

Aus dem Institut für Mathematik
der Universität zu Lübeck

Direktor: Prof. Dr. Prestin

Bewegungskorrektur in SPECT-Aufnahmen

Inauguraldissertation

zur

Erlangung der Doktorwürde
der Universität zu Lübeck

- Aus der Technisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät -

Vorgelegt von

Dipl.-Inf. Hanno Schumacher
aus Lübeck

Lübeck, Oktober 2008

Ich erkläre hiermit, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet habe.

1. Berichterstatter: Prof. Dr. B. Fischer
2. Berichterstatter: Prof. Dr. T. Buzug

Tag der mündlichen Prüfung: 23.01.2009
zum Druck genehmigt. Lübeck, den 23.01.2009

gez. Prof. Dr. J. Prestin

- Dekan der Technisch-Naturwissenschaftlichen Fakultät -

Erfahrung ist der Name, den
die Menschen ihren Irrtümern
verleihen.

(Oscar Wilde)

Danksagung

Als Erstes möchte ich mich bei Herrn Kühl (Firma MiE) und bei Prof. Bernd Fischer für die Bereitstellung des interessanten Themas und ihren unermüdlichen Kampf gegen die Tücken der Stellenfinanzierung bedanken. Des Weiteren danke ich Bernd Fischer und Jan Modersitzki für die exzellente Betreuung und die spannenden fachlichen Diskussionen, die mir immer wieder neue Sichtweisen auf und Ansätze für die bearbeitete Thematik ermöglicht haben.

Ebenso möchte ich mich bei allen Kollegen des Instituts für Mathematik, insbesondere der Safir-Gruppe (Bernd, Elisabeth, Jan, Konstantin, Nils, Stefan, Sven, uvm.), für viele interessante Diskussionen bei einer Tasse Tee/Kaffee und die angenehme Zusammenarbeit (Konferenzen, Hochschultag, Betriebsausflug, usw.) bedanken. Des Weiteren gilt mein Dank für die gute Zusammenarbeit und die Unterstützung bei der Messung der realen SPECT-Aufnahmen eines Phantoms Thomas Quistorf und Marco Studt von der Firma MiE. Ebenso unverzichtbar für die Testaufnahmen war die Hilfe von Lars Mattäus und Christoph Bodensteiner vom Institut für Robotik der Universität zu Lübeck, die durch einen Roboterarm die Simulation von Bewegungen des Phantoms während einer Aufnahme ermöglichten.

Abschließend danke ich meiner Frau Christiane für ihre Unterstützung und ihr Verständnis für viele verplante Wochenenden und meinen Eltern Ingrid und Klaus-Dieter für die durchgängige Unterstützung während des Studiums und der Dissertation.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	1
2	Grundlagen	5
2.1	SPECT	5
2.1.1	Datenerfassung mit einer Gamma-Kamera	7
2.1.2	Entstehung von SPECT-Bildern	10
2.2	Problemstellung	12
3	Rekonstruktion	17
3.1	Qualitätsmaß für die Rekonstruktion	19
3.2	Gefilterte Rückprojektion	19
3.2.1	Beispiele und Bemerkungen zur Anwendung	21
3.3	Iterative Rekonstruktion	22
3.3.1	Diskretisierung	23
3.3.2	Expectation Maximization	30
3.3.3	Ordered Subsets Expectation Maximization	35
3.3.4	Minimierung der Euklidischen Norm	37
3.4	Bemerkung	42
4	Bekannte Bewegungskorrekturmethoden	43
4.1	Überblick	43
4.2	Vorwärts-Projektion	45
4.2.1	Rekonstruktion und Vorwärts-Projektion	46
4.2.2	Projektion vs. Vorwärts-Projektion	47
4.2.3	Korrektur der gemessenen Projektionen	49
4.2.4	Ergebnisse	49
4.2.5	Fazit	50
4.3	Data-Driven Motion Correction	52
4.3.1	Partielle Rekonstruktion und Registrierung	53
4.3.2	Ergebnisse	56
4.3.3	Fazit	59

5	Rekonstruktion mit Bewegungsinformationen	61
5.1	Methode	61
5.2	Ergebnisse	63
5.2.1	Tests mit einem akademischen Beispiel	63
5.2.2	Test mit einem Phantom	68
5.3	Fazit	69
6	Kombinierte Bildrekonstruktion und Bewegungskorrektur	71
6.1	Theorie	71
6.2	Umsetzung	75
6.2.1	Transformation	76
6.2.2	Optimierung	77
6.2.3	Multi-Level-Ansatz	79
6.2.4	Zusammenfassung	82
6.3	Ergebnisse	83
6.4	Diskussion	92
7	Bewegungserkennung	95
7.1	Methoden	96
7.1.1	Die Mean Square Difference Methode	96
7.1.2	Verwendung des Schwerpunktes	98
7.1.3	Verwendung des Schwerpunktes und der Hauptachse	100
7.2	Ergebnisse	101
7.3	Zusammenfassung	106
8	Diskussion	109
8.1	Zusammenfassung	109
8.2	Ausblick	110
	Literaturverzeichnis	111

1 Einleitung

In der Medizin werden bildgebende Verfahren zur Unterstützung bei Diagnose, Therapieplanung oder Therapiekontrolle eingesetzt. Hierdurch haben diese Verfahren über die letzten Jahrzehnte immer mehr an Bedeutung gewonnen. Es gibt auf der einen Seite die strukturgebenden Aufnahmeverfahren wie **Röntgen**, **Computer Tomographie (CT)** oder **Magnet Resonanz Tomographie (MRT)** und auf der anderen Seite funktionale Bildgebung wie **funktionale Magnet Resonanz Tomographie (fMRT)** oder nuklearmedizinische Verfahren wie **Szintigraphie**, **Positron Emission Tomographie (PET)** und **Single Photon Emission Computed Tomography (SPECT)**. Dabei ist der Nutzen umso größer, je besser die Bilder die Wirklichkeit wiedergeben. So ist die Verbesserung der Bildqualität der Aufnahmeverfahren ein aktuelles und stark bearbeitetes Forschungsgebiet. Gerade durch den rasanten Fortschritt in der Technik werden immer höhere Auflösungen und somit eine bessere Darstellung von Details im Aufnahmegebiet möglich. Ein weiterer Forschungsbereich stellt die Korrektur von Störungen eines Aufnahmeverfahrens dar. Dies können zum Beispiel beim CT Metallobjekte im Aufnahmebereich sein oder Bewegungen während einer Tomographie.

Eine dieser Störungen, die Bewegung während einer Tomographie, wird in dieser Arbeit behandelt. Der Fokus liegt im Gebiet der Nuklearmedizin mit dem Schwerpunkt auf SPECT. Zur Bildgebung mit SPECT wird dem Patienten ein speziell auf das zu visualisierende Gebiet abgestimmtes Radiopharmakon injiziert. Dabei handelt es sich bei diesem Radiopharmakon, auch Tracer genannt, um ein Radionuklid oder eine mit einem Radionuklid markierte Substanz, wobei das Radionuklid Gammastrahlung emittiert. Anschließend wird die Strahlungsverteilung im Körper des Patienten durch Gamma-Kameras ermittelt. Eine typische Anwendung ist die Suche nach Tumoren. Es ist bekannt, dass der Energiebedarf eines Tumors sehr hoch ist. Wird nun ein Tracer eingesetzt, der als Energielieferant dient, lagert sich im Tumor verstärkt Radioaktivität ab. Somit kann ein Tumor, zum Beispiel in einem Knochen, lokalisiert werden. Dabei hängt die Qualität der Bilder mit der Dosierung des Tracers zusammen. Je mehr Strahlung gemessen wird, desto mehr Informationen sind über den Aufnahmebereich verfügbar. Auf Grund der Strahlenbelastung des Patienten können aber nur kleine Mengen eines Tracers injiziert werden. Dies macht für die Messung eine Aufnahmezeit von 5 bis 30 Minuten notwendig.

1 Einleitung

Während dieser Zeit muss der Patient in der gleichen Position verbleiben. Ist dies nicht der Fall, sind die aufgenommenen Projektionen zueinander inkonsistent. Dies führt zu Problemen in der Bildrekonstruktion. Es treten dabei Bewegungsartefakte im rekonstruierten Bild auf. Die Artefakte können eine Diagnose erschweren, verhindern oder im schlimmsten Fall eine falsche Diagnose bedingen. Diese Auswirkung der Patientenbewegung auf die Bildqualität ist von vielen Forschern bestätigt worden. Es ist somit mindestens notwendig zu prüfen, ob eine Bewegungsstörung der Daten vorliegt. Doch selbst wenn eine Störung erkannt wird, kann die Aufnahme nicht sofort wiederholt werden. Zum einen gibt es keine Garantie, dass der Patient bei einer zweiten Aufnahme still liegt, zum anderen muss erst der injizierte Tracer vollständig zerfallen. Dies ist notwendig, da der Tracer nach einiger Zeit gleichmäßig im Körper verteilt vorliegt. Zudem entsteht durch eine erneute Aufnahme eine zusätzliche Strahlenbelastung.

Die in der Vergangenheit entwickelten Ansätze und Methoden zur Vermeidung oder Korrektur von Bewegungen in SPECT-Aufnahmen sind vielfältig. Die Ideen reichen von der Veränderung der Aufnahmeprotokolle über die Nutzung von zusätzlichen Systemen zur Bewegungsvermeidung oder -erkennung bis zur Anwendung bekannter Methoden aus der Bildverarbeitung, zum Beispiel der Bildregistrierung. Trotzdem konnte bis heute diese Problematik nicht vollständig gelöst werden. An dieser Stelle setzt diese Arbeit mit einer umfassenden Einführung in die geschilderte Aufgabenstellung und der Vorstellung und Beurteilung bekannter Methoden ein. Durch die Analyse dieser Methoden wird ein Anforderungsprofil für ein neues, verbessertes Korrekturschema entworfen und umgesetzt. Dabei wird zum ersten Mal die Bildrekonstruktion und die Bewegungskorrektur von SPECT-Aufnahmen, zwei bisher getrennte Bereiche, als ein Problem aufgefasst. Die Grundidee ist, dass beide Verfahren voneinander lernen. Da die Rekonstruktion die Bewegungskorrektur benötigt, um Bewegungsartefakte zu verhindern, und die Bewegungskorrektur die Rekonstruktion als Referenz braucht, ist die Verknüpfung beider Probleme naheliegend. Es ist dadurch nur unter Verwendung der aufgenommenen SPECT-Daten möglich, Patientenbewegungen vollständig zu korrigieren. Tests zur Korrektur von Bewegungen mit akademischen und mit echten Patientendaten zeigen eindrucksvolle Ergebnisse. Zusätzlich kann eine Beschleunigung des Schemas durch eine Erweiterung mit Methoden zur Bewegungsdetektion erreicht werden. Die Umsetzung des neuen Korrekturschemas, sowie aller in dieser Arbeit benutzten Methoden, erfolgt in Matlab. Dabei werden die Implementierungen nicht in Bezug auf Laufzeit oder Speicherplatz optimiert, weshalb diese Aspekte nicht behandelt werden.

Vor der Vorstellung der neuen Methode wird in Kapitel 2 mit einer Einführung in die Datenaquirierung von SPECT begonnen, gefolgt von einer ausführlichen Darstellung des Problems. Danach folgt in Kapitel 3 ein Einblick in ausgewählte Methoden zur Rekonstruktion des 3-dimensionalen Bildes aus den gemessenen 2-

dimensionalen SPECT-Daten. Anschließend wird im 4. Kapitel ein Überblick über die bekannten Methoden zur Bewegungskorrektur gegeben und einige ausgewählte Methoden werden genauer behandelt. Während des Zusammentragens dieser Methoden konnte eine Idee zur Verbesserung der Rekonstruktion bei bekannten Bewegungen entwickelt werden. Das genaue Vorgehen und ausführliche Tests sind in Kapitel 5 beschrieben. Hiernach folgt in Kapitel 6 die Beschreibung und der Test des neuen, auf der Kombination von Rekonstruktion und Bewegungskorrektur basierenden Ansatzes. Zur Erweiterung dieses Ansatzes wird im 7. Kapitel auf Methoden zur Bewegungserkennung eingegangen. Abschließend werden die gewonnenen Erkenntnisse in Kapitel 8 zusammengefasst und ausgewertet.

2 Grundlagen

Beginnend mit einer Einführung in die Funktionsweise und den Nutzen von SPECT wird im Folgenden die Aufgabenstellung dieser Arbeit beschrieben. Dabei werden die notwendigen Begrifflichkeiten vorgestellt und erklärt.

2.1 SPECT

Mit einem *Single Photon Emission Computed Tomography* (SPECT) System [13, 20, 46, 57] ist es möglich, die drei-dimensionale Verteilung von Radioaktivität im Aufnahmebereich des Geräts zu bestimmen. Dies geschieht durch die Messung zwei-dimensionaler Aktivitätsverteilungen aus unterschiedlichen Winkeln um das Aufnahmegebiet und einer anschließenden Rekonstruktion der gemessenen Daten. Zur Anwendung dieser Aufnahmemodalität in der Medizin wird einem Patienten ein speziell auf das zu visualisierende Gebiet abgestimmtes Radiopharmakon injiziert. Dieses Radiopharmakon, oder auch *Tracer*, ist ein Radionuklid oder eine mit einem Radionuklid markierte Substanz, wobei das Radionuklid *Photonen*, auch γ -Strahlung genannt, emittiert.

Anders als beim CT wird keine Abbildung der Anatomie, oder auch Morphologie, erreicht. Es können nur die Bereiche dargestellt werden, in denen der Tracer angelagert wird. Auf diese Weise kann zum Beispiel die Funktion der Nieren oder der Schilddrüse überprüft werden. Dazu wird ein Tracer gewählt, der auf den Stoffwechsel im entsprechenden Organ abgestimmt ist und dort abgelagert wird. Somit können Störungen in einem Bereich des Organs durch das Ausbleiben von Aktivitätsansammlungen erkannt werden. Weitere Anwendungen sind neben der Untersuchung der Versorgung des Herzmuskels die Detektion von Tumoren im ganzen Körper. Weiterhin sind Untersuchungen im Gehirn [60], zum Beispiel auf Epilepsie, möglich. Auf Grund dieser Anwendungsmöglichkeiten wird SPECT als *funktionale Bildgebung* bezeichnet.

Unabhängig davon, welche Funktionen in einem Patienten visualisiert werden sollen, hängt die Qualität der Aufnahme von der Menge der Strahlung ab. Je mehr Informationen, also Strahlung, gemessen wird, desto besser ist die Repräsentation des Aufnahmegebiets. Werden nur wenige Zerfälle gemessen, ist mit einem schlechten Signal-Rausch-Verhältnis zu rechnen. Dies ist dadurch begründet, dass der radioaktive Zerfall ein Zufallsprozess ist, der über die Poisson-Verteilung [23]

2 Grundlagen

beschrieben werden kann. Sei nun λ der Erwartungswert der Verteilung (die erwartete Anzahl von emittierten Photonen), dann ist die Wahrscheinlichkeit für k gemessene Photonen einer Zufallsvariablen X durch die Poisson-Verteilung

$$\mathbf{P}(X = k; \lambda) = \frac{\lambda^k}{k!} e^{-\lambda} \quad (2.1)$$

gegeben. Die Standardabweichung von (2.1) ist $\sqrt{\lambda}$, womit die Wahrscheinlichkeit eines Messergebnisses aus dem Intervall $[\lambda - \sqrt{\lambda}, \lambda + \sqrt{\lambda}]$ bei ca. 70% liegt. Daher wird der relative Fehler geringer, je größer der Erwartungswert ist, also je mehr Photonen emittiert werden.

Die Forderung nach viel Information aus dem Aufnahmebereich steht im Gegensatz zur Strahlenbelastung des Patienten, die möglichst gering sein soll. Dabei ist zu beachten, dass der Tracer nach der Aufnahme im Patienten verbleibt und bis zu seinem vollständigen Zerfall eine Belastung darstellt. Um beide Anforderungen zu erfüllen, wird den Patienten nur eine geringe Dosis eines Radionuklids mit kurzer Halbwertszeit, zum Beispiel 6 Stunden, injiziert und anschließend eine Aufnahmezeit von 5 bis 30 Minuten gewählt. Die lange Aufnahmezeit bewirkt, dass trotz geringer Aktivität viele Informationen (Strahlung) aus dem Aufnahmebereich aufgenommen werden. Trotzdem ist der Rauschanteil in den Bildern immer noch hoch. Zur Verbesserung der Datenlage ohne Änderung der Aufnahmezeit oder zur Verkürzung der Aufnahmezeit werden SPECT-Geräte mit zwei oder drei Sensoreinheiten eingesetzt, wodurch simultan aus verschiedenen Aufnahmewinkeln gemessen werden kann. Abbildung 2.1 zeigt, neben einem SPECT-Gerät mit einem Detektor, Systeme mit zwei und drei Detektoren.



Abbildung 2.1: Drei Varianten von SPECT-Geräten. Von links nach rechts sind eine Einkopfkamera (GE-AC/T - SCINTRON® VI), eine Doppelkopfkamera (MULTISPECT® 2- SCINTRON® VI) und eine Dreikopfkamera (MULTISPECT® 3 - SCINTRON® VI) zu sehen. Die Bilder sind Eigentum der Firma MiE [1].

2.1.1 Datenerfassung mit einer Gamma-Kamera

Die Messung emittierter Photonen zur Bildgebung in der Nuklearmedizin wird mit Gamma-Kameras durchgeführt. Sie ermöglichen die Detektion von γ -Strahlen aus einem Bereich vor der Kamera. Dieser Bereich wird als Aufnahmebereich oder $\Omega_f \subset \mathbb{R}^3$ bezeichnet. Die Detektionsfläche der Kamera wird im Folgenden mit $\Omega_g \subset \mathbb{R}^2$ bezeichnet. Sowohl Ω_f als auch Ω_g wird ein Koordinatensystem zugeordnet, um eine Position im Aufnahmegebiet, bzw. auf dem Detektor anzugeben. Dies ist in Abbildung 2.2 skizziert.

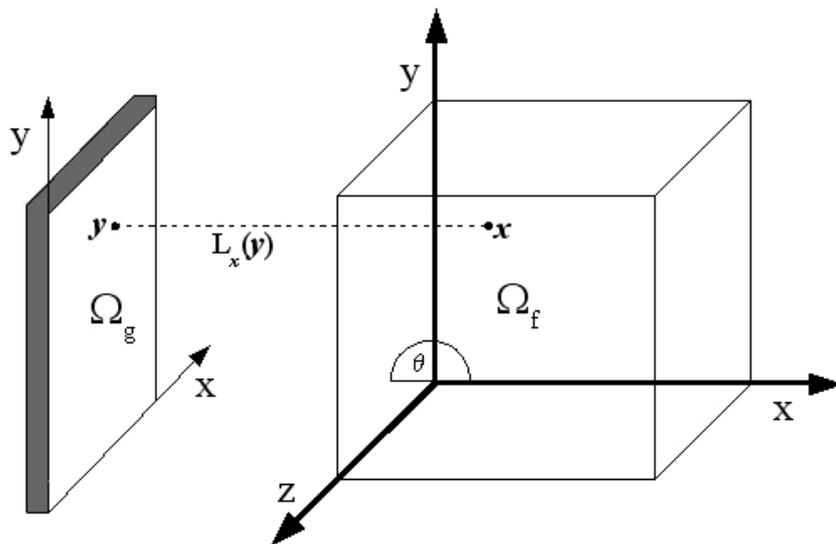


Abbildung 2.2: Skizze der Detektorfläche einer Gamma-Kamera und des Aufnahmebereichs vor dem Detektor mit zugeordnetem Koordinatensystem. Zusätzlich wird der Verlauf $L_x(\mathbf{y})$ eines γ -Strahls vom Punkt \mathbf{x} aus dem Aufnahmebereich zum Punkt \mathbf{y} auf dem Detektor dargestellt.

Des Weiteren ermöglichen moderne Gamma-Kameras nicht nur die Detektion eines γ -Strahls, sondern auch die Bestimmung des Auftreffpunktes $\mathbf{y} \in \Omega_g$ und der dabei freigesetzten Energie.

Eine Gamma-Kamera (siehe [2]) besteht aus einem Kollimator, einem Detektionskristall, einem Lichtleiter, einer Anzahl von Photomultipliern und einer Verarbeitungseinheit. Zusätzlich sind die Komponenten zur Abschirmung gegen Strahlung von außerhalb des Aufnahmebereichs durch eine Bleiabschirmung geschützt. Eine Skizze zur Anordnung der Bauteile ist in Abbildung 2.3 zu sehen.

Trifft ein Photon auf den Kristall, wird dieses im Kristall gestoppt, wobei ein Lichtblitz entsteht. Der Lichtblitz breitet sich durch den Lichtleiter aus und wird anschließend von den Photomultipliern erfasst. Aus den Messungen aller Photo-

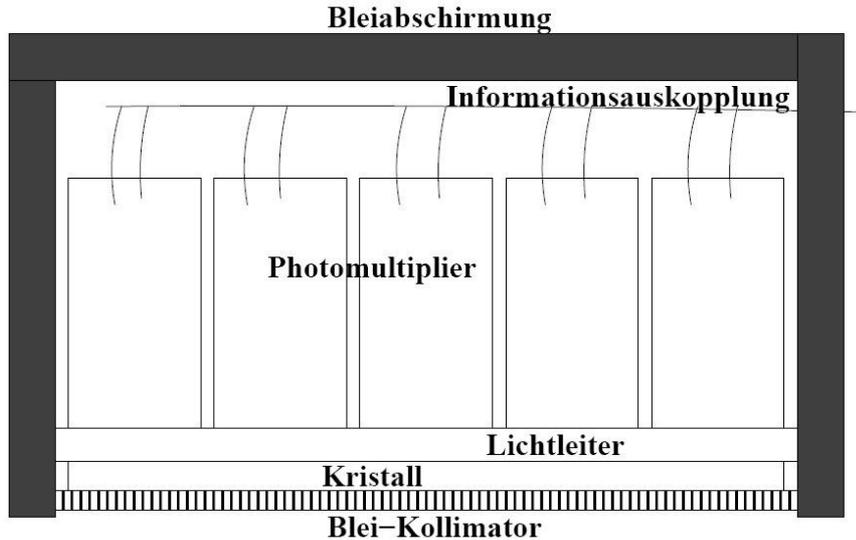


Abbildung 2.3: Schematischer Aufbau einer Gamma-Kamera nach Anger.

multiplier wird der Entstehungsort des Lichts ermittelt. Damit die gemessenen Photonen einem bestimmten Bereich aus dem Aufnahmegebiet zugeordnet werden können, ist ein Kollimator vor der Kamera installiert. Dies ist notwendig, da die Strahlung des radioaktiven Tracers in jede beliebige Richtung emittiert. Durch einen Kollimator kann bezüglich einer festen Detektorposition $\theta \in [0, 2\pi]$ jedem auf dem Kristall gemessenen Photon zugeordnet werden, aus welcher Richtung es kam. θ beschreibt dabei den Winkel zwischen der x-Achse und dem Detektor (siehe Abbildung 2.2).

Die Anzahl aller gemessenen Photonen g der Verteilung f des Tracers im Aufnahmebereich an einer Position $\mathbf{y} \in \Omega_g$ auf der Gamma-Kamera mit der Position θ soll als

$$g(\mathbf{y}, \theta) \tag{2.2}$$

bezeichnet werden. Die Wahl des Kollimators, der den möglichen Strahlenverlauf festlegt, ist abhängig vom Einsatzbereich der Gamma-Kamera. Im Fall von SPECT wird im klinischen Alltag hauptsächlich mit *Parallelloch-Kollimatoren* gearbeitet, was einer Parallelprojektion des Aufnahmebereichs entspricht. Für die Untersuchung zu Forschungszwecken an Kleintieren, zum Beispiel Ratten, werden *Pinhole-Kollimatoren* [109] oder *Multipinhole-Kollimatoren* [5] benutzt. Weiterhin gibt es Ansätze, so genannte *Slant-Hole-Kollimatoren* für Brustuntersuchungen zu verwenden [110]. Zur Verdeutlichung der Richtungseinschränkung durch einen Kollimator ist in Abbildung 2.4 die Auswirkung eines Parallelloch-Kollimators, der durchgängig in dieser Arbeit verwendet wird, skizziert. Eine detaillierte Beschreibung des Aufbaus, des Zusammenspiels der einzelnen Kom-

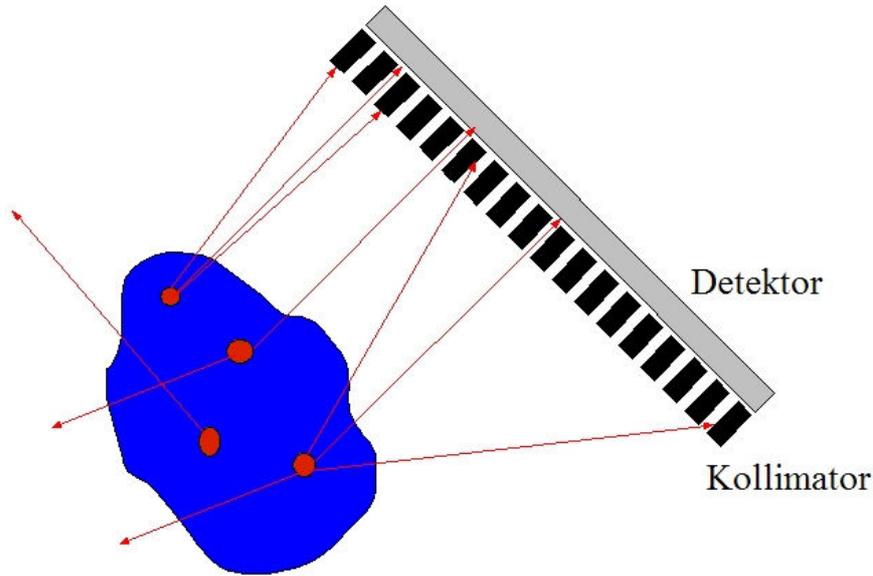


Abbildung 2.4: Skizze der Wirkungsweise eines Parallelloch-Kollimators. Nur Strahlung mit einem Verlauf senkrecht zum Detektor kann den Kollimator passieren.

ponenten und der Probleme der Abbildung mit einer Gamma-Kamera ist in [33] zu finden.

Eine Möglichkeit zur Repräsentation und Speicherung der Messung, die auch in dieser Arbeit verwendet wird, ist, alle detektierten γ -Strahlen in einem 2D-Array zu sammeln. Die Photonen werden dazu je nach detektiertem Ort auf der Kamera einem bestimmten Feld eines 2D-Arrays zugeordnet. So entsteht ein zweidimensionales Bild des Aufnahmebereichs, das als *Projektion* bezeichnet wird. Eine Projektion wird im Folgenden als $g_\theta \in \mathbb{R}^{m_x \times m_y}$ bezeichnet. Dabei beschreibt θ die Positionierung des Detektors zum Aufnahmebereich, auch Aufnahmewinkel genannt, und $m_x \in \mathbb{N}$ und $m_y \in \mathbb{N}$ sind die Anzahl der Unterteilungen oder Pixel in x - bzw. y -Richtung. Die maximale Auflösung, zum Beispiel 1024 Pixel in jede Richtung, wird durch die Auflösungsbegrenzung des Detektors bestimmt und ist unabhängig vom Kollimator. Bei SPECT wird aber auf Grund der Datenlage mit einer Auflösung von 64 oder 128 Pixeln gearbeitet. Einige Beispiele für eine Projektion mit $m_x = m_y = 128$ Pixel sind in Abbildung 2.5 zu sehen. Es handelt sich um vier Projektionen einer realen SPECT-Aufnahme, die im Rahmen einer Untersuchung zur Auffindung von Knochenkrebs in den Füßen eines Patienten gemacht wurde. Neben dem Tumor sind die Konturen der Füße und Ansätze der Unterschenkel zu sehen. Wie gut der Tumor zu sehen ist, hängt dabei auch von der Position des Detektors ab. Ist zum Beispiel zwischen Tumor und Detektor gerade das zweite Bein oder der Aufnahmetisch (siehe Abb. 2.5 Mitte links und

2 Grundlagen

Mitte rechts), ist der Tumor durch Absorptionseffekte undeutlicher zu sehen. Zur Darstellung der Bilder werden durchgängig in dieser Arbeit Falschfarben benutzt. Der Farbverlauf geht von Blau über Türkis, Gelb und Orange über zu Rot. Blau repräsentiert geringe und Rot große Photonensammlungen.

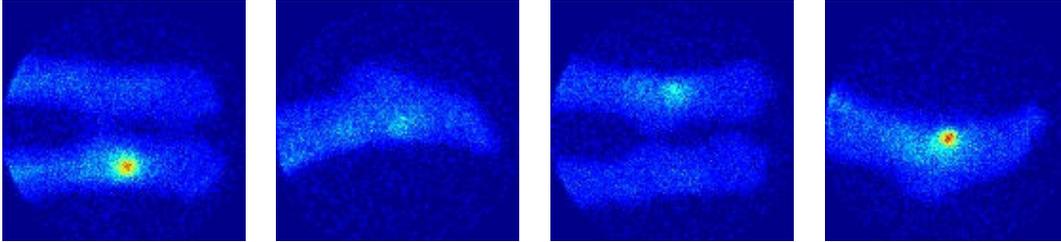


Abbildung 2.5: Aufnahmen einer Gamma-Kamera von den Füßen eines Patienten nach der Injektion eines radioaktiven Tracers. Von links nach rechts sind vier Aufnahmen aus verschiedenen Positionen um den Patienten, von oben, von links, von unten und von rechts zu sehen.

Eine andere Variante zur Speicherung der gemessenen Daten, die hier nicht behandelt wird, ist es direkt alle Informationen (Zeit, Ort, Energie) jeder Detektion auszugeben und abzuspeichern. Dies wird als List-Mode bezeichnet [12].

Unabhängig von der Verwaltung der gemessenen Informationen kann eine Gamma-Kamera nur 2-dimensionale Projektionen des Aufnahmebereichs wiedergeben. Die gemessenen Daten sind zwar durch den Kollimator einer Richtung im Raum zuzuordnen, aber die Information, wie weit der Ort des Zerfalls vom Detektor entfernt war, geht verloren. Diese Information wird im Folgenden als Tiefeninformation bezeichnet.

2.1.2 Entstehung von SPECT-Bildern

Zur Bestimmung der Tiefeninformationen wird bei SPECT eine Gamma-Kamera um den Aufnahmebereich rotiert, so dass dieser aus $q \in \mathbb{N}$ verschiedenen Winkeln θ_i , $i = 1, \dots, q$ aufgenommen wird. Die Gamma-Kamera verbleibt dazu einige Zeit, zum Beispiel 20 Sekunden, zur Datenerfassung in einer Position. Die Zusammenfassung aller q Projektionen wird als g bezeichnet mit

$$g = (g_{\theta_1}, \dots, g_{\theta_q}) \in \mathbb{R}^{m_x \times m_y \times q},$$

so dass die Messdaten in einem 3D-Array der Größe $m_x \times m_y \times q$ abgespeichert werden können. Typischerweise wird der Detektor der Gamma-Kamera in 64×64 oder 128×128 Abschnitte unterteilt. Höhere Auflösungen werden vermieden, da sie auch immer eine Verringerung der gemessenen Zerfälle pro Detektorunterteilung bedeuten, was zu einer Verschlechterung des Signal-Rausch-Verhältnisses

führt.

Unter der Annahme, dass Projektionen, die aus gegenüberliegenden Detektorpositionen aufgenommen werden, identisch sind, reicht zur Datenaufnahme eine halbe Umdrehung (180°) um den Aufnahmebereich, um eine Rekonstruktion der Tiefeninformationen zu ermöglichen. Da aber im klinischen Alltag auf Grund von Streuung und Absorption der Strahlung im Körper des Patienten nicht zu erwarten ist, dass gegenüberliegende Projektionen identisch sind (siehe Abb. 2.5), wird häufig eine volle Umdrehung (360°) um den Aufnahmebereich durchgeführt [59]. Hierbei wird die Verwandtschaft zur Computer Tomographie deutlich, bei der ebenfalls aus verschiedenen Positionen um einen Aufnahmebereich Projektionen gemessen werden, mit dem Unterschied, dass eine externe Strahlenquelle benutzt wird und keine Tracer.

Unabhängig vom bildgebenden Verfahren bewirkt die Rotation der Kamera um den Aufnahmebereich, dass ein Objekt, bzw. eine Strahlenquelle an unterschiedlichen Positionen auf der Kamera, abhängig vom Aufnahmewinkel abgebildet wird. Die Bewegung zwischen den Projektionen ist dabei abhängig vom Abstand der Strahlenquelle zum Rotationsmittelpunkt. Diese scheinbare Bewegung in den Projektionen wird in der Rekonstruktion ausgenutzt, um die Position der Strahlenquelle zu ermitteln (siehe Kapitel 3). Dadurch kann eine 3-dimensionale Aktivitätsverteilung

$$f \in \mathbb{R}^{n_x \times n_y \times n_z}$$

des Aufnahmebereichs geschätzt werden, wobei $n_x \in \mathbb{N}$, $n_y \in \mathbb{N}$ und $n_z \in \mathbb{N}$ die jeweilige Anzahl der Unterteilungen oder Voxel von Ω_f in x -, y - und z -Richtung festlegen (siehe Abbildung 2.2 und Abschnitt 3.3.1). Ebenso wie die gemessenen Projektionen kann f somit in einem 3D-Array der Größe $n_x \times n_y \times n_z$ im Speicher eines Computers gehalten werden. Die genaue Wahl der Anzahl der Voxel im Aufnahmebereich ist im Prinzip frei und wird in Abschnitt 3.3.1 behandelt.

Der Zusammenhang zwischen der Abbildung einer Strahlenquelle auf dem Detektor und ihrer Position im Aufnahmebereich wird in Abbildung 2.6 anhand eines 2D-Beispiels verdeutlicht. Dazu wird angenommen, dass $n_z = m_x = 1$ gilt, wodurch für f und g jeweils nur noch ein 2D-Array benötigt wird. Im Beispiel werden 120 Projektionen vom Aufnahmebereich simuliert (siehe Abschnitt 3.3.1), wobei die Kamera nach jeder Aufnahme um 3° gedreht wird. Für die Aufnahme wird angenommen, dass der Bildmittelpunkt dem Rotationsmittelpunkt des SPECT-Systems entspricht. Die Projektionen sind untereinander angeordnet, so dass jede Bildzeile eine Projektion darstellt.

Diese Ansicht der Projektionen hintereinander wird als Sinogramm bezeichnet, da die Positionsänderungen zwischen den Projektionen, abhängig vom Abstand

2 Grundlagen

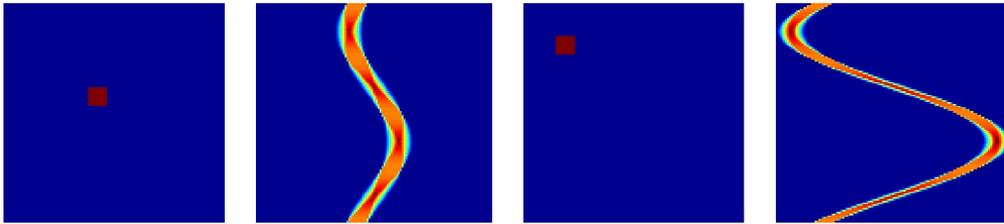


Abbildung 2.6: Die simulierten Projektionen (Mitte links, rechts) von zwei Objekten (links, Mitte rechts) aus jeweils 120 verschiedenen Positionen. Die Bildmittelpunkte entsprechen dabei dem Rotationszentrum der Kamera.

des Objektes zum Rotationsmittelpunkt, durch eine Sinusschwingung beschreibbar sind. Eine Störung dieses sinusförmigen Verlaufs, zum Beispiel durch eine Bewegung des Objektes im Aufnahmebereich, erzeugt Probleme in der Rekonstruktion.

2.2 Problemstellung

Eine Bewegungsstörung des Sinogramms kann durch die lange Aufnahmedauer von bis zu 30 Minuten auftreten. Ein Beispiel für eine Bewegung während einer SPECT-Aufnahme ist in Abbildung 2.7 zu sehen.

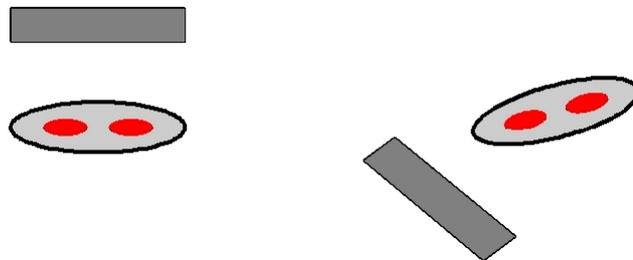


Abbildung 2.7: Beispiel für unterschiedliche Positionen bei zwei Aufnahmewinkeln einer SPECT-Aufnahme.

Das Objekt im Aufnahmebereich hat während der Aufnahme die Position geändert, wodurch die Projektionsdaten der unterschiedlichen Aufnahmewinkel nicht mehr zueinander passen, also *inkonsistent* sind. Diese Schwierigkeit, während der Aufnahme ruhig in einer Position zu verweilen, kann bei älteren oder durch Krankheit geschwächten Patienten auftreten. Weitere Probleme treten bei Belastungsuntersuchungen des Herzens auf. Dabei führt der Patient vor der Aufnahme Gymnastikübungen durch. Die Belastung verändert kurzzeitig sein Lungenvolumen und damit auch die Position des Herzens. Ist die Erholungsphase vor Beginn

der Aufnahme nicht abgeschlossen, verändert sich die Herzposition während der Aufnahme, was als so genannter "Upward Creep" [38, 100] des Herzens bezeichnet wird. Ebenso können abhängig vom Aufnahmebereich im Körper die Atembewegung und der Herzschlag zu einer bewegungsgestörten Aufnahme führen.

Unabhängig von ihrer Entstehung bergen die Bewegungsstörungen die Gefahr von Artefakten im rekonstruierten Bild, was eine Diagnose des behandelnden Arztes erschweren oder sogar zu einer falschen Diagnose führen kann [11, 26, 29, 74, 108, 111]. Dies kann zu weiteren Untersuchungen des Patienten führen, die eigentlich unnötig wären und eine weitere Belastung für den Patienten bedeuten. Auch wenn erkannt wird, dass eine Aufnahme durch Bewegungen gestört ist, ist eine Wiederholung der Aufnahme unerwünscht. Da mit der Zeit eine gleichmäßige Verteilung der im Körper des Patienten eingebrachten Radioaktivität zu erwarten ist, kann eine weitere Aufnahme erst nach dem Abbau der Aktivität durchgeführt werden. Für diese Aufnahme muss der Patient dann erneut einen Tracer injiziert bekommen, was eine weitere Strahlenbelastung für den Patienten bedeutet. Auch gibt es keine Garantie, dass sich der Patient bei der Wiederholung der Aufnahme nicht erneut bewegt. Weiterhin hätte die Vermeidung einer zweiten Aufnahme auch den Nebeneffekt, dass keine zusätzlichen Kosten entstehen.

Diese Arbeit beschäftigt sich ausschließlich mit der Korrektur von Positionsänderungen des Patienten während der Aufnahme. Dabei wird angenommen, dass jede Projektion der Aufnahme einer Patientenposition zugeordnet werden kann. Bewegungen, die während der Aufnahme einer Projektion auftreten können, werden in dieser Arbeit nicht thematisiert. Die Bewegungen zwischen der Aufnahme der Projektionen werden in zwei Arten unterteilt, gleichmäßige und abrupte. Eine *abrupte Bewegung* ist ein Positionswechsel des Patienten, wonach dieser für einige Zeit in der neuen Position verbleibt. Ein Beispiel dafür ist die Bewegung eines Patienten nach einigen Minuten der Aufnahme, um eine bequemere Position zu finden. Eine *gleichmäßige Bewegung* findet während der ganzen Aufnahme statt, zum Beispiel durch einen Tremor, so dass jede Projektion zu einer anderen Patientenposition gehört. Effekte wie Herzschlag und Atmung, deren Bewegungsabläufe durch die Aufnahmezeiten von bis zu 30 Sekunden pro Projektion in jeder einzelnen Projektion auftreten, werden hier nicht behandelt. Einige Möglichkeiten, mit diesen Problemen umzugehen, sind kurz in Kapitel 4 erwähnt.

Zur Verdeutlichung der Auswirkung eines Positionswechsels des Patienten während der Aufnahme auf die Qualität der Rekonstruktion sind in Abbildung 2.8 einige akademische 2D-Beispiele zusammengestellt. Hierfür werden zwei verschiedene Bilder verwendet. Ein Bild modelliert einen Schnitt durch ein Herz, wodurch der Einfluss einer Bewegung auf die Untersuchung der Herzwand verdeutlicht werden soll. Das zweite Modell wird zur Verdeutlichung der Bewegungsstörung auf Kanten im Bild gewählt. In Abbildung 2.8 werden jeweils das Original, das Sino-

2 Grundlagen

gramm der 60 Projektionen einer simulierten SPECT-Aufnahme (siehe Abschnitt 3.3.1) und die Rekonstruktion der Aufnahme gezeigt.

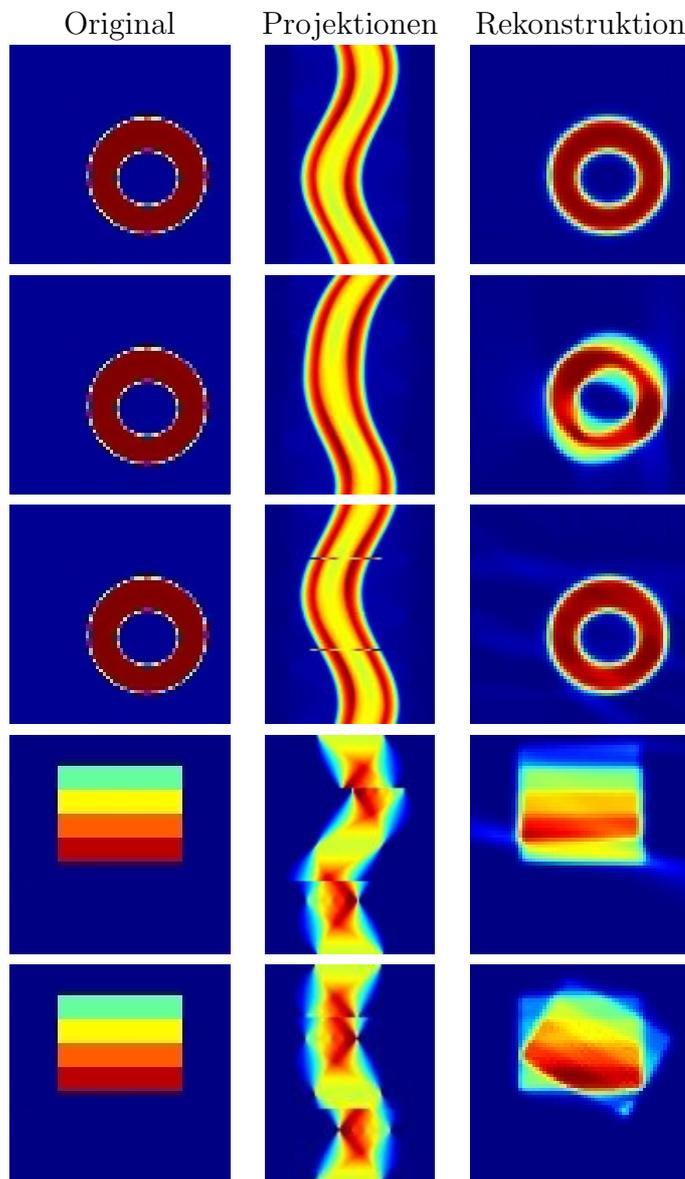


Abbildung 2.8: Beispiele für Bewegungsartefakte in der Rekonstruktion. Von oben nach unten: keine Bewegung, gleichmäßige Translation, abrupte Translation zweier Projektionen, abrupte Translation und abrupte Rotation.

Das erste Beispiel ist eine ungestörte SPECT-Aufnahme und deren Rekonstruktion. Wie in Abschnitt 2.1.2 erwähnt, wird das Objekt je nach Aufnahmewinkel auf einer anderen Position des Detektors projiziert. Die Positionsänderungen sind

vom Abstand des Objekts zum Rotationsmittelpunkt des SPECT-Geräts abhängig. Diese Informationen werden in der Rekonstruktion zur Rückgewinnung der Tiefeninformation benötigt und dürfen durch eine Bewegungskorrektur nicht verändert werden. Dies erschwert die Detektion und Korrektur von unerwünschten Bewegungen, was gerade bei einer gleichmäßigen Bewegung deutlich wird. In diesem Fall wird das Objekt nach jeder Projektion verschoben. Jede Verschiebung ist im Bereich von 0.1 Pixel der Projektionen, was zu einer Verwischung der Objektkonturen in der Rekonstruktion führt, aber nicht zu erkennbaren Unregelmäßigkeiten im Sinogramm (2. Zeile in Abbildung 2.8). Wird hingegen das Objekt für einige Projektionen in eine andere Position befördert, kann dies durch Sprünge im Sinogramm erkennbar sein. Die Auswirkung der Bewegungen auf die Rekonstruktion hängt davon ab, wie viele Projektionen betroffen sind. Standardmäßig beeinflussen alle Projektionen die Rekonstruktion gleichwertig. Sind fast alle Projektionen einer Objektposition zuzuordnen, treten nur geringe Auswirkungen in der Rekonstruktion auf. Werden nur zwei Projektionen bewegt (siehe Abbildung 2.8), sind die Artefakte zum Beispiel auf schwache Strahlenverläufe vom Objekt weg beschränkt. Allerdings sind abrupte Bewegungen, in denen das Objekt in eine neue Position bewegt wird und dort verbleibt, ein Problem. Durch eine Translation, bzw. Rotation des Objektes während der Aufnahme, vermischen sich in der Rekonstruktion die verschiedenen Objektpositionen.

Anschließend wird die Problematik von Bewegungsartefakten durch eine reale Knochen-SPECT-Aufnahme der Füße eines Patienten verdeutlicht. Die Aufnahme wurde durch ein ungewolltes Zittern der Beine des Patienten gestört, wodurch die Position der Füße häufig verändert wurde. Dadurch treten Bewegungsartefakte in der Rekonstruktion auf. Zur Veranschaulichung der Artefakte werden in Abbildung 2.9 die gemessenen Projektionen mit dem Rekonstruktionsergebnis verglichen. Für diesen Vergleich wird von der Rekonstruktion eine SPECT-Aufnahme simuliert, wobei die gleichen Aufnahmewinkel wie in der realen SPECT-Aufnahme verwendet werden. In der Simulation wird keine Absorption oder Streuung berücksichtigt, wodurch die Bereiche, in denen viele Photonen gemessen werden, in den simulierten Projektionen deutlicher sind. Ein Vergleich der entsprechenden gemessenen und simulierten Projektionen zeigt eine Verschmierung der Fußkonturen und des Bereiches mit viel Radioaktivität. In diesem Fall handelt es sich bei dem Bereich, in dem viele Photonen gemessen werden, um einen Tumor, so dass durch die Bewegungsartefakte die Form und Größe des Tumors falsch dargestellt werden.

Zur Erzeugung einer Rekonstruktion ohne Bewegungsartefakte ist es daher notwendig, einen konsistenten Projektionssatz zu erzeugen. Das heißt, dass bei der Aufnahme jeder Projektion der Patient an der gleichen Position gelegen hat. Allerdings wird auf Grund der Projektionsgeometrie das aufzunehmende Objekt in jeder Projektion an einer anderen Stelle in einer anderen Seitenansicht abgebildet.

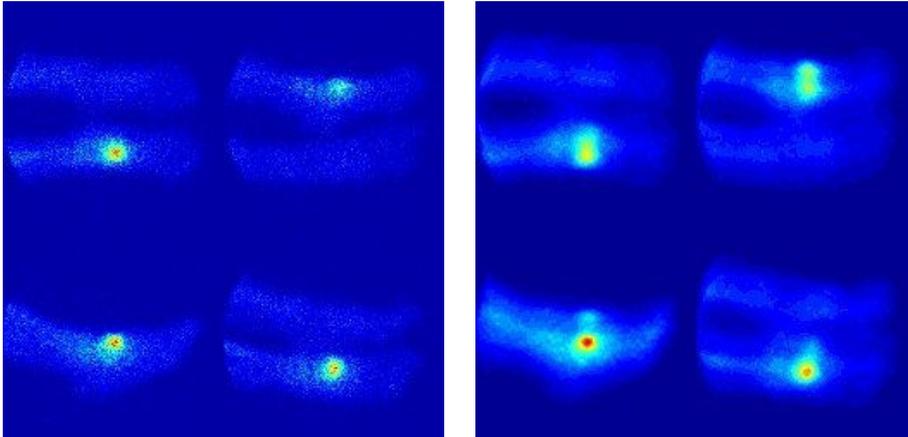


Abbildung 2.9: Beispiel für Bewegungsartefakte in einer realen SPECT-Aufnahme in der Rekonstruktion. Um die Rekonstruktion mit den gemessenen SPECT-Daten zu vergleichen, wird eine Aufnahme der Rekonstruktion simuliert. Dadurch wird deutlich, dass diese Vorwärts-Projektion andere Strukturen aufweist als die Originaldaten.

Somit sind Bewegungen zwischen den Projektionen vorhanden, die nicht aufgehoben werden dürfen, da dies ebenfalls zu inkonsistenten Aufnahmedaten führen würde und somit eine korrekte Rekonstruktion nicht mehr zu erwarten ist. Zusätzlich wird die Bewegungskorrektur dadurch erschwert, dass es durch den Verlust der Tiefeninformationen nicht möglich ist, jede Bewegung, zum Beispiel eine Rotation, direkt in den Projektionen zu korrigieren. Ebenso ist eine Korrektur des Bildes nach der Rekonstruktion nicht möglich, da kein Referenzbild zu Vergleichszwecken vorliegt. Zusammengefasst ergibt sich folgende Problemstellung.

Aufgabenstellung der Bewegungskorrektur

Gegeben: Projektionen g eines unbekanntes Objektes, gemessen mit einem SPECT-Gerät. Die Aufnahme wird durch eine unbekannte Anzahl an Bewegungen des Objektes gestört.

Gesucht: Eine Rekonstruktion f der Verteilung des Tracers im Aufnahmebereich bei gleichzeitiger Bestimmung und Korrektur aller Bewegungen des aufgenommenen Objektes.

Zur Lösung dieses Problems wurden in den vergangenen 25 Jahren unterschiedlichste Ideen entwickelt. Eine Übersicht über die bestehenden Methoden ist in Kapitel 4 zu finden. Davor wird im nächsten Kapitel ein Einblick in die Rekonstruktion von SPECT-Aufnahmen gegeben.

3 Rekonstruktion

Nachdem in Abschnitt 2.1 die Funktionsweise der Datenaufnahme von SPECT vorgestellt wurde, wird hier im Einzelnen betrachtet, wie diese Daten zu einem Bild aufbereitet werden. Dazu wird aus den gemessenen 2-dimensionalen Projektionen g ein 3-dimensionales Bild f des Aufnahmebereichs Ω_f berechnet, so dass

$$f = \mathcal{A}^{-1}g, \quad \text{u.d.N.} \quad f \geq 0 \tag{3.1}$$

gilt, wobei

$$\mathcal{A} : \mathbb{R}^{n_x \times n_y \times n_z} \rightarrow \mathbb{R}^{m_x \times m_y \times q}$$

die Umsetzung eines Modells für die Aufnahme von SPECT-Bildern ist. Auf ein Modell (siehe Gleichung (3.3)) und die Erstellung von \mathcal{A} aus diesem (siehe Abschnitt 3.3.1) wird später eingegangen. Die Einhaltung der physikalischen Gegebenheit, dass eine negative Aktivitätsverteilung keinen Sinn macht, wird über die Nebenbedingung $f \geq 0$ modelliert.

Diese Problemstellung ist in den Bereich der *inversen Probleme* [105] einzuordnen. Üblicherweise handelt es sich bei einem inversen Problem um ein *schlecht gestelltes Problem*. Das heißt, dass keine Lösung oder unendlich viele Lösungen die Aufgabenstellung erfüllen. Ebenso wird von einem schlecht gestellten Problem gesprochen, wenn kleine Änderungen der Eingangsdaten zu großen Änderungen der Ausgangsdaten führen [105]. Laut [79, 80] ist die Rekonstruktion von tomographischen Aufnahmen ein schlecht gestelltes Problem. Ein ausführlicher theoretischer Hintergrund und Methoden zur Handhabung schlecht gestellter Probleme werden in [98, 105] beschrieben.

Dass es sich bei der Rekonstruktion um ein schlecht gestelltes Problem handelt, liegt unter anderem an der notwendigen langen Aufnahmedauer pro Projektion einer SPECT-Aufnahme. Dadurch können nicht beliebig viele Projektionen aufgenommen werden. Durch diesen Mangel an Daten können zu einer gemessenen SPECT-Aufnahme unendlich viele Lösungen, also Aktivitätsverteilungen im Aufnahmebereich, existieren. Zur Verdeutlichung dieses Problems werden in Abbildung 3.1 zwei unterschiedliche 3×3 Bilder gezeigt, von denen jeweils 2 Projektionen gemessen werden.

Die Projektionen der Bilder sind identisch. Es ist somit anhand der Datenlage nicht zu entscheiden, welches Bild zu rekonstruieren ist. Zur Behandlung dieser

3 Rekonstruktion

3	3	3
---	---	---

3	0	0
0	3	0
0	0	3

3
3
3

3	3	3
---	---	---

1	1	1
1	1	1
1	1	1

3
3
3

Abbildung 3.1: Verschiedene Bilder können identische Projektionen ergeben.

Problematik und somit zur Bestimmung einer Lösung des Rekonstruktionsproblems wird hier zwischen zwei Vorgehensweisen unterschieden: analytische Methoden und iterative Methoden. In beiden Fällen wird der Aufnahmeoperator \mathcal{A} in (3.1) durch ein Modell für die SPECT-Aufnahme beschrieben.

Dazu wird in dieser Arbeit die hierfür häufig verwendete *Ray-Transformation* [80]

$$g(\mathbf{y}, \theta) = \int_{L(\mathbf{y})} f(\mathbf{x}) e^{-\int_{L_{\mathbf{x}}(\mathbf{y})} \mu(\mathbf{z}) d\mathbf{z}} d\mathbf{x} \quad (3.2)$$

gewählt. Es handelt sich dabei um ein kontinuierliches Modell, in dem die Absorptionseigenschaften der Materialien im Aufnahmebereich über den Parameter μ beschrieben werden. $L(\mathbf{y})$ ist der Strahlenverlauf durch den Aufnahmebereich Ω_f , der durch die Position $\mathbf{y} \in \Omega_g$ und die Detektorposition θ festgelegt ist. Weiterhin bezeichnet $L_{\mathbf{x}}(\mathbf{y})$ den Abschnitt des Strahles $L(\mathbf{y})$ von der Koordinate \mathbf{x} aus Ω_f zur Detektorposition \mathbf{y} (siehe Abbildung 2.2). Das Interesse bei SPECT liegt dabei auf f , weshalb μ häufig fest gewählt wird. In dieser Arbeit wird die Absorption nicht betrachtet, was durch die Wahl von $\mu = 0$ im gesamten Aufnahmebereich realisiert wird, so dass als Modell

$$g(\mathbf{y}, \theta) = \int_{L(\mathbf{y})} f(\mathbf{x}) d\mathbf{x} \quad (3.3)$$

benutzt wird. Bei den analytischen Methoden wird der inverse Operator des Modells, falls er existiert, analytisch bestimmt bzw. eine so genannte Pseudoinverse bestimmt, die eine der möglichen Lösungen bevorzugt. Anschließend wird die Inverse auf g angewendet. In den iterativen Methoden wird hingegen eine Lösung numerisch berechnet. Dazu wird (3.1) in ein lineares Gleichungssystem überführt und gelöst. Im Falle von SPECT-Aufnahmen handelt es sich bei dem zu lösenden linearen Gleichungssystem häufig um ein unterbestimmtes Gleichungssystem, so dass unendlich viele Lösungen zu erwarten sind, was in dem schlecht gestellten Ausgangsproblem begründet ist. Die analytischen Methoden zeichnen sich hauptsächlich durch ihre Geschwindigkeit aus. Die iterativen Methoden sind im Allgemeinen langsamer, erlauben dafür aber eine wesentlich flexiblere Modellierung

einer SPECT-Aufnahme. Ein guter Überblick über beide Rekonstruktionsklassen ist in [17, 21, 67, 79, 80, 102, 112] zu finden. Weiterhin werden in [48, 111] Vertreter beider Klassen auf ihr Verhalten bei inkonsistenten Projektionsdaten untersucht. Hier werden im Folgenden nur einige ausgewählte iterative Rekonstruktionsansätze und ein analytisches Rekonstruktionsverfahren vorgestellt. Der Betrachtung der ausgewählten Verfahren wird die Einführung eines Qualitätsmaßes zur Bewertung der Rekonstruktion vorangestellt.

3.1 Qualitätsmaß für die Rekonstruktion

Die Messung der Ähnlichkeit zwischen Original und Rekonstruktion ist nicht immer möglich. Normalerweise, zum Beispiel im klinischen Alltag, ist die originäre Aktivitätsverteilung nach der Verabreichung eines Tracers in einem Patienten nicht bekannt und soll erst durch die SPECT-Aufnahme ermittelt werden. Anders ist die Situation bei akademischen Beispielen oder Phantomdaten, bei denen das Original bekannt ist. In diesen Fällen kann die Ähnlichkeit oder der Abstand zwischen Original und Rekonstruktion über ein Fehlermaß, auch Distanz- oder Ähnlichkeitsmaß genannt, bestimmt werden. Zur Messung der Qualität der Rekonstruktion wird hier das Fehlermaß

$$D(\mathbf{f}^{\text{ref}}, \mathbf{f}^{\text{tmp}}) = \frac{\sum_{i=1}^N |f_i^{\text{ref}} - f_i^{\text{tmp}}|}{2 \sum_{i=1}^N f_i^{\text{ref}}} \cdot 100\% \quad (3.4)$$

verwendet. Hierbei bezeichnet N die Anzahl aller Voxel, \mathbf{f}^{ref} einen Vektor, in dem alle Voxel des Originals gesammelt sind (siehe Abschnitt 3.3.1), und \mathbf{f}^{tmp} einen Vektor in dem alle Voxel der Rekonstruktion zusammengefasst werden. Das Fehlermaß kann interpretiert werden als der Anteil der falsch zugeordneten Aktivitäten im Aufnahmegebiet. In der hier anschließenden Vorstellung verschiedener Rekonstruktionsverfahren wird (3.4) zur Vergleichbarkeit der Ergebnisse der einzelnen Verfahren eingesetzt.

3.2 Gefilterte Rückprojektion

Die gefilterte Rückprojektion ist eine der wichtigsten analytischen Rekonstruktionsmethoden und wird wegen ihrer effizienten Umsetzbarkeit im klinischen Alltag häufig verwendet. Sie kann als die Implementierung der inversen *Radon-Transformation* angesehen werden [80]. Rückblickend auf Gleichung (3.3), in der eine SPECT-Aufnahme über das Modell der Ray-Transformation beschrieben

3 Rekonstruktion

wird, wird in diesem Abschnitt kurz vorgestellt, was die gefilterte Rückprojektion ist und wie sie auf die Situation einer SPECT-Aufnahme übertragen werden kann. Zur Vereinfachung wird dabei nur der 2D-Fall betrachtet. Für eine weiterführende Betrachtung siehe [79, 80] und Referenzen darin.

Vergleichbar zur Ray-Transformation kann die *Radon-Transformation* als Modell einer Beschreibung zur Datenaufnahme aus einem Aufnahmegebiet auf einen Detektor interpretiert werden, wobei sich die beiden Modelle in der Art und Weise der Strahlenbeschreibung unterscheiden. Die Radon-Transformation ist definiert als

$$(\mathcal{R}f)(\theta, s) = \int_{H(\theta, s)} f(\mathbf{x}) d\mathbf{x}, \quad (3.5)$$

mit $f : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$, H als Linie in Ω_f , die senkrecht zur Richtung θ liegt, und $s \in \mathbb{R}$ als Abstand vom Ursprung oder Mittelpunkt des Aufnahmegebiets. Dies entspricht einer Aufsummierung der Aktivität im Aufnahmebereich entlang der Linie $H(\theta, s)$. Somit ergibt sich die Möglichkeit, eine Projektion von Ω_f aus einer bestimmten Aufnahmeposition zu beschreiben, indem die Strahlen für alle Abstände s und einen Winkel θ gesammelt werden, die den Detektor treffen. Wie bei der Ray-Transformation ist dabei bekannt, aus welcher Richtung der Strahl auf den Detektor trifft. Nicht bekannt ist aber, aus welchem Abstand vom Detektor welcher Beitrag zum gemessenen Wert auf dem Detektor stammt. Das heißt, auch hier gehen die Tiefeninformationen verloren. Die Rekonstruktion der Tiefeninformation wird unter Verwendung aller Projektionen aus allen erfassten Winkeln θ durch die inverse Radon-Transformation oder auch gefilterte Rückprojektion erreicht. Diese ist definiert als

$$f(\mathbf{x}) = (\mathcal{R}^*g)(\mathbf{x}) = \int_0^\pi \mathcal{F}(\mathcal{R}f)(\theta, s) d\theta, \quad (3.6)$$

wobei der Abstand s für jede Richtung θ so gewählt wird, dass die über θ und s definierte Linie durch \mathbf{x} verläuft. \mathcal{F} bezeichnet dabei die Filterung der Projektionsdaten $\mathcal{R}f$ der Radon-Transformation. Wird die Fourier-Transformation [80] der Projektionen betrachtet, ermöglicht die Filterung der Projektionsdaten eine Gewichtung ihrer Frequenzanteile. Dies erlaubt, hohe Frequenzen stärker zu gewichten als niedrige Frequenzen, um einer Verschmierung von Kanten im rekonstruierten Bild vorzubeugen. Ebenso können Frequenzen ab einer vorgegebenen Höhe abgeschnitten werden, um Rauschen und Aliasing zu vermeiden [17]. Typische hierzu benutzte Filter sind der Shepp-Logan-, Shepp-Logan-Hanning-, Generalisierter Hamming-, Butterworth-, Parzen- und Rampen-Filter. Abschließend ist zu erwähnen, dass eine Berechnung von (3.6) durch eine Fourier-Transformation möglich ist, da die Datenaquisition über die Radon-Transformation mit Hilfe des Fourier-Slice-Theorems (auch Projection-Slice Theorem) [54] interpretiert werden kann als der stückweise Aufbau der 2D-Fourier-Transformation des Bildes f .

Ein ausführlicher theoretischer Hintergrund zur gefilterten Rückprojektion ist in [80] zu finden, während eine anwendungsorientierte Sichtweise in [17] beschrieben wird.

Zu zeigen bleibt damit noch der Zusammenhang zwischen Radon- und Ray-Transformation, um die gefilterte Rückprojektion zur Rekonstruktion von SPECT-Aufnahmen anzuwenden. Dazu wird hier die Ray-Transformation aus (3.3) aufgegriffen, bei der auf die Einbindung der Absorption verzichtet wird. Durch diese Vereinfachung kann (3.3) mit der Radon-Transformation (3.5) in Zusammenhang gesetzt werden über

$$g(\mathbf{y}(s, \theta), \theta^\perp) = (\mathcal{R}f)(\theta, s), \quad (3.7)$$

mit der zu θ senkrechten Richtung θ^\perp und der Position auf dem Detektor $\mathbf{y}(s, \theta)$. Die Position hängt dabei von der Richtung der Projektionsebene θ der Radon-Transformation und dem Abstand s vom Mittelpunkt von Ω_f ab. Somit kann die gefilterte Rückprojektion zur Rekonstruktion einer Aktivitätsverteilung im Aufnahmebereich aus den gemessenen Projektionen verwendet werden.

3.2.1 Beispiele und Bemerkungen zur Anwendung

Ein Vorteil der gefilterten Rückprojektion ist ihr geringer Rechenaufwand im Vergleich zu iterativen Methoden. Wie im Abschnitt 3.2 erwähnt, kann die gefilterte Rückprojektion durch eine 2D-Fourier-Transformation berechnet werden, wodurch der Einsatz der FFT möglich ist. Weiterhin können durch die Wahl des Filters hochfrequente Bildanteile unterdrückt oder abgeschwächt werden. Dadurch ist es möglich, Rauschen in der Rekonstruktion zu verringern. Ebenso ist es möglich, niederfrequente Bildanteile geringer zu gewichten als hochfrequente Anteile. Dies reduziert Verschmierungseffekte in der Rekonstruktion, was zu schärferen Objektkonturen führt [17].

Ein Nachteil ist, dass physikalische Phänomene oder besondere Anforderungen an die Modellierung schwer in das bestehende Modell eingefügt werden können. Eine Erweiterung des Modells in iterativen Rekonstruktionsmethoden kann hingegen direkt umgesetzt werden [17]. Zum Beispiel können tiefenabhängige Abbildungseigenschaften eines Aufnahmegeräts bei iterativen Methoden direkt durch die Wahl des Projektionsoperators realisiert werden (siehe Abschnitt 3.3.1). Ein weiterer Nachteil ist, dass die Einhaltung der Nebenbedingung $f \geq 0$ nicht garantiert ist, wodurch negative Werte im rekonstruierten Bild auftreten können. Weiterhin gilt laut Theorie (siehe Fourier-Slice-Theorem (auch Projection-Slice Theorem)[54]), dass die gemessenen Projektionen und eine simulierte SPECT-Aufnahme der rekonstruierten Projektionen bei der gefilterten Rückprojektion immer gleich sind. Dadurch kann ein Vergleich zwischen der Originalaufnahme und einer simulierten

3 Rekonstruktion

ten Aufnahme keinen Aufschluss über Bewegungsstörungen geben. Die iterativen Methoden sind also wesentlich flexibler und können besser auf eine Problemstellung angepasst werden, weswegen sie in dieser Arbeit benutzt werden.

Zur Vervollständigung werden in Abbildung 3.2 zwei akademische 2D-Beispiele (je 64×64 Pixel) gezeigt. Zu sehen sind das Original, die Projektionen (60 Stück) der simulierten SPECT-Aufnahme und die Rekonstruktion der gefilterten Rückprojektion mit dem Shepp-Logan-Filter. Zur Berechnung der Rekonstruktion wird die in Matlab integrierte inverse Radon-Transformation verwendet. In beiden Fällen ist die Rekonstruktion vergleichbar zum Original. Allerdings beinhalten beide Rekonstruktionen negative Werte. Zur Messung der Qualität der Rekonstruktion wird das Fehlermaß (3.4) verwendet. Die Rekonstruktionen aus Abbildung 3.2 weisen einen Fehler von 13.70% (erste Zeile) und 11.29% (zweite Zeile) auf. Wie

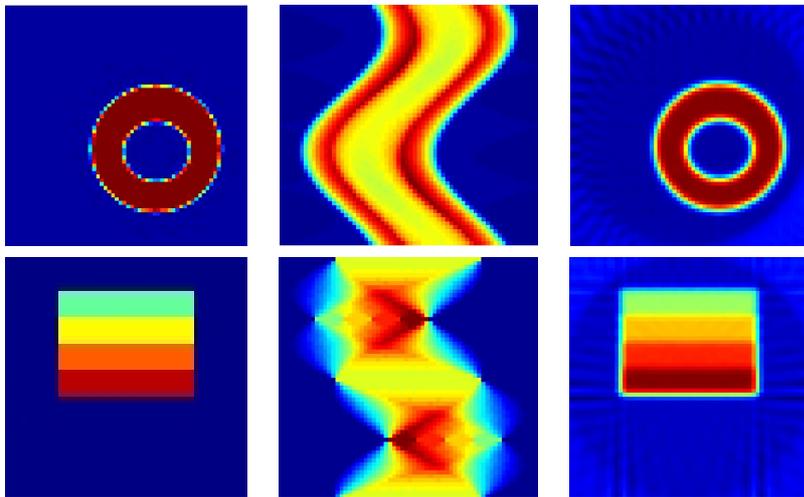


Abbildung 3.2: Zwei Beispiele für die Rekonstruktion mit der gefilterten Rückprojektion. Links ist ein akademisches Phantom, in der Mitte die simulierte SPECT-Aufnahme (pro Zeile eine Projektion) und rechts die gefilterte Rückprojektion mit dem Shepp-Logan-Filter zu sehen.

sich später zeigen wird, sind dies hohe Fehlerwerte im Vergleich zu den iterativen Methoden. Dies liegt unter anderem an der erwähnten fehlenden Einschränkung $f \geq 0$.

3.3 Iterative Rekonstruktion

Neben den analytischen Methoden wurden iterative Rekonstruktionstechniken entwickelt, die eine gute Modellierung der tatsächlichen physikalischen Vorgänge

von SPECT ermöglichen. Allerdings wurden sie auf Grund ihres größeren Rechenaufwandes erst ab den 90er Jahren im alltäglichen klinischen Einsatz anwendbar und werden seitdem eingesetzt. In diesem Abschnitt wird die Erstellung eines Modells für die Rekonstruktionsmethoden erläutert. Dies entspricht einer Diskretisierung der Komponenten von (3.1). Anschließend werden die statistischen Methoden Expectation Maximization (EM) [76, 96] und Ordered Subsets Expectation Maximization (OSEM) [50] vorgestellt, welche die Maximum-Likelihood Distanz zwischen der Rekonstruktion und den gemessenen Projektionen maximieren. Ergänzend dazu wird die Rekonstruktion als Minimierung der Euklidischen 2-Norm betrachtet. Auf weitere Methoden, wie ART [80] oder HOSP [91, 92], wird in dieser Arbeit nicht eingegangen.

3.3.1 Diskretisierung

Wie in Abschnitt 2.1.1 erwähnt, liegen die Projektionsdaten nach der Messung schon in diskreter Form vor. Diese Diskretisierung ergibt sich dabei aus den technischen Gegebenheiten des verwendeten SPECT-Systems. Jede Projektion besteht dabei aus $m_x \times m_y$ Pixel. Typischerweise ist dabei $m_x = m_y = 64$ oder $m_x = m_y = 128$. Die Größe der Pixel ist durch den Vektor $\mathbf{h}^g = (h_x^g, h_y^g)$ gegeben, in dem die Größe der Pixel in x- und y-Richtung abgelegt ist.

Weiterhin wird in (3.3) ein Modell vorgestellt, dessen Realisierung den Aufnahmeoperator \mathcal{A} bestimmt. Hierfür fehlt nur noch ein Modell für f . In dieser Arbeit wird dazu eine einfache Diskretisierung des Bildbereichs Ω_f in $n_x \times n_y \times n_z$ Voxel oder Kuben der Größe \mathbf{h}^f betrachtet. Wie in \mathbf{h}^g sind in $\mathbf{h}^f = (h_x^f, h_y^f, h_z^f)$ die Größe eines Voxels in jeder Dimension abgelegt. Typischerweise wird die Anzahl der Voxel passend zu der Anzahl der Pixel in den Projektionen gewählt, so dass $n_x = n_y = n_z = 64$ oder $n_x = n_y = n_z = 128$ gilt. Ein 2D-Beispiel für die Diskretisierung von Ω_f und Ω_g ist in Abbildung 3.3 zu sehen. Der Wert, der einem Voxel zugeordnet wird, repräsentiert dessen durchschnittliche Aktivität. Zur Adressierung eines Voxels im Aufnahmebereich werden die Koordinaten seines Zentrums oder Mittelpunktes verwendet. Damit auch Bildwerte an einer Koordinate in Ω_f oder Ω_g , die nicht der Koordinate eines Voxels, bzw. Pixels, entsprechen, bestimmt werden können, wird neben der Diskretisierung ein Interpolationsmodell gewählt, worauf später noch eingegangen wird. Über das Interpolationsmodell wird eine Berechnungsvorschrift festgelegt, wie die Bildwerte der Voxel in die Berechnung des Bildwertes an einer beliebigen Koordinate eingehen. Andere Arten der Diskretisierung des Aufnahmebereichs, zum Beispiel die gleichzeitige Verwendung von feinen und groben Diskretisierungen, sind in [14, 68, 73, 95] zu finden. Auf die Vor- und Nachteile der unterschiedlichen Diskretisierungen wird im Rahmen dieser Arbeit nicht weiter eingegangen. Abschließend zu diesem Thema sei erwähnt, dass die äquidistante Unterteilung des Aufnahmebereichs auf Grund ihrer einfachen Umsetzbarkeit und Übersichtlichkeit gewählt wird.

3 Rekonstruktion

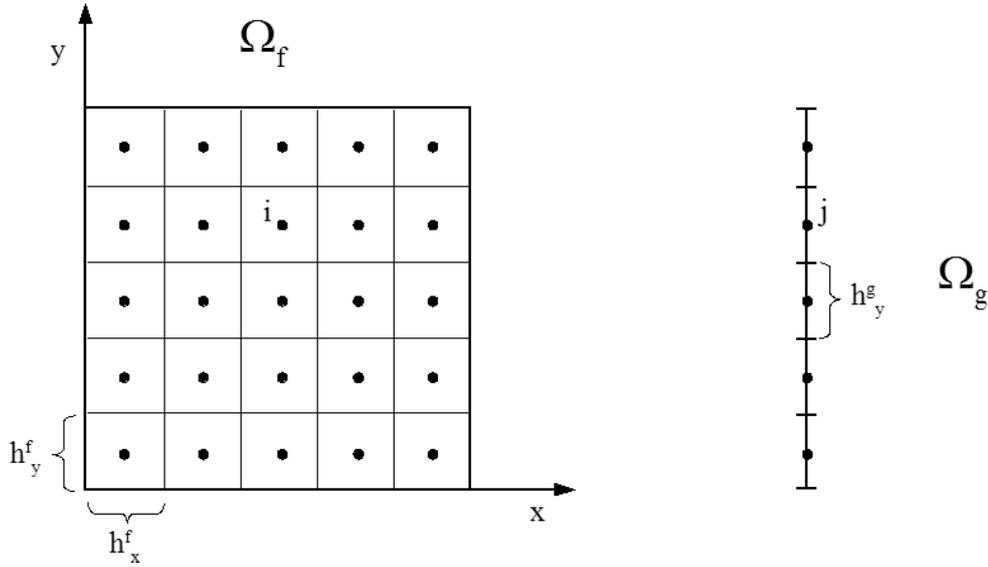


Abbildung 3.3: Beispiel einer Diskretisierung von Ω_f und Ω_g .

Nachdem nun eine Diskretisierung von Ω_g und Ω_f vorliegt, beschreibt der Projektionsoperator \mathcal{A}_h entsprechend dem gewählten Aufnahmmodell, welche Voxel des Bildes zur gemessenen Strahlung in einem Pixel auf dem Detektor beitragen [24, 96]. Der Index h gibt dabei an, welche Diskretisierung von Ω_f und Ω_g in \mathcal{A}_h eingegangen ist. Zur besseren Lesbarkeit wird statt \mathcal{A}_h nur \mathcal{A} benutzt. An dieser Stelle sei erwähnt, dass die Aktivitätsverteilung im Aufnahmebereich umso besser beschrieben werden kann, je genauer das Aufnahmmodell, dessen Umsetzung \mathcal{A} darstellt, den tatsächlichen Aufnahmevorgang simuliert. Dies gilt zum Beispiel für die Modellierung von Absorption und Streuung [13] oder die Nachbildung der Abbildungseffekte des Kollimators [8].

Bevor hier nun genauer darauf eingegangen wird, wie nach Festlegung eines Aufnahmmodells die Wirkungsweise von \mathcal{A} berechnet werden kann, werden zuerst f und g in ein neues Format gebracht. Bis zu diesem Punkt liegen sowohl f als auch g in einem 3D-Array vor. Zur besseren Handhabung werden beide ab hier nun in einem Vektor (1D-Array) \mathbf{f} , bzw. \mathbf{g} , abgelegt, was den Vorteil bietet, dass die Wirkungsweise des Aufnahmeoperators \mathcal{A} über eine Matrix (2D-Array) \mathbf{A} repräsentiert werden kann. Dadurch wird es möglich, die Rekonstruktion von \mathbf{f} als Lösung des linearen Gleichungssystems

$$\mathbf{A}\mathbf{f} = \mathbf{g}, \quad \text{u.d.N.} \quad \mathbf{f} \geq 0 \quad (3.8)$$

darzustellen.

Zur Umformatierung von f werden die Voxel des Rekonstruktionsgebietes mit einem Identifikator $i \in \{1, \dots, N\}$ mit $N = n_x \cdot n_y \cdot n_z$ versehen. Dazu ist es

notwendig, eine Durchlaufrichtung des Bildes festzulegen. Ausgehend von Abbildung 3.3, bzw. Abbildung 2.2, wird das Volumen erst in x-Richtung, dann in y-Richtung und abschließend in z-Richtung durchlaufen. Abbildung 3.4 zeigt die Nummerierung der Pixel für ein 5×5 Bild. Allgemeiner beschrieben wird der

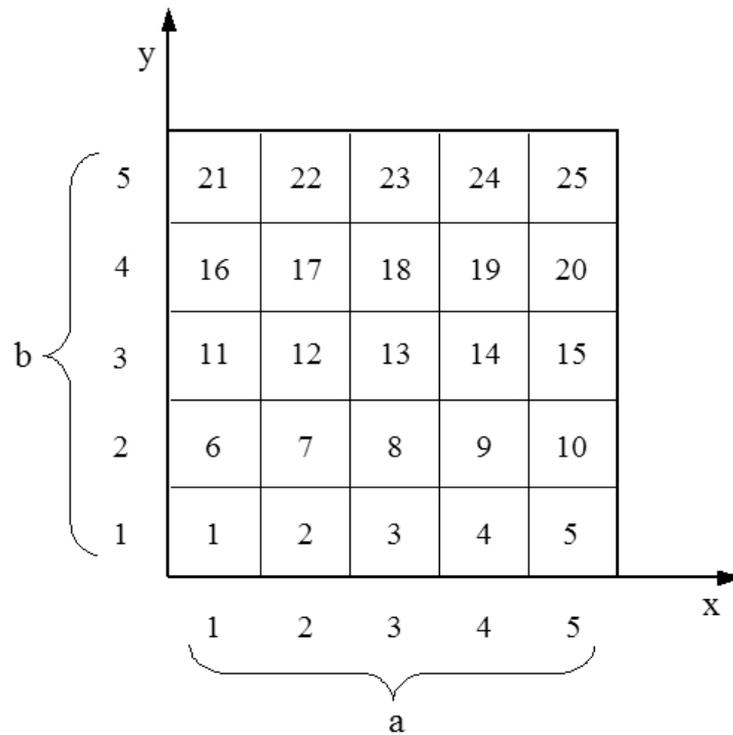


Abbildung 3.4: Fortlaufende Nummerierung der Pixel in einem 2D-Bild.

Eintrag im Array f an der Position (a, b, c) im Vektor \mathbf{f} an der Stelle l abgelegt, mit

$$l = (c - 1) \cdot n_x \cdot n_y + (b - 1) \cdot n_x + a.$$

Für diese Berechnung wird angenommen, dass die Komponenten der Indizierung (a, b, c) des 3D-Arrays entlang der in Abbildung 2.2 eingeführten x-, y- und z-Richtung ansteigen (siehe Abbildung 3.4). Dabei gilt $a \in \{1, \dots, n_x\}$, $b \in \{1, \dots, n_y\}$ und $c \in \{1, \dots, n_z\}$.

Ebenso wie f werden die Projektionsdaten g in einen Vektor \mathbf{g} abgelegt. Dazu werden die über alle Winkelpositionen auf der diskretisierten Sensorfläche Ω_g gemessenen Werte eindeutig durch eine Nummerierung $j \in \{1, \dots, M\}$ mit $M = n_x \cdot n_y \cdot q$ identifiziert. Jede Projektion wird dazu erst in x-Richtung und dann in y-Richtung durchlaufen (siehe Abbildung 3.4). Für die Umformung gilt dabei,

3 Rekonstruktion

dass der Eintrag im Array g an der Position (a, b, c) im Vektor \mathbf{g} an der Stelle l , berechnet über

$$l = (c - 1) \cdot m_x \cdot m_y + (b - 1) \cdot m_x + a,$$

abgelegt wird. Dabei gilt $a \in \{1, \dots, m_x\}$, $b \in \{1, \dots, m_y\}$ und $c \in \{1, \dots, q\}$.

Da nun sowohl die gesuchte Rekonstruktion \mathbf{f} als auch die gemessenen Daten \mathbf{g} in einem Vektor vorliegen, kann der Aufnahmeoperator \mathcal{A} durch eine Matrix \mathbf{A} dargestellt werden. Diese beschreibt, wie die Aktivitätswerte in \mathbf{f} nach \mathbf{g} übertragen werden. Des Weiteren kann \mathbf{A}^T als eine Art Rückprojektionsoperator interpretiert werden, da $\mathbf{A}^T \mathbf{g}$ eine Übertragung der Messwerte aus den Projektionen in den Aufnahmebereich bewirkt. Die Einträge der Matrix \mathbf{A} bestehen aus den Wahrscheinlichkeiten p_{ji} , mit der ein in Voxel i emittiertes Photon in Pixel j auf dem Detektor gemessen wird. Die Wahrscheinlichkeiten p_{ji} werden durch die Projektionsgeometrie des SPECT-Gerätes und das gewählte Aufnahmemodell bestimmt. Zusätzlich zum Modell wird noch eine Normierung verwendet. Genauer gilt

$$\mathbf{A} = (a_{ji})_{i=1, j=1}^{N, M} \text{ mit } a_{ji} = \frac{p_{ji}}{\sum_{l=1}^M p_{li}}, \quad (3.9)$$

so dass durch die Normierung die Spaltensumme von \mathbf{A} jeweils 1 ergibt. Dies entspricht einer Energieerhaltung. Eine Energieerhaltung bedeutet in diesem Fall, dass $\sum_{j=1}^M f_j = \sum_{i=1}^N g_i$ gilt, also die Anzahl der Photonen in \mathbf{f} und \mathbf{g} identisch ist.

Zu bemerken ist hier, dass die Stärke der iterativen Rekonstruktionsmethoden die flexible Wahl des Aufnahme Modells ist. Es ist möglich ohne eine Veränderung der Vorgehensweise der gewählten Rekonstruktionsmethode, Streuung, Absorption oder Tiefenabhängigkeit einzubauen. Ebenso wenig beeinflusst die Projektionsgeometrie, die durch den verwendeten Kollimator gegeben ist, ein iteratives Verfahren. In dieser Arbeit werden das Aufnahme Modell ohne Absorption aus (3.3) und ein Parallelloch-Kollimator benutzt. Die Verwendung eines Parallelloch-Kollimators entspricht dabei einer Parallelprojektion des Aufnahmebereichs auf den Detektor. Zur Berechnung der p_{ji} aus dem Aufnahme Modell gibt es nun mehrere Möglichkeiten. Dazu gehören die Voxelmethode (voxel-driven, siehe Abbildung 3.5) und die Strahlenmethode (ray-driven, siehe Abbildung 3.5).

In der Voxelmethode wird zu jedem Aufnahmewinkel für jedes Voxel i bestimmt, auf welche Koordinaten $y \in \Omega_g$ der Detektorfläche es unter Verwendung einer Parallelprojektion abgebildet wird (siehe Abbildung 3.5). Dies entspricht der Ermittlung des Beitrags von Voxel i am Strahl $L(\mathbf{y})$ aus dem Modell (3.3). Anschließend wird der Beitrag von Voxel i über ein Interpolationsmodell auf die vorliegende Diskretisierung der Detektorfläche verteilt. Dazu wird angenommen,

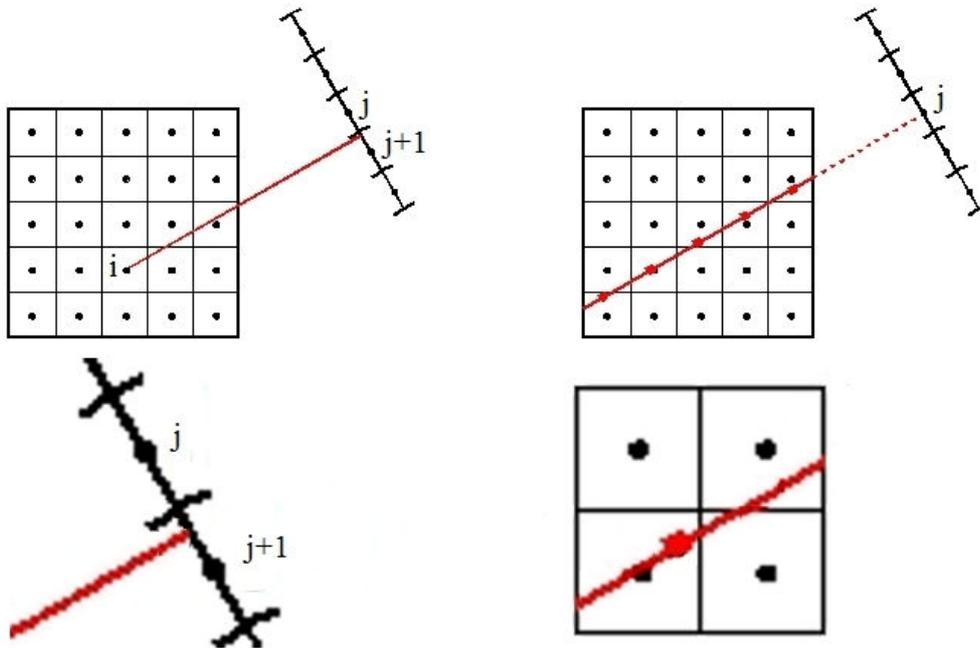


Abbildung 3.5: Links die Voxelmethode mit Vergrößerung des Auftreffpunktes des Strahls. Rechts die Strahlenmethode mit einem Beispiel der vier beteiligten Punkte zur Bestimmung eines Punktes auf dem Strahlenverlauf.

dass Voxel i insgesamt mit Wahrscheinlichkeit 1 zu sehen ist. Aus der Menge der bekannten Interpolationsmodelle wird hier auf Grund ihrer Einfachheit die bi-lineare Interpolation, auf die in Abschnitt 6.2.1 genauer eingegangen wird, gewählt. Abbildung 3.5 zeigt ein 2D-Beispiel für diesen Vorgang. Im gezeigten Fall ist Voxel i in Pixel j und $j + 1$ zu sehen mit $p_{ji} = 0.4$ und $p_{j+1i} = 0.6$.

Bei der zweiten Methode, der Strahlenmethode, wird ausgehend von Pixel j an Position \mathbf{y} auf dem Detektor ermittelt, welche Voxel mit welchen Anteilen zu sehen sind. Dabei kann ein Voxel maximal mit Anteil 1 beitragen. Diese Anteile entsprechen dann den Wahrscheinlichkeiten p_{ji} . Zur Berechnung der Anteile wird entsprechend dem Modell aus (3.3) der Strahl $L(\mathbf{y})$ von Pixel j durch das Aufnahmegebiet Ω_f äquidistant diskretisiert (siehe rote Punkte in Abbildung 3.5) und werden durch eine tri-lineare Interpolation die Anteile der beteiligten Voxel ermittelt. Ein 2D-Beispiel für diese Vorgehensweise wird in Abbildung 3.5 auf der rechten Seite dargestellt.

Zur Berechnung der Einträge in der Matrix \mathbf{A} wird in dieser Arbeit die Strahlenmethode verwendet, da sie einfacher umsetzbar ist. Bei der Pixelmethode ändert sich je nach Aufnahmeposition des Detektors der Bereich, auf den ein Pixel projiziert wird. Wird dies nicht berücksichtigt, entstehen Lücken in der Projektion. Dadurch ist die Realisierung der Pixelmethode aufwändiger als die Strahlenme-

3 Rekonstruktion

thode, da bei dieser unabhängig vom Aufnahmewinkel der Abstand der Strahlenverläufe durch den Aufnahmebereich zum Detektor gleich bleibt. Dafür ist die Strahlenmethode im Vergleich zur Pixelmethode rechenaufwändiger.

Eine Möglichkeit zur Umsetzung der Strahlenmethode ist es, die Projektionsfläche Ω_g an einer Position zu belassen und das Bild in die entsprechende Aufnahmeposition θ zu transformieren. Ein Beispiel hierfür wird in Abbildung 3.6 vorgestellt. Der Kernpunkt dieses Vorgehens ist es, dass nach der Transformati-

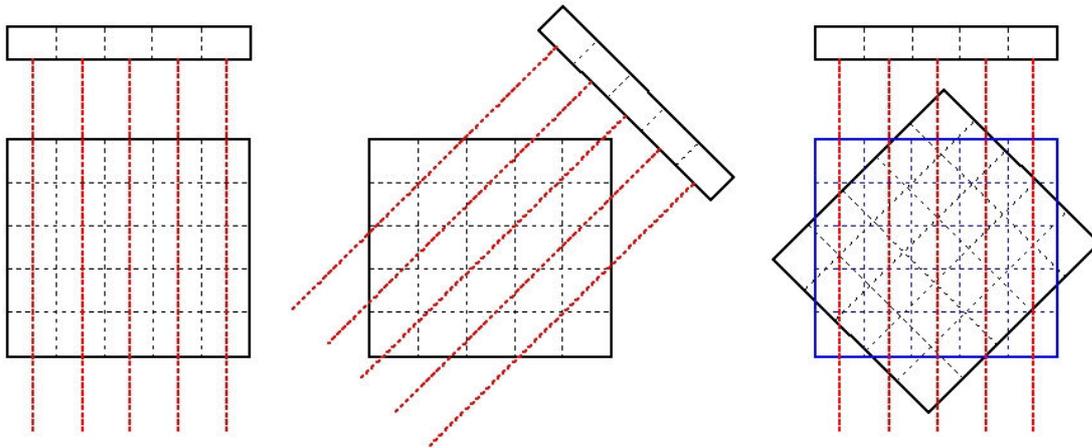


Abbildung 3.6: Umsetzung der Strahlenmethode über eine Rotation des Bildes. Anstatt nach einer Projektion (links) den Detektor zu drehen (Mitte), wird das Bild transformiert (rechts). Anschließend wird eine Projektion vom transformierten Bild (blaues Gitter) berechnet.

on des Bildes die Projektion durch die Summation der Spalten der Bildmatrix berechnet werden kann. Zudem muss bei diesem Vorgehen nicht für jeden Strahl der Eintritts- und Austrittspunkt aus dem Aufnahmebereich berechnet werden. Für die Transformation des Bildes ist eine Rotation notwendig. Ein Vergleich zwischen verschiedenen Interpolationsmethoden für die Umsetzung der Rotation wird in [28] betrachtet. Zu bemerken ist, dass durch die Interpolation des Bildes die Strahlungsenergie im Bild verändert werden kann. Eine genaue Betrachtung dieser Probleme und seiner Auswirkung ist in [107] zu finden. Zusammengefasst können die Wahrscheinlichkeiten p_{ji} , aus denen der Projektionsoperator \mathbf{A} aufgebaut wird, durch eine Transformation \mathbf{T} des Bildes \mathbf{f} um den Winkel θ_i und eine anschließende Parallelprojektion \mathcal{P} beschrieben werden. Dadurch kann die Berechnung aller Wahrscheinlichkeiten \mathbf{P} vereinfacht werden zu

$$\mathbf{P} = \begin{pmatrix} \mathcal{P}\mathbf{T}(\theta_1) \\ \vdots \\ \mathcal{P}\mathbf{T}(\theta_q) \end{pmatrix}. \quad (3.10)$$

Ein Beispiel für die Struktur der Projektionsmatrix im Falle einer 2-dimensionalen Bildgebung ist in Abbildung 3.7 zu sehen. Hierbei wird der Aufnahmebereich in 10×10 Pixel aufgeteilt. Von dem Aufnahmebereich werden 8 Projektionen zu je 10×1 Pixel simuliert. Die Projektionen sind dabei gleichmäßig um das Objekt herum verteilt (Aufnahme über 360°). Zur Bestimmung der neuen Pixelwerte im transformierten Bild durch die Transformation \mathbf{T} wird die bi-lineare Interpolation benutzt. Die resultierende Projektionsmatrix $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{80 \times 100}$ besitzt 80 Zeilen (8 Projektionen a 10 Pixel) und 100 Spalten (Bild der Größe 10×10). Werden je 10 Zeilen der Matrix auf einmal betrachtet, ist die in (3.10) beschriebene Struktur, hervorgerufen durch die Rotation des Bildes, zu sehen. In diesem Beispiel wird

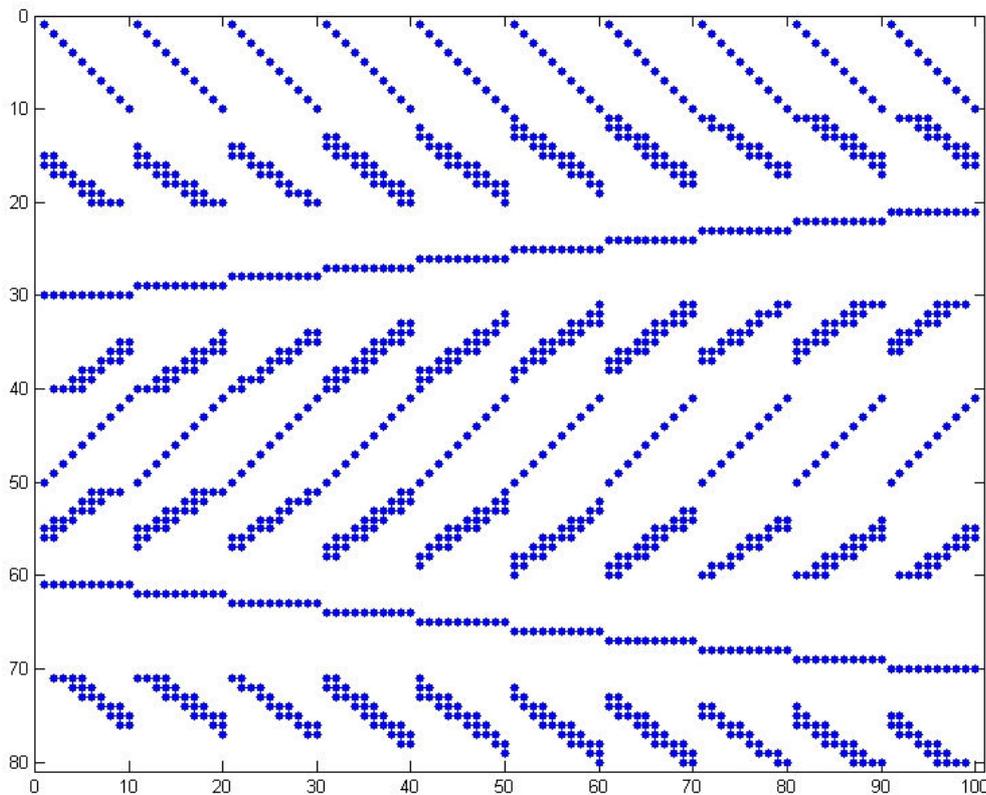


Abbildung 3.7: Matlab spy-plot des diskreten Projektionsoperators \mathbf{A} zur Simulation einer 2D-SPECT-Aufnahme. Der Bildbereich ist in x- und y-Richtung in je 10 Pixel unterteilt. Die Aufnahme besteht aus 8 Projektionen. Die Projektionen sind gleichmäßig über 360° um den Bildbereich verteilt.

deutlich, dass eine eindeutige Lösung für (3.8) in der Regel nicht existiert. Die in Abbildung 3.7 gezeigte Matrix hat mehr Spalten als Zeilen. Somit ist (3.8) ein unterbestimmtes Gleichungssystem, für das in der Regel unendlich viele Lösungen existieren. Die iterativen Rekonstruktionsmethoden, die im Anschluss vorgestellt werden, umgehen diese Problematik, indem nicht direkt das Gleichungssystem $\mathbf{A}\mathbf{f} = \mathbf{g}$ gelöst wird, sondern die 2-Norm $\|\mathbf{A}\mathbf{f} - \mathbf{g}\|_2$ minimiert wird. Hierfür gibt

3 Rekonstruktion

es genau eine Lösung, wenn \mathbf{A} einen vollen Rang hat. Ansonsten wird unter allen Lösungen $\hat{\mathbf{f}}$, die $\|\mathbf{A}\mathbf{f} - \mathbf{g}\|_2 \rightarrow \min$ erfüllen, die Lösung mit der kleinsten 2-Norm bevorzugt. Eine solche Lösung existiert immer und wird *Pseudolösung* genannt. Für einen Einblick in die Theorie und einen Beweis dieser Aussage siehe [7].

3.3.2 Expectation Maximization

Zur Berechnung einer Lösung von $\mathbf{A}\mathbf{f} = \mathbf{g}$ werden nun einige Verfahren vorgestellt. Das erste ist der *Expectation Maximization* (EM) Algorithmus. Dieses Verfahren nutzt aus, dass der radioaktive Zerfall mit statistischen Methoden beschreibbar ist. Ziel ist es, ein \mathbf{f} zu finden, so dass $\mathbf{A}\mathbf{f}$ die gemessenen Daten \mathbf{g} möglichst gut erklärt. Dies wird über die Interpretation aller beteiligten Komponenten als poissonverteilte (siehe (2.1)) unabhängige Zufallsvariablen erreicht. Dazu wird jeder Messwert in g_j , der den radioaktiven Zerfall über ein festes Zeitintervall $[0, \tau]$ wiedergibt, als der Erwartungswert einer poissonverteilten Zufallsvariablen X_j interpretiert. Entsprechend wird der i -te Voxel im Bild \mathbf{f} als poissonverteilte Zufallsvariable Y_i mit Erwartungswert f_i interpretiert. $\mathbf{A}\mathbf{f}$ entspricht damit einer gewichteten Summation der Werte der Zufallsvariablen Y_i . Da die Summation von poissonverteilten Zufallsvariablen wiederum eine poissonverteilte Zufallsvariable ist, können $\mathbf{A}\mathbf{f}$ und \mathbf{g} verglichen werden, indem für alle j berechnet wird, mit welcher Wahrscheinlichkeit $(\mathbf{A}\mathbf{f})_j$ die Messung g_j erklärt.

Dies geschieht über die Maximum-Likelihood Methode [41]. Die Maximum-Likelihood Funktion ist eine Objekt- oder Distanzfunktion, in der die Messwerte \mathbf{g} der unabhängigen Zufallsvariablen X_1, \dots, X_M mit der Verteilungsfunktion $\mathbf{P}(\cdot; (\mathbf{A}\mathbf{f})_j)$, hier der Poisson-Verteilung $\mathbf{P}(X_i = k; (\mathbf{A}\mathbf{f})_j) = \frac{(\mathbf{A}\mathbf{f})_j^k}{k!} e^{-(\mathbf{A}\mathbf{f})_j}$, eingehen. Ziel ist die Bestimmung von \mathbf{f} . Die gemeinsame Verteilungsfunktion von X_1, \dots, X_M wird als Likelihood Funktion

$$L(\mathbf{A}\mathbf{f}; \mathbf{g}) = \prod_{j=1}^M \mathbf{P}(g_j; (\mathbf{A}\mathbf{f})_j)$$

bezeichnet, wobei L eine Funktion abhängig von $\mathbf{A}\mathbf{f}$ ist [23]. Gesucht ist nun ein \mathbf{f} , so dass

$$L(\mathbf{f}) = L((\mathbf{A}\mathbf{f}); \mathbf{g}) = \prod_{j=1}^M \mathbf{P}(g_j; (\mathbf{A}\mathbf{f})_j) = \prod_{j=1}^M \frac{(\mathbf{A}\mathbf{f})_j^{g_j}}{(g_j)!} e^{-(\mathbf{A}\mathbf{f})_j} \rightarrow \max. \quad (3.11)$$

Die Fakultät und das Produkt in (3.11) führen zu großen Zahlen, was zu einem Überlauf der Zahlendarstellung im Rechner führen kann. Zur Vermeidung dieses

Problems wird die logarithmierte Likelihood Funktion

$$l(\mathbf{f}) = \log(L(\mathbf{f})) = \sum_{j=1}^m [g_j \log(\mathbf{A}\mathbf{f})_j - (\mathbf{A}\mathbf{f})_j] + c \quad (3.12)$$

mit der Konstanten $c \in \mathbb{R}$ betrachtet, die die $(g_j)!$ Werte enthält.

Berechnung des maximalen Likelihood

Mit dem EM-Algorithmus wird nun ein \mathbf{f} berechnet, das (3.12) maximiert und keine negativen Werte enthält. Da es dabei nur um das Auffinden dieses Maximums und nicht um dessen Wert geht, kann die Konstante c vernachlässigt werden. Des Weiteren ist bekannt, dass eine Nullstelle der ersten Ableitung einer Funktion ein notwendiges Kriterium für ein Maximum ist. Eine Nullstelle in der Ableitung wird auch als stationärer Punkt bezeichnet. Die Ableitung

$$\frac{\partial l}{\partial f_i} = \frac{\partial}{\partial f_i} \sum_{k=1}^M [g_k \log(\mathbf{A}\mathbf{f})_k - (\mathbf{A}\mathbf{f})_k] \quad (3.13)$$

$$= \sum_{k=1}^M \frac{g_k a_{ki}}{\sum_{q=1}^N a_{kq} f_q} - a_{ki} \quad (3.14)$$

von l nach allen f_i mit $i \in \{1, \dots, N\}$ führt zu

$$\nabla l(\mathbf{f}) = \mathbf{A}^T \left(\frac{\mathbf{g}}{\mathbf{A}\mathbf{f}} - \mathbf{1} \right), \quad (3.15)$$

wobei \mathbf{A}^T wie in Abschnitt 3.3.1 erwähnt als Rückprojektionsoperator interpretiert werden kann. Weiterhin bezeichnet $\frac{\mathbf{g}}{\mathbf{A}\mathbf{f}}$ eine komponentenweise Division zwischen den zwei Vektoren. Zu beachten ist in Gleichung (3.15), dass eine Division durch Null auftreten kann. Für die weitere Herleitung wird vorerst angenommen, dass dieser Fall nicht auftritt. Gesucht ist nun

$$\mathbf{A}^T \left(\frac{\mathbf{g}}{\mathbf{A}\mathbf{f}} - \mathbf{1} \right) = 0 \quad \text{u.d.N.} \quad \mathbf{f} \geq 0. \quad (3.16)$$

Ob ein stationärer Punkt ein Maximum von l ist, wird über die Hessematrix $\mathbf{H} = \left(\frac{\partial^2 l}{\partial f_j \partial f_i} \right)$ von l geprüft. Die Einträge $\mathbf{H}_{i,j}$ mit $1 \leq i, j \leq N$ der Hessematrix

3 Rekonstruktion

sind durch

$$\begin{aligned}
 \frac{\partial^2 l}{\partial f_j \partial f_i} &= \frac{\partial^2}{\partial f_j \partial f_i} \sum_{k=1}^M [g_k \log(\mathbf{A}\mathbf{f})_k - (\mathbf{A}\mathbf{f})_k] \\
 &= \frac{\partial}{\partial f_j} \sum_{k=1}^M \frac{g_k a_{ki}}{\sum_{q=1}^N a_{kq} f_q} - a_{ki} \\
 &= \sum_{k=1}^M g_k a_{ki} \left(\frac{-a_{kj}}{\left(\sum_{q=1}^N a_{kq} f_q\right)^2} \right) \\
 &= - \sum_{k=1}^M \frac{g_k a_{ki} a_{kj}}{\left(\sum_{q=1}^N a_{kq} f_q\right)^2}
 \end{aligned}$$

gegeben. Dies kann auch geschrieben werden als

$$\mathbf{H} = \nabla^2 l(\mathbf{f}) = -\mathbf{A}^T \text{diag}\left(\frac{\mathbf{g}}{\mathbf{A}\mathbf{f}}\right) \mathbf{A}, \quad (3.17)$$

wobei $\text{diag}(\mathbf{x})$ eine Diagonalmatrix mit den Einträgen \mathbf{x} auf der Hauptdiagonalen ist. Weiter folgt

$$\mathbf{x}^T \mathbf{H} \mathbf{x} = -\|\text{diag}\left(\frac{\sqrt{\mathbf{g}}}{\sqrt{\mathbf{A}\mathbf{f}}}\right) \mathbf{A}\mathbf{x}\|_2^2 \leq 0. \quad (3.18)$$

Aus (3.18) ist ersichtlich, dass die Hessematrix negativ semi-definit ist und l in $\mathbf{f} \geq 0$ somit eine konkave Funktion darstellt. Jeder stationäre Punkt aus (3.16) ist damit ein globales Maximum von l in $\mathbf{f} \geq 0$. Zur Berechnung des Maximums wird (3.16) durch die komponentenweise Multiplikation \cdot mit \mathbf{f} zu

$$\mathbf{f} \cdot \mathbf{A}^T \left(\frac{\mathbf{g}}{\mathbf{A}\mathbf{f}} - \mathbf{1} \right) = 0 \quad (3.19)$$

erweitert. Aus der Umstellung von Gleichung (3.19) unter Berücksichtigung von Gleichung (3.9) folgt

$$\mathbf{f} = \mathbf{f} \cdot \mathbf{A}^T \frac{\mathbf{g}}{\mathbf{A}\mathbf{f}}. \quad (3.20)$$

Der EM-Algorithmus

$$\mathbf{f}^{k+1} = \mathbf{f}^k \cdot \mathbf{A}^T \frac{\mathbf{g}}{\mathbf{A}\mathbf{f}^k}, \quad k = 0, 1, 2, \dots, \quad (3.21)$$

ergibt sich nun aus der Anwendung der Fixpunktiteration auf (3.20). Dies ist die einfachste Art einer iterativen Methode zum Lösen von Gleichung (3.20), wobei die Hauptbestandteile jedes Iterationsschritts eine Projektion (\mathbf{A}) und eine

Rückprojektion (\mathbf{A}^T) sind. Die Umsetzung von (3.20) über (3.21) bietet weiterhin den Vorteil, dass die Nebenbedingung direkt eingebaut ist. Wird (3.21) mit einem $\mathbf{f}^0 \geq 0$ gestartet, gilt in jedem Iterationsschritt $\mathbf{f}^k \geq 0$. Da alle beteiligten Komponenten über Multiplikationen, bzw. Divisionen, verknüpft sind und $\mathbf{A} \geq 0$, $\mathbf{g} \geq 0$ und $\mathbf{f}^k \geq 0$ gelten, kann kein negativer Wert erreicht werden.

Aufgrund der benötigten Division ist bei der algorithmischen Umsetzung von (3.21) zu beachten, dass die Möglichkeit der Division durch Null abgefangen wird. Eine Methode, die auch in dieser Arbeit verwendet wird, ist alle Komponenten von $\mathbf{A}\mathbf{f}$ zu suchen, die Null oder kleiner als zum Beispiel 10^{-5} sind und diese auf Eins zu setzen. Weiterhin ist zu beachten, dass der EM-Algorithmus nicht mit $\mathbf{f}^0 = 0$ initialisiert werden darf. Durch die Multiplikation von \mathbf{f}^k in (3.21) wird dieses Startbild nicht verändert. In allen Rekonstruktionen dieser Arbeit wird der EM-Algorithmus mit $\mathbf{f}^0 = 1$ gestartet. Für einen weiteren theoretischen Einblick in die EM-Rekonstruktion, sowie für einen Konvergenzbeweis, ist [80] zu empfehlen.

Beispiele und Bemerkungen zur Anwendung

Nach der theoretischen Betrachtung einer Rekonstruktion unter Verwendung des EM-Algorithmus sind in Abbildung 3.8 zwei akademische Beispiele (64×64 Pixel) zu finden. Zu sehen sind das Original, die Projektionen (60 Stück) der simulierten SPECT-Aufnahme und die Rekonstruktion der Projektionen nach 20 Iterationsschritten des EM-Algorithmus. Diese Beispiele werden ebenfalls in Abschnitt 3.2.1 verwendet. Im Vergleich zur gefilterten Rückprojektion liegt der Fehler (siehe Gleichung (3.4)) zwischen Rekonstruktionen und Original aus Abbildung 3.8 nur bei 5.54% (erste Zeile) und 3.63% (zweite Zeile). Der Unterschied ergibt sich zum Beispiel durch die negativen Werte in dem Ergebnis der gefilterten Rückprojektion, die im EM-Ergebnis auf Grund der eingebauten Nebenbedingung $\mathbf{f} \geq 0$ nicht auftreten.

Wie am Kapitelanfang beschrieben, handelt es sich bei dem Rekonstruktionsproblem um ein schlecht gestelltes Problem, was eine Regularisierung notwendig macht. Jedoch beinhaltet der originäre EM-Algorithmus keinerlei Regularisierung. Dies wird allerdings erst nach vielen Iterationsschritten bemerkbar. Der Wert der Likelihood Funktion erhöht sich dabei zwar noch immer, es wird aber nur der Rauschanteil in der Rekonstruktion erhöht [51]. Ein Beispiel für diesen Effekt ist in Abbildung 3.9 zu sehen. Hierzu wird eine reale SPECT-Aufnahme des Benchmark-Jaszscak-Phantoms benutzt, bei der 120 Projektionen (128×128 Pixel) bei einer ganzen Umdrehung um das Phantom gemessen werden. Zur besseren Darstellung wird nur eine Schicht aus dem rekonstruierten Bild ($128 \times 128 \times 128$ Voxel) nach unterschiedlich vielen Iterationsschritten gezeigt.

In diesem Fall erhält man nach 30 Schritten ein gutes Ergebnis, die 6 Kugeln

3 Rekonstruktion

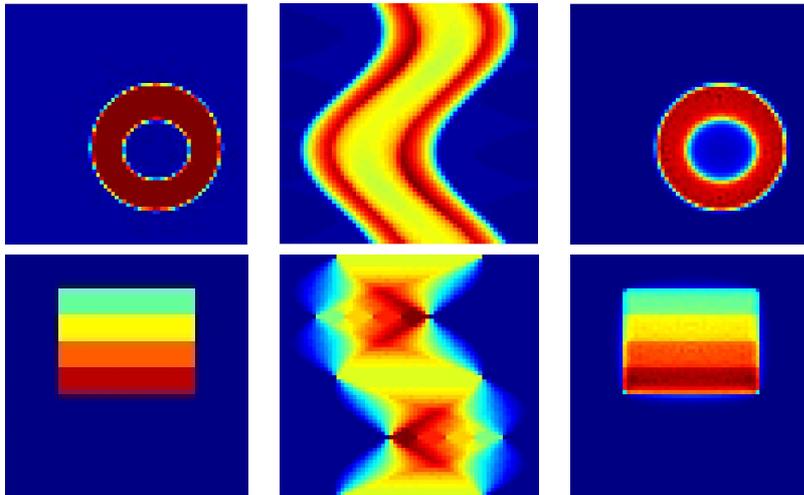


Abbildung 3.8: Zwei Beispiele für die Rekonstruktion mit dem EM-Algorithmus. Links ist ein akademisches Phantom, in der Mitte die simulierte SPECT-Aufnahme (pro Zeile eine Projektion) und rechts die Rekonstruktion nach 20 Iterationen des EM-Algorithmus zu sehen.

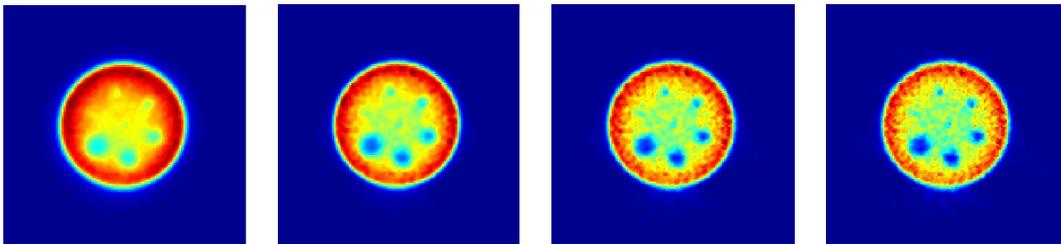


Abbildung 3.9: Auswirkung der Anzahl der Iterationsschritte im EM-Algorithmus auf den Rauschanteil im Bild. Von links nach rechts sind die Rekonstruktionsergebnisse nach 10, 30, 100 und 200 Iterationen zu sehen.

des Phantoms sind klar zu erkennen. Werden zu wenige Schritte gemacht, ist das Objekt unscharf und bei zu vielen Schritten erhöht sich der Rauschanteil.

Es gibt mehrere Möglichkeiten, dieses Problem zu lösen. Eine Variante ist es, viele Iterationsschritte zu machen und das Rekonstruktionsergebnis anschließend zu glätten. Eine andere Möglichkeit ist, den Algorithmus über ein Abbruchkriterium zu stoppen, bevor das Signal-Rausch-Verhältnis beginnt schlechter zu werden [49, 69, 103]. Von diesen beiden Methoden wird meistens die Glättung der Rekonstruktion gewählt, da hierbei die Methode zur Glättung ohne erneute Rekonstruktion verändert werden kann. Weiterhin ist eine Glättung der Projektionen vor der Rekonstruktion möglich, was auch in dieser Arbeit verwendet wird. Bei diesem

Vorgehen ist es möglich, die Glättung der Projektionen in das Aufnahme­modell zu integrieren, was eine Rauschminderung bei gleichzeitiger Erhaltung der Kantenschärfe erlaubt. Eine weitere Variante ist die EM-Rekonstruktion mit Regularisierung. Hierbei wird der originäre Algorithmus durch einen Regularisierungsterm erweitert. Weitere Informationen zur Regularisierung im EM-Algorithmus sind in [56, 58, 83, 87, 88] zu finden.

3.3.3 Ordered Subsets Expectation Maximization

Die Berechnung einer Rekonstruktion mit dem EM-Algorithmus ist auf Grund der hohen Anzahl an Iterationsschritten sehr zeitaufwändig. Zur Lösung dieses Problems wurden verschiedene Ansätze entwickelt. Im Folgenden wird der aus meiner Sicht prominenteste Ansatz, der *Ordered Subset Expectation Maximization* (OSEM) Algorithmus [50] vorgestellt. Hierbei ermöglicht die Aufteilung der gemessenen Projektionen in mehrere Abschnitte, Projektionsabschnitte genannt, eine Verkürzung der Rekonstruktionsdauer. Also wird die SPECT-Aufnahme \mathbf{g} , bestehend aus q Projektionen, in K Abschnitte unterteilt. Die Abschnitte werden bezeichnet als \mathbf{g}_i mit $i = 1, \dots, K$. Jede der q Projektionen ist dabei genau einem Abschnitt zugeordnet. Ebenso wird die Projektionsmatrix \mathbf{A} passend zu den Projektionsabschnitten in Matrizen \mathbf{A}_i unterteilt. \mathbf{A}_i besteht aus allen Zeilen der Matrix \mathbf{A} , die alle Projektionen von \mathbf{f} aus den entsprechenden Aufnahmewinkeln erzeugen, die in \mathbf{g}_i gesammelt sind. Ein Beispiel für die Aufteilung in 3 Abschnitte von \mathbf{A} und \mathbf{g} von einem 7×7 Bild, von dem 5 Projektionen (je 7×1 Pixel) gemessen werden, ist in Abbildung 3.10 zu sehen.

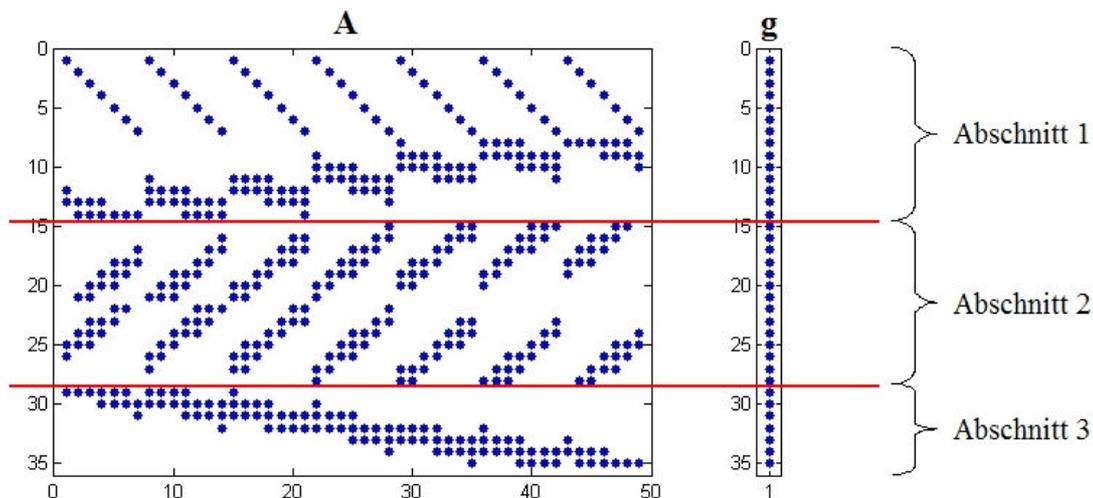


Abbildung 3.10: Eine Möglichkeit zur Unterteilung von \mathbf{A} und \mathbf{g} in 3 Projektionsabschnitte.

3 Rekonstruktion

Nach der Aufteilung werden nacheinander für alle K Abschnitte jeweils \mathbf{g}_i und \mathbf{A}_i benutzt, um das aktuelle rekonstruierte Bild \mathbf{f} aufzudatieren. Der erste Schritt ist, über \mathbf{A}_i eine Projektion von der aktuellen Rekonstruktion zu gewinnen. Anschließend wird \mathbf{g}_i durch diese Projektion dividiert, wobei wieder auf die Vermeidung einer Division durch Null zu achten ist. Dieses Ergebnis wird nach einer Rückprojektion mit \mathbf{A}_i^T unter Verwendung der Spaltensumme von \mathbf{A}_i normiert. Anschließend wird die normierte Rückprojektion zum Aufdatieren der Rekonstruktion benutzt. Zusammengefasst kann der OSEM-Algorithmus beschrieben werden durch:

1. $m = 0$, setze $\hat{\mathbf{f}}^m = \mathbf{1}$
2. Wiederhole, bis die vorgegebene Iterationszahl erreicht ist
 - $\mathbf{f}_1 = \hat{\mathbf{f}}^m, m = m + 1$
 - Für alle Projektionsabschnitte $i = 1, \dots, K$
 - Projektion $\mu_i = \mathbf{A}_i \mathbf{f}_i$
 - Rückprojektion $\mu_i = \mathbf{A}_i^T \left(\frac{\mathbf{g}_i}{\mu_i} \right)$
 - Normierung $\mu_i = \frac{\mu_i}{\mathbf{A}_i^T \mathbf{1}}$
 - Update $\mathbf{f}_{i+1} = \mathbf{f}_i \cdot \mu_i$
 - $\hat{\mathbf{f}}^m = \mathbf{f}_{K+1}$

Durch dieses Vorgehen ist eine Iteration des OSEM-Algorithmus vergleichbar mit K Iterationen im EM-Algorithmus [50]. Der Faktor, um den die Anzahl der Iterationsschritte verringert wird, entspricht also in etwa der Eins geteilt durch die Anzahl der Projektionsabschnitte. Dabei ist der Aufwand eines Schrittes OSEM bis auf die Normierung und die K Update-Schritte vergleichbar mit einem Schritt EM. Sowohl beim EM, als auch beim OSEM, werden pro Iteration je Aufnahmewinkel eine Projektion und eine Rückprojektion berechnet. Der Beschleunigungsfaktor durch den OSEM-Algorithmus zum EM-Algorithmus entspricht somit in etwa der Anzahl der Projektionsabschnitte [50]. Dabei ist die Aufteilung der Projektionen auf die verschiedenen Abschnitte wichtig. Eine Faustregel hierzu ist, dass jeder Abschnitt gleich viele Projektionen enthalten sollte. Weiterhin sollten die Projektionen in einem Abschnitt möglichst viele verschiedene Informationen über das Aufnahmegebiet beinhalten (möglichst weit auseinanderliegende Aufnahmewinkel, siehe Beispiel aus Abbildung 3.11). Daher sollte $K = q$ nicht gewählt werden. In der Regel sollten 3 bis 4 Projektionen in einem Abschnitt zusammengefasst werden. Genauere Informationen zur geschickten Wahl der Projektionsabschnitte sind in [75] zu finden. Für einen Konvergenzbeweis des OSEM-Ansatzes siehe [50].

Beispiele und Bemerkungen zur Anwendung

Zur Demonstration des OSEM-Algorithmus werden wieder die Beispiele (64×64 Pixel) aus Abbildung 3.8 verwendet. Die 60 Projektionen der simulierten SPECT-Aufnahme werden in 10 Abschnitte mit je 6 Projektionen unterteilt. Dabei befinden sich im i -ten Abschnitt die Projektionen $\{i, i + 10, \dots, i + 50\}$. Somit werden im Vergleich mit dem EM-Algorithmus mit 20 Schritten nur 10% der Iterationsschritte benötigt. Die akademischen Beispiele, die simulierte SPECT-Aufnahme und die OSEM-Rekonstruktion nach 2 Iterationsschritten sind in Abbildung 3.11 zu sehen.

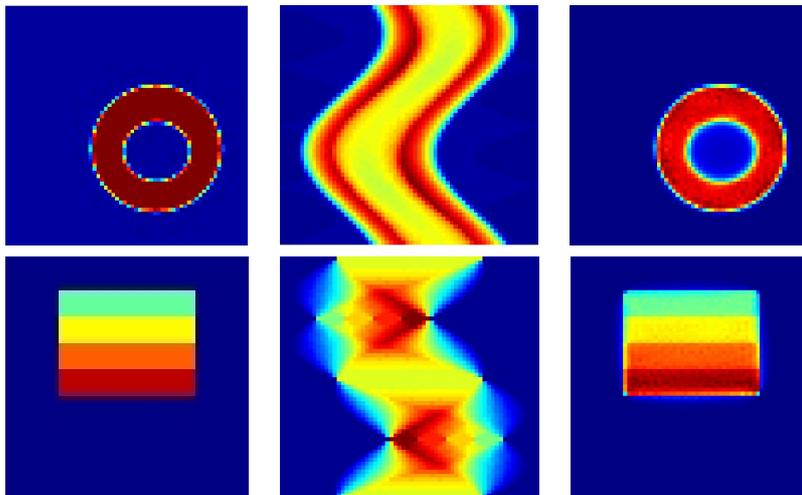


Abbildung 3.11: Zwei Beispiele für die Rekonstruktion mit dem OSEM-Algorithmus. Links ist ein akademisches Phantom, in der Mitte die simulierte SPECT-Aufnahme (pro Zeile eine Projektion) und rechts die Rekonstruktion nach 2 Iterationen des EM-Algorithmus zu sehen.

Trotz der wenigen Iterationsschritte entspricht die Qualität der Rekonstruktion den EM-Ergebnissen aus Abbildung 3.8. Dies wird an dem Fehler, berechnet mit (3.4), von 5.42% für das erste und von 3.40% für das zweite Beispiel deutlich. Allerdings treten die bekannten Probleme des EM-Algorithmus auch im OSEM-Algorithmus auf. Es bleibt das Problem bestehen, dass keine Regularisierung berücksichtigt wird. Ebenso muss eine mögliche Division durch Null abgefangen werden.

3.3.4 Minimierung der Euklidischen Norm

Als letzte Methode wird hier die Lösung des Rekonstruktionsproblems über eine Minimierung der Euklidischen Norm zwischen der Vorwärts-Projektion des Bildes \mathbf{f} und den Daten \mathbf{g} betrachtet [17, 67]. Dies führt unter Verwendung der

3 Rekonstruktion

Bedingung, dass \mathbf{f} nur positive Werte beinhaltet, zu dem Optimierungsproblem mit Nebenbedingung

$$\mathbf{J}(\mathbf{f}) = \frac{\hat{\mathbf{h}}^g}{2} \|\mathbf{A}\mathbf{f} - \mathbf{g}\|_2^2 \rightarrow \min, \quad \text{u.d.N. } \mathbf{f} \geq 0. \quad (3.22)$$

Dabei ist $\hat{\mathbf{h}}^g = h_x^g \cdot h_y^g$ die Fläche eines Pixels der Diskretisierung des Detektors. Im Vergleich zur EM-Methode ist (3.22) nur eine andere Objekt- oder Distanzfunktion zur Messung, wie gut \mathbf{f} die Daten \mathbf{g} beschreibt. Der Vorteil dieser Methode besteht darin, dass zur Minimierung von (3.22) alle bekannten Vorgehensweisen und Methoden der numerischen Optimierung [82] in naheliegender Weise benutzt werden können, während EM über eine Fixpunktiteration umgesetzt wird. Die Aufgabenstellung in (3.22) ist, wie am Kapitelanfang beschrieben, ein schlecht gestelltes Problem, wodurch eine Regularisierung notwendig wird [98, 105]. Dies führt zur Bestimmung eines Minimums von

$$\mathbf{J}(\mathbf{f}) = \frac{1}{2} \|\mathbf{A}\mathbf{f} - \mathbf{g}\|_2^2 + \alpha R(\mathbf{f}) \rightarrow \min, \quad \text{u.d.N. } \mathbf{f} \geq 0, \quad (3.23)$$

wobei $\alpha \in \mathbb{R}^+$ ein Steuerungsparameter für den Einfluss des Regularisierers $R: \mathbb{R}^N \rightarrow \mathbb{R}$ ist. Die tatsächliche Wahl des Regularisierers hängt nun von den gewünschten Eigenschaften des Bildes ab. Ein kurzer Überblick und Literaturangaben zu verschiedenen Möglichkeiten sind in [97] zu finden. Eine Variante ist die Forderung nach der Erhaltung der Kanten im Bild, die eine bestimmte Kantenhöhe überschreiten. Dies ist zum Beispiel durch den häufig benutzten *Total Variation* (TV) Regularisierer möglich [3, 104, 106]. Eine andere Möglichkeit, die hier benutzt wird, ist die Wahl von

$$R(f) = \frac{\hat{\mathbf{h}}^f}{2} \sum_{k=1}^d \|\mathbf{B}_k \mathbf{f}\|_2^2 \quad (3.24)$$

mit d als Dimension des Bildes (typischerweise 2 oder 3), dem Volumen $\hat{\mathbf{h}}^f = h_x^f \cdot h_y^f \cdot h_z^f$ eines Voxels der Diskretisierung des Aufnahmebereichs und einer Matrix \mathbf{B}_k , die die erste Ableitung in die k -te Bildrichtung über Finite Differenzen approximiert.

Exemplarisch wird hier der Aufbau der Matrix $\mathbf{B}_1 \in \mathbb{R}^{N,N}$ beschrieben, die der Approximation der ersten Ableitung in x-Richtung (siehe Abbildung 3.3) entspricht. Die Ableitung für den l -ten Voxel in \mathbf{f} bzw. den Voxel mit Index (a, b, c) in f (siehe Abschnitt 3.3.1) wird in der l -ten Zeile der Matrix realisiert. Beteiligt daran sind Voxel l (Index (a, b, c)) und Voxel \hat{l} (Index $(a+1, b, c)$), was durch die Einträge -1 in der l -ten Spalte und 1 in der \hat{l} -ten umgesetzt wird. Tritt der Fall $a+1 > n_x$ auf, fällt der zweite Eintrag weg, was der Annahme entspricht, dass der Bereich außerhalb von Ω_f den Wert 0 besitzt. Alle anderen Einträge der Zeile

sind 0. Die Struktur der nicht Nulleinträge von \mathbf{B}_1 und \mathbf{B}_2 für ein 5×5 Bild, dargestellt durch den Matlab-Befehl `spy`, ist in Abbildung 3.12 zu sehen.

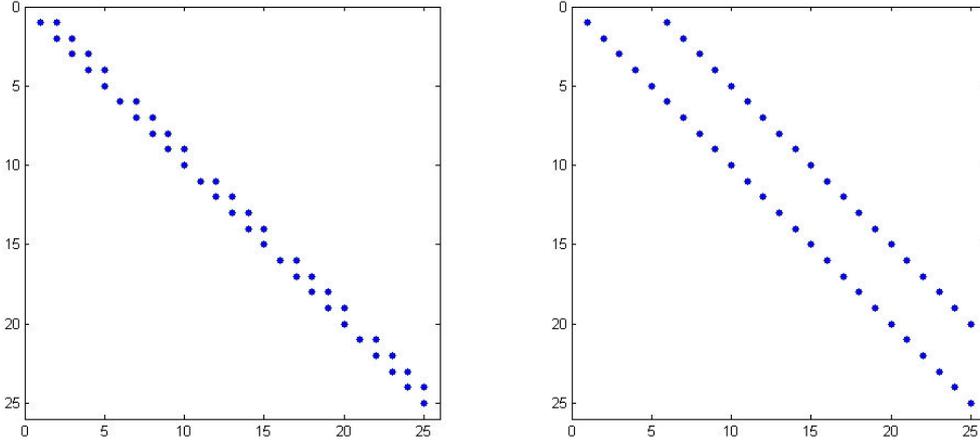


Abbildung 3.12: Struktur der nicht Nulleinträge in der Matrix \mathbf{B}_1 (links) und \mathbf{B}_2 (rechts) für ein Bild der Größe 5×5 Voxel.

Die Verwendung von (3.24) führt zu glatten Bildern und bestraft große Änderungen im Gradienten des Bildes. Dadurch wird Rauschen im Bild beseitigt, doch führt dieser Regularisierer auch zu einer Verschmierung von Kanten im Bild. Der Einfluss von (3.24) in (3.23) hängt von α ab. Je nach Rauschanteil in den Daten wird ein hoher oder niedriger Wert für α gewählt. Abbildung 3.13 demonstriert die Auswirkung verschiedener Werte für $\alpha \in \{10^{-5}, 10^{-4}, 10^{-3}, 10^{-2}, 10^{-1}, 10^0\}$ anhand der Aufnahme eines mit Rauschen gestörten akademischen Beispiels. Die ursprünglichen Werte von 0 bis 255 im Bild werden durch eine Zufallszahl zwischen -20 und 20 verändert, wobei negative Werte anschließend wieder auf 0 gesetzt werden.

Unter Verwendung des Regularisierers (3.24) und der Vereinfachung $\hat{\mathbf{h}}^f = \hat{\mathbf{h}}^g = 1$ ist die Rekonstruktion der Aktivitätsverteilung \mathbf{f} als Lösung von

$$\mathbf{J}(\mathbf{f}) = \frac{1}{2} \|\mathbf{A}\mathbf{f} - \mathbf{g}\|_2^2 + \frac{\alpha}{2} \sum_{k=1}^d \|\mathbf{B}_k \mathbf{f}\|_2^2 \rightarrow \min, \quad \text{u.d.N. } \mathbf{f} \geq 0, \quad (3.25)$$

gesucht. Zur Bestimmung eines Minimums von (3.25) gibt es viele Herangehensweisen [7, 82]. Hier wird der Weg nach [47, 78] gewählt, wobei zuerst durch eine Substitution die Nebenbedingung aufgelöst wird. Hierzu wird jede Komponente f_i durch e^{z_i} ersetzt, was über

$$\mathbf{f} = e^{\mathbf{z}} \quad (3.26)$$

3 Rekonstruktion

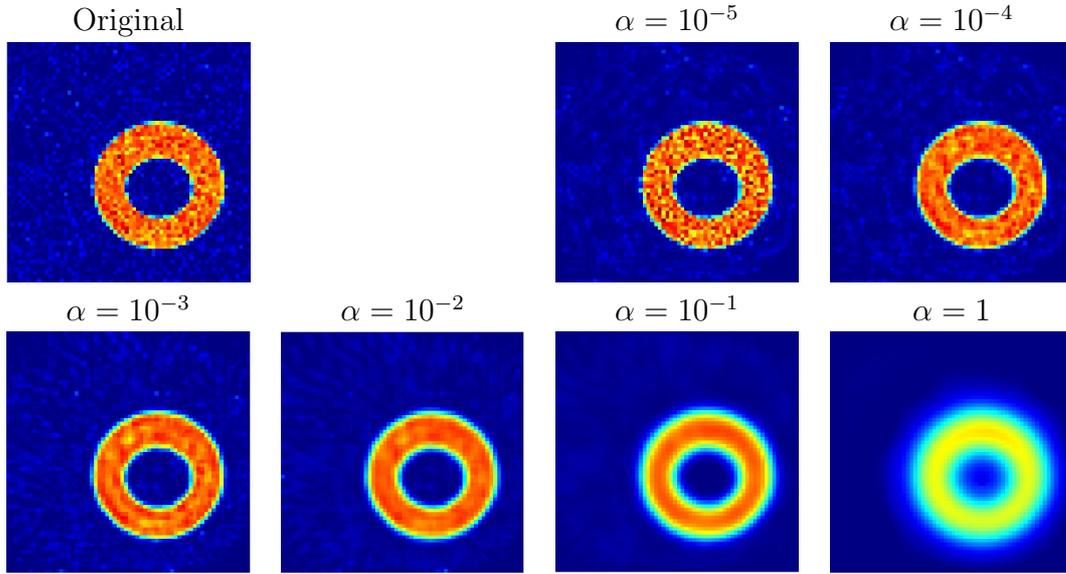


Abbildung 3.13: Auswirkung des unterschiedlichen Einflusses der Regularisierung in der Rekonstruktion einer SPECT-Aufnahme eines akademischen Beispiels.

beschrieben wird. Durch die Substitution ist das Optimierungsproblem

$$\mathbf{J}(\mathbf{z}) = \frac{1}{2} \|\mathbf{A}e^{\mathbf{z}} - \mathbf{g}\|_2^2 + \frac{\alpha}{2} \sum_{k=1}^d \|\mathbf{B}_k e^{\mathbf{z}}\|_2^2 \rightarrow \min \quad (3.27)$$

ohne Nebenbedingung entstanden. Dabei ist zu beachten, dass für alle \mathbf{z} die Beziehung $e^{\mathbf{z}} > 0$ gilt, wodurch der Fall $\mathbf{f} = 0$ nicht abgedeckt ist. In der Praxis ist dies nicht hinderlich, da für große negative Werte von \mathbf{z} Werte nahe der Null angenommen werden. Ein Minimum von (3.27) kann nun zum Beispiel mit einem Newton-Verfahren [82] bestimmt werden. Hierzu wird von (3.27) die erste Ableitung

$$\nabla \mathbf{J}(\mathbf{z}) = \text{diag}(e^{\mathbf{z}}) \mathbf{A}^T (\mathbf{A}e^{\mathbf{z}} - \mathbf{g}) + \alpha \sum_{k=1}^d \text{diag}(e^{\mathbf{z}}) \mathbf{B}_k^T \mathbf{B}_k e^{\mathbf{z}} \quad (3.28)$$

und die zweite Ableitung

$$\nabla^2 \mathbf{J}(\mathbf{z}) = \text{diag}(e^{\mathbf{z}}) \mathbf{A}^T \mathbf{A} \text{diag}(e^{\mathbf{z}}) + \alpha \sum_{k=1}^d \text{diag}(e^{\mathbf{z}}) \mathbf{B}_k^T \mathbf{B}_k \text{diag}(e^{\mathbf{z}}) \quad (3.29)$$

nach \mathbf{z} benötigt. Somit kann nun iterativ ein Minimum bestimmt werden über

1. Initialisiere $\mathbf{z} = 0$

2. Bestimme ein Update \mathbf{z}_u durch Lösen von $\nabla^2 \mathbf{J} \mathbf{z}_u = -\nabla \mathbf{J}$
3. Bestimme eine Schrittweite λ mit $\mathbf{J}(\mathbf{z} + \lambda \mathbf{z}_u) < \mathbf{J}(\mathbf{z})$
4. Update $\mathbf{z} = \mathbf{z} + \lambda \mathbf{z}_u$
5. Wenn kein Abbruchkriterium erfüllt ist, gehe zu 2.

Beispiele und Bemerkungen zur Anwendung

Zur Demonstration des Algorithmus werden wieder die Beispiele (64×64 Pixel) aus Abbildung 3.8 verwendet. Die Ergebnisse sind in Abbildung 3.14 zu sehen. Die Minimierung von (3.27) wird dabei über ein Newton Schema mit Line-search (Goldstein-Bedingungen [82]) umgesetzt. Zusätzlich wird ein Multi-Level-Verfahren (siehe Abschnitt 6.2) angewendet. In diesem Fall wird eine Unterteilung in 4 Levels mit $\{30, 20, 6, 2\}$ Iterationsschritten vom größten zum feinsten Level gewählt. Der Regularisierungsparameter α wird auf 0.01 gesetzt. Die Festlegung der Anzahl der Iterationen und von α erfolgt aus Erfahrungswerten. Eine ausführliche Vorgehensweise wird in Abschnitt 6.2 beschrieben, wo eine verwandte Problemstellung betrachtet wird.

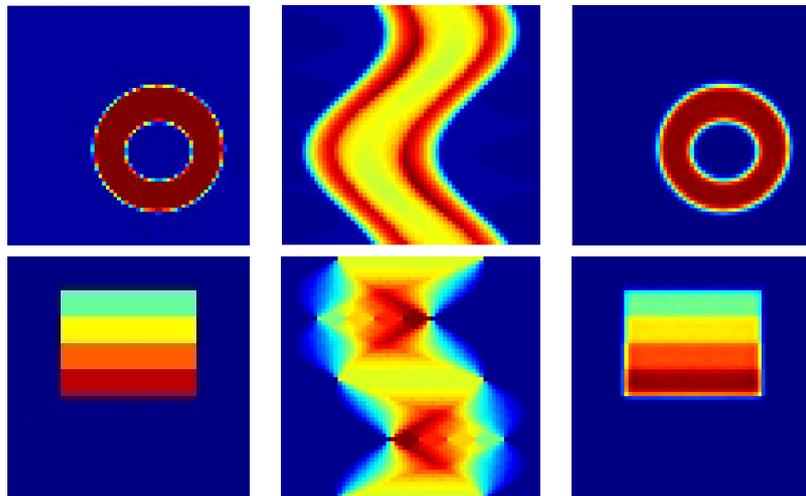


Abbildung 3.14: Zwei Beispiele für die Rekonstruktion über (3.27). Links ist ein akademisches Phantom, in der Mitte die simulierte SPECT-Aufnahme (pro Zeile eine Projektion) und rechts die Rekonstruktion gezeigt.

Die Qualität der Rekonstruktion entspricht den EM- und OSEM-Ergebnissen aus Abbildung 3.8 bzw. 3.11. Der Fehler (3.4) zwischen Rekonstruktion und Original aus Abbildung 3.14 beträgt 5.03% (erste Zeile) und 3.69% (zweite Zeile). Im Gegensatz zum EM-Algorithmus treten keine Probleme mit möglichen Divisionen

3 Rekonstruktion

durch Null auf. Zudem beinhaltet dieser Algorithmus im Vergleich zur originären (OS)EM-Rekonstruktion eine Regularisierung. Allerdings ist die hier beschriebene Vorgehensweise rechenaufwändiger als der (OS)EM-Algorithmus. \mathbf{f} wird nicht direkt in jedem Schritt aufdatiert, sondern es muss ein Gleichungssystem gelöst werden. Die beteiligte Matrix beinhaltet dabei viele von Null verschiedene Einträge und ist sehr groß (auf dem feinsten Level: (Anzahl der Bildelemente) \times (Anzahl der Projektionen mal Anzahl der Pixel pro Projektion)). Im Falle eines 2D-Bildes mit 128×128 Pixel und 60 Projektionen à 128 Pixel besteht die Matrix aus 7.680 Zeilen und 16.384 Spalten. 2.001.001 Einträge der Matrix sind dabei nicht Null. Somit ist diese Rekonstruktionsmethode langsamer als die EM- oder OSEM-Methode. Sie bietet aber ein größeres Potential in Bezug auf die Erweiterung durch eine Bewegungskorrektur, was in Kapitel 6 ausgenutzt wird.

3.4 Bemerkung

Zum Abschluss der Betrachtung der ausgewählten Rekonstruktionsmethoden wird noch einmal ein Vergleich zwischen der analytischen Methode und den iterativen Methoden vorgestellt. Der Vorteil der gefilterten Rückprojektion ist dabei ihre schnelle und effiziente Umsetzbarkeit über die FFT. Die iterativen Methoden sind zwar deutlich langsamer, ermöglichen aber eine flexible Wahl des Aufnahmемодells. Zum Beispiel ist in allen drei vorgestellten iterativen Verfahren die Nebenbedingung $\mathbf{f} \geq 0$ eingebaut, die in der gefilterten Rückprojektion nicht vorhanden ist. Dies macht sich sofort in der Qualität der Rekonstruktion bemerkbar. Die Fehlerwerte der Rekonstruktionstests aller vorgestellten Verfahren, die in Tabelle 3.1 gegenübergestellt sind, sprechen eine deutliche Sprache.

Methode	Beispiel 1	Beispiel 2
gef. Rückprojektion	13.70	11.29
EM	5.54	3.63
OSEM	5.42	3.40
2-Norm	5.03	3.69

Tabelle 3.1: Übersicht über die Fehlerwerte in Prozent der Rekonstruktionstests für alle Verfahren.

Während die iterativen Verfahren bei ca. 5% bzw. 3.5% liegen, ist der Rekonstruktionsfehler der gefilterten Rückprojektion um ca. 8% höher. Dieser Unterschied in der Rekonstruktion, bedingt durch die flexibleren Modellierungsmöglichkeiten, führt zur Entscheidung, in dieser Arbeit nur iterative Rekonstruktionsmethoden zu verwenden. Erst diese Modellierungsmöglichkeiten erlauben die in Kapitel 6 vorgestellten Methoden.

4 Bekannte Bewegungskorrekturmethoden

Unabhängig vom eingesetzten Rekonstruktionsverfahren führt eine Patientenbewegung während einer SPECT-Aufnahme zu einer Verminderung der Qualität des rekonstruierten Bildes (siehe Abschnitt 2.2). Die Korrektur von Patientenbewegungen ist daher ein wichtiger Faktor zur Verbesserung der Patientenversorgung, da eine Rekonstruktion ohne Bewegungsartefakte einem Arzt genauere Informationen zur Verfügung stellt, wodurch weitere Untersuchungen vermieden werden können.

4.1 Überblick

Die durch Bewegungsartefakte entstehenden Probleme wurden früh erkannt und durch viele verschiedene Methoden angegangen. Unabhängig von dem Erfolg oder der Genauigkeit einer bestimmten Methode werden bis heute hauptsächlich Drehbewegung und Verschiebung des Patienten korrigiert. Im Folgenden wird eine Übersicht über die bekannten Methoden gegeben. Für eine bessere Übersichtlichkeit wird zwischen zwei Verfahrensmodellen unterschieden: Hardware-Verfahren und Software-Verfahren. Der Schwerpunkt dieser Arbeit liegt bei den Software-Verfahren.

Bekannte Hardware-Verfahren sind der *Triple Scan Approach* [53, 86] und der *Dual Scan Approach* [85]. Bei beiden handelt es sich um eine Veränderung des Aufnahmeprotokolls der SPECT-Aufnahme, die zusätzliche Informationen für eine Bewegungskorrektur generiert. Beim Triple Scan Approach wird die Aufnahmezeit pro Projektion des Standardprotokolls gedrittelt, und es werden dafür drei Aufnahmen hintereinander durchgeführt. Anschließend werden die Projektionen der drei Aufnahmen verglichen und so eine bewegungsfreie Aufnahme gewonnen. Allerdings kann es bei diesem Verfahren auftreten, dass beim Zusammenführen der drei Aufnahmen nicht alle Projektionen verwendet werden können, was die Bildqualität der Rekonstruktion verschlechtert. Bei dem Dual Scan Approach werden zwei Aufnahmen gemessen. Für die erste Aufnahme wird ein Zehntel der Aufnahmezeit des Standardprotokolls pro Projektion verwendet, die restliche Zeit entfällt auf die zweite Aufnahme. Anschließend wird die zweite Aufnahme mit der ersten verglichen und an diese angepasst. Dabei wird angenommen, dass sich

4 Bekannte Bewegungskorrekturmethode

ein Patient während der ersten kurzen Aufnahme nicht bewegt hat. Allerdings können nicht alle Bewegungen, zum Beispiel Drehbewegungen, korrigiert werden. Weitere Möglichkeiten, das Aufnahmeprotokoll zur Bewegungskorrektur zu ändern, sind in [16] beschrieben. Weiterhin gibt es Möglichkeiten durch Anpassung der Patientenliege den Liegekomfort des Patienten zu steigern, so dass eine ruhigere Lage und damit weniger Bewegung zu erwarten sind. Den gleichen Effekt soll eine Fixierung des Patienten bringen, zum Beispiel bei Aufnahmen des Kopfes. Ebenso können Geräte zur Messung der Atmung oder des Herzschlages benutzt werden. Durch die Informationen einer Atemtriggerung ist eine Aufteilung jeder einzelnen Projektion einer Aufnahme der Lunge in verschiedene Atemzustände (eingatmet, ausgeatmet) möglich. Diese können dann ohne Einfluss der Atembewegung separat rekonstruiert werden. Ähnliche Vorgehensweisen werden auch bei Herzaufnahmen verfolgt [35, 45]. Mit Hilfe eines EKG-Geräts wird die Herzbewegung in 8 oder 16 Phasen unterteilt, was zum Beispiel zur Untersuchung des Pumpvolumens verwendet wird. Auch können nach der Rekonstruktion die unterschiedlichen Phasen aufeinander registriert und zu einem Bild zusammengefasst [101] werden. Eine weitere Möglichkeit ist die Anbringung von externen Markern am Patienten. Dazu können radioaktive Marker eingesetzt werden, die nach der Aufnahme in den Projektionen als Referenzpunkte verwendet werden können. Allerdings bedeuten diese Marker eine zusätzliche Strahlenbelastung für den Patienten. Es können auch nicht radioaktive Marker verwendet werden. Diese werden dann während der Aufnahme durch Kamera- oder Trackingsysteme überwacht, so dass Bewegungen des Patienten erkannt und bestimmt werden können. Diese Informationen können danach direkt zur Positionskorrektur während der Aufnahme benutzt [6, 18, 71] oder in der Rekonstruktion verwendet [36, 63, 64, 94] werden.

Die zweite große Kategorie, die Software-Verfahren, arbeiten nur mit den aufgenommenen Daten ohne zusätzliche Geräte. Über Korrelationsfilter zwischen zwei aufeinander folgenden Projektionen und einer Schätzung der Bewegung der Projektionsgeometrie findet eine Korrektur der Projektionen zueinander statt [22, 30]. Diese Methoden sind in der Lage, Translationen zu korrigieren. Dazu wird für jede 2D-Projektion ein Translationsparameter $\mathbf{w} = (w_1, w_2) \in \mathbb{R}^2$ berechnet, so dass die Aktivität in der transformierten Projektion an Position $\hat{\mathbf{x}}$ beschrieben wird über

$$\hat{\mathbf{x}} = \mathbf{x} + \mathbf{w},$$

wobei \mathbf{x} die Position in der Originalprojektion ist. Entsprechend der gewählten Diskretisierung mit Pixelgröße \mathbf{h}^g (siehe Abschnitt 3.3.1) kann eine *pixelgenaue* Translation bestimmt werden, so dass $w_1 = i \cdot h_x^g$ und $w_2 = j \cdot h_y^g$ mit $i, j \in \mathbb{Z}$ gilt. Verfeinerte Ansätze, zum Beispiel für Herzaufnahmen, bestimmen das Herzzentrum und dessen Abstand zum Sensormittelpunkt, wodurch eine Schätzung der

Projektionsgeometriebewegung erreicht werden kann. Dies führt zu einer *subpixelgenauen* Korrektur von Translationen [42], wobei für die Translationsparameter $w_1 = i \cdot h_x^g$ und $w_2 = j \cdot h_y^g$ mit $i, j \in \mathbb{R}$ gilt. Um den Einfluss der Projektionsgeometrie nicht berücksichtigen zu müssen, ermitteln andere Ansätze einen Referenzdatensatz, anhand dessen eine Bewegungskorrektur approximiert werden kann. Dies geschieht zum Beispiel über eine Vorwärts-Projektion [4, 65]. Anschließend werden jeweils die Projektionen aus demselben Aufnahmewinkel verglichen, was eine subpixelgenaue Korrektur von Translationen erlaubt. Eine weitere Möglichkeit stellt eine direkte Bewegungskorrektur auf dem Bild während der Rekonstruktion dar [10, 39, 40, 52, 61, 62, 93]. Hierzu wird eine partielle Rekonstruktion aus Projektionen gewonnen, die zur gleichen Patientenposition gehören. Anschließend werden die restlichen Projektionen der partiellen Rekonstruktion angepasst. Zwei der Software-Verfahren, das eine korrigiert auf den Projektionen, das andere auf dem Bild, werden in den nächsten zwei Abschnitten vorgestellt.

4.2 Vorwärts-Projektion

Die Methode der Vorwärts-Projektion [4, 65] arbeitet ausschließlich auf den Projektionen. Sie ermöglicht eine subpixelgenaue Korrektur von Translationen. Andere Bewegungen, zum Beispiel eine Rotation, sind durch den Verlust der Tiefeninformationen bei der Aufnahme nicht korrigierbar. Die Idee hinter diesem Ansatz ist, dass bei der Rekonstruktion der bewegungsgestörten Projektionen ein fehlerbehaftetes Bild entsteht, dessen simulierte SPECT-Aufnahme, auch Vorwärts-Projektion genannt, die Bewegungen über alle Projektionen verschmiert. Haben während der Aufnahme keine Bewegungen stattgefunden, sind diese Projektionen identisch. Dadurch können Bewegungsstörungen durch einen Vergleich der Projektionen, zum Beispiel mit der Kreuzkorrelation [65], ermittelt werden. Mit den berechneten Translationsparametern werden die gemessenen Projektionen anschließend korrigiert. Der Ablauf einer Korrektur über die Vorwärts-Projektion lässt sich in vier Schritten zusammenfassen:

1. Berechne Rekonstruktion der gemessenen Projektionen
2. Berechne Vorwärts-Projektion der Rekonstruktion
3. Abgleich der berechneten und realen Projektionen
4. Korrektur der realen Projektionen, gehe zu 1

Ein Schema des Programmablaufs ist in Abbildung 4.1 zu sehen.

Dieser iterative Prozess wird bis zu einer vorgegebenen Genauigkeit durchgeführt, zum Beispiel bis die berechneten Translationsparameter in der letzten Iteration um weniger als $\frac{h^g}{10}$ verändert werden. Im Folgenden werden die einzelnen Punkte des Algorithmus näher erläutert.

4 Bekannte Bewegungskorrekturmethoden

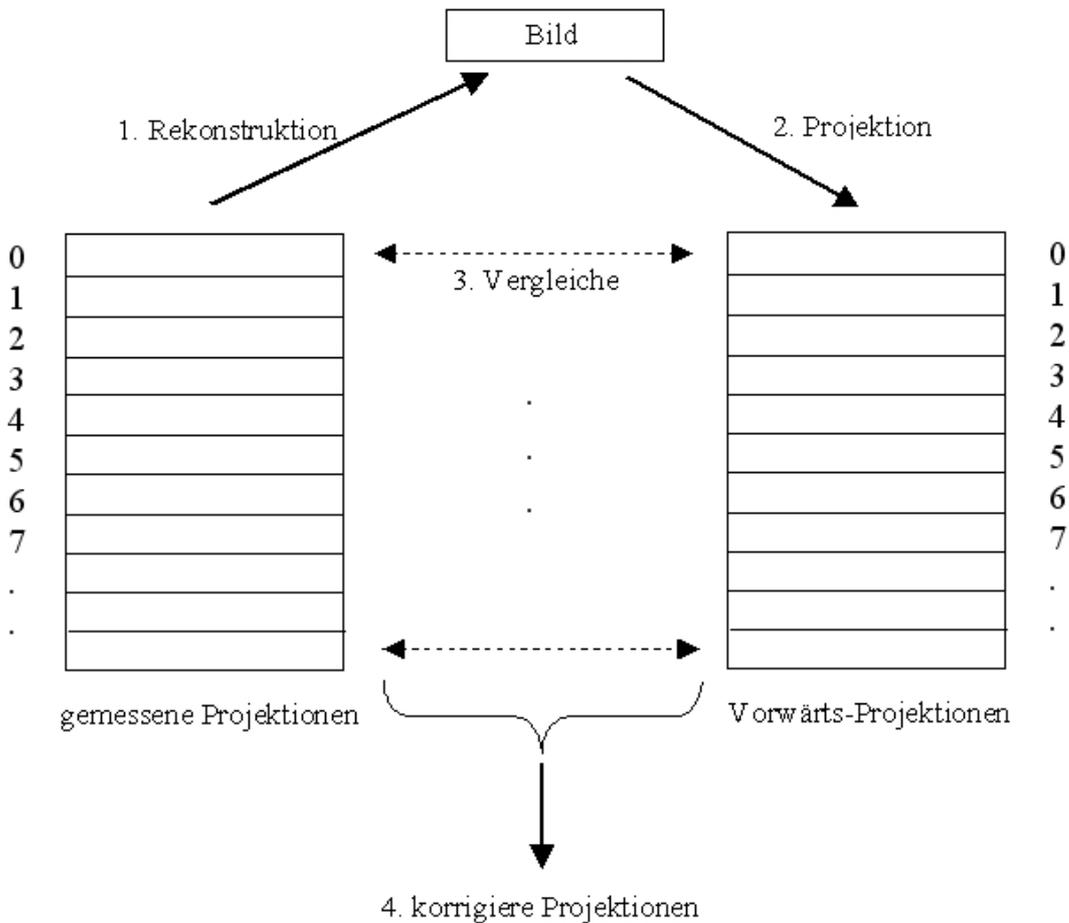


Abbildung 4.1: Ablaufplan einer Korrektur durch die Methode der Vorwärts-Projektion.

4.2.1 Rekonstruktion und Vorwärts-Projektion

Als Erstes wird eine Rekonstruktion \mathbf{f} der gemessenen Projektionsdaten \mathbf{g} mit einer iterativen Rekonstruktionsmethode durchgeführt (Schritt 1 des Programmablaufs). Hierzu wird zum Beispiel der EM-Algorithmus verwendet (siehe Abschnitt 3.3.2). Die gefilterte Rückprojektion kann nicht zur Rekonstruktion angewendet werden (siehe Abschnitt 3.2.1). Nach der Rekonstruktion wird eine Vorwärts-Projektion (Schritt 2 des Programmablaufs) von \mathbf{f} über \mathbf{Af} simuliert (siehe Abschnitt 3.3.1). Abbildung 4.2 zeigt die Rekonstruktion und Vorwärts-Projektion eines akademischen Beispiels für eine bewegungsfreie und eine bewegungsgestörte Aufnahme. Es ist zu sehen, dass sich im bewegungsgestörten Fall die gemessenen Projektionen von den Vorwärts-Projektionen unterscheiden.

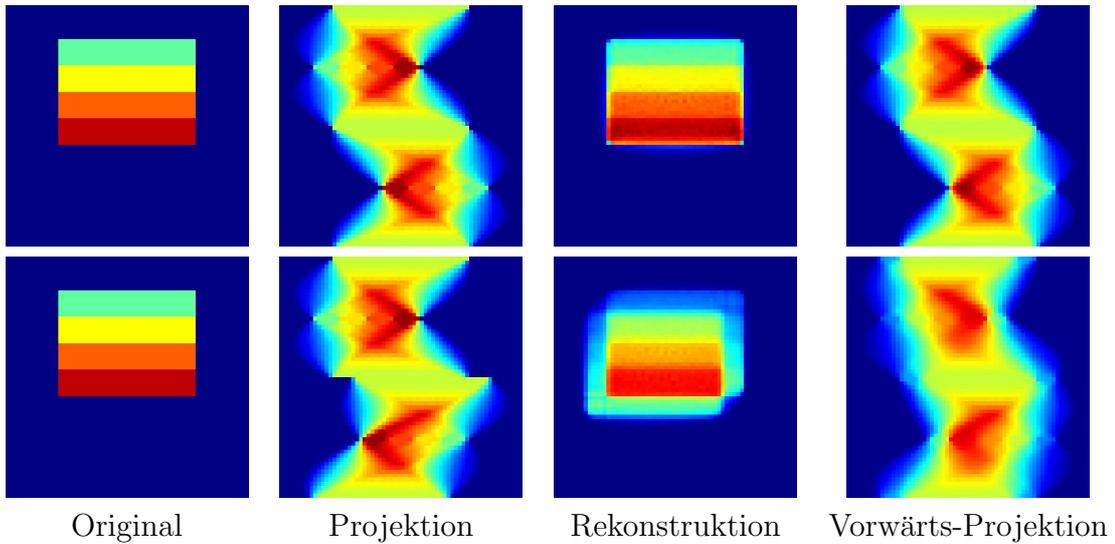


Abbildung 4.2: Für ein akademisches Beispiel werden zwei SPECT-Aufnahmen simuliert. Dabei wird neben dem Original die Projektion, deren Rekonstruktion und die Vorwärts-Projektion des rekonstruierten Bildes gezeigt. Im Falle einer ungestörten Aufnahme sind Projektion und Vorwärts-Projektion gleich (erste Zeile). Wird die Aufnahme jedoch durch eine Translation gestört (zweite Zeile), unterscheiden sich die beiden Projektionen.

4.2.2 Projektion vs. Vorwärts-Projektion

Der Abgleich von zwei Bildern, hier den gemessenen Projektionsdaten und der Vorwärts-Projektion (Schritt 3 im Programmablauf) ist ein bekanntes Problem und wird als Bildregistrierung [77] bezeichnet. Im Sinne der Bildregistrierung wird versucht, ein Templatebild so zu transformieren, dass es einem Referenzbild möglichst ähnlich wird. Die Ähnlichkeit zwischen den Bildern wird dabei über eine Ähnlichkeitsfunktion oder Distanzfunktion gemessen. Die Berechnung einer Lösung läuft damit auf ein Optimierungsproblem hinaus, bei dem das Maximum der Ähnlichkeitsfunktion bestimmt werden soll. Als Referenzbild wird hier jeweils das Bild von einem Aufnahmewinkel der Vorwärts-Projektion verwendet, das Bild des entsprechenden Aufnahmewinkels der gemessenen Projektion dient als Template. Dadurch ist der Einfluss der Projektionsgeometrie in beiden Fällen identisch und beeinflusst nicht das Ergebnis. Als Distanzfunktion zur subpixelgenauen Erkennung von Translationen zwischen Projektion und Vorwärts-Projektion hat sich die Kreuzkorrelation

$$c(u, v) = \sum_{x, y} r(x, y)t(x - u, y - v) \quad (4.1)$$

als erfolgreich erwiesen (siehe [65]). Hierbei ist r das Referenzbild, mit dem das Templatebild t , verschoben an die Position (u, v) , verglichen wird. In x und y

4 Bekannte Bewegungskorrekturmethode

sind die Koordinaten aller Pixel der Referenz gesammelt, an denen eine Überschneidung mit dem Template auftritt, damit die Kreuzkorrelation nur auf sich überschneidende Bereiche berechnet wird. Die Position, an der (4.1) den größten Wert annimmt, ist dann die gesuchte Position, an der r und t am ähnlichsten sind.

Allerdings hat die Kreuzkorrelation einige Nachteile [66]. Die Werte von (4.1) hängen von den jeweiligen Werten in den Bildern ab und variieren somit von Bild zu Bild. Dies macht es schwierig, die Werte zu interpretieren und festzustellen, wie ähnlich zwei Bilder sind. Weiterhin kann das Ergebnis der Kreuzkorrelation von Regionen mit hohen Werten beeinflusst werden. Zur Behebung der Probleme wird der größte Wert der normalisierten Kreuzkorrelation

$$\gamma(u, v) = \frac{\sum_{x,y} (r(x, y) - \bar{r})(t(x - u, y - v) - \bar{t})}{\sqrt{(\sum_{x,y} (r(x, y) - \bar{r})^2)(\sum_{x,y} (t(x - u, y - v) - \bar{t})^2)}} \quad (4.2)$$

gesucht [66], wobei \bar{r} und \bar{t} den Mittelwert von r und t repräsentieren. Für die Werte von (4.2) gilt $\gamma(u, v) \in [-1, 1]$.

Zur Bestimmung einer Lösung (\hat{u}, \hat{v}) des Optimierungsproblems, an der sich r und t am ähnlichsten sind, wird hier der Suchraum eingeschränkt. Hierzu wird eine obere und untere Grenze, zum Beispiel von -2 bis 2 Pixel, für die Verschiebung festgelegt. Eine weitere Möglichkeit ist es, den Suchraum auf die gewünschte Genauigkeit zu begrenzen. Ist zum Beispiel eine Genauigkeit von 0.1 Pixel notwendig bei einem Suchbereich von -2 bis 2 Pixel, stellt $u, v \in \{-2, -1.9, \dots, 1.9, 2\}$ eine geeignete Wahl dar. Die Auswertung der Bildwerte des Templates bei Verschiebungen um Bruchteile eines Pixels erfordert dann allerdings eine Interpolation, was rechenintensiv ist. Zur schnelleren Berechnung eines Maximums von (4.2) werden in dieser Arbeit u und v auf ganze Zahlen eingeschränkt. Abbildung 4.3 zeigt ein Beispiel, in dem $u, v \in \{-2, -1, 0, 1, 2\}$ gewählt werden. Dies ermöglicht im ersten Schritt nur eine pixelgenaue Bestimmung der Translationsparameter. Die gewünschte subpixelgenaue Bestimmung einer Position (\hat{u}, \hat{v}) , an der sich r und t am ähnlichsten sind, wird anschließend über die ganzzahlige Position (u_m, v_m) mit dem höchsten Wert und deren Viererumgebung ermittelt. Es wird dafür eine Parabel

$$p(x, y) = ax^2 + by^2 + cx + dy + e$$

durch die Werte der normalisierten Kreuzkorrelation an den entsprechenden Positionen berechnet. Gilt nun $a, b \neq 0$ wird die Position des Scheitelpunktes

$$\left(\frac{-c}{2a}, \frac{-d}{2b}\right)$$

der Parabel als Ergebnis ausgegeben. Gilt $a = 0$ oder $b = 0$ wird als Ergebnis (u_m, v_m) ausgegeben.

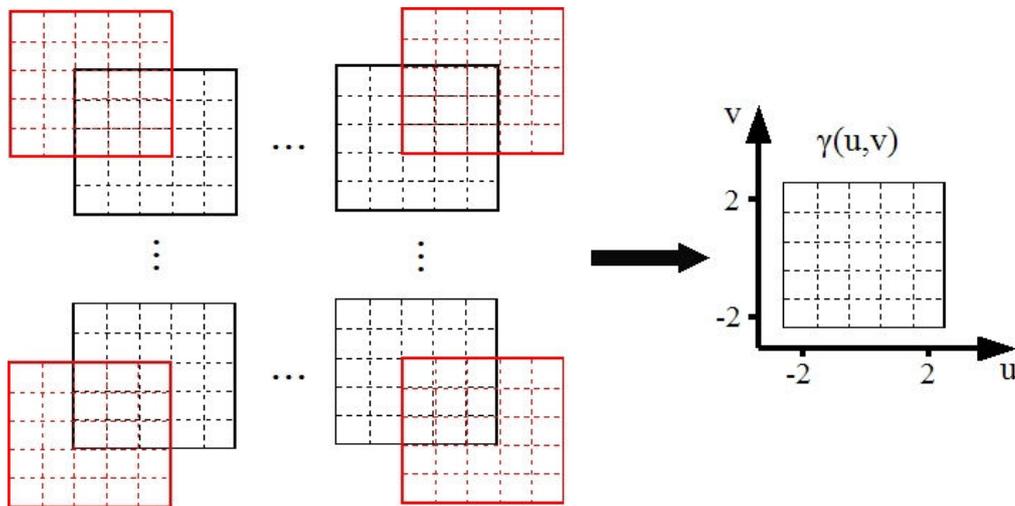


Abbildung 4.3: Beispiel für den Ablauf der normalisierten Kreuzkorrelation. Das Templatebild (rotes Gitter) wird pixelweise über das Referenzbild geschoben. Das Ergebnis für jede Position (u, v) wird in einer Matrix gespeichert.

4.2.3 Korrektur der gemessenen Projektionen

Nachdem zu jedem Aufnahmewinkel die Translationsparameter bestimmt sind, werden diese auf jeden Aufnahmewinkel der SPECT-Aufnahme angewendet (Schritt 4 im Programmablauf). Da die Translationsparameter subpixelgenau bestimmt werden, ist eine Interpolation der Projektionen nötig. In dieser Arbeit wird, wie in [65], das bi-lineare Interpolationsschema gewählt. Vor der Transformation der Projektionen werden die unkorrigierten Projektionen und die berechneten Parameter gespeichert. Die korrigierten SPECT-Daten werden anschließend erneut rekonstruiert. Anhand des Abbruchkriteriums wird nun entschieden, ob das Korrekturverfahren nochmals durchlaufen wird. Ist dies der Fall, werden mit den neu berechneten Translationsparametern die vorher schon bestimmten Translationsparameter aufdatiert. Zur anschließenden Korrektur der Projektionen kann dadurch wieder mit den unkorrigierten SPECT-Daten gearbeitet werden. Wird wieder mit den Originaldaten und nicht mit schon korrigierten Daten gearbeitet, wird eine Vergrößerung des Interpolationsfehlers durch jede weitere Interpolation vermieden.

4.2.4 Ergebnisse

Zur Verdeutlichung der Qualität dieser Methode wird ein 3D-Beispiel präsentiert. Hierbei handelt es sich um echte Patientendaten, die von MiE [1] zur Verfügung gestellt wurden. Die Daten beinhalten die Untersuchung der Füße und Unterschenkel eines Patienten zur Auffindung von Knochentumoren. Die Daten bestehen aus 64 Projektionen, jede 128×128 Pixel. Ziel ist eine Rekonstruktion mit

4 Bekannte Bewegungskorrekturmethode

$128 \times 128 \times 128$ Voxel zu generieren. Dem Patienten war es während der Aufnahme nicht möglich die Beine ruhig zu halten, was zu Bewegungsartefakten im rekonstruierten Bild führt (siehe Abbildung 4.4).

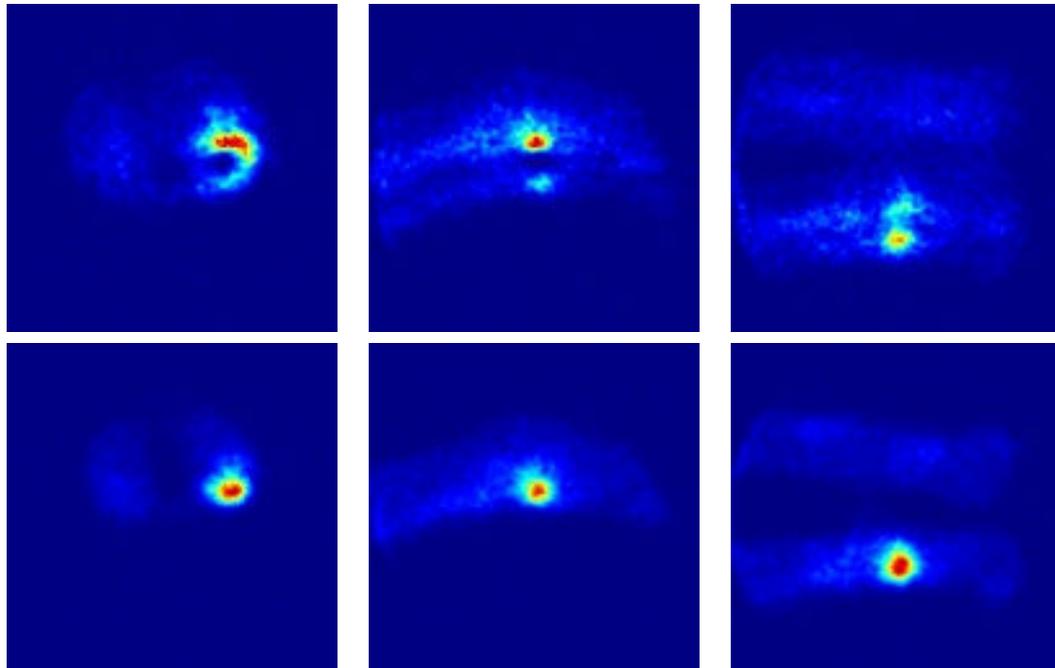
Zur Berechnung einer bewegungskorrigierten Rekonstruktion über die Vorwärts-Projektion werden $u, v \in \{-13, \dots, 13\}$ gewählt (etwa 10% der Bildgröße). Das Verfahren wird gestoppt, sobald die Translationsparameter um weniger als $\frac{h^g}{10}$ verändert werden, was in diesem Test in der zweiten Iteration auftritt. Die Vorwärts-Projektionsmethode ist in der Lage, die Bewegungen des Patienten zu kompensieren. Durch die Bewegungskorrektur sind die Konturen der Füße klar zu erkennen und der Tumor ist besser lokalisiert. Das Ergebnis ist laut Experten der Firma MiE sinnvoll und eine deutliche Verbesserung zur unkorrigierten Rekonstruktion.

4.2.5 Fazit

Bei der Vorwärts-Projektions-Methode wird eine Translation zur Korrektur jeder Projektion gesucht, bis die Vorwärts-Projektion der korrigierten Rekonstruktion den gemessenen Projektionen möglichst ähnlich ist. Die Suche nach den Translationsparametern läuft auf ein Optimierungsproblem hinaus. Im präsentierten Beispiel mit realen Daten wird mit der hier vorgestellten Umsetzung des Optimierungsproblems eine bewegungskorrigierte Rekonstruktion schon im 2. Iterationsschritt erreicht. Für den Einsatz im klinischen Alltag ist trotzdem eine Verbesserung der Optimierung, zum Beispiel mit Multilevel-Strategien, sinnvoll. Zum einen ist nicht in jedem Fall nach einem Iterationsschritt das gewünschte Ergebnis zu erwarten, zum anderen erhöht dies die Robustheit der Methode in Bezug auf lokale Minima.

Mit dieser Methode ist es möglich, translatorische Bewegungen eines Patienten zwischen den Projektionen subpixelgenau zu korrigieren. Dabei ist es egal, ob es sich um eine abrupte oder gleichmäßige Translation handelt. Weiterhin hat die Projektionsgeometrie keinen Einfluss auf das Verfahren, da immer Projektionen des gleichen Aufnahmewinkels verglichen werden. Zu erwähnen ist noch, dass für diese Bewegungskorrektur keine Informationen nötig sind, nach welchen Aufnahmewinkeln eine Bewegung stattgefunden hat.

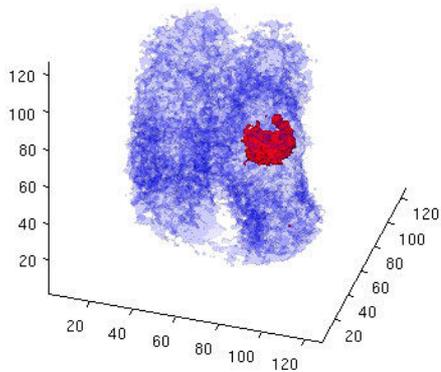
Ein Nachteil dieser Methode ist, dass außer Translationen keine andere Bewegung, zum Beispiel eine Rotation, korrigiert werden kann. Dies liegt daran, dass die Methode ausschließlich auf den Projektionen arbeitet und dort eine Rotationskorrektur durch den Verlust der Tiefeninformationen bei der Aufnahme nicht möglich ist. Auch können nur Bewegungen kompensiert werden, die zwischen der Aufnahme von zwei Projektionen stattfinden.



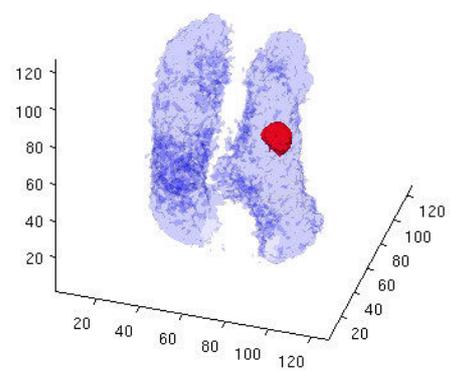
xy-Slice 65

xz-Slice 85

yz-Slice 58



3D-Ansicht nicht korrigiert



3D-Ansicht korrigiert

Abbildung 4.4: Ergebnis der Bewegungskorrektur einer Knochen-SPECT-Studie. Oben werden verschiedene Schnitte durch die nicht korrigierte (erste Zeile) und korrigierte (zweite Zeile) Rekonstruktion gezeigt. Durch die Korrektur sind die Fußkonturen deutlicher zu erkennen und der Tumor deutlich besser lokalisierbar. Dies wird durch die 3D-Ansicht nochmals bestätigt.

4.3 Data-Driven Motion Correction

Die zweite Methode, die näher betrachtet wird, ist der *Data-Driven Motion Correction* (DDMC) [39, 40, 52, 61, 62] Ansatz. Dieser Ansatz ist in der Lage, eine vollständige rigide Bewegungskorrektur des aufgenommenen Objektes zu berechnen, wurde aber nur für Hirnaufnahmen mit einer 2-Kopf-Kamera mit senkrecht zueinander stehenden Kameras oder 3-Kopf-Kameras entwickelt. Der DDMC-Ansatz funktioniert aber eingeschränkt auch mit anderen SPECT-Typen. Im Gegensatz zur Vorwärts-Projektions-Methode findet die Korrektur nicht auf den Projektionen statt, sondern direkt auf dem zu rekonstruierenden Bild. Bevor eine Bestimmung der Patientenbewegung durchgeführt werden kann, ist zuerst eine Bewegungserkennung notwendig. Dabei wird festgestellt, welche der gemessenen Projektionen \mathbf{g} zur gleichen Patienten- oder Objektposition gehören. Die Projektionen werden dann jeweils in einem Bewegungsabschnitt zusammengefasst. Alle Projektionen, die zwischen der $(i - 1)$ -sten und i -ten Bewegung gesammelt werden, sind im Bewegungsabschnitt \mathbf{g}_i gespeichert, mit $i = 1, \dots, K$, bei K Bewegungen während der Aufnahme. Eine Methode zur automatischen Identifikation von Bewegungsabschnitten wird in [61] angedacht. Dabei handelt es sich um ein rein datengestütztes Verfahren. Auf Grund der Komplexität des Problems der Bewegungserkennung wird dies separat in Kapitel 7 behandelt. Zur weiteren Vorstellung des DDMC-Ansatzes wird angenommen, dass bekannt ist, wann eine Bewegung auftritt. Ein Ablaufplan des DDMC-Schemas ist in Abbildung 4.5 dargestellt.

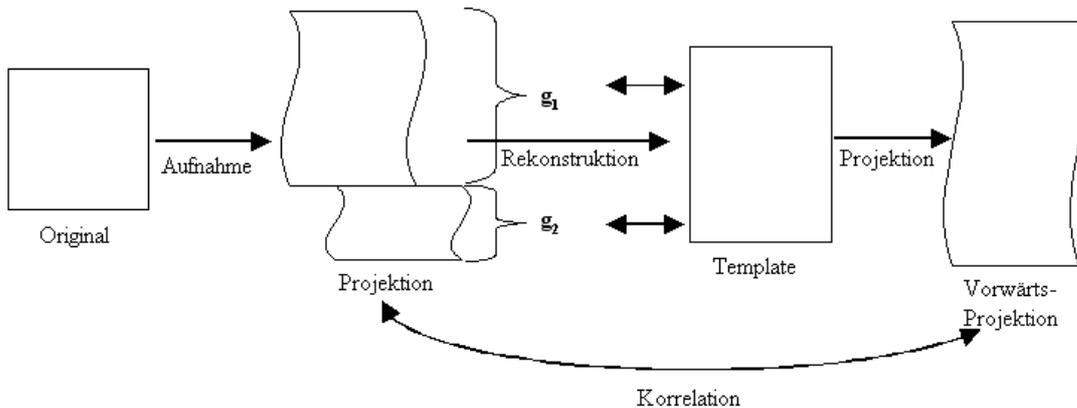


Abbildung 4.5: Ablaufplan einer Korrektur über DDMC für den 2D-Fall.

In Pseudocode kann die DDMC-Methode zusammengefasst werden als:

1. Berechnung der Rekonstruktion der gemessenen Projektionen
2. Berechnung einer Vorwärts-Projektion der Rekonstruktion

3. Bewegungserkennung (Korrelation) und Aufteilung der Projektionen in Bewegungsabschnitte
4. Berechnung der partiellen Rekonstruktion des größten Bewegungsabschnitts
5. Bestimmung der Bewegung zwischen der aktuellen partiellen Rekonstruktion und dem nächsten Bewegungsabschnitt
6. Update der Rekonstruktion mit Bewegungsinformationen
7. Gehe zu 5, bis alle Bewegungsabschnitte benutzt wurden

Eine genauere Betrachtung der einzelnen Teilmethoden ab dem 4. Schritt wird im folgenden Abschnitt behandelt. Für die ersten beiden Schritte siehe Abschnitt 4.2.1, für den 3. Schritt siehe Kapitel 7.

4.3.1 Partielle Rekonstruktion und Registrierung

Nach der Bestimmung der Bewegungsabschnitte wird nach und nach eine Rekonstruktion aufgebaut. Zuerst wird der größte Bewegungsabschnitt (enthält die meisten Projektionen) für eine partielle Rekonstruktion benutzt (siehe [61]), um eine Annäherung an die Form des zu rekonstruierenden Objektes zu erhalten (Schritt 4 des Programmablaufs). Anschließend wird eine Transformation der partiellen Rekonstruktion gesucht, so dass deren Vorwärts-Projektion dem nächsten Bewegungsabschnitt möglichst ähnlich ist. Hierbei wird ein Nachteil der DDMC-Methode sichtbar. Nach [62] sind etwa 25% aller Projektionen in einem Bewegungsabschnitt notwendig, damit nach einer Vorwärts-Projektion die unterschiedlichen Objektpositionen unterscheidbar sind. Dieser Aussage liegen Tests mit 2-Kopf-SPECTs mit senkrecht zueinander stehenden Köpfen und 3-Kopf-SPECTs zugrunde. Dabei stehen immer Informationen von verschiedenen Aufnahmewinkeln zur Verfügung, die sich um 90° oder 120° und 240° unterscheiden. Dies ist für die partielle Rekonstruktion günstig. Allerdings funktioniert dieser Ansatz auch mit anderen SPECT-Typen, solange es einen Bewegungsabschnitt mit ausreichend vielen Projektionen gibt. In diesen Fällen kann zur genauen Anzahl der notwendigen Projektionen keine Angabe gemacht werden, da sie je nach Bewegungsstörung der Aufnahme variiert. Ist die Voraussetzung an die Bewegungsabschnitte nicht erfüllt, zum Beispiel bei gleichmäßiger Bewegung, ist eine Korrektur mit der DDMC-Methode nicht möglich oder sie korrigiert nicht alle Bewegungsartefakte.

Ansonsten kann eine Transformation zwischen der aktuellen Rekonstruktion und einem Bewegungsabschnitt bestimmt werden (Schritt 5 des Programmablaufs). Eine Transformation besteht aus einem Transformationsmodell, worauf später noch eingegangen wird, und einer Interpolationsmethode. Die Interpolationsmethode ist ein wichtiger Bestandteil zur Berechnung der Bildwerte zwischen

4 Bekannte Bewegungskorrekturmethode

den Pixeln/Voxeln. Eine genauere Betrachtung der Interpolationsproblematik bei SPECT-Aufnahmen ist in [36] zu finden. In dieser Arbeit wird hierfür als Kompromiss zwischen Rechenaufwand und Genauigkeit die lineare Interpolation (bi-linear im 2D und tri-linear im 3D) verwendet. Im Folgenden wird eine Transformation eines Bildes \mathbf{f} über die Transformationsmatrix $\mathbf{T}_{\mathbf{w}}$ realisiert, wobei \mathbf{w} das Transformationsmodell bezeichnet. In dieser Matrix $\mathbf{T}_{\mathbf{w}}$ ist für jeden Voxel des transformierten Bildes (Zeilen) eingetragen, welche Voxel von \mathbf{f} (Spalten) daran beteiligt sind.

Die Suche nach einer Transformation $\mathbf{T}_{\mathbf{w}}$ zwischen zwei Bildern wird, wie bei der Vorwärts-Projektion (siehe Abschnitt 4.2.2) erwähnt, als Bildregistrierung bezeichnet. In diesem Fall ist das Templatebild die aktuelle partielle Rekonstruktion und die Referenz sind alle Projektionen im verwendeten Bewegungsabschnitt. Im Gegensatz zu der Vorwärts-Projektion, wo der Verlust der Tiefeninformation in den Projektionen nur bestimmte Bewegungskorrekturen zulässt, wird hier eine Transformation im Bildbereich gesucht. Dadurch ist es möglich, alle Positionsänderungen des Objektes oder des Patienten, die zwischen zwei Projektionen stattfinden, zu korrigieren. Daher sind als Transformationsmodell sowohl lineare als auch nicht-lineare Modelle denkbar. Bei den linearen Transformationsmodellen, zu denen zum Beispiel die rigide oder affine Transformation zählen, wirkt sich die Transformation im Bild überall gleich aus. Es ist zum Beispiel nicht möglich, das Bild in zwei Bereiche zu unterteilen und den einen um 10° , den anderen um 12° zu rotieren. Im Falle der nicht-linearen Modelle ist es möglich, Bereiche des Bildes unabhängig voneinander zu transformieren. Ein Beispiel ist ein elastisches Transformationsmodell. Hierbei ist die Vorstellung, dass das Bild auf einem Block aus Gummi aufgetragen ist. Wird an einer Stelle dieses Blocks gedrückt oder gezogen, verformt dieser sich nur in einer Umgebung der Stelle. Diese Flexibilität der nicht-linearen Modelle schlägt sich aber in deren Komplexität nieder. Während in einer Registrierung mit linearer Transformation für ein 2D-Bild maximal 6 Parameter berechnet werden müssen, ist die Anzahl der Parameter bei einer nicht-linearen Transformation abhängig von der gewünschten Flexibilität und der Bildgröße. Dies bedeutet, dass für ein 2D-Bild mit $n_x \times n_y$ Pixeln im ungünstigsten Fall für jeden Pixel ausgerechnet werden muss, wie es in x - und y -Richtung verschoben wird, was $2 \cdot n_x \cdot n_y$ Parametern entspricht. Daher wird in dieser Arbeit, wie auch in [61], ein rigides Bewegungsmodell gewählt.

Zur Bestimmung der rigiden Bewegungsparameter zwischen dem i -ten Bewegungsabschnitt und der partiellen Rekonstruktion nach $(i - 1)$ Schritten, die als $\mathbf{f}^{(i-1)}$ bezeichnet wird, ist das Optimierungsproblem

$$\mathbf{J}(\mathbf{w}_i) = \|\mathbf{g}_i - \mathbf{A}_i \mathbf{T}_{\mathbf{w}_i} \mathbf{f}^{(i-1)}\|_2^2 \rightarrow \min \quad (4.3)$$

zu lösen. Dabei ist \mathbf{A}_i der zu \mathbf{g}_i passende Vorwärts-Projektionsoperator und $\mathbf{T}_{\mathbf{w}_i}$

eine Matrix, die $\mathbf{f}^{(i-1)}$ entsprechend der zu bestimmenden Bewegungsparameter \mathbf{w}_i transformiert. Zusammengefasst wird $\mathbf{f}^{(i-1)}$ somit zuerst durch ein rigides Bewegungsmodell transformiert und nach einer Vorwärts-Projektion, passend zum i -ten Bewegungsabschnitt, mit \mathbf{g}_i verglichen. Ein Minimum von (4.3) wird in [61] über den Downhill-Simplex Algorithmus [81] ermittelt. Diese Methode zeichnet sich dadurch aus, dass keine Ableitungen benötigt werden. Der Nachteil der Methode ist, dass viele Iterationsschritte zur Bestimmung eines Minimums benötigt werden, also die Methode langsam konvergiert. Dabei gibt es keine Garantie, dass das berechnete Minimum auch das globale Minimum ist.

Eine andere Möglichkeit zur Bestimmung eines Minimums von (4.3), die in dieser Arbeit benutzt wird, ist die Levenberg-Marquardt Methode. Sie zeichnet sich durch ihre schnelle Konvergenz aus, braucht dafür aber im Gegensatz zum Simplex Verfahren Ableitungen. Eine ausführliche Abhandlung der Levenberg-Marquardt Methode ist in [82] zu finden. Andere Verfahren zur Bestimmung eines Minimums von (4.3), zum Beispiel über ein Multi-Level-Schema, werden nicht betrachtet, da die Ergebnisse und die Geschwindigkeit (wenige Iterationen, siehe Abschnitt 4.3.2) der Levenberg-Marquardt Methode zufriedenstellend sind. Für eine weiterführende Betrachtung der Bildregistrierung sei der interessierte Leser auf [37, 72, 77, 113] verwiesen.

Nach der Registrierung werden die berechneten rigiden Bewegungsparameter im Vektor \mathbf{w}_i abgespeichert. Anschließend wird nun die Position des Bildes $\mathbf{f}^{(i-1)}$ entsprechend der nächsten Objektposition, beschrieben durch \mathbf{w}_i , angepasst. Das Resultat wird als $\mathbf{f}_{\mathbf{w}_i}^{(i-1)} = \mathbf{T}_{\mathbf{w}_i} \mathbf{f}^{(i-1)}$ bezeichnet. Nun kann die partielle Rekonstruktion $\mathbf{f}_{\mathbf{w}_i}^{(i-1)}$ durch die aufgenommenen Daten im Bewegungsabschnitt \mathbf{g}_i über

$$\mathbf{f}^{(i)} = \mathbf{R}[\mathbf{g}_i, \mathbf{f}_{\mathbf{w}_i}^{(i-1)}] \quad (4.4)$$

aufdatiert werden (Schritt 6 des Programmablaufs). Dabei bezeichnet \mathbf{R} einen Rekonstruktionsalgorithmus, zum Beispiel den OSEM-Algorithmus, worauf noch eingegangen wird. Die Abfolge von Registrierung und Rekonstruktion wird wiederholt, bis alle Bewegungsabschnitte verarbeitet wurden. Idealerweise sind nun im Ergebnisbild $\mathbf{f}^{(K)}$ die Bewegungsartefakte deutlich reduziert.

Zur Realisierung des Schemas (4.4) wird in [61] zur Rekonstruktion der weit- hin bekannte OSEM-Algorithmus (siehe Abschnitt 3.3.3) verwendet. Um diesen Algorithmus im Schema (4.4) zu benutzen, wird die Projektionsmatrix \mathbf{A} entsprechend der Bewegungsabschnitte in \mathbf{A}_i mit $\mathbf{A} = [\mathbf{A}_1, \dots, \mathbf{A}_K]^T$ unterteilt. Die Wahl der Projektionsabschnitte für den OSEM-Algorithmus ist somit durch die Bewegungsabschnitte vorgegeben. Diese fest vorgegebene Wahl kann einen Nachteil für den OSEM-Algorithmus bedeuten. Eine Idee für eine Rekonstruktion mit Bewegungsinformation, die die freie Wahl der Projektionsabschnitte im OSEM

4 Bekannte Bewegungskorrekturmethode

ermöglicht, wird in Kapitel 5 vorgestellt. Mit der Vorgabe der Projektionsabschnitte kann das Rekonstruktionsschema (4.4) unter Verwendung von OSEM (siehe Abschnitt 3.3.3) und der für den i -ten Bewegungsabschnitt ermittelten Position von \mathbf{f} geschrieben werden als

$$\mathbf{f}^{(i)} = \mathbf{f}_{\mathbf{w}_i}^{(i-1)} \cdot \left(\frac{\mathbf{A}_i^T \left(\frac{\mathbf{g}_i}{\mathbf{A}_i \mathbf{f}_{\mathbf{w}_i}^{(i-1)}} \right)}{\mathbf{A}_i^T \mathbf{1}} \right). \quad (4.5)$$

Wie in Abschnitt 3.3.2 bezeichnet $\mathbf{x} \cdot \mathbf{y}$ und $\frac{\mathbf{x}}{\mathbf{y}}$ eine komponentenweise Multiplikation und Division zweier Vektoren und $\mathbf{1} = (1, \dots, 1)^T$ einen Vektor entsprechend der Dimension von \mathbf{A}_i^T .

4.3.2 Ergebnisse

Zur Demonstration des DDMC-Ansatzes werden 2D-Beispiele gezeigt mit

1. akademischen Daten und
2. realen Daten eines Phantoms.

Eine 3D-Variante wird nicht umgesetzt, da für eine Vorstellung der Methode der 2D-Fall ausreichend ist. Als Erstes ist in Abbildung 4.6 ein akademisches Beispiel mit 64×64 Pixel zu sehen. Es wird eine SPECT-Aufnahme mit 60 Projektionen, verteilt um das Objekt, simuliert, wobei Rauschen, Streuung und Absorption vernachlässigt werden. Nach der 30-ten Projektion wird das Objekt in eine andere Position verschoben und rotiert. Dies führt zu Bewegungsartefakten in der Rekonstruktion, die mit der DDMC-Methode korrigiert werden können.

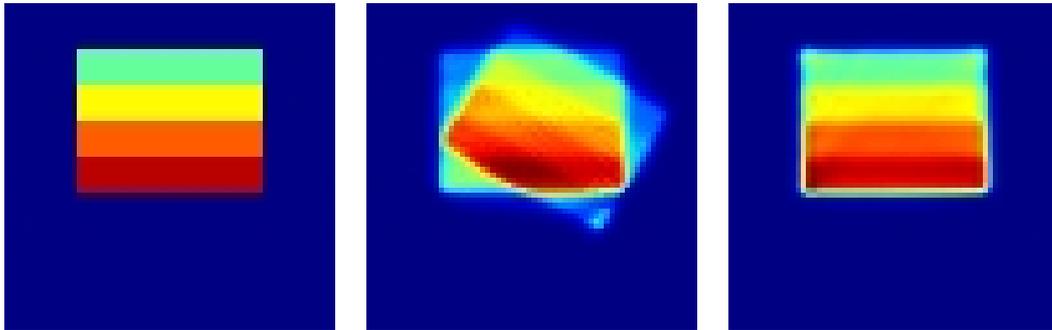


Abbildung 4.6: Ein akademisches Beispiel zur Demonstration des DDMC-Ansatzes. Von links nach rechts: Original, bewegungsgestörte Rekonstruktion, DDMC-Ergebnis.

4.3 Data-Driven Motion Correction

Dazu werden die Informationen, wann die Bewegung auftritt, vorausgesetzt, so dass die Projektionen in zwei Bewegungsabschnitte unterteilt werden können. Zur Berechnung der partiellen Rekonstruktion sowie der Aufdatierung der Rekonstruktion werden 20 Iterationsschritte durchgeführt. Die Bildregistrierung terminiert nach 8 (von max. 50) Iterationsschritten, wobei als Abbruchkriterium überprüft wird, ob die Differenz jedes Parameters nach dem vorletzten und letzten Iterationsschritt kleiner als 10^{-3} ist.

Da für den Test mit dem akademischen Beispiel auf Effekte wie Absorption und Streuung verzichtet wird, bleibt zu zeigen, dass der DDMC-Ansatz auch im Fall von echten SPECT-Daten funktioniert. Hierzu wird eine Aufnahme von einem Benchmark-Jaszscak-Phantom mit einem 2-Kopf-SPECT gemacht. Um das Phantom gezielt während der Aufnahme zu bewegen, wird es an einen Roboterarm angeschlossen (siehe Abbildung 4.7).



Abbildung 4.7: Links ist das Benchmark-Jaszscak-Phantom zu sehen. Der Versuchsaufbau wird rechts dargestellt.

Somit sind Zeitpunkt und Art der Bewegung bekannt. In diesem Fall werden 120 Projektionen aufgenommen und das Phantom nach Projektion 52 um 7° um die z -Achse rotiert. Die z -Achse entspricht dabei der Rotationsachse des SPECT-Geräts (entlang der Patientenliege). Dadurch wirkt diese Bewegung nur in der x - y -Ebene (für ein Bezugssystem siehe Abbildung 3.3) und jede Schicht des diskretisierten Aufnahmegebiets kann in diesem Fall separat behandelt werden. Die Rotation um 7° wird nach Projektion 72 rückgängig gemacht. Nach Projektion 90 wird das Phantom erneut um -6° rotiert. Anschließend wird nach Projektion 110 wieder um 6° zurückgedreht. Für die Berechnung der DDMC-Korrektur werden daher die Projektionen in drei Bewegungsabschnitte unterteilt. Die Berechnung der partiellen Rekonstruktion sowie die Aufdatierung der Rekonstruktion erfolgt

4 Bekannte Bewegungskorrekturmethoden

mit 20 Iterationsschritten. Die Bildregistrierung terminiert nach 8 bzw. 9 (von maximal 50) Iterationsschritten, wobei das Abbruchkriterium entsprechend dem akademischen Beispiel gesetzt ist. Zu Vergleichszwecken wird das Phantom nochmals ohne Bewegung aufgenommen. In Abbildung 4.8 sind die Rekonstruktionen zweier Schichten dieser beiden Aufnahmen und die DDMC-Korrektur der bewegungsgestörten Aufnahme zu sehen.

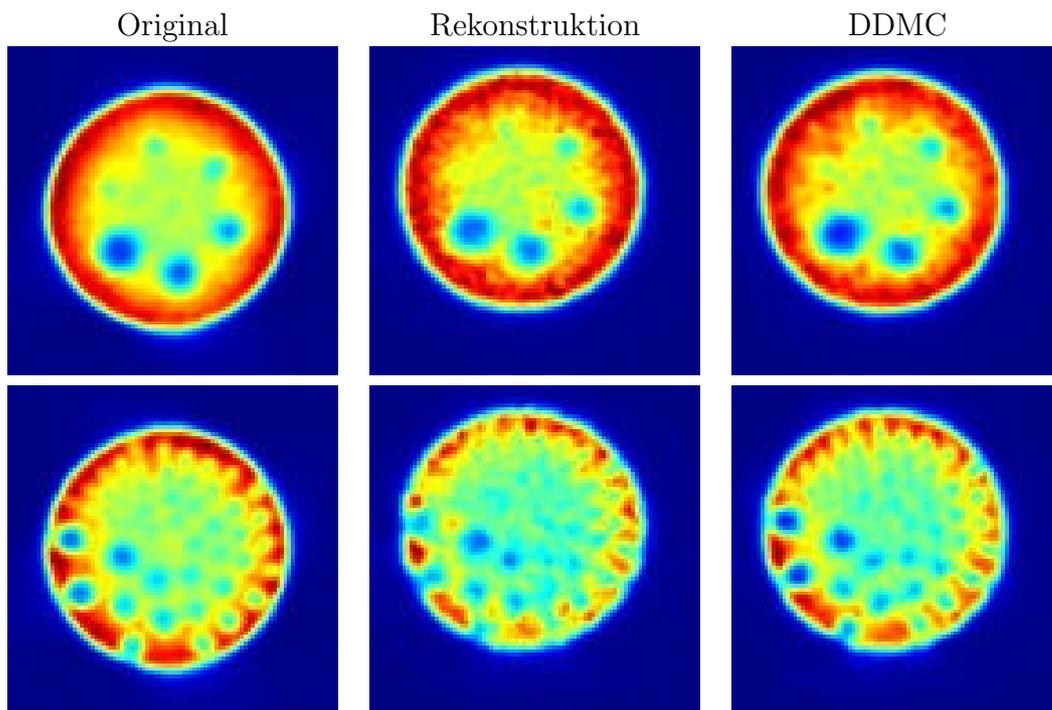


Abbildung 4.8: Zwei Beispiele mit realen Phantomdaten zur Demonstration des DDMC-Ansatzes. Vom Objekt (links) wird eine SPECT-Aufnahme mit 120 Projektionen aufgenommen, wobei das Phantom während der Aufnahme mehrmals rotiert wird. Dies führt zu Bewegungsartefakten in der Rekonstruktion (Mitte), die durch die DDMC-Methode korrigiert werden können (rechts).

Im Vergleich zur bewegungsfreien Aufnahme sind die Kugeln und Röhren in der Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur undeutlich oder gar nicht zu erkennen. Mit Hilfe des DDMC-Ansatzes und der Information, wann Bewegung auftritt können die Bewegungsartefakte korrigiert werden, wodurch die Kugeln und Röhren wieder erkennbar werden. Eine Bewegungskorrektur mit dem DDMC-Schema ist also auch bei realen SPECT-Daten möglich.

4.3.3 **Fazit**

Die hier vorgestellte Umsetzung der DDMC-Methode ist in der Lage, rigide Bewegungen zwischen den Projektionen sowohl bei akademischen als auch realen SPECT-Daten im Bildbereich zu korrigieren. Das Problem, dass Bewegungen durch den Verlust der Tiefeninformationen in den Projektionen nicht korrigierbar sind, ist behoben. Durch die Korrektur im Bildbereich sind in der Theorie alle Bewegungen, sowohl lineare als auch nicht-lineare, zwischen den Projektionen korrigierbar. Getestet ist der DDMC-Ansatz bisher aber nur für rigide Bewegungen. Durch die Verwendung partieller Rekonstruktionen ist eine Korrektur von gleichmäßigen Bewegungen nicht möglich, da in der Regel 25% aller Projektionen zu einer Patientenposition gehören müssen. Zudem wurde der DDMC-Ansatz nur für SPECT-Systeme mit senkrecht zueinander stehenden Kameraköpfen oder 3-Kopf-SPECTs entwickelt.

5 Rekonstruktion mit Bewegungsinformationen

Zur Verbesserung des Rekonstruktionsschemas im DDMC-Ansatz (siehe Abschnitt 4.3.1) wird jetzt eine Methode vorgestellt, die die Bewegungsinformationen direkt in die Rekonstruktion einarbeitet. Dieses neue Schema, das in [94] veröffentlicht ist, hat keine Beschränkung der Größe der Bewegungsabschnitte und schreibt die Wahl der Projektionsabschnitte beim OSEM nicht vor. Gerade die geschickte Wahl der Projektionsabschnitte ist entscheidend für die Rekonstruktion [75]. Hierbei gilt, je mehr Informationen über den Aufnahmebereich in einem Abschnitt vorliegen, umso besser für die Rekonstruktion. Zudem wird die Realisierung von Schema (4.4) durch verschiedene Rekonstruktionsmethoden möglich.

5.1 Methode

Die Herleitung eines Algorithmus zur Rekonstruktion eines Bildes \mathbf{f} von gemessenen SPECT-Daten \mathbf{g} ist, wie in Kapitel 3 beschrieben, auf mehreren Wegen möglich. Auf Grund der einfacheren Erweiterbarkeit einer Modellierung eines SPECT-Geräts wird eine iterative Rekonstruktionsmethode gewählt. Sei nun \mathbf{A} die Umsetzung einer Modellierung (siehe Abschnitt 3.3.1). Unter der Annahme, dass Zeitpunkte und Art der K Bewegungen eines Patienten während der SPECT-Aufnahme bekannt sind, können die gemessenen Projektionen \mathbf{g} in Bewegungsabschnitte \mathbf{g}_i (siehe Abschnitt 4.3) unterteilt werden. Im Gegensatz zum DDMC-Schema (siehe Abschnitt 4.3.1), in dem das Bild \mathbf{f} durch die Bewegungsinformationen in die i -te Objektposition gebracht wird, werden in der hier vorgestellten Methode diese Informationen zusätzlich in der Modellierung der Projektionsmatrix

$$\hat{\mathbf{A}} = (\hat{\mathbf{A}}_1, \dots, \hat{\mathbf{A}}_K)^T$$

für eine Rekonstruktion mit Bewegungskorrektur berücksichtigt. Dabei ist $\hat{\mathbf{A}}_i$ der Teil der Projektionsmatrix, der zu dem Bewegungsabschnitt \mathbf{g}_i gehört. Die Anpassung an die entsprechende i -te Objektposition, in der das Objekt oder der Patient zum Zeitpunkt der Aufnahme der Projektionen in \mathbf{g}_i lag, erfolgt über $\hat{\mathbf{A}}_i = \mathbf{A}_i \mathbf{T}_{\mathbf{w}_i}$. Dabei bezeichnet $\mathbf{T}_{\mathbf{w}_i}$ eine Transformationsmatrix (siehe Abschnitt 4.3.1), deren n -te Zeile beschreibt, welche Voxel von \mathbf{f} an der Entstehung des n -ten Voxels des transformierten Bildes beteiligt sind. \mathbf{A}_i ist der Abschnitt der

5 Rekonstruktion mit Bewegungsinformationen

unveränderten Projektionsmatrix, passend zu \mathbf{g}_i . Eine Lösung des Rekonstruktionsproblems wird nun über

$$\frac{1}{2} \|\hat{\mathbf{A}}\mathbf{f} - \mathbf{g}\|_2^2 \rightarrow \min \quad \text{u.d.N. } \mathbf{f} \geq 0 \quad (5.1)$$

gesucht. Es ist wohlbekannt, dass eine Lösung für (5.1) ohne Nebenbedingungen durch die Normalengleichung (siehe z. B. [44])

$$\mathbf{0} = \hat{\mathbf{A}}^T(\hat{\mathbf{A}}\mathbf{f} - \mathbf{g}) = \hat{\mathbf{A}}^T\left(\mathbf{1} - \frac{\mathbf{g}}{\hat{\mathbf{A}}\mathbf{f}}\right) \cdot \hat{\mathbf{A}}\mathbf{f}$$

gegeben ist. Zusätzlich ist noch die Nebenbedingung $\mathbf{f} \geq 0$ zu berücksichtigen. Angenommen $\hat{\mathbf{A}}\mathbf{f}$ und $\hat{\mathbf{A}}^T\mathbf{1}$ haben keine Nullkomponenten, so folgt

$$\mathbf{0} = \mathbf{f} \cdot \hat{\mathbf{A}}^T\left(\mathbf{1} - \frac{\mathbf{g}}{\hat{\mathbf{A}}\mathbf{f}}\right) = \mathbf{f} \cdot \left(\mathbf{1} - \frac{\hat{\mathbf{A}}^T\left(\frac{\mathbf{g}}{\hat{\mathbf{A}}\mathbf{f}}\right)}{\hat{\mathbf{A}}^T\mathbf{1}}\right) \cdot \hat{\mathbf{A}}^T\mathbf{1},$$

was zu der gesuchten Repräsentation einer Lösung für (5.1) führt:

$$\mathbf{f} = \mathbf{f} \cdot \left(\frac{\hat{\mathbf{A}}^T\left(\frac{\mathbf{g}}{\hat{\mathbf{A}}\mathbf{f}}\right)}{\hat{\mathbf{A}}^T\mathbf{1}}\right). \quad (5.2)$$

Somit ist (5.2) die wohlbekannte Formulierung des EM-Algorithmus, bei dem die Einhaltung der Nebenbedingung garantiert ist (siehe Abschnitt 3.3.2). Allerdings beinhaltet das EM-Schema in seiner ursprünglichen Implementierung keine Bewegungsinformationen in der Projektionsmatrix $\hat{\mathbf{A}}$. Mit anderen Worten, die Update-Formel (5.2) stellt einen EM-Algorithmus mit Bewegungskorrektur dar, der EMMC (*Expectation Maximization with Motion Correction*) genannt wird.

Ebenso könnte (5.2) benutzt werden, um eine OSEM Variante mit Bewegungskorrektur, bezeichnet mit OSEMMC, zu formulieren. Hierfür ist es von Vorteil, dass alle Bewegungsinformationen in der Projektionsmatrix $\hat{\mathbf{A}}$ eingebunden sind. Somit ist die Einschränkung, die Projektionsabschnitte entsprechend der Bewegungsabschnitte zu wählen, nicht länger notwendig, wie es bei der Anwendung des OSEM-Algorithmus im DDMC-Schema auftritt (siehe (4.5)). Diese Einschränkung in (4.5) ist durch die Abhängigkeit der rechten Seite des OSEM-Updates von der aktuellen Objektposition, beschrieben durch die Transformationsparameter \mathbf{w}_i , begründet. Die Objektposition ist von Bewegungsabschnitt zu Bewegungsabschnitt unterschiedlich, so dass die Abschnitte nacheinander bearbeitet werden müssen. Im OSEMMC ist diese Abhängigkeit aufgelöst, wodurch der Benutzer die Projektionsabschnitte für den OSEM-Algorithmus frei wählen und somit die für sich optimale Wahl (siehe [75]) treffen kann.

5.2 Ergebnisse

Die Vorteile der neuen Rekonstruktion mit Bewegungskorrektur werden durch Tests verdeutlicht. Dazu werden die Umsetzungen des EMMC-Algorithmus, des OSEM-Algorithmus aus dem DDMC-Schema (siehe (4.5)) und des OSEMMC-Algorithmus sowohl mit akademischen 3D-Bildern als auch mit einer Aufnahme des Benchmark-Jaszscak-Phantoms getestet. Zur Erzeugung der SPECT-Aufnahme der akademischen Bilder wird ein Ein-Kopf-SPECT simuliert. Die Aufnahme des Phantoms wird mit einem Zwei-Kopf-SPECT mit gegenüberliegenden Köpfen gemacht. Durch die benutzten SPECT-Systeme ist in beiden Fällen die Anforderung für den OSEM-Algorithmus im DDMC-Schema verletzt (siehe Abschnitt 4.3). Es wurde nur für 2-Kopf-SPECTs mit senkrecht zueinander ausgerichteten Köpfen und 3-Kopf-SPECTs entwickelt. Trotzdem wird dieses OSEM-Schema, ebenso wie der EM-Algorithmus ohne Bewegungskorrektur, zu Vergleichszwecken benutzt.

5.2.1 Tests mit einem akademischen Beispiel

Als erstes wird die Rekonstruktion mit Bewegungskorrektur an einem akademischen Beispiel getestet. Dazu wird ein Bild der Größe $64 \times 64 \times 64$ erzeugt, in dem ein Hohlzylinder (siehe Abbildung 5.1), der als eine sehr grobe Approximation des Herzens interpretiert werden kann, dargestellt wird. Um die Aufnahme

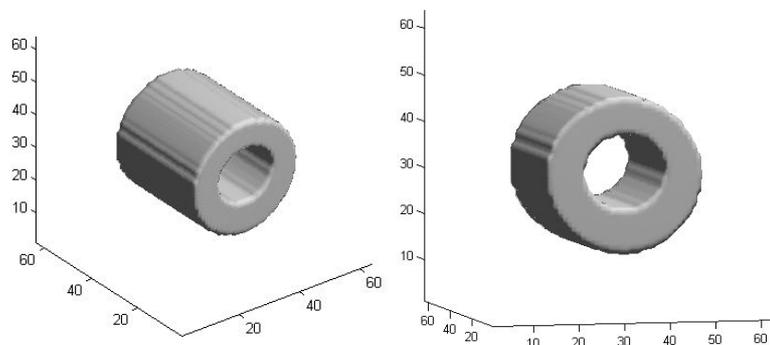


Abbildung 5.1: Zwei Ansichten auf das verwendete akademische Beispiel.

eines Ein-Kopf-SPECTs zu simulieren, werden 60 Projektionen, jede 64×64 Pixel groß, berechnet. Die Projektionen sind dabei in Abständen von 6° gleichmäßig um das Objekt verteilt. Alle notwendigen Informationen hierzu werden in der Projektionsmatrix gespeichert. Zur Erinnerung sei erwähnt, dass die Projektionsmatrix die Wahrscheinlichkeit angibt, mit der in einem bestimmten Pixel des Detektors ein Photon aus einem bestimmten Voxel des Bildes gemessen wird (siehe Abschnitt 3.3.1). Somit werden die Werte im Bild als eine durchschnittliche Aktivität dieses Voxels interpretiert. Zur Vereinfachung des Testszenarios werden

5 Rekonstruktion mit Bewegungsinformationen

Rauschen, Streuung und Absorption in der Simulation vernachlässigt. Um nun die Qualität der berechneten Rekonstruktion zu bewerten, wird das Distanzmaß

$$D(\mathbf{f}^{\text{ref}}, \mathbf{f}^{\text{tmp}}) = \frac{\sum_i^N |f_i^{\text{ref}} - f_i^{\text{tmp}}|}{2 \sum_i^N f_i^{\text{ref}}} \cdot 100\% \quad (5.3)$$

über alle Voxel i angewendet (siehe auch (3.4)). In Tabelle 5.1 sind vier verschiedene Arten von rigider Bewegung aufgelistet, die in den Experimenten benutzt werden. Die Parameter sind so gewählt, dass jeder mindestens in einem Test benutzt wird und in einer Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur Bewegungsartefakte auftreten. Die Rotationsparameter α , β und γ sind in Grad angegeben und die Translationsparameter t_x , t_y und t_z in Voxel. Hierbei stellt α eine Rotation um die z-Achse, β um die x-Achse und γ um die y-Achse (siehe Abbildung 5.2) dar. Die z-Achse korrespondiert mit der Rotationsachse des Sensors des SPECT-Systems. Der Rotationsmittelpunkt bei allen Bewegungen ist der Bildmittelpunkt des Testbildes, was in etwa dem Rotationszentrum der Kamera entspricht (hier $c_{\text{rot}} = (32, 32, 32)^\top$). Die Projektionsnummern, nach denen eine Bewegung auf-

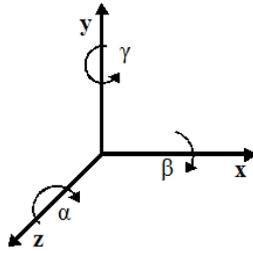


Abbildung 5.2: Das hier benutzte Koordinaten- oder Bezugssystem. Die z-Achse korrespondiert dabei mit der Rotationsachse des Kamerakopfes.

Bewegungsparameter	α	β	γ	t_x	t_y	t_z
1	5.0	-6.0	3.0	0.0	0.0	0.0
2	0.0	7.0	0.0	-4.3	5.2	-3.4
3	5.0	3.0	-9.0	1.2	-1.1	5.0
4	-5.0	0.0	6.0	0.0	4.2	-3.9

Tabelle 5.1: Vier Parametersätze für eine rigide Transformation im 3D.

tritt, sind in Tabelle 5.2 aufgelistet. Insgesamt werden sechs Bewegungsszenarien gebildet, drei mit einer (1,2,3) und drei mit zwei (4,5,6) Bewegungen während der SPECT-Aufnahme.

Nun werden für alle Szenarien mit einer Bewegung für jede der vier Bewegungssätze eine EM-Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur, eine nach dem DDMC-Schema veränderte OSEM-Rekonstruktion und die neuen EMMC- und OSEMMC-

Bewegungszeitpunkt	Projektion	Bewegungszeitpunkt	Projektionen
1	15	4	10, 41
2	30	5	30, 42
3	41	6	5, 51

Tabelle 5.2: Projektionsnummern nach denen eine Bewegung während der SPECT-Aufnahme stattfindet.

Rekonstruktionen berechnet. Für OSEM, EMMC und OSEMMC wird dabei angenommen, dass die Parameter der Bewegungen bekannt sind. Insgesamt werden 12 Tests mit Bewegung während der Aufnahmen durchgeführt. Für die OSEMMC-Rekonstruktion werden die Projektionen in drei Gruppen $\{1, 4, \dots, 55, 58\}$, $\{2, 5, \dots, 56, 59\}$ und $\{3, 6, \dots, 57, 60\}$ eingeteilt. Die Idee ist hierbei, Informationen aus allen Bereichen rund um das Objekt in jeder Gruppe zu integrieren. Für weitere Information zur geschickten Wahl der Gruppen für OSEM siehe [75]. Anzumerken ist noch, dass diese Wahl unabhängig vom jeweiligen Bewegungsszenario ist. Für das OSEM-Schema werden zwei Gruppen gewählt, die den jeweiligen Bewegungsabschnitten entsprechen (siehe Tabelle 5.2). Der EM- und der EMMC-Algorithmus werden nach 24 Iterationsschritten gestoppt, der OSEM-Algorithmus nach 12 (2 Gruppen) und der OSEMMC-Algorithmus nach 8 Schritten (3 Gruppen). Die Schrittzahlen sind dabei so gewählt, dass die verschiedenen Algorithmen vergleichbar bleiben (OSEM Schritte mal Anzahl der Gruppen gleich EM Schritte, siehe Abschnitt 3.3.3). Die erzielten Rekonstruktionsfehler (5.3) der Tests sind in Tabelle 5.3 aufgelistet. Die Zahlen in der Tabelle sind mit dem Re-

i, j	1, 1	1, 2	1, 3	1, 4	2, 1	2, 2
EM	9.72	47.81	23.50	31.20	8.06	28.77
OSEM	6.61	6.59	6.58	6.65	5.18	5.18
EMMC	5.36	5.35	5.34	5.40	5.08	5.08
OSEMMC	5.35	5.34	5.34	5.39	5.07	5.08
i, j	2, 3	2, 4	3, 1	3, 2	3, 3	3, 4
EM	16.12	21.14	6.85	23.72	12.43	14.80
OSEM	5.16	5.18	6.34	6.34	6.31	6.41
EMMC	5.06	5.09	5.00	5.00	4.99	5.06
OSEMMC	5.06	5.08	5.00	5.00	4.99	5.06

Tabelle 5.3: Rekonstruktionsfehler in Prozent für die Experimente mit einer Bewegung. Hierbei beschreibt i den entsprechenden Bewegungszeitpunkt und j den benutzten Parametersatz. Von oben nach unten sind in den Zeilen die Fehler für eine EM-Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur, eine OSEM-Rekonstruktion nach dem DDMC-Schema und für die neuen EMMC- und OSEMMC-Rekonstruktionen aufgelistet.

5 Rekonstruktion mit Bewegungsinformationen

konstruktionsfehler von **4.83%** für eine EM-Rekonstruktion mit 24 Schritten im Falle einer bewegungsfreien Aufnahme des Testobjektes zu vergleichen. Es ist zu sehen, dass sowohl der EMMC- als auch der OSEMMC-Algorithmus durch die Bewegungsinformationen Bewegungsartefakte vermeiden und in etwa den Fehler des unbewegten Falls erreichen. Es ist ebenfalls ersichtlich, dass beide Verfahren dem OSEM-Schema überlegen sind. Dies wird durch eine visuelle Inspektion der Testergebnisse verdeutlicht. Exemplarisch sind zwei Beispiele in [Abbildung 5.3](#) zu sehen. Anzumerken ist, dass diese Art der Ergebnisse erwartet wurden, da das

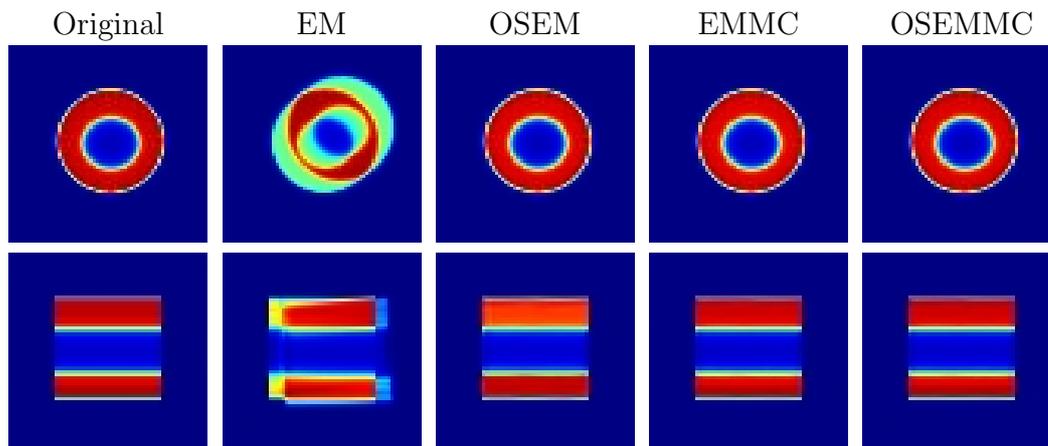


Abbildung 5.3: Visuelle Kontrolle der Testergebnisse. Obere Zeile: Schicht 28 aus der x-y-Ebene von Test 2, 2. Untere Zeile: Schicht 29 aus der x-z-Ebene von Test 3, 3. Von links nach rechts werden das Testobjekt, eine EM-Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur, eine OSEM-Rekonstruktion nach dem DDMC-Schema und das Ergebnis der neuen EMMC- und OSEMMC-Rekonstruktion präsentiert.

OSEM-Schema aus dem DDMC-Ansatz nicht für das benutzte SPECT-System gedacht ist.

Den Ergebnissen für eine Bewegung folgend, werden im Fall von zwei Bewegungen ähnliche Resultate für EMMC, OSEMMC und OSEM erwartet. Dies wird mit Hilfe der Testszenarien mit zwei Bewegungen überprüft. Dazu werden die Projektionen für OSEMMC wieder in die drei oben beschriebenen Gruppen unterteilt und die Gruppen für OSEM entsprechend den Bewegungsabschnitten gewählt (siehe [Tabelle 5.2](#)). Beide Rekonstruktionen werden nach 8 Iterationen (3 Gruppen) gestoppt, während EM und EMMC nach 24 Schritten beendet werden. [Tabelle 5.4](#) zeigt die Verbesserung des Rekonstruktionsfehlers durch die Benutzung von Bewegungsinformationen in der Rekonstruktion. Wieder zeigen EMMC und OSEMMC beeindruckende Resultate im Vergleich zum Fehler der Rekonstruktion einer bewegungsfreien Aufnahme von **4.83%**. Die Qualität der Ergebnisse der

i,j,k	4,1,2	4,1,3	4,1,4	4,2,3	4,2,4	4,3,4	5,1,2	5,1,3	5,1,4
EM	27.18	15.95	18.38	36.07	39.97	25.75	24.98	13.85	16.12
OSEM	6.70	6.69	6.75	6.71	6.77	6.75	6.47	6.40	6.55
EMMC	5.40	5.39	5.47	5.40	5.55	5.45	5.14	5.06	5.23
OSEMMC	5.40	5.38	5.47	5.40	5.47	5.45	5.13	5.06	5.22
i,j,k	5,2,3	5,2,4	5,3,4	6,1,2	6,1,3	6,1,4	6,2,3	6,2,4	6,3,4
EM	17.77	19.73	18.31	22.82	14.78	18.02	43.77	46.72	29.39
OSEM	6.40	6.44	6.56	8.52	8.44	8.68	8.37	8.56	8.64
EMMC	5.06	5.14	5.24	5.59	5.52	5.64	5.53	5.75	5.62
OSEMMC	5.06	5.13	5.23	5.60	5.52	5.64	5.53	5.61	5.61

Tabelle 5.4: Rekonstruktionsfehler in Prozent für die Experimente mit zwei Bewegungen. Hierbei beschreibt i den entsprechenden Bewegungszeitpunkt und j und k die benutzten Parametersätze. Von oben nach unten sind in den Zeilen die Fehler für eine EM-Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur, eine OSEM-Rekonstruktion nach dem DDMC-Schema und für die neuen EMMC- und OSEMMC-Rekonstruktionen aufgelistet.

Rekonstruktionsschemata mit Bewegungskorrektur wird zusätzlich durch eine visuelle Inspektion in [Abbildung 5.4](#) bestätigt.

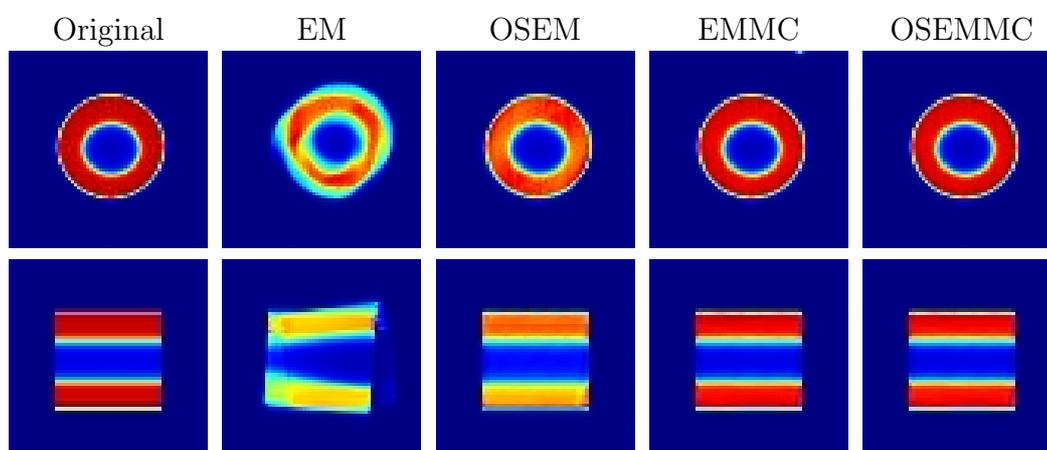


Abbildung 5.4: Visuelle Kontrolle der Testergebnisse. Obere Zeile: Schicht 23 aus der x-y-Ebene von Test 4, 2, 4. Untere Zeile: Schicht 38 aus der y-z-Ebene von Test 6, 1, 3. Von links nach rechts werden das Testobjekt, eine EM-Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur, eine OSEM-Rekonstruktion nach dem DDMC-Schema und das Ergebnis der neuen EMMC- und OSEMMC-Rekonstruktion präsentiert.

5.2.2 Test mit einem Phantom

Nach den Tests mit einem akademischen Beispiel wird ein Experiment mit dem Benchmark-Jaszscak-Phantom durchgeführt. Dazu werden von dem Phantom 120 Projektionen, je 128×128 Pixel, mit einem 2-Kopf Gamma-Kamerasystem der Firma MiE [1] aufgenommen. Zur Simulation von Patientenbewegungen wird das Phantom mit einem Roboterarm verbunden (siehe Abbildung 4.7), wodurch eine benutzerdefinierte rigide Bewegung des Phantoms möglich ist. Zusätzlich wird das Phantom zu Vergleichszwecken ohne Bewegung aufgenommen. In dem verwendeten Bewegungsszenario liegt das Phantom mit der Seite auf dem Aufnahme-tisch und wird zweimal um die z-Achse rotiert. Dabei entspricht der Mittelpunkt des Phantoms in etwa dem Rotationsmittelpunkt des SPECT-Geräts. Die erste Rotation um 7° findet nach der 53-ten Projektion statt und die zweite um -6° nach Projektion 91. Zur Validierung der Ergebnisse wird in Abbildung 5.5 die Rekonstruktion der bewegungsfreien Aufnahme des Phantoms mit den Ergebnissen der vier Rekonstruktionsalgorithmen für die bewegungsgestörte Aufnahme verglichen. Für diesen Vergleich werden hier Grauwerte benutzt, da die feinen Strukturen in diesem Beispiel so besser zu sehen sind. Alle dargestellten Bilder sind $128 \times 128 \times 128$ Voxel groß und werden mit den gleichen Rekonstruktionsmethoden berechnet, die schon bei den akademischen Tests benutzt wurden.

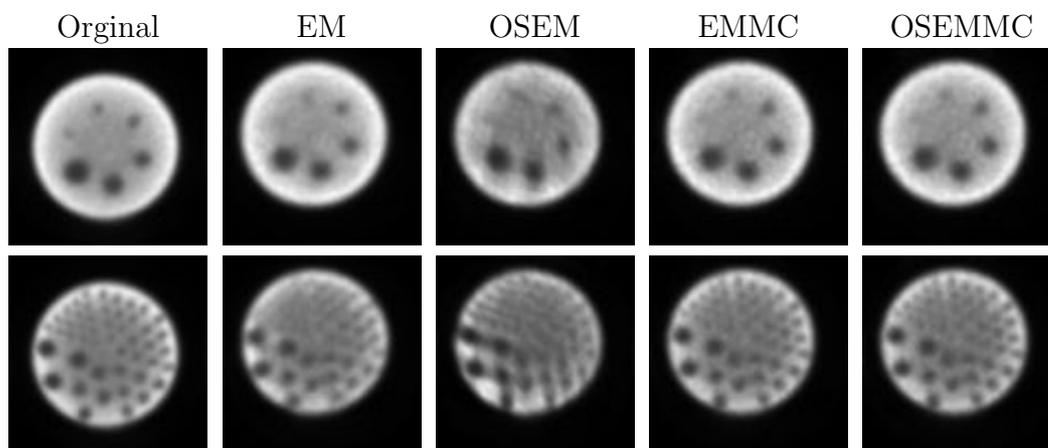


Abbildung 5.5: Visuelle Kontrolle der Testergebnisse. Obere Zeile: Schicht 36 aus der x-y-Ebene. Untere Zeile: Schicht 68 aus der x-y-Ebene. Von links nach rechts werden das Phantom, eine EM-Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur, eine OSEM-Rekonstruktion nach dem DDMC-Schema und das Ergebnis der neuen EMMC- und OSEM-Rekonstruktion präsentiert.

Die Rekonstruktion des EM- und des EMMC-Algorithmus wird nach 30 Iterationen gestoppt. Der OSEM-Algorithmus aus dem DDMC-Schema und der OSEM werden nach 10 Iterationen gestoppt. In beiden Algorithmen sind die

Projektionen in drei Gruppen unterteilt. Die Gruppen für den OSEM sind entsprechend den Bewegungsabschnitten als $\{1, \dots, 53\}$, $\{54, \dots, 91\}$ und $\{92, \dots, 120\}$ definiert. Im Fall des OSEMMC-Algorithmus werden $\{1, 4, \dots, 115, 118\}$, $\{2, 5, \dots, 116, 119\}$ und $\{3, 6, \dots, 117, 120\}$ als Gruppen gewählt, um die Unabhängigkeit von den Bewegungsabschnitten zu verdeutlichen. Wie zu sehen ist, produziert das OSEMMC-Verfahren wiederum gute Ergebnisse. Im Speziellen ist es dem OSEM-Ergebnis auch auf Grund des benutzten SPECT-Systems überlegen. Ansonsten sind in allen Fällen die Kugeln und Röhren des Phantoms besser zu sehen als in der bewegungsgestörten Rekonstruktion. Würde ein SPECT-System mit senkrecht zueinander angebrachten Gamma-Kameras benutzt werden, sollten die Ergebnisse aller drei Korrekturschemata gleich sein. Allerdings sind in der Rekonstruktion der bewegungsfreien Aufnahme die Kugeln und Röhren klarer erkennbar als bei allen vier anderen Methoden. Dies liegt an der Bewegung während der Aufnahme, da durch die Drehungen um die Rotationsachse des SPECT-Geräts das Phantom aus einigen Richtungen mehrfach und aus anderen Richtungen nicht aufgenommen wird.

5.3 Fazit

Das neue hier vorgestellte flexible Schema zur Einbettung von Bewegungsinformation in Projektion/Rückprojektion eines Rekonstruktionsschemas ist in der Lage, rigide Bewegungen, die während der Aufnahme stattfinden und bestimmt werden, zu korrigieren. Durch die Einfügung von Bewegungsinformationen direkt in die Projektionsmatrix werden Nachteile behoben, die im DDMC-Rekonstruktionsschema vorhanden sind. Im Gegensatz zum DDMC-Schema ist die Definition von Projektionsgruppen unabhängig vom Kamerasystem oder dem aktuellen Bewegungsabschnitt in den gemessenen Projektionen. Dem neuen Schema folgend werden der wohlbekannte EM- und der OSEM-Algorithmus implementiert und ausführlich mit akademischen Daten und echten Phantomaufnahmen getestet. Mit beiden Algorithmen können, unabhängig von der Anzahl und dem Zeitpunkt der Bewegungen, bewegungskorrigierte Rekonstruktionen berechnet werden. Allerdings geht die Annahme ein, dass die Objektbewegungen vorher bekannt sind. Zur Beseitigung dieser Bedingung wird im nächsten Kapitel ein neuer Ansatz verfolgt. Die Zielsetzung ist ein Schema zu entwickeln, das Bewegungen bestimmt, diese Informationen in der Rekonstruktion benutzt und die vom DDMC-Ansatz bekannten Einschränkungen vermeidet.

6 Kombinierte Bildrekonstruktion und Bewegungskorrektur

Rückblickend auf Kapitel 4 und 5 haben alle vorgestellten Methoden Einschränkungen. Entweder sind die Korrekturmöglichkeiten auf bestimmte Bewegungen (nur Translation) oder bestimmte Bewegungsarten (nur abrupte Bewegungen) eingeschränkt oder eine Zuhilfenahme von zusätzlichen Geräten (Tracking-Systeme) ist notwendig. Es fehlt ein Konzept, mit dem, unabhängig von der Art und Weise der Bewegungen zwischen den Projektionen der SPECT-Aufnahme, ausschließlich unter Verwendung der gemessenen Daten eine bewegungskorrigierte Rekonstruktion berechnet werden kann.

6.1 Theorie

Die Vorgehensweise zur Entwicklung eines rein datengestützten Verfahrens ist durch die Auswertung der beiden vorangehenden Kapitel motiviert. Zum einen kann die Rekonstruktion durch eine Korrektur der Bewegungsartefakte verbessert werden, zum anderen muss ein Korrekturverfahren direkt auf dem zu rekonstruierenden Bild arbeiten, um alle Bewegungen zu erfassen. Die Idee ist daher, dass beide Verfahren direkt voneinander lernen. Dies wird durch die Kombination beider Aufgaben in einer Problemstellung erreicht, was hier im Folgenden als **CRMC** (Combined Reconstruction and Motion Correction) bezeichnet wird. Hierzu wird von einem Rekonstruktionsverfahren aus gestartet.

Verschiedene Methoden zur Rekonstruktion eines 3D-Bildes, unterteilt in analytische und iterative Methoden, werden in Kapitel 3 vorgestellt. In diesem Fall wird ein iteratives Verfahren zur Rekonstruktion eines Bildes des Aufnahmegebiets Ω_f aus den gemessenen SPECT-Daten gewählt. Eine entsprechende Diskretisierung der Komponenten der Rekonstruktion ist ausführlich in Abschnitt 3.3.1 beschrieben. Zur Erinnerung, die Diskretisierung der Projektionsdaten \mathbf{g} ist durch das SPECT-Gerät gegeben. Eine Projektion besteht aus 64×64 oder 128×128 Pixel der Größe \mathbf{h}^g . Die Rekonstruktion \mathbf{f} ist durch ein reguläres 3D-Gitter in $64 \times 64 \times 64$ oder $128 \times 128 \times 128$ Voxel der Größe \mathbf{h}^f eingeteilt. Die Simulation einer Aufnahme von \mathbf{f} , um diese mit \mathbf{g} zu vergleichen, wird durch die Projektionsmatrix \mathbf{A} ermöglicht. Die Einträge dieser Matrix beschreiben die Wahrscheinlichkeit, mit der ein Photon aus Voxel i (Spalte) des Bildes in Pixel j (Zeile) einer Projektion gemessen wird [24]. Im Folgenden wird ein einfaches Modell mit perfekter Par-

6 Kombinierte Bildrekonstruktion und Bewegungskorrektur

allelprojektion ohne Streuung und Absorption angenommen. Unter Verwendung aller dieser Komponenten ist eine Möglichkeit zur Rekonstruktion, die Funktion

$$\mathbf{J}_1(\mathbf{f}) = \frac{\hat{\mathbf{h}}^g}{2} \|\mathbf{A}\mathbf{f} - \mathbf{g}\|_2^2 + \alpha\mathcal{R}(\mathbf{f}) \rightarrow \min \quad \text{u.d.N. } \mathbf{f} \geq 0 \quad (6.1)$$

zu minimieren (siehe Abschnitt 3.3.4), wobei \mathcal{R} ein Regularisierer ist, dessen Einfluss über α geregelt wird. Der nächste Schritt ist, die Rekonstruktion mit der Bewegungskorrektur zu kombinieren. Hierfür wird angenommen, dass die Projektionen in Abschnitte unterteilt werden können, die zur selben Patientenposition gehören. Die Bewegungsabschnitte werden als \mathbf{g}_i bezeichnet mit $i = 1, \dots, K$ bei K verschiedenen Patientenpositionen.

Das Ziel ist es, für jeden Bewegungsabschnitt eine Transformation zu finden, die die entsprechenden Projektionen von \mathbf{f} zu \mathbf{g}_i anpasst. Was für ein Transformationsmodell benutzt wird, ist frei wählbar. Weiterhin ist es bei einer Transformation von \mathbf{f} notwendig, das Bild an jeder Koordinate in Ω_f auswerten zu können, was durch eine Interpolation der bekannten Werte von \mathbf{f} erreicht wird. In dieser Arbeit wird mit der tri-linearen Interpolation gearbeitet. Eine Transformation von \mathbf{f} wird über die Matrix $\mathbf{T}_{\mathbf{w}}$, bestimmt durch die Transformationsparameter \mathbf{w} und das Interpolationsmodell, durchgeführt (siehe Abschnitt 4.3.1). In dieser Matrix $\mathbf{T}_{\mathbf{w}}$ ist für jeden Voxel des transformierten Bildes (Zeilen) eingetragen, welche Voxel von \mathbf{f} (Spalten) daran beteiligt sind. Die Erweiterung von (6.1) durch diese Komponenten führt zu dem Optimierungsproblem

$$\begin{aligned} \mathbf{J}_2(\mathbf{f}, \mathbf{w}) &= \frac{\hat{\mathbf{h}}^g}{2} \sum_{i=1}^K \|\mathbf{A}_i \mathbf{T}_{\mathbf{w}_i} \mathbf{f} - \mathbf{g}_i\|_2^2 \\ &+ \alpha\mathcal{R}(\mathbf{f}) \rightarrow \min \quad \text{u.d.N. } \mathbf{f} \geq 0 \end{aligned} \quad (6.2)$$

mit \mathbf{A}_i als Teil der Projektionsmatrix \mathbf{A} passend zu dem Bewegungsabschnitt \mathbf{g}_i .

An dieser Stelle ist anzumerken, dass (6.2) angelehnt ist an die Super-Resolutions-Thematik [31, 32, 84], bei der aus mehreren Bildern mit geringer Auflösung ein Bild mit hoher Auflösung gewonnen wird. Ebenso sei erwähnt, dass das Konzept aus (6.2), Rekonstruktion und Bewegungskorrektur zu kombinieren, in [93] vorgestellt wird.

Eine bewegungskorrigierte Rekonstruktion kann nun durch das Lösen von (6.2) berechnet werden, wobei die Zeitpunkte aller Bewegungen als Vorwissen eingehen. Allerdings sind die Bewegungszeitpunkte normalerweise vorab nicht bekannt. Die Anwendbarkeit von (6.2) zur Bewegungskorrektur ist dadurch aber nicht eingeschränkt. In Abschnitt 6.3 wird gezeigt, dass es möglich ist, auch ohne dieses Vorwissen eine bewegungskorrigierte Rekonstruktion zu berechnen. Liegen die Informationen für die Bewegungszeitpunkte nicht vor, wird angenommen, dass jede

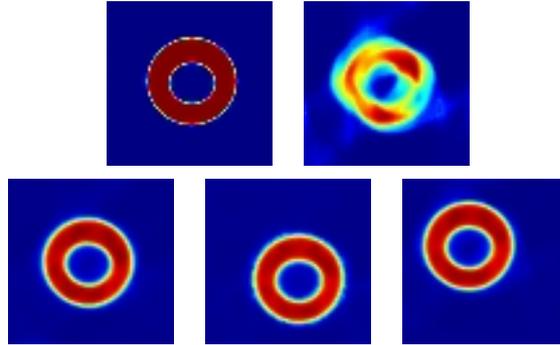


Abbildung 6.1: Eine SPECT-Aufnahme eines akademischen Beispiels (oben links) wird durch eine Bewegung gestört und rekonstruiert (oben rechts). Die zweite Zeile zeigt drei Ergebnisse der CRMC-Methode, gerechnet mit verschiedenen Startwerten für \mathbf{w} .

Projektion zu einer neuen Objektposition gehört.

Eine weitergehende Betrachtung von (6.2) zeigt, dass durch das Hinzufügen des Korrekturterms für (6.2) möglicherweise mehrere Lösungen existieren. Abbildung 6.1 illustriert dieses Problem. Dazu wird eine SPECT-Aufnahme mit 60 Projektionen von einem akademischen Beispiel simuliert, die nach 30 Projektionen durch eine rigide Bewegung gestört wird. Mit der Bewegungsinformation und einem rigiden Bewegungsmodell für \mathbf{T} wird dreimal eine Lösung von (6.2) berechnet, wobei jeweils ein anderer Startwert für \mathbf{w} gewählt wird. Es ist in allen drei Ergebnissen zu sehen, dass die Struktur des Testobjekts rekonstruiert werden konnte. Allerdings ist die Position des Objektes im Bild abhängig vom Startwert. Zur Beseitigung dieser Abhängigkeit wird eine Regularisierung der Bewegungsparameter \mathbf{w} eingeführt, wodurch eine Position des Objektes allen anderen möglichen Positionen vorgezogen wird. Dies führt zu dem Optimierungsproblem

$$\begin{aligned} \mathbf{J}_3(\mathbf{f}, \mathbf{w}) &= \frac{\hat{\mathbf{h}}^g}{2} \sum_{i=1}^K \|\mathbf{A}_i \mathbf{T}_{\mathbf{w}_i} \mathbf{f} - \mathbf{g}_i\|_2^2 \\ &+ \alpha \mathcal{R}_1(\mathbf{f}) + \beta \mathcal{R}_2(\mathbf{w}) \rightarrow \min \quad \text{u.d.N. } \mathbf{f} \geq 0 \end{aligned} \quad (6.3)$$

mit den Regularisierern \mathcal{R}_1 (Rekonstruktion) und \mathcal{R}_2 (Bewegungskorrektur), deren Einfluss durch die Parameter $\alpha \in \mathbb{R}^+$ und $\beta \in \mathbb{R}^+$ gesteuert wird.

Bevor (6.3) zur Berechnung einer bewegungskorrigierten Rekonstruktion eingesetzt werden kann, müssen ein Bewegungsmodell und ein Regularisierer, passend zu den Bilddaten und dem Bewegungsmodell, gewählt werden. Mögliche Modelle sind lineare oder nicht-lineare Transformationen. Auf Grund der Komplexität des nicht-linearen Bewegungsmodells (siehe Abschnitt 4.3.1) wird im Folgenden ein

rigides Bewegungsmodell benutzt. Der Regularisierer für die Rekonstruktion wird gewählt als

$$\mathcal{R}_1(\mathbf{f}) = \frac{\hat{\mathbf{h}}^f}{2} \sum_{j=1}^d \|\mathbf{B}_j \mathbf{f}\|_2^2, \quad (6.4)$$

wobei d die Dimension des Bildes (typischerweise 2 oder 3) ist und \mathbf{B}_j eine Matrix, die die erste Ableitung in die j -te Bildrichtung über finite Differenzen approximiert (siehe Abschnitt 3.3.4). Diese Wahl bevorzugt glatte Bilder. Gleichzeitig ist eine Vorfilterung der SPECT-Daten zur Entrauschung nicht mehr notwendig. Abhängig vom Rauschanteil in den Daten kann ein hoher oder niedriger Wert für α gesetzt werden (siehe Abschnitt 3.3.4). Anzumerken ist hier, dass jeder aus der Literatur bekannte Regularisierer denkbar ist, zum Beispiel der Total Variation Glätter [106], der in der Bildverarbeitung weit verbreitet ist. Letztendlich geben die guten Erfahrungen mit 6.4 den Ausschlag für die Wahl dieses Regularisierers.

Nach der Entscheidung für \mathcal{R}_1 fehlt noch, passend zum rigiden Bewegungsmodell, der Regularisierer \mathcal{R}_2 . Dieser wird definiert als

$$\mathcal{R}_2(\mathbf{w}) = \frac{1}{2} \left\| \frac{1}{K} \sum_{i=1}^K \mathbf{w}_i \right\|_2^2, \quad (6.5)$$

wobei \mathbf{w}_i die Parameter enthält, die für eine rigide Transformation in die i -te Objektposition benötigt werden. Dadurch wird eine Position des Objektes im Bild bevorzugt, die einer Mittelung der K Objektpositionen während der SPECT-Aufnahme entspricht. Eine Translation des Objektes an eine andere Position, was als Offset auf die Translationsparameter interpretiert werden kann, erhöht den Mittelwert und somit auch den Funktionswert von (6.3). Die Stärke dieses Regularisierers ist es, dass nicht die gesuchten Bewegungsparameter bestraft werden, sondern nur ein Offset auf diese Parameter. Die Wahl von β wird dadurch vereinfacht, da immer ein hoher Wert benutzt werden kann. Es ist auch denkbar, \mathcal{R}_2 nicht als Regularisierer, gesteuert über β , zu verwenden, sondern wie $\mathbf{f} \geq 0$ als Nebenbedingung über $\mathcal{R}_2 = 0$ in das Optimierungsproblem einzubinden.

Zur Verdeutlichung der Wirkung des neuen Regularisierers werden die drei Beispiele, bekannt aus Abbildung 6.1, mit dem neuen Term (6.5) wiederholt, wobei $\beta = 10^7$ gesetzt wird. Das Ergebnis der CRMC-Methode ist jetzt nicht länger von der Wahl des Startwerts \mathbf{w} abhängig, wie in Abbildung 6.2 zu sehen ist. Die Verwendung des Regularisierers (6.5) in diesem Zusammenhang ist neu. Zusammenfassend ergibt sich nach der Definition aller Terme in (6.3) das Optimierungs-

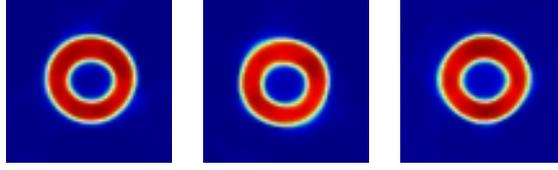


Abbildung 6.2: CRMC-Ergebnisse mit Regularisierung der Bewegungsparameter ($\beta = 10^7$) für die drei Beispiele, die in Abbildung 6.1 präsentiert werden.

problem

$$\begin{aligned}
 J_4(\mathbf{f}, \mathbf{w}) &= \frac{\hat{\mathbf{h}}^g}{2} \sum_{i=1}^K \|\mathbf{A}_i \mathbf{T}_{\mathbf{w}_i} \mathbf{f} - \mathbf{g}_i\|_2^2 \\
 &+ \frac{\alpha \hat{\mathbf{h}}^f}{2} \sum_{j=1}^d \|\mathbf{B}_j \mathbf{f}\|_2^2 + \frac{\beta}{2} \left\| \frac{1}{K} \sum_{i=1}^K \mathbf{w}_i \right\|_2^2 \rightarrow \min \quad \text{u.d.N. } \mathbf{f} \geq 0.
 \end{aligned} \tag{6.6}$$

6.2 Umsetzung

Bei (6.6) handelt es sich um ein hochdimensionales Optimierungsproblem. Abhängig von der Diskretisierung und der Anzahl der Bewegungsabschnitte müssen 262.144 bis 2.097.552 Variablen bestimmt werden. Dabei sind hier zwei Arten von Unbekannten zu unterscheiden. Zum einen die Bildwerte in \mathbf{f} und zum anderen die Bewegungsparameter in \mathbf{w} . Dabei sind in der Regel die Bildwerte, die den größten Teil der Unbekannten ausmachen (64^3 oder 128^3), einfacher zu bestimmen, da die alleinige Bestimmung der Bildwerte ein lineares Optimierungsproblem darstellt, während die Bewegungsparameter auf ein nicht-lineares Optimierungsproblem führen. Zusätzlich wird die Optimierung durch die Nebenbedingung erschwert. Eine Möglichkeit zur Auflösung der Nebenbedingung $\mathbf{f} \geq 0$ ist die Substitution $\mathbf{f} = e^{\mathbf{z}}$ [47, 78]. Hierbei ist zu beachten, dass für alle \mathbf{z} die Ungleichung $e^{\mathbf{z}} > 0$ gilt, wodurch der Fall $\mathbf{f} = 0$ nicht abgedeckt ist. In der Praxis ist dies nicht hinderlich, da für große negative Werte von \mathbf{z} Werte nahe der Null angenommen werden. Die Substitution der Nebenbedingung führt auf das Optimierungsproblem

$$\begin{aligned}
 J_5(\mathbf{z}, \mathbf{w}) &= \frac{\hat{\mathbf{h}}^g}{2} \sum_{i=1}^K \|\mathbf{A}_i \mathbf{T}_{\mathbf{w}_i} e^{\mathbf{z}} - \mathbf{g}_i\|_2^2 \\
 &+ \frac{\alpha \hat{\mathbf{h}}^f}{2} \sum_{j=1}^d \|\mathbf{B}_j e^{\mathbf{z}}\|_2^2 + \frac{\beta}{2} \left\| \frac{1}{K} \sum_{i=1}^K \mathbf{w}_i \right\|_2^2 \rightarrow \min.
 \end{aligned} \tag{6.7}$$

Bevor die Suche nach einem Minimum von (6.7) angegangen wird, folgt zuerst ein Blick auf die Komponente $\mathbf{T}_{\mathbf{w}_i}$. Als parametrisches Transformationsmodell wird die rigide Transformation gewählt. Im 2D wird sie durch 3 Parameter (1 Rotation,

2 Translationen) und im 3D durch 6 Parameter (3 Rotationen, 3 Translationen) beschrieben. Zur besseren Übersichtlichkeit wird der 2D-Fall behandelt, die Vorgehensweise ist direkt auf den 3D-Fall übertragbar.

6.2.1 Transformation

Mit Blick auf die Diskretisierung (siehe Abschnitt 3.3.1) werden die Bildwerte nur an endlich vielen Punkten benötigt. Das transformierte Bild (Template $f_{\mathbf{w}}$) soll dabei ebenso diskretisiert vorliegen wie das Originalbild (Referenz f).

Für die Berechnung der Bildwerte gibt es zwei Modelle. Im ersten Modell wird berechnet, wohin ein Bildpunkt der Referenz im Template abgebildet wird, um anschließend den Bildwert entsprechend einem Interpolationsmodell auf die Bildpunkte im Template zu verteilen. Das zweite Modell dreht diesen Vorgang um. Es wird berechnet, woher ein Bildpunkt des Templates aus dem Original stammt. Der Bildwert für das Template wird anschließend über die Bildwerte in der Referenz, gesteuert durch ein Interpolationsmodell, ermittelt. In dieser Arbeit wird das zweite Modell benutzt, wodurch in (6.7) rigide Transformationen gesucht werden, die beschreiben, woher die Bildwerte des Templates kommen.

Das rigide Bewegungsmodell mit den Parametern \mathbf{w} hierzu ist

$$\begin{pmatrix} x \\ y \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos(w_1) & \sin(w_1) \\ -\sin(w_1) & \cos(w_1) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{x} \\ \hat{y} \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} w_2 \\ w_3 \end{pmatrix}. \quad (6.8)$$

Dabei ist (\hat{x}, \hat{y}) die Koordinate eines Pixels des Templates in Ω_f , dessen Bildwert durch den Bildwert der Referenz an der Koordinate (x, y) bestimmt wird. Hierbei wird der Rotationsparameter w_1 in Grad angegeben. Die Translationsparameter w_2 und w_3 beschreiben eine Translation bezüglich der Abmaße des Bildbereichs Ω_f . Unter Berücksichtigung der gewählten bi-linearen (im 3D tri-linear) Interpolation gilt für die Auswertung von f an einer beliebigen Koordinate (x, y)

$$\begin{aligned} f(x, y) = & \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor, \lfloor y \rfloor) \quad (\lfloor x \rfloor + 1 - x) (\lfloor y \rfloor + 1 - y) \\ & + \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor + 1, \lfloor y \rfloor) \quad (x - \lfloor x \rfloor) \quad (\lfloor y \rfloor + 1 - y) \\ & + \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor, \lfloor y \rfloor + 1) \quad (\lfloor x \rfloor + 1 - x) (y - \lfloor y \rfloor) \\ & + \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor + 1, \lfloor y \rfloor + 1) (x - \lfloor x \rfloor) \quad (y - \lfloor y \rfloor), \end{aligned} \quad (6.9)$$

unter der Annahme, dass die Koordinaten der Diskretisierung von f aus \mathbb{Z} sind und $\lfloor v \rfloor \in \mathbb{Z}$ mit $v - 1 < \lfloor v \rfloor \leq v$ ist.

Durch die rigide Transformation und das Interpolationsmodell kann nun eine Transformationsmatrix $\mathbf{T}_{\mathbf{w}}$ aufgebaut werden, indem die Interpolationsgewichte aus (6.9) in die Matrix $\mathbf{T}_{\mathbf{w}}$ eingetragen werden, so dass

$$\mathbf{f}_{\mathbf{w}} = \mathbf{T}_{\mathbf{w}} \mathbf{f} \quad (6.10)$$

gilt.

6.2.2 Optimierung

Zur Berechnung eines Minimums von (6.7) existiert umfangreiche Literatur. In dieser Arbeit fällt die Wahl auf ein Quasi-Newton-Verfahren [82]. Der Vorteil einer Quasi-Newton-Methode ist ihre lokale super-lineare Konvergenz. Liegt das aktuelle Zwischenergebnis nahe einer Lösung, so konvergiert sie super-linear gegen diese Lösung. Diese Methode erhält den Vorzug vor der Newton-Methode, da sie neben der ersten Ableitung von (6.7) nicht die zweite Ableitung, sondern nur eine Approximation an diese verwendet. Die Verwendung der zweiten Ableitung ist ein Nachteil des Newton-Verfahrens, da die Berechnung der Hessematrix für den Datenanteil in (6.7) zeitaufwändig und durch die Datenlage bei SPECT-Aufnahmen unsicher ist.

Voraussetzung für den Einsatz einer Quasi-Newton-Methode ist, dass die zu minimierende Funktion differenzierbar ist. Diese Bedingung ist durch die Wahl der tri-linearen Interpolation nicht überall für (6.7) erfüllt. Eine Lösung dieses Problems wäre die Verwendung eines anderen überall differenzierbaren Interpolationsschemas. Trotzdem wird die tri-lineare Interpolation verwendet, da im Gegensatz zu anderen Interpolationsmethoden weniger Rechenzeit für die Auswertung notwendig und das Konvergenzverhalten der Quasi-Newton-Methode weiterhin akzeptabel ist.

Seien nun (\mathbf{z}, \mathbf{w}) die aktuellen Parameter und $J_5(\mathbf{z}, \mathbf{w})$ der aktuelle Funktionswert. Eine Aktualisierung der Parameter wird dann über

1. Bestimme eine Suchrichtung $(\mathbf{z}_u, \mathbf{w}_u)$
2. Bestimme eine Schrittweite λ mit $J_5(\mathbf{z}, \mathbf{w}) > J_5\left((\mathbf{z}, \mathbf{w}) + \lambda(\mathbf{z}_u, \mathbf{w}_u)\right)$
3. Aktualisiere $(\mathbf{z}, \mathbf{w}) = (\mathbf{z}, \mathbf{w}) + \lambda(\mathbf{z}_u, \mathbf{w}_u)$

berechnet. Dafür werden der Gradient $\nabla J(\mathbf{z}, \mathbf{w})$ und eine Approximation an die Hessematrix $\nabla^2 J(\mathbf{z}, \mathbf{w})$ von (6.7) benötigt. Für den Gradienten gilt

$$\nabla J_5(\mathbf{z}, \mathbf{w}) = \begin{pmatrix} \hat{\mathbf{h}}^g \sum_{i=1}^K \mathbf{D}(e^{\mathbf{z}}) \mathbf{T}_i^T \mathbf{A}_i^T (\mathbf{A}_i \mathbf{T}_i e^{\mathbf{z}} - \mathbf{g}_i) + \alpha \hat{\mathbf{h}}^f \sum_{j=1}^d \mathbf{D}(e^{\mathbf{z}}) \mathbf{B}_j^T \mathbf{B}_j e^{\mathbf{z}} \\ \hat{\mathbf{h}}^g \sum_{i=1}^K \mathbf{d}\mathbf{T}_i^T \mathbf{A}_i^T (\mathbf{A}_i \mathbf{T}_i e^{\mathbf{z}} - \mathbf{g}_i) + \frac{\beta}{K^2} \sum_{i=1}^K \mathbf{w}_i \end{pmatrix} \quad (6.11)$$

mit der Diagonalmatrix $\mathbf{D}(\cdot)$, $\mathbf{T}_i = \mathbf{T}_{\mathbf{w}_i}$ und $\mathbf{d}\mathbf{T}_i$ als Ableitung von f_w nach \mathbf{w}_i

6 Kombinierte Bildrekonstruktion und Bewegungskorrektur

an allen Koordinaten (\hat{x}, \hat{y}) der Diskretisierung von f_w . Für die Ableitung gilt

$$\begin{aligned} \frac{d}{d\mathbf{w}} f_w(\hat{x}, \hat{y}) &= \frac{d}{d\mathbf{w}} f(x, y) \\ &= \begin{pmatrix} \partial_y f(x, y) (\cos(w_1)x - \sin(w_1)y) - \partial_x f(x, y) (\sin(w_1)x + \cos(w_1)y) \\ \partial_x f(x, y) \\ \partial_y f(x, y) \end{pmatrix} \end{aligned}$$

mit

$$\begin{aligned} \partial_x f(x, y) &= -\mathbf{f}(\lfloor x \rfloor, \lfloor y \rfloor) && (\lfloor y \rfloor + 1 - y) \\ &+ \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor + 1, \lfloor y \rfloor) && (\lfloor y \rfloor + 1 - y) \\ &- \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor, \lfloor y \rfloor + 1) && (y - \lfloor y \rfloor) \\ &+ \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor + 1, \lfloor y \rfloor + 1) && (y - \lfloor y \rfloor) \end{aligned}$$

und

$$\begin{aligned} \partial_y f(x, y) &= -\mathbf{f}(\lfloor x \rfloor, \lfloor y \rfloor) && (\lfloor x \rfloor + 1 - x) \\ &- \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor + 1, \lfloor y \rfloor) && (x - \lfloor x \rfloor) \\ &+ \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor, \lfloor y \rfloor + 1) && (\lfloor x \rfloor + 1 - x) \\ &+ \mathbf{f}(\lfloor x \rfloor + 1, \lfloor y \rfloor + 1) && (x - \lfloor x \rfloor). \end{aligned}$$

Zur Approximation der Hessematrix wird (6.7) in zwei Teile aufgespalten. In einen Datenteil, in dem die gemessenen SPECT-Daten verwendet werden, und einen Regularisierungsteil, in dem \mathcal{R}_1 und \mathcal{R}_2 zusammengefasst werden. Vom Datenteil wird auf Grund der SPECT-Daten nicht die zweite Ableitung sondern die Jacobische verwendet. Bei dem Regularisierungsteil hingegen wird die zweite Ableitung genommen, da diese einfach zu berechnen ist und die Regularisierer unabhängig von der Datenlage sind. Für die Jacobische des Datenanteils gilt

$$\mathbf{L}(\mathbf{z}, \mathbf{w}) = \sqrt{\hat{\mathbf{h}}^g} \begin{pmatrix} \mathbf{A}_1 \mathbf{T}_1 \mathbf{D}(e^{\mathbf{z}}) & \mathbf{A}_1 \mathbf{d} \mathbf{T}_1 & & 0 \\ \vdots & & \ddots & \\ \mathbf{A}_K \mathbf{T}_K \mathbf{D}(e^{\mathbf{z}}) & 0 & & \mathbf{A}_K \mathbf{d} \mathbf{T}_K \end{pmatrix}. \quad (6.12)$$

Die zweite Ableitung des Regularisierungsteils ist

$$\hat{\mathbf{L}}(\mathbf{z}, \mathbf{w}) = \begin{pmatrix} \alpha \hat{\mathbf{h}}^f \sum_{j=1}^d \mathbf{D}(e^{\mathbf{z}}) \mathbf{B}_j^T \mathbf{B}_j \mathbf{D}(e^{\mathbf{z}}) & 0 \\ 0 & \frac{\beta}{K^2} \mathbf{W} \end{pmatrix} \quad (6.13)$$

mit der Matrix \mathbf{W} , die auf der Hauptdiagonalen und jeder 3. Nebendiagonalen mit Einsen besetzt ist. Die Approximation der Hessematrix von (6.7) erfolgt mit (6.12) und (6.13) über

$$\mathbf{H} = \mathbf{L}^T \mathbf{L} + \hat{\mathbf{L}}. \quad (6.14)$$

Die Berechnung einer Suchrichtung $(\mathbf{z}_u, \mathbf{w}_u)$ erfolgt anschließend durch die Lösung des linearen Gleichungssystems

$$\mathbf{H}(\mathbf{z}, \mathbf{w}) \begin{pmatrix} \mathbf{z}_u \\ \mathbf{w}_u \end{pmatrix} = -\nabla \mathbf{J}_5(\mathbf{z}, \mathbf{w}). \quad (6.15)$$

Zur Lösung des Gleichungssystems (6.15) sind in der Literatur (siehe [25]) zwei Zugänge beschrieben. Vorgeschlagen werden ein gekoppelter und ein entkoppelter Ansatz. Im gekoppelten Ansatz wird in jedem Iterationsschritt (6.15) gelöst. Im entkoppelten Ansatz werden in jedem Iterationsschritt nacheinander Aufdatierungen für \mathbf{z} und \mathbf{w} bestimmt, indem der Gradient und \mathbf{H} in (6.15) in zwei Gleichungssysteme aufgespalten werden. In beiden Fällen werden in dieser Arbeit die linearen Gleichungssysteme durch ein CG Verfahren [82] gelöst. Anschließend wird die Aufdatierung mit Hilfe eines Linesearch mit Goldstein-Bedingungen [82] durchgeführt. Auf die Frage, ob ein gekoppelter oder entkoppelter Ansatz benutzt werden sollte, wird in Abschnitt 6.3 eingegangen.

6.2.3 Multi-Level-Ansatz

Wie in Abschnitt 6.2.2 erwähnt, wird durch die Optimierung ein Minimum der Zielfunktion, das durch eine Nullstelle in der Ableitung erkennbar ist, bestimmt. Dies muss aber nicht das globale Minimum sein (siehe Abbildung 6.3 Level 0). Es besteht die Gefahr, dass durch die schlechte Wahl des Startwerts die Optimierung in einem lokalen Minimum endet. Zudem weist ein Quasi-Newton-Verfahren nur eine lokale super-lineare Konvergenz auf. Ist der Startwert des Verfahrens nicht in der Nähe einer Lösung, konvergiert das Verfahren gar nicht oder nur langsam. Ein guter Startwert nahe der Lösung ist also notwendig. Eine Möglichkeit zur Startwertgenerierung ist die Verwendung eines Multi-Level-Schemas. Dazu werden verschiedene Diskretisierungen von Ω_g und Ω_f benutzt. Die Idee ist, auf einer groben Diskretisierung ein Bild \mathbf{f}_h zu rekonstruieren und dieses als Startwert einer feineren Diskretisierung zu benutzen. So kann die lokal quadratische Konvergenz eines Newton-Verfahrens nahe einer Lösung ausgenutzt werden, wodurch auf feinen Diskretisierungen nur wenige Iterationsschritte notwendig sind. Später wird genauer beschrieben, wie in diesem Schema von einer feinen Diskretisierung zu einer groben Diskretisierung und umgekehrt gewechselt wird. Zur Demonstration der Vorteile eines Multi-Level-Schemas wird zunächst ein Beispiel vorgestellt, in dem eine Translation zwischen zwei Bildern gesucht wird. Die Bilder werden geglättet und anschließend über eine gröbere Diskretisierung repräsentiert. Eine Glättung ist auf Grund des Abtasttheorems [54] sinnvoll, da durch eine gröbere Diskretisierung hohe Frequenzanteile in der Zielfunktion nicht mehr korrekt dargestellt werden könnten. Die Entfernung der hochfrequenten Bildanteile vereinfacht ebenso einen ersten groben Abgleich der Bilder, was an dem geglätteten Verlauf der Zielfunktion deutlich wird. Dadurch kann auch die Anzahl von Nebenminima in der Zielfunktion verringert werden. Die Bilder auf den unterschied-

lichen Leveln und die Zielfunktion für die Translation sind in Abbildung 6.3 zu sehen. Die Levels sind absteigend nummeriert. Level 0 ist die Zieldiskretisierung. Von Level i zu Level $(i - 1)$ wird die Anzahl der Pixel in jeder Bilddimension um den Faktor 2 reduziert. Die Lösung des Optimierungsproblems ist auf Level i

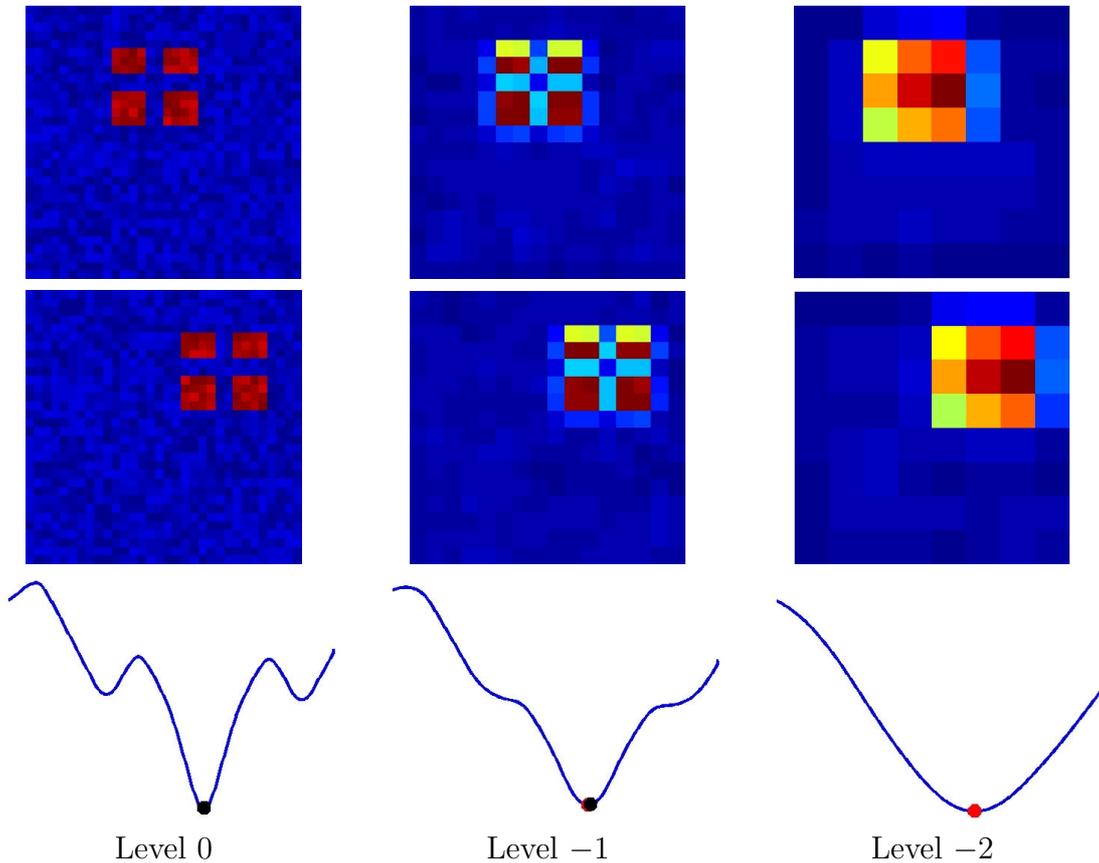


Abbildung 6.3: Beispiel für einen Multi-Level-Ansatz zur Bestimmung der Translation zwischen einem Referenzbild (1. Zeile) und einem Templatebild (2. Zeile). Die Zielfunktion auf den jeweiligen Levels ist in der 3. Zeile dargestellt.

als roter Punkt, der Startwert von Level $(i - 1)$ als schwarzer Punkt eingezeichnet. Es ist zu sehen, dass der Startwert jeweils dicht am Minimum des aktuellen Levels liegt (die Punkte sind nicht unterscheidbar), wodurch nur wenige Schritte zum Erreichen des Minimums notwendig sind. Abschließend ist zu erwähnen, dass durch ein Multi-Level-Schema schneller ein Minimum gefunden werden kann. Eine Garantie zur Auffindung des globalen Minimums gibt es aber nicht. Allerdings ist die Wahrscheinlichkeit, das globale Minimum zu finden, höher als ohne Multi-Level-Schema.

Das in Abbildung 6.3 gezeigte Prinzip wird auf die kombinierte Rekonstruktion und Bewegungskorrektur übertragen. Entsprechend der Diskretisierung des Auf-

nahmebereichs Ω_f wird die Auflösung des Detektorbereichs Ω_g angepasst. Das Ergebnis des $(i - 1)$ -sten Levels soll als Startwert für Level i benutzt werden. Dazu muss die Frage beantwortet werden, wie die Wirkungsweise der Operatoren von Level 0 auf alle größeren Levels übertragen wird. Zwei verschiedene Varianten eines Multi-Level-Ansatzes werden hier betrachtet. Die erste Möglichkeit ist, die Projektionsmatrix \mathbf{A}_h für jede Diskretisierung, entsprechend Abschnitt 3.3.1, zu generieren und dem Level entsprechend in (6.7) zu nutzen. Die Projektionsdaten für den größeren Level werden durch

$$\mathbf{g}_{2h} = \mathbf{D}_{h \rightarrow 2h}^g \mathbf{g}_h \quad (6.16)$$

erzeugt. Die Matrix $\mathbf{D}_{h \rightarrow 2h}^g$, auf deren Aufbau später eingegangen wird, enthält dabei die Informationen für einen Wechsel zwischen der feinen und groben Diskretisierung der Projektionen. Das Bild \mathbf{f}_h muss nicht auf eine gröbere Auflösung gebracht werden, da das grobe Level zur Generierung eines Startwerts benutzt wird. Die Übertragung des Startwerts vom groben zum feinen Level wird über

$$\mathbf{f}_h = \mathbf{U}_{2h \rightarrow h}^f \mathbf{f}_{2h} \quad (6.17)$$

realisiert. Die Informationen hierzu sind in der Matrix $\mathbf{U}_{2h \rightarrow h}^f$ gesammelt, auf die später eingegangen wird. Die Parameter der rigiden Transformation müssen bei einem Levelwechsel nicht verändert werden, da sie bezüglich des Bildbereichs definiert sind, der unabhängig von der Diskretisierung ist.

Die zweite Möglichkeit ist, ausgehend von der Matrix auf dem feinsten Level die Projektionsmatrizen für die größeren Levels zu erzeugen. Die Idee ist dabei, möglichst viele Informationen über das Originalproblem auf jedem Level zu haben. Zur Vereinfachung wird nun nur die Rekonstruktion betrachtet. Gesucht ist eine Lösung

$$\mathbf{A}_h \mathbf{f}_h = \mathbf{g}_h \quad (6.18)$$

für Level i über eine der in Kapitel 3 beschriebenen Methoden. Zur Generierung eines Startwerts für diesen Level wird auf Level $(i - 1)$

$$\mathbf{D}_{h \rightarrow 2h}^g \mathbf{A}_h \mathbf{f}_h = \mathbf{D}_{h \rightarrow 2h}^g \mathbf{g}_h \quad (6.19)$$

betrachtet. Wie bei den Projektionen wird auf einer größeren Diskretisierung des Bildes gearbeitet, was schließlich zu

$$\mathbf{D}_{h \rightarrow 2h}^g \mathbf{A}_h \mathbf{U}_{2h \rightarrow h}^f \mathbf{D}_{h \rightarrow 2h}^f \mathbf{f}_h = \mathbf{D}_{h \rightarrow 2h}^g \mathbf{g}_h \quad (6.20)$$

führt, mit $\mathbf{U}_{2h \rightarrow h}^f$ und $\mathbf{D}_{2h \rightarrow h}^f$ zum Levelwechsel der Diskretisierung des Bildes. Damit ergibt sich für den $(i - 1)$ -sten Level die Projektionsmatrix

$$\mathbf{A}_{2h} = \mathbf{D}_{h \rightarrow 2h}^g \mathbf{A}_h \mathbf{U}_{2h \rightarrow h}^f. \quad (6.21)$$

6 Kombinierte Bildrekonstruktion und Bewegungskorrektur

Die Levelwechsel der Projektionsdaten und des Bildes sind über (6.16) und (6.17) gegeben.

Abschließend bleibt zu klären, wie die Matrizen \mathbf{D}^g , \mathbf{D}^f und \mathbf{U}^f gewählt werden. Wie im Beispiel gezeigt (siehe Abbildung 6.3), sollten die Operatoren eine Glättung beinhalten. Die Glättung ist aus der Multigrid-Theorie [15, 99] motiviert, mit der Begründung, dass durch die Glättung weiterhin globale Bildinformationen in dem grob aufgelösten Bild vorhanden sind. Der Grauwert der Bilder ist unabhängig vom Level im Zentrum eines Pixels positioniert (siehe Abschnitt 3.3.1). Unabhängig von der Dimension der Daten (1D, 2D oder 3D) kann der Levelwechsel nacheinander in jeder Dimension einzeln durchgeführt werden. An dem Wechsel von Level i zu Level $(i - 1)$ (\mathbf{D}^g , \mathbf{D}^f) sind jeweils 4 Pixel/Voxel beteiligt, wobei die Bildwerte der einzelnen Pixel/Voxel mit $[\frac{1}{8}, \frac{3}{8}, \frac{3}{8}, \frac{1}{8}]$ gewichtet werden. Die Gewichte, aus welchen Pixeln der feinen Diskretisierung (Spalten) die grobe Diskretisierung (Zeilen) zusammengesetzt ist, werden in die Matrix \mathbf{D}^g bzw. \mathbf{D}^f eingetragen. Die Art und Weise der Gewichtung des Levelwechsels sorgt dafür, dass die Summe aller Bildwerte, multipliziert mit den Abmaßen \mathbf{h}_f eines Pixels gleich bleibt. Das Prinzip ist in Abbildung 6.4 skizziert. Bildwerte, die außerhalb

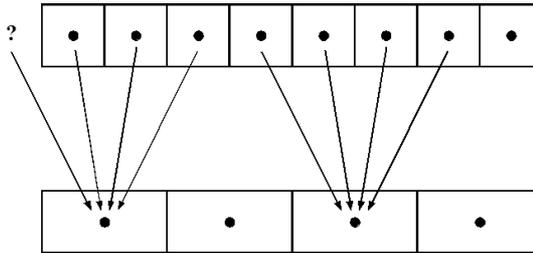
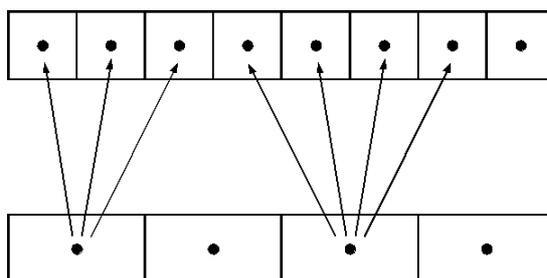


Abbildung 6.4: Skizze für den Wechsel von Level i zu Level $(i - 1)$.

des diskretisierten Bereichs liegen, werden als Null angenommen. Diese Art der Glättung wird zum Levelwechsel im Beispiel aus Abbildung 6.3 benutzt. Passend zu dem Wechsel auf einen größeren Level wird der Wechsel von Level $(i - 1)$ zu Level i (\mathbf{U}^f) über $[\frac{1}{4}, \frac{3}{4}, \frac{3}{4}, \frac{1}{4}]$ realisiert (siehe [15, 99]). Die Gewichte, aus welchen Pixeln der groben Diskretisierung (Spalten) die feine Diskretisierung (Zeilen) zusammengesetzt ist, werden in die Matrix \mathbf{U}^f eingetragen. Bei dieser gewichteten Verteilung eines Bildwertes von Level $(i - 1)$ auf 4 Pixel von Level i bleibt wieder die Summe aller Bildwerte multipliziert mit \mathbf{h}_f erhalten. Eine Skizze zu dem Vorgang wird in Abbildung 6.5 präsentiert.

6.2.4 Zusammenfassung

Nachdem alle Bausteine eines Multi-Level-Ansatzes in Abschnitt 6.2.3 vorgestellt wurden, bleibt noch zu klären, welche der beschriebenen Varianten zur Gene-

Abbildung 6.5: Skizze für den Wechsel von Level $(i - 1)$ zu Level i .

rierung der Projektionsmatrix \mathbf{A}_h des jeweiligen Levels eingesetzt werden soll. Ebenso bleibt zu klären, was zur Berechnung eines Minimums von (6.7) praktikabler ist: die Verwendung eines gekoppelten oder entkoppelten Ansatzes (siehe Abschnitt 6.2.2). Insgesamt kann zwischen vier verschiedenen Umsetzungsmöglichkeiten

1. Gekoppelter Ansatz + generiere \mathbf{A} auf jedem Level
2. Gekoppelter Ansatz + generiere \mathbf{A} nach (6.21)
3. Entkoppelter Ansatz + generiere \mathbf{A} auf jedem Level
4. Entkoppelter Ansatz + generiere \mathbf{A} nach (6.21)

gewählt werden.

6.3 Ergebnisse

Bevor die Frage geklärt wird, welche der vier möglichen Umsetzungen verwendet werden sollte, wird vorher die Leistungsfähigkeit des neuen CRMC-Ansatzes mit dem DDMC-Ansatz verglichen. Alle dazu benutzten Programme sind in Matlab implementiert. Zum Test werden rigide Bewegungen während einer SPECT-Aufnahme simuliert. Für den ersten Test werden drei 2-dimensionale akademische Beispiele erstellt (siehe Abbildung 6.6). Jedes dieser Bilder besteht aus 64×64 Pixel. Für die Bilder wird jeweils eine SPECT-Aufnahme mit 60 Projektionen berechnet, die durch zwei abrupte Bewegungen, eine nach 20 und die andere nach 40 Projektionen, gestört wird. Die DDMC- und CRMC-Ergebnisse für alle drei Tests sind in Abbildung 6.6 dargestellt. Zusätzlich werden das normalerweise unbekannte Original und die bewegungsgestörte Rekonstruktion gezeigt. Die Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur wird durch 20 Iterationen des EM-Algorithmus (siehe Abschnitt 3.3.2) berechnet. Im DDMC-Schema werden die 3 Bewegungsabschnitte als Projektionsabschnitte für den OSEM-Algorithmus (siehe Abschnitt 3.3.3), der nach 7 Iterationen gestoppt wird, genutzt. Die Aufteilung

der SPECT-Daten in Bewegungsabschnitte ist dabei durch das Testszenario bekannt. Im Falle von klinischen Daten müssen diese Informationen zuerst durch eine Bewegungsdetektion [62, 90] gewonnen werden. Da die Informationen über die Bewegungszeitpunkte im DDMC-Ansatz verwendet werden, werden sie auch im CRMC-Ansatz benutzt. Somit ist in (6.7) bei drei Bewegungsabschnitten $K = 3$. Zur Berechnung eines Minimums von (6.7) wird, wie in Abschnitt 6.2 beschrieben, ein Multi-Level-Ansatz mit 4 Levels und [40, 20, 5, 2] Iterationen vom größten zum feinsten Level benutzt. In allen drei Berechnungen werden $\alpha = 0.01$ und $\beta = 10^6$ gesetzt. Die Festlegung von α erfolgt aus Erfahrungswerten. Die

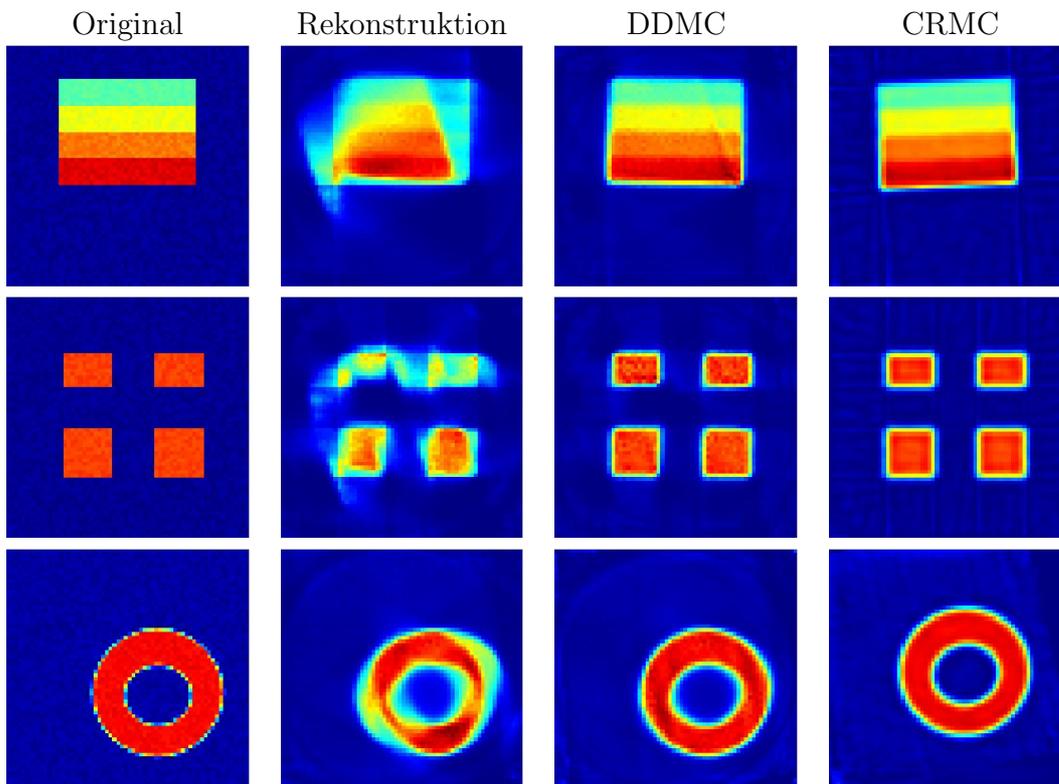


Abbildung 6.6: Die SPECT-Aufnahme von drei akademischen Beispielen (Original) wird durch abrupte Bewegungen gestört und anschließend mit dem EM-Algorithmus rekonstruiert (Rekonstruktion). Unter Verwendung des DDMC- und des CRMC-Ansatzes werden die Bewegungsartefakte kompensiert.

Ergebnisse in Abbildung 6.6 zeigen, dass der CRMC-Ansatz vergleichbar zum DDMC-Ansatz die Qualität der Rekonstruktion verbessert. Mit dem Vorwissen, wann eine Bewegung auftritt, können beide Methoden die Bewegungsartefakte kompensieren.

Ist diese Information nicht vorhanden, kann der DDMC-Ansatz nicht verwendet werden (siehe Abschnitt 4.3). Der CRMC-Ansatz hingegen kann mit der An-

nahme $K = \# \text{projections} = 60$ gestartet werden, da im schlechtesten Fall jede Projektion zu einer anderen Objektposition gehört. Sind keine Informationen zur Bewegungsdetektion verfügbar, ist dies die einzige mögliche Annahme. Der Nachteil dieser Wahl ist, dass in der Optimierung mehr Parameter bestimmt werden müssen, also die Komplexität des Problems erhöht wird. Die Testergebnisse der CRMC-Methode ohne Informationen über die Bewegungszeitpunkte sind in Abbildung 6.7 zu sehen. Auch in diesem Fall ist der CRMC-Ansatz in der Lage, die Qualität der Rekonstruktion durch die Kompensation der Bewegungsartefakte zu verbessern. Der einzige Unterschied ist eine Rotation und Translation des Objektes im Bild, da keine Informationen über die Originalposition des Objektes vorliegen. Die berechnete Position ist dabei abhängig von den Positionen während der Aufnahme und dem Einfluss des Regularisierers R_2 . Die Parameter α und β werden wie im ersten Test als $\alpha = 0.01$ und $\beta = 10^6$ gesetzt. Als

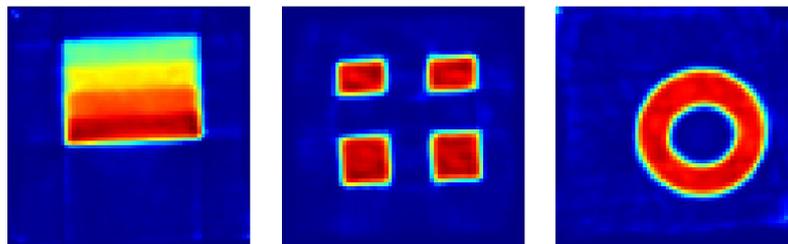


Abbildung 6.7: Bewegungskorrektur mit der CRMC-Methode für die Beispiele aus Abbildung 6.6 unter der Annahme, dass jede Projektion zu einer neuen Objektposition gehört.

Abschluss des Vergleichs zum DDMC-Schema ist in Abbildung 6.8 eine SPECT-Aufnahme zu sehen, die durch eine gleichmäßige Bewegung gestört wird. Die simulierte SPECT-Aufnahme ist in diesem Fall durch eine Translation um 0.1 bis 0.2 Pixel nach jeder Projektion gestört. Wie beim ersten Test werden in der Ab-

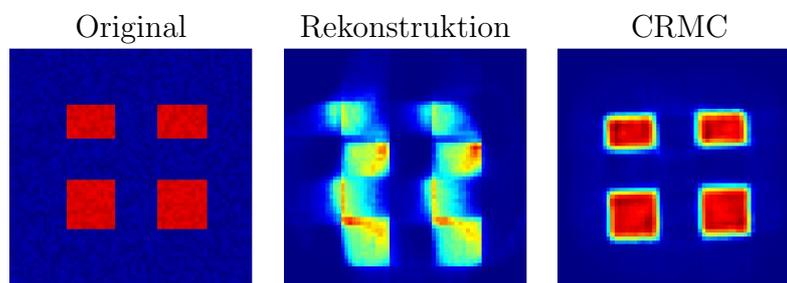


Abbildung 6.8: Eine SPECT-Aufnahme eines akademischen Beispiels (links) wird durch eine gleichmäßige Bewegung gestört und mit dem EM-Algorithmus rekonstruiert (Mitte). Unter Verwendung des CRMC-Ansatzes kann diese Bewegung korrigiert werden (rechts).

6 Kombinierte Bildrekonstruktion und Bewegungskorrektur

bildung 6.8 das Original, eine Rekonstruktion der bewegungsgestörten Aufnahme nach 20 Iterationen des EM-Algorithmus und das CRMC-Ergebnis gezeigt. Der DDMC-Ansatz kann nicht benutzt werden. Es gibt immer nur maximal eine Projektion in jedem Bewegungsabschnitt, wodurch nicht genügend Informationen für die notwendige partielle Rekonstruktion vorhanden sind. Mit dem neuen CRMC-Ansatz hingegen kann auch in diesem Fall eine Bewegungskorrektur berechnet werden. Dazu werden 4 Levels mit jeweils [40, 20, 5, 2] Iterationen verwendet. Die Regularisierungsparameter sind auf $\alpha = 0.01$ und $\beta = 10^6$ gesetzt.

Nachdem mit Hilfe der 2D-Tests die Vorteile des neuen CRMC-Schemas gegenüber dem DDMC-Schema gezeigt werden konnten, werden im nächsten Schritt ausführliche Tests mit 3D-Beispielen durchgeführt. Dazu werden zwei akademische 3D-Beispiele benutzt, die in Abbildung 6.9 zu sehen sind. Beide Phantome bestehen aus $64 \times 64 \times 64$ Voxel. Das erste Phantom weist mehrere zylindrische Körper auf, die jeweils aus einem Farbwert von 100 bestehen. Das zweite Phantom ist der aus Abschnitt 5.2 bekannte Hohlzylinder mit einem maximalen Farbwert von 255. Für eine SPECT-Aufnahme dieser Objekte werden im Folgenden immer 60 Projektionen, gleichmäßig auf 360° um das Objekt verteilt, simuliert. Die Simulation beinhaltet dabei weder Absorption noch Streuung. Insgesamt werden von jedem Phantom 21 Aufnahmen simuliert, von denen 20 durch Bewegungen gestört werden. Während jeder dieser 20 Aufnahmen werden ein bis fünf Bewe-

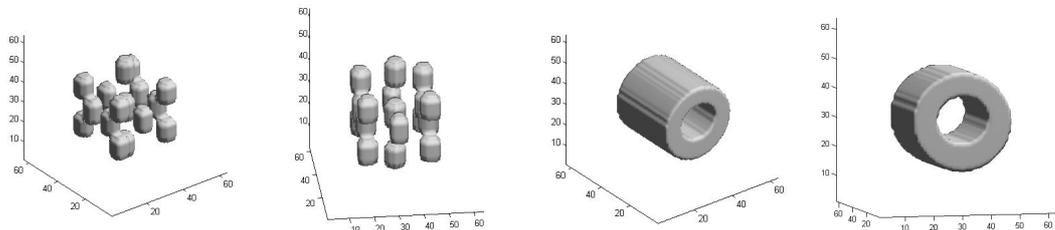


Abbildung 6.9: Zwei Ansichten der zwei akademischen 3D-Beispiele. Beide Phantome werden durch ein Volumenrendering visualisiert. Links (Phantom 1) wird dafür ein Schwellwert von 50 und rechts (Phantom 2) ein Schwellwert von 100 benutzt.

gungen durchgeführt. Dabei handelt es sich ausschließlich um rigide Bewegungen mit Rotationen im Bereich von -10° bis 10° und Translationen im Bereich von -7 Voxel bis 7 Voxel. Zur Festlegung der Anzahl der Bewegungen, der Bewegungszeitpunkte und der 6 Parameter jeder Bewegung wird der Zufallsgenerator von Matlab benutzt. Wie schon in den 2D-Tests sind alle benötigten Algorithmen in Matlab umgesetzt. Zur Berechnung einer bewegungskorrigierten Rekonstruktion mit dem CRMC-Verfahren wird ein Multi-Level-Verfahren mit 3 Levels und [20, 6, 2] Iterationen pro Level benutzt. Die Steuerungsparameter der Regularisierung werden als $\alpha = 0.01$ und $\beta = 10^6$ gesetzt.

Für die Bewertung der bewegungskorrigierten Rekonstruktion wird zuerst eine ungestörte Aufnahme der beiden Phantome mit dem CRMC-Verfahren ohne Bewegungskorrektur ($K = 1$) rekonstruiert. Ebenso wird zu Vergleichszwecken eine Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur von jeder bewegungsgestörten Aufnahme gemacht. Anschließend wird von jeder Aufnahme eine Bewegungskorrektur mit dem CRMC-Ansatz berechnet, wobei einmal die Bewegungszeitpunkte als Vorwissen eingehen und einmal angenommen wird, dass jede Projektion einer Aufnahme zu einer neuen Objektposition gehört. Alle vier Rekonstruktionen werden anschließend durch eine Bildregistrierung auf das verwendete Phantom angepasst (siehe Abschnitt 4.2.2). Nach der Registrierung wird der Fehler zwischen den Bildern mit dem Distanzmaß

$$D(\mathbf{f}^{\text{ref}}, \mathbf{f}^{\text{tmp}}) = \frac{\sum_i^N |f_i^{\text{ref}} - f_i^{\text{tmp}}|}{2 \sum_i^N f_i^{\text{ref}}} \cdot 100\% \quad (6.22)$$

berechnet (siehe Abschnitt 3.1), wobei N die Anzahl der Voxel der Bilder ist. Der Fehler kann interpretiert werden als der prozentuale Anteil der Aktivität im Aufnahmegebiet, die falsch zugeordnet wird.

Vor den ausführlichen Tests werden die vier verschiedenen Möglichkeiten zur Umsetzung der Berechnung einer Lösung von (6.7) miteinander verglichen (siehe Abschnitt 6.2.4). Folgend dem oben beschriebenen Testszenario wird jeder der vier Algorithmen mit den gleichen 2 Beispielen pro Phantom getestet. Die Ergebnisse sind in Tabelle 6.1 gesammelt. Mit jedem der vier Algorithmen kann der Einfluß

Methode	Phantom 1				Phantom 2			
	1	2	3	4	1	2	3	4
unge. Rekon.	8.53	7.96	8.53	7.96	4.99	5.24	4.99	5.24
Rekon.	48.41	48.02	48.41	48.02	35.20	34.72	35.20	34.72
CRMC+Pos	20.45	17.49	11.13	10.85	12.56	12.29	6.71	7.62
CRMC	19.51	18.92	11.29	11.70	15.24	13.53	7.20	8.76
Rekon.	48.28	47.39	48.28	47.39	28.60	28.38	28.60	28.38
CRMC+Pos	21.10	18.51	11.61	11.27	12.56	12.29	6.94	7.31
CRMC	21.20	19.33	11.45	11.57	14.87	13.07	7.60	8.95

Tabelle 6.1: Fehler in Prozent, gemessen mit (6.22), der 4 möglichen Umsetzungen (siehe Abschnitt 6.2.4) des CRMC-Ansatzes für beide Phantome aus Abbildung 6.9.

von Bewegungen während einer SPECT-Aufnahme reduziert werden. Die Algorithmen 3 und 4 (entkoppelter Ansatz) liefern dabei bessere Ergebnisse als die

6 Kombinierte Bildrekonstruktion und Bewegungskorrektur

Algorithmen 1 und 2 (gekoppelter Ansatz). Dies liegt vermutlich an den zwei unterschiedlichen Typen der zu bestimmenden Unbekannten (siehe Abschnitt 6.2). Durch die Entkopplung werden beide Typen getrennt betrachtet, wodurch eine Störung der Optimierung durch den jeweils anderen Variablentyp vermieden werden kann. Beim Vergleich von Algorithmus 3 und 4 fällt die endgültige Wahl auf Algorithmus 3. Im Test mit Phantom 1 unterscheiden sich die Ergebnisse kaum. Den Ausschlag für Algorithmus 3 geben die Ergebnisse für Phantom 2 und, dass kein Levelwechsel für die Matrix \mathbf{A} zu berechnen ist. Dies hat den Vorteil, dass bei einer Veränderung der Matrizen $\mathbf{D}_{\mathbf{h} \rightarrow 2\mathbf{h}}^{\mathbf{g}}$ und $\mathbf{U}_{2\mathbf{h} \rightarrow \mathbf{h}}^{\mathbf{f}}$ keine Neuberechnung der Matrizen $\mathbf{A}_{\mathbf{h}}$ für jeden Level notwendig ist.

Nachdem der Algorithmus feststeht, werden eine ungestörte und 20 bewegungsgestörte SPECT-Aufnahmen für jedes Phantom simuliert. Wie im Testszenario beschrieben wird anschließend von allen Aufnahmen eine Rekonstruktion ohne Bewegungskorrektur berechnet. Der nächste Schritt ist, die 40 bewegungsgestörten Aufnahmen mit dem CRMC-Verfahren zu rekonstruieren, wobei angenommen wird, dass bekannt ist, wann eine Bewegung auftritt. Die Ergebnisse werden ebenfalls mit dem Original verglichen. Wiederum werden dazu die beteiligten Bilder registriert, bevor (6.22) angewendet wird. Normalerweise stehen die Informationen für die Bewegungszeitpunkte nicht zur Verfügung. In diesem Fall kann in allen 40 Fällen die CRMC-Methode nur mit der Annahme gestartet werden, dass jede Projektion zu einer neuen Objektposition gehört. Diese Ergebnisse werden ebenfalls mit der entsprechenden bewegungsfreien Rekonstruktion verglichen. Alle gemessenen Fehlerwerte sind in Tabelle 6.2 gesammelt. Die Fehlerwerte sind im Verhältnis zum Fehler der Rekonstruktion der ungestörten Aufnahme von 8.53% beim ersten und 4.99% beim zweiten Phantom zu sehen. Die Auswertung der Ergebnisse zeigt deutliche Qualitätssteigerungen durch den CRMC-Ansatz. In allen 40 Testfällen werden die Bewegungsartefakte reduziert und die Qualität der Rekonstruktion eindrucksvoll verbessert. Für das erste Phantom wird der Fehler von 16 bis 67% auf 11 bis 12% reduziert, mit einem Ausreißer in Test 20 von 15%. Beim zweiten Phantom wird eine Reduktion von 11 bis 39% auf 6.5 bis 8% erreicht, wobei ein Ausreißer im 8. Test mit 13% auftritt. Zur Verdeutlichung der Fehlerwerte aus Tabelle 6.2 sind einige Beispiele in Abbildung 6.10 und 6.11 zu sehen. Zur Visualisierung wird ein Volumenrendering mit einem Schwellwert von 20 für das erste und 100 für das zweite Phantom benutzt. Zusätzlich wird ein 2D-Schichtbild aus dem 3D-Bild vorgestellt. Für jeden Test sind die Schichtbilder mit der gleichen Farbskala dargestellt, die durch den größten Bildwert der 3D-Bilder des Tests festgelegt wird. Die Beispiele in Abbildung 6.10 zeigen den 9. Test für das erste Phantom und den 14. Test für das zweite Phantom. Die Ergebnisse dieser Tests sind repräsentativ für die meisten Testfälle. In Test 9 (Phantom 1) wird die Aufnahme mit 4 Bewegungen nach den Projektionen 29, 31, 45 und 50 gestört. In der SPECT-Aufnahme des 14. Tests (Phantom 2) werden ebenfalls 4 Bewegungen simuliert, die nach den Projektionen 14, 18, 41 und

#	Phantom 1			Phantom 2		
	Rekonst.	CRMC+Pos.	CRMC	Rekonst.	CRMC+Pos.	CRMC
1	53.66	10.58	11.17	32.24	7.29	7.94
2	56.66	10.88	11.10	39.42	6.81	7.68
3	48.44	11.65	11.80	31.31	6.97	8.23
4	49.95	9.39	10.62	25.94	6.76	9.14
5	44.51	13.27	11.71	29.67	6.95	7.91
6	35.68	11.25	11.47	18.04	6.61	7.02
7	16.34	11.37	11.63	11.21	6.83	7.50
8	58.92	10.55	11.11	14.46	7.38	12.99
9	45.16	10.91	11.29	18.69	6.52	7.64
10	53.57	10.87	12.48	15.47	7.19	8.19
11	50.81	11.50	11.70	30.64	7.14	7.92
12	18.01	9.76	10.59	33.65	7.56	7.97
13	42.97	10.67	10.57	33.64	7.15	7.93
14	34.69	10.99	11.34	26.03	6.80	7.75
15	67.85	10.87	11.54	25.51	6.74	7.69
16	56.82	11.18	11.41	24.00	6.60	7.17
17	29.73	10.24	10.37	26.51	7.12	9.26
18	59.11	11.38	11.52	26.51	7.07	7.63
19	63.14	11.43	11.40	22.97	6.65	7.26
20	67.17	12.72	14.99	29.24	6.44	7.43

Tabelle 6.2: Fehler in Prozent, gemessen mit (6.22), für die gestörte und auf zwei verschiedene Arten bewegungskorrigierte Rekonstruktion. Die bewegungskorrigierte Rekonstruktion wird mit dem CRMC-Verfahren berechnet, einmal mit Informationen über die Bewegungszeitpunkte, einmal ohne. Die ersten drei Spalten präsentieren die Ergebnisse für das erste Phantom, die letzten drei Spalten für das zweite Phantom.

49 stattfinden. In allen vier CRMC-Ergebnissen ist eine deutliche Reduktion der Bewegungsartefakte zu sehen. Die bewegungskorrigierten Rekonstruktionen sind den Phantomen sehr ähnlich.

Zur Vervollständigung der Auswertung werden in Abbildung 6.11 die Beispiele gezeigt, die den Fällen aus Tabelle 6.2 mit dem größten Fehlerwert nach der Bewegungskorrektur entsprechen. Dies sind Test 20 für das erste und Test 8 für das zweite Phantom. Test 20 beinhaltet 5 Bewegungen nach den Projektionen 9, 23, 26, 35 und 44 und Test 8 genau 1 Bewegung nach Projektion 4. Die Abweichung dieser Tests ist in der Optimierung begründet. Auch unter Verwendung eines Multi-Level-Verfahrens gibt es keine Garantie, das globale Minimum zu finden.

6 Kombinierte Bildrekonstruktion und Bewegungskorrektur

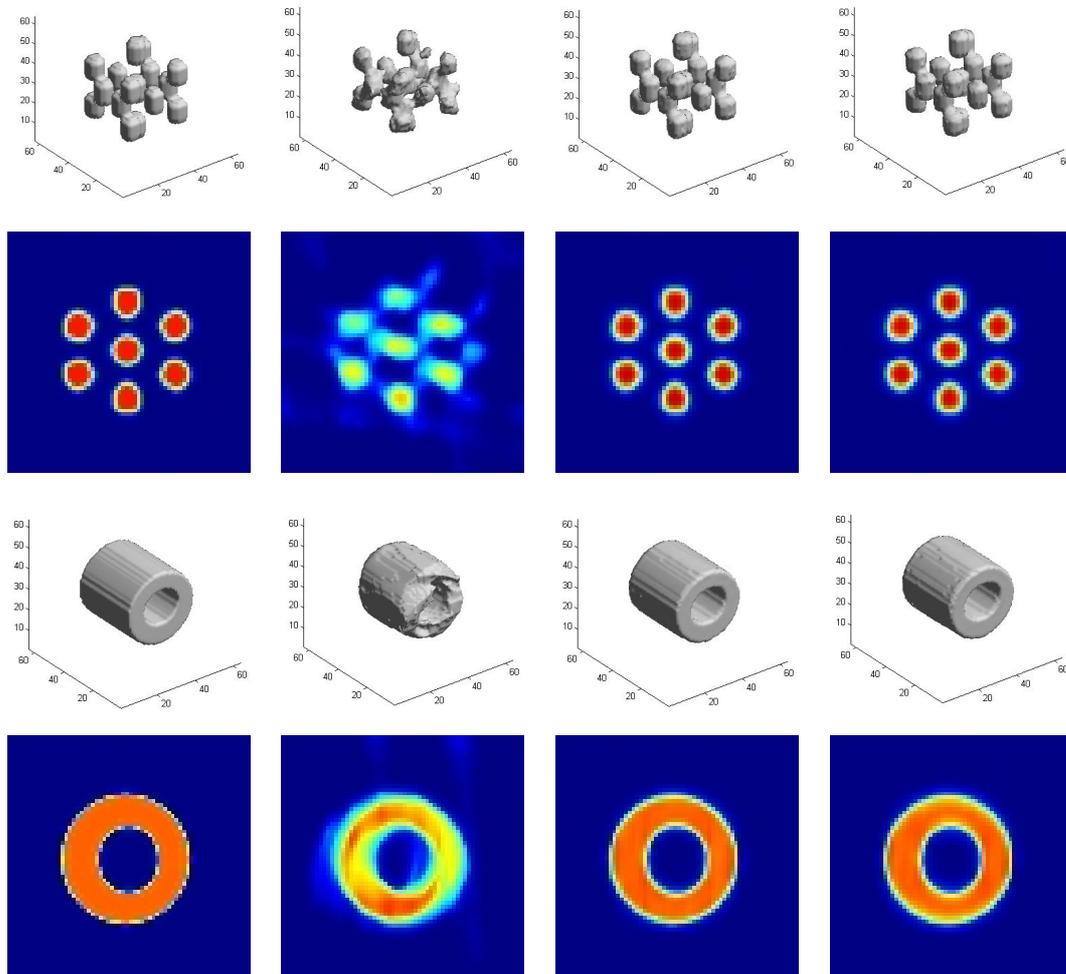


Abbildung 6.10: Eine SPECT-Aufnahme je Phantom (links) wird durch Bewegungen gestört und rekonstruiert (Mitte links). Mit dem CRMC-Ansatz wird eine Bewegungskorrektur berechnet mit (Mitte rechts) und ohne (rechts) Informationen über die Bewegungszeitpunkte.

In den Fällen aus Abbildung 6.11 läuft die Optimierung in ein lokales Minimum. Dabei stellt die Bewegungskorrektur ohne Informationen über die Bewegungszeitpunkte aus Test 8 den einzigen Fall aus allen 80 Bewegungskorrekturen dar, in dem keine Verbesserung der Rekonstruktion erreicht werden konnte. Der Ausreißer im 20. Test des 1. Phantoms stellt trotzdem noch eine deutliche Verbesserung der Rekonstruktion dar. Dieser Test zeigt eindrucksvoll, was mit dem CRMC-Ansatz aus den bewegungsgestörten Daten gewonnen werden kann. Das Ergebnis ist dem Phantom im visuellen Vergleich sehr ähnlich.

Abschließend ist festzustellen, dass - mit einer Ausnahme - in allen Tests aus

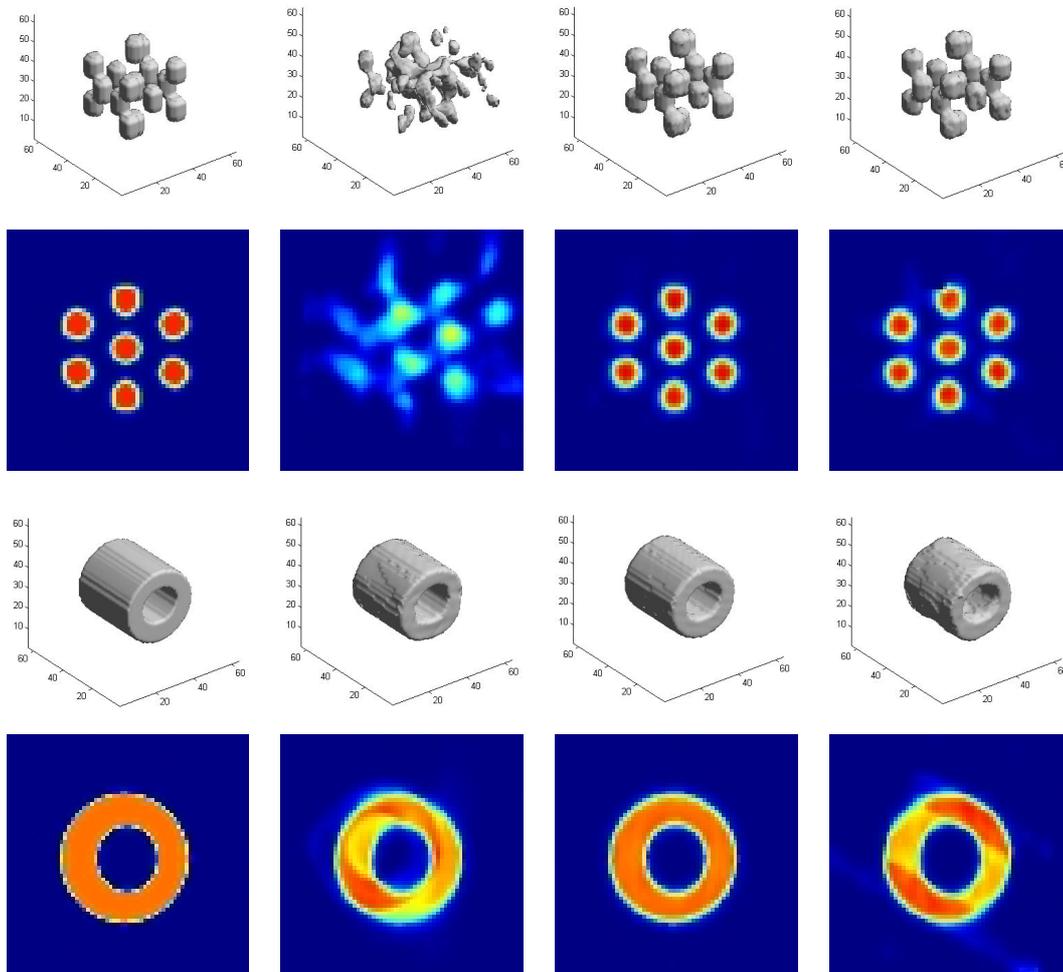


Abbildung 6.11: Eine SPECT-Aufnahme je Phantom (links) wird durch Bewegungen gestört und rekonstruiert (Mitte links). Mit dem CRMC-Ansatz wird eine Bewegungskorrektur berechnet mit (Mitte rechts) und ohne (rechts) Informationen über die Bewegungszeitpunkte.

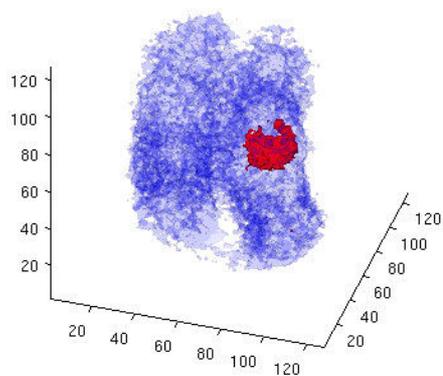
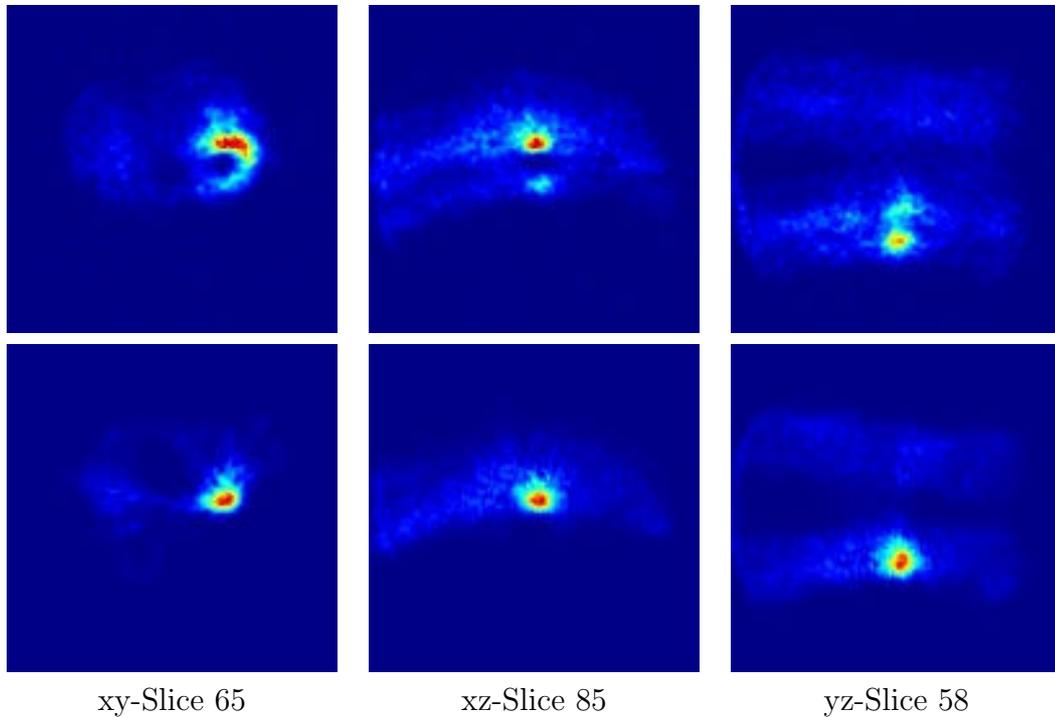
Tabelle 6.2 eine deutliche Reduktion der Bewegungsartefakte erfolgt ist. Dies ist unabhängig davon, ob Informationen über die Bewegungszeitpunkte vorliegen. Allerdings tritt der einzige Fall, in dem die Bewegungskorrektur nicht erfolgreich ist, in einem Fall ohne Informationen über den Zeitpunkt der Bewegung auf. Dies bestätigt die Aussage, dass im CRMC-Schema eine Bewegungsdetektion vor der Bewegungskorrektur wünschenswert aber nicht notwendig ist. Stehen die Informationen zur Verfügung, kann die benötigte Rechenzeit von ca. 20 Minuten auf ca. 5 Minuten verringert werden. Zusätzlich wird die Wahrscheinlichkeit, in ein lokales Minimum zu laufen, reduziert, da die Dimension des Optimierungsproblems verringert wird.

Den Abschluss der Tests bildet ein Beispiel, in dem reale Patientendaten bearbeitet werden. Dabei handelt es sich um eine Aufnahme der Füße eines Patienten zur Tumorerkennung. Die Aufnahme besteht aus 64 Projektionen, die gleichmäßig verteilt über 360° um den Patienten herum aufgenommen wurden. Während der Aufnahme war es dem Patienten aus gesundheitlichen Gründen nicht möglich, die Füße in einer Position zu halten. Informationen darüber, wann der Patient seine Position änderte, liegen nicht vor. Das CRMC-Verfahren wird daher mit der Annahme gestartet, dass jede Projektion zu einer neuen Objektposition gehört. Die Rekonstruktionen dieser Daten, je $128 \times 128 \times 128$ Voxel, mit und ohne Bewegungskorrektur, sind in Abbildung 6.12 vorgestellt. Die Rekonstruktionen werden durch ein Volumenrendering mit Schwellwert 2 für den Hintergrund und 25 für den Tumor visualisiert. Durch die Bewegungskorrektur sind die Konturen der Füße und die Abgrenzung des Tumors deutlicher geworden. Die Qualität des Ergebnisses ist von den Experten der Firma MiE [1] bestätigt. Eine Bewegungskompensation durch das CRMC-Verfahren ist also auch bei realen Patientendaten möglich.

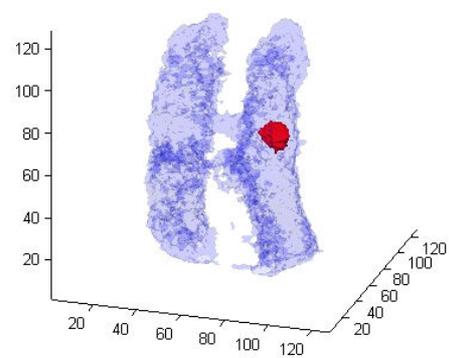
6.4 Diskussion

Es wird ein neuer Ansatz zur Bewegungskorrektur von SPECT-Aufnahmen vorgestellt. Durch die Kombination von Rekonstruktion und Bewegungskorrektur können, nur unter Verwendung der gemessenen Projektionen, sowohl abrupte als auch gleichmäßige Bewegungen zwischen den Projektionen kompensiert werden. Die Leistungsfähigkeit des Ansatzes wird durch ausführliche Tests mit 2D- und 3D-Beispielen demonstriert. In allen Fällen wird die Rekonstruktion durch das CRMC-Verfahren deutlich verbessert. Dies ist auch ohne Information über die Zeitpunkte der Bewegungen möglich. Die bewegungskorrigierten Rekonstruktionen werden direkt nach der Aufnahme ohne weitere Vorverarbeitungsschritte vollautomatisch berechnet. Allerdings helfen Informationen über die Bewegungszeitpunkte, die Rechenzeit zu reduzieren. Ansätze zur Bewegungsdetektion werden in Kapitel 7 vorgestellt.

Für die vorgestellten Tests des Schemas werden die Regularisierer fest gewählt. Ein Vergleich verschiedener Regularisierer für die Rekonstruktion und die Bewegungskorrektur und deren Auswirkung auf die Ergebnisse ist ein interessanter Ansatzpunkt für weitere Arbeiten. Gleiches gilt für eine genaue Analyse des linearen Gleichungssystems, das in jedem Schritt des Newton-Verfahrens gelöst wird, um schnelle Gleichungssystemlöser einzusetzen.



3D-Ansicht nicht korrigiert



3D-Ansicht korrigiert

Abbildung 6.12: Ergebnis der Bewegungskorrektur einer Knochen-SPECT-Studie. Oben werden verschiedene Schnitte durch die nicht korrigierte (erste Zeile) und korrigierte (zweite Zeile) Rekonstruktion gezeigt. Durch die Korrektur sind die Fußkonturen deutlicher zu erkennen und der Tumor deutlich besser lokalisierbar. Dies wird durch die 3D-Ansicht nochmals bestätigt.

7 Bewegungserkennung

Bekannte Verfahren zur Bewegungserkennung können in zwei Klassen aufgeteilt werden: Hardware- und Softwaremethoden.

Die Hardwaremethoden benutzen externe Geräte, zum Beispiel Tracking- oder Kamerasysteme [6, 18, 71], um eine Bewegungserkennung durchzuführen. Im besten Fall kann dabei gleichzeitig die Bewegung direkt bestimmt werden, so dass sofort eine Rekonstruktion mit den Informationen über Bewegung und Zeitpunkt möglich ist (siehe Kapitel 5). Andere Methoden greifen auf radioaktive Marker zurück, die nach der Aufnahme einfach in den Projektionen erkennbar sind [43, 70]. Dies bedeutet allerdings eine erhöhte Strahlenbelastung für den Patienten.

Die Softwaremethoden arbeiten rein datengestützt. Zur Ergänzung des CRMC-Ansatzes wird daher diese Klasse der Bewegungsdetektionsverfahren betrachtet, so dass eine rein datengestützte Verarbeitungskette aus Detektion und Korrektur möglich ist. Eine Übersicht der bekannten Detektionsverfahren wird in [61] vorgestellt und analysiert. Zu den in [61] vorgestellten Methoden zählen Verfahren, in denen das Sinogramm der gemessenen SPECT-Daten dargestellt wird, so dass das Bedienpersonal des SPECT-Systems visuell beurteilen kann, ob Bewegung stattgefunden hat. Eine andere Möglichkeit, die keine Interaktion mit dem Anwender erfordert, ist benachbarte Projektionen mit einer Kreuzkorrelation zu vergleichen [30]. Anschließend wird abgeschätzt, ob die erkannte Abweichung durch die Projektionsgeometrie erklärbar ist, oder ob es sich um eine Bewegung handelt. Allerdings sind durch die Schätzung der Geometrie geringe Bewegungen unter 1 bis 2 Pixel nicht erkennbar. Diese Methode ist hauptsächlich zur Erkennung von Translationen anwendbar. Zur besseren Berechnung des Einflusses der Projektionsgeometrie wurden verschiedene Schwerpunktverfahren entwickelt. In [42] wird das Herzzentrum in jeder Projektion gesucht und ein Bereich um das Herz festgelegt. Anschließend wird das Herzzentrum als fester Punkt im Raum angenommen, wodurch über den Abstand zum Rotationszentrum der Kamera die Bewegung zwischen den Projektionen bekannt ist. Die Projektionen werden nun entsprechend zueinander angeordnet. Welcher Punkt im Raum benutzt wird ist egal, solange alle Projektionen konsistent zu dem gewählten Punkt platziert werden. Ähnlich wird in [27] vorgegangen. Nach der Detektion des Herzzentrums wird auch hier ein Bereich ums Herz definiert und mit der nächsten Projektion verglichen. Hierfür wird zum Beispiel eine Kreuzkorrelation benutzt, so dass Verschiebungen zwischen den Projektionen erkennbar werden. Zur Berücksich-

tigung der Projektionsgeometrie wird ein Erwartungswert für die Verschiebung zwischen den Projektionen entlang der y-Achse der Projektionen berechnet. Beide Methoden sind allerdings nur auf Herzaufnahmen ausgerichtet. Eine weitere Schwerpunktmethode wird in [19] vorgestellt. Dort wird ausschließlich die Schwerpunktkoordinate entlang der x-Achse der Projektionen (siehe Abbildung 2.2) zur Detektion von Atembewegungen ermittelt. Dabei ist jede Projektion in mehrere Zeitscheiben unterteilt. Eine Bewegungsdetektion zwischen den Projektionen erfolgt nicht. Als Letztes sei noch [89] erwähnt, in dem durch eine Änderung des Aufnahmeprotokolls zwei Aufnahmen nacheinander durchgeführt werden. Hierbei wird die Aufnahmezeit pro Projektion halbiert, so dass die Untersuchungszeit im Vergleich zum Standardaufnahmeprotokoll nicht verändert wird. Anschließend werden die Projektionen der ersten Aufnahme über die Bestimmung des Schwerpunktes jeder Projektion mit der zweiten Aufnahme verglichen.

Neben der Vorstellung der bekannten Methoden wird in [61] eine neue Methode, die *Mean Square Difference Methode*, vorgestellt, die bestehende Einschränkungen der bisherigen Methoden überwindet. An diesem Punkt setzt diese Arbeit an und vergleicht die Erkennungsrate von rigiden Bewegungen der *Mean Square Difference Methode* mit zwei neuen Verfahren. Anschließend wird die erfolgsversprechendste Methode mit dem CRMC-Verfahren (siehe Kapitel 6) kombiniert und für rigide Bewegungen zwischen den Projektionen getestet.

7.1 Methoden

Ausgehend von einer SPECT-Aufnahme \mathbf{g} , bestehend aus q Projektionen, liegt die Aufgabe in der Erkennung aller Bewegungen des Objekts zwischen den Projektionen während der Aufnahme. Mit diesen Informationen werden die Projektionen entsprechend den verschiedenen Objektpositionen in K Bewegungsabschnitte $\mathbf{g}_1, \dots, \mathbf{g}_K$ aufgeteilt. Das Ziel ist es, diese Aufgabe vollautomatisch durchzuführen, wobei nur die gemessenen Projektionsdaten verwendet werden. Dazu werden hier drei mögliche Lösungsansätze, die bekannte MSD-Methode und zwei neue Ansätze, die in [90] veröffentlicht sind, vorgestellt und anschließend getestet.

7.1.1 Die Mean Square Difference Methode

Die erste Methode, die Mean Square Difference (MSD) Methode, wird in [52, 62] als Teil des DMMC Ansatzes eingeführt. Ausführliche Tests zur Einschätzung der Qualität der Methode wurden bis jetzt nicht durchgeführt. Zudem wurde die MSD-Methode nur für SPECT-Systeme mit 2 senkrecht zueinander gestellten Kameras und 3-Kopf-Systeme entwickelt. In dieser Methode ist der erste Schritt eine Rekonstruktion der Projektionsdaten \mathbf{g} . Anschließend wird von dieser Rekonstruktion eine SPECT-Aufnahme \mathbf{g}^{fp} , auch Vorwärts-Projektion genannt,

simuliert. Der nächste Schritt ist es, die Projektionsdaten in $K = q$ Projektionsabschnitte einzuteilen, wobei die k -te Projektion Abschnitt k zugeordnet wird. Danach werden \mathbf{g}_k und \mathbf{g}_k^{fp} verglichen über

$$\text{MSD}(k) = \text{MSD}(\mathbf{g}_k, \mathbf{g}_k^{fp}) = \frac{k \cdot \sum_{j=1+(k-1) \cdot m_x \cdot m_y}^{m_x \cdot m_y} (g_j - g_j^{fp})^2}{m_x \cdot m_y}, \quad (7.1)$$

wobei m_x und m_y die Anzahl der Pixel in x- bzw. y-Richtung bezeichnen. Wird zur Aufnahme ein SPECT-System mit zwei oder drei Kameras benutzt, werden die simultan aufgenommenen Projektionen demselben Projektionsabschnitt zugeordnet, da die Bewegungserkennung hier auf Bewegungen zwischen nacheinander gemessenen Projektionen eingeschränkt wird. Unter Berücksichtigung dieser Annahme werden die MSD-Werte gleichzeitig aquirierter Projektionen addiert. Idealerweise haben Projektionen, die zur selben Objektposition gehören, den gleichen MSD-Wert. Ein idealisiertes Ergebnis für ein Zwei-Kopf-SPECT, mit dem 60 Projektionen aufgenommen werden, ist in Abbildung 7.1 zu sehen. Eine Bewegung während der SPECT-Aufnahme kann somit durch die Änderungen des MSD-Wertes zwischen $\text{MSD}(\mathbf{g}_k, \mathbf{g}_k^{fp})$ und $\text{MSD}(\mathbf{g}_{k+1}, \mathbf{g}_{k+1}^{fp})$ erkannt werden. Zur Erkennung von Änderungen der MSD-Werte wird die Differenz

$$D_k = \text{MSD}(\mathbf{g}_{k+1}, \mathbf{g}_{k+1}^{fp}) - \text{MSD}(\mathbf{g}_k, \mathbf{g}_k^{fp}) \quad (7.2)$$

mit $k = 1, \dots, q$ und $D_q = \text{MSD}(q) - \text{MSD}(1)$ betrachtet. Anschließend wird ein Schwellwert ν_{data} eingeführt, um zu differenzieren, ob eine Veränderung zwischen den MSD-Werten eine Bewegung darstellt oder nur durch Rundungsfehler oder Rauschen hervorgerufen wird. Zur automatischen Bestimmung von ν_{data} werden der Mittelwert \bar{D} und die Standardabweichung aller Werte D_k genutzt. Es gilt

$$\nu_{data} = \bar{D} + \sqrt{\frac{1}{q-1} \sum_{k=1}^q (D_k - \bar{D})^2}. \quad (7.3)$$

Zur Vermeidung einer großen Zahl von falsch positiven Bewegungsdetektionen im Falle einer bewegungsfreien Aufnahme wird ein Mindestschwellwert ν_{def} eingeführt. Der letztendlich benutzte Schwellwert ergibt sich dann über

$$\nu = (\text{Anzahl der Kameras}) \max\{\nu_{def}, \nu_{data}\}. \quad (7.4)$$

Für diesen Wert hat sich in den durchgeführten Tests für die MSD-Methode $\nu_{def} = \bar{D} + 5$ als eine gute Wahl herausgestellt. Allerdings kann auf Grund der Projektionsgeometrie nicht jede Objektbewegung aus jedem Projektionswinkel gleich gut wahrgenommen werden. Daher ist der MSD-Wert in einem Bewegungsabschnitt nicht gleich. Es können zwischen den Bewegungsabschnitten fließende Übergänge auftreten, wodurch die Unterteilung in Abschnitte erschwert wird.

7 Bewegungserkennung

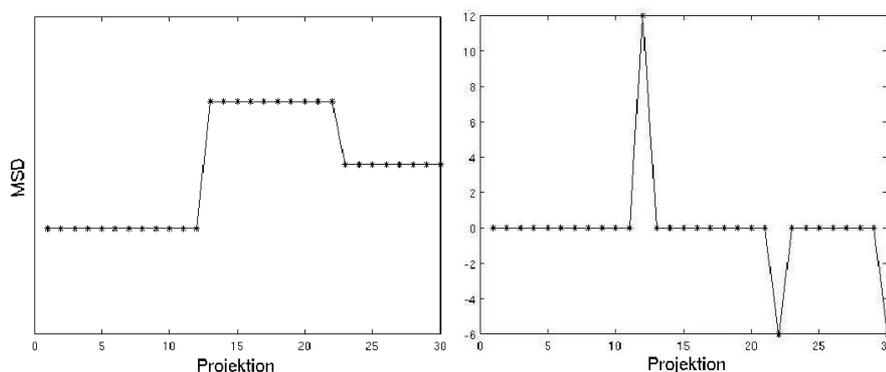


Abbildung 7.1: Ideales Ergebnis der MSD-Methode für zwei Bewegungen während einer 2-Kopf-SPECT-Aufnahme mit 60 Projektionen (links). Nach Bildung der Differenzen zwischen den MSD-Werten je zwei benachbarter Projektionen sind die Bewegungszeitpunkte gut zu erkennen (rechts).

7.1.2 Verwendung des Schwerpunktes

Die zweite Methode zur Detektierung von Bewegungen ist neu. Sie basiert auf den Schwerpunkten der gemessenen Projektionen \mathbf{g} . Dieser Methode liegt die Annahme zu Grunde, dass die Projektionen nicht durch Absorption gestört werden, wodurch der Schwerpunkt des Objektes bei einer Parallelprojektion immer auf den Schwerpunkt der Projektionen abgebildet wird (siehe Abbildung 7.2). Der Schwerpunkt der jeweiligen Projektion \mathbf{g}_k , $k = 1, \dots, q$, wird über

$$S^{\mathbf{g}_k} = \frac{\sum_{i=1}^{m_x} \sum_{j=1}^{m_y} \mathbf{g}_k(i, j) \begin{pmatrix} i \\ j \end{pmatrix}}{\sum_{i=1}^{m_x} \sum_{j=1}^{m_y} \mathbf{g}_k(i, j)} \quad (7.5)$$

berechnet. Dabei bezeichnen m_x und m_y wieder die Anzahl der Pixel in x- und y-Richtung. Die Idee ist es, die Projektion des Schwerpunkts aus dem Bildbereich, dessen Position in jeder Projektion bekannt ist, auf unerwartete Sprünge oder Verschiebungen zueinander zu prüfen. Dazu werden hier zwei verschiedene Wege zur Analyse der Schwerpunkte und damit zur Bewegungsdetektion vorgestellt.

Die erste Methode greift auf das Wissen über die Projektionsgeometrie des für die Aufnahme verwendeten SPECT-Systems mit Parallellochkollimator zurück. Unter diesen Voraussetzungen ist bei einer ungestörten Aufnahme zu erwarten, dass die Änderungen in den y-Koordinaten der Schwerpunkte aller Projektionen durch eine Sinuskurve beschrieben werden können, während alle x-Koordinaten durch eine Konstante beschreibbar sind. Wird die Aufnahme durch eine Bewegung gestört, treten Abweichungen von den genannten Verläufen auf. Ein Beispiel hierfür ist in Abbildung 7.2 zu sehen. Das verwendete Koordinatensystem ist in Abbildung 2.2 zu finden. Die z-Achse des Bildbereichs wird dabei als Rotationsachse des

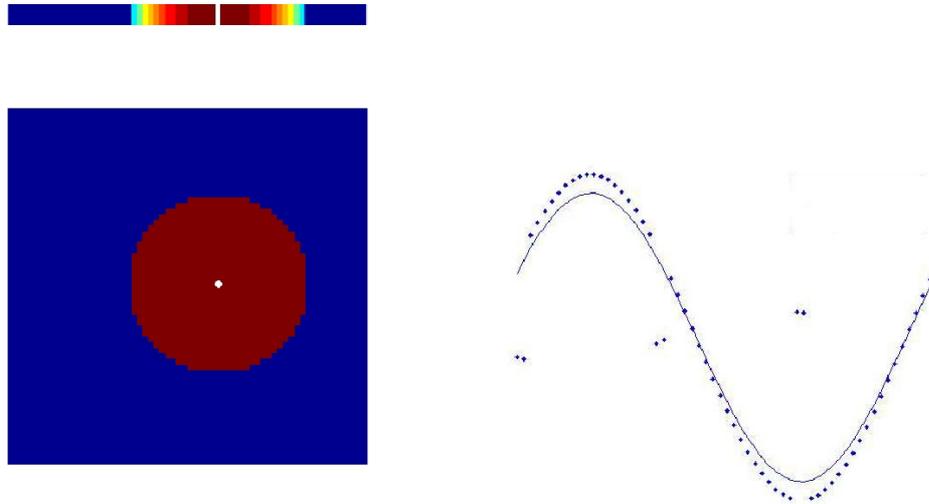


Abbildung 7.2: Auf der linken Seite ist der Schwerpunkt eines Bildes und einer Projektion des Bildes (weißer Punkt) zu sehen. Der Schwerpunkt des Bildes wird auf den Schwerpunkt der Projektion (weißer Strich) abgebildet. Die rechte Seite zeigt die Werte der y -Koordinate der Schwerpunkte jeder Projektion (gepunktet) für eine bewegungsgestörte Aufnahme. Zusätzlich wird ein Sinusfit durch diese Koordinaten gezeigt.

SPECT-Systems angenommen. Zur Detektion von Bewegungen wird der beschriebene Kurvenverlauf ausgenutzt, indem durch alle y -Koordinaten eine Sinuskurve gelegt wird, wobei der quadratische Abstand der Datenpunkte zur Kurve minimiert wird. Anschließend wird der Wert der Sinuskurve an der jeweiligen Winkelposition von jeder y -Koordinate abgezogen. Weiter werden von diesen Daten, ebenso wie bei den x -Koordinaten der Schwerpunkte, die Differenzen zwischen zwei benachbarten Werten gebildet. Hierbei wird wie bei der MSD-Methode die Annahme verwendet, dass Projektionen, die gleichzeitig aufgenommen werden, zur gleichen Objektposition gehören. Daher werden die entsprechenden Ergebnisse der Schwerpunktbestimmung vor der Differenzbildung addiert. Anschließend werden zur Festlegung eines Schwellwerts ν der Mittelwert und die Standardabweichung der Differenzwerte bestimmt und ein Mindestschwellwert ν_{def} zur Vermeidung von falsch positiven Detektionen im bewegungsfreien Fall festgelegt. Ein Wert größer als ν wird dann als eine Bewegung interpretiert.

Bei der zweiten Methode werden die Projektionen zuerst rekonstruiert, um anschließend eine Vorwärts-Projektion zu generieren. Danach werden die Schwerpunkt-Koordinaten jeder Projektion \mathbf{g}_k und Vorwärts-Projektion \mathbf{g}_k^{fp} berechnet. Nun werden für alle $k = 1, \dots, q$ die Koordinaten der Schwerpunkte $S^{\mathbf{g}_k}$ und $S^{\mathbf{g}_k^{fp}}$ voneinander subtrahiert und als zwei Kurven, eine für die x -Komponente,

eine für die y-Komponente, interpretiert. Wie bei den vorangehenden Verfahren wird nach der Bildung der Differenz zweier benachbarter Werte eine Bewegung über Mittelwert und Standardabweichung sowie einem Schwellwert erkannt. Wie in der ersten Schwerpunktmethod werden die Ergebnisse der Schwerpunkte von gleichzeitig aufgenommenen Projektionen vor der Differenzbildung addiert. Aus umfangreichen Tests hat sich als Mindestschwelle für beide Schwerpunktmethoden $\nu_{def} = 0.01$ herausgestellt. Der Nachteil der Schwerpunktmethod ist, dass sind Drehbewegungen um den Schwerpunkt des Objektes nicht erkennen lassen.

7.1.3 Verwendung des Schwerpunktes und der Hauptachse

Die dritte und letzte Methode ist ebenfalls neu. Sie ist eine Erweiterung der zweiten Schwerpunktmethod um ein zusätzliches Prüfkriterium, um den Nachteil der Schwerpunktmethod zu beheben. Hierzu werden gleichzeitig der Schwerpunkt und die Hauptachse einer Projektion analysiert. Dafür werden die gemessenen Daten \mathbf{g} zuerst rekonstruiert und anschließend eine Vorwärtsprojektion \mathbf{g}^{fp} der Rekonstruktion generiert. Als nächstes werden die Projektionen \mathbf{g}_k und \mathbf{g}_k^{fp} als Dichtefunktionen oder Massenverteilung interpretiert. Somit ist der Erwartungswert \mathbb{E} der Funktion $g_k : \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$, über die eine Projektion beschrieben werden kann, definiert als

$$\mathbb{E}(g_k(x, y)) = \frac{\sum_{i=1}^{m_x} \sum_{j=1}^{m_y} (x_i, y_j)^T \mathbf{g}_k(i, j)}{\sum_{i=1}^{m_x} \sum_{j=1}^{m_y} \mathbf{g}_k(i, j)} \quad (7.6)$$

mit $\mathbf{g}_k(i, j) = g_k(x_i, y_j)$ (siehe Abschnitt 3.3.1). Dieser kann als Schwerpunkt der Projektion \mathbf{P}_k aufgefasst werden. Weiterhin kann die Hauptachse über die Kovarianz

$$Cov^{\mathbf{P}_k} = \mathbb{E}[(x, y)^T - \mathbb{E}(g_k(x, y))((x, y)^T - \mathbb{E}(g_k(x, y)))^T] \in \mathbb{R}^{2 \times 2} \quad (7.7)$$

berechnet werden. Die Hauptachse ist nun gegeben als eine Linie mit dem Schwerpunkt oder Erwartungswert als Aufpunkt und der Richtung des Eigenvektors zum größten Eigenwert der Kovarianzmatrix [55]. Ein Beispiel für die Hauptachse ist in Abbildung 7.3 zu sehen. Nun können die Koordinaten der Schwerpunkte der gemessenen Projektion und der Vorwärts-Projektion wie in der zweiten Schwerpunktmethod ausgewertet werden. Zusätzlich wird der Winkel zwischen der Hauptachse von \mathbf{g}_k und \mathbf{g}_k^{fp} berechnet und als drittes Kriterium zur Bewegungserkennung verwendet. Die Idee bei den Hauptachsen ist, dass im Falle einer ungestörten Aufnahme der Winkel zwischen den Hauptachsen von Projektion und Vorwärtsprojektion bei Null liegt. Tritt aber eine Bewegung während der Aufnahme auf, sollte ein Winkel größer Null feststellbar sein. Daher wird der Winkel der Hauptachsen aller Projektionen \mathbf{g}_k und \mathbf{g}_k^{fp} berechnet und über den Mittelwert, die Standardabweichung und einen Schwellwert ausgewertet. Aus Erfahrungswerten wird hierbei der Schwellwert $\nu_{def} = 1.15^\circ$ verwendet. Auch in diesem Fall

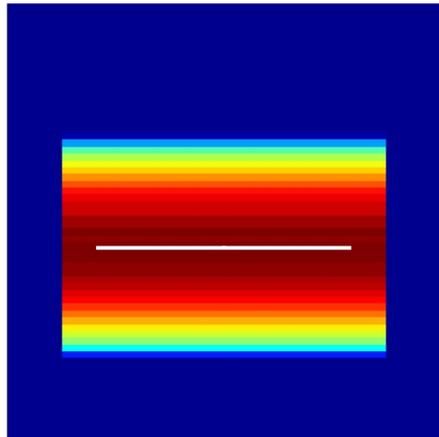


Abbildung 7.3: Beispiel für den Verlauf der Hauptachse (weiße Linie) in einem Bild.



Abbildung 7.4: Links ist Phantom 1 (Kokosnuss), rechts Phantom 2 zu sehen. In der Mitte wird ein Schnitt durch Phantom 1 dargestellt.

werden die Informationen von Projektionen, die gleichzeitig aufgenommen werden, für die Auswertung zusammengefasst.

7.2 Ergebnisse

Zur Überprüfung der Erkennungsraten der vorgestellten Methoden für rigide Bewegungen zwischen den Projektionen werden zwei akademische 3D-Testbeispiele der Größe $64 \times 64 \times 64$ Voxel verwendet. Beide Phantome sind in [Abbildung 7.4](#) zu sehen. Das erste hat das Aussehen einer Kokosnuss, während das zweite aus siebzehn getrennten Zylindern besteht. Weiterhin werden die Methoden für drei verschiedene Typen von SPECT-Geräten getestet (siehe [Abbildung 7.5](#)). Bei den ersten beiden Geräten handelt es sich um 2-Kopf-SPECTs. Eins mit senkrecht zueinander ausgerichteten Köpfen (1) und eins mit gegenüberliegenden Köpfen

7 Bewegungserkennung

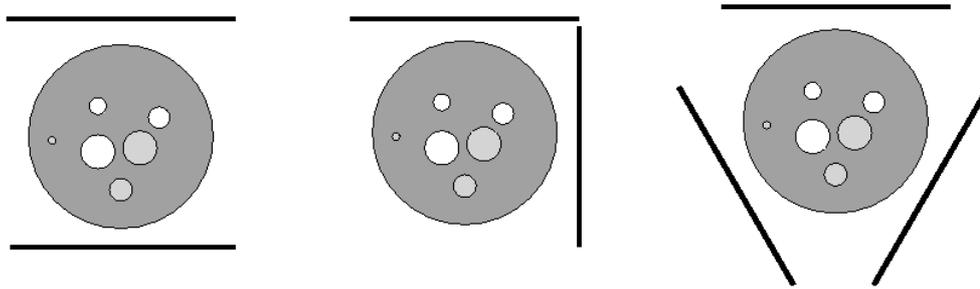


Abbildung 7.5: Drei Arten von SPECT-Systemen. Von links nach rechts: gegenüberliegende Köpfe (1), senkrecht zueinander ausgerichtete Köpfe (2) und drei Köpfe mit einem Winkel von 120° zwischen den Kameras (3).

(2). Bei dem dritten Gerät handelt es sich um eine 3-Kopf-Kamera (3), bei der die Köpfe jeweils in einem Winkel von 120° zueinander angeordnet sind. Für alle drei Geräte werden Aufnahmen der beiden vorgestellten Phantome simuliert. Für das 2-Kopf-System mit gegenüberliegenden Köpfen und die 3-Kopf-Kamera werden Aufnahmen über 360° mit 60 Projektionen simuliert, während Aufnahmen über 180° mit 30 Projektionen für das System mit senkrecht zueinander ausgerichteten Köpfen simuliert werden. Zur Vereinfachung werden Effekte wie Absorption und Streuung in der Simulation vernachlässigt. Für die Rekonstruktion der simulierten Aufnahmen werden 20 Schritte des EM-Algorithmus [80] (siehe Abschnitt 3.3.2) benutzt. Während der Aufnahme werden zwei Szenarien von Bewegungen simuliert. Im ersten Szenario wird eine Aufnahme jeweils mit ein bis zwei Bewegungen gestört. Zur systematischen Überprüfung der drei vorgestellten Methoden wird pro Bewegung nur ein rigider Parameter überprüft, so dass eine Translation in x-, y- oder z-Richtung oder eine Rotation um die x-, y- oder z-Achse durchgeführt wird. Als Translationen werden dabei 0.5, 1.0, 2.5 und 5.0 Pixel verwendet. Die Rotationsparameter werden als 2° , 3.5° , 9° und 18° gewählt. Zusätzlich zu den systematischen Tests werden im zweiten Szenario für jede Translations-, bzw. Rotationsrichtung 15 rigide Bewegungen zufällig erzeugt. Dabei bewegen sich die Rotationsparameter im Bereich von -18° bis 18° und die Translationsparameter von -5 bis 5 Pixel. Weiterhin ist sichergestellt, dass eine Bewegung größer als 0.5 Pixel auftritt, da nach [29] ab einer Bewegung von 0.5 Pixel Bewegungsartefakte in der Rekonstruktion auftreten können. Für beide Szenarien ist in Tabelle 7.1 definiert, nach welcher Projektion eine Bewegung auftritt. Die Zeitpunkte der Bewegungen werden wie die Bewegungsparameter zufällig gewählt. Für die SPECT-Systeme, für die 60 Projektionen simuliert werden, werden vier verschiedene Bewegungszeitpunkte festgelegt, während für das SPECT-System mit 30 Projektionen drei Bewegungszeitpunkte erstellt werden. Die Ergebnisse aller Tests für jeden Bewegungszeitpunkt und jeden Bewegungsparametersatz werden, unterteilt in die drei benutzten Kamerasysteme, in Tabelle 7.2, 7.3, und 7.4 aufgelistet. Tabelle 7.2 präsentiert die Ergebnisse für das 2-Kopf-

SPECT-System	1	2	3
Anzahl der Projektionen	60	30	60
Aufnahmebereich	360°	180°	360°
Eine Bewegung nach Projektion	14	3	14
	7	8	7
	9	14	9
	27		3
Zwei Bewegungen nach den Projektionen	14, 15	3, 7	14, 15
	7, 17	8, 11	7, 17
	9, 13	14, 15	9, 13
	27, 29		3, 19

Tabelle 7.1: Zeitpunkte für die Bewegungen in den Tests.

	SP ₁	SP ₂	SP ₂ + HA	MSD
Detektierte Bewegungen	93.84	93.66	95.83	69.20
Falsch positive Detektionen	31.30	26.87	63.24	72.52

Tabelle 7.2: Ergebnisse in Prozent für die 2-Kopf-Kamera mit gegenüberliegenden Köpfen. Zur Erreichung der 100% hätten 552 Bewegungen erkannt werden müssen. Von links nach rechts sind die Ergebnisse des ersten Schwerpunktverfahrens, des zweiten Schwerpunktverfahrens, des Schwerpunktverfahrens mit Hauptachse und des MSD-Verfahrens aufgelistet.

SPECT mit gegenüberliegenden Köpfen, Tabelle 7.3 für das System mit senkrecht zueinander ausgerichteten Köpfen und Tabelle 7.4 für die 3-Kopf-Kamera. In den Tabellen ist in Prozent angegeben, wie viele der simulierten Bewegungen erkannt werden. Dabei sind zur Erreichung der 100% in Tabelle 7.2 und 7.4 552 Bewegungen zu erkennen, während in Tabelle 7.3 414 Bewegungen erkannt werden müssten. Zusätzlich wird der Anteil der falsch positiven Bewegungserkennungen in Prozent angegeben. Eine falsch positive Detektion bezeichnet dabei die Detektion einer Bewegung zu einem Zeitpunkt, an dem keine Bewegung simuliert wird. Deren Anteil wird über die Anzahl der falsch positiven Detektionen geteilt durch alle Detektionen berechnet.

Die Auswertung der Testergebnisse zeigt, dass die neuen Verfahren der MSD-Methode überlegen sind. Die MSD-Methode erkennt nur 70% bis 80% aller Bewegungen, während die neuen Methoden bei über 90% liegen. Zusätzlich ist die Rate der falsch positiven Detektionen bei der MSD-Methode höher als beim Schwerpunktverfahren. Die beste Mischung aus Detektionsrate und geringer falsch positiver Detektionsrate ist bei den beiden reinen Schwerpunktverfahren zu sehen. Sie erkennen ca. 93% aller Bewegungen mit einer geringen Rate an falsch positiven Detektionen für SPECT-Systeme (2) und (3) (siehe Abbildung 7.5) und ca. 30% für SPECT-System (1). Im Vergleich der Methoden miteinander fällt die

7 Bewegungserkennung

	SP ₁	SP ₂	SP ₂ + HA	MSD
Detektierte Bewegungen	91.79	92.75	96.86	69.32
Falsch positive Detektionen	7.99	3.76	50.80	35.07

Tabelle 7.3: Ergebnisse in Prozent für die 2-Kopf-Kamera mit senkrecht zueinander stehenden Köpfen. Zur Erreichung der 100% hätten 414 Bewegungen erkannt werden müssen. Von links nach rechts sind die Ergebnisse des ersten Schwerpunktverfahrens, des zweiten Schwerpunktverfahrens, des Schwerpunktverfahrens mit Hauptachse und des MSD-Verfahrens aufgelistet.

	SP ₁	SP ₂	SP ₂ + HA	MSD
Detektierte Bewegungen	92.57	92.75	96.20	79.89
Falsch positive Detektionen	0.00	0.00	66.33	9.07

Tabelle 7.4: Ergebnisse in Prozent für die 3-Kopf-Kamera. Zur Erreichung der 100% hätten 552 Bewegungen erkannt werden müssen. Von links nach rechts sind die Ergebnisse des ersten Schwerpunktverfahrens, des zweiten Schwerpunktverfahrens, des Schwerpunktverfahrens mit Hauptachse und des MSD-Verfahrens aufgelistet.

Entscheidung auf die erste Schwerpunktvariante. Die zweite Variante hat zwar leicht bessere Werte bei der Bewegungserkennung und leicht geringere Raten bei den falsch positiven Detektionen, aber den Nachteil, dass vor der Bewegungserkennung eine Rekonstruktion der Projektionen notwendig ist. Dies ist viel rechenaufwändiger als der Sinusfit des ersten Verfahrens. Zudem kann mit der ersten Variante schon vor der Rekonstruktion festgestellt werden, ob eine Bewegungskorrektur notwendig ist. Wird keine Korrektur benötigt, kann jedes bekannte Rekonstruktionsverfahren verwendet werden. Ein genereller Nachteil des Schwerpunktverfahrens ist, dass eine Rotation mit dem Schwerpunkt als Rotationszentrum nicht erkennbar ist, da dies keine Veränderung des Schwerpunktes bewirkt. Daher ist ein weiteres Kriterium zur Bewegungsdetektion sinnvoll. Dies ist durch die Kombination von Schwerpunkt und Hauptachse umgesetzt, wodurch ca. 96% aller Bewegungen bei jedem der drei SPECT-Systeme erkennbar sind. Allerdings steigt die Rate der falsch positiven Detektionen auf über 50% an. Wie an der Rate der falsch positiven Detektionen der Schwerpunktverfahren zu erkennen ist, liegt der Anstieg allein in der Verwendung der Hauptachse begründet. Weiterhin ist auch bei dieser Methode vor der Bewegungserkennung eine Rekonstruktion notwendig. Auf Grund dieser beiden Punkte fällt die Wahl zur Ergänzung des CRMC-Ansatzes auf die erste Version des reinen Schwerpunktverfahrens.

Nach der Vorstellung der Verfahren und der Entscheidung für die erste Schwerpunktmethode wird die Bewegungsdetektion an das Testszenario aus Abschnitt 6.3 angebunden. Pro Phantom des Testszenarios aus Kapitel 6 werden 10 Tests

durchgeführt. Dies bildet den Abschluss dieser Arbeit mit einer vollständig automatischen, rein datengestützten Verarbeitungskette zur Bewegungskorrektur von rigiden Bewegungen zwischen den Projektionen einer SPECT-Aufnahme. Die Ergebnisse des Testszenarios aus Abschnitt 6.3 sind für das erste Phantom in Tabelle 7.5, für das Hohlzylinderphantom in Tabelle 7.6 gesammelt. In beiden Tabellen sind die aufgelisteten Rekonstruktionsfehler im Vergleich zu dem Fehler einer ungestörten Aufnahme von 8.53% für das erste und von 4.99% für das zweite Phantom zu sehen.

Phantom 1					
#	Rekonst.	CRMC + Det.	#Bew.	#pos. Bew.	#falsch pos. Bew.
1	53.25	10.65	3	3	4
2	37.12	10.89	2	2	0
3	46.10	11.22	3	3	0
4	39.66	10.25	2	2	0
5	62.00	11.37	4	4	0
6	46.76	10.46	3	3	0
7	38.12	10.29	1	1	0
8	63.85	11.01	4	4	0
9	45.52	10.77	3	3	0
10	37.55	10.93	3	3	0

Tabelle 7.5: Fehler in Prozent für das erste Phantom, gemessen mit (6.22), zwischen gestörter und bewegungskorrigierter Rekonstruktion mit vorheriger Bewegungsdetektion. Die vierte Spalte gibt die Anzahl der Bewegungen in der gestörten Aufnahme wieder. Die fünfte Spalte zeigt die Anzahl der richtig erkannten Bewegungen. Die letzte Spalte dokumentiert die Anzahl der falsch positiven Detektionen.

In allen Testfällen kann der Einfluss der Bewegungsartefakte auf die Rekonstruktion deutlich reduziert werden. Wie erwartet haben falsch positive Detektionen keinen Einfluss auf die Qualität der Bewegungskorrektur, sie erhöhen nur den Rechenaufwand im CRMC-Verfahren. Zur weiteren Verdeutlichung des erfolgreichen Zusammenspiels von Bewegungsdetektion und Bewegungskorrektur wird in Abbildung 7.6 jeweils ein Beispiel pro Phantom gezeigt. Es werden die Beispiele mit dem größten Fehlerwert ausgewählt, was im Fall des ersten Phantoms Test 5 und im Fall des zweiten Phantoms Test 4 entspricht. In beiden Fällen ist die Form des aufgenommenen Objektes gut zu erkennen. Dies relativiert auch die in Test 4 des zweiten Phantoms nicht erkannte Bewegung, da diese kaum eine Auswirkung auf die Rekonstruktion hat.

7 Bewegungserkennung

	Phantom 2				
#	Rekonst.	CRMC + Det.	#Bew.	#pos. Bew.	#falsch pos. Bew.
1	14.59	6.75	2	2	2
2	13.78	5.75	1	1	0
3	15.48	6.19	2	2	0
4	40.00	10.03	3	2	0
5	32.38	6.98	4	4	0
6	31.41	7.03	4	4	0
7	12.64	6.21	1	1	8
8	33.81	6.85	3	3	0
9	28.25	9.05	4	3	0
10	31.48	6.82	4	4	0

Tabelle 7.6: Fehler in Prozent für das zweite Phantom, gemessen mit (6.22), zwischen gestörter und bewegungskorrigierter Rekonstruktion mit vorheriger Bewegungsdetektion. Die vierte Spalte gibt die Anzahl der Bewegungen in der gestörten Aufnahme wieder. Die fünfte Spalte zeigt die Anzahl der richtig erkannten Bewegungen. Die letzte Spalte dokumentiert die Anzahl der falsch positiven Detektionen.

7.3 Zusammenfassung

Es werden drei verschiedene Methoden zur automatischen, rein datengestützten Bewegungserkennung vorgestellt und evaluiert. Dabei wird eine Methode, die erste Schwerpunktmethod mit einer Erkennungsrate von ca. 93% ausgewählt, um zur Ergänzung der Bewegungskorrektur verwendet zu werden. Die Umsetzung einer vollständig automatischen und rein datengestützten Bewegungskorrektur wird abschließend getestet. Die Ergebnisse spiegeln sowohl die Auswertung der Bewegungskorrektur aus Kapitel 6 als auch der Bewegungserkennung für die Schwerpunktmethod wider. In allen Fällen kann der Einfluss der Bewegungsartefakte in den Rekonstruktionen eindrucksvoll verringert werden. Nur in zwei Fällen wird eine Bewegung nicht erkannt, wobei der Einfluss dieser Bewegungen auf die Rekonstruktion nur sehr gering ist. Weiterhin hat das Auftreten von falsch positiven Detektionen keinen Einfluss auf das Ergebnis.

7.3 Zusammenfassung

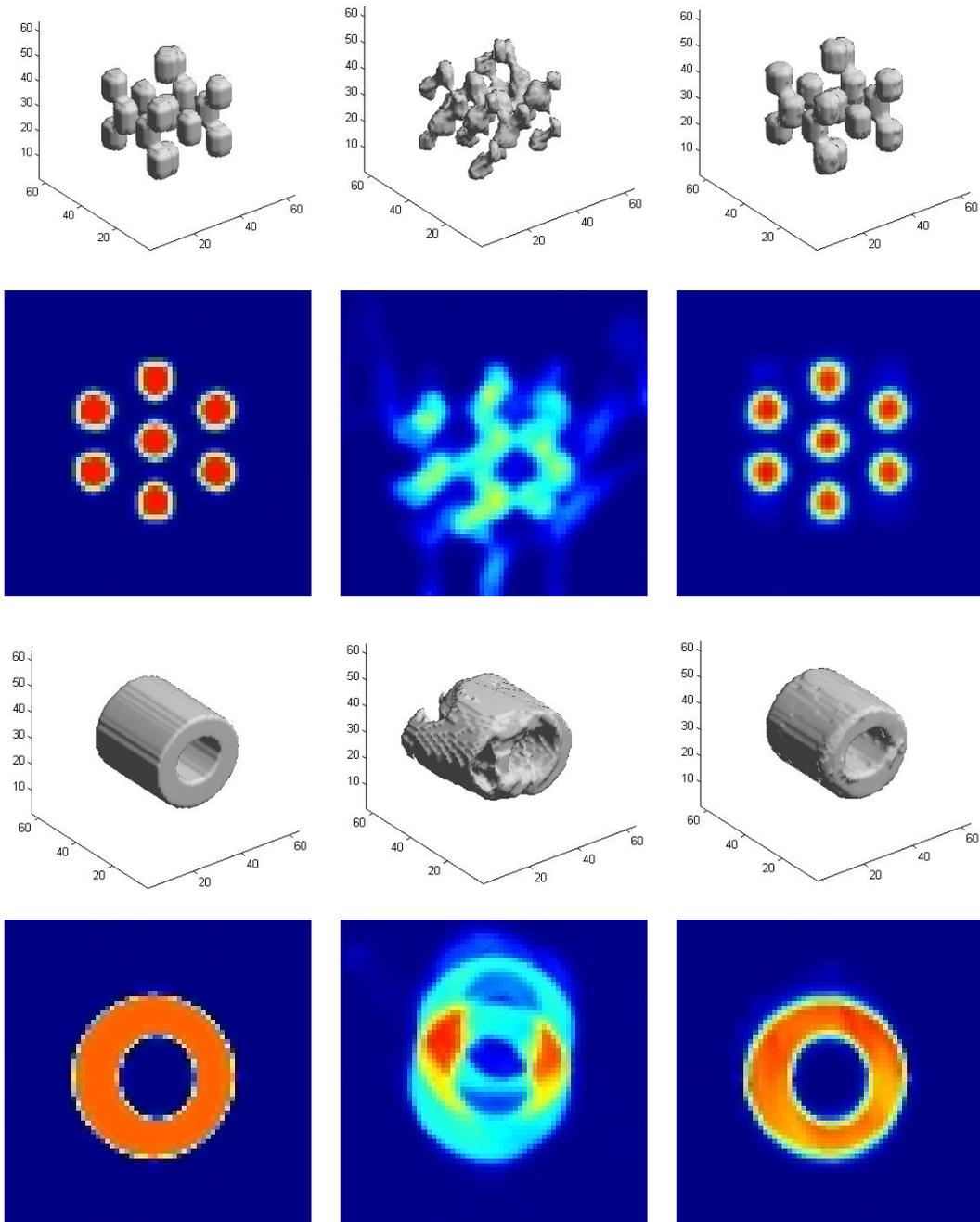


Abbildung 7.6: Eine SPECT-Aufnahme je Phantom (links) wird durch Bewegungen gestört und rekonstruiert (Mitte). Mit dem CRMC-Ansatz mit Bewegungserkennung ist eine Bewegungskorrektur möglich (rechts).

8 Diskussion

8.1 Zusammenfassung

Diese Arbeit behandelt die Problematik der Patientenbewegung während einer SPECT-Aufnahme. Dazu wird eine Einführung in die Grundlagen der Bildgebung von SPECT vorgestellt und die Auswirkung von Bewegungen auf die Rekonstruktion thematisiert. Anschließend wird eine Übersicht über bestehende Methoden zur Bewegungskorrektur von SPECT-Aufnahmen gegeben, wobei zwei ausgewählte Verfahren, der Vorwärts-Projektionsansatz und der DDMC-Ansatz genauer vorgestellt werden. Im Zusammenhang mit dem DDMC-Ansatz wird ein neues flexibles Schema zur Einbettung von Bewegungsinformation in Projektion/Rückprojektion eines Rekonstruktionsschemas vorgestellt. Dieses ist in der Lage, rigide Bewegungen, die während der Aufnahme stattfanden und bestimmt wurden, zu korrigieren. Durch die Einfügung von Bewegungsinformationen direkt in die Projektionsmatrix werden Nachteile, die im DDMC-Rekonstruktionsschema vorhanden sind, behoben. Im Gegensatz zum DDMC-Schema ist die Definition von Projektionsgruppen unabhängig vom Kamerasystem oder dem aktuellen Bewegungsabschnitt in den gemessenen Projektionen. Dem neuen Schema folgend werden der wohlbekannte EM- und der OSEM-Algorithmus implementiert und ausführlich mit akademischen Daten und echten Phantomaufnahmen getestet. Mit beiden Algorithmen können, unabhängig von der Anzahl und dem Zeitpunkt der Bewegungen, bewegungskorrigierte Rekonstruktionen berechnet werden. Allerdings geht die Annahme ein, dass die Objektbewegungen vorher bekannt sind.

Dieses Rekonstruktionsschema wird anschließend weiter verbessert, indem die Bewegungskorrektur und die Rekonstruktion in einem neuen Ansatz als ein kombiniertes Optimierungsproblem aufgefasst werden. Durch diese Kombination, dem CRMC-Ansatz, können ausschließlich unter Verwendung der gemessenen Projektionen sowohl abrupte als auch gleichmäßige Bewegungen zwischen den Projektionen kompensiert werden. Dies ist selbst dann möglich, wenn keine Informationen vorliegen, wann eine Bewegung stattgefunden hat. Allerdings kann der CRMC-Ansatz durch die Informationen über die Bewegungszeitpunkte beschleunigt werden, weshalb er mit einer Methode zur Bewegungsdetektion erweitert wird. Hierzu werden drei verschiedene Methoden zur automatischen, rein datengestützten Bewegungserkennung untersucht. Als Ergebnis dieser Untersuchung wird eine Verarbeitungskette, bestehend aus der Schwerpunktmethode und dem

CRMC-Ansatz, umgesetzt. Diese Umsetzung einer vollständig automatischen und rein datengestützten Bewegungskorrektur wird abschließend getestet. Dazu werden ausführliche Tests für rigide Bewegungen mit 3D-Beispielen durchgeführt. In allen Fällen kann die Rekonstruktion deutlich verbessert werden.

8.2 Ausblick

Die bisher durchgeführten Tests beschränken sich hauptsächlich auf akademische Daten. Eine weitere ausführliche Untersuchung mit realen klinischen Daten steht noch aus. Ebenso ist eine weitere Untersuchung der Bewegungsdetektionsverfahren vielversprechend. Ansätze sind hierfür ein weiteres Prüfkriterium für das Schwerpunktverfahren sowie die Beschäftigung mit neuen Ergebnissen zur Bewegungsdetektion für CT-Aufnahmen [34]. Des Weiteren wurden für die vorgestellten Tests die Regularisierer fest gewählt. Ein interessanter Ansatzpunkt für weitere Arbeiten wäre ein Vergleich verschiedener Regularisierer für die Rekonstruktion und die Bewegungskorrektur und ihre Auswirkung auf die Ergebnisse. Dies gilt ebenso für eine genaue Analyse des linearen Gleichungssystems, das in jedem Schritt des Newton-Verfahrens gelöst wird. Der Einsatz schneller GleichungssystemlÖser, zum Beispiel durch Multi-Grid-Techniken, ist erstrebenswert. Dies betrifft im Allgemeinen eine effiziente Umsetzung der Bewegungskorrekturkette. Die hier vorgestellte Umsetzung erfolgte ausschließlich in Matlab ohne eine Optimierung der Laufzeit oder des Speicherbedarfs. Abschließend ist an eine Übertragung des vorgestellten Verfahrens in andere Bereiche zu denken. Ein erster Schritt in diese Richtung, die Positionskorrektur bei C-Bögen, ist in [9] zu finden. Ebenso könnte die Übertragung für Micro-CT-Aufnahmen betrachtet werden.

Literaturverzeichnis

- [1] MiE medical imaging electronics GmbH, Hauptstr. 112, D-23845 Seth, www.miegermany.de.
- [2] H. O. Anger. Scintillation camera. *Rev. Sci. Instrum.*, 29:27–33, 1958.
- [3] L. Antonelli, L. Carracciuolo, M. Ceccarelli, L. D’Amore, and A. Murli. Total variation regularization for edge preserving 3d spect imaging in high performance computing environments. In P. Sloot, C. Kenneth Tan, J. Dongarra, and A. Hoekstra, editors, *Computational Science - ICCS 2002: International Conference*, volume 2330/2002, pages 171–180, Amsterdam, The Netherlands, April 2002.
- [4] L. K. Arata, P. H. Pretorius, and M. A. King. Correction of organ motion in SPECT using reprojection data. In *Proceedings of the 1995 IEEE Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference*, volume 3, pages 1456–1460, San Francisco, CA, USA, 1995.
- [5] G. Bal, Z. Cao, G. L. Zeng, R. M. Lewitt, and P. D. Acton. A fast resolution recovery algorithm for translation based multi-pinhole SPECT. In *The 8th International Meeting on Fully Three-Dimensional Image Reconstruction in Radiology and Nuclear Medicine*, pages 259–263, Salt Lake City, Utah, 2005.
- [6] R. Beach, H. P. Pretorius, G. Boening, P. P. Bruyant, B. Feng, R. R. Fulton, M. A. Gennert, S. Nadella, and M. A. King. Feasibility of stereo-infrared tracking to monitor patient motion during cardiac spect imaging. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 51(5):2693–2698, 2004.
- [7] A. Björck. *Numerical Methods for Least Squares Problems*. SIAM, Philadelphia, 1996.
- [8] P. Boccacci, P. Bonetto, P. Calvini, and A. R. Formiconi. A simple model for the efficient correction of collimator blur in 3d spect imaging. *Inverse Problems*, 15:907–930, 1999.
- [9] C. Bodensteiner, C. Darolti, H. Schumacher, L. Matthäus, and A. Schweikard. Motion and positional error correction for cone beam 3d-reconstruction with mobile c-arms. In *10th International Conference on*

Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention - MICCAI, Brisbane, Australia, 2007.

- [10] G. Boening, C. Byrne, H. Gifford, B. Feng, P. Bruyant, R. Beach, and M. King. Motion correction for cardiac spect using a rbi-ml partial-reconstruction approach. *IEEE Nucl Sci Symposium Conference Record*, 5:2849–2853, 2004.
- [11] E. H. Botvinick, Y. Y. Zhu, W. J. O’Connell, and M. W. Dae. A quantitative assessment of patient motion and its effect on myocardial perfusion SPECT images. *J Nucl Med*, 34(2):303–310, 1993.
- [12] L. Bouwens, R. Van de Walle, H. Gifford, M. King, I. Lemahieu, and R. A. Dierckx. Lmira: List-mode iterative reconstruction algorithm for spect. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 48(4):1364–1370, 2001.
- [13] L. Bouwens, R. Van de Walle, J. Nuyts, M. Koole, Y. D’Asseler, S. Vandenberghe, I. Lemahieu, and R. Dierckx. Image-correction techniques in spect. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 25(2):117–126, 2001.
- [14] J. G. Brankov, Y. Yang, and M. N. Wernick. Tomographic image reconstruction based on a content-adaptive mesh model. *IEEE Trans. Med. Img.*, 23(2):202–212, 2004.
- [15] W. L. Briggs, V. E. Henson, and S. F. McCormick. *A Multigrid Tutorial (Second Edition)*. Society for Industrial and Applied Mathematics (SIAM), 2000.
- [16] A. J. Britten, F. Jamali, J. N. Gane, and A. E. A. Joseph. Motion detection and correction using multi-rotation 180° single-photon emission tomography for thallium myocardial imaging. *Eur J Nucl Med*, 25(11):1524–1530, 1998.
- [17] P. Bruyant. Analytic and iterative reconstruction algorithms in SPECT. *J Nucl Med*, 43(10):1343–1358, 2002.
- [18] P. Bruyant, M. Gennert, G. Speckert, R. Beach, J. Morgenstem, N. Kumar, S. Nadella, and M. King. A robust visual tracking system for patient motion detection in spect: hardware solutions. In *IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record*, volume 5, pages 3094– 3097, 2004.
- [19] P. P. Bruyant, M. A. King, and P. H. Pretorius. Correction of the respiratory motion of the heart by tracking of the center of mass of thresholded projections: A simulation study using the dynamic mcat phantom. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 49(5):2159–2166, 2002.

- [20] T. Budinger, G. Gullberg, and R. Huesman. Emission computed tomography. In G. T. Herman, editor, *Image Reconstruction from Projections: Implementation and Application*, pages 148–170. Springer-Verlag, 1979.
- [21] T. Budinger and G. T. Gullberg. Three-dimensional reconstruction in nuclear medicine emission imaging. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, NS-21:2–20, 1974.
- [22] Q.-s. Chen, P. R. Franken, M. Defrise, M. H. Jonckheer, and F. Deconinck. Detection and correction of patient motion in SPECT imaging. *J Nucl Med Technol*, 21(4):198–205, 1993.
- [23] C. L. Chiang. *An Introduction to Stochastic Processes and Their Application*. Robert E. Krieger Publishing Company, Huntington, New York, 1980.
- [24] E. S. Chornoboy, C. J. Chen, M. I. Miller, T. R. Miller, and D. L. Snyder. An evaluation of maximum likelihood reconstruction for SPECT. *IEEE Trans Med Imag*, 9(1):99–110, 1990.
- [25] J. Chung, E. Haber, and J. Nagy. Numerical methods for coupled super-resolution. *Inverse Problems*, 22(4):1261–1272, 2006.
- [26] J. A. Cooper, P. H. Neumann, and B. K. McCandless. Effect of patient motion on tomographic myocardial perfusion imaging. *J Nucl Med*, 33(8):1566–1571, 1992.
- [27] J. A. Copper, P. H. Neumann, and B. K. McCandless. Detection of patient motion during tomographic myocardial perfusion imaging. *J Nucl Med*, 34(8):1341–1348, 1993.
- [28] E. V. R. Di Bella, A. B. Barclay, R. L. Eisner, and R. W. Schafer. A comparison of rotation-based methods for iterative reconstruction algorithms. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 43(6):3370–3376, 1996.
- [29] R. Eisner, A. Churchwell, T. Noever, D. Nowak, K. Cloninger, D. Dunn, W. Carlson, J. Oates, J. Jones, D. Morris, H. Liberman, and R. Patterson. Quantitative analysis of the tomographic thallium-201 myocardial bullseye display: Critical role of correcting for patient motion. *J Nucl Med*, 29:91–97, 1988.
- [30] R. L. Eisner, T. Noever, D. Nowak, W. Carlson, D. Dunn, J. Oates, K. Cloninger, H. A. Liberman, and R. E. Patterson. Use of cross-correlation function to detect patient motion during SPECT imaging. *J Nucl Med*, 28(1):97–101, 1987.

Literaturverzeichnis

- [31] M. Elad and A. Feuer. Super-resolution reconstruction of an image. In *Nineteenth Convention of Electrical and Electronics Engineers in Israel*, 1996.
- [32] M. Elad and A. Feuer. Super-resolution reconstruction of image sequences. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 21(9):817–834, 1999.
- [33] U. Engeland. *Untersuchungen zur Optimierung eines Gammakameradektors durch die Auswertung seiner verrauschten Antwort auf die Gammaquanten aus einer verfahrenbaren Feinnadelstrahlquelle*. PhD thesis, Georg-August-Universität zu Göttingen, 2000.
- [34] S. Ens. Sinogrammbasierte bewegungsdetektion in der transmissionscomputertomographie. Master's thesis, Universität zu Lübeck, 2008.
- [35] B. Feng, P. Bruyant, P. Pretorius, R. Beach, H. Gifford, J. Dey, M. Gennert, and M. King. Estimation of the rigid-body motion from three-dimensional images using a generalized center-of-mass points approach. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 53(5):2712–2718, 2006.
- [36] B. Feng, H. C. Gifford, R. D. Beach, G. Boening, M. A. Gennert, and M. A. King. Use of the three-dimensional gaussian interpolation in the projector/backprojector pair for compensation of the known rigid-body motion in SPECT. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 25:838–844, 2006.
- [37] B. Fischer and J. Modersitzki. Ill-posed medicine - an introduction to image registration. *to appear in Inverse Problems*, 24, 2008.
- [38] J. Friedman, K. Van Train, J. Maddahi, A. Rozanski, F. Prigent, J. Bietendorf, A. Waxman, and D. S. Berman. "upward creep" of the heart: A frequent source of false-positive reversible defects during thallium-201 stress-redistribution SPECT. *J Nucl Med*, 30(10):1718–1722, 1989.
- [39] R. R. Fulton, S. Eberl, S. R. Meikle, B. F. Hutton, and M. Braun. A practical 3D tomographic method for correcting patient head motion in clinical SPECT. *IEEE Trans Nucl Sci*, 46(3):667–672, 1999.
- [40] R. R. Fulton, B. Hutton, M. Braun, B. Ardekani, and R. Larkin. Use of 3D reconstruction to correct for patient motion in SPECT. *Phys Med Biol*, 39(3):563–574, 1994.
- [41] P. Garthwaite, I. Jolliffe, and B. Jones. *Statistical Inference*. Oxford University Press, 2002.

- [42] W. J. Geckle, T. L. Frank, J. M. Links, and L. C. Becker. Correction for patient and organ movement in SPECT: Application to exercise thallium-201 cardiac imaging. *J Nucl Med*, 29(4):441–450, 1988.
- [43] G. Germano, t. Chua, P. B. Kavanagh, H. Kiat, and D. S. Berman. Detection and correction of patient motion in dynamic and static myocardial SPECT using a multi-detector camera. *J Nucl Med*, 34(8):1349–1355, 1993.
- [44] G. H. Golub and C. F. Van Loan. *Matrix-computations*. Oxford : North Oxford Academic, 1983.
- [45] E. Gravier, Y. Yang, M. A. King, and M. Jin. Fully 4d motion-compensated reconstruction of cardiac SPECT images. *Phys. Med. Biol.*, 51:4603–4619, 2006.
- [46] M. W. Groch and W. D. Erwin. SPECT in the year 2000: Basic principles. *J. Nucl. Med. Technol.*, 28(4):233–244, 2000.
- [47] M. Hanke, J. G. Nagy, and C. Vogel. Quasi-newton approach to nonnegative image restoration. *Linear Algebra and its Applications*, 316:223–236, 2000.
- [48] R. L. Hatton, B. F. Hutton, S. Angelides, K. K. L. Choong, and G. Larcos. Improved tolerance to missing data in myocardial perfusion spet using osem reconstruction. *European Journal of Nuclear Medicine and Molecular Imaging*, 31(6):857 – 861, 2004.
- [49] T. J. Hebert. Statistical stopping criteria for iterative maximum likelihood reconstruction of emission images. *Phys. Med. Biol.*, 35(9):1221–1232, 1990.
- [50] H. M. Hudson and R. S. Larkin. Accelerated image reconstruction using ordered subsets of projection data. *IEEE Trans Med Imag*, 13(4):601–609, 1994.
- [51] B. F. Hutton, H. M. Hudson, and F. J. Beekman. A clinical perspective of accelerated statistical reconstruction. *European Journal of Nuclear Medicine and Molecular Imaging*, 24(7):797 – 808, 1997.
- [52] B. F. Hutton, A. Z. Kyme, Y. H. Lau, D. W. Skerrett, and R. R. Fulton. A hybrid 3-D reconstruction/registration algorithm for correction of head motion in emission tomography. *IEEE Trans Nucl Sci*, 49(1):188–194, 2002.
- [53] M. Ivanovic, D. A. Weber, S. Loncaric, C. Pellot-Barakat, and D. K. Shelton. Patient motion correction for multicamera SPECT using 360° acquisition/detector. *IEEE Nuclear Science Symposium*, 2:989–993, 1997.
- [54] A. K. Jain. *Fundamentals of Digital Image Processing*. Prentice-Hall, Inc., 1989.

Literaturverzeichnis

- [55] S. Jan, G. Santin, D. Strul, S. Staelens, K. Assie, D. Autret, S. Avner, R. Barbier, M. Bardies, P. M. Bloomfield, D. Brasse, V. Breton, P. Bruyn-donckx, I. Buvat, A. F. Chatziioannou, Y. Choi, Y. H. Chung, C. Comtat, D. Donnarieix, L. Ferrer, S. J. Glick, C. J. Groiselle, D. Guez, P. F. Honore, S. Kerhoas-Cavata, A. S. Kirov, V. Kohli, M. Koole, M. Krieguer, D. J. van der Laan, F. Lamare, G. LARGERON, C. Lartizien, D. Lazaro, M. C. Maas, L. Maigne, F. Mayet, F. Melot, C. Merheb, E. Pennacchio, J. Perez, U. Pietrzyk, F. R. Rannou, M. Rey, D. R. Schaart, C. R. Schmidtlein, L. Simon, T. Y. Song, J. M. Vieira, D. Visvikis, R. Van de Walle, E. Wieers, and C. Morel. Gate : a simulation toolkit for pet and spect. *Physics in Medicine and Biology*, 49:4543, 2004.
- [56] E. Jonsson, S. Huang, and T. Chan. Total variation regularization in positron emission tomography. Technical Report 98–48, University of California, Los Angeles, 1998. U.C.L.A. computational and applied mathematics reports.
- [57] A. C. Kak and M. Slaney. *Principles of Computerized Tomographic Imaging*. Society of Industrial and Applied Mathematics, 2001.
- [58] P. Kisilev, M. Zibulevsky, and Y. Zeevi. Wavelet representation and total variation regularization in emission tomography. In *International Conference on Image Processing*, volume 1, pages 702–705, Thessaloniki, Greece, 2001.
- [59] K. Knešaurek. Comparison of 360° and 180° data collection in spect imaging. *Phys. Med. Biol.*, 32(11):1445–1456, 1987.
- [60] H. F. Kung, M.-P. Kung, and S. R. Choiab. Radiopharmaceuticals for single-photon emission computed tomography brain imaging. *Seminars in Nuclear Medicine*, 33(1):2–13, 2003.
- [61] A. Z. Kyme. Data-driven motion correction in single photon emission computed tomography of the brain. Master’s thesis, University of Wollongong, 2004.
- [62] A. Z. Kyme, B. F. Hutton, R. L. Hatton, D. W. Skerrett, and L. R. Barnden. Practical aspects of a data-driven motion correction approach for brain SPECT. *IEEE Trans Med Imag*, 22(6):722–729, 2003.
- [63] F. Lamare, T. Cresson, J. Savean, C. Cheze Le Rest, A. J. Reader, and D. Visvikis. Respiratory motion correction for PET oncology applications using affine transformation of list mode data. *Phys. Med. Biol.*, 52:121–140, 2007.

- [64] F. Lamare, M. J. Ledesma Carbayo, T. Cresson, G. Kontaxakis, A. Santos, C. Cheze Le Rest, A. J. Reader, and D. Visvikis. List-mode-based reconstruction for respiratory motion correction in PET using non-rigid body transformations. *Phys. Med. Biol.*, 52:5187–5204, 2007.
- [65] K. J. Lee and D. C. Barber. Use of forward projection to correct patient motion during SPECT imaging. *Phys Med Biol*, 43:171–187, 1998.
- [66] J. P. Lewis. Fast normalized cross-correlation, 1995. <http://www.idiom.com/zilla/Work/nvisionInterface/>.
- [67] R. Lewitt and S. Matej. Overview of methods for image reconstruction from projections in emission computed tomography. In *Proceedings of the IEEE*, volume 91, pages 1588–1611, 2003.
- [68] R. M. Lewitt. Alternatives to voxels for image representation in iterative reconstruction algorithms. *Phys. Med. Biol.*, 37(3):705–716, 1992.
- [69] J. Llacer and E. Veklerov. Feasible images and practical stopping rules for iterative algorithms in emission tomography. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 8:186–193, 1989.
- [70] W. Lu and T. R. Mackie. Tomographic motion detection and correction directly in sinogram space. *Phys Med Biol*, 47:1267–1284, 2002.
- [71] L. Ma, S. Gu, S. Nadella, P. Bruyant, M. King, and M. Gennert. A practical rebinning-based method for patient motion compensation in spect imaging. In *International Conference on Computer Graphics, Imaging and Vision: New Trends, 2005.*, pages 209–214, 2005.
- [72] J. B. A. Maintz and M. A. Viergever. A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1):1–36, 1998.
- [73] S. Matej and R. M. Lewitt. Efficient 3d grids for image reconstruction using spherically-symmetric volume elements. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 42(4):1361–1370, 1995.
- [74] N. Matsumoto, D. S. Berman, P. B. Kavanagh, J. Gerlach, S. W. Hayes, and H. C. Lewin. Quantitative assessment of motion artifacts and validation of a new motion correction program for myocardial perfusion SPECT. *J. Nucl. Med.*, 42(5):687–694, 2001.
- [75] S. R. Meikle, B. F. Hutton, D. L. Bailey, P. K. Hooper, and M. J. Fulham. Acceleration EM reconstruction in total-body PET: potential for improving tumour detectability. *Phys. Med. Biol.*, 39:1689–1704, 1994.

Literaturverzeichnis

- [76] M. I. Miller, D. L. Snyder, and T. R. Miller. Maximum-likelihood reconstruction for single-photon emission computed-tomography. *Trans Nuc Sci*, NS-32(1):769–778, 1985.
- [77] J. Modersitzki. *Numerical methods for image registration*. Oxford University Press, 2003.
- [78] J. G. Nagy and Z. Strakos. Enforcing nonnegativity in image reconstruction algorithms. In D. C. Wilson, H. D. Tagare, F. L. Bookstein, F. J. Preteux, and E. R. Dougherty, editors, *Proc. SPIE Vol. 4121, p. 182-190, Mathematical Modeling, Estimation, and Imaging, David C. Wilson; Hemant D. Tagare; Fred L. Bookstein; Francoise J. Preteux; Edward R. Dougherty; Eds.*, volume 4121 of *Presented at the Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers (SPIE) Conference*, pages 182–190, oct 2000.
- [79] F. Natterer. *The Mathematics of Computerized Tomography*. John Wiley, B. G. Teubner, New York, Leipzig, 1986.
- [80] F. Natterer and F. Wübbeling. *Mathematical Methods in Image Reconstruction*. Society for Industrial and Applied Mathematics, Philadelphia, 2001.
- [81] J. Nelder and R. Mead. A simplex method for function minimization. *Computer Journal*, 7:308–313, 1965.
- [82] J. Nocedal and S. J. Wright. *Numerical Optimization*. Springer, 1999.
- [83] V. Panin, G. Zeng, and G. Gullberg. Total variation regulated em algorithm. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 46(6):220–2210, 1999.
- [84] S. C. Park, M. K. Park, and M. G. Kang. Super-resolution image reconstruction: a technical overview. *IEEE Signal Processing Magazine*, 20(3):21– 36, 2003.
- [85] A. M. Passalacqua and R. Narayanaswamy. Patient motion correction of SPECT images: dual scan approach. *IEEE Proc. NSSS'94, Norfolk, VA*, 3:1270–1274, 1995.
- [86] C. Pellot-Barakat, M. Ivanovic, D. A. Weber, A. Herment, and D. K. Shelton. Motion detection in triple scan SPECT imaging. *IEEE Trans Nucl Sci*, 45(4):2238–2244, 1998.
- [87] M. Persson, D. Bone, and H. Elmqvist. Three-dimensional total variation norm for spect reconstruction. *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research*, A 471:98–102, 2001.

- [88] M. Persson, D. Bone, and H. Elmqvist. Total variation norm for three-dimensional iterative reconstruction in limited view angle tomography. *Phys. Med. Biol.*, 41:853–866, 2001.
- [89] K. Reichmann, F. Boschen, R. Rödel, K. U. Kühn, A. Joe, and H.-J. Biersack. Erkennung von kopfbewegungen während emissionstomographischer datenaufnahmen. In *Bildverarbeitung für die Medizin*, pages 433–437, 2003.
- [90] E. Röhl, H. Schumacher, and B. Fischer. Automatic detection of abrupt patient motion in spect data acquisition. In *Proceedings of SPIE, Medical Imaging, Image Processing*, 2007.
- [91] P. Schmidlin, M. E. Bellemann, and G. Brix. Subsets and overrelaxation in iterative image reconstruction. *Phys Med Biol*, 44:1385–1396, 1999.
- [92] P. Schmidlin, G. Brix, M. E. Bellemann, and L. W.J. Computation of high overrelaxation parameters in iterative image reconstruction. *IEEE Trans Nucl Sci*, 45(3):1737–1742, 1998.
- [93] H. Schumacher and B. Fischer. A new approach for motion correction in spect imaging. In *In Bildverarbeitung für die Medizin. Springer.*, pages 51–55, 2007.
- [94] H. Schumacher and B. Fischer. A new flexible reconstruction framework for motion correction in spect imaging. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 54:480–485, 2007.
- [95] H. Schumacher, S. Heldmann, E. Haber, and B. Fischer. Iterative reconstruction of spect images using adaptive multi-level refinement. In *Bildverarbeitung für die Medizin*, 2008.
- [96] L. A. Shepp and Y. Vardi. Maximum likelihood reconstruction for emission tomography. *IEEE Trans Med Imag*, MI-1:113–122, 1982.
- [97] S. Teboul, G. Blanc-Féraud, Laure nd Aubert, and M. Barlaud. Variational approach for egde-preserving regularization using coupled pde’s. *IEEE Transactions on Image Processing*, 7(3):387–396, 1998.
- [98] A. N. Tikhonov, A. Goncharsky, V. V. Stepanov, and A. G. Yagola. *Numerical Methods for the Solution of ill-Posed Problems*. Kluwer Academic Publishers, 1995.
- [99] U. Trottenberg, C. Oosterlee, and A. Schüller. *Multigrid*. Academic Press, Inc, 2001.

Literaturverzeichnis

- [100] B. M. W. Tsui, W. P. Segars, and D. S. Lalush. Effects of upward creep and respiratory motion in myocardial SPECT. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 47:1192–1195, 2000.
- [101] H. Ue, H. Haneishi, H. Iwanaga, and K. Suga. Nonlinear motion correction of respiratory-gated lung spect images. *IEEE Trans. Med Imag.*, 25(4):486–495, 2006.
- [102] S. Vandenberghe, Y. D’Asseler, R. Van de Walle, T. Kauppinen, M. Koole, L. Bouwens, K. Van Laere, I. Lemahieu, and R. A. Dierckx. Iterative reconstruction algorithms in nuclear medicine. *Comput Med Imaging Graph*, 25(2):105–111, 2001.
- [103] E. Veklerov, J. Llacer, and E. Hoffman. Mle reconstruction of a brain phantom using a monte carlo transition matrix and a statistical stopping rule. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 35:603–607, 1988.
- [104] C. Vogel and M. E. Oman. Fast total variation-based image reconstruction. In *Proceedings of the ASME Symposium on Inverse Problems*, 1995.
- [105] C. R. Vogel. *Computational Methods for Inverse Problems*. Society for Industrial and Applied Mathematics, Philadelphia, 2002.
- [106] C. R. Vogel and M. E. Oman. Fast numerical methods for total variation minimization in image reconstruction. In F. T. Luk, editor, *Proceedings of SPIE, Advanced Signal Processing Algorithms*, volume 2563, San Diego, USA, 1995.
- [107] J. W. Wallis and T. R. Miller. An optimal rotator for iterative reconstruction. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 16(1):118–123, 1997.
- [108] J. M. Wheat and G. M. Currie. Incidence and characterization of patient motion in myocardial perfusion SPECT: Part 1. *J Nucl Med Technol*, 32(2):60–65, 2004.
- [109] C. Wiethold, I.-T. Hsiao, A. V. Clough, and C.-T. Chen. A novel model of geometric and detector response for limited angular sampling pinhole SPECT. *SPIE 2006*, 2006.
- [110] J. Xu, C. Liu, Y. Wang, E. C. Frey, and B. M. W. Tsui. Quantitative rotating multisegment slant-hole spect mammography with attenuation and collimator-detector response compensation. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 26(7):906–916, 2007.
- [111] S. R. Zakavi, A. Zonoozi, V. D. Kakhki, M. Hajizadeh, M. Momennezhad, and K. Ariana. Image reconstruction using filtered backprojection and

- iterative method: Effect on motion artifacts in myocardial perfusion spect. *J Nucl Med Technol*, 34(4):220–223, 2006.
- [112] G. L. Zeng. Image reconstruction - a tutorial. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 25(2):97–103, 2001.
- [113] B. Zitová and J. Flusser. Image registration methods: A survey. *Image Vision and Computing*, 21(11):977–1000, 2003.