

# 磁共振指纹成像技术及其临床应用

杨杨,曾军,范文亮,雷子乔,余建明

【摘要】 磁共振指纹(MR fingerprinting, MRF)技术是一种新的定量磁共振成像方法,可以在单次有效采集时间中同时测量多种组织特性参数,其可重复性好和能定量测量组织特性的能力可以更客观地协助诊断。本文总结了 MRF 技术在当前临床科研中的应用以及未来发展潜力,对 MRF 在脑、前列腺、肝脏、心脏和肌肉骨骼成像以及通过 MR 血管指纹识别技术测量血流灌注和微血管特性方面的应用进行了综述。

【关键词】 磁共振成像;指纹成像;定量多参数;临床应用

【中图分类号】R445.2 【文献标志码】A 【文章编号】1000-0313(2020)12-1629-06

DOI:10.13609/j.cnki.1000-0313.2020.12.025

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



磁共振成像是一种功能强大的诊断、预后和治疗 评估工具,但通常只能定性而不是定量的显示组织之 间的对比以用于表征潜在的病理学信息。近年来,定 量 MRI 技术的出现克服了这一局限性(如  $T_1$ -和  $T_2$ mapping),但此类方法一次仅能测量一个参数,时间 效率低下,扫描时间过长,所获得的图像需拟合数学模 型用以评估目标参数,如弛豫时间(T<sub>1</sub>)或信号衰减时 间(T<sub>2</sub>)<sup>[1-2]</sup>。后续的研究提出了几种方法来缩短采集 时间或在单次采集中提供 T<sub>1</sub> 和 T<sub>2</sub> 的组合测量<sup>[3-11]</sup>。 然而,临床应用提出了更高的要求,希望能既快速又准 确地进行定量参数的测量,磁共振指纹(MRF)技术的 诞生使其成为可能[12-14]。这项技术旨在实现一次采集 即可提供多个参数的测量,例如  $T_1$ 、 $T_2$ 、相对自旋密 度、B0和磁场不均匀性(偏共振频率)等。MRF 完全 改变了定量 MRI 的执行方式,定量化分析组织器官的 特性,使医师能够更好地区分健康和病理组织,在随访 研究中能更容易客观地比较不同的检查结果[15],并且 较常规的加权成像方法能更准确的反映细胞水平的潜 在变化[16-17]。定量成像对评估具有微观特征变化的疾 病至关重要,如心脏弥漫性纤维化、铁或肝脏脂肪沉 积[18-20]。

# MRF 成像技术原理

近两年 GE 公司推出的 MAGIC 技术可以通过一次扫描序列获取几乎涵盖临床应用中各种所需的对比度图像,如 T<sub>1</sub>WI、T<sub>2</sub>WI、FLAIR 图、STIR 图、相位敏

感反转恢复(phase sensitive inversion recovery, PSIR)图和双反转恢复(Dual IR,DIR)图等,同时得到 T<sub>1</sub>、T<sub>2</sub>以及质子密度(proton density,PD)的定量信 息,是一种全新的 MR 影像采集方式。实现这一技术 的关键是磁共振弛豫率与质子密度定量图谱的获取。 在磁共振成像中,了解了组织的弛豫信息,即可根据 "Bloch 方程"获得组织在任何一种可能的参数设定下 所呈现的图像信息。MRF 技术与 Magic 技术两者虽 然在技术关键点的实现方式上有所不同,但都是一次 扫描即可进行多参数测量,并且根据数学模型推导出 组织信息。

1. MRF 成像序列

最初的定量 MR 成像方法需要进行多次扫描获 得所需数据,不断重复相同的采集模式,如射频激发角 (翻转角)、TR 和梯度模式,直到获得傅里叶域(也被 称为k空间)中的所有所需数据,然后使用傅立叶变换 重建每个图像,并且对每个体素进行非线性拟合处理。 对于 MRF 成像,翻转角、TR 和采集轨迹在整个采集 过程中以伪随机的方式变化,为每个组织生成不相干 的信号,从而提供用于识别组织信息的独特"指纹"。 MRF 序列是基于平衡稳态自由进动(balance steady state free precession, bSSFP) 或真稳态自由进动快速 成像(true fast imaging with steady state precession, TrueFISP)序列,它对 T<sub>1</sub>、T<sub>2</sub> 和偏共振频率敏感,并且 该序列产生的稳态信号已经被我们熟知[21]。其中翻 转角以正弦方式变化从而平滑地改变磁化的瞬态,变 化范围在 0~60°和 0~30°之间交替,产生具有 250 个 时间点(图像)的周期。在该信号的基础上,添加随机 变化以引起具有相似参数的组织时间演变的差异。在 每半个周期之后,将50个翻转角设置为0以允许信号 恢复。TR 的变化基于 Perlin 噪声[22],范围为 9.34~

作者单位:华中科技大学同济医学院附属协和医院放射 科,分子影像湖北省重点实验室

作者简介:杨杨(1988-),男,河南郑州人,主治医师,主 要从事磁共振脑功能成像。 通信作者:曾军,E-mail:13971633552@163.com

**基金项目:**国家自然科学基金(81701673);湖北省自然科 学基金(2019CFB497)

12.00 ms。上述只是参数如何随机变化的1个例子, 其它的随机模式已经过测试,证实 MRF 技术并不局 限于一组特定的参数设置[23]。在采集序列开始时发 射反转恢复脉冲,以增强组织之间 T<sub>1</sub> 的差异。对于 每个 TR,重建严重欠采样的图像。得到的原始图像 中的每个体素都包含一个签名指纹,稍后将用于匹配 识别。获取的图像总数(也称为时间点)可能因采集而 异,范围为1000~2500,取决于图像分辨率、欠采样率 和使用的匹配方法等。采集轨迹在大多数情况下使用 可变密度螺旋轨迹<sup>[24]</sup>(图 1b),因其具有最小时间梯度 和零力矩补偿。例如,有一种填充轨迹的方法已成功 应用于 128×128 的矩阵,需要 1 个插入来完全采样 k 空间的中心和 48 个交错插入以完全采样 k 空间的外 部区域。在 256×256 矩阵的情况下, 需要 24 个插入 以完全采样内部区域和 48 个插入以完全采样外部区 域。在每个 TR 内,获取一个插入并用于重建图像。 随后 TR 中的插入与前一个相比旋转 7.5°( $\approx 2\pi/48$ )。 随着 MRI 技术的发展,其它类型的序列也可以实现 MRF 技术。例如, MRF 技术应用于稳态进动序列 FISP 以避免出现在宽视场扫描或高场强扫描仪中出

现的条带伪影。FISP 序列仍然对 T<sub>1</sub> 和 T<sub>2</sub> 敏感,但 对偏共振频率不敏感。由于每个 TR 内的不平衡梯度 导致产生的信号是体素内的自旋总和,使得序列免受 条带伪影的影响。不平衡梯度导致 FISP 序列与 TrueFISP 相比具有更短的瞬态,由于这个原因,翻转 角需要不同的伪随机变化以保持信号和欠采样图像之 间的不相干性并且识别产生的指纹:翻转角基于正弦 变化,在达到最大值的半周期内进行随机变化,范围为 5°~90°。TR 的变化基于 Perlin 噪声模式,其范围为 11.5~14.0 ms。

#### 2. 字典生成

字典可以被视为 MRF 框架的核心。它是包含从 采集数据中可以观察到的所有可能的信号演变的数据 库,并且可以识别每个体素内的组织。与法医指纹识 别过程一样, MRF 仅在数据库足够大时才有效。在 MRF 中,使用在采集期间模拟自旋行为的算法在计算 机上生成字典, 从而预测实际的信号演变。在基于 TrueFISP 的采集情况下, 给定一组感兴趣的组织参 数,采用 Bloch 方程模拟采集序列对自旋的各种影 响<sup>[26]</sup>。因此, MRF 可以检索的信息与模拟的物理效



图1 MRF序列模式图<sup>[25]</sup>。a)采集序列图,不同的 TR 对应不同的子采集序列,其参数在伪随机模式中是 可变的,如翻转角;b)可变密度螺旋采集轨迹图,由可变密度螺旋轨迹采样的傅立叶系数(kx,ky 坐标系)从 一个 TR 旋转到下一个 TR。;c)此研究中使用的前 500 个翻转角的示意图;d)此研究中使用的 TR 参数示意 图。

应相关。在研究初期, MRF 中仅包括对 T<sub>1</sub>、T<sub>2</sub> 和偏 共振的模拟, 但现在可以模拟和提取更多的组织特征, 如部分体积、扩散和灌注<sup>[13,27]</sup>。字典的一个关键方面 是它的大小: 为了确保识别采集中存在的任何可能的 组织参数, 需要模拟 T<sub>1</sub>、T<sub>2</sub> 和偏共振频率的广泛组 合。例如一种参数范围的标准 TrueFISP 字典总共有 363,624 种可能的组合, 在使用基于 C++脚本的标 准台式计算机计算 1000 个时间点的这种字典需要大 约 2.5min、2.5GB 内存。字典容量和分辨率的进一步 增加将提高所获得图谱的准确性, 代价是重建时间的 增加和对存储器有更高的要求。

与上述方法相比,FISP采集序列的模拟则不同。 由于 FISP采集需要模拟不同频率的多个等色线,然 后将它们组合在一起,通过 Bloch 方程的模拟过程是 耗时的。一种高效的模拟是扩展相位图(extended phase graph,EPG)<sup>[28]</sup>,其中受序列影响的自旋系统可 以表示为离散的相位状态集,非常适合模拟由不平衡 梯度导致强烈失相位的自旋信号的演化过程。上文提 到,与 TrueFISP采集相比,FISP 序列对偏共振效应 不太敏感,因此相应的字典仅包括 T<sub>1</sub>和 T<sub>2</sub>作为目标 参数。在标准台式计算机上 18,838 个字典条目可以 在大约 8 分钟内计算完成、1.2GB 内存。

3. 匹配

在数据采集之后,将每个体素的指纹标准化为规 范单位并与所有标准化后的字典条目进行比较以识别 给定体素中的组织,通过获取体素信号和每个模拟指 纹信号之间的内积,返回最高值的条目被认为是最能 代表组织特性的条目,并且相应的 T<sub>1</sub>、T<sub>2</sub>和偏共振值 被分配给该体素。相对自旋密度(M0)图被计算为获 取的指纹和模拟的指纹之间的缩放因子。内积法已被 证明是一种合理且可靠的操作方法,即便在由于欠采 样或甚至存在有限量的运动伪影而导致低 SNR 的情 况下也能正确地分辨组织。

由于不同信号演变之间的不连贯性,该方法还具 有区分单个体素内存在的不同组织成分(部分体积效 应)的潜力。含有不同组织体素的指纹(S)可以看作 不同组分(D)的加权(S=Dw)。如果不同的组分是先 验已知的,前一个等式的适当逆解 D<sup>-1</sup>S=w,将为每 个体素提供每个不同组织的权重<sup>[29-30]</sup>。对于 MR 框 架的临床实用性而言,在合理的时间内执行此操作至 关重要,而使用内积的直接匹配是准确的。

通过在时间维度或参数组合维度压缩字典可以潜 在地加速匹配,从而减少需要执行的比较总数。对于 TrueFISP字典,应用奇异值分解(singular value decomposition,SVD)在时间维度上压缩字典,可以将匹 配时间减少 3.4 倍,FISP 字典最多为 4.8 倍。基于 SVD 的字典压缩方法的估计参数精度减少率不到 2%,字典被投影到由 SVD 获得的前 25~200 个奇异 向量所跨越的较低维度的子空间。将获取的指纹投影 到相同的子空间上,并且使用投影的信号和压缩的字 典来执行匹配。该框架减少了计算的数量,尽管在子 空间上添加了数据投影的操作,但是仍然减少了最终 的计算时间。

减少匹配计算时间的另一种方法是减少参数组合 维度。其中一种快速匹配算法中具有强相关性的字典 条目被组合在一起,生成最能代表该组织的新信 号<sup>[31]</sup>。首先,所获取的指纹与每个组的代表信号匹 配,仅考虑返回最高相关性的组然后匹配;然后,找到 指纹与参数分配的剩余字典条目之间的最佳拟合即 可。

#### 4. 欠采样和运动

MRF 获得的参数图是模式识别算法的结果,与传统的重建技术相反。这使得 MRF 对各种图像伪影更加稳定。通过 FA、TR 和填充轨迹的随机变化使得这项技术得到加强,不仅可以区分不同组织的指纹,而且还能增加指纹之间的不相干性。只要噪声或欠采样伪影与信号不相干,匹配就可以识别基础信号演变,即使在低信噪比或加速条件下也是如此。另外,即使使用模糊或部分指纹的情况下,MRF 也够在有运动状态影响的情况下提供参数图而没有任何残余运动伪影。

# MRF 在临床研究中的应用

通过 MRF 研究获得的 T<sub>1</sub>、T<sub>2</sub> 值与常规 T<sub>1</sub>-和 T<sub>2</sub>-mapping 以及文献中公布的方法得出的结果显示 出良好的相关性<sup>[13-14,32-33]</sup>。在临床前和动物研究中也 已证明了 MRF 的效用<sup>[34-35]</sup>。MRF 的临床应用主要 集中在大脑和前列腺上,其在腹部、肌肉骨骼和心脏应 用中也显示出了潜力。

1. 脑弛豫测量

关于 MRF 描述中显示灰质和白质的 T<sub>1</sub> 和 T<sub>2</sub> 值 具有良好的文献相关性,而 CSF 的 T<sub>2</sub> 值存在轻微的 不匹配<sup>[12]</sup>。Badve 等<sup>[36]</sup>使用相同的 MRF 框架评估 了 56 例健康志愿者中不同脑区的 T<sub>1</sub> 和 T<sub>2</sub> 测量值。 在这项研究中,每层的采集时间为 31 s,分辨率为  $1.2 \text{ mm} \times 1.2 \text{ mm} \times 5.0 \text{ mm}$ 。与常规 mapping 相比, MRF 衍生的弛豫测量同时提供了 T<sub>1</sub> 和 T<sub>2</sub> 值的快速 估计,并证明了区域差异以及与年龄和性别的相关性。

MRF 还被用于表征和区分各种脑肿瘤。在一项 对 31 例脑肿瘤患者的研究中, MRF 衍生的 T<sub>1</sub> 和 T<sub>2</sub> 值用于鉴别胶质瘤和转移灶。与转移灶相比, 低级别 胶质瘤的平均 T<sub>2</sub> 值显著不同[(172±53) vs. (105± 27) ms, P = 0.004)<sup>[37]</sup>。最近正在进行的关于脑肿瘤 的 MRF 研究是针对使用容积 3D MRF 序列来改善病 变可视化、评估治疗反应以及识别放射性坏死和肿瘤 复发<sup>[38]</sup>。

2. 前列腺

在已发表的关于 MRF 应用于前列腺的研究中, 评估了使用 MRF-自由进动稳态序列(steady state free precession, SSFP) 组合和 ADC 映射检查的可行 性,用于将癌症与前列腺外周区域的正常前列腺组织 分离。将 MRF-SSFP 序列添加到常规前列腺 MRI 扫 描方案中,并使用常规 T<sub>2</sub>WI 作为参考,在 MRF 生成 的 T<sub>1</sub>和 T<sub>2</sub> 图以及 DWI 上绘制 ROI。MRF 采集时 间为每层 39 s,分辨率为1 mm×1 mm×5 mm<sup>[39]</sup>。癌 症的平均 T<sub>1</sub>、T<sub>2</sub> 和 ADC 值显著低于正常周边区域  $\lceil (1628 \pm 344) \text{ vs.} (2247 \pm 450) \text{ ms}, (73 \pm 27) \text{ vs.} \rceil$  $(169 \pm 61)$  ms,  $(0.773 \times 10^{-3} \pm 0.331 \times 10^{-3})$  vs.  $(1.711 \times 10^{-3} \pm 0.269 \times 10^{-3})$  mm<sup>2</sup>/s; P 均<0.0001], 三者联合应用获得的 AUC 达 0.99。重要的是, ADC 和 T<sub>2</sub> 联合应用鉴别高中级别与低级别前列腺癌的 AUC达 0.83。该研究表明, MRF 具有识别高级别前 列腺癌的潜力。最近正在进行的关于前列腺 MRF 的 应用包括对 T1 和 T2 值与肿瘤侵袭性的关系进行相 关性分析,并指导肿瘤的靶向活检。

3. 腹部

采用 MRF 进行腹部成像具有独特的挑战性,并 且需要修改原始的 MRF 序列。其中包括开发快速成 像序列,实现在一次屏气中采集所需的数据,提高空间 分辨率,覆盖腹部内的各种组织,并补偿 B0 和 B1 不 均匀性。目前已经提出了几种使用 MRF 框架对腹部 进行成像的方法[40]。陈等[14]采用了一种方法,通过 基于 Bloch-Seigert 方法的单独扫描测量 B1 变化,并 将相应的值纳入字典中,以减少 B1 不均匀性对组织 特性的影响。另外,针对 B0 不均匀性的鲁棒性,使用 基于 SSFP 的 MRF 采集序列。该序列在无症状受试 者的腹部 MRI 检查中得到了验证,获得的各种腹部器 官的 T<sub>1</sub> 和 T<sub>2</sub> 值与文献一致<sup>[14]</sup>。该序列的临床应用 也在 6 例肝脏转移性腺癌患者(20 处病变)中进行了 测试。转移瘤的平均 T<sub>1</sub> 和 T<sub>2</sub> 值分别为(1673±331) 和(43±13) ms,与周围肝实质 分别为(840±113)和  $(28\pm3)$  ms, P<0.0001 和 P<0.01 和 T 照 组 肝 实 质  $\lceil (745\pm65) \pi (31\pm6) \text{ ms}, P < 0.0001 \ \pi P = 0.021 \rceil$ 显著不同。此次采集的总扫描时间(包括 B1-mapping 的时间)为每层 19 s,分辨率为 1.9 mm×1.9 mm× 5.0 mm。MRF 框架减少了 B1 不均匀性对估计组织特 性的影响。

4. 肌肉骨骼

MRI 是肌肉骨骼成像中的重要一环,能够提供卓

越的软组织对比,并区分肌肉骨骼成像中观察到的各种组织,即骨髓、肌肉、脂肪、软骨、肌腱和软组织。在存在整形外科植入物的情况下成像是 MRI 的一个具有挑战性的方面,因为图像受到 RF 场变化的影响,并且植入物导致某些区域信号丢失。克隆 B1 不均匀性的 MRF 方法,如 Cloos 等<sup>[40]</sup>提出的方法在存在整形外科植入物的情况下成功获得了没有伪影的组织图。 生成这些图谱的分辨率为 1.4 mm×1.4 mm× 5.0 mm,18 个层面,生成时间约为 8 min。

5. 心脏

心肌组织特性映射已经成为心脏成像的焦点,因为它可以比传统的心脏成像更早地检测出病理学改变。Hamilton 等<sup>[41]</sup> 描述的心脏 MRF 使用 16 个心动周期的屏气获取,同时估计  $T_1$ 、 $T_2$  值和 M0 值,分辨率为 1.6 mm×1.6 mm×8.0 mm。在健康志愿者中比较 MRF 与传统的 mapping 方法获得的  $T_1$ 和  $T_2$  值,显示出良好的一致性。进一步的技术发展涉及减少完成整个心脏范围容积采集的扫描时间并优化所获得的 M0 值。

6. 微血管结构

MRF 框架也已扩展到表征微血管特性,称为 MR 血管指纹图谱(MRvF)。与磁共振脑氧代谢成像不 同<sup>[42]</sup>, Christen 等<sup>[43]</sup> 描述了一种新的 MRF 方法来测 量微血管特性,如脑血容量(CBV)、平均血管半径(R) 和血氧饱和度(SO<sub>2</sub>)。采集序列为基于自由感应衰减 和自旋回波序列的梯度回波序列。在注射铁基对比剂 (ferumoxytol)之前和之后的2分钟进行采集。在对 比剂注射之前和之后使用不同的数学模型模拟二项 式,并且使用对比剂注射前、后的对比度信号演变的比 率作为指纹。通过使用最小二乘法来确定观察到的指 纹与字典之间的最佳拟合,以生成基于体素的 CBV、R 和 SO<sub>2</sub> 图。使用 1.6 mm×1.6 mm×1.5 mm 的分辨 率进行铁对比剂注射前、后的 MRI 扫描,扫描时间为 4 min。初步结果显示灰质和白质在 CBV 图上具有较 高的对比度,表明灰质和白质量存在血流灌注差异,而 R和SO<sub>2</sub>图上上述表现更均匀。其它相关研究进一 步建立在此基础上并在大鼠研究中应用 MRvF 以获 得更真实的血管图或评估中风和脑肿瘤中微血管特性 的差异<sup>[44]</sup>。Lemasson 等<sup>[44]</sup> 测试了 115 只大鼠的 MRvF,分为3种模型,即脑肿瘤、中风和健康动物,同 时获得微血管结构(即血容量分数,血管直径)和功能 (血氧)图谱。将这些发现与常规 MRI 方法和组织病 理学结果进行比较以验证。MRvF 可以在肿瘤和中风 模型有效地区分具有不同行为的健康和病理性脑组 织。这种微观特性的体内评估,如果有效地转化在临 床应用中,有望改善对脑疾病的诊断和管理。

### 7. 血流灌注分析

ASL 是一种前景广阔的不使用对比剂的 MR 灌 注成像技术。由于 ASL 信号受到多个血流动力学参 数的影响,Su 等<sup>[45]</sup>最近探讨了基于 MRF 框架的 ASL 技术的可行性,一次扫描可获得多个血流动力学参数。 采用 EPI 读数进行 MRF-ASL 采集,全脑覆盖扫描时 间为 3 min,分辨率为 2.8 mm×2.8 mm×10.0 mm。 根据所使用的数学模型提取不同的血液动力学参数并 与字典值进行比较。该序列在志愿者中使用高碳酸血 症激发验证,显示出 CO<sub>2</sub> 分压增好导致的血流灌注增 加,以及在 Moya-Moya 疾病患者中在具有狭窄的颈 内动脉的一侧进行对比剂推注后对比剂到达时间延 迟。

#### 小结与展望

磁共振指纹识别是 MRI 的一种新技术,其脉冲序 列设计不旨在获取图像,而是直接测量组织特性。在 MRF中,每个不同的组织产生独特的信号演变,并将 其与一组理论信号演变相匹配,以测量单次采集中的 若干组织特性,这些特性可以协同地提供所有信息以 帮助诊断,预后和治疗评估。MRF的模式识别特性使 得采集对欠采样和运动等伪影具有鲁棒性,这对于将 多参数 mapping 技术成功运用到临床环境中是至关 重要的。未来,MRF可能会在成像生物标志物和新型 疗法的开发中发挥作用。序列设计、效率、采集速度、 后处理步骤和图像质量的改进是连续不断的过程。 MRF 的临床验证要求建立跨学科的生物医学工程和 临床团队,这些团队可以同时开发新的假设并在各种 临床应用和器官系统中测试该技术。这可以帮助 MRF 成为有效的临床工具,并促进开发快速的"一次 扫描,多参数定量"的 MR 成像方法。

#### 参考文献:

- [1] David C, Donald R. Time saving in measurement of NMR and EPR relaxation times[J].Rev Sci Instrum, 1970, 41(2):250-251.
- [2] Huang TY, Liu YJ, Stemmer Alto, et al. T<sub>2</sub>-measurement of the human myocardium using a T<sub>2</sub>-prepared transient-state TrueFISP sequence[J].Magn Reson Med, 2007, 57(5):960-966.
- [3] Mehta BB, Chen X, Bilchick KC, et al. Accelerated and navigatorgated look-locker imaging for cardiac T<sub>1</sub> estimation (ANGIE):development and application to T<sub>1</sub>-mapping of the right ventricle [J].Magn Reson Med,2015,73(1):150-160.
- Zhu DC, Penn RD. Full-brain T<sub>1</sub>-mapping through inversion recovery fast spin echo imaging with time-efficient slice ordering[J].
  Magn Reson Med, 2005, 54(3): 725-731.
- [5] Cheng HL, Margaret W, Graham A. Rapid high-resolution T<sub>1</sub>mapping by variable flip angles: accurate and precise measurements in the presence of radiofrequency field inhomogeneity[J]. Magn Reson Med,2006,55(3):566-574.

- [6] Doneva M, Börnert P, Eggers H, et al. Compressed sensing reconstruction for magnetic resonance parameter mapping [J]. Magn Reson Med, 2010, 64(4): 1114-1120.
- [7] Deoni SC, Rutt BK, Peters TM. Rapid combined T<sub>1</sub> and T<sub>2</sub>-mapping using gradient recalled acquisition in the steady state [J].
  Magn Reson Med, 2003, 49(3): 515-526.
- [8] Blume U, Lockie T, Stehning C, et al. Interleaved T<sub>1</sub> and T<sub>2</sub> relaxation time mapping for cardiac applications [J]. Magn Reson Med, 2009, 29(2):480-487.
- [9] Warntjes J, Dahlqvist O, Lundberg P. Novel method for rapid.simultaneous T<sub>1</sub>, T<sub>2</sub>\*, and proton density quantification[J]. Magn Reson Med, 2007, 57(3):528-537.
- [10] Schmitt P.Griswold M.Jakob P. et al. Inversion recovery True-FISP:quantification of T<sub>1</sub>, T<sub>2</sub>, and spin density[J].Magn Reson Med, 2004, 51(4):661-667.
- [11] Ehses P, Seiberlich N, Ma D, et al. IR TrueFISP with a golden-ratio-based radial readout fast quantification of T<sub>1</sub>, T<sub>2</sub>, and proton density[J].Magn Reson Med, 2013, 69(1):71-81.
- [12] Ma D, Gulani V, Seiberlich N, et al. Magnetic resonance fingerprinting[J].Nature, 2013, 495(7440):187-192.
- [13] Jiang Y, Ma D, Seiberlich N, et al. MR fingerprinting using fast imaging with steady state precession (FISP) with spiral readout [J].Magn Reson Med, 2015, 74(6): 1621-1631.
- [14] Chen Y, Jiang Y, Pahwa S, et al. MR fingerprinting for rapid quantitative abdominal imaging [J]. Radiology, 2016, 279 (1): 278-286.
- [15] Usman AA, Taimen K, Wasielewski M, et al. Cardiac magnetic resonance T<sub>2</sub>-mapping in the monitoring and follow-up of acute cardiac transplant rejection: a pilot study[J]. Circulation, 2012, 5 (6):782-790.
- [16] Payne AR, Berry C, Kellman P, et al. Bright-blood T<sub>2</sub>-weighted MRI has high diagnostic accuracy for myocardial hemorrhage in myocardial infarction:a preclinical validation study in swine[J]. Circulation, 2011, 4(6):738-745.
- [17] van Heeswijk RB, Feliciano H, Bongard C, et al. Free-breathing 3T magnetic resonance T<sub>2</sub>-mapping of the heart[J].JACC,2012, 5(12):1231-1239.
- [18] Lles L, Pfluger H, Phrommintikul A, et al. Evaluation of diffuse myocardial fibrosis in heart failure with cardiac magnetic resonance contrast-enhanced T<sub>1</sub>-mapping[J]. JACC, 2008, 52 (19): 1574-1580.
- [19] Hernando D, Levin YS, Sirlin CB, et al. Quantification of liver iron with MRI:state of the art and remaining challenges[J].JM-RI.2014.40(5):1003-1021.
- [20] Reeder SB, Cruite I, Hamilton G, et al. Quantitative assessment of liver fat with magnetic resonance imaging and spectros-copy [J].JMRI,2011,34(4):729-749.
- [21] Schmitt P, Griswold MA, Gulani V, et al. A simple geometrical description of the TrueFISP ideal transient and steady-state signal[J].Magn Reson Med,2006,55(1):177-186.
- [22] Perlin K. An image synthesizer [J]. ACM Siggraph Comput Graph, 1985, 19(3): 287-296.
- [23] Ma D, Pierre E, Jiang Y, et al. Music-based magnetic resonance fingerprinting to improve patient comfort during MRI exami-nations[J].Magn Reson Med, 2016, 75(6):2303-2314.

- [24] Lee JH, Hargreaves BA, Hu BS, et al. Fast 3D imaging using variable-density spiral trajectories with applications to limb perfusion[J].Magn Reson Med, 2003, 50(6): 1276-1285.
- [25] Ma D, Gulani V, Seiberlich N, et al. Magnetic resonance fingerprinting[J].Nature, 2013, 495(7440):187-192.
- [26] Bloch F.Nuclear induction[J].Phys Rev, 1946, 69(3-4):127-127.
- [27] Wright K, Ma D, Jiang Y, et al. Estimation of perfusion properties with MR fingerprinting arterial spin labeling [J/OL]. Magn Reson Imaging, 2018; eS0730725X18300365.
- [28] Weigel M, Schwenk S, Kiselev V, et al. Extended phase graphs with anisotropic diffusion[J].J Magn reson, 2010, 205(2): 276-285.
- [29] Deshmane AV, Ma D, Jiang Y, et al. Validation of tissue characterization in mixed voxels using MR fingerprinting[C].Pro-ceedings of the 22nd Annual Meeting of ISMRM Meeting & Exhibition in Milan, Italy.2014.
- [30] McGivney DF, Pierre E, Ma D, et al. SVD compression for magnetic resonance fingerprinting in the time domain [J]. IEEE, 2014,33(12):2311-2322.
- [31] Cauley SF, Setsompop K, Ma D, et al. Fast group matching for MR fingerprinting reconstruction[J].Magn Reson Med. 2015, 74 (2):523-528.
- [32] Bojorquez JZ, Bricq S, Acquitter C, et al. What are normal relaxation times of tissues at 3T[J]. Magn Reson Imaging, 2017, 35: 69-80.
- [33] Wansapura JP, Holland SK, Dunn RS, et al. NMR relaxation times in the human brain at 3.0 tesla[J].JMRI,1999,9(4):531-538.
- [34] Pouliot P.Gagnon L, Lam T, et al. Magnetic resonance fingerprinting based on realistic vasculature in mice [J/OL]. Neuro Image, 2017, 149: e436-e445. DOI: 10.1016/j.neuroimage. 2016. 12.060.
- [35] Gao Y, Chen Y, Ma D, et al. Preclinical MR fingerprinting (MRF) at 7T: effective quantitative imaging for rodent disease

models[J].NMR Biomed, 2015, 28(3): 384-394.

- [36] Badve C, Yu A, Rogers M, et al. Simultaneous T<sub>1</sub> and T<sub>2</sub> brain relaxometry in asymptomatic volunteers using magnetic resonance fingerprinting [J/OL]. Tomography, 2015, 1 (2): e136. DOI:10.18383/j.tom.2015.00166.
- [37] Badve C, Yu A, Dastmalchian S, et al.MR fingerprinting of adult brain tumors:initial experience[J].AJNR, 2017, 38(3): 492-499.
- [38] Liao C, Bilgic B, Manhard MK, et al. 3D MR fingerprinting with accelerated stack-of-spirals and hybrid sliding-window and GRAPPA reconstruction [J/OL]. Neuroimage, 2017: e13-e22. DOI:10.1016/j.neuroimage.2017.08.030.
- [39] Yu AC, Badve C, Ponsky LE, et al. Development of a combined MR fingerprinting and diffusion examination for prostate cancer [J].Radiology, 2017, 283(3):729-738.
- [40] Cloos MA.Knoll F.Zhao TJ.et al.Multiparametric imaging with heterogeneous radiofrequency fields [J/OL]. Nature Commun, 2016,7:e12445.DOI:10.1038/ncomms12445.
- [41] Hamilton JI, Jiang Y, Chen Y, et al. MR fingerprinting for rapid quantification of myocardial T<sub>1</sub>, T<sub>2</sub>, and proton spin density[J]. Magn Reson Med, 2017, 77(4):1446-1458.
- [42] 张顺,朱文珍,王乙.磁共振脑氧代谢成像原理在缺血性脑卒中应 用[J].放射学实践,2019,34(10):1063-1065.
- [43] Christen T, Pannetier N, Ni WW, et al. MR vascular fingerprinting: a new approach to compute cerebral blood volume, mean vessel radius, and oxygenation maps in the human brain[J/OL]. Neuroimage, 2014.DOI:10.1016/jneuroimage.2013.11.052.
- [44] Lemasson B, Pannetier N, Coquery N, et al. MR vascular fingerprinting in stroke and brain tumors models [J/OL]. Sci Rep, 2016,6:e37071.DOI:10.1038/srep37071.
- [45] Su P, Mao D, Liu PY, et al. Multiparametric estimation of brain hemodynamics with MR fingerprinting ASL[J]. Magn Reson Med, 2017, 78(5): 1812-1823.

(收稿日期:2020-02-02 修回日期:2020-04-25)

1634