e lasciando che la magnetizzazione tenda a riportarsi allo stato d'ordine iniziale.

All'equilibrio, la magnetizzazione nucleare è allineata con il campo magnetico uniforme applicato, detto B_0 , e, una volta stimolato il sistema, applli-

cando un impulso, la magnetizzazione è caratterizzata da un moto. L'impulso esercitato equivale ad un campo magnetico stimolante, detto B_1 , che è perpendicolare a B_0 ed oscillante con una frequenza pari alla frequenza di risonanza. L'applicazione di B_1 allontana la magnetizzazione dallo stato stazionario e innesca un moto per la magnetizzazione. Il moto innescato è una combinazione di rotazioni sia attorno a B_0 che alla direzione di B_1 . La rotazione per B_1 permette di modificare la direzione della magnetizzazione e quindi il tempo di applicazione dell'impulso incide sulla grandezza dell'angolo di rotazione, chiamato flip angle.

Al termine dell'impulso, se il sistema si trovasse in condizioni ideali, la magnetizzazione dovrebbe continuare solo a ruotare attorno a B_0 alla frequenza di risonanza. Ciò però non si verifica a causa delle diverse posizioni degli atomi nel sistema, che comporta la percezione della non perfetta uniformità del campo magnetico B_0 .

In conseguenza gli atomi sono caratterizzati da diverse frequenze di rotazione dei singoli momenti angolari. Un fenomeno di questo tipo causa una dispersione del vettore magnetizzazione sul piano perpendicolare alla direzione di B_0 . In questo modo il vettore magnetizzazione ritorna alla posizione di equilibrio e questo effetto è denominato rilassamento.

Il rilassamento è studiato in due componenti, la componente lungo la direzione del campo magnetico B_0 (a cui associamo l'asse z) e la componente sul piano perpendicolare (piano xy). Entrambe le componenti sono perciò caratterizzate da un relativo tempo di rilassamento, che nel caso della componente z chiameremo T_1 e nel caso del piano xy chiameremo T_2 . A partire dallo studio di questi due tempi di rilassamento, sono state sviluppate tecniche per l'elaborazione di immagini MRI.

Nella sezione successiva si trattano i metodi e la strumentazione adoperati in questo esperimento per la misurazione di queste due grandezze.

Tomografia a Risonanza Magnetica Nucleare

Per riuscire ad ottenere un segnale NMR localizzato spazialmente si fa uso di campi magnetici B_0 non uniformi lungo la coordinata x e caratterizzati da un gradiente di campo magnetico lineare nella forma $B_z = B_0 + G_x x$, in questo modo si avrà come diretta conseguenza che le frequenze di Larmor dipenderanno linearmente in egual misura dalla coordinata x secondo l'equazione:

$$\nu(x) = \frac{\gamma}{2\pi} B_0 + \frac{\gamma}{2\pi} G_x x \quad (1)$$

Sfruttando quindi gradienti lineari lungo le 3 coordinate spaziali, si possono ottenere frequenze dipendenti linearmente dalla posizione dei nuclei lungo la coordinata x tramite trasformata di Fourier. Una delle sequenze di segnali più usata è la sequenza *Gradient-Echo*, rappresentata in Figura 1.

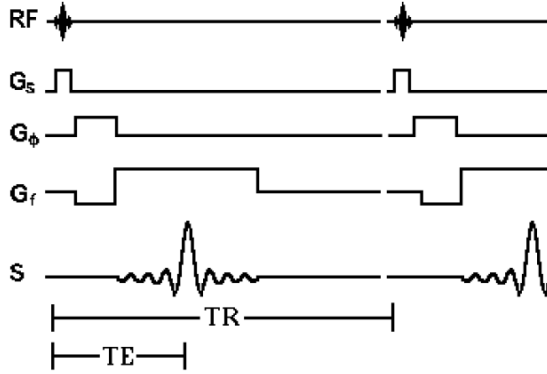


Figura 1: Schema rappresentante i segnali usati in una sequenza *Gradient-Echo*, un gradiente G_s , lungo z , insieme ad un impulso RF , seleziona la slice; un gradiente lungo y codifica la fase G_ϕ ; un gradiente lungo x codifica la frequenza G_f . [2]

Tramite il principio zeugmatografico è quindi possibile costruire una procedura di costruzione di immagini tramite risonanza magnetica. Tuttavia, per riuscire a tener conto delle pesature in T_1 ed in

T_2 dei vari materiali, nonché evitare costanti ricollocazioni dei gradienti, si preferisce operare tramite metodo spin-warp.

Metodo spin-warp

Con questo metodo, per definire una immagine su di un piano (x, y) , si comincia con l'effettuare N_ϕ misure, ciascuna caratterizzata da un suo gradiente G_ϕ di durata τ_ϕ . Queste misure sono intervallate da un tempo di ripetizione T_R . Si acquisiscono N_f dati per ogni misura (per un totale di $N_\phi N_f$).

Dalla teoria [3] si ha che il segnale acquisito sarà proporzionale alla densità dei nuclei presenti secondo l'equazione:

$$S(G_\phi, \tau_\phi, G_f, t) \propto \int_{\text{slice}} \int_{\text{slice}} \rho(x, y) e^{-i\gamma G_\phi y \tau_\phi} e^{-i\gamma G_\phi x \tau_\phi} dx dy \quad (2)$$

Trattando quindi il tutto su di uno spazio K , sul quale si definiscono le variabili

$$K_x = \frac{\gamma}{2\pi} G_f t \quad (3)$$

$$K_y = \frac{\gamma}{2\pi} G_\phi \tau_\phi \quad (4)$$

si può ricavare da (2) la densità in funzione del segnale:

$$\rho(x, y) \propto \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} S(K_x, K_y) e^{2i\pi(K_x x + K_y y)} dK_x dK_y. \quad (5)$$

Variando i gradienti si riesce quindi a campionare tutto lo spazio K .

Per avere un buon contrasto nell'immagine, si fa uso di una sequenza a eco di spin con metodo spin-warp, la cui magnetizzazione è caratterizzata dall'equazione:

$$M_{xy}(T_R, T_E) = M_0 [1 - e^{-\frac{T_R}{T_1}} (2e^{-\frac{T_E/2}{T_1}} - 1)] e^{-\frac{T_E}{T_2}}. \quad (6)$$

Dove i parametri fondamentali T_E e T_R possono essere manipolati al fine di ottenere diverse tipologie di contrasto pesato o sui tempi T_1 dei materiali o sui tempi T_2 o sulla densità protonica.

Materiali e metodi

Si comincia col dare una panoramica generale dei metodi di misura e acquisizione dati tramite impulsi CPMG e IR. Si prosegue poi con la descrizione della strumentazione utilizzata e dei parametri di misura scelti per i campioni di tuorlo e albume.

Metodo CPMG e IR

Quando si misurano i tempi di rilassamento T_1 e T_2 si vanno ad acquisire curve sperimentali di rilassamento seguendo l'evoluzione nel tempo del vettore magnetizzazione dopo una perturbazione.

Quello che tuttavia è possibile misurare è solamente la componente del vettore magnetizzazione nel piano trasversale.

Questa componente viene misurata in unità arbitrarie $S(t)$ e, acquisendo coppie di valori $(S(t), t)$, si vanno a costruire le curve di rilassamento, sulle quali viene poi effettuata l'opportuna analisi dati.

Metodo IR. Il metodo *Inversion Recovery* serve per misurare il tempo T_1 di rilassamento longitudinale. Siccome ogni misura fatta riguarda solo le componenti trasversali del vettore di magnetizzazione, si esegue prima un impulso di inversione di 180° sul vettore magnetizzazione non perturbato, poi, dopo un tempo τ variato di volta in volta, si esegue un secondo impulso di inversione di 90° per traslare la componente $M_z(\tau)$ sul piano (x, y) e misurarne i valori. Per ottenere un impulso di inversione di 180° si può sia fare uso di un campo magnetico di intensità doppia rispetto a quello usato dall'impulso di 90° ; oppure fare uso della stessa intensità, ma con una durata di applicazione doppia (Figura 2).

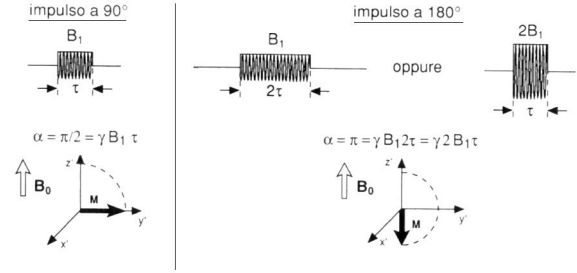


Figura 2: Confronto grafico tra impulso di inversione di 90° e due varianti di impulso di 180° . [2]

Variando il valore di τ e misurando il picco del segnale di FID che avviene dopo la seconda inversione, è possibile tracciare la curva del rilassamento longitudinale a partire dalla formula ideale:

$$M_z(\tau) = M_0 \left(1 - 2e^{-\frac{\tau}{T_1}} \right) \quad (7)$$

Per contemplare però anche le inevitabili disomogeneità sperimentali del campo B_1 , si considera un parametro di smorzamento η tale che:

$$M_z(\tau) = M_0 \left(1 - (1 + \eta)e^{-\frac{\tau}{T_1}} \right) \quad (8)$$

Per visualizzare meglio il processo, si rimanda il lettore alla Figura 3.

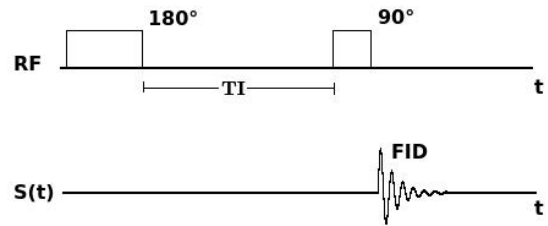


Figura 3: Segnale ottenuto tramite sequenza di impulsi IR. [2]

Metodo CPMG. Il metodo *Carr-Purcell-Meiboom-Gill* viene usato per ottenere una misura di T_2 priva dei bias causati dalla non uniformità del campo magnetico applicato B_0 e dagli effetti di diffusione molecolare interni al campione.

Queste imperfezioni, infatti, fanno sì che con una misura tramite FID venga sempre misurato un tempo di rilassamento T_2^* molto minore del T_2 "vero", causato solo dalle interazioni intrinseche del sistema. Inoltre, il metodo CPMG risulta più efficace rispetto al metodo Spin Echo (SE) in quanto riduce consistentemente gli effetti di diffusione molecolare, causati sempre dal gradiente del campo magnetico B_0 .

Il metodo CPMG può essere presentato come un ampliamento del metodo SE: ottenuto un segnale di NMR con un segnale di impulso di 90° , si vogliono rimuovere gli effetti di decadimento causati dalla inhomogeneità di B_0 applicando segnali di inversione di 180° . Tuttavia, invece di applicare un solo segnale di inversione a diversi tempi τ_i per poi misurare le conseguenti ampiezze di segnale di eco di spin, si va ad applicare una sequenza di segnali di inversione $(\tau_0 - 180^\circ - \tau_0)_n$ dove τ_0 è il tempo più breve possibile ottenibile a livello strumentale.

Riassumendo, con un metodo di acquisizione tramite FID si misura un tempo di decadimento T_2^* , che in letteratura viene spesso assunto nella forma:

$$\frac{1}{T_2^*} = \frac{1}{T_2} + \frac{1}{T_2'} \quad (9)$$

dove T_2' è la componente di tempo causata dalle imperfezioni del campo B_0 .

Con il metodo SE, si riesce ad isolare meglio T_2 . Tuttavia, rimangono gli effetti di diffusione molecolare che inevitabilmente interferiscono ancora con la misura. Indicando con τ il tempo di attesa prima del segnale di inversione, con $A(2\tau)$ l'ampiezza dell'eco al tempo 2τ e con $A(0)$ il primo segnale NMR rilevato, si ha che:

$$A(2\tau) = A(0) \exp \left(- \left(\frac{2\tau}{T_2} \right) - \frac{2}{3} \gamma^2 g^2 D \tau^3 \right) \quad (10)$$

dove γ è il rapporto giromagnetico, g è l'intensità del gradiente e D è il coefficiente di diffusione.

Con il metodo CPMG, invece, si riescono a confinare gli effetti di diffusione. Essendo τ_0 costante ed avendo molteplici segnali di eco di spin, si ha che:

$$A(t) = A(0) \exp \left(- \left(\frac{t}{T_2} \right) - \frac{1}{3} \gamma^2 g^2 D \tau^2 \right) \quad (11)$$

Per visualizzare meglio il processo CPMG, si rimanda il lettore alla Figura 4.

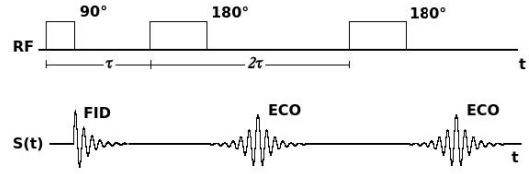


Figura 4: Segnale ottenuto tramite sequenza di impulsi CPMG. [2]

Strumenti utilizzati e parametri sperimentali

Per acquisire le curve di rilassamento longitudinale e trasversale dei campioni di albume e tuorlo, si è fatto uso di un rilassometro costituito da un elettromagnete Jeol, pilotato da una console Stelar per la gestione degli esperimenti NMR e l'acquisizione dati.

Il campo magnetico al quale sono state compiute le misure è $B_0 = 0.473 T$, corrispondente alla frequenza di Larmor $\nu = 20.15 MHz$ per il nucleo di idrogeno.

I due campioni sono stati collocati in provette NMR di 8 mm di diametro interno, per una altezza di circa 6 mm.

Si riportano tutti i principali parametri di misura in Tabella 1.

	Tuorlo	Albume
	CPMG	CPMG
Durata impulso 90°	$3.9 \mu s$	$3.8 \mu s$
TE	$200 ms$	$200 ms$
TR	$5 s$	$5 s$
numero echi	32768	32768
numero scansioni	4	4
	IR	IR
Durata impulso 90°	$3.9 \mu s$	$3.8 \mu s$
TR	$10 s$	$10 s$
TI iniziale	$100 \mu s$	$1000 \mu s$
TI finale	$10 s$	$10 s$
numero TI in scala LOG	64	64
numero di scansioni	1	1

Tabella 1: Parametri di misura per i campioni di tuorlo e albume.

Calibrazione

Per calibrare la sonda collegata al circuito L-C-R, si è eseguito un processo di *tuning* e *matching* della strumentazione tramite utilizzo di un generatore a frequenza variabile.

Nella fase di tuning, si è sintonizzata la frequenza di risonanza con la frequenza di Larmor scelta, modificando la capacità del condensatore in serie in modo da far coincidere il minimo della curva rappresentata dalla console Stelar con la frequenza di Larmor di interesse.

Nella fase di matching, si è fatta coincidere l'impedenza del circuito con la linea di trasmissione a $50\ \Omega$, agendo sul condensatore posto in parallelo alla bobina, in modo da minimizzare il valore del minimo della curva rappresentata dalla console.

Queste procedure sono necessarie per poter gestire gli effetti causati dai materiali diversi presenti all'interno del circuito e massimizzare il rapporto segnale/rumore.

Analisi dati tramite software UPEN-Win [1]

Il segnale acquisito è una curva multi-esponenziale nella forma:

$$S(t) = \sum_{k=0}^M a_k \exp(-t/T_{1/2k}) \quad (12)$$

dove si indica con k una delle tante componenti del materiale non uniforme che presenta inevitabilmente tempi di rilassamento T_1 e T_2 differenti.

Tramite algoritmo UPEN (*Uniform PENality*), implementato nel software UPENWin, si reinterpreta il segnale come una distribuzione continua dei tempi di rilassamento in forma integrale:

$$S(t) = \int f(T_{1/2}) \exp(-t/T_{1/2}) dT_{1/2} \quad (13)$$

dove $f(T_{1/2})$ è una funzione di distribuzione dei tempi di rilassamento. Per invertire quindi il segnale acquisito ed ottenere una espressione valida della funzione di distribuzione, essendo possibili infinite soluzioni a causa degli errori sperimentali associati ad ogni dato acquisito, il software UPEN fornisce una stima di soluzione in base ad un principio di penalizzazione di soluzioni con eccessivi picchi distinti e non sufficientemente giustificati dai dati.

Risultati

In questa sezione sono esposti in primo luogo i risultati delle analisi condotte sui singoli campioni e in seguito le considerazioni prodotte dal confronto tra quest'ultimi. I segnali grezzi ottenuti sono rappresentati in Figura 5 e in Figura 6.

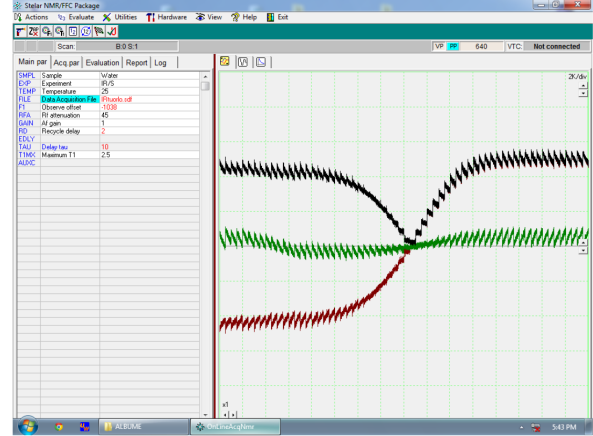


Figura 5: Segnale IR acquisito, in rosso si ha la parte reale del segnale, in verde la parte immaginaria, in nero il modulo.

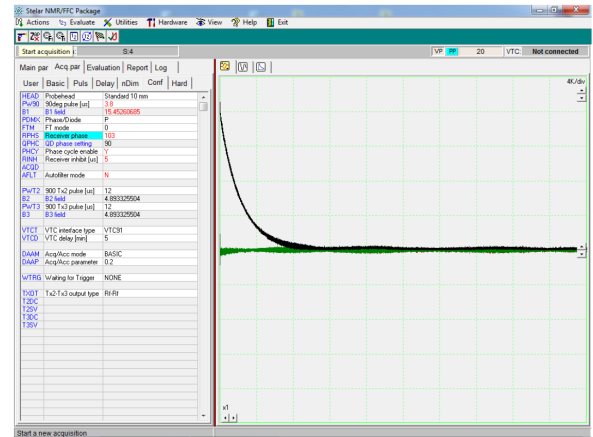


Figura 6: Segnale CPMG acquisito, in rosso si ha la parte reale del segnale, in verde la parte immaginaria, in nero il modulo.

L'analisi dei tempi di rilassamento per i due campioni ha previsto l'elaborazione dei dati attraverso il software UPENWin.

Per valutare con maggior consistenza i risultati il software è stato eseguito sugli stessi dati dei campioni secondo diverse configurazioni.

Le configurazioni impostate per UPENWin riguardo ai dati del tuorlo e dell'albuma sono state, eccetto la configurazione di default, l'utilizzo del doppio e del triplo dei punti di inversione per formulare la soluzione quasi-continua o, in alternativa, la variazione del parametro di smoothing. Le specifiche delle configurazioni sono citate in seguito.

Le prime due sezioni sono suddivise in due parti: la prima relativa all'analisi del tempo di rilassamento longitudinale T_1 , che ha coinvolto la tecnica di Inversion Recovery, e la seconda relativa al tempo di rilassamento trasversale T_2 , che ha coinvolto la tecnica di CPMG.

Albuma

Riguardo all'albuma, dall'analisi sul tempo di rilassamento longitudinale T_1 , i cui valori sono riportati nella prima colonna della tabella 2, sono rilevati due intervalli di tempo i cui segnali non sono trascurabili.

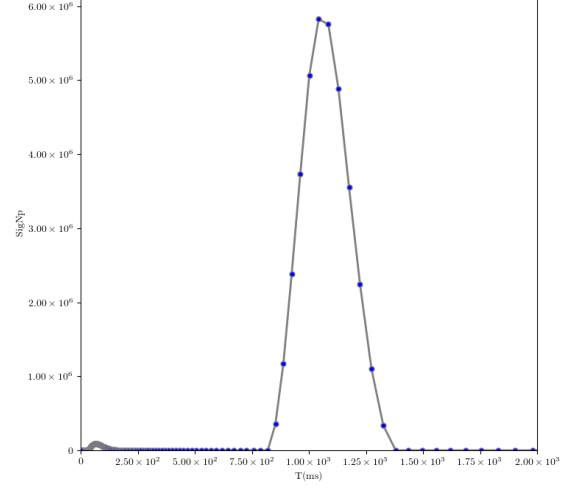
Tali risultati sono confermati da un'analisi qualitativa dei grafici(7a), vista la presenza simultanea di un picco principale e un secondo picco con intensità di segnale inferiore di almeno due ordini di grandezza. In particolare il secondo picco è individuato ad un tempo di rilassamento inferiore, indicando la presenza di un composto diverso dall'albuma.

Questo secondo picco è sottolineato nelle configurazioni di oversmoothing di Upen sia per valori del coefficiente di smoothing vicini a 1 che prossimi a 10 e ciò rafforza l'ipotesi della presenza di una piccola impurità all'interno del campione di albuma.

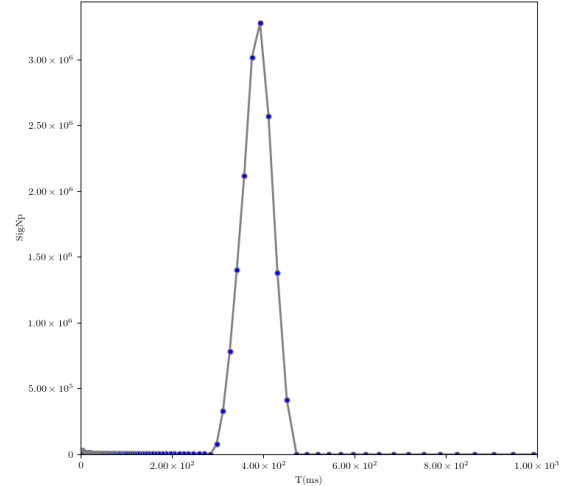
Per quanto riguarda il tempo di rilassamento trasversale T_2 , il cui valore è stimato nella seconda colonna della tabella 2, sia l'analisi qualitativa dei grafici(7b) che l'analisi quantitativa riportano un comportamento molto simile con T_1 .

Anche in questo caso è possibile notare dai dati la presenza di un picco più intenso e di un secondo picco a tempi di rilassamento prossimi a 0, che supporta l'ipotesi di impurità nel campione.

Sia per T_1 che per T_2 la larghezza dei picchi è stretta e ciò ad indicare come i composti siano nelle stesse condizioni.



(a) T_1 albuma.



(b) T_2 albuma.

Figura 7

Entrambe le curve nel grafico sono state delineate a partire dai dati generati da UPENWin nella configurazione contenente il triplo dei dati grezzi a disposizione. È stato scelto questo grafico tra tutti quelli ricavati poichè è stato considerato il più rappresentativo.

Albumine	
$T_1 (ms)$	$T_2 (ms)$
1000 ± 300	390 ± 110
65 ± 16	3.9 ± 1.7

Tabella 2: Stime dei tempi di rilassamento T_1 e T_2 dell'albumine.

Le stime dei valori dei tempi di rilassamento sono state calcolate mediando i valori relativi al punto con maggiore intensità di segnale tra tutte le configurazioni considerate.

L'errore associato ai valori è stato invece calcolato come la larghezza fra i primi due punti simmetrici dopo il picco, nella configurazione ove tale larghezza è massima. Conseguentemente le stime dei tempi sono accompagnate da errori molto elevati e ciò è ammissibile vista l'assenza di un metodo generale adeguato per la stima del migliore errore da associare a tale misura.

Studiando la relazione tra i tempi di rilassamento dell'albumine, tramite una normalizzazione sui dati, è possibile evidenziare come il tempo di rilassamento T_2 sia molto minore rispetto a T_1 ; ciò a riprova del fatto che il fluido è più viscoso dell'acqua. Il grafico seguente 8 rappresenta tale evidenza.

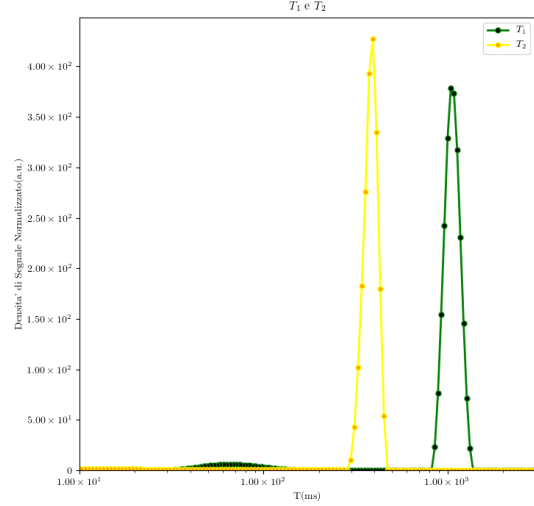


Figura 8: Relazione tra la densità di segnale normalizzato e i tempi di rilassamento per il campione di albumine.

Tuorlo

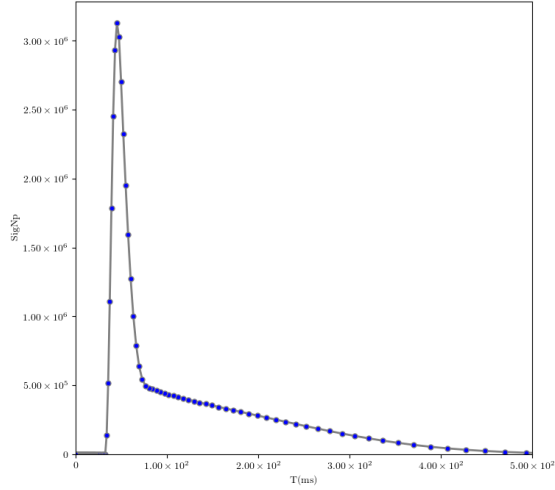
Le analisi condotte sul tuorlo hanno riportato un andamento differente da quello dell'albumine. I grafici descritti per il tempo di rilassamento T_1 contengono un picco pronunciato che per alcune configurazioni ha una coda allungata e per altre si separa da un altro picco meno intenso. Infatti, per le configurazioni di UPENWin di default e di oversmoothing risulta chiaro quest'ultimo effetto; mentre considerando il doppio e il triplo dei punti di inversione, oltre al caso di undersmoothing, il picco è dotato di una coda allungata verso tempi maggiori.

I dati relativi a T_1 si possono trovare nella prima colonna della tabella 3 mentre è possibile visualizzare una curva rappresentativa nel sottografico 9a.

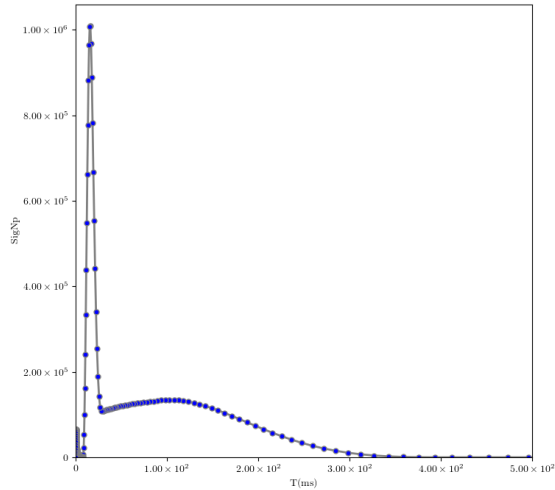
Lo studio sul tempo di rilassamento T_2 del campione di tuorlo condivide invece alcuni dei risultati che sono stati ottenuti per l'albumine. Come per quest'ultimo infatti, è presente un picco principale e un abbozzamento a tempi inferiori con intensità nettamente inferiore ma, come per il T_1 , per valori di tempi maggiori del picco principale la curva descrive un andamento più incerto. Infatti, come nel caso precedente per alcune configurazioni si ma-

nifesta un altro picco e per altre un allungamento della coda.

I valori relativi a T_2 per i due picchi sono segnati nella seconda colonna della tabella 3; mentre il sottografico 9b delinea l'andamento più consistente.



(a) T_1 *tuorlo*.



(b) T_2 *tuorlo*.

Figura 9

Come per il campione d'albume anche per il tuor-

lo i grafici considerati sono stati derivati dalla configurazione di UPENWin che elabora il triplo dei dati a disposizione.

Tuorlo	
T_1 (ms)	T_2 (ms)
46 ± 13	16 ± 4
100 ± 40	80 ± 30

Tabella 3: Stime dei tempi di rilassamento T_1 e T_2 del tuorlo.

Come già citato precendentemente le stime sono state calcolate come media tra le varie configurazioni dei valori con maggior intensità e gli errori come la larghezza fra i primi due punti simmetrici dopo il picco, nella configurazione ove tale larghezza è massima.

La relazione tra i tempi di rilassamento nel tuorlo mostrano anche in questo caso che il tempo T_2 è molto minore del tempo T_1 . Tale risultato è meglio espresso dal grafico seguente 10.

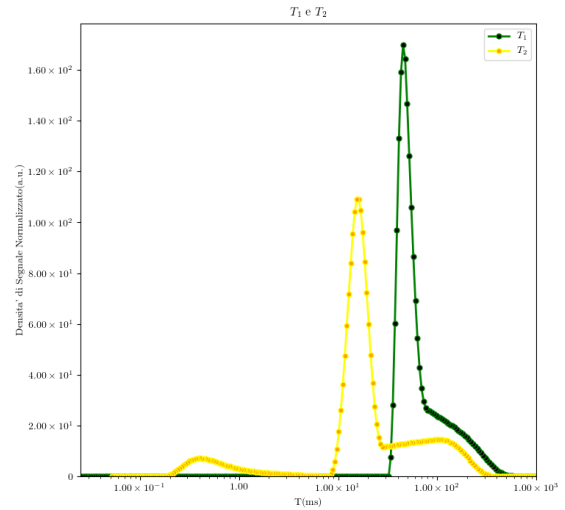


Figura 10: Relazione tra la densità di segnale normalizzato e i tempi di rilassamento per il campione di tuorlo.

Confronto tra campioni

La relazione tra i due campioni rivela come è possibile discriminare i due composti principali dell'uovo e come tale discriminazione può essere evidente.

Considerando i tempi di rilassamento longitudinali dal grafico 11 è possibile osservare che il tempo associato all'albume è molto maggiore rispetto a quello misurato per il tuorlo. Lo stesso risultato è ottenuto dal confronto tra i tempi di rilassamento trasversali, figura 12.

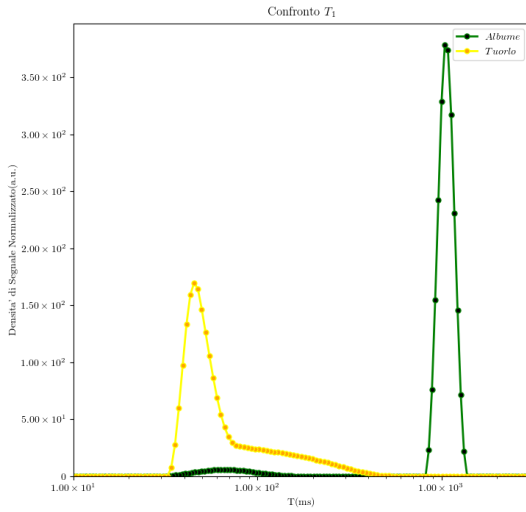


Figura 11: Confronto tra i tempi di rilassamento longitudinali.

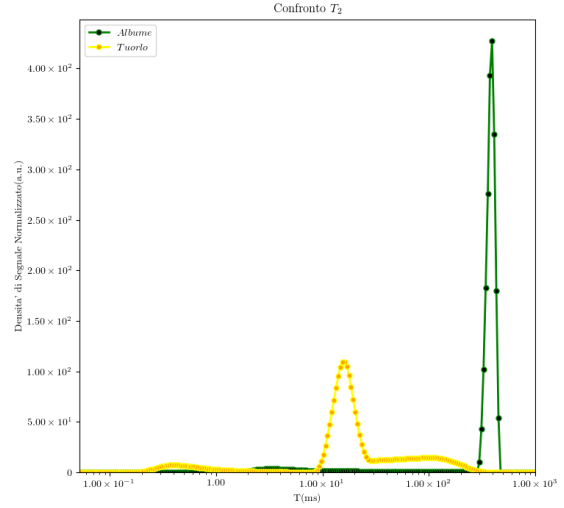


Figura 12: Confronto tra i tempi di rilassamento trasversali.

Conclusione

I risultati esposti in precedenza hanno evidenziato come sia per l'albume che per il tuorlo siano presenti impurità. Nel primo caso è plausibile che tale impurità sia presente solo in piccole dosi, vista la scarsa intensità del segnale; mentre nel secondo caso è supponibile che il tuorlo sia costituito da più composti.

Per dare un'ulteriore solidità a tale risultato si consideri il grafico 13. Da questo tipo di illustrazione è possibile valutare quanto i campioni siano descritti da un andamento monoesponenziale e quindi siano costituiti da un solo componente.

Le curve relative ai tempi di rilassamento dell'albume descrivono un andamento lineare finché il segnale non ha intensità pari a quella del rumore. Ciò implica che l'effetto più rilevante è dato dal singolo costituente dell'albume e l'effetto dato dall'impurità è trascurabile, confermando la leggera impurità ipotizzata precedentemente.

Riguardo al tuorlo invece è possibile notare che per entrambi i tempi di rilassamento si ha un andamento che approssima inizialmente una retta ma che rapidamente si inclina per formare una curva. Ciò rafforza l'idea che il tuorlo non sia costituito da un solo composto ma da diversi.

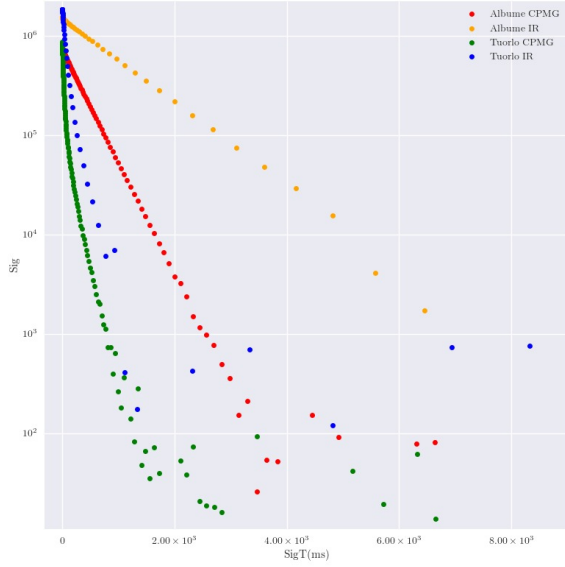


Figura 13: Rappresentazione semilogaritmica della relazione tra l'intensità del segnale acquisito e il tempo di acquisizione.

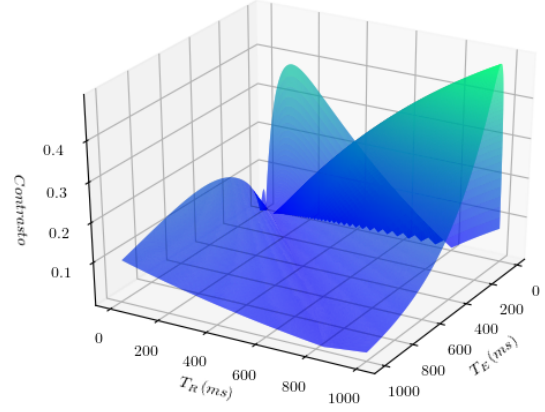


Figura 14: Rappresentazione 3D del contrasto tra albume e tuorlo.

Oltre a valutare la composizione di albume e tuorlo, è possibile dedurre dai risultati della sezione precedente che il contrasto che si può ottenere tra immagini pesate in T_1 e T_2 è alto per entrambi i campioni. Infatti, per ognuno dei due si hanno tempi di rilassamento T_2 molto inferiori a T_1 .

Avendo ottenuto i valori di T_1 e T_2 per il tuorlo e per l'albume, è ora possibile sfruttare la formula 6 di MRI Spin-Echo con metodo spin-warp per calcolare gli intervalli di T_E e T_R per ricavare immagini pesate.

È stato tracciato il grafico tridimensionale 14 del contrasto in funzione di T_E e T_R appartenenti al range 10–1000 ms , i cui valori indicano rispettivamente il limite strumentale e il valore massimo entro il quale è ragionevole ripetere la sequenza. Inoltre, sono stati tracciati i grafici 15 e 16 per ricavare gli intervalli di immagini pesate per T_1 e T_2 . Per pesare in T_1 è stato fissato il T_E al minimo strumentale ed è stato ricercato l'intervallo rispetto a T_R ; mentre per pesare in T_2 è stato fissato T_R pari al massimo valore di ripetibilità ed è stato ricercato l'intervallo su T_E .

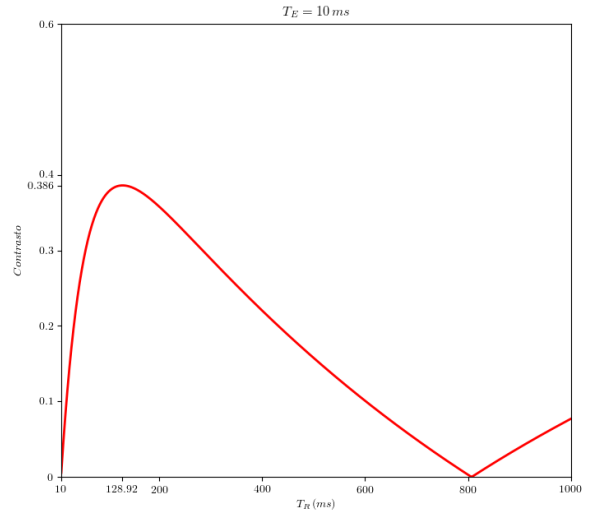


Figura 15: Andamento rispetto a T_R per pesare in T_1 .

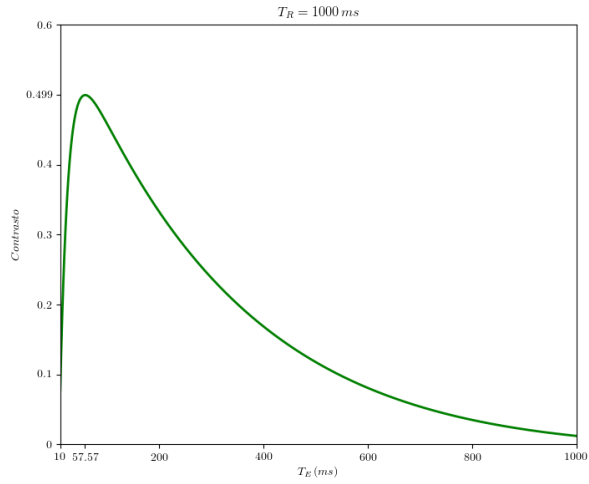


Figura 16: Andamento rispetto a T_E per pesare in T_R .

La tabella seguente contiene gli intervalli derivati approssimati al valore dell'intero più vicino.

Pesate in T_1	Pesate in T_2
$T_E = 10\ ms$	$T_E = 60\ ms$
$T_R = 130\ ms$	$T_R = 1000\ ms$

Tabella 4: Stime degli intervalli per T_E e T_R per generare immagini MRI pesate.

Riferimenti bibliografici

- [1] Bortolotti V., Brown R.J.S., Fantazzini P., *OpenWin Software*, <http://software.dicam.unibo.it/upenwin%20>, 2012.
- [2] Hornak Joseph P., *The Basics of MRI*, <https://www.cis.rit.edu/htbooks/mri/inside-i.htm>, 2016.
- [3] Dhawan Atam P., *Medical image analysis*, 2011.