

Modellgestützte Extraktion von Streuartefakten in dynamischen SPECT-Daten



Claudia Prang

OTTO-VON-GUERICKE-UNIVERSITÄT MAGDEBURG

25.09.2003

Fakultät für Informatik

Betreuer: Prof. Dr. Klaus-Dietz Toennies

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Grundlagen	3
2.1	Einleitung	3
2.2	SPECT	3
2.2.1	Prinzip	4
2.2.2	Die Gammakamera	5
2.2.3	Untersuchungsablauf	6
2.3	Die Bildrekonstruktion	7
2.3.1	Die Radon Transformation	7
2.3.2	Iterative Algorithmen	9
2.3.3	Die gefilterte Rückprojektion	13
2.4	dSPECT	16
2.4.1	Prinzip	16
2.4.2	Rekonstruktion der dSPECT-Daten	17
2.5	Artefakte	18
3	Stand der Forschung	20
3.1	Einleitung	20
3.2	Subtraktion	21

3.2.1	Triple-Energy-Window	22
3.2.2	Dual-Photopeak Window	23
3.2.3	Faltung der Projektionsdaten	25
3.3	Dekonvolution	25
3.4	Korrektur innerhalb iterativer Rekonstruktion	26
3.4.1	Transmissionsmessungsbasierte Korrektur	28
3.5	Fazit	30
4	Idee und Umsetzung	32
4.1	Idee	32
4.2	Umsetzung	35
4.2.1	Berechnung der Linearkombination	36
4.2.2	Segmentierung der Leber	39
4.2.3	Automatische Gewinnung von Modell-TACs der Leber	42
4.2.4	Eine generische Herzventrikel-TAC	43
5	Resultate und Diskussion	47
5.1	Untersuchungen an modifizierten Daten	48
5.2	Untersuchung im realen Datensatz	50
5.3	Fazit	58
6	Zusammenfassung	60
7	Ausblick	63
	Literaturverzeichnis	71

Kapitel 1

Einleitung

SPECT ist ein bildgebendes Verfahren in der Medizin. Es misst die Verteilung einer radioaktiven Substanz durch den Blutkreislauf im Körper bzw. in den Organen des Patienten. Die gewonnenen Daten werden in Form eines dreidimensionalen Datensatzes zur Verfügung gestellt. Die Intensität der gemessenen Radioaktivität in einem bestimmten Körperorgan korreliert mit dessen Durchblutungs- bzw. Stoffwechselsituation und wird durch die Helligkeit in den dazugehörigen Voxeln sichtbar gemacht. Die Dynamische SPECT ist ein neuartiges Verfahren, das zusätzlich zur räumlichen Information auch den zeitlichen Verlauf der Radioaktivität darstellt und in Form einer Zeit-Aktivitäts-Kurve in jedem Voxel speichert.

Die Qualität der rekonstruierten Schnittbilder wird beeinträchtigt durch Rauschen und Streustrahlung. Rauschen entsteht, weil nur ein geringer Anteil der Strahlung den Detektor der Gammakamera ungehindert passiert und detektiert wird. Es überlagert die gesamten Daten und vermindert seine Bildqualität. Streuartefakte treten vorwiegend in dichterem Gewebe auf, wenn benachbartes Gewebe eine hohe Radioaktivität aufweist. Sie verfälschen die Daten, weil sie in den betroffenen Regionen eine höhere Radioaktivität vor-

täuschen und beinhalten damit die Gefahr, dass Durchblutungsstörungen eines Organs verdeckt werden. Die vorliegende Arbeit behandelt die Korrektur der von der Leber stammenden Streustrahlung im Herzen. Hierbei wird die Tatsache ausgenutzt, dass die Zeit-Aktivitäts-Kurven von Leber und Herz einen unterschiedlichen charakteristischen Verlauf haben. Die von der Leber kommende Streustrahlung weist die der Leber typische zeitliche Charakteristik auf. Ziel der Diplomarbeit war die Untersuchung, inwiefern die Zeit-Aktivitäts-Kurve in den von Streuung betroffenen Regionen eine lineare Kombination einer Leberkurve und einer Herzkurve darstellt und ob sich in diesem Fall die Streuung durch Subtraktion des Leberanteils herausrechnen lässt.

Kapitel 2

Grundlagen

2.1 Einleitung

Dieses Kapitel dient dazu, eine Einführung in die Single Photon Emission Computer Tomography zu geben. Mit den physikalischen Grundlagen wird vertraut gemacht (Abschnitt 2.2), Algorithmen zur Rekonstruktion werden vorgestellt (Abschnitt 2.3) und eine Einführung in dSPECT wird gegeben (Abschnitt 2.4). Die Motivation zu dieser Arbeit klärt schließlich der Abschnitt 2.5, der Bildartefakte vorstellt. Einen ganz wesentlichen Einfluß haben Streuartefakte auf die Bildqualität, weshalb schon viel Forschung auf dem Gebiet der Eliminierung von Streuartefakten betrieben wurde. Näheres dazu wird in Kapitel 3 erläutert.

2.2 SPECT

Der Begriff SPECT ist die Abkürzung für Single Photonen Emission Computer Tomographie und ist ein nuklearmedizinisches bildgebendes Verfahren der Medizin. Im Gegensatz zu anderen bildgebenden diagnostischen Verfah-

ren wie Ultraschall, Röntgen oder Computertomographie liegt die Besonderheit nuklearmedizinischer Verfahren darin, vorwiegend funktionelle Eigenschaften von Organen abzubilden. Mit SPECT können im Körper ablaufende Durchblutungs- und Stoffwechselfvorgänge von außen sichtbar gemacht werden. Die SPECT-Bildgebung findet vor allem in der Kardiologie, in der Neurologie und in der Onkologie klinische Anwendung. Das Ziel der SPECT-Bildgebung in der Kardiologie ist die Untersuchung der Herzkranzgefäße auf Durchblutungsstörungen.

2.2.1 Prinzip

Ein Pharmakon, das sich über den Blutkreislauf im Körper verteilt, lagert sich in bestimmten Organen an, wird dort eingebaut bzw. verstoffwechselt. Dies führt zu einer Anreicherung des Pharmakons in den entsprechenden Organen. Je nach zu untersuchendem Organ wird ein dafür spezifisches Pharmakon ausgewählt.

Dem Pharmakon wird ein geeignetes kurzlebige, schwach radioaktives Isotop chemisch angebunden, damit seine Verteilung und Anreicherung in den Organen sichtbar gemacht werden kann. Ein Isotop ist ein Element mit gleicher Ordnungszahl wie sein weitaus häufiger in der Natur vorkommender stabiler Verwandter, aber mit unterschiedlicher Neutronenzahl. Dieses radioaktive Isotop zerfällt in einer für das Isotop spezifischen Halbwertszeit unter Aussendung von Gammastrahlung. Die Halbwertszeit ist die Zeit, in der die Konzentration auf die Hälfte der Anfangskonzentration absinkt. Das in der Nuklearmedizin am häufigsten verwendete Isotop ist das Technetium ^{99m}Tc (^{99m}Tc). 99 bezeichnet hier die Massenzahl, das m steht für metastabil - von einem metastabilen Isotop spricht man, wenn es nicht unmittelbar zerfällt, sondern erst nach einer längeren Halbwertszeit und deshalb auf der

Erde noch in nennenswerter Menge vorkommt.

Eine um den Körper rotierende Gammakamera misst die ankommende Gammastrahlung. Entsprechende Rekonstruktionsalgorithmen berechnen aus diesen Meßdaten die vermutliche räumliche Verteilung des Pharmakons. Sie gibt Aufschlüsse über eventuelle pathologische Veränderungen in den Organen.

2.2.2 Die Gammakamera

Die Gammastrahlung wird außerhalb des Patienten von einer um den Patienten rotierenden (ein-, zwei- oder dreiköpfigen) Gammakamera gemessen. Kollimatoren (meistens eine Bleischeibe mit einander parallelen Löchern) vor dem Detektor sorgen dafür, dass nur die aus einer bestimmten Richtung kommenden Quanten durchgelassen werden. Das ist wichtig, damit die Position des Gammastrahlers ermittelt werden kann, denn beim Zerfall des radioaktiven Isotops erfolgt die Emission der Gammastrahlung isotrop, d.h. in alle Richtungen gleichmäßig. Diese Richtungsinformation hat aber einen hohen Preis - durchschnittlich schaffen es nur 5 von 10.000 Quanten, den Kollimator zu passieren. Die Anzahl der pro Sekunde detektierten Gammaquanten bestimmt die Sensitivität einer Gammakamera. Je größer die Löcher im Kollimator sind, desto größer ist seine Sensitivität, weil mehr Quanten den Kollimator passieren, aber desto schlechter ist die Auflösung, weil die Position der Gammaquanten nicht mehr eindeutig bestimmt werden kann. Bei geringerer Sensitivität ist die Auflösung besser, aber das Rauschen nimmt aufgrund der geringeren Anzahl detektierter Quanten zu. Der Detektor besteht hauptsächlich aus einem großflächigen Natriumjodid-Kristall, in dem die Gammaquanten schwache Lichtblitze erzeugen. Diese sogenannten Szintillationen treffen auf eine Photokathode, die daraufhin Elektronen freisetzt. Im nachgeschalteten Elektronenvervielfacher werden diese um ein viel-

faches verstärkt, indem sie auf eine Elektrode beschleunigt werden, wo sie Sekundärelektronen auslösen. Diese Elektrode wird Dynode genannt und multipliziert die ankommenden Elektronen um den Faktor 3-5. Durch mehrfaches Hintereinanderschalten solcher Dyoden kann eine Vervielfachung der Elektronen um den Faktor 10^8 erreicht werden. Photokathode und Elektronenvervielfacher zusammen bezeichnet man als Photomultiplier (Sekundärelektronenvervielfacher). Der Photomultiplier kann Strahlungen sehr geringer Intensität entdecken. Am Ausgang entsteht ein elektrisch meßbares Signal, das Rückschlüsse auf die Auftrittsorte und die Energie der absorbierten Gammaquanten zulässt (durch Verteilung und Amplitude der elektromagnetischen Strahlung). Alle Gammaquanten zusammen ergeben das Energiespektrum der Gammastrahlung. Unter dem Photopeak versteht man den im Spektrum sichtbaren Peak, den die ungestreuten Quanten verursachen. Im Falle einer idealen Gamma-Kamera wäre dieser Peak nur ein einziger Strich und gestreute (und dadurch energieärmere) und ungestreute Gammaquanten ließen sich gut separieren. Die NAI-Gammakamera hat jedoch eine relativ geringe Energieauflösung, was letztlich eine Faltung des tatsächlichen Spektrums mit einer Gaußkurve bewirkt. Dadurch überlagern sich die Spektren ungestreuter und gestreuter Gammaquanten. Die Energiespannbreite ungestreuter Gammastrahlung wird oft auch als das Photopeak-Fenster bezeichnet. Nur die im Photopeak-Fenster detektierte Gammastrahlung geht in die Schnittbildberechnung ein.

2.2.3 Untersuchungsablauf

Dem Patienten wird je nach zu untersuchendem Organ ein spezielles schwach radioaktives Pharmakon intravenös injiziert und durch den Blutkreislauf verteilt. Nach einer Kreislaufvertei- bzw. Stoffwechselzeit erfolgt der Scanvor-

gang mit der Gammakamera. Während der Untersuchungszeit von ca. 15-30 Minuten muss der Patient ruhig liegen.

2.3 Die Bildrekonstruktion

Ziel der Computertomographie ist die Berechnung der Schnittbilder aus Projektionsdaten. Pro Umdrehung der Gammakamera wird aus mindestens 60 verschiedenen Winkeln die Aktivitätsverteilung gemessen. Aus diesen sogenannten Projektionsbildern werden via gefilterter Rückprojektion oder aber iterativer Rekonstruktion die Schnittbilder berechnet. Ein Schnittbild hat üblicherweise die Größe von 64x64 oder 96x96 Pixeln. Da die Schnittbilder unabhängig voneinander berechnet werden, wird im Folgenden nur auf die Berechnung eines Schnittbildes eingegangen werden.

2.3.1 Die Radon Transformation

Der Vorgang der Projektion kann mathematisch durch die Radon Transformation beschrieben werden. Hierbei ist $g_\theta(s)$ definiert als die Projektion einer Schicht, aufgenommen im Winkel θ der Gammakamera; werden sämtliche Projektionen im Winkel zwischen 0 und 180 Grad aufeinandergeschichtet, erhält man das sogenannte Sinogramm $g(s,\theta)$, mit θ als den Aufnahmewinkel und s einem Index im entsprechenden Projektionsvektor. Das zu rekonstruierende Schnittbild - die Verteilung der Radioaktivität innerhalb einer Körperschicht - wird im folgenden mit f bezeichnet.

$g_\theta(s)$ enthält also die Anzahl der Gammaquanten, die bei der Messung aus Winkel θ an Position s der Gammakamera detektiert wurden. Der Kollimator lässt nur senkrecht einfallende Photonen passieren, d.h. die Entstehungsorte aller detektierten Photonen, die an Position s der Kamera detektiert werden,

liegen allesamt auf einem Strahl durch s und senkrecht zur Kamera (zumindest solange das Phänomen Streuung vernachlässigt wird). Im idealen Fall (bei Vernachlässigung von Rauschen und anderen degradierenden Bildeinflüssen) ergibt sich also $g_\theta(s)$ aus der Summe aller Funktionswerte $f(x, y)$ auf einer Linie mit dem Winkel θ zur x-Achse und dem Abstand s zum Ursprung:

$$g(s, \theta) = \sum f(s \cos \theta - u \sin \theta, s \sin \theta + u \cos \theta) \Delta u \quad (2.1)$$

Diese Transformation von f in g wird als Radon Transformation bezeichnet, benannt nach ihrem Erfinder Johann Radon [1] [2]. Abbildung 2.1 veranschaulicht das Prinzip der Radon Transformation.

Man beachte, dass Gleichung 2.1 nur eine stark vereinfachte mathematische Beschreibung für den Vorgang der Projektion darstellt, da die Streuung und die Abschwächung der Gammastrahlen beim Durchqueren des Körpers vernachlässigt werden. Bei korrekter Beschreibung gehen diese Faktoren als Wichtungen der Funktionswerte in die Summe ein. Anders ausgedrückt lässt sich der Vorgang der Projektion auch durch folgende Gleichung beschreiben:

$$g = Af \quad (2.2)$$

wobei g und f hier in diesem Fall das Sinogramm und die rekonstruierte Schicht als eindimensionale Vektoren repräsentieren. A ist eine Matrix, die die Wichtungen enthält. Diese lassen sich z.B. aus einer vorhergehenden Transmission-Computertomographie gewinnen.

Es stellt sich jetzt das Problem, wie f berechnet werden kann, wenn das Sinogramm g gegeben ist. Eine nahe liegende Möglichkeit ist das Lösen des linearen Gleichungssystems (siehe Gleichung 2.2) nach den Algorithmen der

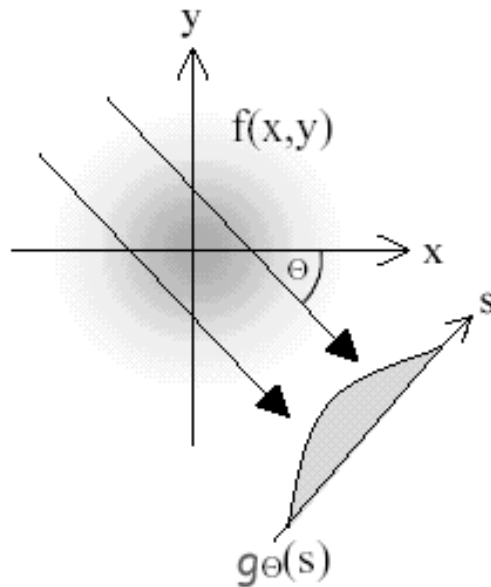


Abbildung 2.1: Die Radon-Transformation

linearen Algebra. Die Methode ist praktisch jedoch nicht anwendbar, da bei mehreren tausend Gleichungen pro Schicht der Rechenaufwand viel zu groß ist. Die folgenden zwei Abschnitte gehen auf die zwei verbreitetsten Rekonstruktionstechniken ein - die iterative Rekonstruktion und die gefilterte Rückprojektion.

2.3.2 Iterative Algorithmen

Die iterative (oder algebraische) Methode war die erste in der medizinischen Bildgebung eingesetzte Technik zur Berechnung von Schnittbildern. Sie liefert gute Ergebnisse, erfordert aber viel Rechenaufwand. Ihr Prinzip ist folgendes: f wird in einem Initialschritt abgeschätzt und sukzessive verbessert, indem aus den geschätzten Werten von f Projektionen berechnet und diese mit den tatsächlich gemessenen Projektionen g verglichen werden. Der einfachste iterative Algorithmus ist die algebraische Rekonstruktionstechnik (ART),

die zur Veranschaulichung der iterativen Rekonstruktion im folgenden Unterabschnitt vorgestellt wird. Der MLEM (Maximum Likelihood Expectation Maximization) Algorithmus arbeitet genauer, weil er die stochastische Natur der physikalischen Prozesse integriert und dadurch bessere Ergebnisse erreicht. Jedoch steigt auch bei ihm das Rauschen proportional zur Anzahl der Iterationen an. Dem helfen neuere Algorithmen, wie z.B. der zur Gruppe der Bayesischen Verfahren gehörende MAPEM (Maximum A Posteriori Expectation Maximization) ab. Hierzu, sowie zu dem OSEM-Algorithmus (Ordered Subsets Expectation Maximization), der den MLEM-Algorithmus deutlich beschleunigt, sei auf weiterführende Literatur ([3], [4], [5]) verwiesen.

Der ART-Algorithmus

Der ART-Ansatz (die algebraische Rekonstruktionstechnik) zur sukzessiven Verbesserung des Schnittbildes ist ein strahlenbasierter Ansatz, d.h. die Veränderungen an f erfolgen stückchenweise unmittelbar bei jedem Vergleich eines berechneten Projektionswertes (durch Aufsummierung aller auf dem Projektionsstrahl liegenden Werte) mit dem entsprechenden, tatsächlich gemessenen Projektionswert. Erstmals vorgeschlagen wurde die ART 1970 von Gordon et al. [6]. Der iterative Prozess ist durch folgende Formel beschrieben:

$$f_j^{(k+1)} = f_j^{(k)} + \frac{g_i - \sum_{j=1}^{N_i} f_{ji}^{(k)}}{N_i} \quad (2.3)$$

In jedem Iterationsschritt wird $f(j)$ verbessert, indem die Differenz zwischen gemessenem ($g(i)$) und berechnetem Projektionswert ($\sum_{j=1}^{N_i} f_{ji}$) durch die Anzahl der Pixel N_i entlang des Strahls geteilt und zu aktuellem $f(j)$ hinzuaddiert wird. Abbildung 2.2 gibt ein Beispiel.

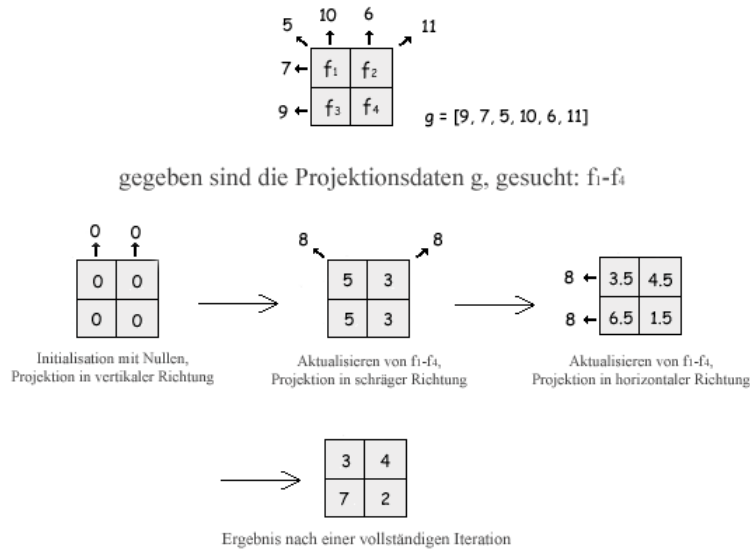


Abbildung 2.2: Die Funktionsweise des ART. Die Aktualisierungen der Funktionswerte erfolgen nach Gleichung 2.3

Der MLEM - Algorithmus

Der MLEM-Algorithmus (Maximum Likelihood Expectation Maximization) berücksichtigt die stochastische Natur des radioaktiven Zerfalls und modelliert die physikalischen Effekte (Abschwächung beim Durchgang der Photonen durch das Gewebe, evtl. Streuung). Dadurch erreicht er sehr gute und relativ rauscharme Ergebnisse. Er ist jedoch extrem rechenintensiv und benötigt viele Iterationen. 1982 wurde er erstmals für Emissions-Computertomographie von Shepp und Verdi implementiert [7]. Eine Implementierung für die Transmissions-Computertomographie stellten Lange und Carson 1984 vor [8].

In einem ersten Schritt wird eine Wahrscheinlichkeitsdichtematrix c berechnet. Diese enthält für jeden Pixel i in f und jeden Projektionswert j in g die Wahrscheinlichkeit c_{ij} , dass ein Photon aus $f(i)$ im Projektionsarray an Position j detektiert wird. Im einfachsten Modell ist c_{ij} proportio-

nal zu dem Flächenanteil in Pixel $f(i)$, welcher im Projektionsstrahl zu $g(j)$ liegt. Im Normalfall berücksichtigt das Modell aber auch die Schwächung der Gammastrahlung im Körper. Diese ist proportional zur Dichte des Gewebes. Durch eine vorherige Transmission-CT können die Schwächungswerte für jeden Punkt im Körper ermittelt werden. Außerdem besteht die Möglichkeit der Integration von Streustrahlung in das Modell.

Im zweiten Schritt wird f initialisiert und die Iterationen durchgeführt. Iteriert wird nach folgender Formel:

$$f_i^{k+1} = \frac{f_i^k}{\sum_i c_{ij}} \sum_i \frac{c_{ij} g_i}{\sum_n c_{ij} f_n^k} \quad (2.4)$$

In Worten: mittels der Wahrscheinlichkeitsdichtematrix c lassen sich für das jeweils aktuelle Schnittbild f^k Projektionen berechnen. Das Berechnen dieser Projektionen bezeichnet man als Vorwärtsprojektion, sie drückt sich in der Summe $\sum_n c_{ij} f_n^k$ aus. Der Quotient zwischen den gemessenen Projektionen und den simulierten Projektionen des aktuellen Schnittbildes wird benutzt, um die aktuelle Schätzung von f zu aktualisieren.

Gleichung 2.5 veranschaulicht noch einmal das Prinzip, nach dem Gleichung 2.4 funktioniert, wobei jene jedoch pixelbasiert arbeitet:

$$Bild^{k+1} = Bild^k \times \text{normalisierte Rueckprojektion} \left(\frac{\text{gemessene Projektionen}}{\text{Projektionen von Bild}^k} \right) \quad (2.5)$$

Der MLEM-Algorithmus konvergiert sehr langsam und benötigt in etwa 50 bis 200 Iterationen.

2.3.3 Die gefilterte Rückprojektion

Die gefilterte Rückprojektion (FBP = filtered Backprojection) ist die vorherrschende Methode im Bereich der Computertomographie. Aufgrund der hohen rechnerischen Kosten iterativer Algorithmen sind diese für klinische Zwecke oft ungeeignet. Zwar sind die Ergebnisse etwas schlechter, dafür ist der FBP-Algorithmus relativ schnell und deshalb gut in der Praxis einsetzbar.

Die gefilterte Rückprojektion basiert auf dem Fourier-Slice-Theorem (Fourier-Scheiben-Theorem, Zentralschnitttheorem). Dieses besagt folgendes: sei eine Funktion $f(x, y)$ gegeben, sowie deren 2D-Fouriertransformierte¹ $F(u, v)$, sei weiter $g_\theta(i)$ eine Projektion von $f(x, y)$ zu einem beliebigen Winkel θ und $G_\theta(r)$ deren 1D-Fouriertransformierte, dann beschreibt $G_\theta(r)$ eine Linie in $F(u, v)$ durch den Ursprung und mit dem Winkel θ zur u-Achse.

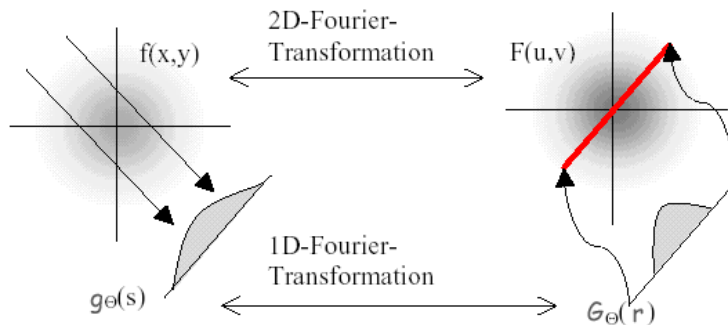


Abbildung 2.3: Das Fourier-Slice-Theorem

Demnach gibt es also eine Möglichkeit, f zu berechnen. Dazu müssen sämt-

¹Unter einer Fouriertransformation versteht man die Transformation in ein anderes Koordinatensystem, den sogenannten Frequenzraum. Literatur zur Fouriertransformation findet sich in Büchern zum Thema Bildverarbeitung, z.B. [9]. Sehr detailliert wird die Fouriertransformation in [10] abgehandelt, ein Grundlagenbuch zu linearen Systemen.

liche Projektionen fouriertransformiert werden und ihre Werte auf dem zu θ gehörenden Radialstrahl in die Funktion $F(u, v)$ eingetragen werden. Durch eine inverse 2D-Fouriertransformation erhält man $f(x, y)$ zurück. Diese direkte Implementierung des Fourier-Slice-Theorems ist jedoch praktisch nicht brauchbar: die transformierten Projektionen liegen in den Polarkoordinaten θ und r vor. Bei der Umrechnung in kartesische Koordinaten u und v muss interpoliert werden, was unakzeptables Rauschen erzeugt (Abbildung 2.4).

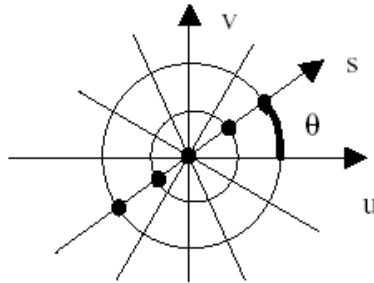


Abbildung 2.4: Transformation der Polarkoordinaten in kartesische Koordinaten

Die gefilterte Rücktransformation bietet eine alternative Vorgehensweise an. Die gesuchte Funktion $f(x, y)$ kann beschrieben werden durch die inverse Fouriertransformation $F(u, v)$:

$$f(x, y) = \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} F(u, v) \cdot e^{j2\pi(xu+vy)} dudv \quad (2.6)$$

Nach Einführung der Polarkoordinaten in den Fourierraum ($u = r \cos \theta$, $v = r \sin \theta$, $dudv = r dr d\theta$) ergibt sich:

$$f(x, y) = \int_0^{\pi} \int_{-\infty}^{+\infty} F(r, \theta) \cdot e^{j2\pi r(x \cos \theta + y \sin \theta)} |r| dr d\theta \quad (2.7)$$

Die Betragsstriche um r sind wichtig, da negative Radien vorkommen können.

Nach dem Fourier-Slice-Theorem gilt:

$$F(r, \theta) = G_\theta(r)$$

Daraus folgt:

$$f(x, y) = \int_0^\pi \int_{-\infty}^{+\infty} G_\theta(r) \cdot e^{j2\pi r(x \cos \theta + y \sin \theta)} |r| dr d\theta \quad (2.8)$$

Bei dem inneren Integral handelt es sich um die Rücktransformation der mit dem Faktor $|r|$ multiplizierten Funktion $G_\theta(r)$. Diese rücktransformierte Funktion sei $\hat{g}_\theta(i)$, wobei $i = x \cos \theta + y \sin \theta$. Eine Multiplikation im Fourierraum entspricht einer Faltung im Ortsraum, d.h. $\hat{g}_\theta(i) = g_\theta(i) \cdot h(i)$ mit $h(i)$ als Faltungsfunktion:

$$f(x, y) = \int_0^\pi \hat{g}_\theta(i) d\theta = \int_0^\pi \hat{g}_\theta(x \cos \theta + y \sin \theta) d\theta \quad (2.9)$$

Der Funktionswert $f(x, y)$ ergibt sich also aus der Summe all der gefilterten Projektionswerte, deren Projektionsstrahl durch $f(x, y)$ verläuft. Anschaulich erklärt werden die gefilterten Projektionen im Winkel θ über das gesamte Bild gezogen und aufsummiert. Abbildung 2.5 veranschaulicht die „ungefilterte“ Rückprojektion.

Ohne die Faltung der Projektionen entsteht also bei der Rücktransformation eine verschwommene Version von f . Grund dafür ist, dass im Fourierraum die Projektionen $G_\theta(r)$ in Ursprungsnähe dichter zusammen liegen, wodurch die tiefen Frequenzen verstärkt und die hohen (die Kanteninformationen enthalten) abgeschwächt werden.

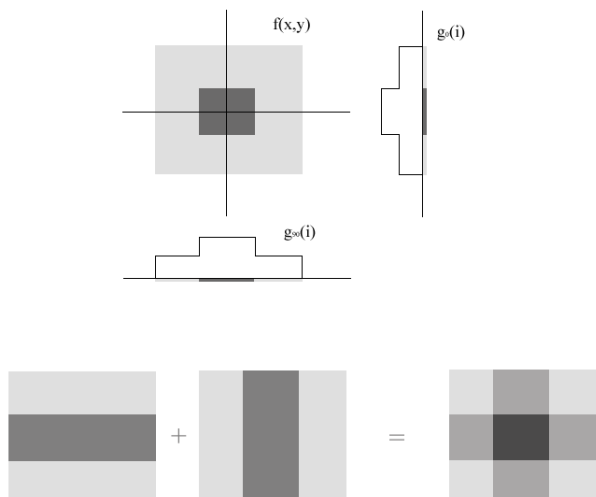


Abbildung 2.5: Die einfache Rückprojektion. Zwei Projektionen werden rückprojiziert (über das gesamte Bild „verschmiert“) und addiert. Das Ergebnis ist eine verwaschene Version des Ausgangsbildes

2.4 dSPECT

2.4.1 Prinzip

Dynamische Single Photon Emission Computertomographie-Daten sind vierdimensionale Datensätze. Sie ergänzen SPECT-Daten um die zeitliche Dimension, d.h. sie ermöglichen das Beobachten der Aktivitätsveränderungen im Körper über die Zeit. Jeder Voxel im rekonstruierten Datensatz enthält damit nicht nur einen Wert, sondern eine sogenannte Time-Activity-Curve (TAC), die den Anstieg und Abfall radioaktiver Konzentration über die Zeit sichtbar macht. Hiervon erhofft man sich diagnostisch wertvolle Informationen (krankhaft verändertes Gewebe innerhalb von Organen zeigt ein abweichendes zeitliches Verhalten in der Aufnahme des Radiopharmakons), aber auch die Möglichkeit, Streuartefakte zu erkennen und herauszurechnen. Verschiedene Organe zeigen unterschiedliches Verhalten in der Zeitaktivitätskur-

ve. Gemein ist allen Kurven der allmähliche Anstieg des Pharmakons und der anschliessende Abfall, jedoch variieren der Zeitpunkt, an dem das Maximum erreicht wird, sowie sein Absolutwert und die Steilheit der Kurve.

Hauptanwendungsfeld der dynamischen SPECT ist die Untersuchung der Durchblutung am Herzen.

2.4.2 Rekonstruktion der dSPECT-Daten

Auch für dSPECT gibt es unterschiedliche Ansätze bei der Berechnung der Schnittbilder. Um einen zukünftigen Einsatz von dSPECT in den Kliniken zu ermöglichen, wurden Algorithmen entwickelt, die die Daten der herkömmlichen und in Kliniken weit verbreiteten SPECT-Systeme mit einer langsam um den Patienten rotierenden Gammakamera verarbeiten. Die Schwierigkeit dieser Algorithmen ist es, aus ein und denselben Daten mehr Informationen als bei der bloßen Rekonstruktion der SPECT-Daten zu gewinnen. Zu jedem Zeitpunkt k wird nur eine Projektion aufgenommen, d.h. die Projektionen allein reichen nicht aus, um einen 4-dimensionalen Datensatz zu rekonstruieren. Die Algorithmen treffen deshalb Annahmen über den zeitlichen Verlauf der TACs, um die fehlenden Daten auszugleichen. Genaue Aussagen über den Kurvenverlauf können nicht gemacht werden, da sich die TACs verschiedener Organe manchmal erheblich voneinander unterscheiden, aber die minimale Annahme wird getroffen, dass TACs stetig abfallen und dass sie genau ein Maximum besitzen. Die 4D-Datensätze, mit denen während dieser Diplomarbeit gearbeitet wurde, wurden mittels einem MLEM-Algorithmus (siehe Kapitel 2.3.2) rekonstruiert [11]. Andere Algorithmen basieren auf NLS (Nonlinear Least Squares) [12] oder C-LS (Constrained Linear Squares) [13], d.h. die Differenz zwischen simulierten und gemessenen Projektionen wird zu minimieren versucht.

2.5 Artefakte

Eine Menge Faktoren haben Einfluss auf die Bildqualität bei SPECT-Aufnahmen. Bereits angesprochen wurde die Unschärfe durch den Kollimator (das Ausmaß der Unschärfe wird bestimmt durch die Größe der Löcher) und das Rauschen aufgrund der geringen Anzahl detektierter Gammaquanten. Beide Komponenten verhalten sich umgekehrt proportional zueinander - mit zunehmender Unschärfe nimmt das Rauschen ab. Rauschen ist die Hauptursache für die schlechte Bildqualität. Durch höhere radioaktive Dosen und zeitlich längere Aufnahmen ließe sich das Signal-Rausch-Verhältnis verbessern - die größere Strahlenbelastung für den Patienten sowie ein höherer Diskomfort schließen diese Möglichkeiten jedoch aus.

Einen weiteren Einfluss hat die Interaktion der Gammaquanten mit der Materie. Auf dem Weg der hochenergetischen Photonen (Quanten) durch die Materie wird die Strahlung infolge von Absorption und Streuung geschwächt. Die dabei auftretenden Wechselwirkungsprozesse sind der Photoeffekt, der Comptoneffekt und die Paarbildung.

Beim Photoeffekt kommt es zu einer Wechselwirkung zwischen dem Photon und einem Elektron der inneren Atomhülle derart, dass das Photon vollständig absorbiert wird, seine Energie in kinetische Energie des Elektrons umgewandelt wird und das Elektron frei wird. Die Lücke, die das Elektron auf der kernnahen Schale hinterlässt, wird sofort durch ein Elektron der äußeren Hülle aufgefüllt. Die dabei frei werdende Energie (aufgrund der unterschiedlichen Bindungsenergien kernnaher und kernfernerer Elektronen) wird in Form von charakteristischer Röntgenstrahlung abgegeben.

Der Photoeffekt tritt vorwiegend bei kleinen Quantenenergien (< 1 MeV) auf. Erst bei einer Mindestenergie der Photonen von 1,022 MeV tritt die Paarbildung auf. Hierbei erzeugt das Photon im Coulombfeld eines Atomkerns

ein Elektron-Positron-Paar und beide Teilchen fliegen in Vorwärtsrichtung auseinander. Das Positron trifft nach kurzer Zeit auf ein Elektron, Elektron und Positron vernichten sich gegenseitig unter Aussendung von Vernichtungsstrahlung in Form von 2 Photonen mit einer Energie von jeweils 0,511 MeV. Der Compton-Effekt tritt bei mittleren Photonenenergien (0,1 MeV - 10 MeV) auf und ist hauptverantwortlich für Absorption und Streuartefakte in SPECT-Aufnahmen. Hierbei kommt es zu Wechselwirkungen zwischen Quanten und Elektronen der äußeren Atomhülle. Das Photon wird am Elektron in einem Winkel relativ zum Einfallswinkel gestreut und gibt dabei einen Teil der Energie an das Elektron ab. Dieser Effekt sorgt einerseits dafür, dass durch die Streuung der Photonen aus dem Sichtfeld der Kamera diese verloren gehen (Absorption) und nicht detektiert werden können, andererseits werden Quanten in das Sichtfeld der Kamera gestreut, die dort unerwünscht sind - solche Streuartefakte lassen Regionen im Bild heller erscheinen und täuschen damit eine höhere Aktivität vor. Dies birgt die Gefahr, Funktionsstörungen in diesen Regionen zu verdecken, außerdem leidet der Bildkontrast und mit ihr die Bildqualität. Viel Forschungsarbeit wurde bereits auf dem Gebiet der Eliminierung von Streuartefakten in SPECT-Daten betrieben (damit wird sich Kapitel 3 beschäftigen). Vorliegende Diplomarbeit beschäftigt sich speziell mit dynamischen SPECT-Aufnahmen des Herzens und der Extraktion von aus der Leber stammenden Streuartefakten.

Kapitel 3

Stand der Forschung

3.1 Einleitung

Verschiedene Techniken zur Eliminierung der Streustrahlung wurden erforscht und getestet, nur wenige jedoch werden wirklich im klinischen Alltag eingesetzt. Die gebräuchlichste Methode von allen ist einfach zu implementieren und schnell, weil sie keine zusätzlichen Rechenschritte erfordert, sondern in einen bereits vorhandenen Algorithmus zur Korrektur der Photonen-schwächung beim Durchgang durch Materie integriert wird. Auf dem Weg zur Gammakamera werden Photonen aus der Bahn gestreut bzw. absorbiert. Wieviele Photonen in jedem Voxel dadurch verloren gehen, bestimmt der Absorptionskoeffizient (der sich zum Beispiel aus einer Transmissionscomputertomographie ermitteln lässt). Diese Schwächung der Photonenzahl muss korrigiert werden, damit die korrekte Radioaktivität in jedem Voxel ermittelt werden kann. Der Absorptionskoeffizient beeinflusst jedoch auch die Menge der Photonen, die in die Bahn hineingestreut werden, die sogenannte Streustrahlung, die wiederum die Photonenzahl erhöht. Um simultan zur Schwächung die Streustrahlung zu korrigieren, wird deshalb die

Schwächungskorrektur mit geringeren Absorptionskoeffizienten durchgeführt. Dies verbessert die Bildqualität, jedoch nicht den Kontrastverlust durch die Streustrahlung - dieser Vorgehensweise liegt die Annahme zugrunde, dass die Streuung über die gesamte Körperregion in gleichem Ausmaß stattfindet, was bei inhomogener Verteilung der radioaktiven Substanz im Körper nicht der Fall ist. Die Mehrheit aller übrigen Verfahren zur Korrektur von Streustrahlung lässt sich in drei Kategorien teilen: Subtraktionsmethoden, in denen der Streuanteil abgeschätzt und von den Projektionsdaten subtrahiert wird, Dekonvolutionstechniken, denen die Annahme zugrunde liegt, dass die gemessenen Projektionsdaten eine Faltung der idealen Projektionsdaten (ohne Streuartefakte) mit einer verwischenden (glättenden) Funktion sind und iterative Rekonstruktionstechniken, die die Streustrahlkorrektur in den iterativen Prozess der Rekonstruktion der Schnittbilder integrieren. Letztere erzielen die besten Ergebnisse, jedoch ist die iterative Rekonstruktion sehr zeit- und rechenaufwändig und hat sich deshalb im klinischen Alltag (noch) nicht durchgesetzt. Subtraktionsmethoden sind sehr schnell und deshalb gut praktisch einsetzbar. Sie verbessern die Bildqualität, kaum jedoch den durch Streuartefakte verursachten Kontrastverlust. Außerdem vermehren sie das Rauschen, weil sie eine geschätzte Anzahl an gestreuten Quanten von der ohnehin geringen Anzahl gemessener Quanten subtrahieren. Bessere Ergebnisse erzielt die Dekonvolution der Projektionsdaten, die den Bildkontrast deutlich verbessert. Jedoch beansprucht sie wieder mehr Rechenaufwand.

3.2 Subtraktion

Subtraktionsmethoden berechnen einen Schätzwert für den Anteil Streustrahlung in jedem Projektionspixel und subtrahieren diesen - vor der Re-

konstruktion - von den Projektionsdaten. Einige benutzen dazu Energiefenster (Kapitel 3.2.1 und 3.2.2), andere falten die Projektionsdaten mit einer Unschärfefunktion (Kapitel 3.2.3) und wieder andere rekonstruieren die Schnittbilder zunächst ohne Korrektur der Streuartefakte und benutzen die rekonstruierte 3-dimensionale Aktivitätsverteilung, um mittels Monte Carlo Simulation den Streuanteil in jedem Projektionspixel zu berechnen [14].

3.2.1 Triple-Energy-Window

Bei diesem von Ogawa et al. [15] vorgestellten Algorithmus wird die Anzahl an Streustrahlung in jedem Pixel abgeschätzt, indem durch die Anzahl der detektierten Gammaquanten in den beiden zum Photopeak-Fenster benachbarten Energiefenstern Rückschlüsse auf den Anteil an Streustrahlung im Photopeak-Fenster gezogen werden. Hätte die Gammakamera eine ideale Energieauflösung, dann würden die ungestreuten Gammaquanten, die alle noch ihre Ausgangsenergie besitzen, nur einen einzelnen Peak (Photopeak) im Spektrum erzeugen, während Streustrahlung durch ihre geringere Energie als Streuartefakt erkannt und bei der Computertomographie vernachlässigt werden kann. Leider haben NaI-Kristalle eine relativ geringe Energieauflösung, was zu einer Unschärfe im Spektrum führt: aus dem Peak wird eine Gaußkurve und diese Gaußkurve überlagert sich mit dem Spektrum der Streustrahlung. Die Triple Energy Window Methode nutzt die zum Photopeak-Fenster benachbarten Energiefenster, um den Anteil an Streustrahlung im Photopeak-Fenster abzuschätzen. In der Annahme, dass im unteren Fenster wesentlich mehr Streustrahlung gemessen wird als im oberen und die Anzahl gestreuter Gammaquanten innerhalb des Photopeakfensters kontinuierlich abnimmt (angefangen bei der durchschnittlichen Anzahl Gammaquanten im unteren Fenster bis auf die durchschnittliche Anzahl im oberen Fens-

ter), berechnet sich die geschätzte Anzahl an gestreuten Gammaquanten im Photopeak-Fenster anhand folgender Formel:

$$c_{Streu} = \left(\frac{c_{uF}}{W_s} + \frac{c_{oF}}{W_s} \right) * \frac{W_m}{2} \quad (3.1)$$

wobei c_{uF} und c_{oF} die Anzahl der detektierten Gammaquanten im unteren sowie im oberen Fenster sind, W_m die Breite des Photopeak-Fensters, W_s die Breite der angrenzenden Fenster und c_{Streu} die geschätzte Anzahl an gestreuten Gammaquanten im Photopeak-Fenster ist. Nach dieser Formel wird für jedes Pixel in der Projektion der Anteil an Streustrahlung berechnet und subtrahiert.

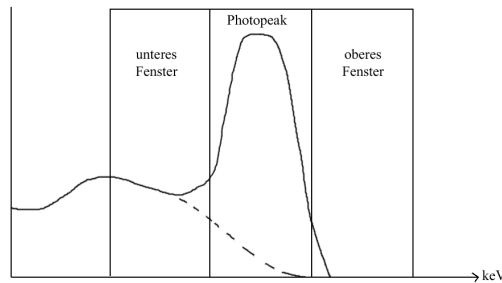


Abbildung 3.1: zwei zum Photopeakfenster benachbarte Fenster helfen, den Anteil an Streustrahlung abzuschätzen.

3.2.2 Dual-Photopeak Window

Diese Methode, 1992 von King et al. vorgestellt [16], basiert auf der Tatsache, dass Compton-gestreuete Photonen durch den Energieverlust beim Streuen mehr zur linken Hälfte des Photopeaks beitragen, als zur rechten. Das Photopeak-Fenster wird in zwei Fenster geteilt (Abbildung 3.2) und die Hypothese aufgestellt, dass, wenn man die Anzahl detektierter Gammaquanten

im unteren Fenster durch die Anzahl im oberen Fenster teilt, dieses Verhältnis in irgendeiner Beziehung zum Anteil der Streustrahlung im gesamten Photopeakfenster steht. Diese Beziehung definierten King et al. in folgender Gleichung:

$$SF = AR_s^B + C \quad (3.2)$$

wobei SF der Streuanteil und R_s das Verhältnis der Anzahl Gammaquanten im unteren Fenster zur Anzahl im oberen Fenster ist. Durch Kalibrierung lassen sich die Koeffizienten A , B und C bestimmen.

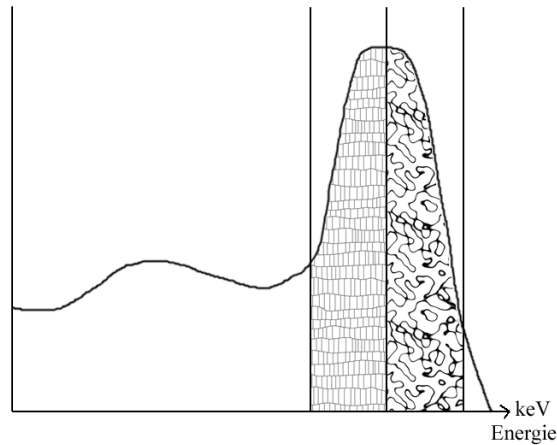


Abbildung 3.2: Die linke Hälfte des Photopeakfensters enthält einen größeren Anteil Streustrahlung

Für jeden Projektionspixel P_{ij} wird auf diese Weise ein Schätzwert $E(i, j)$ für die Anzahl der in diesem Pixel detektierten mindestens einmal gestreuten Gammaquanten berechnet. Aufgrund der für SPECT-Aufnahmen typisch geringen Anzahl an Gammaquanten in beiden Energiefenstern ist der Wert für $E(i, j)$ unzuverlässig und E verrauscht. Eine Tiefpassfilterung vermindert das

Rauschen, bevor $E(i, j)$ von der Anzahl aller detektierten Gammaquanten im entsprechenden Projektionspixel subtrahiert wird.

3.2.3 Faltung der Projektionsdaten

Geburtsjahr dieser Methode ist ebenfalls das Jahr 1984 [17]. Ihr liegt die Annahme zugrunde, dass die Punktantwort für Streustrahlung (scatter point response function bzw. point spread function) räumlich invariant ist und der Anteil an Streustrahlung im Photopeakfenster konstant über das gesamte Objekt ist. Die Verteilung der Streustrahlung wird abgeschätzt, indem die gemessenen Projektionen mit einer Unschärfefunktion gefaltet und anschließend um einen konstanten Faktor skaliert werden, der experimentell bestimmt wird. Ein aktuellerer Ansatz von 1994 [18] ersetzt den konstanten Faktor durch eine Variable, die für jeden Pixel separat berechnet wird anhand von planaren Transmissionsmessungen.

3.3 Dekonvolution

Die Streustrahlkorrektur mittels Dekonvolution [19] geht davon aus, dass die gemessenen Projektionen das Ergebnis mehrerer Faltungen der “wahren” Projektionen mit allen möglichen degradierenden Faktoren der Bildaufnahme sind. Zu den degradierenden Faktoren gehören auch die Streuartefakte. Ausmaß und Form dieser Degradierung durch Streuartefakte kann untersucht werden, indem Projektionen einer einzigen Punktquelle im Streustrahlmedium aufgenommen werden. Ist diese sogenannte Punktantwort (scatter point response function, srf) bekannt, kann sie benutzt werden, um die Faltung durch Ent-Faltung (= Dekonvolution) rückgängig zu machen. Auch hier wird wieder angenommen, dass die Punktantwort räumlich invariant ist. Das ist

natürlich nur eine Approximation. [20] untersucht unter anderem, unter welchen Bedingungen von einer räumlichen Invarianz ausgegangen werden kann. Die Autoren führen ihre Untersuchungen an einem homogenen Phantom-Medium durch und zeigen, dass durch die Addition entgegengesetzter Projektionen (dafür werden Projektionen im Winkel zwischen 0 und 360 Grad benötigt) die Punktantworten im gesamten Objekt relativ konstant werden, jedoch nicht absolut gleich. Strahlenquellen nahe der Objektoberflächen erzeugen asymmetrische Punktantworten. Wenn das Medium sehr inhomogen ist oder die Verteilung der Strahlenquellen nicht symmetrisch ist, dann ist die räumliche Invarianz der Punktantworten auch nicht mehr näherungsweise gegeben.

3.4 Korrektur innerhalb iterativer Rekonstruktion

Iterative Rekonstruktionalgorithmen berechnen die Schnittbilder (nach anfänglicher Initialisierung dieser) durch wiederholte Vorwärtsprojektion und Rückprojektion der Differenz zwischen gemessenen und berechneten Projektionen (Kapitel 2.3.2). Die Korrektur der Streustrahlung kann in beide Projektionen integriert werden. Die Berechnung der Vorwärtsprojektionen g erfolgt im allgemeinen durch Matrixmultiplikation des aktuell rekonstruierten Schnittbildes f mit einer Transitionsmatrix A (Gleichung 2.2), die für jeden Pixel i in f und jedes Projektionspixel j die Wahrscheinlichkeit enthält, dass ein Photon aus f_i in g_j detektiert wird. Diese Transitionsmatrix repräsentiert das Mapping der Aktivitätsverteilung auf die Projektionen.

Iterative Techniken, die während der Bildrekonstruktion Streuung korrigieren, lassen sich in zwei Klassen unterteilen. Verfahren der ersten Klasse in-

tegrieren das Phänomen der Streuung in die Transitionsmatrix. Die Transitionsmatrix lässt sich auf zweierlei Weise berechnen - mittels Monte Carlo Simulation [21] oder auf analytischem Wege [22] [23]. Die analytische Berechnung basiert auf der Klein-Nishina Formel, die in Abhängigkeit der Photonenenergie die Wahrscheinlichkeit berechnet, dass das Photon an einem Elektron im Winkel θ gestreut wird. Ein Element A_{ij} der Matrix berechnet sich aus der Summe der Wahrscheinlichkeiten für sämtliche Wege, die ein Photon aus Voxel f_i zu Projektionspixel g_j einschlagen kann. Die Monte Carlo Simulation simuliert die physikalischen Ereignisse des radioaktiven Zerfalls, der Streuung und der Absorption unter Beachtung der den einzelnen Ereignissen entsprechenden Wahrscheinlichkeiten. Für effektive Streustrahlkorrektur muss eine 3D-Rekonstruktion angestrebt werden (also keine sukzessive Berechnung der einzelnen 2D-Schichtbilder, sondern von vornherein eine Berechnung des gesamten 3D-Volumens), da Streuung schnittbildübergreifend stattfindet. Leider ist die Berechnung der Transitionsmatrix für den 3D-Ansatz äußerst rechenzeitintensiv und ihre Speicherung erfordert mehrere hundert Gigabyte. Außerdem ist sie patientenspezifisch, d.h. die Berechnung muss für jeden Patienten wiederholt werden.

Verfahren der zweiten Klasse benutzen die Punktantwort (scatter point response function), um die Verteilung der Streustrahlung abzuschätzen. Die Punktantwort für Punktquellen in homogenen Medien mit einfacher Objektgeometrie lässt sich mittels Monte Carlo Simulation berechnen. Bei komplexer Objektgeometrie ist die Monte Carlo Simulation vom Rechenaufwand her nicht mehr durchführbar. Deshalb werden die Punktantworten einfacher Geometrien in Datenbanken gespeichert und benutzt, um Punktantworten komplexer Geometrien zu konstruieren [26] [27]. Dies erfordert keinen großen Speicheraufwand, jedoch wird diese Methode vorwiegend bei Objekten ho-

mogener Dichte angewendet.

Im folgenden Unterkapitel wird eine Methode genauer vorgestellt, die den Verfahren der ersten Klasse ähnelt. Anstatt mit der Klein-Nishina-Formel eine exakte analytische Berechnung der Wahrscheinlichkeit einer Streuung eines Photons in einem bestimmten Winkel durchzuführen, wird diese approximiert. Verteidigt wird dieses Vorgehen damit, dass bei analytisch exaktem Vorgehen dennoch ein Fehler entsteht, weil die Mehrfachstreuung einiger Photonen vernachlässigt wird. Die Approximation liefert gute Ergebnisse, erreicht jedoch nicht den völligen Ausgleich des durch Streuartefakte hervorgerufenen Kontrastverlustes.

3.4.1 Transmissionsmessungsbasierte Korrektur

Dieses von Welch et al. [28] 1995 vorgestellte und 1997 implementierte [29] Modell für Compton-gestreuete Photonen zur Integration in die iterative Rekonstruktion basiert auf der simultanen Emissions- und Transmissionsmessung. Bei der Transmissionscomputertomographie (TCT) werden von einer externen Strahlenquelle Gammastrahlen emittiert und nach der Transmission durch den Körper des Patienten von der gegenüberliegenden Gammakamera erfasst. Transaxiale Schnittbilder werden rekonstruiert, die die Dichteverteilung im Körper widerspiegeln. Diese sogenannten Attenuation Maps werden oft zur Schwächungskorrektur herangezogen. Welch et al. benutzen sie, um die Verteilung der gestreuten Photonen abzuschätzen. Die Anzahl aller im Photopeakfenster detektierten, gestreuten Photonen kann abgeschätzt werden, indem für jeden Voxel i und jeden möglichen Pfad, den ein einmal unterwegs streuendes Photon von diesem Voxel aus hin zur entsprechenden Stelle j im Detektor-Kristall zurücklegen kann, die Wahrscheinlichkeit $P_{ij\phi}$ berechnet wird, dass dieses Photon im Photopeakfenster detektiert wird (al-

so weder unterwegs absorbiert wird, noch durch die Streuung zu viel Energie verliert), die Wahrscheinlichkeit mit der Aktivität A_i in dem Voxel i multipliziert und die Summe gebildet wird. Auf diese Weise wird zwar nur die Anzahl aller einmal gestreuten Photonen abgeschätzt, diese machen jedoch einen Anteil von 80-90 % aller Streustrahlen im Photopeakfenster aus. $P_{ij\phi}$ berechnet sich aus den Schwächungskoeffizienten entlang des Pfades multipliziert mit der Streuwahrscheinlichkeit $G(\phi)$, die vom Streuwinkel ϕ und der Dichte μ_{s_k} im Streuvoxel abhängt, sowie vom Energieverlust durch die Streuung, der bestimmt, mit welcher Wahrscheinlichkeit das Photon noch im Photopeakfenster der Gammakamera detektiert wird:

$$P_{ij\phi_k} = e^{-\int_i^{s_k} \mu_x dx} \times e^{-\int_{s_k}^j \mu_x dx} G(\phi_k) \mu_{s_k} \quad (3.3)$$

Die Streuwahrscheinlichkeit $G(\phi)$ ist eine 2D-Verteilung, die durch eine Gaußfunktion approximiert werden kann. Die Anzahl S_{ij} der gestreuten Photonen, die aus Voxel i stammen und an Position j der Gammakamera detektiert werden, ist also definiert durch folgende Gleichung:

$$S_{ij} = \sum_k A_i P_{ij\phi_k} = \sum_k A_i e^{-\int_i^{s_k} \mu_x dx} \times e^{-\int_{s_k}^j \mu_x dx} G(\phi_k) \mu_{s_k} \quad (3.4)$$

Mittels einer Ray-tracing Technik wird Gleichung 3.4 implementiert.

1999 stellten Zeng et al. [30] die schnelle Slice-to-Slice Blurring Methode vor, eine Approximation der Methode von Welch. Die Streuwahrscheinlichkeit für eine Körperschicht erhält man durch Slice-To-Slice Blurring einer vom Detektor weiter entfernten Körperschicht. Hierzu wird die aktuell rekonstruierte 3D-Aktivitätsverteilung mittels einem 3D-Gitter parallel zum Detektor neu gerastert. Man beginnt mit der vom Detektor am weitesten

entfernten Schicht und arbeitet sich schichtweise nach vorne, indem jeder Voxel einer Schicht mit seinem entsprechendem Schwächungskoeffizienten μ_i multipliziert, die Schicht mit einem kleinen Faltungskern (dieser kann durch die system point response function bestimmt werden) gefaltet und zur nächsten Schicht addiert wird. Dadurch enthält jede Schicht unscharfe Versionen der Vorgängerschichten. Dies implementiert $G(\phi_k)e^{-\int_i^{s_k} \mu_x dx}$ aus Gleichung 3.4, da Faltungsserien mit kleinen Faltungskernen in einer Gaußfunktion resultieren, in diesem Fall $G(\phi_k)$. In einem zweiten Schritt wird das Ergebnis-Volumen aus Schritt eins mit dem Volumen der Schwächungskoeffizienten μ_{s_k} multipliziert - dies implementiert die Multiplikation mit μ_{s_k} in Gleichung 3.4. Schließlich wird Schritt eins noch einmal wiederholt, diesmal mit dem Ergebnisvolumen aus Schritt 2 als Eingangsvolumen anstatt der Aktivitätsverteilung. Dieser Schritt implementiert $e^{-\int_{s_k}^j \mu_x dx}$, wobei zusätzlich die system point response function modelliert wird. Die letzte (dem Detektor am nächsten gelegene) Schicht aus dem Ergebnisvolumen ist dabei die gewünschte Projektion der Streustrahlung, die im iterativen Algorithmus zu der Vorwärtsprojektion nicht-gestreuter Gammaquanten hinzuaddiert wird.

3.5 Fazit

Obwohl in den letzten Jahrzehnten viel geforscht wurde auf dem Gebiet der Modellierung und Beseitigung von Streustrahlen in SPECT-Daten, hat sich noch keine Methode als Standard etabliert. Jede der oben vorgestellten Kategorien hat ihre Nachteile. Subtraktionsmethoden können den durch die Streustrahlung verloren gegangenen Bildkontrast nicht wieder restaurieren und vermehren das Rauschen. Dekonvolutionstechniken basieren auf der irigen Annahme, dass die Punktantwort für das gesamte Objekt konstant ist.

Dies trifft näherungsweise nur auf homogene Medien zu, so dass nur lokale Streuartefakte damit korrigiert werden können aber keine Streuartefakte, die durch Gammastrahlung aus einem anderen Organ verursacht wurden. Methoden, die die Korrektur der Streuartefakte in die iterative Rekonstruktion integrieren, berechnen und speichern entweder die komplette Transitionsmatrix, was mit einem äußerst hohen Rechenaufwand verbunden ist und sehr viel Speicherplatz erfordert, oder sie speichern die Punktantworten für einfache Objekte und schätzen mit ihrer Hilfe die Punktantworten für komplexere Objekte ab. Letztere Methode wird vorwiegend nur an homogenen Objekten angewendet. Eine Alternative zur Verwendung der Transitionsmatrix ist die transitionsmessungsbasierte Korrektur, jedoch setzt sie voraus, dass parallel zur SPECT-Aufnahme eine Transmissionsmessung erfolgt.

Weil dSPECT ein sehr neues Verfahren ist, gibt es noch keine Veröffentlichungen, die sich speziell mit der Korrektur von Streuartefakten in dSPECT-Daten auseinandersetzen. Es stellt sich die Frage, inwieweit sich die durch dSPECT zusätzlich gewonnenen Informationen für die Streustrahlkorrektur nutzen lassen. Dies ist Thema dieser Arbeit und wird im nächsten Kapitel ausführlich behandelt.

Kapitel 4

Idee und Umsetzung

4.1 Idee

Im vorangegangenen Kapitel wurden bereits einige Methoden zur Streustrahleneliminierung in SPECT-Daten vorgestellt. Sie liefern jedoch entweder nur unbefriedigende Ergebnisse oder sind sehr rechenzeitintensiv. Hier soll nun ein Ansatz vorgestellt werden, der sich in mehrfacher Hinsicht von den bisher bekannten Ansätzen unterscheidet. Zum einen findet die Korrektur der Streuartefakte auf dSPECT-Datensätzen statt. Das bedeutet, dass die in den Rekonstruktionsprozess zusätzlich eingebrachte A-Priori Information (siehe Kapitel 2.4.2) für die Erkennung von Streuartefakten genutzt werden kann, was ein Vorteil gegenüber den anderen Methoden sein kann, die auf SPECT-Daten operieren. Zum anderen ist die Korrektur nicht in den Rekonstruktionsprozess integriert bzw. diesem vorangestellt, sondern wird erst hinterher durchgeführt. Desweiteren handelt es sich um eine problemspezifische Lösung, die ganz speziell die von der Leber stammende Streustrahlung im linken Herzventrikel extrahieren soll. Problemspezifische Methoden haben den Nachteil, dass sie nur auf konkrete Fälle angewandt werden können. An-

dererseits nutzen sie auf das Problem zugeschnittenes A-Priori-Wissen und erzielen so oft bessere Ergebnisse. Außerdem scheint es angesichts der Tatsache, dass die Mehrzahl aller SPECT-Untersuchungen am Herz vorgenommen werden, lohnenswert, speziell dafür eine Lösung zu entwickeln.

Ziel einer SPECT-Untersuchung des Herzens ist das Erkennen von Durchblutungsstörungen in der Herzventrikelwand, die im Datensatz als dunklere Regionen sichtbar sind, da sie aufgrund der verminderten Durchblutung weniger von dem injizierten Radiopharmakon aufnehmen können. Durchblutungsstörungen sind Anzeichen für eine Erkrankung der Herzkranzgefäße und einen drohenden Herzinfarkt.

Für dSPECT-Aufnahmen wird ^{99m}Tc Teboroxime als Radiopharmakon eingesetzt. Teboroxime ist ein Pharmakon, welches sehr gut vom Herzen absorbiert wird und aufgrund seiner Neutralität relativ schnell und proportional zum regionalen Blutfluß aus den Organen herausgewaschen wird. Diese Eigenschaften machen Teboroxime interessant für die dynamische Bildgebung. Während bei statischen SPECT-Aufnahmen die Aktivität in den Organen über den Zeitraum der Messung relativ konstant bleibt, wird das Teboroxime noch während der Messung aus dem Herzen und in die Leber gespült. Diese Dynamik führt zu den charakteristischen Time-Activity-Curves (TACs) der Organe. Mit der Time-Activity-Curve ist die Funktion der Radioaktivität in Abhängigkeit der Zeit gemeint. Während im Herzen die Konzentration des Teboroximes sinkt (und damit die Radioaktivität), steigt sie zeitgleich in der Leber an und fällt erst später wieder.

Allgemein wird davon ausgegangen, dass Regionen mit gleicher Physiologie eine ähnliche TAC besitzen, da das Pharmakon in beiden Regionen in gleicher Weise verstoffwechselt, angelagert oder eingebaut wird. Gemeinsam ist allen Regionen, dass die Radioaktivität zunächst zu- und anschließend wieder

abnimmt.

Eine typische TAC für das Herz zeigt einen kontinuierlichen, exponentiellen Abfall der Konzentration. Grund dafür ist, dass die Messung erst beginnt, nachdem die Konzentration im Herzen ihr Maximum bereits überschritten hat. In der Leber tritt die maximale Aktivität erst 6 bis 8 Minuten nach der Injektion auf und ist in der TAC deutlich als Peak sichtbar. Interessanterweise variieren die TACs innerhalb der Leber in Position und Steilheit ihrer Peaks. Die Gründe dafür sind nicht genau bekannt, möglicherweise liegt das an einer unterschiedlich hohen Aufnahme des Pharmakons und einem abweichenden Blutfluss in verschiedenen Teilen der Leber. Insgesamt lässt sich die Leber in 6-8 Regionen zerlegen, die eine ähnliche TAC aufweisen.

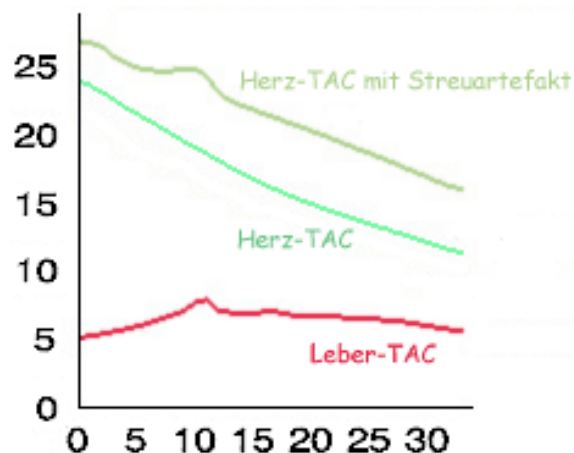


Abbildung 4.1: Drei verschiedene Zeitkurven. Die untere stammt aus einer Region in der Leber, die beiden oberen sind TACs aus Herzventrikelregionen. Die oberste scheint eine Linearkombination aus den beiden anderen Kurven zu sein.

Die unterschiedliche Charakteristik zwischen Herz- und Leberzeitkurven macht es möglich, Streustrahlung der Leber im Herzen zu identifizieren. Die betroffenen Regionen im Herzen (im Folgenden als Artefaktregionen bezeichnet)

weisen eine typische Leber-Charakteristik auf. Wahrscheinlich ist, dass es sich bei einer TAC aus der Artefaktregion um eine Linearkombination zwischen einer gewöhnlichen Herz-TAC und einer TAC aus der Leber handelt. Tatsächlich können natürlich auch mehrere Regionen der Leber Ursache eines Streuartefaktes sein. Es wird aber davon ausgegangen, dass maßgeblich nur eine Region nahe des Herzens beteiligt ist, weil mit zunehmender Entfernung die Wahrscheinlichkeit der Mehrfachstreuung von Photonen steigt. Mehrfach gestreute Photonen haben meistens soviel Energie verloren, dass sie nicht mehr im Photopeakfenster detektiert werden.

Das Ziel dieser Arbeit war die Entwicklung einer Methode, die auf diesen Informationen aufbauend eine Korrektur der Streuartefakte im Herzen vornimmt. Die Idee dazu war folgende: wenn die TAC aus einer Artefaktregion im Herzen eine Linearkombination zwischen einer gewöhnlichen Herz-TAC und einer Leber-TAC ist, dann müsste sich durch Linearzerlegung der TAC in beide Bestandteile das Streuartefakt extrahieren und korrigieren lassen. Ein weiterer Bestandteil dieser Arbeit ist die Untersuchung, inwiefern sich mit diesem Ansatz in realen Daten tatsächlich Streuartefakte korrigieren lassen.

4.2 Umsetzung

Sind die Modellkurve für den linken Herzventrikel sowie eine Modellkurve für die Leber bekannt, dann ist es möglich, durch Projektion der durch Streuartefakte modifizierten Herzventrikelkurve auf die beiden Modellkurven den Anteil der Leberkurve zu berechnen und so das Streuartefakt zu separieren. Damit befasst sich der folgende Unterabschnitt. Die beiden Modellkurven können durch interaktive Auswahl durch den Benutzer gewonnen oder aber

automatisch durch einen Algorithmus erzeugt werden. Für Letzteres spricht, dass der Algorithmus nach objektiven Kriterien die beste Lebermodellkurve sucht und diese Suche für den Benutzer eher mühselig ist. Die automatische Suche beginnt mit der Segmentierung der Leber (siehe Kapitel 4.2.2). Anschließend wird die Leber in Regionen mit relativ homogener TAC zerlegt und für jede Region eine durchschnittliche TAC berechnet. Jeder Region wird anhand mehrerer Kriterien eine Wahrscheinlichkeit zugeteilt, für das Streuartefakt verantwortlich zu sein. Die Leber-TAC der Region mit der größten Wahrscheinlichkeit wird ausgewählt. Kapitel 4.2.3 beschäftigt sich damit. Kapitel 4.2.4 widmet sich nun noch der Untersuchung, inwiefern eine patientenunabhängige Herzventrikel-TAC für die Modellierung des Normverhaltens im Herzen ausreicht und welchen Einfluss Änderungen des Normverhaltens auf die Qualität des Resultates haben.

4.2.1 Berechnung der Linearkombination

Eine TAC setzt sich aus n diskreten Werten zusammen. Sie lässt sich also praktisch auch durch einen n -dimensionalen Vektor repräsentieren. Der Vektor für die Herzregion und der Vektor für die Leberregion - im folgenden der Einfachheit halber Vektor \vec{h} und Vektor \vec{l} genannt - spannen eine Ebene auf. Wenn die Zeit-Aktivitäts-Kurve der Artefaktregion im Herzen tatsächlich eine Linearkombination der beiden anderen Kurven ist, dann liegt dieser Vektor (im folgenden als \vec{s} bezeichnet) in der Ebene, die Herz- und Lebervektor aufspannen. Durch Projektion von \vec{s} auf die beiden anderen Vektoren erhält man deren Anteile a und b an \vec{s} , so dass gilt:

$$a \cdot \vec{h} + b \cdot \vec{l} = \vec{s}$$

Diese Projektion ist jedoch keine orthogonale Projektion, da \vec{h} und \vec{l} nicht

orthogonal aufeinander stehen. Statt dessen wird \vec{s} in Richtung von \vec{h} auf \vec{l} projiziert und in Richtung von \vec{l} auf \vec{h} . Abbildung 4.2 verdeutlicht dies:

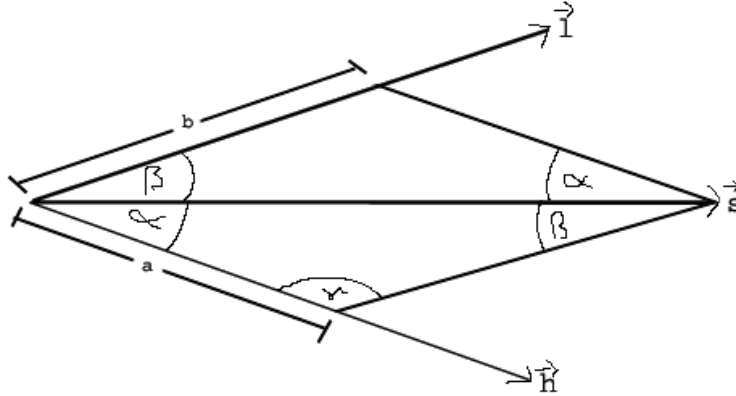


Abbildung 4.2: Projektion von \vec{s} auf \vec{h} und \vec{l} .

α sei der Winkel zwischen \vec{s} und \vec{l} , β der Winkel zwischen \vec{s} und \vec{h} und γ der Winkel zwischen \vec{h} und $-\vec{l}$. Mit dem Sinussatz lassen sich a und b berechnen:

$$\frac{b}{\sin \alpha} = \frac{|\vec{s}|}{\sin \gamma} \quad \Longrightarrow \quad b = \sin \alpha \cdot \frac{|\vec{s}|}{\sin \gamma} \quad (4.1)$$

und

$$\frac{a}{\sin \beta} = \frac{|\vec{s}|}{\sin \gamma} \quad \Longrightarrow \quad a = \sin \beta \cdot \frac{|\vec{s}|}{\sin \gamma} \quad (4.2)$$

wobei

$$\alpha = \arccos \frac{\langle \vec{h}, \vec{s} \rangle}{|\vec{h}| \cdot |\vec{s}|}, \quad \beta = \arccos \frac{\langle \vec{l}, \vec{s} \rangle}{|\vec{l}| \cdot |\vec{s}|}, \quad \gamma = \arccos \frac{\langle \vec{h}, -\vec{l} \rangle}{|\vec{h}| \cdot |\vec{l}|} \quad (4.3)$$

Diese Rechnung ist nur dann gültig, wenn sich \vec{s} zu positiven Anteilen aus \vec{h} und \vec{l} zusammensetzt, d.h. a und b positiv sind. Im anderen Fall kann eine

\vec{s}_p ist die Projektion von \vec{s} auf die Ebene durch \vec{l} und \vec{h} . In den Gleichungen 4.1 und 4.2 sollten \vec{s} durch \vec{s}_p ersetzt werden. Die Projektion eines Vektors \vec{s}_p auf eine Ebene kann sehr einfach berechnet werden, indem er nacheinander auf zwei normierte, zueinander orthogonale Vektoren \vec{n}_1 und \vec{n}_2 in dieser Ebene projiziert wird:

$$\vec{s}_p = c \cdot \vec{n}_1 + d \cdot \vec{n}_2$$

mit c und d als dem Skalarprodukt von \vec{s} mit \vec{n}_1 und \vec{n}_2 :

$$c = \langle \vec{s}, \vec{n}_1 \rangle \quad d = \langle \vec{s}, \vec{n}_2 \rangle$$

\vec{h} und \vec{l} stehen nicht senkrecht aufeinander. Ein orthogonaler Gegenpart zu \vec{h} oder \vec{l} lässt sich jedoch einfach berechnen: Die orthogonale Projektion von \vec{l} auf \vec{h} (= Skalarprodukt) berechnet den Anteil l_h an \vec{h} , der von \vec{l} subtrahiert werden muss. Das Ergebnis ist ein zu \vec{h} orthogonaler Vektor: $\vec{h}_\perp = \vec{l} - l_h \cdot \vec{h}$. Nach der Normierung von \vec{h} und \vec{h}_\perp kann \vec{s}_p berechnet werden.

$$\vec{n}_1 = \frac{\vec{h}}{|\vec{h}|} \quad \vec{n}_2 = \frac{\vec{l} - \langle \vec{l}, \vec{n}_1 \rangle \cdot \vec{n}_1}{|\vec{l} - \langle \vec{l}, \vec{n}_1 \rangle \cdot \vec{n}_1|}$$

4.2.2 Segmentierung der Leber

Für die Segmentierung der Leber wurde ein halbautomatisches Schwellwertverfahren entwickelt. Durch die hohe Aufnahme an Teboroxim in der Leber und die dadurch erzeugte hohe Radioaktivität hebt sie sich gut vom Hintergrund ab, weshalb ein Schwellwertverfahren geeignet scheint. Der Schwellwert muss für jede z-Schicht eines Datensatzes bestimmt werden, da er von einer Schicht zur nächsten mehr oder weniger stark variiert. Eine Schwellwertbestimmung kann entweder manuell erfolgen (Eingabe durch den Nutzer),

halbautomatisch (mit geringer Unterstützung des Nutzers) bzw. vollautomatisch. Gegen Ersteres spricht der relativ hohe Interaktionsaufwand für den Nutzer, gegen Letzteres spricht die hohe Anfälligkeit für Fehlentscheidungen. Deshalb fiel die Entscheidung für ein halbautomatisches Verfahren.

Die Aufgabe des Nutzers besteht darin, diejenige z-Schicht zu markieren, in der zum ersten Mal die Leber sichtbar wird. Hierzu klickt er in der entsprechenden Schicht mit der Maus in die Mitte der Leber. Vorteil dieser Art der Markierung ist, dass eine weitere Information gewonnen wurde: ein Schätzwert für den Schwellwert, der unterhalb der Radioaktivität im Voxel an der Mausposition liegen muss.

Die Idee der halbautomatischen Schwellwertbestimmung basiert auf der Vermutung, dass im Histogramm einer z-Schicht der Schwellwert als ein Minimum zwischen zwei Maxima liegt, wobei der linke Peak den Hintergrund und der rechte Peak die Leber repräsentiert. Hierzu muss die Klassenbreite des Histogramms sehr sorgfältig gewählt werden, da sie maßgeblich das Gesamterscheinungsbild des Histogramms beeinflusst (siehe Abb. 4.4). Bei mehr als 25 Klassen entstehen zu viele lokale Minima und Maxima. Die Klasse, die den Schwellwert enthält, lässt sich dann nicht identifizieren. Ist die Anzahl der Klassen wiederum zu gering, dann umfasst eine Klasse einen zu großen Wertebereich. Der Peak, der die Leber repräsentiert, ist im Vergleich zum Hintergrund-Peak nur gering ausgeprägt und ist nur ein lokales Maximum in einer ansonsten monoton fallenden Kurve. Ab einer bestimmten Klassenbreite ist der Peak der Leber nicht mehr sichtbar und somit auch kein Minimum. Die geeignete Klassenbreite variiert von einer Schicht zur nächsten, so dass sie nicht global festgelegt werden kann. Statt dessen wird für jedes Histogramm, angefangen von 6 bis hin zu 25 Klassen die Qualität der einzelnen Minima bestimmt und das beste Minimum ausgewählt. Drei Eigenschaften

bestimmen die Qualität eines Minimums:

- sein Absolutwert, der abhängig von der Anzahl der Elemente in dieser Klasse ist,
- sein relativer Wert bzgl. der Werte von den beiden angrenzenden Klassen und
- die Differenz seines mittleren Grauwertes zu einem Referenzgrauwert. Dieser Referenzgrauwert ist eine Schätzung für den Schwellwert. Für die erste Schicht ergibt er sich aus dem Grauwert des Voxels an der Mausposition minus einer gewissen Toleranz. In jeder folgenden Schicht ergibt sich der Referenzwert aus dem Schwellwert der Vorgängerschicht.

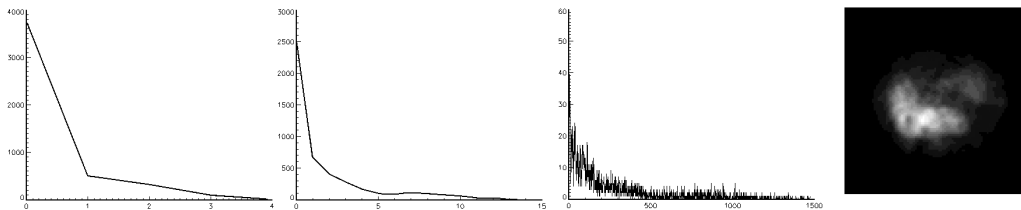


Abbildung 4.4: drei Histogramme von ein und demselben Bild - mit 4, 14 und 1500 Klassen. Ein Minimum, das die Leber vom Hintergrund trennt, ist im zweiten Histogramm erkennbar.

Wenn nach obigen Kriterien eine Klasse gefunden wurde, wird innerhalb dieser Klasse nach dem absoluten Minimum gesucht und dieses als Schwellwert definiert.

4.2.3 Automatische Gewinnung von Modell-TACs der Leber

Aktivitätsanstieg und -abfall variieren innerhalb der Leber. Deshalb reicht es nicht aus, eine durchschnittliche Leberkurve zu berechnen und sie als Lebermodellkurve dem obigen Algorithmus zur Berechnung der Linearkombination zuzuführen. Man geht davon aus, dass etwa 6-8 verschiedene TACs das Zeitverhalten in den jeweiligen Regionen der Leber repräsentieren. Es wird angenommen, dass nur eine Region verantwortlich für das Streuartefakt ist. Ist die dazugehörige TAC bekannt, dann kann der Anteil an Streustrahlung im linken Herzventrikel abgeschätzt und subtrahiert werden (siehe Kapitel 4.2.1).

Mit dem von Toennies et al. im Jahre 2000 vorgestellten Algorithmus [31] wird die Leber in die Regionen zerlegt. Hierzu wird initial jeder einzelne Voxel als eine Region definiert und sukzessive Regionen mit ähnlicher durchschnittlicher TAC zusammengefasst. Die Ähnlichkeit zwischen zwei TACs beruht auf Merkmalen, die mittels einer Hauptkomponentenanalyse berechnet werden [32]. Es wird davon ausgegangen, dass die durchschnittliche TAC einer Region den tatsächlichen Verlauf wesentlich zuverlässiger repräsentiert als die TAC in einem einzigen Voxel, weil durch Addition mehrerer Kurven das Rauschen abnimmt (der Mittelwert des Rauschen liegt bei 0).

In Kapitel 4.2.1 ist von einem Vektor \vec{t} die Rede. Dies ist der Rest, der übrig bleibt, wenn von einer Herzventrikel-TAC mit Streuartefakten die bestmögliche Linearkombination einer regulären Herzventrikelmodellkurve und einer Lebermodellkurve subtrahiert wird. Im Idealfall ist dieser Rest 0, durch negative Bildeinflüsse wie Rauschen und durch minimale Einflüsse anderer Leberregionen auf die von Streuung betroffenen Regionen wird dies bei realen Daten kaum der Fall sein. Dennoch ist ein großer Betrag

von \vec{t} ein Indiz dafür, dass möglicherweise die zur ausgewählten Leber-TAC gehörende Region nicht hauptverantwortlich für die Streuartefakte im Herzventrikel ist.

Die Länge des t-Vektors wurde deshalb zu einem Auswahlkriterium bei der automatischen Suche nach der richtigen Leber-TAC. Ein weiteres Auswahlkriterium ist die Entfernung der Leberregion zu der Artefaktregion im linken Herzventrikel. Je größer diese Distanz ist, umso wahrscheinlicher sind Mehrfachstreuungen der Photonen und umso geringer die Wahrscheinlichkeit, dass sie noch im Photopeakfenster der Gammakamera detektiert werden. Ein drittes Auswahlkriterium ist die Aktivität einer Region in der Leber in Relation zu der Aktivität anderer Regionen. Je höher sie ist, desto größer ist auch die Anzahl der Photonen, die aus dieser Region kommend im Herzen gestreut und von der Gammakamera detektiert werden.

4.2.4 Eine generische Herzventrikel-TAC

Der typische Verlauf einer Herzventrikelmodellkurve erinnert an eine fallende Exponentialfunktion. Die Vermutung liegt nahe, dass nicht für jeden Patienten erneut eine Herzkurve für das Normverhalten ausgewählt werden muss, sondern eine Annahme über ihren Verlauf getroffen werden kann. Im Folgenden sollen zwei Methoden auf ihre Brauchbarkeit bei der Extraktion der Streuartefakte untersucht werden.

Die Unterschiede im Normverhalten im linken Herzventrikel verschiedener Patienten sind nicht gravierend. Möglicherweise reicht es deshalb aus, eine patientenunabhängige Modellkurve für den linken Herzventrikel als Norm festzulegen. Für die Untersuchung wurden aus 4 verschiedenen Datensätzen jeweils eine TAC für das Normverhalten im linken Herzventrikel ausgewählt sowie 8 verschiedene Leberaktivitätskurven (Abbildung 4.5). Für jede mögli-

che Kombination aus einer Herzventrikelkurve und einer Leberaktivitätskurve wurde eine Linearkombination berechnet. Diese Linearkombination wurde anschließend mit Hilfe des Algorithmus aus Kapitel 4.2.1 wieder zerlegt und der künstliche Streuartefakt herausgerechnet. Hierbei fungierte nacheinander jede der übrigen Herzventrikelkurven als generische Modellkurve. Der Fehler ergibt sich aus dem Betrag, mit dem die Ergebniskurve von der “echten” Herzkurve abweicht.

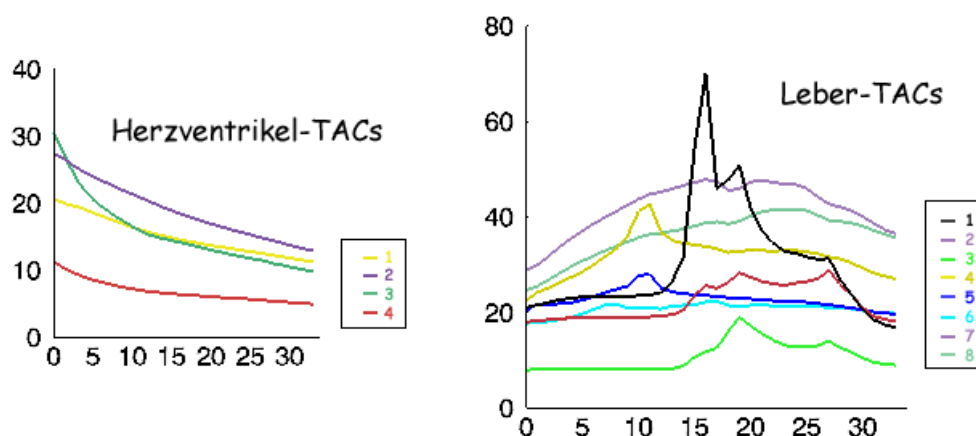


Abbildung 4.5: Die in den Experimenten verwendeten TACs

19,5 % durchschnittliche fehlerhafte Abweichung (siehe Tabelle 4.1) erscheint auf den ersten Blick sehr viel und ist es wohl auch. Im Falle einer Durchblutungsstörung wäre die Ergebniskurve aber auch bei einer mehr als 20 %igen Abweichung niedrig genug, um die Störung erkennen zu lassen. Unberücksichtigt in dieser Untersuchung ist bis jetzt der Einfluss des Rauschens, das die Qualität des Ergebnisses noch zusätzlich beeinträchtigen wird, sowie die Gefahr, dass bei einer größeren Abweichung der generischen Herzkurve vom Normverhalten im jeweiligen Patienten die “falsche” Leberzeitkurve ausgewählt und der Berechnung zur Extraktion der Streuartefakte zugrunde

echte Herz-TAC	generische Herz-TAC			
	1	2	3	4
1	-	27.04	6.88	11.94
2	21.09	-	27.28	27.84
3	4.80	21.61	-	18.36
4	11.13	34.70	16.50	-
durchschnittlich 19.50 % fehlerhafte Abweichung				

Tabelle 4.1: Fehlerhafte Abweichung (in Prozent) von der echten Herz-TAC, wenn der Berechnung eine generische, patientenunabhängige Herzkurve zugrunde liegt.

gelegt wird. Bei oben angesprochener Untersuchung mit den 8 Leberkurven trat dieses Problem nicht auf.

Eine mögliche Alternative zu der Verwendung einer patientenunabhängigen, generischen Modellkurve ist die automatische Anpassung einer exponentiellen Funktion $y = a \cdot e^{b \cdot x} + c$ an die Funktion mit Streuartefakten, in der Annahme, dass diese Exponentialkurve eine gute Annäherung an die tatsächliche Herzventrikelkurve ist.

Diese Alternative ist aufwändiger als die Verwendung einer generischen Modellkurve für jeden Patienten und zudem resultiert sie nicht in besseren Ergebnissen, sondern in teilweise gravierenden Abweichungen von bis zu 60 % (Tabelle 4.2).

Nach diesen Ergebnissen ist von einer generischen Herz-TAC oder der automatischen Anpassung einer exponentiellen Funktion eher abzuraten, da man ferner davon ausgehen muss, dass in der Praxis die Ergebnisse noch durch andere Faktoren negativ beeinflusst werden - z.B. durch Rauschen oder der Tatsache, dass das Verwenden der durchschnittlichen TAC einer Leber-Region für den Extraktionsprozess eine Vereinfachung und Ungenauigkeit darstellt.

echte Herz-TAC	Leber-TAC							
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	3.42	24.07	9.46	24.44	24.01	36.01	8.31	42.39
2	3.30	15.99	4.03	16.63	2.67	21.01	18.48	28.36
3	19.07	31.77	13.41	19.25	10.42	17.22	36.73	60.93
4	6.98	56.34	25.82	46.38	46.38	61.41	47.89	n.m.
gesamt	durchschnittlich 25.24 % Fehler (14.5 % Varianz)							

Tabelle 4.2: Fehlerhafte Abweichung (in Prozent) von der echten Herz-TAC, wenn der Berechnung eine exponentielle Funktion zugrunde liegt, die der Linearkombination angepasst wurde. Einmal war keine Korrektur möglich.

Kapitel 5

Resultate und Diskussion

Am Schlüssigsten ist die Validierung eines Algorithmus zur Entfernung von Artefakten, wenn ein künstlich erzeugter Testdatensatz sowohl mit als auch ohne Streuartefakte zur Verfügung steht. Das berechnete Ergebnis kann so unmittelbar auf Korrektheit überprüft werden.

Ein solcher Testdatensatz stand jedoch nicht zur Verfügung. Zumindest aber kann untersucht werden, ob tendenziell die Möglichkeit der Extraktion der Streuartefakte mit diesem Algorithmus wahrscheinlich ist. Die Validierung des Algorithmus gliedert sich in zwei Schritte. Der folgende Unterabschnitt befasst sich mit der Untersuchung des Algorithmus an sich. Es wird geprüft, ob der Algorithmus in der Lage ist, Streuartefakte zu entfernen, wenn als zutreffend vorausgesetzt wird, dass die TAC aus der Artefaktregion eine Linearkombination zwischen dem Normverhalten im Herzen und genau einer durchschnittlichen TAC einer Region aus der Leber ist.

Kapitel 5.2 setzt sich mit der Gültigkeit dieser Annahme auseinander, indem Tests an “realen” Daten durchgeführt werden. Die Richtigkeit der Ergebnisse kann zwar nicht überprüft werden, wohl aber spricht einiges dafür, wenn

- das Ergebnis der Extraktion eine Kurve ist, die den TACs angrenzender

Herzventrikel-Regionen ähnlich sieht,

- die durchschnittliche Aktivität des Ergebnisses in etwa vergleichbar ist mit der Aktivität benachbarter Herzventrikelregionen (zumindest wenn bekannt ist, dass die untersuchten Datensätze von gesunden Patienten ohne Durchblutungsstörung im Herzen stammen) und
- für die Extraktion des Streuartefaktes eine Leber-TAC verwendet wurde, deren dazugehörige Region nahe dem von Streuung betroffenen Segment im Herzen liegt.

5.1 Untersuchungen an modifizierten Daten

Mit Untersuchungen an künstlich modifizierten Datensätzen kann überprüft werden, ob der Algorithmus unter idealisierten Bedingungen korrekt arbeitet. Für die Untersuchungen wurden Datensätze ohne erkennbare Streuartefakte verwendet. Jeweils eine Region im Herzventrikel wurde mit künstlichen Streuartefakten versehen, indem zur durchschnittlichen TAC der Bruchteil einer beliebigen Leber-TAC addiert wurde. Um reale Bedingungen vorzutäuschen, benutzte der Algorithmus für die Berechnung des Streuartefaktes nicht die tatsächliche Herzkurve, sondern die einer benachbarten Region im Herzventrikel - einer Region, die ein Benutzer selektieren würde, um das Normverhalten im Herzen anzugeben. Zur Aufgabe des Algorithmus gehörte auch die Suche nach der richtigen Leber-TAC.

Insgesamt wurden 96 Versuche (siehe Tabelle 5.1) durchgeführt. In drei verschiedenen Datensätzen wurden dazu benachbarte Herzregionen per Hand selektiert und mit jeder Kombination zweier Herzregionen jeweils 8 Versuche mit den verschiedenen Leber-TACs des Datensatzes durchgeführt. Durchschnittlich wich die Kurve nach der Korrektur des künstlichen Streuartefaktes

nur minimal von der tatsächlichen Herzventrikelkurve ab (Abbildung 5.1 und Tabelle 5.1). War die zur Korrektur benutzte Herzkurve mit der tatsächlichen identisch, dann trat kein Fehler auf. Größere Abweichungen traten dann auf, wenn die Leber-TAC starke Ähnlichkeit mit der Herz-TAC hatte.

Herz-TAC Paar	Leber-TAC							
	1	2	3	4	5	6	7	8
1	3.86	3.46	3.96	4.25	4.91	4.19	4.68	4.45
2	7.04	5.45	7.08	6.2	7.75	8.02	7.56	8.91
3	3.65	3.35	3.81	4.24	4.87	3.62	4.60	4.20
4	2.21	3.35	1.47	2.75	3.00	4.25	5.39	3.76
5	0.94	1.02	4.32	1.05	1.06	1.01	0.47	1.0
6	5.87	5.22	11.59	5.53	4.97	3.75	8.37	5.27
7	3.69	3.36	3.20	3.65	3.26	2.69	5.20	3.43
8	2.22	1.84	1.54	1.90	1.53	0.82	3.37	1.18
9	0.32	0.16	0.36	1.44	0.25	0.09	2.07	10.23
10	3.33	2.94	5.37	5.22	3.98	2.79	19.64	30.19
11	1.23	1.34	3.02	2.64	1.79	1.45	13.66	7.04
12	0.43	0.03	1.39	1.74	7.13	0.45	10.21	3.93
durchschnittlich 4.17 % Fehler (2.47 % Varianz)								

Tabelle 5.1: Die fehlerhaften Abweichungen (in Prozent) nach der Entfernung künstlicher Streuartefakte in 96 Versuchen. Pro Versuch wurde der Bruchteil einer Leber-TAC zu einer Herz-TAC addiert und mit einer anderen Herz-TAC das künstliche Streuartefakt korrigiert. 12 Kombinationen benachbarter Herzregionen wurden ausgewählt (in drei verschiedenen Datensätzen) und mit jeder Kombination 8 Versuche mit den Leber-TACs des jeweiligen Datensatzes durchgeführt.

Einige Male wählte der Algorithmus die falsche Leber-TAC. Dies passierte oft dann, wenn sich "falsche" und "richtige" Leber-TAC sehr ähnlich sahen.

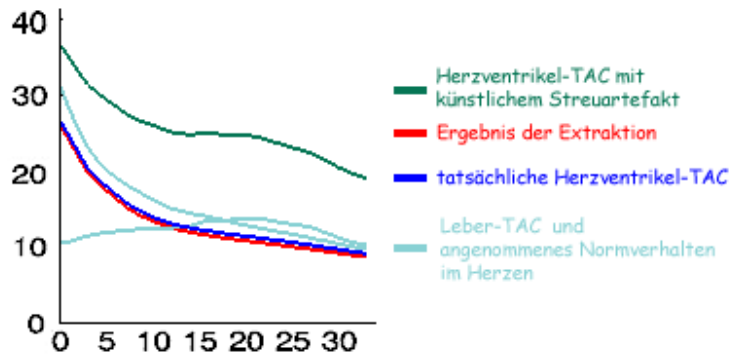


Abbildung 5.1: Datensatz R24; je geringer der Abstand zwischen der blauen und der roten TAC, desto besser ist die Qualität des Ergebnisses. Hier ist die Abweichung nur minimal.

Negative Auswirkungen auf die Qualität des Ergebnisses (d.h. den Abstand zwischen der berechneten Kurve und der tatsächlichen Herzventrikel-TAC) waren dadurch aber nicht sichtbar.

In weiteren Untersuchungen wurden Herzkurven als Norm ausgewählt, die zwar aus demselben Datensatz stammen, allerdings nicht zu der Region mit dem künstlichen Streuartefakt benachbart sind und einen deutlich sichtbaren flacheren bzw. steileren Verlauf haben. Dies hat teilweise zu groben Abweichungen der berechneten Herzkurve von der tatsächlichen geführt (siehe Abbildung 5.2). Dieses Ergebnis bestätigt die Untersuchung aus Kapitel 4.2.4, dass das Normverhalten im linken Herzventrikel sorgfältig ausgewählt werden muss und das Verwenden einer generischen, patientenunabhängigen Norm zu groben Abweichungen führen kann.

5.2 Untersuchung im realen Datensatz

Zwei der zur Verfügung stehenden Datensätze (Datensatz 906 und Datensatz 207) weisen Streuartefakte im Herzen auf. Abbildung 5.3 zeigt verschiedene

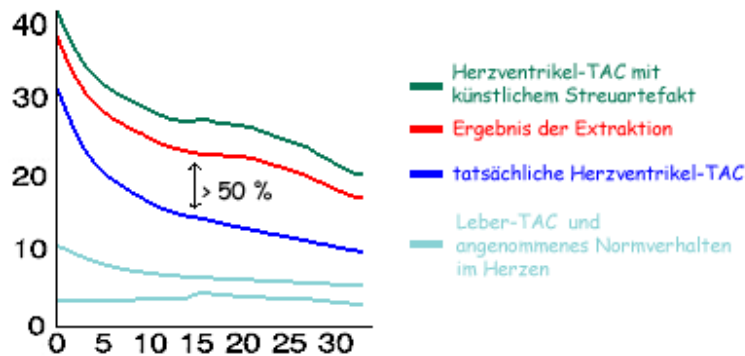


Abbildung 5.2: Datensatz R24; Für das Normverhalten im Herzen wurde eine Kurve ausgewählt (hellblau), die vom tatsächlichen Verlauf (blau) in der Region mit dem künstlichen Streuartefakt relativ stark abweicht. Daraus resultiert eine relativ große Abweichung der tatsächlichen Herzventrikel-TAC von dem, was der Algorithmus nach der Extraktion des Streuartefaktes ausgibt (rot).

Herzventrikel-TACs aus einem Datensatz. Mehrere davon enthalten Streuartefakte.

Die Tests wurden an beiden Datensätzen durchgeführt. Per Hand wurden dazu pro Testdurchlauf zwei benachbarte Regionen im Herzventrikel selektiert, eine mit Streuartefakt und eine ohne. Aus der segmentierten, in 8 Regionen zerlegten Leber wählte der Algorithmus automatisch diejenige Region mit der für die Extraktion des Streuartefaktes geeigneten durchschnittlichen TAC.

Das Ergebnis in Abbildung 5.4 sieht vielversprechend aus. Die berechnete Kurve weicht nur geringfügig von der Herzventrikelkurve aus der benachbarten Region ab. Die Region in der Leber, die für das Streuartefakt verantwortlich sein soll, ist zwar nicht diejenige mit dem geringfügigsten Abstand zum Herzen, aber sie liegt sehr nah und zudem ist ihre durchschnittliche Aktivität im Vergleich zu der anderer Regionen hoch. Der "Ausreißer" zum Zeitpunkt 10 lässt sich möglicherweise durch den zusätzlichen Einfluss der

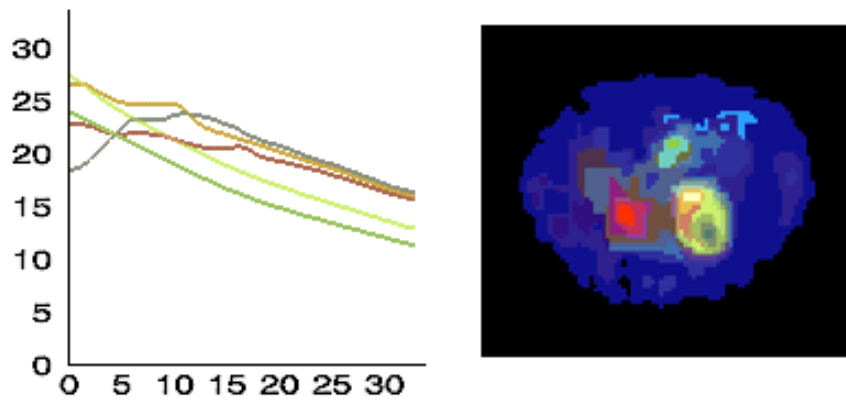


Abbildung 5.3: Verschiedene TACs aus Regionen im linken Herzventrikel von Datensatz 906. Drei davon weisen Streuartefakte auf.

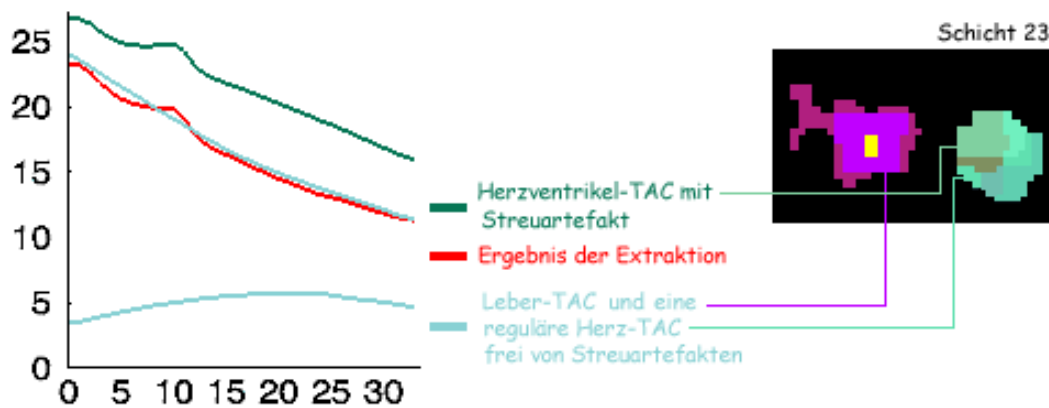


Abbildung 5.4: Datensatz 906. Ergebnis einer automatischen Extraktion des Streuartefaktes

kleinen gelben Region inmitten der Leber erklären. Diese hat zum Zeitpunkt 10 einen deutlichen Peak.

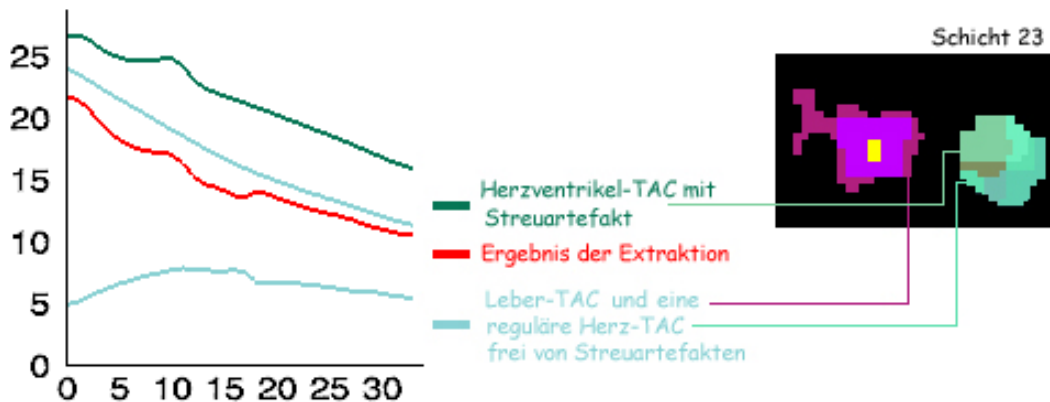


Abbildung 5.5: Datensatz 906. Ergebnis einer Extraktion des Streuartefaktes mit manueller Auswahl der Leber-TAC

Abbildung 5.5 zeigt das Ergebnis nach erneuter Anwendung des Algorithmus, wobei diesmal für die Extraktion die durchschnittliche TAC der am nächsten gelegenen Leberregion benutzt wurde. Das Ergebnis weicht deutlicher als in Abbildung 5.4 von der Herzventrikelkurve ab. Dennoch ist die Abweichung tolerabel.

Wahrscheinlich ist, dass alle drei Regionen in der Leber, sowohl die beiden dem Herzen sehr nahe gelegenen Regionen, als auch die kleine Region inmitten der Leber einen Einfluss auf die Herzregion haben und gemeinsam den Streuartefakt verursachen. Die Extraktion des Streuartefaktes bringt aber auch mit jeder der drei Leber-TACs alleine erstaunlich gute Ergebnisse.

Abbildung 5.6 und Abbildung 5.7 zeigen die Ergebnisse der Korrektur eines weiteren Streuartefaktes in einer anderen Region. Die durchschnittliche Aktivität liegt nur noch bei ca. 70 % der Aktivität der benachbarten Region. Doch lässt ja schon der niedrige Anfangswert vor der Korrektur auf eine niedrigere Aktivität in dieser als in der benachbarten Region schließen. Positiv

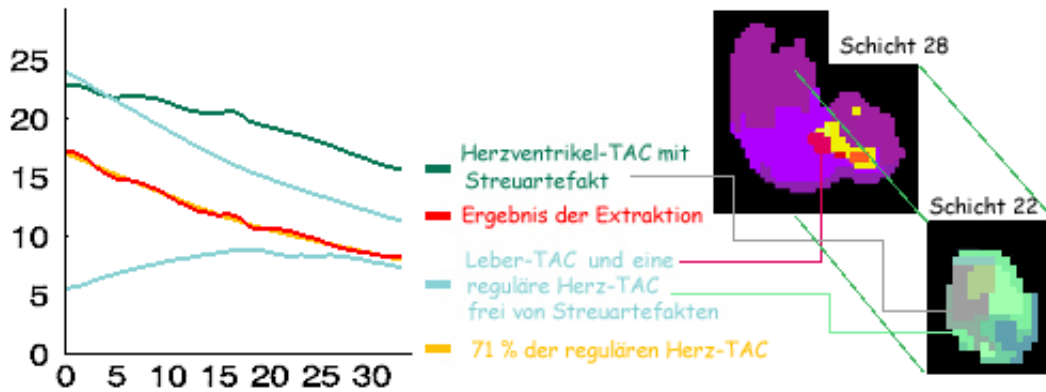


Abbildung 5.6: Datensatz 906. Ergebnis einer automatischen Extraktion des Streuartefaktes

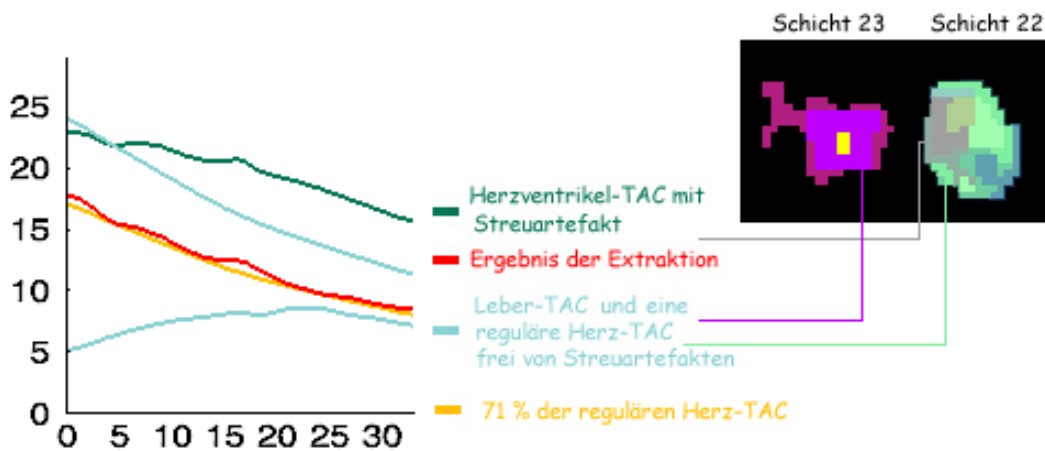


Abbildung 5.7: Datensatz 906. Ergebnis einer Extraktion des Streuartefaktes mit manueller Auswahl der Leber-TAC

zu bewerten ist die Ähnlichkeit im Verlauf beider Herzkurven.

Dass die vom Algorithmus gewählte Leber-Region Ursache der Streuung ist, ist eher unwahrscheinlich. Es handelt sich um eine sehr kleine Region und ihre Entfernung von der betroffenen Region im Herzen ist relativ groß. Ihr Aktivitätsverlauf ähnelt aber stark dem einer anderen Region, die dem Herzen sehr nah ist. Entsprechend ähnlich ist auch das Ergebnis, wenn mit der TAC dieser Region extrahiert wird (siehe Abbildung 5.7).

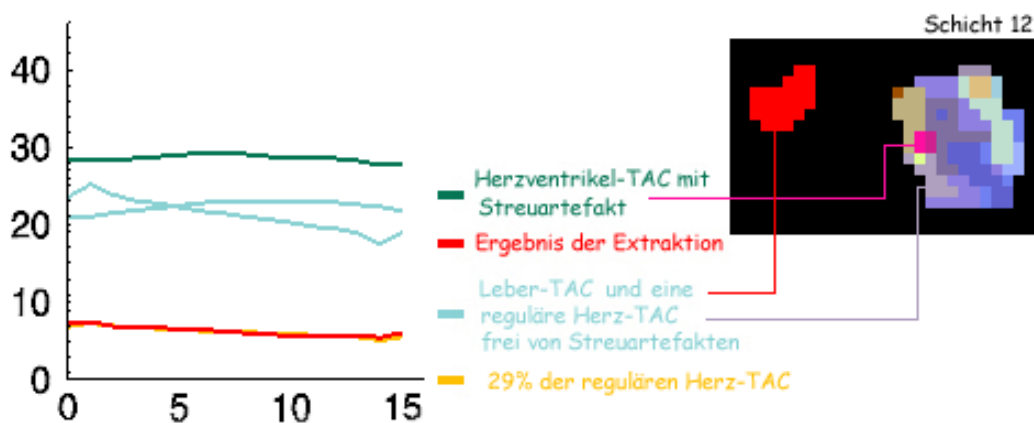


Abbildung 5.8: Datensatz 207. Ergebnis einer automatischen Extraktion des Streuartefaktes

Die Ergebnisse aus dem anderen Datensatz (Abbildung 5.8 und 5.9) sind etwas schwieriger zu bewerten. In allen Artefaktregionen ist die Aktivität nach der Extraktion deutlich geringer als in der benachbarten Herzventrikelregion, die frei von Streuartefakten ist. Eine derart niedrige Aktivität widerspricht den Erwartungen und lässt an der Glaubwürdigkeit der Ergebnisse zweifeln. Andererseits sprechen einige Fakten dafür, dass die Ergebnisse richtig sind. Abbildung 5.8 und Abbildung 5.9 zeigen die Ergebnisse einer automatischen Korrektur der Streuartefakte in zwei zueinander benachbarten Herzventrikelregionen. Während die Regionen vor der Korrektur eine unterschiedlich hohe Aktivität aufweisen, ist sie nach der Korrektur in beiden Regionen na-

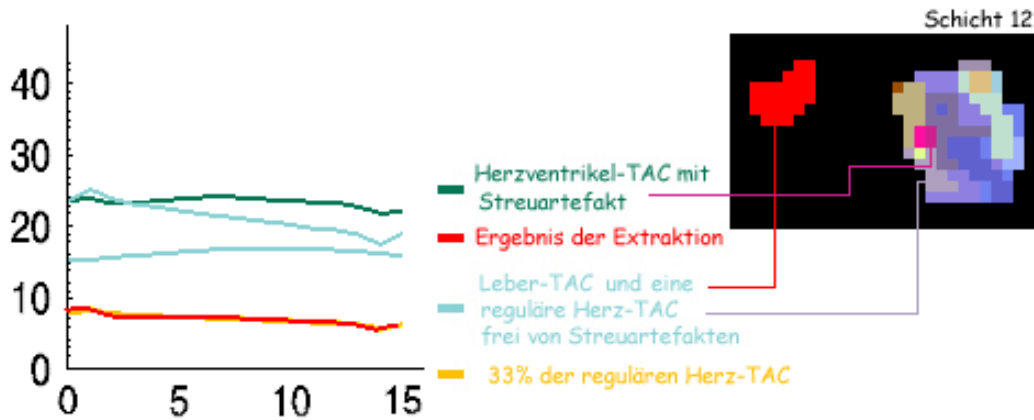


Abbildung 5.9: Datensatz 207. Ergebnis einer automatischen Extraktion des Streuartefaktes

hezu gleich hoch. Für die unterschiedlich hohe Aktivität vor der Korrektur gibt es die logische Erklärung, dass eine Region von der Leber aus gesehen vor der anderen liegt. Diese bekommt daher die höhere Dosis Streustrahlung ab und hat folglich eine höhere Aktivität. Die nahezu gleich hohe Aktivität nach der Korrektur entspricht den Erwartungen, dass benachbarte Regionen in der Herzventrikelwand bei gesunden Patienten ähnlich gut durchblutet sind. Zwei weitere Auffälligkeiten untermauern die Glaubwürdigkeit der Ergebnisse. Zum einen haben die resultierenden Kurven in ihrem Verlauf große Ähnlichkeit mit der Herz-TAC, die keine Streuartefakte hat. Zum anderen wählt der Algorithmus automatisch in beiden Fällen diejenige Leber-TAC als die passende aus, die zu einer Region in der Leber mit geringer Distanz zu den Artefaktregionen im Herzen gehört.

Abbildung 5.10 zeigt das eher unglaubliche Ergebnis einer automatischen Streuartefakt-Korrektur von einer weiteren, dritten Region im Herzen. Eine Ähnlichkeit zwischen der resultierenden Kurve und einer gewöhnlichen Herz-TAC ist kaum vorhanden. Die Aktivität liegt nahezu bei null. Zudem wählt der Algorithmus für die Korrektur die TAC einer Leberregion aus, die mit

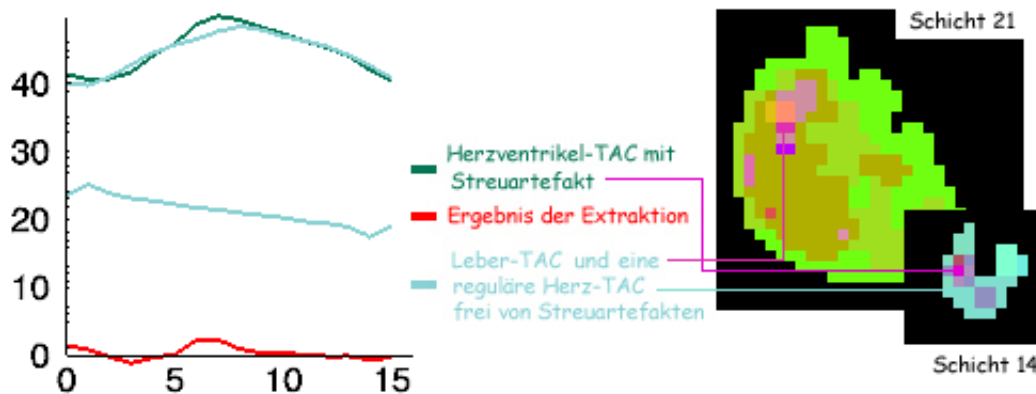


Abbildung 5.10: Datensatz 207. Ergebnis einer Extraktion des Streuartefaktes. Manuell wurden mehrere dem Herzen nahegelegene Voxel aus der Leber selektiert und eine durchschnittliche Leber-TAC berechnet, die dieser Berechnung zugrunde liegt.

großer Wahrscheinlichkeit keinen oder kaum einen negativen Einfluss auf das Herzventrikel hatte, weil sie erstens recht klein ist und zweitens relativ weit entfernt liegt.

Ein solches Streuartefakt wie das in Abbildung 5.10 kann nur mit einer Leber-TAC korrigiert werden, die diesen für eine Herz-TAC sehr untypischen Peak zum Zeitpunkt 7 aufweist und insgesamt leicht steigend ist (d.h. dass der Endwert größer sein muss als der Anfangswert), damit nach der Korrektur eine typische, exponentiell fallende Kurve entsteht. Unglücklicherweise hat keine der nahe gelegenen Regionen in der Leber eine TAC mit diesen Merkmalen. Untersucht man jedoch einzelne Voxel der Leber, die dem Streuartefakt am nächsten liegen, dann erkennt man durchaus bei einigen Voxeln sehr deutlich den Peak zum Zeitpunkt 7, andere sind monoton steigend. Addiert man diese Voxel zusammen und berechnet die durchschnittliche TAC, dann scheint diese geeignet zur Korrektur der Streustrahlung. Und tatsächlich ist das Ergebnis vielversprechend (siehe Abbildung 5.11). Positiv ist nicht nur, dass die resultierende Kurve nun einer Herzventrikel-TAC ähnlich sieht, sondern

auch, dass die Aktivität in etwa so hoch ist wie die der beiden benachbarten und oben bereits diskutierten Herzregionen nach der Korrektur ihrer Streuartefakte. Dieses Ergebnis lässt vermuten, dass das Kriterium, nach dem Voxel in der Leber zu Regionen zusammengefasst werden, offensichtlich ungeeignet ist. Es werden Voxel zusammengefasst, deren TACs sich in einem Merkmal unterscheiden, das für die Korrektur des Streuartefaktes entscheidend sein kann (in diesem Fall der Peak zum Zeitpunkt 7).

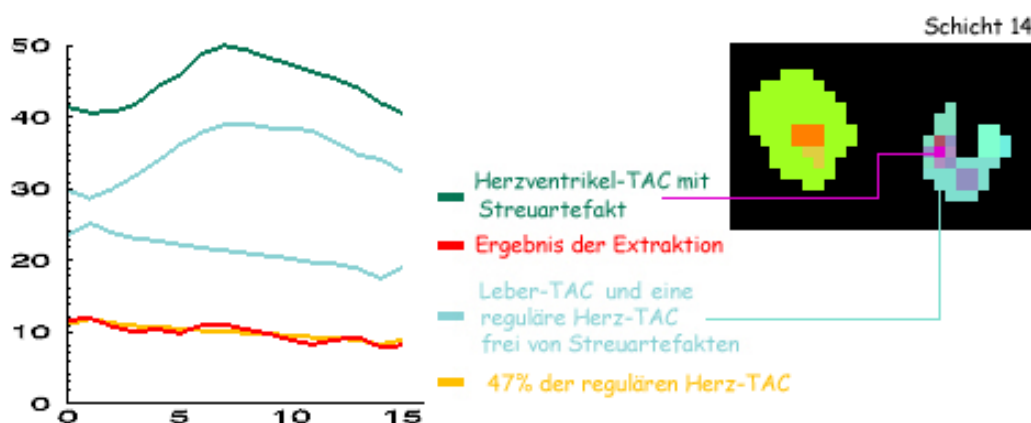


Abbildung 5.11: Datensatz 207. Ergebnis einer Extraktion des Streuartefaktes. Manuell wurden mehrere dem Herzen nahegelegene Voxel aus der Leber selektiert und eine durchschnittliche Leber-TAC berechnet, die dieser Berechnung zugrunde liegt.

5.3 Fazit

Die Resultate zeigen, dass der Algorithmus in der Lage ist, den Streuartefakt im Herzen zu korrigieren, wenn sowohl das Normverhalten in der Artefaktregion bekannt ist, als auch der Einfluss durch die Leber. Von Letzterem wird angenommen, dass er durch die TAC einer Leberregion abgeschätzt werden kann. Fast alle Ergebnisse sind glaubwürdig und unterstützen diese Annahme. Ein Negativ-Resultat und die daraufhin durchgeführte Untersu-

chung einzelner TACs in der Leber hat jedoch ergeben, dass die gewählte Einteilung der Leber für den Zweck der Suche nach einer geeigneten Leber-TAC nicht geeignet ist und das Kriterium, das dieser Einteilung zugrunde liegt, überdacht werden sollte.

Kapitel 6

Zusammenfassung

Im Rahmen dieser Diplomarbeit wurde ein Algorithmus entwickelt, der in medizinischen dSPECT-Datensätzen die Streuartefakte im linken Herzventrikel korrigiert, die durch Gammastrahlung aus der Leber verursacht werden. Es gibt bereits viel Literatur zur Korrektur der Compton-Streuung in SPECT-Daten, ohne dass sich bisher ein Standard etabliert hat. Grund dafür ist, dass jede Methode gewisse Nachteile mit sich bringt - die einen sind leicht zu implementieren und schnell, liefern aber nur unbefriedigende Ergebnisse, die anderen sind sehr rechenintensiv und haben einen hohen Speicherplatzbedarf.

Dynamische SPECT-Daten ergänzen SPECT-Daten um eine Dimension und machen die Verteilung des Radiopharmakons im Körper über die Zeit sichtbar. Jedem Voxel ist nicht mehr nur ein Wert, sondern eine Zeit-Aktivitäts-Kurve (Time-Activity-Curve, TAC) zugeordnet, eine Funktion der Radioaktivität über die Zeit. Eine TAC gibt Aufschluss über die Physiologie eines Gewebes und liefert somit wertvolle Information, die zur Erkennung von krankhaftem Gewebe, aber auch zur Erkennung von Streuartefakten genutzt werden kann: die TAC aus einer betroffenen Region im Herzen weist Merkma-

le auf, die wenig typisch für das Herz, aber charakteristisch für die Leber sind. Es wurde die Vermutung zugrunde gelegt, dass es sich bei einer solchen Kurve um die Linearkombination einer "reinen" Herz-Kurve und einer Leber-Kurve handelt, wobei auch innerhalb der Leber die Time-Activity-Curve variiert und diese deshalb durch 8 verschiedene durchschnittliche Kurven repräsentiert wird, von denen genau eine Teil der Linearkombination ist.

Auf dieser Vermutung basiert der entwickelte Algorithmus. Seine Funktionsweise lässt sich durch die Vektordarstellung der TACs anschaulich erklären. Zwei Vektoren spannen eine Ebene auf und eine Linearkombination beider Vektoren liegt ebenfalls in dieser Ebene. Durch Projektion der Linearkombination auf beide Vektoren kann der Anteil berechnet werden, den jede der beiden TACs an der Linearkombination hat. Projiziert wird nicht orthogonal, sondern in einem Winkel, den die beiden Vektoren zueinander haben.

Eine reine Linearkombination einer Herz-TAC und einer Leber-TAC wird die TAC der Artefaktregion schon wegen der Überlagerung durch Rauschen nicht sein, vielmehr wird es sich um eine Linearkombination der beiden TACs und einem weiteren Vektor senkrecht zur Ebene handeln. Dieser Vektor bzw. seine Länge ist ein Indiz für die Qualität der Linearkombination. Er hilft deshalb bei der computergesteuerten Suche nach der richtigen Leber-TAC.

Der Algorithmus arbeitet insgesamt wie folgt: Die vom Benutzer selektierte Artefaktregion im Herzen sowie eine zweite Region ohne Streuartefakt dienen als Eingabe. Nachdem automatisch die korrekte Leber-TAC gefunden wurde, wird die TAC der Artefaktregion zuerst orthogonal auf die Ebene projiziert, die von der Leber-TAC und der Herz-TAC aufgespannt wird, und anschließend von da aus auf die Leber-TAC, wobei der Projektionswinkel durch den Winkel zwischen Leber-TAC und Herz-TAC bestimmt wird. Durch diese mathematische Operation wird das Streuartefakt berechnet, das durch

Subtraktion korrigiert wird.

Eine Validierung des Algorithmus wurde durchgeführt, wobei der Gold-Standard selbst geschaffen werden musste. Dies bedeutet, dass Ergebnisse nur auf Glaubwürdigkeit hin überprüft werden konnten. Dazu wurden sie mit benachbarten Herz-TACs verglichen und es wurde überprüft, ob die ausgewählte Region in der Leber aufgrund ihrer Entfernung zum Herzen tatsächlich verantwortlich für das Streuartefakt gewesen sein kann.

Insgesamt lassen die Ergebnisse darauf schließen, dass eine Korrektur von Streuartefakten wahrscheinlich möglich ist. Noch mangelt es allerdings teilweise an der Umsetzung der Idee, die noch verbesserungswürdig ist. Das folgende Kapitel gibt einen Ausblick auf Möglichkeiten für künftige Arbeiten.

Kapitel 7

Ausblick

Vermutlich kann der im Rahmen dieser Diplomarbeit entwickelte Algorithmus in dSPECT-Daten die Streuartefakte im Herzen zu einem großen Teil korrigieren. Eindeutige Aussagen können aber noch nicht gemacht werden, da künstlich simulierte Testdatensätze mit und ohne Streuartefakte für eine aussagekräftige Validierung nicht zur Verfügung standen. Bevor an der Weiterentwicklung des Algorithmus gearbeitet wird, sollte eine solche Validierung an simulierten Testdatensätzen unbedingt nachgeholt werden.

Das Resultat eines Testdurchlaufes an realen Daten hat gezeigt, dass die Einteilung der Leber in die Regionen teilweise ungünstig ist. Deshalb sollten zukünftige Arbeiten vor allem ihr Augenmerk auf die Problematik einer besser geeigneten Segmentierung der Leber legen. Die Voxel wurden teilweise so ungünstig in Regionen zusammengefasst, dass keine der durchschnittlichen Leber-TACs auch nur annähernd diejenigen Voxel repräsentieren kann, die tatsächlich das Streuartefakt verursacht hatten. Einige Regionen erstrecken sich über die gesamte Leber und enthalten sowohl Voxel, die dem Streuartefakt im Herzen sehr nahe liegen, als auch Voxel die sehr weit entfernt liegen und höchstwahrscheinlich keinen Einfluss auf das Streuartefakt hat-

ten. Eventuell ist es sinnvoll, Voxel in Abhängigkeit zu ihrer Entfernung zum Herzventrikel oder ganz speziell zu ihrer Entfernung zu der betroffenen Region im Herzventrikel zusammenzufassen. Damit würde man auch der Problematik entgegenwirken, dass eventuell mehrere Regionen das Streuartefakt verursacht haben, wenn mehrere Regionen eine ähnlich geringe Entfernung zum Herzventrikel haben. Eine andere Alternative wäre die Berücksichtigung mehrerer Leber-TACs bei der Korrektur. Dies erhöht allerdings die Gefahr einer zufällig guten Kombination verschiedener Leber-TACs, so dass sich die Ergebnisse unter Umständen sogar verschlechtern.

Wenn Verbesserungen bzgl. der Segmentierung erreicht werden und nachgewiesen werden kann, dass der Algorithmus nicht nur in der Lage ist, Streuartefakte zu korrigieren, sondern diese Aufgabe auch besser erledigt als andere Methoden, dann ist es wünschenswert, ihn in ein dSPECT-System zu integrieren, welches in der Praxis einsetzbar ist. Für einen routinierten Gebrauch ist es erforderlich, dass der Algorithmus nicht auf den Einsatz eines Benutzers angewiesen ist, sondern möglichst vollautomatisch seine Aufgabe erledigt. Noch fordert der Algorithmus Hilfestellung bei der Segmentierung und die manuelle Selektion der Artefaktregion sowie einer Herzventrikelregion ohne Streuartefakt. Außerdem ist es notwendig, dass der Benutzer die automatische Auswahl der Leber-TAC überwacht, um notfalls Fehlentscheidungen korrigieren zu können. Lösungen sollten erarbeitet werden, wie dem Benutzer diese Aufgaben abgenommen werden können.

Danksagung

Ich danke in erster Linie Herrn Prof. Toennies für die sehr gute Betreuung. Des weiteren danke ich meinen Eltern für das Korrekturlesen der Arbeit sowie meinem Freund Reinald, der sich trotz Prüfungsstress dafür noch Zeit genommen hat. Dank geht auch an meine Familie und an meinen Freund Hauke für die seelische Unterstützung.

Abkürzungsverzeichnis

ART	algebraische Rekonstruktionstechnik
C-LS	Constrained Linear Squares
dSPECT	dynamic Single Photonen Emission Computer Tomographie
FBP	Filtered Backprojection (gefilterte Rückprojektion)
MAPEM	Maximum A Posteriori Expectation Maximization
MLEM	Maximum Likelihood Expectation Maximization
MeV	Megaelektronenvolt (Einheit für die Teilchenenergie)
NLS	Nonlinear Least Squares
OSEM	Ordered Subsets Expectation Maximization
SPECT	Single Photonen Emission Computer Tomographie
TAC	Time-Activity-Curve (Zeit-Aktivitäts-Kurve)
TC	Technetium (radioaktives chem. Element)
Voxel	Volume Element

Literaturverzeichnis

- [1] T. Kailath. *Fundamentals of Digital Image Processing*, chapter Image reconstruction from projections, pages 431–475. Prentice-Hall, 1989.
- [2] J. Radon. On the determination of functions from their integrals along certain manifolds [in german]. *Math Phys Klass*, 69, 1917.
- [3] P. J. Green. Bayesian reconstructions from emission tomography data using a modified em algorithm. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 9(1):84–93, März 1990.
- [4] H.M. Hudson and R.S. Larkin. Accelerated image reconstruction using ordered subsets of projection data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(4):601–609, 1994.
- [5] C. Kamphuis and F.J. Beekman. Accelerated iterative transmission ct reconstruction using an ordered subsets convex algorithm. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(6):1101–1105, 1998.
- [6] R. Gordon, R. Bender, and G.T. Herman. Algebraic reconstruction techniques (art) for three-dimensional electron microscopy and x-ray photography. *J. Theoretical Biology*, 29:471–481, 1970.

- [7] L.A. Shepp and Y. Vardi. Maximum likelihood reconstruction for emission tomography. *IEEE Transactions on medical Imaging*, 1:113–122, 1982.
- [8] K. Lange and R. E. Carson. Em reconstruction algorithms for emission and transmission tomography. *J. Comput. Assist. Tomogr.*, 8(2):306–316, 1984.
- [9] R. C. Gonzalez and R. E. Woods. *Digital Image Processing*. Addison-Wesley, 1993.
- [10] A. V. Oppenheim, A. S. Willsky, and H. Nawab. *Signals and Systems*. Prentice-Hall, 1996.
- [11] H. Bauschke, D. Noll, A. Celler, and J. M. Borwein. An em-algorithm for dynamic spect tomography. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(3):252–261, 1999.
- [12] E. Heber, D. Oldenburg, T. Farncombe, and A. Celler. Direct estimation of dynamic parameters in spect tomography. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 44(6):2425–2430, 1997.
- [13] T. Farncombe, A. Celler, D. Noll, J. Maeght, and R. Harrop. Dynamic spect imaging using a single camera rotation (dspect). *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 46(4):1055–1061, August 1999.
- [14] M. Ljungberg and S.-E. Strand. Scatter and attenuation correction spect using density maps and monte carlo simulated scatter function. *J. Nuclear Medicine*, 31(9):1560–1567, September 1990.
- [15] K. Ogawa, T. Ichihara, N. Motomura, A. Kubo, and S. Hashimoto. Compton scatter compensation using the triple-energy window method

- for single and dual isotope spect. *J. Nuclear Medicine*, 34:2216–2221, 1993.
- [16] M. A. King, G. J. Hademenos, and S. J. Glick. A dual-photopeak window method for scatter correction. *J. Nuclear Medicine*, 33(4):605–612, April 1992.
- [17] B. Axelsson, P. Msaki, and A. Israelsson. Subtraction of compton-scattered photons in single-photon emission computerized tomography. *J. Nuclear Medicine*, 25(4):490–494, April 1984.
- [18] S. R. Meikle, B. F. Hutton, and D. L. Bailey. A transmission-dependent method for scatter correction in spect. *J. Nuclear Medicine*, 35(2):360–367, Februar 1994.
- [19] S. Cordier, Y. Biraud, A. Champailler, and M. Voutay. A study of the application of a deconvolution method to scintigraphy. *Physics in Medicine and Biology*, 24(3):577–582, Mai 1979.
- [20] J. C. Yanch, M. A. Flower, and S. Webb. Improved quantification of radionuclide uptake using deconvolution and windowed subtraction techniques for scatter compensation in single photon emission computed tomography. *Medical Physics*, 17(6):1011–1022, November/Dezember 1990.
- [21] C. E. Floyd, R. J. Jaszczyk, K. L. Greer, and R. E. Coleman. Inverse monte carlo as an unified reconstruction algorithm for ect. *J. Nuclear Medicine*, 27(10):1577–1585, Oktober 1986.
- [22] T. A. Riauka, H. R. Hooper, and Z. W. Gortel. Experimental and numerical investigation of the 3d spect photon detection kernel for

- non-uniform attenuating media. *Physics in Medicine and Biology*, 41(7):1167–1189, 1996.
- [23] R. G. Wells, A. Celler, and R. Harrop. Analytical calculation of photon distributions in spect. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 45(6):3202–3214, 1998.
- [24] J. E. Bowsher and C. E. Floyd. Treatment of compton scattering in maximum-likelihood, expectation-maximization reconstruction of spect images. *J. Nuclear Medicine*, 32(6):1285–1291, Juni 1991.
- [25] F. J. Beekman, C. Kamphuis, and M. A. Viergever. Improved spect quantitation using fully three-dimensional iterative spatially variant scatter response compensation. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(4):491–499, 1996.
- [26] F. J. Beekman, E. G. J. Eijkman, M. A. Viergever, G. F. Borm, and E. T. P. Slijpen. Object shape dependent psf model for spect imaging. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 40:31–39, 1993.
- [27] E. C. Frey and B. M.W. Tsui. A practical method for incorporating scatter in a projector-backprojector for accurate scatter compensation in spect. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 40(4):1107–1116, August 1993.
- [28] A. Welch, G. T. Gullberg, P. E. Christian, F. L. Datz, and H. T. Morgan. A transmission-map-based scatter correction technique for spect in inhomogeneous media. *Medical Physics*, 22(10):1627–1635, Oktober 1995.

- [29] A. Welch and G. T. Gullberg. Implementation of a model-based nonuniform scatter correction scheme for spect. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(6):717–726, December 1997.
- [30] Gengsheng L. Zeng, Chuanyong Bai, and Grant T. Gullberg G. A projector/backprojector with slice-to-slice blurring for efficient three-dimensional scatter modeling. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(8):722–732, August 1999.
- [31] K.Toennies, A.Celler, S.Blinder, and T.Möller. Scatter segmentation in dynamic spect images using principal component analysis. *Proceedings of SPIE*, 5032:507–516, Februar 2003.
- [32] K.Toennies, L. Remonda, and R. Pohle. Shape-based enhancement of vascular structures in digital subtraction angiography images using local covariance information. *Proceedings of the SPI (Medical Imaging 2000)*, 3979:630–637, 2000.

Erklärung

Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Diplomarbeit selbstständig und nur unter Verwendung der angegebenen Hilfsmittel angefertigt habe. Die Arbeit wurde weder einer anderen Prüfungsbehörde vorgelegt noch veröffentlicht.

Claudia Prang

Magdeburg, den 25. September 2003