

Compressed Sensing zur Filterung und Reduktion der Rekonstruktionszeit in der Positronen-Emissions-Tomographie

Compressed sensing for filtering and reduction of reconstruction time in positron emission tomography

Dissertation zur Erlangung des naturwissenschaftlichen Doktorgrades
der Graduate School of Life Sciences,
Julius-Maximilians-Universität Würzburg,
Klasse Biomedizin

vorgelegt von

Dominik Richter
aus
Würzburg

Würzburg, 2014

Eingereicht am:

Mitglieder des Promotionskomitees:

Vorsitzender: Prof. Dr. Manfred Gessler

1. Betreuer: Prof. Dr. Samuel Samnick

2. Betreuer: Prof. Dr. Peter M. Jakob

3. Betreuer: Prof. Dr. Bernhard Nieswandt

Tag des Promotionskolloquiums:

Doktorurkunde ausgehändigt am:

Inhaltsverzeichnis

Abkürzungen	7
Zusammenfassung	9
Summary	11
1 Einleitung	13
2 Grundlagen der PET	15
2.1 Physikalische Grundlagen	15
2.2 PET-Tracer	19
2.3 PET-Scanner	20
2.4 Datenakquisition und -verarbeitung	24
2.4.1 Zwei- und dreidimensionale Datenakquisition	27
2.4.2 Korrektur der Messdaten	29
3 Bildrekonstruktion	37
3.1 Radon-Transformation und Fourier-Slice Theorem	37
3.2 Organisation und Kompression der Daten	40
3.3 Rebinning Algorithmus	44
3.3.1 Motivation	44
3.3.2 FORE	46
3.4 Analytische Rekonstruktionsalgorithmen	50
3.4.1 Direkte inverse Radon-Transformation	50
3.4.2 Gefilterte Rückprojektion	51
3.5 Iterative Rekonstruktionsverfahren	54
3.5.1 Algebraische Rekonstruktion	56
3.5.2 EM Algorithmus	58
3.5.3 OS-EM Algorithmus	60
3.5.4 Systemmatrix	61
3.6 3D analytische Rekonstruktion	63
3.7 Rohdaten-basierte Triggerung	68
3.8 Bilaterale Filterung	73
4 Compressed Sensing	75
4.1 Einführung	75

4.2	Voraussetzungen für Compressed Sensing	76
4.2.1	Dünnbesetzte oder komprimierbare Signale	76
4.2.2	Abtastschemata	78
4.3	Compressed Sensing Rekonstruktionsalgorithmen	79
4.3.1	CS Rekonstruktionsalgorithmus mit strikter Datenkonsistenz	81
4.3.2	CS Rekonstruktionsalgorithmus mit aufgelockerter Datenkonsistenz	83
5	GATE	87
5.1	Einführung	87
5.2	Definition eines Detektors in GATE	88
5.3	Phantome, Quellen und Simulationsparameter in GATE	90
6	Anwendung von Compressed Sensing als Filtertechnik in der PET	97
6.1	Einführung	97
6.2	Materialien und Methoden	99
6.2.1	Simulationen mit GATE	99
6.2.2	PET-Messungen	100
6.2.3	Korrekturen und Rekonstruktion des Ausgangsbildes	102
6.2.4	Compressed Sensing	103
6.2.5	Quantifizierung	105
6.3	Ergebnisse	107
6.3.1	Simulationen	107
6.3.2	PET-Messungen	111
6.4	Diskussion und Zusammenfassung	118
7	Reduktion der Rekonstruktionszeit bei Rohdaten-basierter Triggerung in der PET durch Compressed Sensing	125
7.1	Einführung	125
7.2	Materialien und Methoden	126
7.2.1	PET-Messungen	126
7.2.2	Rohdaten-basierte Triggerung	126
7.2.3	Compressed Sensing	129
7.2.4	Quantifizierung	130
7.3	Ergebnisse und Diskussion	131
7.3.1	Auswertung der Datensätze der Ratten	132
7.3.2	Auswertung der Datensätze der Mäuse	134
7.4	Zusammenfassung und Ausblick	137
A	Literaturverzeichnis	141
B	Lebenslauf	151
C	Publikationen	155
D	Eidesstattliche Erklärung / Affidavit	157

E Danksagung

159

Abkürzungen

In der vorliegenden Arbeit werden folgende Abkürzungen verwendet (alphabetische Reihenfolge):

3D RP	3D erneute Projektion
ART	algebraische Rekonstruktionstechnik
BGO	Bismutgermanat
COM	Methode des Massenschwerpunkts
COM _{seg}	segmentierten Methode des Massenschwerpunkts
CS	Compressed Sensing
CT	Computertomographie
EANM	europäische Gesellschaft für Nuklearmedizin
EDV	enddiastolisches Volumen
EF	Ejektionsfraktion
EKG	Elektrokardiogramm
EM	Maximierung der Erwartung
ESV	endsystolisches Volumen
FBP	gefilterte Rückprojektion
FDG	Fluordesoxyglucose
FORE	Fourier Rebinning
FOV	Sichtfeld
GATE	Geant4 Anwendung für Emissionstomographie
IAW	Inveon Acquisition Workplace
LOR	Antwortgerade
LSO	Lutetiumoxyorthosilicat
MC	Monte Carlo
ML-EM	Maximierung der Erwartung der größten Wahrscheinlichkeit
MRT	Magnetresonanztomographie
OS-EM	Maximierung der Erwartung mit geordneten Teilmengen
PET	Positronen-Emissions-Tomographie
PL	bestrafte Wahrscheinlichkeit
PMT	Photomultiplier
RD	Ringdifferenz
ROI	Bereich von Interesse
SM	Sensitivitäts-Methode
SNR	Signal-Rausch-Verhältnis
SV	(Herz-)Schlagvolumen

Abkürzungen

UF	Unterabtastfaktor
VOI	Volumen von Interesse

Zusammenfassung

Durch die Verwendung radioaktiver Substanzen mit ihrer schädigenden Wirkung auf den menschlichen Körper besteht in der Positronen-Emissions-Tomographie (PET) ein fortwährendes Interesse an der Reduktion der applizierten Dosis bei gleichbleibender Qualität der Ergebnisse. Zusätzlich ist im Hinblick auf die Wirtschaftlichkeit der Systeme eine Reduktion sowohl der Akquisitions- als auch der Rekonstruktionszeit erstrebenswert. In dieser Arbeit werden zwei Möglichkeiten vorgestellt, diese Ziele durch den Einsatz von Compressed Sensing (CS) zu erreichen.

Neben der Entwicklung neuartiger Rekonstruktionsalgorithmen können Filtertechniken eingesetzt werden, um eine qualitative Verbesserung rekonstruierter Bilder zu erzielen. Der Vorteil eines Filters besteht unter anderem darin, dass diese retrospektiv angewandt werden können. Es ist folglich möglich, die Qualität eines Bildes zu überprüfen und lediglich im Bedarfsfall einen Filter einzusetzen.

Die Technik des CS war in den letzten Jahren Gegenstand zahlreicher Forschungsarbeiten im Bereich der Bildgebung, insbesondere in der Magnetresonanztomographie und der Computertomographie (CT). Mit CS könnten bildgebende Verfahren wie die CT oder die PET mit weniger Messungen durchgeführt werden, wodurch sich die Messzeit und die Strahlenexposition reduziert. In der molekularen Bildgebung mit der PET ist CS jedoch weitgehend unbekannt.

Im ersten Teil dieser Dissertation wird eine Methode vorgestellt, welche CS als Filtertechnik in der PET einsetzt. Den Ausgangspunkt stellt ein vollständiger, analytisch rekonstruierter Datensatz dar. Dieser wird mit einer Reihe unterschiedlicher Abtastmuster retrospektiv unterabgetastet und jeweils erneut, unter Verwendung von CS rekonstruiert. Im rauschfreien Fall würde CS stets das Originalbild liefern. Das überlagerte Rauschen führt jedoch zu Artefakten und einer Verschlechterung des Ergebnisses. CS kann nun einerseits das Rauschen vermindern. Andererseits ist es durch die Mittelung mehrerer unterschiedlicher Rekonstruktionen möglich, die Artefakte zu reduzieren. Auf diesem Weg kann die Bildqualität signifikant verbessert werden. Es konnte gezeigt werden, dass die Technik sowohl für 2D, als auch für 3D Datensätze verwendet werden kann. Die größten qualitativen Verbesserungen werden erzielt, wenn der Datensatz lediglich aus wenigen Ereignissen besteht. In diesem Fall ist die Bildqualität der analytischen Rekonstruktionen extrem schlecht, die Verbesserung durch die Filtertechnik mit CS und die damit verbundene Erhöhung des Signal-Rausch-Verhältnisses jedoch am größten. Bei diesen Datensätzen können die Ergebnisse iterativer Rekonstruktionen übertroffen werden. In der Praxis wäre damit ein Einsatz speziell bei dynamischen oder getriggerten Aufnahmen denkbar. In beiden Fällen basieren die Rekonstruktionen nicht selten auf wenigen

Zusammenfassung

Ereignissen. Die resultierenden Bilder sind häufig von schlechter Qualität, womit eine Verbesserung durch Filterung sinnvoll ist.

Der zweite Teil dieser Arbeit beschäftigt sich mit der Rohdaten-basierten Triggerung am Kleintier-PET sowie mit dem Einsatz von CS zur Reduktion der Rekonstruktionszeit. Frühere Veröffentlichungen zeigten bereits die Anwendbarkeit Rohdaten-basierter Triggermethoden bei humanen Datensätzen. Im Hinblick auf eine präklinische Anwendung, speziell bei Datensätzen mit dem Fokus auf Mäuseherzen, existieren jedoch nur wenige Studien. In dieser Arbeit wird gezeigt, dass die segmentierte Methode des Massenschwerpunkts (COM_{seg}) eine Technik darstellt, welche die kardiale Triggerung sowohl bei Datensätzen von Ratten, als auch von Mäusen erlaubt.

Ein nicht zu unterschätzender Nachteil der COM_{seg} besteht darin, dass vor deren Anwendung die List-Mode Datei in kleine Zeitframes unterteilt und in Sinogramme sortiert werden muss. Auf jedes Sinogramm wird im Anschluss ein Rebinning Algorithmus angewandt. Dies stellt einen enormen Zeitaufwand dar, wodurch sich eine Anwendung bei größeren Studien in der Praxis als schwierig erweist. Ziel der Triggermethoden ist die Gewinnung eines Triggersignals, durch welches beispielsweise der Herzschlag in mehrere Phasen aufgeteilt werden kann. Das Triggersignal hat für gewöhnlich eine dünnbesetzte Repräsentation im Frequenzraum. Dieses Vorwissen ermöglicht den Einsatz von CS. Anstelle des vollständigen Datensatzes wurde lediglich ein Teil der Daten in kleine Zeitframes sortiert und mit der COM_{seg} ausgewertet. Aus diesem unterabgetasteten Datensatz wird mit Hilfe von CS das vollständige Triggersignal rekonstruiert. Die Stärke der Unterabtastung entspricht in etwa dem Faktor der Reduktion der Rekonstruktionszeit. Auf diesem Weg ist es möglich, eine signifikante Beschleunigung zu erzielen. Die Anwendung dieser Technik ist jedoch nicht auf die COM_{seg} beschränkt. Prinzipiell kann das Verfahren bei allen Methoden der Rohdaten-basierten Triggerung angewandt werden, welche es erlauben, die Abtastpunkte des Signals separat zu berechnen. Damit werden Algorithmen interessant, deren Einsatz aufgrund aufwändiger Berechnungen bislang in der Praxis nicht sinnvoll war.

Zusammenfassend legen die in dieser Arbeit vorgestellten Daten nahe, dass CS ein neuartiges Werkzeug in der PET darstellen könnte, mit welchem eine Filterung von Bildern sowie eine Reduktion der Rekonstruktionszeit möglich ist.

Summary

In positron emission tomography (PET) radioactive substances are used. The exposure to ionizing radiation can cause damage to the human body. Therefore, there is an ongoing interest in reducing the amount of applied dose while keeping the quality of the results. With regard to the cost effectiveness of the systems a reduction of acquisition as well as reconstruction time is desirable. Within this work two possibilities are presented that enable achieving these objectives by using compressed sensing (CS).

Filtering methods can be used beside the development of novel reconstruction algorithms to improve the quality of reconstructed images. One advantage of filters is the possibility of retrospective usage. Therewith, the image quality can be evaluated and the filter is solely applied if necessary.

Over the past years, CS was the subject of several research activities in the field of imaging techniques, especially in magnetic resonance imaging and x-ray computed tomography (CT). CS could enable imaging modalities such as CT and PET to reconstruct images using fewer measurements, thus reducing scanning time and a patient's exposure to radiation. However, data on applications of CS in the molecular imaging with PET are lacking.

The first part of this dissertation describes a method that uses CS as a filter in PET. The initial point is a complete and analytically reconstructed dataset. Several different sampling patterns are applied for retrospective undersampling followed by an reconstruction using CS. In the noise-free case each reconstruction would yield the original image. However, additional noise results in artefacts and in a decline of the result. On the one hand, CS is able to reduce noise. On the other hand, an averaging of several different reconstructions can reduce artefacts. Therewith, the image quality can be improved significantly. It is shown that the method could be applied to 2D as well as to 3D datasets. Best results are obtained when the dataset consists of a few events only. While the quality of analytically reconstructed images is extremely bad, the greatest improvement and therewith the maximum increase of the signal-to-noise ratio is achieved using the CS filter method. Thereby, it is possible to outperform the results of iterative reconstructions. In practice, an application to dynamic or gated acquisitions would be conceivable. Reconstructions at both acquisition modes are often based on few counts. The resulting images are commonly of bad quality, whereby an improvement using a filter is reasonable.

The second part of this work deals with raw data based triggering at a small animal PET as well as the application of CS to reduce reconstruction time. Former publications already showed the practicability of raw data based triggering methods at human data-

Summary

sets. However, with regard to preclinical utilisation and especially to datasets that focus mice hearts, there are only few studies available. Within this work it is shown that the segmented centre of mass method (COM_{seg}) enables cardiac gating of datasets of rats as well as mice.

When applying the COM_{seg} list-mode data have to be sub-divided into small time frames and sorted to sinograms. Afterwards, a rebinning algorithm is applied to each sinogram. The enormous expenditure of time is a disadvantage that should not be underestimated. In practice, an application to larger studies is difficult thereby. The aim of triggering methods is to yield a triggering signal which enables subdivision e. g. of the heartbeat in several phases. Usually, a triggering signal has a sparse representation in frequency space. This previous knowledge allows the application of CS. Instead of all data only a fraction of the dataset is sorted to small time frames and analysed using the COM_{seg} . CS is used to calculate the complete triggering signal out of the undersampled one. The amount of undersampling corresponds to the reduction factor of reconstruction time. Thereby, a significant acceleration can be achieved. However, the application of this technique is not limited to the COM_{seg} . If a raw data based triggering method calculates each sample individually, CS can be applied. Therefore, algorithms that were not practicable because of long computation times may become interesting.

In summary, data of this work suggest that CS could be a novel analysis tool for filtering and reduction of reconstruction time in PET.

1 Einleitung

Die *Positronen-Emissions-Tomographie* (PET) ist ein nicht-invasives, bildgebendes Verfahren der Nuklearmedizin. Es ermöglicht die Visualisierung von Stoffwechselprozessen im lebenden Körper. Hierzu wird dem Patienten eine radioaktive Substanz verabreicht. Diese wechselwirkt mit dem Körper und reichert sich an dem Bestimmungsort an. Die resultierende erhöhte Aktivität in dieser Region kann gemessen und nach einer Rekonstruktion des Datensatzes sowohl sichtbar gemacht, als auch absolut quantifiziert werden. Diese funktionelle Bildgebung stellt den großen Vorteil der PET gegenüber anderen bildgebenden Verfahren dar. Speziell in den Bereichen der Onkologie, Neurologie und Kardiologie ist die PET mittlerweile ein etabliertes diagnostisches Verfahren, welches aus dem Alltag der klinischen Routine nicht mehr wegzudenken ist [1–3].

Der Nachteil der PET ist die Strahlenexposition, welche die verwendeten radioaktiven Substanzen durch ihre ionisierende Strahlung verursachen. Aus diesem Grund muss stets der erwartete Informationsgehalt einer Untersuchung gegen die Strahlenbelastung abgewogen werden. Dies legt gleichzeitig ein fortwährendes Ziel der Forschung in der PET fest: Die Reduktion der Strahlenbelastung durch Applikation einer geringeren Aktivität bei gleichbleibender Bildqualität. Alternativ sind bei gleicher Aktivität eine Verbesserung der Bildqualität oder eine Reduktion der Akquisitionszeit erstrebenswert. Durch den letzten Punkt könnten mehr Untersuchungen in der gleichen Zeit stattfinden, wodurch sich die Wirtschaftlichkeit dieses teuren Verfahrens erhöhen würde.

Um diese Ziele zu erreichen, können neben einer neuen Hardware oder spezieller Tracer auch neuartige Rekonstruktions- oder Filtertechniken eingesetzt werden. Ein kritischer Punkt aller Algorithmen ist hierbei die Berechnungszeit. Speziell im Hinblick auf kürzere Messzeiten wäre auch an dieser Stelle eine Reduktion wünschenswert.

Compressed Sensing (CS, komprimierte Abtastung; auch bekannt unter Compressive Sensing oder Compressed/Compressive Sampling) ist eine relativ neue Methode aus der Signalverarbeitung. Sie erlaubt es, durch die Verwendung von Vorwissen die aufzunehmende Datenmenge zu reduzieren. Die Technik wurde bereits in anderen Bildgebungsverfahren erfolgreich eingesetzt, beispielsweise um die Akquisitionszeit zu verkürzen. Diese Arbeit untersucht den Einsatz von Compressed Sensing in der PET. Hierfür werden zwei Anwendungsmöglichkeiten vorgestellt:

1. Verwendung von CS zur Filterung, um die Bildqualität speziell von analytisch rekonstruierten Bildern zu verbessern.
2. Reduktion der Rekonstruktionszeit bei der Rohdaten-basierten Triggerung. Hierfür wird die dünnbesetzte Gestalt des Spektrums eines Triggersignals genutzt.

2 Grundlagen der PET

2.1 Physikalische Grundlagen

Im Folgenden wird auf die physikalischen und technischen Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie eingegangen. Dies stellt eine Zusammenfassung der für diese Arbeit notwendigen Prinzipien dar. Für weitergehende Informationen wird auf die entsprechende Fachliteratur verwiesen [4–7].

Das Wort *Atom* stammt von dem griechischen *átomos*, „das Unteilbare“, ab. Heute wissen wir, dass sich ein Atom aus einem Atomkern und seiner Elektronenhülle zusammensetzt. Der Atomkern wiederum besteht aus Nukleonen, bei denen zwischen den positiv geladenen *Protonen* p und den elektrisch neutralen *Neutronen* n unterschieden wird. In einem ungeladenen Atom stimmt die Anzahl der *Elektronen* e in der Hülle mit der der Protonen im Kern überein. Die Masse von Protonen und Neutronen ist in etwa gleich groß und übersteigt die der Elektronen um ein Vielfaches ($m_p \approx 1836,2 \cdot m_e$, $m_n \approx 1838,7 \cdot m_e$) [5].

Eine Atomkernart, definiert durch die Anzahl an Protonen und Neutronen, wird als Nuklid bezeichnet. Die Gesamtzahl an Nukleonen eines Elementes heißt Massenzahl A oder Nukleonenzahl:

$$A = Z + N, \quad (2.1)$$

wobei Z der Protonenzahl und N der Neutronenzahl entspricht. Als formelmäßige Schreibweise für Nuklide hat sich eine Methode etabliert, in der das chemische Symbol des Elementes, X , mit der Angabe der Massen- und Protonenzahl gekennzeichnet wird: A_ZX . Haben Atome die gleiche Anzahl an Protonen, jedoch unterschiedlich viele Neutronen, so werden diese als Isotope des gleichen Elements bezeichnet. Folglich unterscheiden sich Isotope eines Elementes durch ihre Massenzahl. Ihr chemisches Verhalten ist jedoch weitgehend identisch.

Atome sind nur dann stabil, wenn in ihrem Kern eine zur Anzahl der Protonen geeignete Neutronenzahl existiert. Instabile Nuklide sind radioaktiv und werden als Radionuklide bezeichnet. Sie zerfallen mit charakteristischen Eigenschaften wie der Art des Zerfalls, der Halbwertszeit und der Zerfallsenergie. Zerfall bedeutet in diesem Zusammenhang die spontane Umwandlung des Mutternuklids in ein Tochternuklid. Hierbei wird Strahlung abgegeben. Strahlung, die in der Lage ist Elektronen aus Atomen oder Molekülen zu entfernen, wird als *ionisierende Strahlung* bezeichnet. Reicht die Energie der Strahlung nicht für eine Ionisation aus, so gilt diese als *nichtionisierende Strahlung*.

Es wird hauptsächlich zwischen drei Zerfallsarten unterschieden, dem Alpha-, Beta- und Gamma-Zerfall (α -, β - und γ -Zerfall). Die ausgesandte Strahlung wird dementsprechend mit α -, β - und γ -Strahlung bezeichnet. Im Folgenden werden die grundlegenden Vorgänge kurz aufgezeigt. Es existieren weitere Zerfallsmodi wie Elektroneneinfang oder Auger-Elektronen-Emission. Auf diese wird hier jedoch nicht weiter eingegangen. Ein besonderes Augenmerk wird hingegen auf den β -Zerfall und hier speziell den β^+ -Zerfall (Beta-Plus-Zerfall) gelegt. Dieser liegt der PET zugrunde.

Alpha-Zerfall

Beim α -Zerfall erfolgt die Umwandlung des Mutternuklids X in das Tochternuklid Y unter Aussendung eines Helium-4-Kerns:



Das ${}^4_2\text{He}$ wird α -Teilchen genannt. Damit handelt es sich um eine Teilchenstrahlung. ΔE entspricht der freiwerdenden Energie.

Beta-Zerfall

Die β -Strahlung ist ebenfalls eine Teilchenstrahlung, wobei zwischen β^- - und β^+ -Strahlung unterschieden wird. Das entstehende Teilchen bei der β^- -Strahlung entspricht einem Elektron, das bei der β^+ -Strahlung einem Positron.

Das Positron stellt das Antiteilchen des Elektrons dar, hat also gleiche Eigenschaften mit Ausnahme der elektrischen Ladung und des magnetischen Moments. Es wurde 1932 von Carl Anderson das erste Mal experimentell beobachtet [8].

Der β^- -Zerfall tritt bei Nukliden mit Neutronenüberschuss auf. Der Zerfallsvorgang stellt sich folgendermaßen dar: Ein Neutron des Atomkerns wandelt sich unter Aussendung eines Elektrons sowie eines Elektron-Antineutrinos in ein Proton um:



Sowohl das Elektron als auch das Elektron-Antineutrino verlassen den Kern. Die Massenzahl des Tochternuklids entspricht der des Mutternuklids, die Kernladungszahl hat sich jedoch um eins erhöht, wodurch sich das Element ändert.

Der Verlauf des β^+ -Zerfalls ist analog. Er tritt jedoch bei Nukliden mit Protonenüberschuss auf. In diesem Fall geht ein Proton des Atomkerns in ein Neutron über:



Hierbei entstehen ein Positron und ein Elektron-Neutrino. Die Massenzahlen von Mutter- und Tochternuklid bleiben wieder gleich, die Kernladungszahl des Tochternuklids ist jedoch um 1 reduziert. Damit ändert sich auch hier das Element.

Gamma-Zerfall

Im Zusammenhang mit Radioaktivität wird von einem γ -Zerfall gesprochen, wenn ein angeregter Atomkern in einen Zustand niedrigerer Energie übergeht. Der entstehende Überschuss an Energie wird in Form von ungeladenen Photonen oder Quanten abgegeben, welche als γ -Strahlung bezeichnet werden. Der Kern erfährt folglich eine Zustandsänderung, die Anzahl sowohl seiner Protonen als auch seiner Neutronen bleibt jedoch unverändert. Damit werden, im Gegensatz zur α - und β -Strahlung, keine geladenen Teilchen freigesetzt. Dies ist auch der Grund für die größere Eindringtiefe in Materie bzw. das höhere Durchdringungsvermögen von γ -Strahlung.

γ -Strahlung entsteht häufig zusätzlich nach einem α - oder β -Zerfall. Es wird jedoch auch bei den bei der Paarvernichtung entstehenden Photonen von γ -Strahlung gesprochen.

Im Hinblick auf die Wechselwirkung mit Materie, wird bei den aufgeführten Arten von Strahlung zwischen (geladenen) Teilchen und (ungeladenen) Photonen unterschieden. Beide Arten von Strahlung sind in der Lage Atome oder Moleküle zu ionisieren, zählen also zur ionisierenden Strahlung. Ionisierte Atome oder Moleküle können zu Brüchen von molekularen Bindungen und Wärme führen. Dies ruft eine chemische Veränderung hervor, welche für die biologische (schädliche) Wirkung verantwortlich ist.

Annihilation

Trifft ein Elementarteilchen auf sein Antiteilchen, so wandeln sich beide um. Dieser Prozess wird als *Paarvernichtung* oder *Annihilation* bezeichnet. Bei der Paarvernichtung können aus dem Teilchen-Antiteilchen Paar neue Teilchen ohne oder mit Ruhemasse entstehen.

Die Positronen-Emissions-Tomographie beruht auf der Annihilation von Positronen mit ihren Antiteilchen, den Elektronen. Bei der Umwandlung entstehen mit hoher Wahrscheinlichkeit zwei Photonen. Mit sinkender Wahrscheinlichkeit können bei der Annihilation auch drei oder mehrere Photonen entstehen. Auf diesen Fall soll jedoch nicht näher eingegangen werden.

Die Energie der beiden entstehenden Photonen beträgt jeweils etwa 511 keV und kann leicht nach Einsteins Formel für die Beziehung zwischen Energie und Masse berechnet werden:

$$E = mc^2 = (m_e + m_{\text{Positron}}) \cdot c^2. \quad (2.5)$$

Die Masse eines Positrons entspricht der eines Elektrons ($m_e \approx 9,109 \cdot 10^{-31}$ kg). Die Lichtgeschwindigkeit beträgt $c = 299.792.458$ m/s. Für die Umrechnung der Energie gilt $1 \text{ kg} \cdot \text{m}^2/\text{s}^2 = 1.602 \cdot 10^{-19}$ eV [5].

Bevor es zur Annihilation kommt, werden die Positronen durch Interaktion mit den Elektronen vorhandener Materie abgebremst. In Tabelle 2.1 ist die durchschnittliche Reichweite der von unterschiedlichen Radionukliden abgestrahlten β^+ -Teilchen in Wasser sowie die Wahrscheinlichkeit für den β^+ -Zerfall aufgelistet. Bei ihrer Vernichtung befinden sich die Teilchen beinahe in Ruhe. Durch die Impulserhaltung entfernen sich

Tabelle 2.1: Ausgewählte Radionuklide mit dem prozentualen Anteil ihres β^+ -Zerfalls und der durchschnittlichen Reichweite des Teilchens in Wasser nach [4, 6].

Radionuklid	durchschnittliche Reichweite der β^+ -Strahlung in Wasser (in mm)	β^+ -Zerfallsanteil
^{11}C	0,85	1,00
^{13}N	1,15	1,00
^{18}F	0,46	0,97
^{68}Ga	2,15	0,89

die entstehenden Photonen praktisch in entgegengesetzter Richtung voneinander, also unter einem Winkel von etwa 180° . Diese Eigenschaft ist für die Bildgebung bei der PET von entscheidender Bedeutung und in Abbildung 2.1 graphisch veranschaulicht.

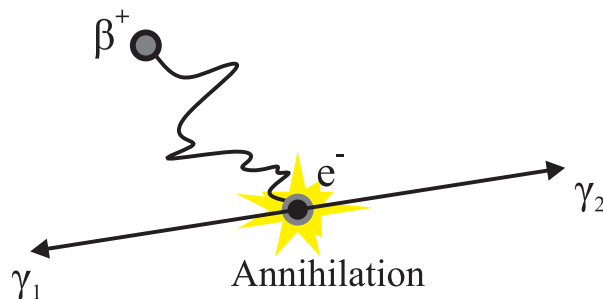


Abbildung 2.1: Prinzip der Annihilation eines Positron-Elektron-Paares. Die beiden entstehenden γ -Quanten entfernen sich in entgegengesetzter Richtung voneinander.

Aktivität

Die Anzahl der Zerfälle pro Zeiteinheit wird als Aktivität einer Probe bezeichnet. Als Maßeinheit wird üblicherweise das *Bequerel* (Bq) verwendet, welches als ein Zerfall pro Sekunde definiert ist: $1 \text{ Bq} = 1 \frac{\text{Zerfall}}{\text{s}}$. Die alte Einheit für die Aktivität war das *Curie* (Ci). Sie wurde vor einiger Zeit im SI-System durch das Bequerel ersetzt, taucht aber teilweise noch in der Literatur auf. Die Umrechnung der beiden Größen lautet: $1 \text{ Ci} = 3,7 \cdot 10^{10} \text{ Bq} = 37 \text{ GBq}$.

Halbwertszeit

Der zeitliche Verlauf der Aktivität einer Probe folgt einer fallenden Exponentialfunktion [6]:

$$A(t) = A_0 \cdot e^{-\lambda t} = A_0 \cdot e^{-\ln(2) \cdot t / T_{1/2}}. \quad (2.6)$$

A_0 entspricht der Aktivität zu Beginn der Messung, λ der *Zerfallskonstanten*. $T_{1/2}$ wird als *physikalische Halbwertszeit* bezeichnet. Sie entspricht der Zeit, nach der die Aktivität

der Probe auf die Hälfte ihres ursprünglichen Wertes abgefallen ist. Die Halbwertszeit gilt als eine konstante, für das jeweilige Nuklid spezifische Größe. Im Hinblick auf die Strahlenbelastung bei der PET ist eine Halbwertszeit im Bereich von einigen Minuten bis hin zu wenigen Stunden wünschenswert. Tabelle 2.2 fasst die Halbwertszeiten verschiedener, für die PET relevanter Radionuklide zusammen. Eine gängige „Faustformel“ in der Praxis lautet: eine Probe gilt als abgeklungen, also ihre Aktivität als vernachlässigbar klein, wenn zehn Halbwertszeiten verstrichen sind.

Tabelle 2.2: Halbwertszeiten verschiedener radioaktiver Nuklide nach [6].

Radionuklid	Halbwertszeit $T_{1/2}$
^{11}C	20,4 min
^{13}N	9,97 min
^{15}O	122 s
^{18}F	109,8 min
^{68}Ga	67,6 min
^{124}I	4,17 d

In der Literatur findet sich häufig auch der Begriff *biologische Halbwertszeit*. Die Anreicherung eines inkorporierten Tracers wird durch biologische Prozesse wie Stoffwechsel oder Ausscheidung reduziert. Die biologische Halbwertszeit definiert die Zeitspanne, in der die Menge des Tracers in einem Organismus durch pharmakokinetische Prozesse um die Hälfte zurückgegangen ist.

2.2 PET-Tracer

Aufgrund der Technik sind in der PET ausschließlich Positronen-emittierende Radionuklide von Bedeutung. Deren Herstellung erfolgt entweder an einem Zyklotron oder durch einen Generator. Beispiele für am Zyklotron hergestellte Radionuklide sind ^{11}C , ^{13}N und ^{18}F . ^{68}Ga hingegen wird für gewöhnlich mit Hilfe eines Gallium-68-Generators (auch $^{68}\text{Ge}/^{68}\text{Ga}$ -Generator genannt) gewonnen.

Ein Zyklotron ist ein Teilchenbeschleuniger, welcher Ionen durch ein Magnetfeld auf einer spiralförmigen Bahn beschleunigt. Diese werden schließlich auf ein spezielles Material, das sogenannte *Target* (engl. Ziel, Schießscheibe, Objekt) gelenkt. Bei den Targets kann es sich sowohl um Festkörper, z. B. dünne Folien, als auch um Flüssigkeiten oder Gase handeln. Dort kommt es zur Kernreaktion, aus welcher schließlich das Radionuklid hervorgeht [4].

Bei einem Generator liegt ein sogenanntes Mutternuklid vor, welches durch radioaktiven Zerfall das gewünschte Tochternuklid erzeugt. Für eine sinnvolle Nutzung muss das Mutternuklid eine große Halbwertszeit aufweisen, während die des Tochternuklids deutlich geringer sein sollte. Am Beispiel des $^{68}\text{Ge}/^{68}\text{Ga}$ -Generators zerfällt das radioaktive

^{68}Ge mit einer Halbwertszeit von 270,8 Tagen unter Elektroneneinfang in das gewünschte ^{68}Ga . Die Halbwertszeit von ^{68}Ga liegt mit 67,8 min deutlich unter der von ^{68}Ge . Durch *Eluieren* wird mit Hilfe eines Lösungsmittels, in welchem nur ^{68}Ga löslich ist, das Radionuklid gewonnen [9, 10].

Die Hauptanwendungsgebiete der PET können in drei Kategorien unterteilt werden [5]:

- Onkologie
- Kardiologie und Herzchirurgie
- Neurologie und Psychiatrie

Für die verschiedenen Fragestellungen dieser Anwendungsgebiete stehen unterschiedliche Radiopharmaka zur Verfügung. Diese, auch als *Tracer* (Markierungsstoff, Markierungsverbindung) bezeichneten Substanzen sind in der Lage, die Funktion eines Organs oder Organsystems wiederzugeben und damit biochemische und physiologische Funktionen darzustellen. Hierfür wird eine körpereigene oder auch körperfremde Substanz, auch als *Carrier* (Träger) bezeichnet, mit einem Radionuklid gekoppelt. Manche Radionuklide (z. B. Iod) können jedoch auch ohne Carrier eingesetzt werden. Nach der Verabreichung des Tracers nimmt dieser am Stoffwechsel teil, wobei durch die geringe Stoffmenge (meist unter $1\ \mu\text{g}$) die normalen Körperfunktionen nicht beeinflusst werden. Jeder Tracer ist darauf ausgelegt, dass er mit einem speziellen physiologischen Target wechselwirkt. An dieser Stelle kann nun eine *Anreicherung* (engl. *uptake*) erfolgen. Die lokal erhöhte Aktivität und die damit verbundene größere Anzahl an radioaktiven Zerfällen wird gemessen und zeigt sich als sogenannter *heißer* Bereich in den resultierenden Bildern. Es ist jedoch ebenfalls möglich, das Fehlen des Targets in einem bestimmten Bereich darzustellen. In diesem Fall erfolgt eine Anreicherung lediglich außerhalb der entsprechenden Region, wodurch sich sogenannte *kalte* Bereiche in den Bildern erkennen lassen [5].

Das am häufigsten verwendete Radiopharmakon in der PET ist die mit ^{18}F markierte **Fluordesoxyglucose** (FDG^1 , vollständiger Name 2-Fluor-2-desoxy-D-glucose) [11–14]. Das *in-vivo* Verhalten entspricht dem von natürlicher Glucose, wobei es nicht vollständig abgebaut werden kann. Dies hat eine Anreicherung zur Folge („*metabolic trapping*“). Darstellbar sind somit speziell Regionen mit, im Vergleich zu ihrer Umgebung, erhöhtem (oder reduziertem) Glucoseverbrauch [15–18].

2.3 PET-Scanner

Die PET macht sich einige der beschriebenen Eigenschaften des β^+ -Zerfalls zunutze: Die durch Annihilation entstehenden Photonen sind energiereich. Damit besteht eine hohe Wahrscheinlichkeit, dass sie den Körper verlassen und außerhalb detektiert werden können. Des Weiteren entfernen sich die Photonen in entgegengesetzter Richtung von einander. Werden beide Photonen erfasst, liegt das Ereignis der Annihilation (im

¹Im Folgenden wird die Abkürzung FDG für das radioaktive ^{18}F -FDG verwendet.

ungestreuten Fall) auf der Verbindungsgeraden zwischen den beiden Messpunkten. Da die Positronenbewegung in Materie relativ gering ist (vgl. Tabelle 2.1), liegt auch der Ort des ursprünglichen β^+ -Zerfall in einer nahen Umgebung dieser Geraden. Basierend auf diesen Grundlagen ist es möglich, die Verteilung des Tracers innerhalb des Körpers zu bestimmen. Auf die entsprechenden mathematischen Grundlagen wird in Kapitel 3 näher eingegangen. Dieses Kapitel widmet sich der für die Detektion und Verarbeitung notwendigen Hardware.

Moderne Systeme, wie sie in der PET Verwendung finden, bestehen prinzipiell aus folgenden Teilen:

- Detektor mit Photomultipliern
- Verarbeitungselektronik
- Computer zur Korrektur der Messdaten und Berechnung der Rekonstruktion des Bildes

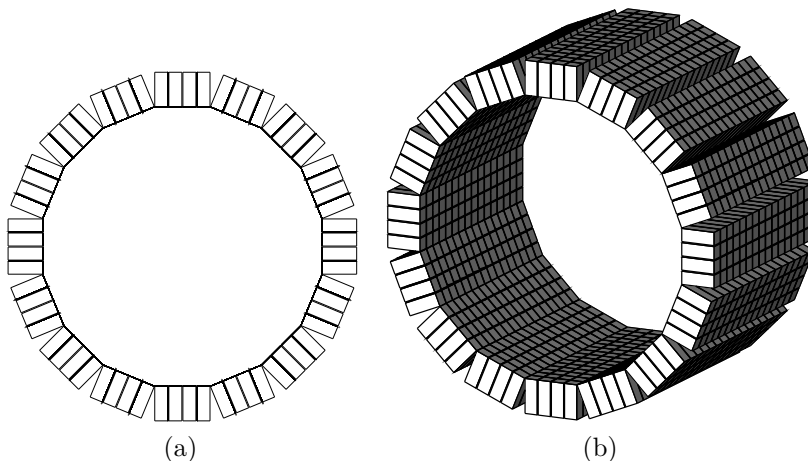


Abbildung 2.2: Schematischer Aufbau eines Detektors aus vier Ringen mit jeweils 16 Blöcken. Jeder Block besteht aus 4×4 Kristallen. (a) Darstellung von der Seite (transversale Ebene). (b) Gedrehte Darstellung (Azimutwinkel und Polarwinkel von 30°).

Die heutigen Detektoren setzen sich aus einer Reihe von Detektorringen zusammen. Diese werden wiederum in Blöcke aufgeteilt. Jeder Detektorblock besteht aus einer Vielzahl an Einzelkristallen. Der schematische Aufbau eines Detektors ist in Abbildung 2.2 dargestellt.

Bei Geräten für die Diagnostik am Menschen bewegen sich die Abmessungen eines Kristalls für gewöhnlich im Bereich von einigen Millimetern, die Tiefe bzw. Kristalldicke bei wenigen Zentimetern. Der moderne *Biograph mCT* der Firma Siemens verwendet

2 Grundlagen der PET

beispielsweise Kristalle mit den Dimensionen $4 \times 4 \times 20$ mm. Um eine sinnvolle Auflösung liefern zu können, müssen in der präklinischen Bildgebung kleinere Abmessungen gewählt werden. Die Kristalle des *Inveon* Kleintier-PETs der Firma Siemens haben beispielsweise eine Größe von $1,5 \times 1,5 \times 10$ mm. Die Tiefe der Kristalle, also die Dicke in Einfallsrichtung der Photonen, darf nicht zu gering sein, um die Wahrscheinlichkeit eines Durchdringens der Strahlung ohne ausreichende Interaktion mit dem Kristall klein zu halten.

Gängige Detektormaterialien sind Szintillationskristalle aus Bismutgermanat (*BGO*) oder Lutetiumoxyorthosilicat (*LSO*). *BGO* zeichnet sich durch seine große Dichte und die hohe Szintillationseffizienz aus. Allerdings erweist sich die lange Totzeit nach einer Szintillation als nachteilig, da es die mögliche Anzahl an gemessenen Zerfällen reduziert und keine kleinen Koinzidenzzeitfenster erlaubt. Für eine Technologie, die die Messung der Laufzeit (engl. *time-of-flight*, *TOF*) der Photonen einbezieht, ist dieses Material folglich nicht geeignet. Hier bieten sich Kristalle aus *LSO* an, welche die aus *BGO* durch ihre deutlich kürzere Abklingzeit allmählich verdrängen. Nachteilig an *LSO*-Detektoren sind die höheren Herstellungskosten [6].

Die Aufgabe des Detektors besteht darin, die Energie der eintreffenden Photonen in sichtbares Licht umzuwandeln. Um die entstehenden, schwachen Lichtblitze verarbeiten zu können, muss das Signal verstärkt werden. Dies geschieht mit Hilfe von Photomultipliern (engl. *photomultiplier tube*, *PMT*). Jeder PMT besteht aus einer Photokathode, einer Reihe an Elektroden, Dynoden genannt, sowie einer Anode, an der das Ausgangssignal in Form einer Spannung über einem Widerstand abgelesen werden kann. Eine schematische Skizze ist in Abbildung 2.3 dargestellt.

Auf der Oberfläche der Photokathode werden durch den photoelektrischen Effekt Elek-

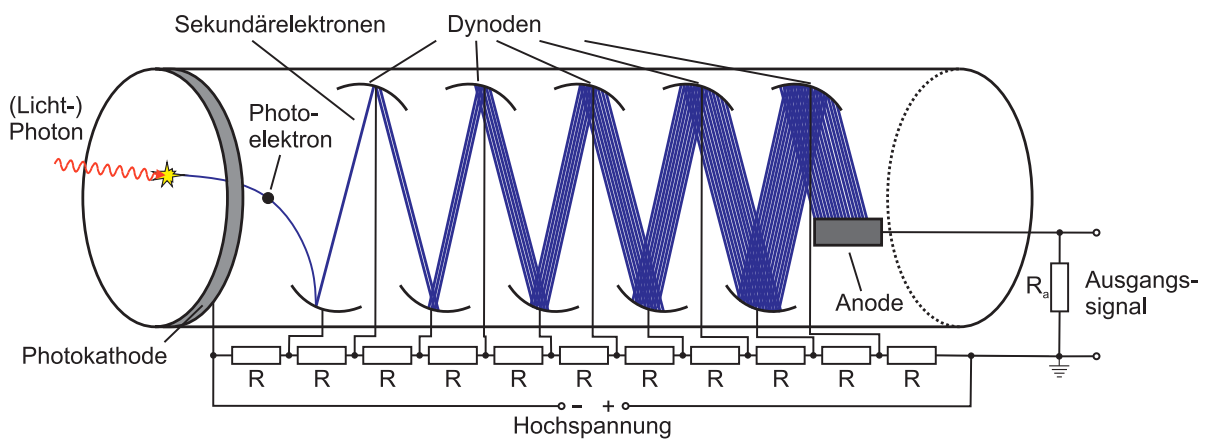


Abbildung 2.3: Schematische Darstellung eines Photomultipliers (Abb. nach [6]).

tronen emittiert. Durch einen Spannungsteiler wird eine äußere Hochspannung an die Photokathode und die Dynoden derart angelegt, dass das Potential an der Kathode und den Dynoden in Richtung Anode stetig steigt. Durch das entstehende elektrische Feld werden die emittierten (Photo-)Elektronen in Richtung der ersten Dynode beschleunigt.

Beim Auftreffen auf die Oberfläche werden weitere Elektronen emittiert, deren Anzahl die der ursprünglichen Elektronen übersteigt. Diese sogenannten Sekundärelektronen erfahren durch das elektrische Feld, hervorgerufen durch die Potentialdifferenz zur zweiten Dynode, wieder eine Beschleunigung. Der Prozess wiederholt sich, wodurch sich der Strom exponentiell verstärkt. Nach der letzten Dynode treffen die Elektronen auf die Anode. Hier fließt der Strom (typischerweise im Milliampere-Bereich) über einen Widerstand ab. Die entstehende Spannung kann leicht gemessen werden und entspricht dem Ausgangssignal.

Bei heutigen PET-Scannern wird eine ganze Gruppe an Szintillationskristallen des Detektors mit mehreren Photomultipliern verbunden. Abbildung 2.4 zeigt ein einfaches Beispiel eines Detektorblocks aus 16×16 Kristallen und vier Photomultipliern. Die durch das Auftreffen eines Photons auf den Detektor entstehenden Lichtblitze werden nun von allen Photomultipliern erfasst. Das Ausgangssignal der PMT hängt von deren Entfernung (in x - und y -Richtung) zu dem jeweiligen Kristall ab. Dies liefert eine Möglichkeit der Ortskodierung in Abhängigkeit der vier Ausgangsspannungen. Die Position des ursprünglich eintreffenden Photons kann so mit einer gewissen Genauigkeit und Wahrscheinlichkeit berechnet werden. Damit ist es nicht nötig, für jeden Kristall einen eigenen PMT zu installieren.

Durch statistische Fluktuation schwankt das Signal der PMT. In Folge dessen sind,

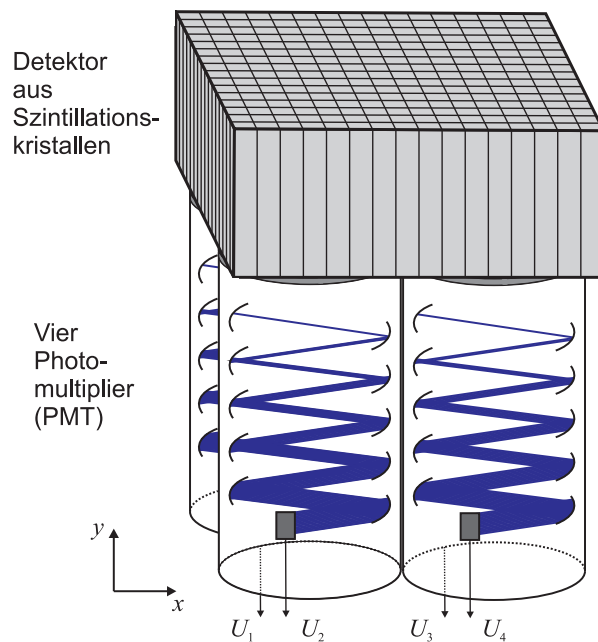


Abbildung 2.4: Aufbau eines Detektorblocks aus 16×16 Kristallen und vier Photomultipliern (Abb. nach [6]).

bei einer bestimmten Anzahl an Photomultipliern, die darstellbare Menge an Szintillationskristallen und die erreichbare Auflösung begrenzt. Trotzdem reduzieren sich durch Anwendung dieser Methode die Anzahl der teuren PMT und damit die Kosten eines PET-Scanners erheblich.

Es sei angemerkt, dass Alternativen zu Photomultipliern, Detektoren sowie deren Kombination existieren. Eine Beschreibung würde jedoch den Rahmen dieser Arbeit sprengen.

Die PET beruht auf der Detektion der beiden, von einem Annihilations-Prozess stammenden γ -Quanten. Der Detektor erfasst jedoch alle auftreffenden Ereignisse. Dies macht eine Verarbeitungselektronik erforderlich. Ihre Aufgabe besteht darin, aus den erfassten Ereignissen die Koinzidenzen herauszufiltern. Hierfür werden verschiedene Parameter definiert. Der Aufbau einer einfachen Verarbeitungselektronik wird im Folgenden kurz beschrieben.

Photonen bewegen sich mit Lichtgeschwindigkeit fort. Das Signal zweier Detektoren, die ein Koinzidenz-Ereignis erfassen, sollte folglich praktisch gleichzeitig auftreten. Durch stochastische Prozesse innerhalb des Detektors sowie Verzögerungen beispielsweise bei den Photomultipliern, treffen die Ereignisse jedoch normalerweise zeitlich etwas versetzt ein. Daher wird ein Zeitfenster, typischerweise im Bereich einiger Nanosekunden definiert. Zwei, innerhalb dieses Zeitfensters erfasste Ereignisse, werden als Koinzidenz-Ereignis gezählt. Werden innerhalb eines Zeitfensters drei oder mehr Ereignisse gemessen, ist keine eindeutige Zuordnung mehr möglich und diese werden verworfen. Folglich ist das Zeitfenster nicht zu groß zu wählen, um die Anzahl der verworfenen Messungen gering zu halten, jedoch auch nicht zu klein, um verzögerte Koinzidenzen dennoch erfassen zu können. Bei dem Inveon Kleintier-PET ist das Zeitfenster manuell einstellbar. Die Standardeinstellung beträgt 3,432 ns.

Photonen wechselwirken mit der sie umgebenden Materie. Dies ist mit dem Verlust von Energie sowie einer Richtungsänderung verbunden. Photonen mit einer Energie deutlich unterhalb der ursprünglichen 511 keV wurden folglich mit großer Wahrscheinlichkeit ein- oder mehrfach gestreut. Ihr Entstehungsort liegt demnach nicht mehr in der Nähe der Verbindungsgeraden der beiden Kristalle. Um diese Ereignisse auszusortieren, wird neben dem Zeitfenster ein zusätzliches Energiefenster definiert. Dieses liegt typischerweise im Bereich von 350 bis 650 keV. Ereignisse mit einer Energie außerhalb dieses Energiefensters werden verworfen.

Ereignisse, die innerhalb des Zeit- und Energiefensters liegen, werden als Koinzidenzen erfasst und mit einer Reihe an Informationen weitergegeben bzw. abgespeichert. Kapitel 2.4 beschäftigt sich näher mit der Datenakquisition und -verarbeitung.

2.4 Datenakquisition und -verarbeitung

Die Verarbeitungselektronik speichert zwei Ereignisse, die in dem gewählten Zeitfenster stattfinden und innerhalb des Energiefensters liegen, als ein Koinzidenz-Ereignis ab. Durch verschiedene Prozesse ist es möglich, dass die beiden Ereignisse nicht den gesuchten Koinzidenzen entsprechen. In Abbildung 2.5 (a)-(c) sind drei Arten von Ereignissen dargestellt, die als Koinzidenzen gewertet werden.

1. *wahre* Koinzidenzen (engl. *true*s): diese entsprechen den gewünschten. Der Ort der Annihilation liegt auf der Verbindungsgeraden der beiden Detektor-Kristalle

(Abbildung 2.5 (a)).

2. *gestreute* Koinzidenzen (engl. *scattered*): durch die Streuung eines oder auch beider Photonen weicht der Ort der Annihilation für gewöhnlich von der Verbindungsgeraden der beiden Detektor-Kristalle ab (Abbildung 2.5 (b)).
3. *zufällige* Koinzidenzen (engl. *randoms*): von zwei (beinahe) zeitgleichen Annihilationen wird jeweils nur ein Photon von dem Detektor erfasst (Abbildung 2.5 (c)).

Sowohl die gestreuten als auch die zufälligen Koinzidenzen sind unerwünscht. Eine Trennung von den wahren Koinzidenzen ist jedoch technisch nicht möglich. Durch die Wahl beispielsweise eines kleineren Zeit- oder Energiefensters kann lediglich deren Anzahl reduziert werden. Dies geht jedoch mit anderen Nachteilen, beispielsweise einer geringeren Anzahl an erfassten wahren Koinzidenzen, einher.

Werden innerhalb des Zeitfensters mehr als zwei Ereignisse gemessen (engl. *multiples*, Abbildung 2.5 (d)), ist es nicht möglich, eine eindeutige Verbindungsgerade, eine sogenannte *line of response* (LOR, „Antwortgerade“) festzulegen. Die Verarbeitungselektronik erkennt diesen Fall und verwirft die Ereignisse. Die Anzahl der zufälligen Koinzidenzen sowie die zeitgleiche Erfassung mehrerer Ereignisse hängt unter anderem von der applizierten Aktivität ab. Eine reduzierte Aktivität bedeutet jedoch in der Konsequenz auch eine geringere Anzahl an wahren Koinzidenzen.

Im letzten Fall wird nur ein Photon einer Annihilation erfasst (Abbildung 2.5 (e)). Hier ist es ebenfalls nicht möglich, eine LOR zu bestimmen. Zwar wäre es ein Leichtes diese Ereignisse auszusortieren, sie werden jedoch normalerweise als sogenannte *Einzelereignisse* (engl. *singles*) gespeichert, da diese bestimmte Korrekturmethode ermöglichen (Kapitel 2.4.2). Der Hauptteil der von einem Detektor erfassten Ereignisse sind Singles. Damit sind sie im Hinblick auf die Totzeit des Detektors ein entscheidender Faktor (vgl. Totzeitkorrektur in Kapitel 2.4.2).

Alle von der Verarbeitungselektronik erfassten Koinzidenzen werden mit einer Reihe an Zusatzinformationen weitergegeben. Die Art der Speicherung hängt von der Messung und dem gewünschten Ergebnis ab. Die flexibelste, jedoch auch speicherintensivste Methode stellt das sogenannte List-Mode Format dar. Jedes Ereignis wird unter anderem mit den beiden Nummern der Detektorkristalle in einer langen Liste abgespeichert. Um eine zeitliche Auflösung zu ermöglichen, werden nach definierten Zeitintervallen sogenannte Zeitmarken gesetzt. Beim Inveon Kleintier-PET hat ein solches Intervall eine Länge von $200 \mu\text{s}$. Innerhalb dieser Zeitspanne ist keine exakte Unterteilung möglich. Die bei der PET dargestellten Prozesse sind jedoch für gewöhnlich deutlich langsamer. Damit ist diese Auflösung für die gängige Praxis normalerweise völlig ausreichend. Des Weiteren können in einer List-Mode Datei weitere Informationen wie Singles oder auch Trigger-Marken gespeichert werden, worauf im späteren Verlauf dieses Kapitels näher eingegangen wird.

Die vielen gespeicherten Informationen der List-Mode Datei lassen eine retrospektive (Nach-)Bearbeitung zu. Es können beispielsweise mehrere Datensätze zu unterschiedlichen Zeitpunkten und über verschiedene Zeitspannen rekonstruiert werden. Allerdings

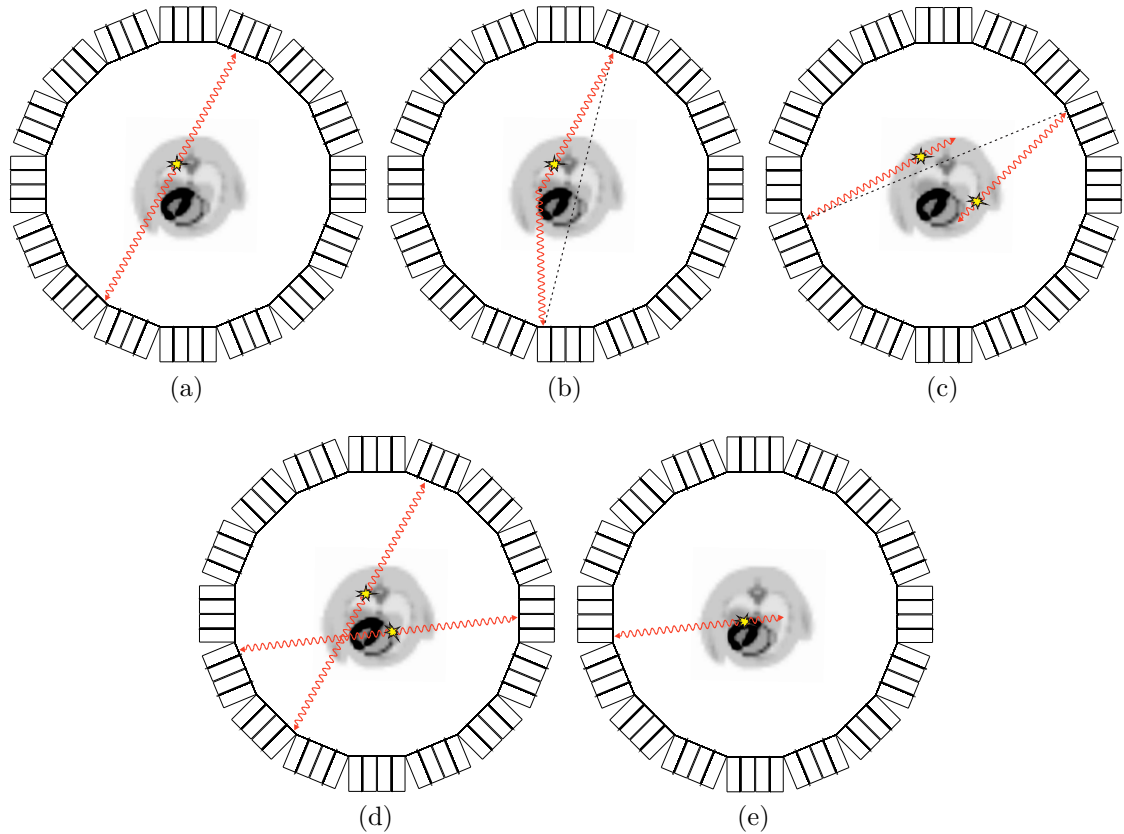


Abbildung 2.5: Verschiedene Arten gemessener Ereignisse. (a) wahre Koinzidenzen (trues), (b) gestreute Koinzidenzen (scattered), (c) zufällige Koinzidenzen (randoms), (d) mehrfache Ereignisse (multiples), (e) Einzelereignis (single).

wächst durch die große Menge an gespeicherten Daten eine List-Mode Datei schnell auf eine Größe einiger Gigabyte (GB). Bei einer Routinemessung sind normalerweise der gewünschte Zeitraum sowie die unterschiedlichen Parameter zu Beginn der Messung bekannt. In diesem Fall können die Daten sofort in der für eine Rekonstruktion gängigen Form des Sinogramms gespeichert werden. Für jedes Ereignis, detektiert durch zwei bestimmte Kristalle, wird der Wert an der entsprechenden Position im Sinogramm um eins erhöht. Dies benötigt für gewöhnlich deutlich weniger Speicherplatz, lässt jedoch nur noch eine sehr beschränkte Nachbearbeitung zu. Auf die Grundlagen und den Aufbau eines Sinogramms wird in den Kapiteln 3.1 und 3.2 näher eingegangen.

Neben der Art der Speicherung ist der Akquisitionsmodus bei der Erfassung der Daten von Bedeutung. Typischerweise werden drei verschiedene Modi unterschieden:

- statische Aufnahme
- dynamische Aufnahme

- getriggerte Aufnahme.

Bei der *statischen* Aufnahme werden alle während der Akquisitionszeit auftretenden Ereignisse zu einem Bild (engl. *frame*) zusammengefasst. Dieser Modus ermöglicht es, eine Anreicherung des Tracers an einer bestimmten Stelle bzw. in einem Organ festzustellen. Der zeitliche Verlauf dieser Anreicherung ist durch die statische Aufnahme nicht nachvollziehbar. Hierfür wird die *dynamische* Aufnahme verwendet. In diesem Modus wird der komplette Datensatz in mehrere Frames aufgeteilt, die den zeitlichen Verlauf widerspiegeln. Wurden die Daten im List-Mode Format gespeichert, ist es möglich, nach der Messung sowohl einen statischen als auch mehrere Frames für eine dynamische Aufnahme zu berechnen.

In der Praxis dauert eine PET-Aufnahme normalerweise mehrere Minuten. Über einen solchen Zeitraum ist es nicht möglich, die Luft anzuhalten. Dies führt unweigerlich zu einer durch Atmung hervorgerufenen Bewegung des Körpers. Des Weiteren schlägt das Herz fortwährend, um Blut durch den Körper zu pumpen. Es ist nicht möglich, diese Bewegungen während einer Messung zu unterdrücken. Bei der Bildrekonstruktion kann dies zu Bewegungsartefakten und einem Verschmieren des Bildes führen. Gerade kleinere Läsionen können unter Umständen unerkant bleiben. Bei einer sogenannten *getakteten* (engl. *gated*) oder *getriggerten* Aufnahme wird versucht, die Bewegung des Körpers und/oder des Herzens zu erfassen. Liegt eine zeitabhängige Funktion der Bewegung vor, wird diese in bestimmte Atem und/oder Herzphasen eingeteilt. Alle Ereignisse des gesamten Aufnahmezeitraumes, die in einer bestimmten Phase liegen, werden zu einem Einzelbild zusammengefasst. Diese Methode wird als *Gating* (Takt) bezeichnet. Innerhalb der einzelnen Phasen ist nun die Bewegung deutlich reduziert. Die Aufteilung der Phasen kann auf unterschiedliche Art und Weise erfolgen. In Abbildung 2.6 ist eine einfache Trennung in gleichlange Phasen schematisch dargestellt. Unter Umständen ist es jedoch sinnvoll, die Funktion anhand ihrer Amplitude oder ihres Bewegungszyklus in Phasen unterschiedlicher Länge aufzuteilen [19].

2.4.1 Zwei- und dreidimensionale Datenakquisition

In der klassischen PET verwendeten alle Systeme den sogenannten 2D Aufnahmemodus. Mit der Weiterentwicklung der Detektormaterialien, der Elektronik und der Rechnerhardware wurden die reinen 2D Systeme durch solche mit einem 3D Modus verdrängt. Lediglich einige wenige verfügen heute noch über einen zusätzlichen 2D Modus.

2D Aufnahmemodus Bei dem 2D Aufnahmemodus werden ausschließlich Koinzidenzen erfasst, die innerhalb eines Rings des Detektors entstehen. Heutzutage wird hierfür zwischen dem „echten“ und einem „elektronischen“ Modus unterschieden. Bei dem echten 2D Modus verhindern Wolframsepta, dass Ereignisse, welche nicht in einer transversalen Ebene verlaufen, zu dem Detektor durchdringen und damit erfasst werden können

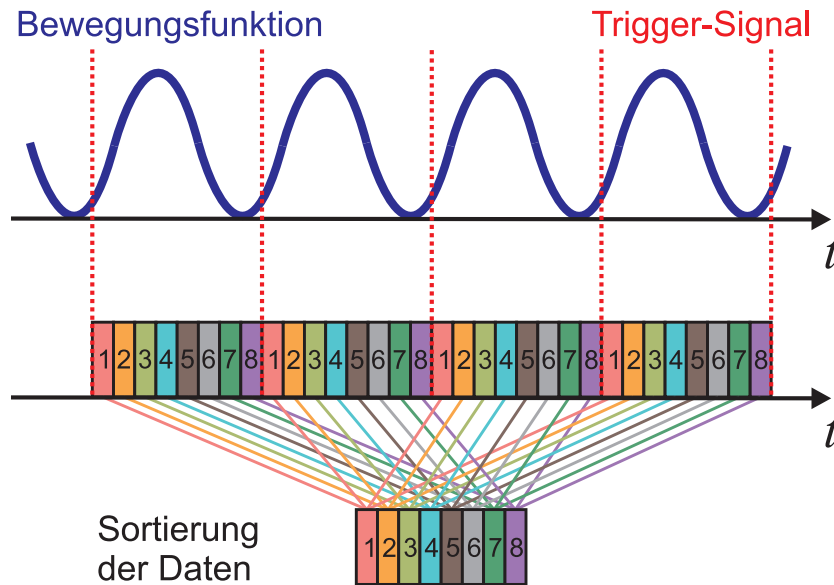


Abbildung 2.6: Schematische Darstellung der Sortierung einer getriggerten Aufnahme in acht gleichlange Phasen. Die Bewegungsfunktion liefert ein Triggersignal. Der Zeitraum zwischen zwei Triggerpunkten wird in jeweils acht Phasen aufgeteilt. Gleiche Phasen werden zu einem Bild zusammengefasst.

(Abbildung 2.7 (a)). Bei dem elektronischen Modus sind keine Septa vorhanden. In diesem Fall ist die Verarbeitungselektronik derart geschaltet, dass lediglich Koinzidenzen innerhalb eines Rings erfasst werden. Die Homogenität über das gesamte *Sichtfeld* (engl. *field of view*, FOV) ist damit herausragend.

In beiden Fällen werden gestreute Koinzidenzen effektiv unterdrückt. Zusätzlich ist die Anzahl der gemessenen zufälligen Ereignisse sowie der Singles geringer. Dem entgegen steht die deutlich geringere Zählrate für wahre Koinzidenzen. Wurde eine hohe Aktivität appliziert, weist der 2D Aufnahmemodus durch die starke Reduktion gestreuter und zufälliger Koinzidenzen Vorteile auf. Diese verschwinden jedoch bereits bei mittleren Aktivitäten, wodurch in der Praxis ausschließlich der 3D Modus verwendet wird.

3D Aufnahmemodus Durch das Entfernen der Septa ist es möglich, auch Koinzidenzen mit zwei Kristallen aus unterschiedlichen Ringen zu detektieren (Abbildung 2.7 (b)). Dies führt zu einer erhöhten Sensitivität, welche jedoch über das FOV hinweg inhomogen ist. In diesem Fall wird von einem 3D Aufnahmemodus gesprochen.

Die komplexere Verarbeitungselektronik sowie die Verfügbarkeit leistungsstärkerer Computer zur Handhabung der deutlich größeren Datensätze machten diesen Ansatz erst in den letzten Jahren praktikabel. Die erhöhte Sensitivität um einen Faktor von 4–8 gegenüber des 2D Aufnahmemodus sorgte dafür, dass heute ausschließlich 3D Systeme Verwendung finden. Durch sie ist es möglich, die Aufnahmezeit oder die Menge an injizierter Aktivität zu reduzieren. Alternativ können, bei gleichbleibenden Parametern, bessere Bilder durch ein erhöhtes *Signal-Rausch-Verhältnis* (engl. *signal-to-noise ratio*,

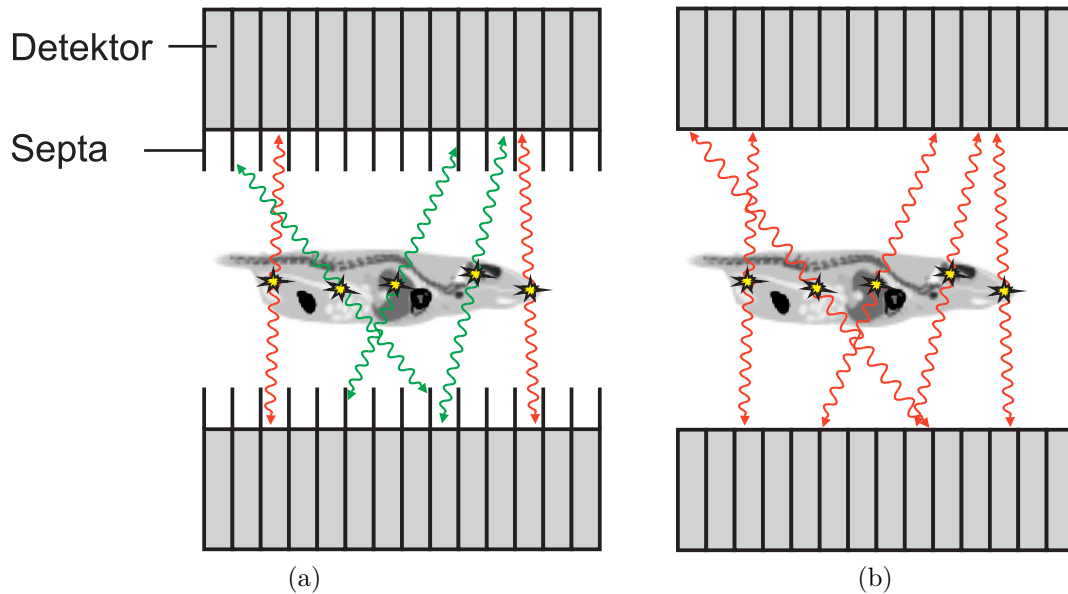


Abbildung 2.7: Unterschiedliche Aufnahmemodi bei der PET. Die erfassten Ereignisse sind in rot dargestellt, die herausgefilterten in grün. (a) 2D Aufnahmemodus. (b) 3D Aufnahmemodus.

SNR) gewonnen werden.

2.4.2 Korrektur der Messdaten

Das prinzipielle Ziel einer PET-Messung ist es, beide bei der Annihilation entstehenden Photonen zu detektieren. Aus den bei dieser Messung beteiligten Einzelkristallen kann die LOR bestimmt werden, welche für die Rekonstruktion des Datensatzes benötigt wird. Vom β^+ -Zerfall bis hin zur ermittelten LOR beeinflussen unterschiedliche physikalische und technische Faktoren den „Messprozess“. Auf die Wichtigsten wird im Folgenden näher eingegangen sowie Beispiele für Korrekturmethode aufgezeigt. Diese sind, gerade im Hinblick auf eine verlässliche Quantifizierung, besonders wichtig.

(a) **Normalisierung:** In Kapitel 2.3 ist der Aufbau eines typischen PET-Scanners beschrieben. Der Detektor besteht aus Einzelkristallen und Photomultipliern. Jedes dieser Bauteile unterliegt leichten Schwankungen bei der Fertigung. Dies zeigt sich beispielsweise in einer voneinander abweichenden Effizienz der Einzelkristalle oder in unterschiedlichen Verstärkungsfaktoren der Photomultiplier. Je ein Kristallpaar definiert eine LOR. Die Sensitivität zweier Einzelkristalle hängt zusätzlich von deren Position im Detektor ab. Zusammengenommen führt dies zu einer Ungleichmäßigkeit der Kristallpaare hinsichtlich ihrer Effizienz, Koinzidenzen zu messen.

Mit Hilfe einer sogenannten *Normalisierung* werden Faktoren für jede einzelne LOR berechnet. Diese sollen die vorhandenen Ungleichmäßigkeiten kompensieren. Eine einfache Methode zur Bestimmung der Normalisierung besteht darin, alle Kristallpaar für eine de-

finierte Zeit der gleichen radioaktiven Quelle auszusetzen. In diesem Fall liegt unter allen LOR die gleiche Anzahl an Koinzidenzen vor. Der Unterschied der tatsächlich gemessenen Ereignisse ist dann auf die Ungleichmäßigkeit der Kristallpaare zurückzuführen. Ein entsprechender Korrekturfaktor $F_{norm,i}$ lässt sich folgendermaßen berechnen:

$$F_{norm,i} = \frac{A_{mittel}}{A_i}, \quad (2.7)$$

wobei A_{mittel} den Mittelwert aller und A_i die Anzahl der in der i -ten LOR gemessenen Ereignisse darstellt [4]. Für die Normalisierung der Daten einer Messung werden die gemessenen Ereignisse einer LOR mit dem jeweiligen Korrekturfaktor multipliziert. In der Praxis ist es üblich, die Normalisierung wöchentlich bis monatlich durchzuführen. Um eine akzeptable statistische Genauigkeit zu erreichen, muss die Anzahl der gemessenen Ereignisse ausreichend groß sein. Dies erfordert für gewöhnlich eine Messzeit von mehreren Stunden. Daher erfolgt die Akquisition für die Normalisierung häufig über Nacht. Abbildung 2.8 zeigt ein Beispiel einer Normalisierung für das Inveon Kleintier-PET. Die einzelnen Detektorblöcke sind gut zu erkennen. Der einheitliche Grauton der einzelnen Blöcke zeigt, dass diese mit einer vergleichbaren Effizienz arbeiten.

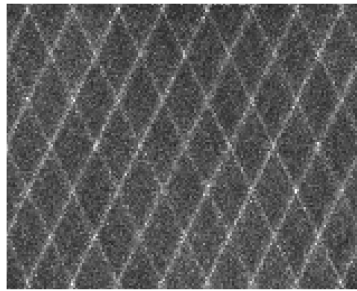


Abbildung 2.8: Beispiel einer Normalisierung für das Inveon Kleintier-PET.

(b) **Abschwächungskorrektur:** Bei der Wechselwirkung von ionisierender Strahlung mit Materie werden Photonen gestreut und deren Energie reduziert. Die Energie der Photonen beträgt 511 keV. In diesem Bereich erfolgt die Wechselwirkung hauptsächlich über den *Compton-Effekt* (auch *Compton-Streuung* genannt). Hierbei übergibt ein Photon einen Teil seiner Energie an ein lose gebundenes Elektron, dessen Bindungsenergie vernachlässigbar klein ist. Dieses entfernt sich von dem Atom. Da das Photon einen Teil seiner Energie abgegeben hat, vergrößert sich seine Wellenlänge. Es existiert jedoch weiterhin und fliegt in eine andere Richtung weiter. Die Stärke der Reduktion der Energie und der Streuung hängt mit der Dichte des Gewebes zusammen, welches die Photonen auf ihrem Weg zum Detektor durchdringen müssen. Je dichter das Gewebe, desto stärker sind die beiden Effekte.

Die Auswirkungen und das damit verbundene Problem für die PET soll das folgende Beispiel erläutern. Innerhalb des FOV soll an einer Stelle ein sehr dichtes Gewebe oder Material vorliegen. Die beiden bei einer Annihilation entstandenen Photonen bewegen

sich Richtung Detektor. Gelangt ein Photon in das dichte Gewebe, ist die Wahrscheinlichkeit für eine Wechselwirkung sehr hoch. Dies hat zur Folge, dass ein Großteil der zweiten Photonen nur als Singles erfasst werden. Die Anzahl an Koinzidenzen, welche mit den sich hinter dem Gewebe befindlichen Kristallen detektiert werden, liegt unter dem tatsächlichen Wert. Dies verfälscht die quantitative Auswertung und kann zu Artefakten im Bild führen. Aus diesem Grund ist eine Korrektur notwendig.

Prinzipiell gibt es drei Arten einer Abschwächungskorrektur. Die erste beruht auf einem mathematischen Modell, die zweite auf einer direkten Messung und die dritte auf einer Kombination der beiden. Bei der direkten Messung ist eine externe Quelle erforderlich. Mit dieser wird ein sogenannter *Leer-Scan* (engl. *blank scan*) bei vollständig leerem FOV durchgeführt. Er dient als Referenz und wird mit der Messung verglichen, wenn sich der Patient im FOV befindet (*Transmissions-Messung*). Auf diesem Weg kann die Wahrscheinlichkeit für eine Abschwächung für jede LOR ermittelt werden. Praktisch alle modernen PET-Geräte sind als PET/CT mit einem zusätzlichen *Computertomographen* (CT) ausgestattet. Über eine relativ einfache Umrechnung ist es möglich, durch einen kurzen CT Scan die für eine Abschwächungskorrektur notwendigen Faktoren zu ermitteln [20–22]. Dieses Verfahren ist daher in der Praxis zum Standard geworden.

Bei dem verwendeten Inveon Kleintier-PET war zu der Zeit, als die Messungen für diese Arbeit durchgeführt wurden, kein CT vorhanden. Um dennoch eine Abschwächungskorrektur zu ermöglichen, hat das Kleintier-PET eine integrierte ^{57}Co Quelle. Diese wird für die Transmissions-Messung verwendet. Ähnlich wie bei einem CT Datensatz ist es hiermit möglich, die Abschwächungsfaktoren zu berechnen [23]. Früher wurde ein solches Verfahren auch in der klinischen Praxis genutzt. Der große Nachteil besteht jedoch darin, dass eine Transmissions-Messung, im Gegensatz zu einem CT, eine relativ lange Aufnahmezeit erfordert [24, 25].

Abbildung 2.9 zeigt den Effekt einer Abschwächungskorrektur. In Abbildung 2.9 (a) ist ein transversaler Schnitt durch ein gleichmäßig gefülltes Phantom gezeigt, welches ohne Abschwächungskorrektur rekonstruiert wurde. Das Bild zeigt eine erhöhte Anreicherung am Rand des Phantoms. Dies ist ein Ergebnis der Abschwächung und Streuung der Photonen innerhalb des Phantoms und spiegelt nicht die reale Verteilung der Aktivität wieder. In Abbildung 2.9 (b) wurde eine Abschwächungskorrektur angewandt. Das Phantom ist nun gleichmäßig gefüllt. Dies entspricht der realen Verteilung der Aktivität innerhalb des Phantoms.

(c) **Totzeit:** Trifft ein Photon auf einen Detektorkristall, wird ein Lichtblitz erzeugt. Dieser wird von einem Photomultiplier erfasst, in ein elektrisches Signal umgewandelt und verstärkt. Die Prozesse benötigen eine gewisse Zeit. In diesem Zeitraum können zwar weitere Photonen bei dem Kristall eintreffen, diese werden jedoch nicht separat erkannt. In diesem Zusammenhang wird von *Totzeit* des Detektors gesprochen. Je höher die Aktivität innerhalb des FOV, desto größer ist der Einfluss der Totzeit, da umso mehr Ereignisse nicht erfasst werden.

Eine einfache Korrekturmethode besteht darin, eine Reihe an Kalibriermessungen mit bekannten Aktivitäten durchzuführen. Hieraus kann eine Kalibrierreihe erstellt und ab-

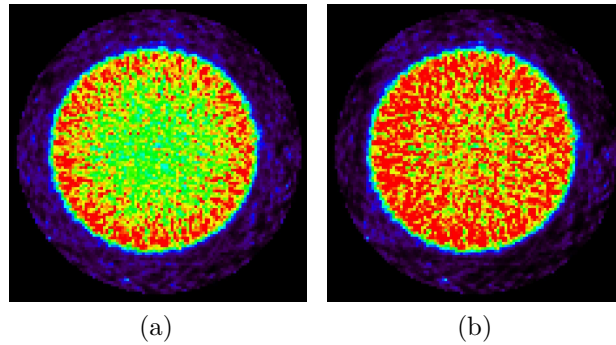


Abbildung 2.9: Effekt einer Abschwächungskorrektur am Beispiel eines gleichmäßig gefüllten Phantoms. (a) Rekonstruktion ohne Abschwächungskorrektur. (b) Rekonstruktion mit Abschwächungskorrektur.

gespeichert werden. Aus diesen Werten wird bei jeder Messung ein Korrekturfaktor berechnet und in die Daten einbezogen [4].

(d) **Zufällige Koinzidenzen:** Zufällige Koinzidenzen ergeben sich aus unterschiedlichen Zerfällen. Sie beinhalten keine räumliche Information. Statistisch gesehen sind sie gleichmäßig über das FOV verteilt. Damit tragen sie zu einer erhöhten Hintergrundaktivität im rekonstruierten Bild bei, sorgen für Artefakte und verschlechtern den Kontrast sowie die Quantifizierbarkeit.

Es kann gezeigt werden, dass die Anzahl an zufälligen Koinzidenzen R_{ij} zwischen zwei Detektorkristallen mit zwei Faktoren zusammenhängt: der Rate an Singles bei beiden Kristallen $C_{i,j}$ und der Breite des logischen Impulses τ , hervorgerufen durch ein Photon bei der Absorption in einem Detektorkristall:

$$R_{ij} = 2\tau \cdot C_i \cdot C_j. \quad (2.8)$$

Der Ausdruck 2τ wird häufig als Koinzidenzzeitfenster bezeichnet (nicht zu verwechseln mit dem Zeitfenster, welches bei der Verarbeitungselektronik aus Kapitel 2.3 festgelegt wird) [4]. Über Gleichung 2.8 kann folglich bei einem bekannten Koinzidenzzeitfenster die Rate an zufälligen Koinzidenzen zwischen zwei Kristallen abgeschätzt werden, wenn die Anzahl an Singles gemessen wurde. Der berechnete Wert der zufälligen Koinzidenzen wird von dem der gemessenen abgezogen, um die Anzahl an wahren Ereignissen zu erhalten. Dies setzt jedoch voraus, dass das Koinzidenzzeitfenster entweder bekannt oder eine exakte Messung möglich ist.

Eine alternative Korrekturmethode besteht darin, die zufälligen Koinzidenzen direkt zu messen. Dies kann über eine Verarbeitungselektronik mit einer zweiten Schaltung zur Messung von Koinzidenzen erfolgen. Die erste Schaltung verwendet das normale Zeitfenster im Bereich weniger Nanosekunden. Bei der zweiten ist das Zeitfenster um eine gewisse Zeit verschoben, beispielsweise 50 ns. In diesem Intervall kann es zu keiner wahren Koinzidenz mehr kommen. Gemessene Ereignisse sind folglich ausschließlich zufälliger Natur,

während die erste Schaltung wahre und zufällige Koinzidenzen erfasst. Für eine gegebene Quelle stimmt die Rate an zufälligen Koinzidenzen in beiden Schaltungen überein. Die Korrektur besteht nun wieder darin, die gemessenen zufälligen Ereignisse von der gemessenen Summe aus wahren und zufälligen zu subtrahieren. Weitergehende Informationen und Methoden können beispielsweise unter [26–28] nachgelesen werden.

(e) **Gestreute Koinzidenzen:** Im Gegensatz zu den zufälligen Koinzidenzen stammen bei den gestreuten Koinzidenzen beide Photonen von dem gleichen Zerfall ab. Sie sind damit praktisch wahre Koinzidenzen, können jedoch bei einer Messung nicht von den ungestreuten unterschieden werden. Beide Photonen erreichen den Detektor in etwa gleichzeitig. Damit hat eine Variation des Zeitfensters keinen Einfluss auf deren Detektion. Die Anzahl der gestreuten und die der wahren Koinzidenzen hängen in gleichem Maß von der applizierten Aktivität ab. Ihr Verhältnis lässt sich folglich nicht über die Aktivität beeinflussen. Dies macht die Korrektur zu einer der schwierigsten bei der PET. Lediglich das Energiefenster bietet eine gewisse Möglichkeit, die gemessene Anzahl gestreuter Koinzidenzen zu reduzieren. Bei einem schmalen Energiefenster würden zwar gestreute Koinzidenzen effektiv unterdrückt, die gesamte Sensitivität des Systems wäre jedoch ebenfalls sehr schlecht.

Im Laufe der Zeit wurden verschiedene Korrekturmethode entwickelt. Sie lassen sich in drei Kategorien einteilen:

- Analytische Methoden
- Methoden mit zwei (oder mehreren) Energiefenstern (engl. *dual energy methods*)
- Simulationsmethoden

In einem sehr einfachen Ansatz einer analytischen Methode wird versucht, die gestreuten Koinzidenzen über gemessene Zerfälle abzuschätzen, deren LOR außerhalb des Objektes verläuft. Schneidet eine LOR das Objekt nicht, dann liegt der zugrundeliegende Zerfall mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit auch nicht auf der LOR. Die gemessenen Koinzidenzen sind also entweder zufällig oder gestreut. Wurde bereits eine Korrektur der zufälligen Koinzidenzen durchgeführt, verbleibt nur noch der gestreute Anteil. Hiermit wird nun versucht, Korrekturfaktoren zu ermitteln.

In der Methode mit zwei Energiefenstern wird ein zweites Energiefenster verwendet, in welchem Koinzidenzen gemessen werden. Gestreute Photonen haben einen Teil ihrer Energie verloren. Der Bereich des zweiten Energiefensters wird niedriger als der des ersten gewählt. Auf diesem Weg sollen in diesem Bereich lediglich gestreute Koinzidenzen erfasst werden. Diese dienen wiederum dazu, Korrekturfaktoren für die gemessenen Ereignisse abzuschätzen.

Die Simulationsmethoden stellen wohl die präzisesten Korrekturen zur Verfügung. Dies erfolgt jedoch zum Preis von zusätzlicher, teilweise erheblicher Berechnungs- und Simulationszeit. Als Ausgangspunkt wird meistens ein, ohne die Korrektur gestreuter Ereignisse rekonstruierter Datensatz verwendet. Zusammen mit den Abschwächungsfaktoren kann

beispielsweise unter Verwendung eines Modells für Streuung oder mit Hilfe von Monte Carlo Simulationen der Anteil an gestreuten Koinzidenzen simuliert werden. Es existiert noch eine Vielzahl an weiteren Methoden. Eine genaue Beschreibung geht jedoch über den Rahmen dieser Arbeit hinaus. Vertiefte Einblicke liefert die entsprechende Literatur, beispielsweise [29–38].

(f) **Radiale Streckung:** Die bei einer Annihilation entstehenden Photonen besitzen eine hohe Energie. Diese ermöglicht es, dass die Photonen Gewebe und sonstiges Material bis zu einem gewissen Grad durchdringen können. Im Folgenden wird eine Annihilation betrachtet, welche außerhalb des Zentrums des FOV stattfindet. Hier besteht eine gewisse Wahrscheinlichkeit, dass ein Photon den ersten Detektorkristall durchdringt und, durch die ringförmige Anordnung des Detektors, auf der Rückseite eines benachbarten Kristalls ein Signal auslöst (Abbildung 2.10). Damit weichen die wahre und die gemessene LOR von einander ab. Dies kann zu einem optisch verwischten Bild führen, wobei der Effekt mit zunehmendem Abstand vom Zentrum des Detektors zunimmt. Diese radiale Streckung wird auch als *Parallaxenfehler* bezeichnet. Er ist abhängig von dem Detektormaterial, der Dicke der Kristalle und dem Radius des Detektorrings. Eine Möglichkeit der Korrektur besteht darin, das Licht an der Vorder- und Rückseite eines Kristalls zu messen und über die Differenz eine Eindringtiefe zu ermitteln [4].

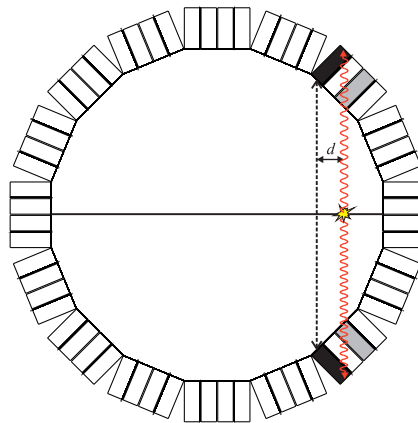


Abbildung 2.10: Veranschaulichung des Parallaxenfehlers. Die wahre und die gemessene LOR weichen um eine Entfernung von d von einander ab.

(g) **Partialvolumeneffekt:** Jeder PET-Scanner hat, bedingt durch die endlich kleine Kristallgröße des Detektors, eine maximale räumliche Auflösung. Dies kann zu Problemen bei der Abbildung von Strukturen führen, deren Größe kleiner ist als die doppelte räumliche Auflösung des Detektors. Es kann zwischen zwei Fällen unterschieden werden. Im ersten Fall wird eine heiße Struktur, deren Größe in diesem Bereich liegt, von einer kalten umgeben. Dies führt dazu, dass das Signal abgeschwächt wird und über einen größeren Bereich verschmiert erscheint. Die Gesamtzahl der Ereignisse bleibt unverändert, verteilt sich jedoch auf ein weitläufigeres Gebiet (Abbildung 2.11). Ist dagegen eine kleine, kalte Struktur von einer heißen Quelle umgeben, dann erscheint das Signal der kalten

Struktur verstärkt, ihre Ausdehnung hingegen kleiner. Diese Unter- bzw. Überschätzung wird als *Partialvolumeneffekt* bezeichnet. Er ist sowohl von der Größe der Struktur, als auch von dem Verhältnis ihrer Aktivität zur Umgebung abhängig. In der Praxis ist eine Korrektur im Allgemeinen schwierig und nicht in allen Fällen durchführbar. Eine Methode beruht auf der Berechnung bestimmter Faktoren zur Korrektur der Änderung des Signals, sogenannte Recovery-Koeffizienten. Eine tiefere Beschreibung findet sich beispielsweise in [39, 40].

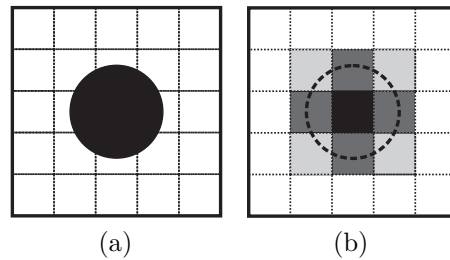


Abbildung 2.11: Graphische Veranschaulichung des Partialvolumeneffekts. (a) Original Objekt entspricht einer radioaktiven Substanz (schwarzer Kreis) vor einem kalten Hintergrund. Die Größe der Struktur liegt im Bereich der doppelten Auflösung des Detektors (angedeutet durch das kartesische Gitter). (b) Bei der Messung bzw. Rekonstruktion vermischen sich in den Randbereichen der Struktur die „Hintergrundaktivität“ (welche in diesem Fall gleich null ist) und die Aktivität der Struktur. Das Objekt erscheint dadurch kleiner und verschmiert (Abb. nach [39]).

(h) **Bogenkorrektur:** Fast alle PET-Scanner verwenden einen ringförmigen Aufbau des Detektors. Bei der Datenakquisition werden die erfassten Ereignisse in parallele LOR unter verschiedenen Winkeln sortiert (vgl. Radontransformation und Sinogramm in Kapitel 3.1). In Abbildung 2.12 ist leicht ersichtlich, dass, durch die ringförmige Anordnung, der Abstand der einzelnen LOR mit der Entfernung vom Zentrum des Detektors abnimmt. Je nach Aufbau des Detektorrings variiert die Entfernung zusätzlich leicht unter den verschiedenen Winkeln. Dieser geometrische Effekt kann analytisch beschrieben und korrigiert werden. Die entsprechende Methode wird als *Bogenkorrektur* (engl. *arc correction*) bezeichnet.

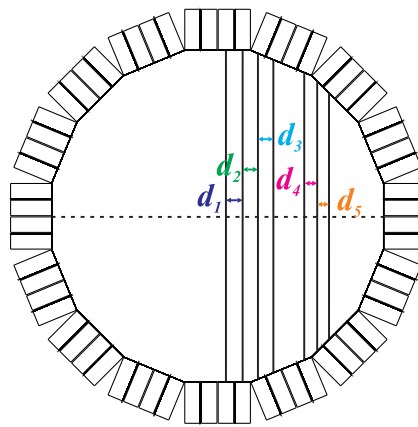


Abbildung 2.12: Durch den ringförmigen Aufbau des Detektors kann die Entfernung zwischen zwei LOR variieren. Dies wird über die Bogenkorrektur bei der Rekonstruktion berücksichtigt.

3 Bildrekonstruktion

3.1 Radon-Transformation und Fourier-Slice Theorem

Im Jahre 1917 veröffentlichte der Mathematiker Johann Radon seine Arbeit „Über die Bestimmung von Funktionen durch ihre Integralwerte längs gewisser Mannigfaltigkeiten“ [41]. Diese bildet die Grundlage für die nach ihm benannte Radon-Transformation. Sie beschreibt das Integral einer Funktion $f(x,y)$ entlang einer Geraden mit der Gleichung $s = x \cos \phi + y \sin \phi$:

$$p(s,\phi) = \int_{-\infty}^{\infty} f(s \cos \phi - t \sin \phi, s \sin \phi + t \cos \phi) dt \quad (3.1)$$

$$= \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x,y) \delta(x \cos \phi + y \sin \phi - s) dx dy. \quad (3.2)$$

Die Variable t in Gleichung 3.1 entspricht der Integrationsvariablen entlang der Geraden, $\delta(\cdot)$ in Gleichung 3.2 der *Delta-Distribution* (oder *Dirac-Funktion*). Für die Delta-Distribution gilt $\delta(x) = 0$ für $x \neq 0$ und $\int_{-\infty}^{\infty} \delta(x) dx = 1$.

Die Radon-Transformation liefert für jeden Winkel ϕ eine Parallelprojektion der Funktion f (Abbildung 3.1), wobei die folgende Symmetrieeigenschaft gültig ist:

$$p(s,\phi + \pi) = p(-s,\phi). \quad (3.3)$$

Eine mögliche Darstellungsform des Radon-Raumes bietet das sogenannte *Sinogramm*. Hier werden den berechneten Daten Grauwerte zugewiesen und diese an ihrer Position (s,ϕ) in ein kartesisches Koordinatensystem eingetragen. Der Name kann darauf zurückgeführt werden, dass ein außerhalb des Zentrums des (x,y) -Koordinatensystems platziertes Objekt in der kartesischen Darstellung des Radon-Raumes eine sinusoidale Kurve beschreibt (Abbildung 3.2).

In der PET werden Koinzidenzen durch den Detektor erfasst. Die Summe aller Koinzidenzen, welche zwischen zwei Detektorelementen gemessen werden, entspricht dem Integral aus Gleichung 3.1 entlang der LOR zwischen diesen Elementen. Jedem Punkt eines Sinogrammes kann folglich ein Paar Detektorelemente zugewiesen werden. Dieses ist durch ihre LOR über den Abstand s und den Winkel ϕ eindeutig definiert.

In der Praxis ist damit die Lösung des Integrals bekannt, gesucht ist jedoch die ursprüngliche Verteilung der radioaktiven Substanz. Dies wird als inverses Problem bezeichnet:

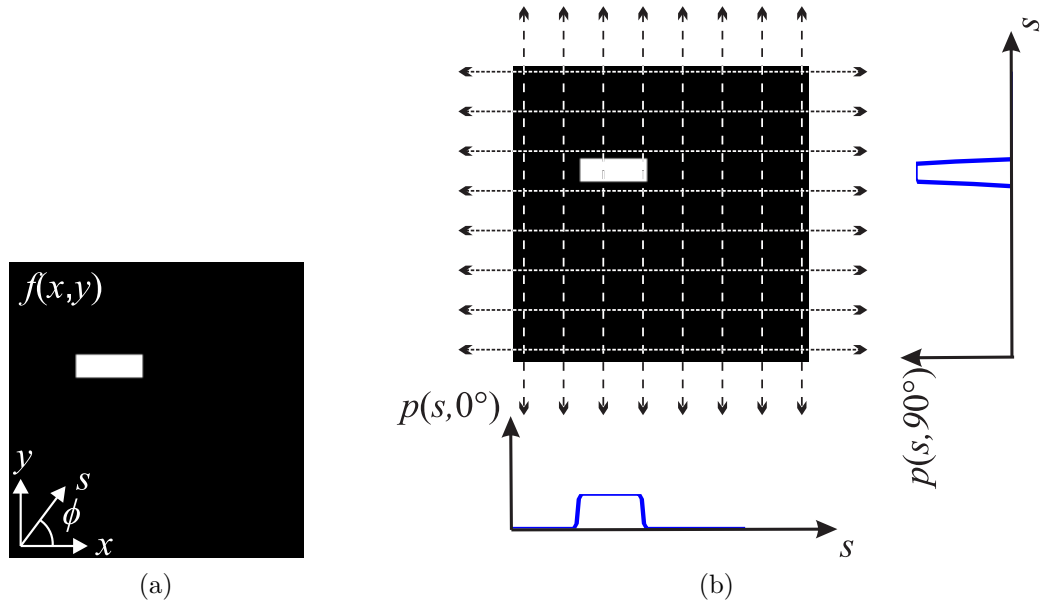


Abbildung 3.1: Die Radon-Transformation liefert eine Parallelprojektion einer Funktion unter verschiedenen Winkeln. (a) Die Funktion $f(x,y)$ stellt ein 2D Bild eines Rechtecks dar. Die Pixel des schwarzen Hintergrunds haben einen Wert von 0, die des weißen Rechtecks einen Wert von 1. (b) Radon-Transformation des Rechtecks aus (a) unter den Winkeln $\phi = 0^\circ$ und $\phi = 90^\circ$.

Aus den bekannten bzw. gemessenen Linienintegralen $p(s,\phi)$ soll das ursprüngliche Objekt $f(x,y)$ berechnet werden.

Eine der ersten Anwendungen bezüglich einer Rekonstruktionstechnik lieferte Ronald Bracewell im Bereich der Radioastronomie im Jahre 1956 [42]. Die mathematische Grundlage für eine in der Praxis relevante Lösung bietet das sogenannte *Fourier-Slice Theorem*. Dieses besagt, dass die 1D Fourier-Transformation der Projektion einer Funktion $f(x,y)$ unter dem Winkel ϕ gleich dem Schnitt durch das 2D Fourierpektrum unter dem gleichen Winkel ist.

Sei $F(u,v)$ die 2D Fourier-Transformation der Funktion $f(x,y)$ und $P(\omega,\phi)$ die 1D Fourier-Transformation der Radon-Transformation $p(s,\phi)$ unter dem Winkel ϕ (die Funktion $p(s,\phi)$ wird hier als eindimensionale Funktion abhängig von s interpretiert):

$$F(u,v) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x,y) e^{-2\pi i(xu+yv)} dx dy \quad (3.4)$$

und

$$P(\omega,\phi) = \int_{-\infty}^{\infty} p(s,\phi) e^{-2\pi i s \omega} ds. \quad (3.5)$$

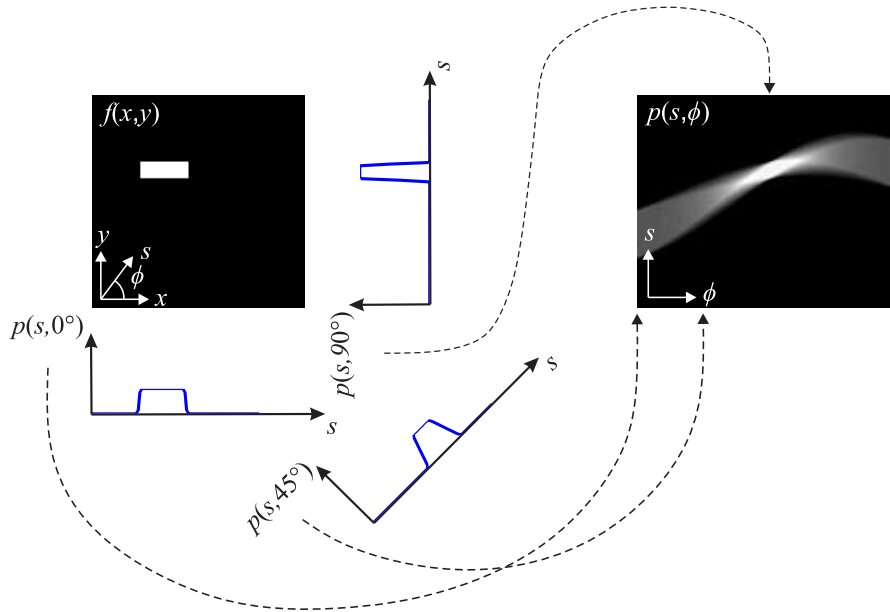


Abbildung 3.2: Radon-Transformation eines Rechtecks unter verschiedenen Winkeln und Darstellung als Sinogramm. Da das Rechteck im Ortsraum außerhalb des Zentrums platziert ist, beschreibt die Radon-Transformation im Sinogramm eine sinusoidale Kurve.

Wird Gleichung 3.2 in Gleichung 3.5 eingesetzt, ergibt sich:

$$\begin{aligned}
 P(\omega, \phi) &= \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) \delta(x \cos \phi + y \sin \phi - s) dx dy e^{-2\pi i s \omega} ds \\
 &= \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) \int_{-\infty}^{\infty} \delta(x \cos \phi + y \sin \phi - s) e^{-2\pi i s \omega} ds dx dy. \quad (3.6)
 \end{aligned}$$

Das innere Integral leistet nur auf der Geraden $s = x \cos \phi + y \sin \phi$ einen Beitrag. Damit kann Gleichung 3.6 umformuliert werden:

$$P(\omega, \phi) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) e^{-2\pi i \omega (x \cos \phi + y \sin \phi)} dx dy. \quad (3.7)$$

Weiterhin gilt der Zusammenhang zwischen kartesischen und Polarkoordinaten:

$$\begin{aligned}
 u &= \omega \cos \phi \\
 v &= \omega \sin \phi. \quad (3.8)
 \end{aligned}$$

Wird das Integral aus Gleichung 3.7 mit Hilfe dieses Zusammenhangs umgeschrieben, ergibt sich:

$$P(\omega, \phi) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) e^{-2\pi i (xu + yv)} dx dy. \quad (3.9)$$

3 Bildrekonstruktion

Dieses Ergebnis ist identisch mit dem aus Gleichung 3.4, wodurch der Beweis für das Fourier-Slice Theorem erbracht wäre:

$$F(u,v) = F(\omega \cos \phi, \omega \sin \phi) = P(\omega, \phi). \quad (3.10)$$

Das Fourier-Slice Theorem stellt einen Zusammenhang zwischen den Parallelprojektionen einer Funktion und ihrer Fourier-Transformation her. Auf dieser Grundlage wurden mehrere Rekonstruktionsalgorithmen entwickelt, mit deren Hilfe die ursprüngliche Funktion berechnet werden kann. Im späteren Verlauf dieser Arbeit werden einige dieser Algorithmen vorgestellt (Kapitel 3.4.1 und 3.4.2).

In diesem Kapitel wurde sowohl die Radon-Transformation als auch das Fourier-Slice Theorem für den zweidimensionalen Fall betrachtet. Beide Zusammenhänge lassen sich auf drei Dimensionen erweitern. Die Rekonstruktion kann nun mittels eines 3D Rekonstruktionsalgorithmus erfolgen (Kapitel 3.6). Diese Algorithmen sind jedoch sehr rechenintensiv und damit zeitaufwändig. Zusätzlich können weitere Nachteile wie ein großer Speicherbedarf auftreten. Daher wurden unterschiedliche Ansätze entwickelt, um bei einem 3D Datensatz eine 2D Rekonstruktionsmethode verwenden zu können. Eine Möglichkeit stellt das sogenannte *Rebinning* dar, auf das in Kapitel 3.3 näher eingegangen werden soll.

3.2 Organisation und Kompression der Daten

Den Ausgangspunkt einer Vielzahl an Rekonstruktionsalgorithmen stellt das Sinogramm dar. In Kapitel 2.4 ist die Datenakquisition bei der PET beschrieben. Im 3D Aufnahmemodus ist es möglich, Koinzidenzen zwischen allen Ringen eines Detektors zu erfassen. Jeder Kombination aus zwei Ringen wird ein Sinogramm zugewiesen, in dem die Ereignisse gespeichert werden. Diese werden als *schräge* (engl. *oblique*) Sinogramme bezeichnet. Zusammen mit den *direkten* innerhalb der einzelnen Ringe, ergeben sich bei einem Detektor aus n Ringen insgesamt n^2 unterschiedliche Sinogramme. Theoretisch könnten ebenfalls alle Kristalle untereinander verschaltet und auf Koinzidenzen überprüft werden. Dies würde jedoch den Datensatz der Sinogramme stark aufblähen. Um Speicherplatz und Rekonstruktionszeit zu sparen, wurden verschiedene Methoden und Parameter eingeführt, mit denen die Daten komprimiert werden.

Ein erster und naheliegender Ansatz besteht darin, nicht alle Kristalle miteinander auf Koinzidenzen zu überprüfen. Je geringer der Abstand zweier Kristalle ist, desto näher liegt ihre Verbindungsgerade am Rand des Detektors. Unter normalen Umständen sind die gescannten Personen oder Objekte deutlich kleiner als der Innendurchmesser des Detektors. Gemessene Koinzidenzen sind daher zufälliger oder gestreuter Natur, da in diesem Bereich praktisch keine wahren Ereignisse auftreten. Für jeden Kristall wird daher ein Fächerwinkel definiert, innerhalb dessen mit den gegenüberliegenden Kristallen

auf Koinzidenzen überprüft wird. Ereignisse außerhalb des Fächers werden nicht berücksichtigt (Abbildung 3.3).

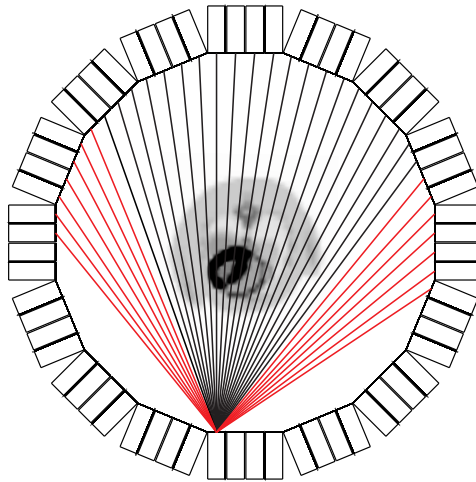


Abbildung 3.3: Für jeden Kristall wird ein Fächerwinkel definiert. Dieser legt fest, mit welchen Kristallen der gegenüberliegenden Seite Koinzidenzen gemessen werden können (schwarze Verbindungslinien). Ereignisse außerhalb des Fächers werden nicht erfasst. Sie liegen nahe am Rand des Detektors und entsprechen normalerweise gestreuten oder zufälligen Koinzidenzen (rote Verbindungslinien).

Gleichzeitig ist es möglich, den maximalen Abstand zweier Ringe festzulegen, zwischen denen Koinzidenzen gemessen werden können. Hierfür wird die sogenannte **Ringdifferenz** (RD) eingeführt. Sie entspricht der Differenz der jeweiligen Nummer der Ringe. Der Parameter dient einerseits zur Beschreibung, zwischen welchen beiden Ringen eine Koinzidenz gemessen wurde, andererseits kann er auch verwendet werden, um zu definieren, bis zu welchem maximalen Abstand zweier Ringe Koinzidenzen erfasst werden sollen. Eine geringere Ringdifferenz verringert die Sensitivität des System, kann jedoch auch den benötigten Speicherplatz reduzieren. Wird die Ringdifferenz auf null gesetzt, ist dies vergleichbar mit dem (elektronischen) 2D Aufnahmemodus.

Das sogenannte Michelogram dient zur Darstellung, welche Sinogramme unter welcher Ringdifferenz erfasst werden. Hierfür sind die Ringnummern gegeneinander aufgetragen. Wurde das Sinogramm zwischen zwei Ringen (i,j) erfasst, ist dies durch einen Punkt im Michelogram an der entsprechenden Stelle markiert. Abbildung 3.4 (a) zeigt ein Beispiel eines Datensatzes, aufgenommen mit einem Detektor aus 12 Ringen, in dem nur die direkten Sinogramme erfasst wurden. Lediglich in der Hauptdiagonalen sind Punkte im Michelogram eingetragen. In Abbildung 3.4 (b) wurde eine Ringdifferenz von ± 1 gewählt. Bei der maximalen Ringdifferenz von ± 11 ist das Michelogram vollständig gefüllt (Abbildung 3.4 (c)).

3 Bildrekonstruktion

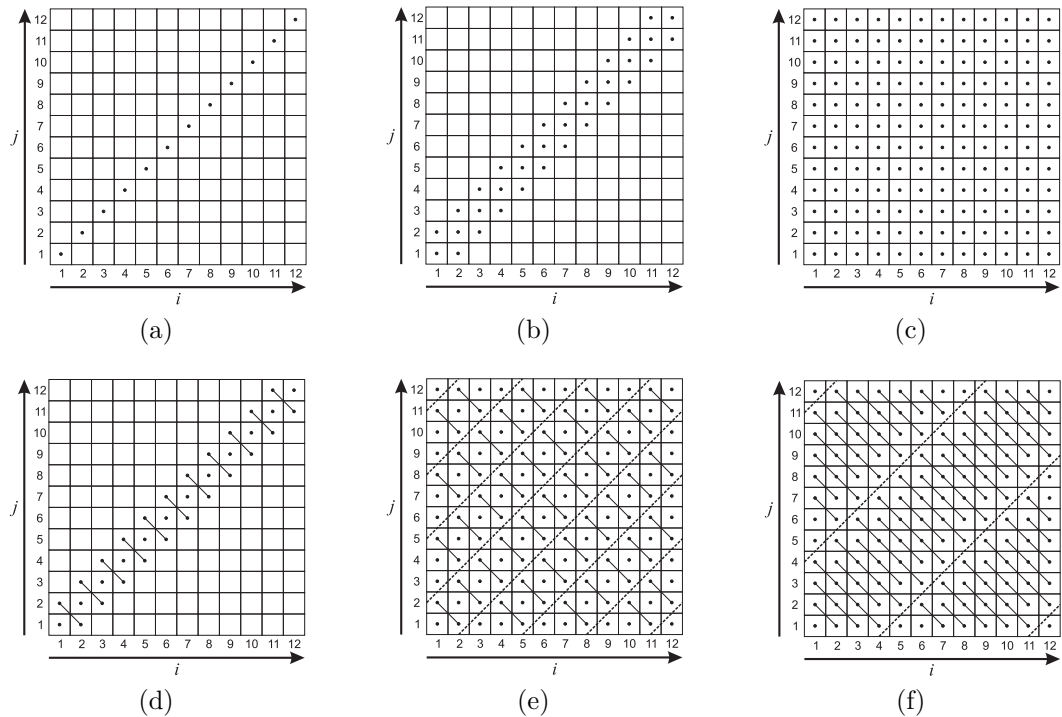


Abbildung 3.4: Das Michelogram dient zur Veranschaulichung, welche Sinogramme unter welcher Ringdifferenz bei einer Messung erfasst wurden. Die Ringe des Detektors werden durchnummeriert. Liegt unter einer Kombination ein Sinogramm vor, wird dies durch einen Punkt im Michelogram an der entsprechenden Stelle markiert. In dem gezeigten Beispiel wurden 12 Ringe verwendet. (a) Ringdifferenz von 0. (b) Maximale Ringdifferenz von ± 1 . (c) Maximale Ringdifferenz von ± 11 . Alle möglichen Sinogramme werden erfasst. (d) Ringdifferenz von ± 1 , Span gleich 3. (e) Maximale Ringdifferenz von ± 11 , Span gleich 3. (f) Maximale Ringdifferenz von ± 11 , Span gleich 7.

Eine weitere, sehr effektive Methode Speicherplatz einzusparen, besteht darin, zwei oder mehrere Sinogramme zu einem neuen zusammenzufassen. Durch jeweils zwei Detektorringe wird eine Ebene definiert, die dem jeweiligen Sinogramm zugeordnet werden kann. Schneiden sich die entsprechenden Ebenen in der Mitte des Detektors, führt dies gerade im Zentrum lediglich zu einer geringen Reduktion der Auflösung (Abbildung 3.5 (a) und (b)). Im Michelogram wird das Zusammenfassen dadurch dargestellt, dass die entsprechenden Punkte, welche die Sinogramme repräsentieren, durch einen Strich verbunden sind. Die Ebenen der resultierenden Sinogramme liegen nun im Falle einer ungeraden Anzahl aufsummierter Ebenen auf ihrer mittleren, bei einer geraden Anzahl mittig zwischen den ursprünglichen Ebenen. Der Parameter, welcher die Summe der ungeraden und der geraden aufsummierten Ebenen beschreibt, wird *Span* genannt. In Abbildung 3.5 (c) werden beispielhaft abwechselnd 3 und 4 Ebenen zusammengefasst. Dies entspricht einem

Span von $3 + 4 = 7$. In den Abbildungen 3.4 (d) und (e) sind die Michelogramme mit einer maximalen Ringdifferenz von ± 1 und ± 11 und jeweils einem Span von 3 dargestellt. Abbildung 3.4 (f) zeigt ein Michelogram bei einer maximalen Ringdifferenz von ± 11 und einem Span von 7.

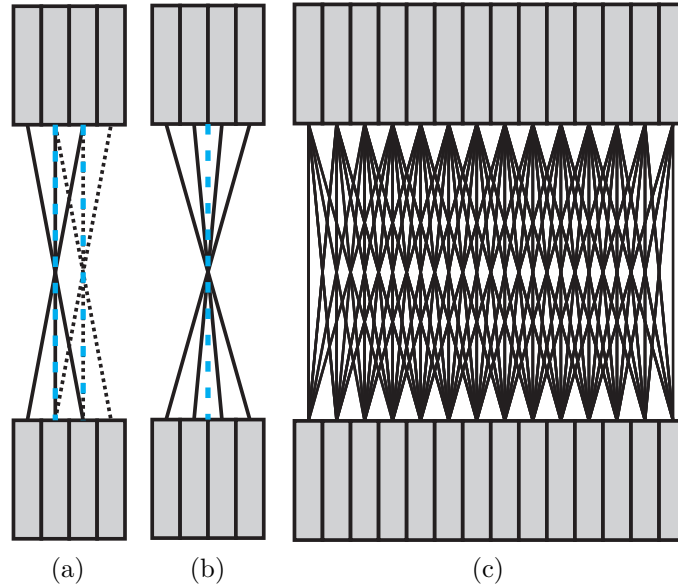


Abbildung 3.5: (a) Zusammenfassung von zwei schrägen und einem direkten Sinogramm. Die Lage des entstehenden Sinogramms stimmt mit der des direkten überein (gestrichelte blaue Linie). (b) Zusammenfassung von 4 schrägen Sinogrammen. Die Lage des resultierenden Sinogramms ist mittig zwischen den 4 ursprünglichen Ebenen (gestrichelte blaue Linie). (c) Beispielhafte Anwendung einer Kompression, bei der jeweils 3 und 4 Ebenen zusammengefasst werden. Dies entspricht einem Span von 7.

Wie in Abbildung 3.5 (b) ersichtlich, entsteht durch das Zusammenfassen eine neue Ebene, die zwischen den bereits vorhanden einzusortieren ist. Dies entspricht einer Erhöhung der Auflösung in axialer Richtung.

Innerhalb eines Sinogramms sind die Ereignisse, welche zwei Detektoren erfasst haben, über den Abstand s und den Winkel ϕ ihrer LOR abgespeichert. Durch die feste Größe der Kristalle ist auch die Auflösung des Scanners vorgegeben. Häufig wird jedoch eine Methode angewandt, um die (effektive) Auflösung auch innerhalb eines Sinogramms zu erhöhen. Seien A und B sowie X und Y jeweils benachbarte Kristalle, \overline{AX} und \overline{BY} parallele LOR. Die entsprechenden Punkte im Sinogramm liegen nebeneinander. Die LOR \overline{AY} verläuft zwischen \overline{AX} und \overline{BY} , ihr Winkel ϕ ist jedoch ein anderer. In der Mitte des Scanners liegt \overline{AY} genau zwischen \overline{AX} und \overline{BY} (Abbildung 3.6 (a)). Eine effektive Erhöhung der Auflösung wird nun erzielt, indem diese LOR im Sinogramm unter dem Winkel von \overline{AX} und \overline{BY} „zwischen“ den Abständen der vorhandenen Punkte eingetragen werden. Auf diesem Weg verdoppelt sich die Abtastrate innerhalb eines Sinogramms,

die Anzahl der Winkel halbiert sich. Dieses „vermischen“ wird nach der englischen Bezeichnung *Mashing* genannt. Das Prinzip ist in den Abbildungen 3.6 (b) und 3.6 (c) noch einmal veranschaulicht.

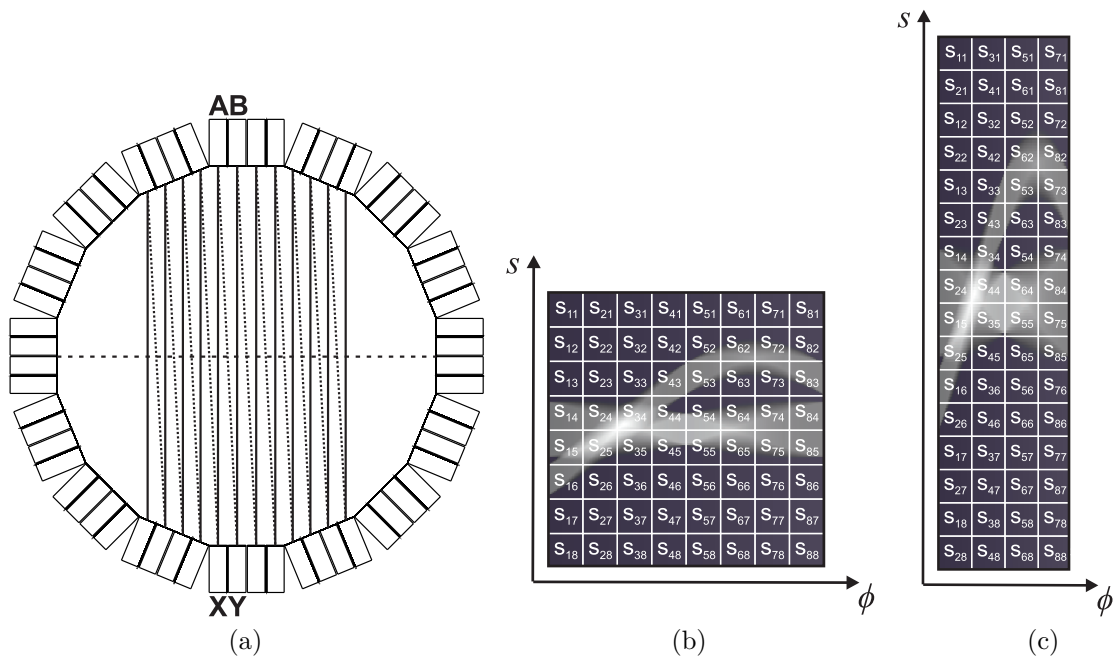


Abbildung 3.6: Graphische Veranschaulichung von Mashing. (a) Verschiedene LOR zwischen unterschiedlichen Kristallen. Die parallelen durchgezogenen, wie auch die gestrichelten LOR bilden jeweils eine Spalte im Sinogramm. (b) Beispielhaftes Sinogramm mit jeweils 8 unterschiedlichen Abständen s und Winkeln ϕ . (c) Prinzip von Mashing: Benachbarte Winkel werden zusammengefasst. Das resultierende Sinogramm hat eine höhere effektive Auflösung, die Anzahl der Winkel halbiert sich jedoch.

3.3 Rebinning Algorithmus

3.3.1 Motivation

Moderne PET-Detektoren können Koinzidenzen zwischen allen Detektorelementen erfassen. Die Ereignisse werden in einen 3D Datensatz aus parallelen LOR sortiert. Im Gegensatz zur 2D Akquisition liegen nun jedoch nicht nur transversale (direkte) LOR vor, sondern auch schräge zwischen unterschiedlichen Detektorringen (vgl. Kapitel 2.4.1). Bei einer normalen 2D Rekonstruktion würden nur die direkten Sinogramme Verwendung finden. Die schrägen LOR, und damit ein Großteil der gemessenen Daten, würden hingegen einfach verworfen. Um dies zu vermeiden, wird ein Ansatz gesucht, in welchem alle Ereignisse zur Lösung beitragen. Der akquirierte 3D Datensatz soll derart umgerechnet

werden, dass ein Schichtstapel aus äquivalenten, transversalen Sinogrammen entsteht. Eine solche Methode wird als *rebinning* bezeichnet, das Verfahren entsprechend als *Rebinning Algorithmus*.

Ein Rebinning Algorithmus sollte akkurat sein und, besonders im Bezug auf Rauschen, stabil laufen. Im rauschfreien Fall wäre ein Rebinning Algorithmus wenig sinnvoll. Der rauschfreie 3D Datensatz ist redundant und die direkten Sinogramme würden bereits für eine exakte Rekonstruktion ausreichen. Eine dritte und entscheidende Eigenschaft ist eine schnelle Berechnungszeit, da ansonsten ein großer Vorteil gegenüber einer 3D Rekonstruktion verloren ginge. Einer der populärsten Rebinning Algorithmen ist das sogenannte **Fourier Rebinning** (FORE) von Michel Defrise et al. [43]. Dieser beruht auf einer exakten, analytischen Inversionsformel. Diese Gleichung kann durch eine Taylor-Entwicklung approximiert werden. Die Implementierung der Approximation wird als FORE Algorithmus bezeichnet. Die folgenden Ausführungen sowie die Herleitung des FORE Algorithmus (Kapitel 3.3.2) folgen dem Vorgehen in [43].

Die gesuchte Verteilung der radioaktiven Substanz innerhalb des Objektes sei durch $f(x,y,z)$ beschrieben. Die z -Achse soll in axiale Richtung des zylindrischen Detektors zeigen. Jede zur z -Achse orthogonale Ebene wird als transversal bezeichnet.

Registrieren zwei Detektorelemente A und B ein Koinzidenz-Ereignis, so liegt dieses (im ungestreuten Fall) auf der Verbindungsgeraden der beiden Elemente. Ihre Richtung ist durch den Einheitsvektor $\mathbf{u} = (u_x, u_y, u_z)$ definiert. Die Summe aller Ereignisse, welche durch die Detektorelemente A und B erfasst werden, wird mathematisch durch das Linienintegral m entlang dieser Geraden charakterisiert:

$$m(s, \phi, z, \Delta) = \int_{-\infty}^{+\infty} f(s \cos \phi + tu_x, s \sin \phi + tu_y, z + tu_z) dt, \quad (3.11)$$

mit dem Einheitsvektor:

$$\mathbf{u} = \frac{1}{\sqrt{1 + \frac{\Delta^2}{4(R^2 - s^2)}}} \left(-\sin \phi, \cos \phi, \frac{\Delta}{2\sqrt{R^2 - s^2}} \right). \quad (3.12)$$

Mit R wird der Radius des Detektorrings bezeichnet. Der Parameter s beschreibt den Abstand zwischen der z -Achse und der Projektion der LOR in die transversale Ebene, ϕ den Winkel zwischen der Projektion und der y -Achse, z die axiale Koordinate des Mittelpunktes zwischen A und B:

$$z = \frac{z_A + z_B}{2}, \quad (3.13)$$

Δ den axialen Abstand der beiden Detektoren:

$$\Delta = z_B - z_A, \quad (3.14)$$

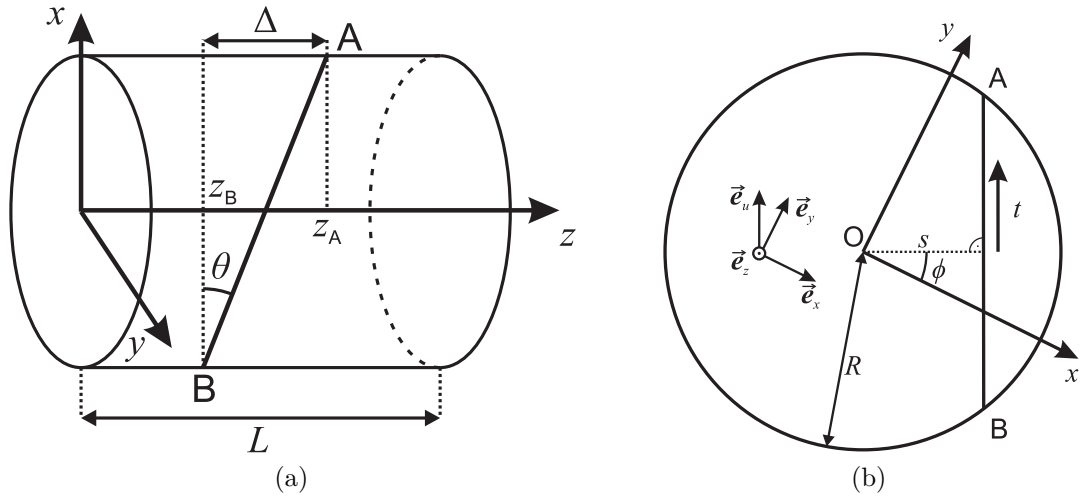


Abbildung 3.7: (a) Darstellung der LOR zwischen den Detektorelementen A und B. (b) Projektion der LOR in die (x,y) -Ebene (Abb. nach [43]).

und t die Integrationsvariable entlang der LOR. Das Prinzip und die verwendeten Koordinatensysteme sind in den Abbildungen 3.7 (a) und (b) graphisch dargestellt.

Gleichung 3.11 stellt eine allgemeine Formulierung dar. An der Aussage der Formel ändert sich jedoch nichts, wenn die Integration nicht entlang der LOR erfolgt, sondern die LOR in die transversale Ebene der axialen Position z projiziert und entlang dieser Projektion integriert wird (Gleichung 3.1):

$$\begin{aligned}
 p(s, \phi, z, \delta) &= \frac{m(s, \phi, z, \Delta = 2\delta\sqrt{R^2 - s^2})}{\sqrt{1 + \delta^2}} \\
 &= \int_{-\infty}^{+\infty} f(s \cos \phi - t \sin \phi, s \sin \phi + t \cos \phi, z + t\delta) dt. \quad (3.15)
 \end{aligned}$$

Der neue Parameter δ ist definiert als $\delta = \tan \theta$, wobei θ den Winkel zwischen der LOR und der transversalen Ebene darstellt.

Es sei nochmals angemerkt, dass die Integrale aus den Gleichungen 3.11 und 3.15 den selben Sachverhalt beschreiben. Der Unterschied liegt lediglich in der Parametrisierung.

Im 2D Akquisitionsmodus liegen alle LOR in einer transversalen Ebene, beschreiben also ein direktes Sinogramm, bei dem $z_A = z_B$ und damit $\delta = 0$ gilt:

$$p_{2D}(s, \phi, z) = p(s, \phi, z, 0). \quad (3.16)$$

3.3.2 FORE

In [43] erfolgt zunächst die Herleitung einer exakten Gleichung für einen Rebinning Algorithmus. Dieser stellt einen unmittelbaren Zusammenhang zwischen schrägen und

direkten Sinogrammen her:

$$\wp(\omega, k, \omega_z, \delta) = e^{-ik \arctan\left(\frac{\delta\omega_z}{\omega}\right)} \cdot \wp\left(\omega\sqrt{1 + \frac{\delta^2\omega_z^2}{\omega^2}}, k, \omega_z, 0\right), \quad (3.17)$$

mit der Fourier-Transformation der Daten:

$$\wp(\omega, k, \omega_z, \delta) = \int_{-\infty}^{+\infty} P(\omega, k, z, \delta) e^{-i\omega_z z} dz \quad (3.18)$$

und

$$P(\omega, k, z, \delta) = \int_0^{2\pi} \int_{-R_{FOV}}^{R_{FOV}} p(s, \phi, z, \delta) e^{-ik\phi - i\omega s} ds d\phi. \quad (3.19)$$

Mit ω wird die Kreisfrequenz bezeichnet, ω_z entspricht der axialen Frequenz, k dem Fourierindex.

Dieser Zusammenhang wird genutzt, um eine unabhängige Schätzung der direkten Sinogramme aus den schrägen zu bestimmen. Die folgende Gleichung berechnet den Durchschnitt aller Schätzungen, wodurch sich das SNR der direkten Sinogramme erhöht:

$$\wp_{2D}(\omega, k, \omega_z) = \frac{1}{\delta_1(\omega, \omega_z)} \int_0^{\delta_1} \wp\left(\omega\sqrt{1 - \frac{\delta^2\omega_z^2}{\omega^2}}, k, \omega_z, \delta\right) \cdot e^{ik \arcsin\left(\frac{\delta\omega_z}{\omega}\right)} d\delta, \quad (3.20)$$

mit

$$\delta_1(\omega, \omega_z) = \min\left(\left|\frac{\omega}{\omega_z}\right|, \frac{L}{2R}\right).$$

L entspricht der Länge des Detektors.

Bei der Herleitung von Gleichung 3.17 wurde die Annahme getroffen, dass der komplette Datensatz bekannt ist. Ein zylindrischer PET-Detektor liefert diese Daten allerdings nur für den Bereich $|z| < (L/2 - |\delta|\sqrt{R^2 - s^2})$. Durch eine Schätzung der Daten (Kapitel 3.6) würde jedoch der Geschwindigkeitsvorteil des Rebinning eingebüßt. In diesem Kapitel wird eine Näherungslösung vorgestellt, welche eine schnelle Implementierung ermöglicht. Die Näherungslösung ergibt sich, wenn Teile aus Gleichung 3.17 durch eine Taylorreihe approximiert werden. Zur leichteren Lesbarkeit wird aus den bereits eingeführten, die neue Variable α definiert:

$$\alpha = \frac{\delta\omega_z}{\omega} = \frac{\tan(\theta)\omega_z}{\omega}. \quad (3.21)$$

Hieraus ergeben sich die Phasenverschiebung:

$$\Delta\Phi = k \arctan \alpha \quad (3.22)$$

und eine Skalierung der Frequenz:

$$\chi = \sqrt{1 + \alpha^2}. \quad (3.23)$$

3 Bildrekonstruktion

Der FORE Algorithmus verwendet als Approximation eine Talorreihe erster Ordnung:

$$\Delta\Phi = k\alpha + O(\alpha^3) \quad (3.24)$$

und

$$\chi = 1 + O(\alpha^2). \quad (3.25)$$

Gleichung 3.17 vereinfacht sich somit zu:

$$\wp(\omega, k, \omega_z, \delta) = e^{-ik\frac{\delta\omega_z}{\omega}} \wp(\omega, k, \omega_z, 0) + O(\alpha^2). \quad (3.26)$$

Offensichtlich besteht die Verbindung zwischen schrägen und direkten Sinogrammen im Hinblick auf ω_z nun nur noch aus einer linearen Phasenverschiebung, wodurch sich eine Approximation der inversen 1D Fourier-Transformation wie folgt berechnen lässt:

$$P(\omega, k, z, \delta) \approx P(\omega, k, z - \frac{k\delta}{\omega}, 0). \quad (3.27)$$

Diese Gleichung hat im Gegensatz zur exakten Rebinning-Gleichung 3.17 den entscheidenden Vorteil, dass keine Fourier-Transformation entlang der z -Richtung nötig ist. Damit muss kein vollständiger Datensatz vorliegen.

Wird der Bezug zu den Gleichungen 3.15 und 3.19 hergestellt, besteht nach Edholm et al. [44] eine Frequenz-Abstand-Beziehung bei der Frequenz (ω, k) und dem Abstand t . Der Wert von P an der Stelle (ω, k) setzt sich demnach hauptsächlich aus Quellen mit dem Abstand $t = -k/\omega$ entlang der Integrationsgeraden zusammen.

Unter der Annahme, dass außerhalb des Detektors ($|t| > R_{FOV}$) keine Aktivität vorhanden ist, ergibt sich daraus die Konsistenzbedingung:

$$P(\omega, k, z, 0) \approx 0 \quad \text{für } |\omega| < \frac{|k|}{R_{FOV}}. \quad (3.28)$$

Durch die Approximation mittels einer Talorreihe zweiter Ordnung kann zusätzlich eine Abschätzung der Genauigkeit des Algorithmus angegeben werden. Auf die Herleitung wird an dieser Stelle verzichtet. Es zeigt sich jedoch, dass der dargestellte Rebinning Algorithmus frequenzabhängig und der Fehlerterm in einem Bereich von (ω, k) signifikant ist, wenn sowohl k als auch ω klein sind [43].

Aus diesem Grund erfolgt bei dem FORE Algorithmus eine getrennte Betrachtung hoher und niedriger Frequenzen. Um die Grenzen zu definieren, werden zwei Parameter k_{lim} und ω_{lim} eingeführt. Hieraus ergibt sich eine Aufteilung in drei Bereiche (Abbildung 3.8).

Bereich 1:

Dieser Bereich kann als Hochfrequenzbereich bezeichnet werden. Hier gilt der Rebinning Algorithmus und der 2D Datensatz wird wie folgt berechnet:

$$P_{2D}(\omega, k, z) = \frac{1}{\delta_1(\omega, k, z)} \int_0^{\delta_1} P\left(\omega, k, z + \frac{k\delta}{\omega}\right) d\delta \quad (3.29)$$

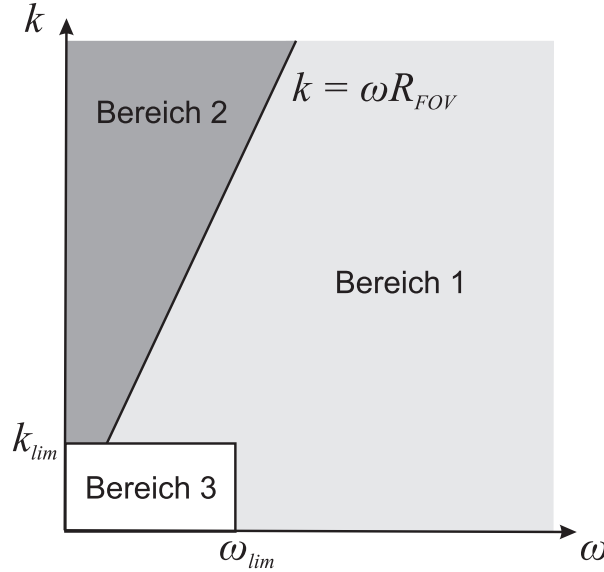


Abbildung 3.8: Darstellung der unterschiedlichen Bereiche des FORE Algorithmus (Abb. nach [43]).

$$\text{für } \left| \frac{k}{\omega} \right| < R_{FOV}; \quad |k| > k_{lim} \text{ oder } |\omega| > \omega_{lim}.$$

Der Parameter δ_1 ist derart definiert, dass das schräge Sinogramm gemessen wurde:

$$\delta_1(\omega, k, z) = \min \left\{ \frac{\frac{L}{2} - z}{R + \frac{k}{\omega}}, \frac{\frac{L}{2} + z}{R - \frac{k}{\omega}}, \delta_{max} \right\}, \quad (3.30)$$

wobei δ_{max} den maximalen Wert für δ darstellt, welcher in der Rekonstruktion verwendet wird. Zusätzlich wurde zur Vereinfachung der Bereich für z maximal gewählt und ist damit unabhängig von s : $|z| < (L/2 - |\delta|R)$.

In der Praxis werden die Sinogramme bei der Berechnung der Fourier-Transformation durch die Ausnutzung der Symmetrie $p(s, \phi + \pi, z, \delta) = p(-s, \phi, z, -\delta)$ verbunden. Somit ergeben sich in Gleichung 3.30 nur positive Werte für δ .

Bereich 2:

Der zweite Bereich stellt den Teil dar, in dem die Konsistenzbedingung aus Gleichung 3.28 nicht erfüllt ist. Die 2D Daten werden hier gleich null gesetzt:

$$P_{2D}(\omega, k, z) = 0 \quad \text{für } \left| \frac{k}{\omega} \right| \geq R_{FOV}; \quad |k| > k_{lim} \text{ oder } |\omega| > \omega_{lim}. \quad (3.31)$$

Bereich 3:

In Bereich 3 oder auch dem niederfrequenten Bereich ist das Fourier Rebinning nicht anwendbar. Für kleine Werte von δ mit $\delta \leq \delta_{lim}$ kann die axiale Verschiebung vernachlässigt werden. Damit finden hier für die Berechnung des 2D Datensatzes nur die schrägen

Sinogramme Verwendung, für die gilt:

$$P_{2D}(\omega, k, z) = \frac{1}{\delta_2(z)} \int_0^{\delta_2} P(\omega, k, z, \delta) d\delta \quad (3.32)$$

$$\text{für } |k| \leq k_{lim} \text{ und } |\omega| \leq \omega_{lim}$$

und

$$\delta_2(z) = \min \left\{ \delta_{lim}, \left(\frac{L}{2} - |z| \right) / R \right\}. \quad (3.33)$$

Für den FORE Algorithmus müssen damit drei Parameter gewählt werden: ω_{lim} , k_{lim} und δ_{lim} , welche Einfluss auf den systematischen Fehler, also die Genauigkeit, und auf den statistischen Fehler, also das Rauschen, haben.

3.4 Analytische Rekonstruktionsalgorithmen

Analytische oder auch direkte Rekonstruktionsalgorithmen basieren auf der Beziehung zwischen einer Funktion und ihrem Linienintegral. Der jeweilige Rekonstruktionsalgorithmus wird hier nur einmal durchlaufen. Daraus resultiert der große Vorteil der analytischen Verfahren gegenüber den iterativen, nämlich ihre vergleichsweise kurze Berechnungszeit.

Der erwähnte Zusammenhang zwischen Funktion und ihrem Linienintegral ist durch das in Kapitel 3.1 definierte Fourier-Slice Theorem gegeben. Sind genügend Projektionen der Funktion unter verschiedenen Winkeln bekannt und ist deren Fourier-Transformation berechnet, liegt praktisch die 2D Fourier-Transformation der Funktion vor. Intuitiv besteht ein Rekonstruktionsalgorithmus darin, die inverse 2D Fourier-Transformation zu berechnen, um die ursprüngliche Funktion zu erhalten. Diese Methode soll hier als *direkte inverse Radon-Transformation* bezeichnet werden. Wie im nächsten Kapitel gezeigt, besitzt dieses Verfahren jedoch erhebliche Nachteile und findet in der Praxis kaum Anwendung.

In Kapitel 3.4.2 wird die *gefilterte Rückprojektion* vorgestellt. Diese war lange Zeit die Methode der Wahl und wird teilweise auch heute noch in der klinischen Routine verwendet.

3.4.1 Direkte inverse Radon-Transformation

Die mathematische Formulierung der *direkten inversen Radon-Transformation* über die inverse 2D Fourier-Transformation \mathcal{F}^{-1} lässt sich folgendermaßen darstellen:

$$f(x, y) = \mathcal{F}^{-1} F(u, v) = \mathcal{F}^{-1} P(\omega, \phi). \quad (3.34)$$

Der Algorithmus bestünde damit lediglich aus zwei Schritten:

1. Berechnung der 1D Fourier-Transformation der gemessenen Projektionen.
2. Berechnung der inversen 2D Fourier-Transformation dieser Daten.

Eine direkte Implementierung scheitert an folgendem Problem. Die schnelle inverse 2D Fourier-Transformation benötigt die Daten auf einem rechtwinkligen Gitter. Die Projektionen und deren Fourier-Transformation liegen jedoch in polarer Form unter verschiedenen Winkeln vor (Abbildung 3.9 (a)). Um die schnelle inverse 2D Fourier-Transformation berechnen zu können, ist eine Interpolation der Daten nötig.

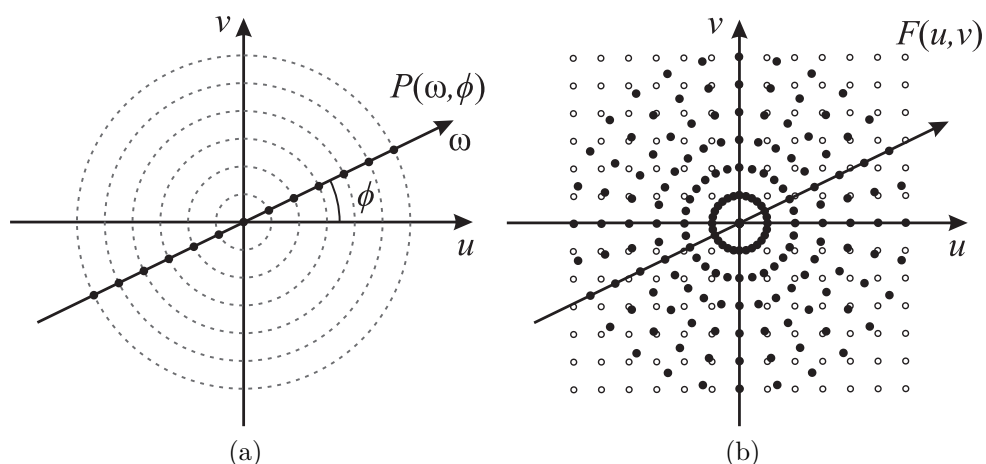


Abbildung 3.9: (a) 1D Fourier-Transformation $P(\omega, \phi)$ der Radon-Transformation $p(s, \phi)$ in einem kartesischen Koordinatensystem. (b) Radiales Abtastmuster der bekannten Daten (schwarze Punkte) und das für die schnelle Fourier-Transformation benötigte rechtwinklige Abtastmuster (Kreise) (Abb. nach [7]).

Wie in Abbildung 3.9 (b) ersichtlich, nimmt die räumliche Dichte bekannter Messpunkte mit größer werdendem Abstand vom Ursprung ab. Damit verringert sich die Genauigkeit der Interpolation speziell für höhere Frequenzen. Die Rekonstruktion kann sehr sensitiv auf Interpolationsfehler reagieren. Da in hohen Frequenzen die meiste Information über die Details eines Bildes steckt, kann sich dies negativ auf die Bildqualität auswirken. Des Weiteren erfordert der zusätzliche Interpolationsschritt Rechenzeit. Der Vorteil einer schnellen Rekonstruktion durch die direkte Methode wird dadurch reduziert [7].

3.4.2 Gefilterte Rückprojektion

Die *gefilterte Rückprojektion* (engl. *filtered backprojection*, *FBP*) basiert ebenfalls auf dem Fourier-Slice Theorem. Anstelle die Gleichung jedoch direkt umzusetzen, wird diese zuvor umformuliert.

3 Bildrekonstruktion

In einem kartesischen Koordinatensystem berechnet sich die inverse Fourier-Transformation nach:

$$f(x,y) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} F(u,v) e^{2\pi i(xu+yv)} du dv. \quad (3.35)$$

Die 1D Fourier-Transformation der gemessenen Projektionen liegt in Polarkoordinaten vor. Bei einer Umwandlung von Gleichung 3.35 in das entsprechende Koordinatensystem werden die Integrationsvariablen und damit das infinitesimale Flächenelement ausgetauscht. Dies erfordert eine Multiplikation mit der Jacobi-Determinanten (auch Funktionaldeterminante genannt):

$$dudv = \left| \det \frac{\partial(u,v)}{\partial(\omega,\phi)} \right| d\omega d\phi = |\omega (\cos^2 \phi + \sin^2 \phi)| d\omega d\phi = |\omega| d\omega d\phi. \quad (3.36)$$

Durch den Zusammenhang der Variablen der beiden Koordinatensysteme aus Gleichung 3.8 ergibt sich [7]:

$$f(x,y) = \int_0^{2\pi} \int_0^{\infty} F(\omega,\phi) e^{2\pi i\omega(x \cos \phi + y \sin \phi)} \omega d\omega d\phi \quad (3.37)$$

$$= \int_0^{\pi} \int_{-\infty}^{\infty} F(\omega,\phi) e^{2\pi i\omega(x \cos \phi + y \sin \phi)} |\omega| d\omega d\phi \quad (3.38)$$

$$\stackrel{3.10}{=} \int_0^{\pi} \int_{-\infty}^{\infty} P(\omega,\phi) e^{2\pi i\omega s} |\omega| d\omega d\phi. \quad (3.39)$$

Der Faktor $|\omega|$ der Jacobi-Determinanten wirkt wie ein Hochpassfilter. Die hohen Frequenzen werden entsprechend ihres Abstandes zum Ursprung verstärkt.

Das Ergebnis aus Gleichung 3.39 erlaubt eine andere Interpretation der Rücktransformation. In Kapitel 3.1 wird die Radon-Transformation als Integral entlang der Geraden $s = x \cos \phi + y \sin \phi$ beschrieben. Dies kommt einer Projektion der ursprünglichen Funktion gleich. Das innere Integral aus Gleichung 3.39 entspricht nun einer Filterung der Projektion im Frequenzraum. Das äußere Integral stellt eine „Rückprojektion“ dieser gefilterten Daten dar. Damit die Geradengleichung erfüllt ist, muss für einen festen Winkel ϕ der Wert von s für alle (x,y) gleich sein. Folglich liefert die gefilterte Projektion für alle Punkte (x,y) auf der Geraden den gleichen Beitrag [45].

Eine Implementierung macht sich dieses Prinzip zunutze. Die Projektionen werden in einem ersten Schritt im Frequenzraum gefiltert. Im Anschluss erfolgt ein sogenanntes „Rückverschmieren“ der einzelnen gefilterten Projektionen. Bei diesem Rückverschmieren wird der Funktion $f(x,y)$ an jedem Punkt auf der Geraden der entsprechende Wert der gefilterten Projektion zugewiesen. Eine Überlagerung der Ergebnisse bei unterschiedlichen Winkeln ϕ liefert schließlich die ursprüngliche, gesuchte Funktion [7]. Dieses Prinzip ist in Abbildung 3.10 graphisch veranschaulicht. Das ursprüngliche Objekt entspricht dem Rechteck aus Abbildung 3.1 (a).

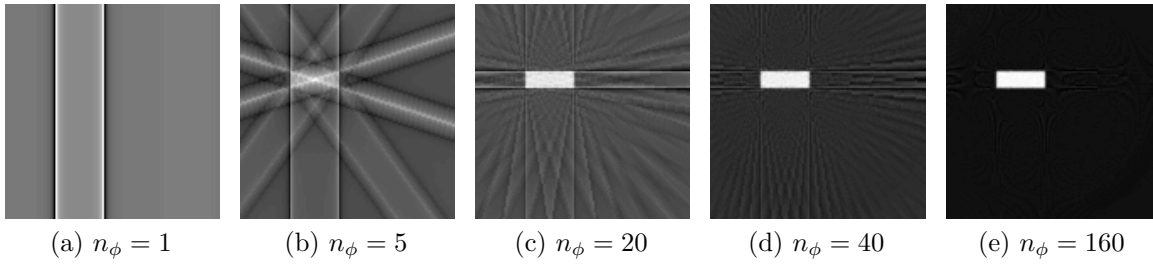


Abbildung 3.10: Gefilterte Rückprojektion der Radon-Transformation des Rechtecks aus Abbildung 3.1 (a) mit einer unterschiedlichen Anzahl an Projektionswinkeln (gleichmäßig zwischen 0 und π verteilt).

Der Effekt der Filterung wird in Abbildung 3.11 deutlich. Hier wurde der Faktor $|\omega|$ aus Gleichung 3.39 entfernt. Diese entspricht nunmehr lediglich einer Überlagerung der einzelnen rückverschmierten Projektionen. Die Radontransformierte des Objektes enthält jedoch nur positive Werte. Die Anteile der rückverschmierten Projektionen außerhalb des Objektes können somit nicht kompensiert werden. Das mittels der einfachen Rückprojektion rekonstruierte Bild wirkt daher verschmiert.

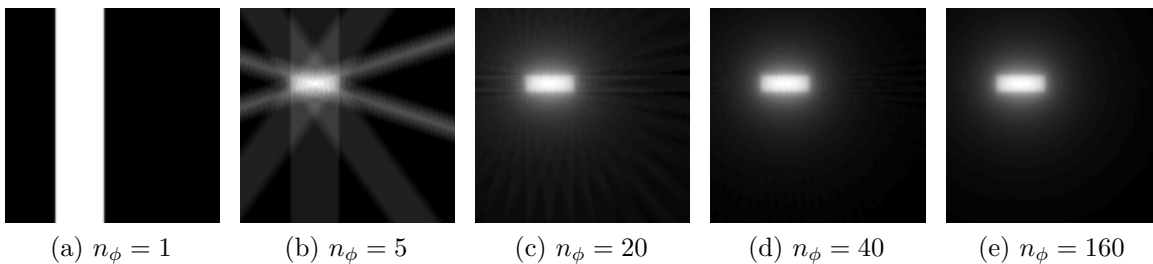


Abbildung 3.11: Einfache Rückprojektion der Radon-Transformation des Rechtecks aus Abbildung 3.1 (a). Durch das Fehlen des Filters können die positiven Signalanteile außerhalb des Objektes nicht kompensiert werden. Das rekonstruierte Bild wirkt verschmiert.

Im Allgemeinen steckt in einem verrauschten Bild der Großteil des Rauschens in den hohen Frequenzen. Diese werden durch $|\omega|$ verstärkt, wodurch das Rauschen ebenfalls erhöht wird. In der Praxis wird deshalb häufig eine zusätzliche Fensterfunktion mit Tiefpasseigenschaften verwendet. Diese soll das Rauschen zu einem gewissen Grad unterdrücken, ohne das Signal zu stark zu beeinflussen. In Abbildung 3.12 ist die Kombination typischer Fensterfunktionen mit dem Hochpassfilter $|\omega|$ abgebildet. Ihre mathematische

3 Bildrekonstruktion

Repräsentation lautet wie folgt:

$$\text{Rampe:} \quad H(\omega) = |\omega| \quad (3.40)$$

$$\text{Hann:} \quad H(\omega) = \frac{1}{2} \cdot |\omega| \cdot \left(1 + \cos \frac{\pi \cdot \omega}{\omega_c}\right) \quad (3.41)$$

$$\text{Shepp-Logan:} \quad H(\omega) = \frac{2 \cdot \omega_c}{\pi} \cdot \sin \frac{|\omega| \cdot \pi}{2 \cdot \omega_c} \quad (3.42)$$

$$\text{Hamming:} \quad H(\omega) = \frac{1}{2} \cdot \left(1 + \cos \frac{\pi \cdot \omega}{\omega_c}\right). \quad (3.43)$$

Für alle Funktionen gilt $H(\omega) = 0$ für $|\omega| > \omega_c$, wobei ω_c die *Grenzfrequenz* (engl. *cut-off frequency*) darstellt. In den Beispielen ist die Grenzfrequenz auf die Nyquist-Frequenz, also die maximale Frequenz eingestellt.

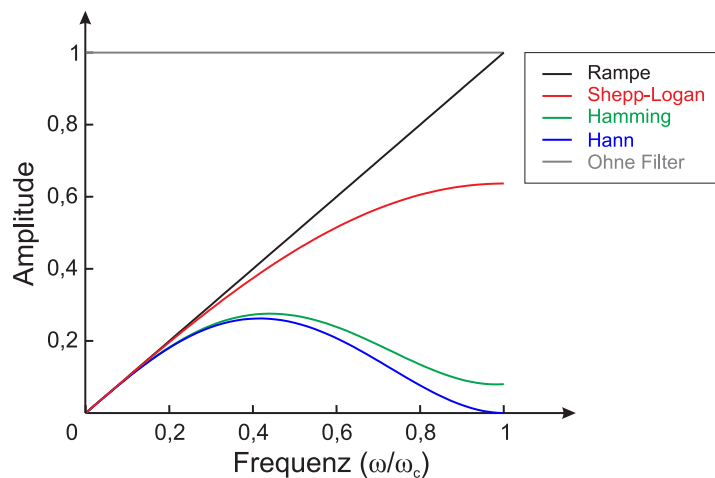


Abbildung 3.12: Typische Fensterfunktionen kombiniert mit dem Rampenfilter $|\omega|$.

Alle Beispiele haben gemeinsam, dass die Verstärkung hoher Frequenzen reduziert ist. Je flacher die Kurve verläuft, desto glättender wirkt die Funktion. In einem einfachen Anwendungsbeispiel wird das Sinogramm eines Shepp-Logan Phantoms berechnet und mit Gaußischem Rauschen (Standardabweichung von $\sigma = 0.05$) überlagert. Das ursprüngliche Bild, das verrauschte Sinogramm sowie die Rekonstruktion mit der gefilterten Rückprojektion unter Verwendung unterschiedlicher Fensterfunktionen sind in Abbildung 3.13 dargestellt.

3.5 Iterative Rekonstruktionsverfahren

Bei den iterativen Rekonstruktionsverfahren wird das endgültige Bild durch wiederholte Ausführung eines Algorithmus berechnet. Das Ergebnis nach einer Iteration stellt hierbei den Ausgangspunkt für den nächsten Durchlauf dar. Auf diesem Weg soll die Lösung

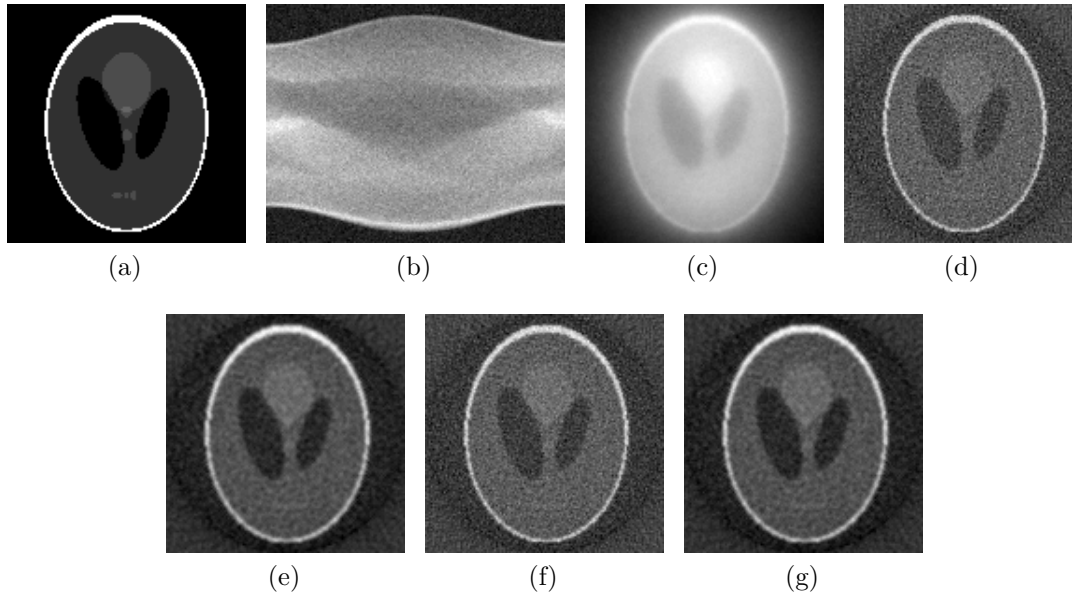


Abbildung 3.13: Das Sinogramm eines Shepp-Logan Phantoms wird berechnet und mit Gaußischem Rauschen belegt. Die Rekonstruktion erfolgt mit der gefilterten Rückprojektion, wobei zusätzlich verschiedene Fensterfunktionen verwendet werden. (a) Rauschfreies Shepp-Logan Phantom; (b) Sinogramm des Shepp-Logan Phantoms mit Gaußischem Rauschen ($\sigma = 0.05$); (c) Einfache Rückprojektion; (d) gefilterte Rückprojektion; (e) FBP mit Hann-Fenster; (f) FBP mit Shepp-Logan-Fenster; (g) FBP mit Hamming-Fenster.

sukzessive angenähert werden. Die Anzahl der Iterationen hängt von dem jeweiligen Algorithmus und dem implementierten Abbruchkriterium ab. Ein einfaches Beispiel für ein Abbruchkriterium ist die maximale Änderung in dem rekonstruierten Bild im Vergleich zu dem Startwert der Iteration. Bleibt diese unter einem definierten Wert, kann die Ausführung beendet werden.

In Kapitel 3.5.1 wird ein Verfahren vorgestellt, welches den Messprozess als lineares Gleichungssystem beschreibt. Die Lösung des Gleichungssystems erfolgt mit Hilfe einer iterativen Formel, welche als algebraische Rekonstruktionstechnik bezeichnet wird. Kapitel 3.5.2 zeigt eine Möglichkeit auf, die Physik des Messprozesses und somit ein zusätzliches Vorwissen bei der Rekonstruktion zu berücksichtigen. Die Konvergenzgeschwindigkeit dieses statistischen Ansatzes kann durch die Aufteilung der Daten in geordnete Teilmengen beschleunigt werden. Kapitel 3.5.3 beschäftigt sich mit der Herleitung dieses Verfahrens.

Alle vorgestellten iterativen Algorithmen haben gemeinsam, dass der Messprozess durch ein Gleichungssystem mit der sogenannten Systemmatrix beschrieben wird. Kapitel 3.5.4 geht näher auf diese Systemmatrix ein und stellt Möglichkeiten für deren Berechnung vor.

Durch die allgemeine Formulierung als Gleichungssystem können die vorgestellten iterativen Verfahren sowohl für den 2D als auch für den 3D Fall verwendet werden. Die 3D Rekonstruktion bedeutet jedoch einen enormen Berechnungsaufwand. Deshalb ist diese erst in den letzten Jahren dank der Entwicklung leistungsstärkerer Computer praktikabel geworden.

3.5.1 Algebraische Rekonstruktion

Bei einer Akquisition in der PET sind die Kristalle des Detektors derart verschaltet, dass sie Koinzidenzen messen können. Jedes Kristallpaar sei eindeutig durch eine Nummer $i = 1, 2, \dots, N$ gekennzeichnet. Die Summe der zwischen zwei Kristallen des Detektors gemessenen Koinzidenzen sei mit b_i bezeichnet. Dies entspricht der bekannten Radon-Transformation an der entsprechenden Stelle. Ferner sind die Voxel des FOV ebenfalls eindeutig mit $j = 1, 2, \dots, M$ durchnummeriert. Bei der diskreten Darstellung der Radon-Transformation wird aus dem Integral eine Summe. Durch die Messung der parallelen LOR unter unterschiedlichen Winkeln ϕ , entsteht ein Gleichungssystem. Ein einfaches Beispiel mit vier Voxeln im FOV, also vier Unbekannten f_j , sieht wie folgt aus:

$$b_1 = a_{11}f_1 + a_{12}f_2 + a_{13}f_3 + a_{14}f_4 \quad (3.44)$$

$$b_2 = a_{21}f_1 + a_{22}f_2 + a_{23}f_3 + a_{24}f_4 \quad (3.45)$$

$$b_3 = a_{31}f_1 + a_{32}f_2 + a_{33}f_3 + a_{34}f_4 \quad (3.46)$$

$$b_4 = a_{41}f_1 + a_{42}f_2 + a_{43}f_3 + a_{44}f_4. \quad (3.47)$$

Die vektorielle Form des Gleichungssystems liefert eine übersichtlichere Darstellung:

$$\mathbf{b} = \mathbf{A}\mathbf{f}. \quad (3.48)$$

Die Matrix \mathbf{A} wird als Systemmatrix bezeichnet (Kapiel 3.5.4). Ihre Werte a_{ij} geben die Wahrscheinlichkeit wider, dass ein Koinzidenzereignis in Voxel j stattfindet und durch das Kristallpaar i detektiert wird.

Theoretisch könnte das Gleichungssystem durch Berechnung der inversen Systemmatrix gelöst werden: $\mathbf{A}^{-1}\mathbf{b} = \mathbf{f}$. Durch Singularitäten ist die Matrix jedoch in der Regel nicht direkt invertierbar. Aufgrund ihrer Größe scheiden auch andere Lösungsansätze aus. Des Weiteren würde bei einem unbestimmten System keine eindeutige Lösung existieren. Zur Bestimmung der Unbekannten \mathbf{f} muss folglich ein anderer Weg gefunden werden.

Im Jahre 1970 präsentierten Gordon, Bender und Herman einen Algorithmus für den Bereich der Bildrekonstruktion, welcher das Gleichungssystem durch iterative Anwendung löst [46]. Es stellte sich heraus, dass der mit *ART* (*algebraic reconstruction technique*, algebraische Rekonstruktionstechnik) bezeichnete Algorithmus der Methode von Kaczmarz [47] entspricht.

Die Lösung des Systems aus Gleichung 3.48 wird damit durch folgendes iteratives Verfahren angenähert:

$$\mathbf{f}^{(n+1)} = \mathbf{f}^{(n)} + \frac{b_i - \mathbf{a}_i^T \mathbf{f}^{(n)}}{\mathbf{a}_i^T \mathbf{a}_i} \mathbf{a}_i, \quad (3.49)$$

wobei das Skalarprodukt zweier Vektoren $\mathbf{u}^T \mathbf{v}$ mit n_k Elementen verwendet wird:

$$\mathbf{u}^T \mathbf{v} = \sum_{k=1}^{n_k} u_k \cdot f_k. \quad (3.50)$$

Der Startwert kann prinzipiell beliebig gewählt werden, er beeinflusst jedoch die Kon-

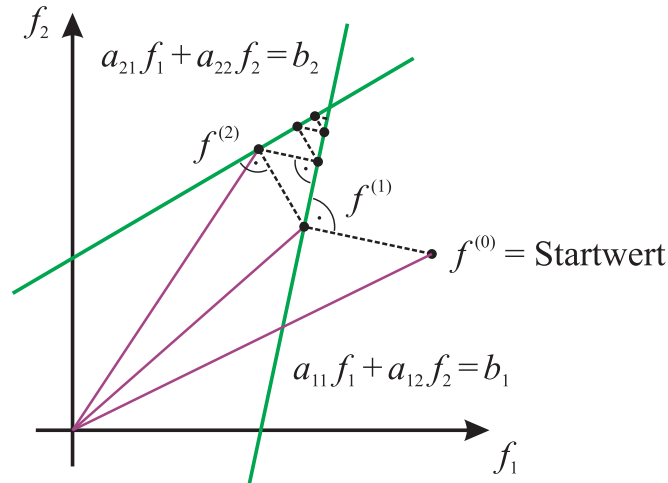


Abbildung 3.14: Graphische Veranschaulichung des ART Algorithmus für den Fall von zwei Unbekannten. Der Startwert $f^{(0)}$ wird senkrecht auf die erste bekannte Gerade $a_{11}f_1 + a_{12}f_2 = b_1$ projiziert. Das Ergebnis entspricht $f^{(1)}$ und stellt den Ausgangspunkt für die nächste Projektion auf die zweite Gerade $a_{21}f_1 + a_{22}f_2 = b_2$ dar. Dieses Schema wird wiederholt, bis ein Abbruchkriterium erfüllt ist.

vergenzgeschwindigkeit. Ein einfacher Startwert ist eine Konstante im Bereich der erwarteten Aktivität des rekonstruierten Bildes. Es kann jedoch auch ein durch eine direkte Methode rekonstruiertes Bild als Startwert verwendet werden.

Eine geometrische Interpretation des Algorithmus anhand eines Beispiels mit zwei Gleichungen und zwei Unbekannten zeigt Abbildung 3.14. Die zwei Gleichungen können als Geradengleichungen in einem kartesischen, zweidimensionalen Koordinatensystem interpretiert werden. Ausgehend von einem Startwert $f^{(0)}$ wird die senkrechte Projektion auf die Gerade berechnet, welche durch die erste Gleichung vorgegeben ist. Dieser berechnete Wert entspricht $f^{(1)}$. Er dient als Ausgangspunkt für die nächste senkrechte Projektion auf die zweite gegebene Gerade. Das Ergebnis, $f^{(2)}$, wird nun erneut senkrecht auf die erste Gerade projiziert. Die Projektionen nähern sich auf diesem Weg dem Schnittpunkt der beiden Geraden an, also dem Punkt, an dem beide Gleichungen zutreffen. Das Vorgehen wird so lange wiederholt, bis ein Abbruchkriterium erfüllt ist. Dies kann beispielsweise eine maximale Differenz zwischen zwei berechneten Ergebnissen sein.

Die zur Berechnung von Gleichung 3.49 in jeder Iteration notwendigen Schritte sind gering. Eine Iteration des Algorithmus ist damit relativ schnell. Ein Nachteil ist jedoch, dass die Annäherung an die Lösung für gewöhnlich sehr langsam erfolgt. Damit ist für

ein Bild von guter Qualität eine große Anzahl an Iterationen nötig. Um diese zu reduzieren und damit die Geschwindigkeit zu erhöhen, wird häufig ein Relaxationsparameter in die Gleichung eingefügt. Dieser ist abhängig von der Nummer der Iteration und soll mit λ_k bezeichnet werden:

$$\mathbf{f}^{(n+1)} = \mathbf{f}^{(n)} + \lambda_{n+1} \frac{b_i - \mathbf{a}_i^T \mathbf{f}^{(n)}}{\mathbf{a}_i^T \mathbf{a}_i} \mathbf{a}_i. \quad (3.51)$$

Beispiele für spezielle Anwendungen von ART werden in [48] und [49] gegeben. In der PET wird dieser Algorithmus kaum eingesetzt. Er stellt jedoch eine einfache Methode dar, um das Prinzip der iterativen Algorithmen zu verdeutlichen und einen Einstieg in die Materie zu geben. In Kapitel 3.5.2 wird nun auf die Grundlagen eines praktisch relevanten, iterativen Algorithmus eingegangen.

3.5.2 EM Algorithmus

Die bisher vorgestellten Algorithmen stellen unterschiedliche Möglichkeiten dar, die unbekannte Verteilung der radioaktiven Substanz zu bestimmen. Sie haben eine Eigenschaft gemeinsam: die zugrundeliegende Physik der Messung bleibt unberücksichtigt. Diese beinhaltet jedoch zusätzliches Vorwissen, welches in der Rekonstruktion verwendet werden kann.

Im Jahre 1982 veröffentlichten Shepp und Vardi einen Ansatz, bei dem die Physik des Messprozesses der Emissions-Tomographie durch ein Poisson Modell beschrieben wird [50]. Dieser beruht auf dem Prinzip eines *EM Algorithmus* (*expectation-maximization*, Maximierung der Erwartung). Er liefert die Grundlage für eine Vielzahl ähnlicher, abgewandelter und erweiterter Rekonstruktionsalgorithmen, welche heute in der Praxis Verwendung finden.

Sei n_j die wahre, unbekannte Anzahl an Koinzidenzen in dem Voxel j , $j = 1, 2, \dots, M$. n_j sei unabhängig und Poisson-verteilt mit dem Erwartungswert $En_j = f_j$. Es gilt $\mathbf{b} = \mathbf{A}\mathbf{f}$ aus Gleichung 3.48. Die Matrix \mathbf{A} entspricht der Systemmatrix, ihre Elemente a_{ij} werden als bekannt vorausgesetzt (Kapitel 3.5.4). $n(i, j)$ ist die Anzahl der Koinzidenzen in Voxel j , welche im Kristallpaar i detektiert wurden und es gilt $n(i, j) = n_j \cdot a_{ij}$. Der Erwartungswert berechnet sich aus $En(i, j) = E(n_j a_{ij}) = a_{ij} En_j = a_{ij} f_j$. Die Gesamtzahl der durch den Detektor erfassten Koinzidenzen in Voxel j ergibt sich aus $n(\cdot, j) = \sum_{i=1}^N n(i, j)$.

Der Erwartungswert lautet $En(\cdot, j) = f_j \sum_{i=1}^N a_{ij}$. Das Rekonstruktionsproblem entspricht nun dem Ziel, diesen Erwartungswert bei bekannter Systemmatrix a_{ij} zu schätzen. b_i kann als Stichprobenergebnis aufgefasst werden. Der Schätzwert für f_j wird derart gewählt, dass bei gegebenem \mathbf{b} die Wahrscheinlichkeit für das Eintreten des Schätzwertes maximal wird. Zur Lösung dieses Problems eignet sich die *Likelihood-Funktion*. Diese stellt die Wahrscheinlichkeit $p(\mathbf{b}|\mathbf{f})$ der Stichprobenergebnisse $\mathbf{b} = b_1, \dots, b_N$ als eine

Abbildung $L(\cdot|b) : \Theta \rightarrow [0,1]$ mit:

$$L(f|b_1, \dots, b_N) = \prod_{i=1}^N p(b_i|f) \quad (3.52)$$

dar. Θ entspricht der Menge aller für f möglichen Werte. Die Wahrscheinlichkeit ist Poisson-verteilt:

$$p_\lambda(k) = \frac{\lambda^k}{k!} \cdot e^{-\lambda}, \quad k = 0, 1, 2, \dots \quad (3.53)$$

mit dem Parameter λ der Poisson-Verteilung, welcher in einem bestimmten Beobachtungsintervall die erwartete Ereignishäufigkeit beschreibt. Damit gilt für den hier vorliegenden Anwendungsfall:

$$L(f) := L(f|b) = \prod_{i=1}^N \frac{(Af)_i^{b_i}}{b_i!} \cdot e^{-(Af)_i}. \quad (3.54)$$

Um die Likelihood-Funktion zu maximieren, wird ein *Maximum-Likelihood-Schätzwert* f^* gesucht:

$$L(f^*|b_1, \dots, b_N) = \max_{f \in \Theta} L(f|b_1, \dots, b_N). \quad (3.55)$$

Zur eigentlichen Maximierung wird die erste und zweite Ableitung der Funktion benötigt. Die Funktion selbst weist nur positive Werte auf ($L(f|b_1, \dots, b_N) > 0$). In einem solchen Fall besitzen sowohl die eigentliche Funktion als auch ihr Logarithmus das Maximum bzw. die Maxima an der gleichen Stelle. Dies kann die Berechnung vereinfachen. Es wird von *logarithmierter Likelihood-Funktion* $\ln L(\cdot|b_1, \dots, b_N)$ gesprochen. Damit gilt:

$$\ln L(f) = \ln \prod_{i=1}^N \frac{(Af)_i^{b_i}}{b_i!} \cdot e^{-(Af)_i} \quad (3.56)$$

$$= \sum_{i=1}^N \ln e^{-(Af)_i} + \ln(Af)_i^{b_i} - \ln b_i! \quad (3.57)$$

$$= \sum_{i=1}^N (b_i \ln(Af)_i - (Af)_i) - \sum_{i=1}^N \ln b_i!. \quad (3.58)$$

Die zweite Summe aus Gleichung 3.58 entspricht einer Konstanten, welche keinen Einfluss bei der Berechnung des Maximums hat.

Shepp und Vardi zeigen in ihrer Arbeit, dass die Funktion $l(f) = \ln L(f)$ konkav ist [50]. Dies führt zu einem iterativen Algorithmus, um $l(f)$ zu maximieren. Ausgehend von einem Startwert $f_j^0 > 0$ für $j = 1, \dots, M$ ergibt sich der nächste Wert $f_j^{(n+1)}$ nach:

$$f_j^{(n+1)} = \frac{f_j^{(n)}}{\sum_{i'=1}^N a_{i'j}} \sum_{i=1}^N \frac{a_{ij} b_i}{\sum_{j'=1}^M a_{ij'} f_{j'}^{(n)}}, \quad j = 1, \dots, M. \quad (3.59)$$

Diese Gleichung bzw. ihre Umsetzung wird als *ML-EM (Maximum Likelihood Expectation Maximization)* Algorithmus bezeichnet.

3 Bildrekonstruktion

Der ML-EM Algorithmus konvergiert für $n \rightarrow \infty$ gegen ein Maximum (der Wahrscheinlichkeit), welches den gemessenen Daten (im Bezug auf die Poisson-Wahrscheinlichkeit) am besten entspricht. Durch Rauschen kann es bei hohen n zu Instabilitäten durch das schlecht gestellte Problem kommen [51, 52]. Die Vorgabe $f_j^0 > 0$ für $j = 1, \dots, M$ führt dazu, dass die berechneten Bilder für alle n ebenfalls nicht-negativ sind.

In Abbildung 3.15 ist die Rekonstruktion des rauschfreien Shepp-Logan Phantoms aus Abbildung 3.13 (a) mit Hilfe des ML-EM Algorithmus bei einer steigenden Anzahl an Iterationen gezeigt. Offensichtlich sind für eine gute Qualität des Bildes mehrere Durchgänge nötig. Um die Konvergenz des Algorithmus zu beschleunigen, eignet sich die Methode der geordneten Teilmengen. Das resultierende Verfahren wird als OS-EM Algorithmus bezeichnet. Er findet heute vielfach Verwendung und soll in Kapitel 3.5.3 näher beschrieben werden.

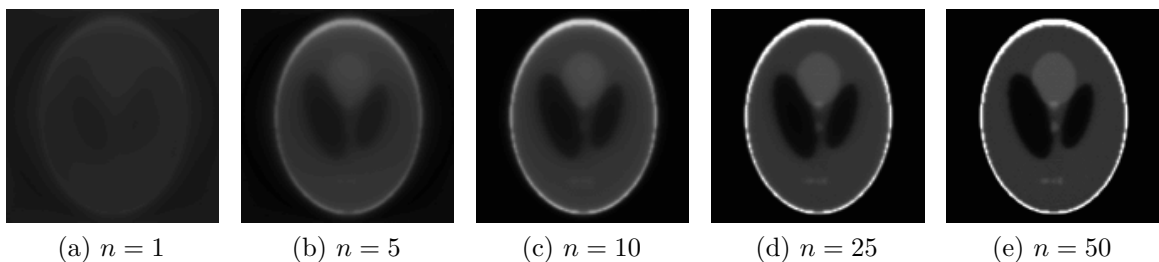


Abbildung 3.15: ML-EM Rekonstruktion des rauschfreien Shepp-Logan Phantoms aus Abbildung 3.13 (a). Die Qualität des Ergebnisses nimmt mit zunehmender Anzahl an Iterationen zu.

3.5.3 OS-EM Algorithmus

Der ML-EM Algorithmus zeigt gegenüber den direkten Methoden wie der gefilterten Rückprojektion einen großen Nachteil: seine langsame Konvergenzgeschwindigkeit führt zu einer langen Berechnungszeit für eine Rekonstruktion. Hudson und Larkin zeigten, dass die Konvergenzgeschwindigkeit des ML-EM Algorithmus stark erhöht werden kann, wenn das Sinogramm vor der Rekonstruktion in *geordnete Teilmengen* (engl. *ordered subsets*) untergliedert wird [53]. Diese Methode findet in der Praxis häufig Anwendung und wird als OS-EM (*ordered subsets-expectation maximization*) Algorithmus bezeichnet.

Sei $\{S_q\} \subseteq \{1, 2, \dots, N\}$ die q -te Teilmenge der gemessenen Daten. Es gelte $\{1, 2, \dots, N\} = \bigcup_{q=1}^{N_s} S_i$, wobei N_s die Anzahl der Teilmengen ist, und $S_i \cap S_j = \emptyset$ für $i \neq j$. Das Prinzip von Hudson und Larkin besteht nun daraus, in jeder Iteration nur eine Teilmenge für die Berechnung zu verwenden. Der iterative OS-EM Algorithmus lässt sich damit wie

folgt darstellen:

$$f_j^{(n,k)} = \frac{f_j^{(n,k-1)}}{\sum_{i' \in S_q} a_{i'j}} \sum_{i \in S_q} \frac{a_{ij} b_i}{\sum_{j'=1}^M a_{ij'} f_{j'}^{(n,k-1)}}, \quad j = 1, \dots, M; \quad q = 1, \dots, N_s. \quad (3.60)$$

Durch die Aufteilung in Teilmengen konvergiert der Algorithmus in etwa um einen Faktor schneller, der der Anzahl der Teilmengen entspricht. Das Ergebnis kann sich jedoch ab einer gewissen Anzahl wieder verschlechtern. In Abbildung 3.16 ist die Rekonstruktion des rauschfreien Shepp-Logan Phantoms aus Abbildung 3.13 (a) mit 2 Iterationen des OS-EM Algorithmus unter Verwendung einer unterschiedlichen Anzahl an Teilmengen gezeigt. Die erheblich schnellere Konvergenz bei mehreren Teilmengen wird durch den Vergleich mit den ML-EM Rekonstruktionen aus Abbildung 3.15 deutlich.

Die Auswahl der Teilmengen kann auf unterschiedliche Art und Weise erfolgen. Gute Ergebnisse werden beispielsweise erzielt, wenn die Projektionen einen maximalen Winkelabstand in jeder Teilmenge aufweisen [53].

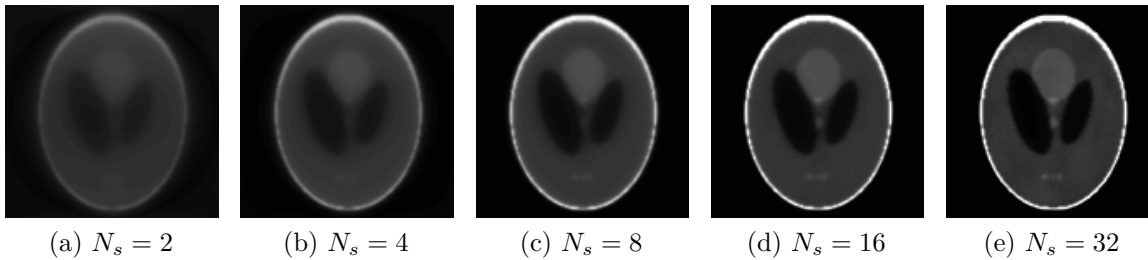


Abbildung 3.16: OS-EM Rekonstruktion des rauschfreien Shepp-Logan Phantoms aus Abbildung 3.13 (a) unter Verwendung einer unterschiedlichen Anzahl an Teilmengen. Bei allen Bildern wurden 2 Iterationen des Algorithmus durchlaufen ($n = 2$).

Ein Nachteil des OS-EM Algorithmus besteht darin, dass dieser nicht wie der ML-EM Algorithmus gegen ein Maximum konvergiert. Bei verrauschten Daten kommt es vor, dass er zwischen einer Reihe von Lösungen kreist. Es wurden jedoch bereits Erweiterungen für OS-EM vorgestellt, welche eine konvergente Form versprechen (für einen Überblick über unterschiedliche iterative Rekonstruktionsverfahren siehe [54]).

3.5.4 Systemmatrix

Für die vorgestellten iterativen Algorithmen ist es notwendig, eine sogenannte *Systemmatrix* \mathbf{A} zu definieren. Ihre Werte a_{ij} geben, wie bereits erwähnt, die Wahrscheinlichkeit an, dass ein Koinzidenzereignis in Voxel j stattfindet und durch das Kristallpaar i detektiert wird.

Jede LOR legt eine Verbindungsgerade zwischen zwei Detektorkristallen fest. Auf dem Weg von einem zum anderen Kristall schneidet die Gerade eine Reihe von Voxeln innerhalb des FOV. Eine einfache Möglichkeit der Berechnung der Systemmatrix besteht darin, die Weglänge der Verbindungsgeraden durch das entsprechende Voxel zu berechnen [49,55]. Die Werte der Systemmatrix für die Voxel, die von der jeweiligen LOR nicht geschnitten werden, sind gleich null. Die Matrix selbst ist damit nur an relativ wenigen Stellen ungleich null. Dies wird mit *dünn-* oder *schwachbesetzt* (engl. *sparse*) bezeichnet und kann beispielsweise bei der Speicherung und den Berechnungen für eine bessere Performance genutzt werden. Das Prinzip der Weglänge ist in Abbildung 3.17 (a) graphisch veranschaulicht.

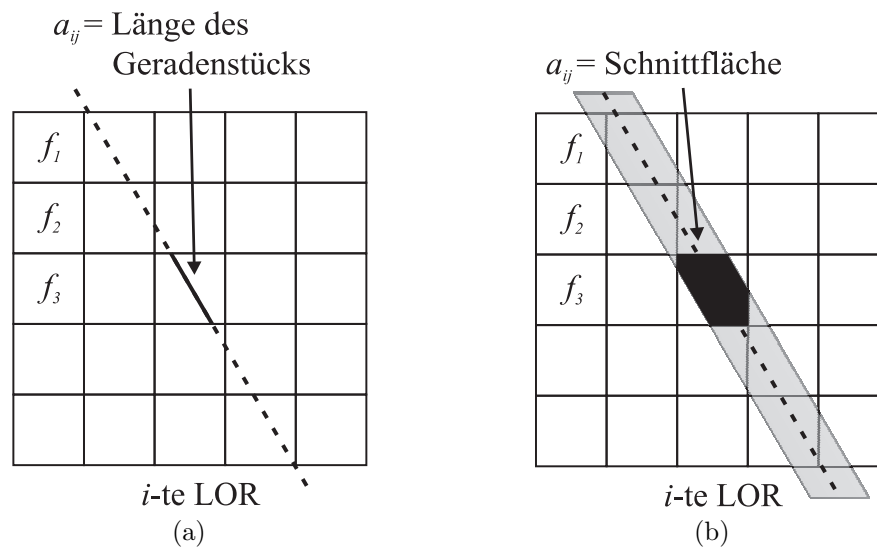


Abbildung 3.17: Beispiel zur Bestimmung der Systemmatrix. (a) Der Wert a_{ij} der Systemmatrix berechnet sich aus der Weglänge, welche die i -te LOR durch das j -te Voxel des Bildes zurücklegt. (b) Die LOR wird als Streifen mit einer bestimmten Breite angesehen. Der Wert a_{ij} der Systemmatrix entspricht in diesem Fall der Schnittfläche des Streifens der i -ten LOR mit dem j -ten Voxel des Bildes.

Eine zweite Möglichkeit besteht darin, die Verbindung zwischen zwei Kristallen nicht als Gerade, sondern als Streifen (bzw. im 3D Fall als Röhre) zu betrachten. Da die Detektorkristalle eine endliche Größe haben, liegt eine flächen- bzw. volumenhafte Verbindung näher an der Realität. Die Werte der Systemmatrix bestehen in diesem Fall aus der Schnittfläche (bzw. dem Schnittvolumen) mit dem jeweiligen Voxel (Abbildung 3.17 (b)).

Ein Vergleich der beiden Methoden zeigt, dass bei der Schnittlängen-Gewichtung Ring-Artefakte im rekonstruierten Bild auftreten können. Diese resultieren aus der Kammstruktur der parallelen LOR, wenn diese als Geraden angesehen werden. Durch die fehlende Breite der Geraden werden einzelne Voxel bevorzugt, während benachbarten kein

Wert zugewiesen wird. Durch die Darstellung einer LOR als Streifen mit einer endlichen Breite verschwinden die Kammstruktur und damit die Ring-Artefakte. Als kleiner Nachteil der Schnittflächen-Methode kann die längere Berechnungszeit angesehen werden. In vielen Fällen ist es jedoch möglich, die Systemmatrix oder Teile von ihr vorab zu berechnen und abzuspeichern. Damit verringert sich dieser Nachteil bei einer routinemäßigen Rekonstruktion.

Neben dem geometrischen, können in die Systemmatrix zusätzlich weitere Teile integriert werden. So ist es beispielsweise möglich, Korrekturen für Abschwächung, Streuung oder sonstige Effekte zu berücksichtigen. Auch die Normalisierung kann über die Systemmatrix erfolgen.

3.6 3D analytische Rekonstruktion

In Kapitel 3.1 wird die Radon-Transformation hergeleitet. Für eine Erweiterung von der vorgestellten 2D Form auf 3D ist ein Wechsel von dem 2D Polar- in das 3D Kugelkoordinatensystem notwendig. Dieses soll zentriert innerhalb des Detektors liegen (Abbildung 3.18). Damit ergibt sich nach [56]:

$$p(s, \phi, \theta) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y, z) \delta(x \sin \theta \cos \phi + y \sin \theta \sin \phi + z \cos \theta - s) dx dy dz. \quad (3.61)$$

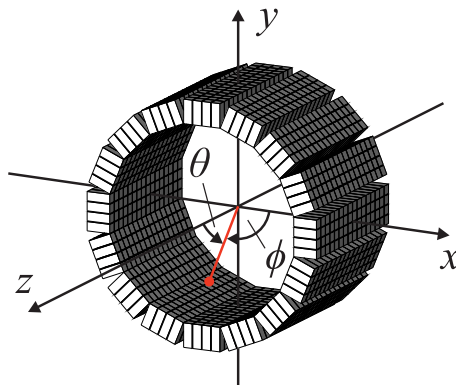


Abbildung 3.18: Graphische Darstellung des verwendeten 3D Kugelkoordinatensystems.

Das Fourier-Slice Theorem kann unter Berücksichtigung des Zusammenhangs der beiden Koordinatensysteme:

$$\begin{aligned} u &= \omega \cos \phi \sin \theta \\ v &= \omega \sin \phi \sin \theta \\ w &= \omega \cos \theta \end{aligned} \quad (3.62)$$

3 Bildrekonstruktion

ebenfalls auf 3D verallgemeinert werden. Hierfür wird die Fourier-Transformation der 3D Radon-Transformation verwendet:

$$P(\omega, \phi, \theta) = \int_{-\infty}^{\infty} p(s, \phi, \theta) e^{-2\pi i s \omega} ds \quad (3.63)$$

und es gilt:

$$F(u, v, w) = F(\omega \cos \phi \sin \theta, \omega \sin \phi \sin \theta, \omega \cos \theta) = P(\omega, \phi, \theta). \quad (3.64)$$

Der Beweis verläuft analog zu dem 2D Fall. Auf dieser Grundlage lässt sich eine Gleichung zur Inversion der Radon-Transformation in 3D herleiten.

Als Ausgangspunkt wird der Messprozess formal als Faltung zweier Funktionen beschrieben. Aus Gründen der Übersichtlichkeit und Erleichterung der Lesbarkeit soll im Folgenden der Vektor \mathbf{r} die Kugelkoordinaten (s, ϕ, θ) repräsentieren. Für ein rückprojiziertes Bild $g(\mathbf{r})$ ergibt sich damit:

$$g(\mathbf{r}) = \int \int \int f(\mathbf{r}') h(\mathbf{r} - \mathbf{r}') d^3 \mathbf{r}'. \quad (3.65)$$

Die räumlich invariante Funktion $h(\mathbf{r})$ wird als **Punktspreizfunktion** (*PSF*, engl. **point spread function**) bezeichnet. Sie gibt die Antwort des Detektors an der Stelle \mathbf{r} auf eine Punktquelle wieder, welche sich an der Stelle \mathbf{r}' befindet. Die Funktion $f(\mathbf{r})$ entspricht der unbekanntem Verteilung der radioaktiven Substanz.

Nach dem Faltungstheorem kann eine Faltung im Ortsraum durch eine Multiplikation im Frequenzraum ausgedrückt werden. Um auf die unbekanntem Verteilung $f(\mathbf{r})$ schließen zu können, wird Gleichung 3.65 in den Frequenzraum transformiert:

$$G(\mathbf{s}) = F(\mathbf{s})H(\mathbf{s}), \quad (3.66)$$

wobei \mathbf{s} die Kugelkoordinaten im Frequenzraum (ω, ϕ, θ) darstellt. $G(\mathbf{s})$, $F(\mathbf{s})$ und $H(\mathbf{s})$ entsprechen jeweils den Fourier-Transformierten der Funktionen $g(\mathbf{r})$, $f(\mathbf{r})$ und $h(\mathbf{r})$. In dieser Form ist es leicht möglich, Gleichung 3.66 nach $F(\mathbf{s})$ aufzulösen:

$$F(\mathbf{s}) = G(\mathbf{s})H^{-1}(\mathbf{s}). \quad (3.67)$$

Damit ist die unbekanntem Verteilung durch eine inverse Fourier-Transformation berechenbar, wenn $H^{-1}(\mathbf{s})$ bestimmt werden kann. Dies entspricht einer direkten Berechnung (vgl. Kapitel 3.4.1). Auch an dieser Stelle ist wieder eine andere Interpretation möglich. Die Funktion $g(\mathbf{r})$ entspricht der einfachen Rückprojektion. Diese wird (analog zur 2D FBP aus Kapitel 3.4.2) im Frequenzraum mit $H^{-1}(\mathbf{s})$ gefiltert. Nach der Filterung kann deshalb, wie im 2D Fall, eine Rückprojektion erfolgen. Sie ist leicht zu berechnen, indem zu jedem Voxel der Wert des Sinogramms addiert wird, wenn die entsprechende LOR das Voxel schneidet.

Der obige Ansatz einer 3D gefilterten Rückprojektion beruht auf dem Faltungstheorem, welches räumliche Invarianz zugrunde legt. Durch die Symmetrieeigenschaft ist die Radon-Transformation im 2D Fall vollständig beschrieben, wenn die Projektionen für ϕ von 0° bis 180° vorliegen (vgl. Gleichung 3.3). Bei einem geschlossenen Detektorring ist dies der Fall. Die Situation ändert sich jedoch, wenn die 3D Radon-Transformation betrachtet wird. Für eine vollständige Beschreibung müssen hier die Daten für beide Winkel ϕ und θ im Bereich von 0° bis 180° vorhanden sein. Dies trifft beispielsweise bei einem kugelförmigen Detektor zu. Besitzt der Detektor eine zylindrische Form mit einer endlichen Ausdehnung in z -Richtung, ist es jedoch nicht möglich, für alle Winkel θ die Projektionen für die dazu gehörenden schrägen Sinogramme zu erfassen. In axialer Richtung ist der Datensatz folglich beschränkt. Die schrägen Sinogramme werden der Anschaulichkeit halber normalerweise nicht durch einen Winkel beschrieben, sondern durch die bereits eingeführte Ringdifferenz. Für einen größer werdenden Winkel θ , also eine größer werdende Ringdifferenz, liegen immer weniger (schräge) Sinogramme vor. Dies ist in Abbildung 3.19 (a) veranschaulicht. Lediglich für den Fall $\theta = 0^\circ$ ($RD = 0$) ist der Datensatz vollständig. Damit ist die Voraussetzung der räumlichen Invarianz nicht erfüllt, wodurch Gleichung 3.67 nicht direkt umgesetzt werden kann.

Im Jahre 1989 präsentierten Kinahan und Rogers die ersten Ergebnisse für einen Algorithmus, welcher das Problem behebt [57]. Dieser gilt als Standard für die 3D analytische Rekonstruktion und wird als **3D Reprojection** (*3D RP*, „erneute Projektion“) Algorithmus bezeichnet. Er beruht auf der Tatsache, dass bei einer 3D Datenakquisition in der PET prinzipiell redundante Daten erfasst werden (vgl. Kapitel 3.3.1). Die gespeicherten direkten Sinogramme ($RD = 0$) beschreiben das gesuchte Objekt bereits vollständig und würden im rauschfreien Fall für eine Rekonstruktion ausreichen. Die schrägen Sinogramme dienen dazu, die durch Rauschen verschlechterte Zählstatistik zu verbessern.

Der 3D RP Algorithmus schätzt nun in einem ersten Schritt durch eine Rekonstruktion mit einem 2D Verfahren (beispielsweise mit der 2D gefilterten Rückprojektion der direkten Sinogramme) ein vorläufiges Bild ab. Aus diesem werden durch Vorwärts-Projektion die fehlenden Sinogramme des beschränkten, gemessenen Datensatzes berechnet und mit diesem kombiniert. Dieses Prinzip ist in Abbildung 3.19 (b) dargestellt. Der nun vollständige Datensatz kann gefiltert und rückprojiziert werden. Als Filter wird in [57] ein Colsher-Filter nach [58] verwendet, es sind jedoch auch andere Filtermethoden möglich.

Die notwendigen Schritte des 3D RP Algorithmus lassen sich wie folgt zusammenfassen:

1. Berechnung einer vorläufigen Schätzung des Objektes mit einem 2D Algorithmus unter Verwendung der gemessenen Daten (beispielsweise FBP der direkten Sinogramme).
2. Vorwärts-Projektion der ersten Rekonstruktion und Berechnung der fehlenden Projektionen des beschränkten Datensatzes.
3. Zusammenfassung der gemessenen und der berechneten schrägen Sinogramme.

3 Bildrekonstruktion

4. Fourier-Transformation der kombinierten Projektionen.
5. Filterung der Daten im Frequenzraum.
6. Inverse Fourier-Transformation der gefilterten Daten.
7. Berechnung der gesuchten Verteilung der radioaktiven Substanz durch 3D Rückprojektion der gefilterten Daten.

Der Rechenaufwand ist durch die erhöhte Anzahl an Rückprojektionen sowie die zusätzlichen Vorwärtsprojektionen um etwa eine Größenordnung höher als bei der 2D FBP. Das größere Signal-Rausch-Verhältnis kann diesen Aufwand jedoch rechtfertigen. Des Weiteren ist es bei dieser Methode möglich, alle gemessenen LOR der schrägen Sinogramme direkt in den Rekonstruktionsprozess einfließen zu lassen.

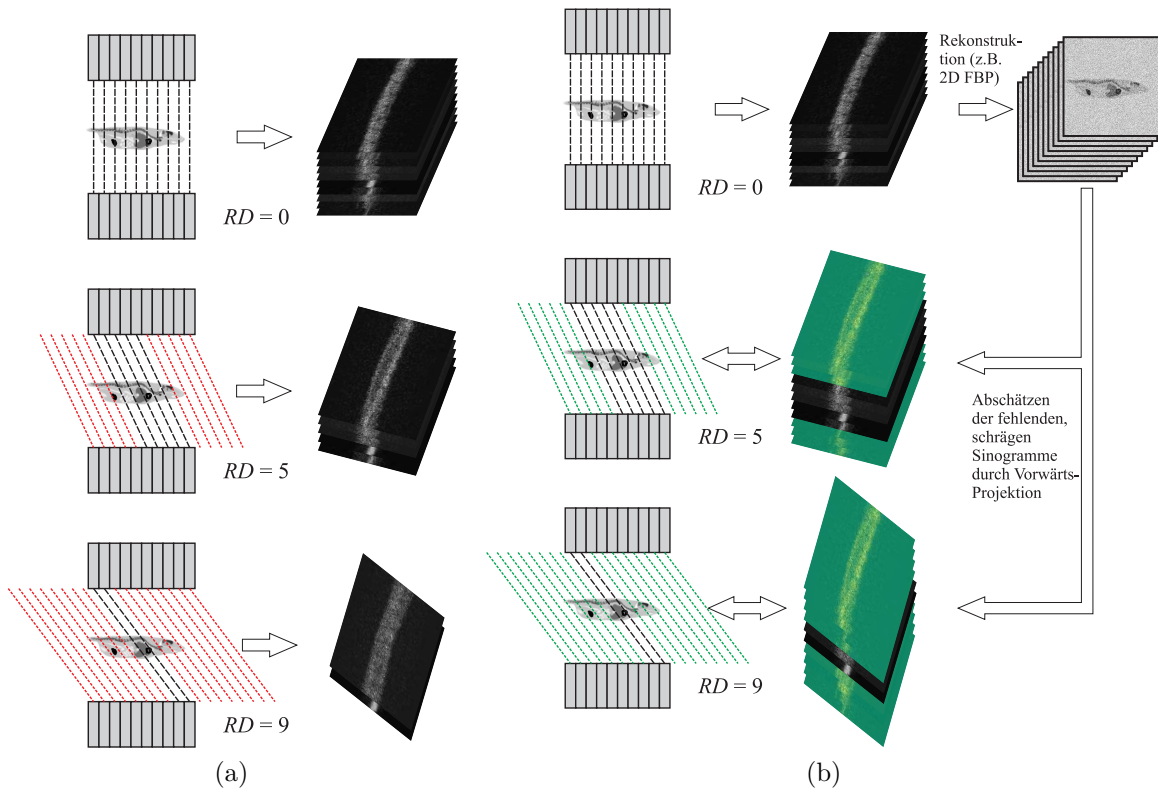


Abbildung 3.19: (a) Erfasste Sinogramme bei einer 3D Akquisition. Der Winkel $\theta = 0^\circ$ entspricht einer Ringdifferenz von $RD = 0$. In diesem Fall liegt ein vollständiger Datensatz vor. Bei einer größeren Ringdifferenz ist der Datensatz beschränkt. Es können nicht alle Sinogramme gemessen werden (rote Linien). (b) Prinzip der ersten drei Schritte des 3D RP Algorithmus. Nach einer Rekonstruktion mit einem 2D Algorithmus (beispielsweise der gefilterten Rückprojektion) werden die fehlenden Sinogramme durch Vorwärts-Projektion berechnet und mit den gemessenen zusammengefasst. Die eigentliche 3D Rekonstruktion kann nun anhand des vollständigen Datensatzes erfolgen.

3.7 Rohdaten-basierte Triggerung

Die absolute Quantifizierbarkeit der PET stellt in Kombination mit der Eigenschaft der funktionellen Bildgebung einen entscheidenden Vorteil dieses Verfahrens gegenüber anderen bildgebenden Techniken dar. Um die Quantifizierbarkeit zu gewährleisten, wurden in Kapitel 2.4.2 Korrekturmethode vorgestellt. Diese sollen die durch physikalische und technische Faktoren eingeführten Fehler beheben.

Ein CT Scan kann innerhalb weniger Sekunden durchgeführt werden. Über eine solche Zeitspanne ist es für gewöhnlich möglich, die Luft anzuhalten und damit Atembewegungen zu vermeiden. Eine Messung in der PET dauert normalerweise mehrere Minuten. Während dieses Zeitraums kommt es unweigerlich zu Bewegungen, hervorgerufen sowohl durch Atmung, als auch durch den Herzschlag. Dies führt speziell im Bereich des Thorax bzw. des Herzens zu einer Verwischung des rekonstruierten Bildes, wodurch beispielsweise schwache Anreicherungen bei einer Diagnostik übersehen werden können. Bei einer quantitativen Auswertung kann dies zusätzlich zu inakkuraten Ergebnissen führen, welche durch die obigen Korrekturmethode nicht behoben werden können [59–61].

Um die Auswirkungen von Bewegungen und den damit induzierten Fehler bei der Quantifizierung zu reduzieren, wird das sogenannte *Gating* eingesetzt. Mit Hilfe eines Triggersignals erfolgt hierbei die Einteilung einer regelmäßigen Bewegung in Phasen. Die Ereignisse, welche innerhalb der gleichen Phasen stattfinden, werden zu einem Bild kombiniert (vgl. *getriggerte Aufnahme* in Kapitel 2.4).

Für die Aufnahme des Triggersignals sowie die Definition der Phasen beim Gating stehen verschiedene Methoden zur Verfügung [62]. Die Einteilung der unterschiedlichen Phasen kann anhand der Zeit, der Amplitude des Signals oder verschiedener Kombinationen erfolgen [19]. Für die Aufnahme des Triggersignals des Herzschlags kann ein Elektrokardiogramm (EKG) eingesetzt werden. Zur Erfassung der Atmung können beispielsweise videobasierte Verfahren zum Einsatz kommen. Die jeweils zusätzliche Hardware stellt jedoch einen Nachteil beider Methoden dar. Aus diesem Grund wurden Algorithmen entwickelt, welche das benötigte Triggersignal aus den inhärent akquirierten Rohdaten der PET-Messung extrahieren [63–65]. Diese Verfahren werden hier als Rohdaten-basierte Methoden bezeichnet.

Für die im Anschluss erfolgende Bildrekonstruktion eignen sich prinzipiell alle vorgestellten Algorithmen. Es muss jedoch bedacht werden, dass beim Gating nicht ein Bild, sondern eine der Anzahl der Phasen entsprechende Reihe an Bildern rekonstruiert werden muss. Damit spielt die Berechnungszeit eine deutlich größere Rolle.

Im Folgenden sollen zwei der Rohdaten-basierten Methoden näher betrachtet werden: Die **Sensitivitäts-Methode** (engl. *sensitivity method*, SM) und die *Methode des Massenschwerpunkts* (engl. *centre of mass method*, COM). Die Funktionsfähigkeit beider Methoden wird in [63] anhand humaner Daten belegt.

Sensitivitäts-Methode Die SM wurde im Jahr 2007 von He et al. vorgestellt [66]. Sie macht sich die Ortsabhängigkeit der Sensitivität eines PET-Scanners im FOV zunutze.

Diese ist auf die endliche Ausdehnung des Detektors in axialer Richtung zurückzuführen. Schräg verlaufende Ereignisse verlassen den Detektor am Rand mit einer höheren Wahrscheinlichkeit als in dessen Zentrum. Entstehen in zwei gleichen Volumina, eines in der Mitte des Detektors und eines weiter am Rand, jeweils gleich viele Ereignisse, werden damit von denen in der Mitte mehr Koinzidenzen durch den Detektorring erfasst. Die Anzahl der Ereignisse, welche innerhalb des FOV stattfinden, bleibt in kurzen Zeitspannen praktisch konstant. Eine Bewegung führt jedoch dazu, dass sich die Regionen mit einer erhöhten Anreicherung des radioaktiven Tracers im FOV bewegen. Damit verschieben sie sich innerhalb des ortsabhängigen Sensitivitätsprofils. Dies führt zu einer Änderung der Anzahl der gemessenen Ereignisse entsprechend der Bewegung. Abbildung 3.20 (a) soll das Prinzip graphisch verdeutlichen.

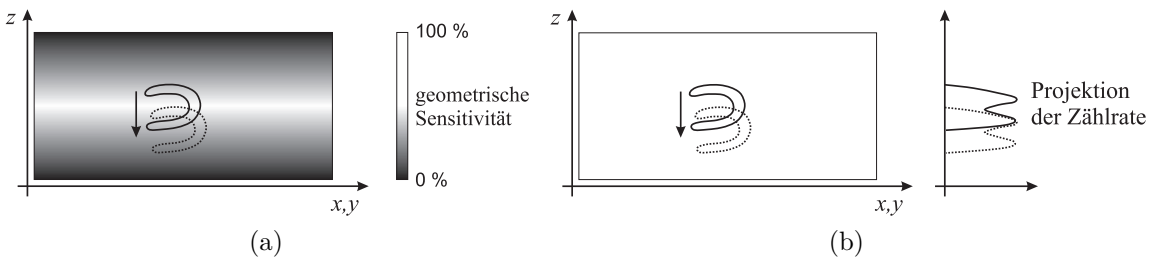


Abbildung 3.20: (a) Die SM beruht auf der Ortsabhängigkeit der Sensitivität eines PET-Scanners. Durch die endliche Ausdehnung des Detektors in axialer Richtung werden am Rande des FOV weniger der schräg verlaufenden Ereignisse erfasst, als in dessen Mitte. Eine Bewegung innerhalb des FOV führt damit zu einer Änderung der Zählrate. (b) Die COM macht sich die durch Bewegung hervorgerufene Verschiebung des Profils der Zählrate zunutze, durch welche sich die Position des Massenschwerpunkts ändert. Wird der Massenschwerpunkt über die Zeit berechnet, beinhaltet das Ergebnis Informationen über die Bewegung (Abb. nach [63]).

Die SM setzt an diesem Punkt an. Nach einer Aufnahme im List-Mode Format werden die gemessenen Ereignisse in kleine Zeitabschnitte unterteilt, wobei lediglich die wahren Koinzidenzen von Interesse sind. Für deren Berechnung erfolgt eine Korrektur der zufälligen Ereignisse (vgl. *zufällige Koinzidenzen* in Kapitel 2.4.2). Seien $P(t)$ alle detektierten Koinzidenzen und $D(t)$ die verspäteten/zufälligen. Dann ergeben sich die wahren Koinzidenzen in Abhängigkeit der Zeit nach [63]:

$$T(t) = (P(t) - D(t)) \cdot e^{\lambda t}. \quad (3.68)$$

Durch den Ausdruck $e^{\lambda t}$ erfolgt eine allgemeine Zerfallskorrektur, wobei λ der Zerfallskonstanten entspricht.

Bei einer ausreichend hohen Aktivität folgt $T(t)$ den aufgetretenen Bewegungen. Hierfür muss sichergestellt sein, dass die Zeitabschnitte klein genug gewählt werden, um das Abtasttheorem zu erfüllen. Durch statistisches Rauschen führt ein zu kleines Zeitfenster

jedoch wiederum zu einem Verlust der Bewegungsinformation. Die Länge der Zeitfenster ist damit von entscheidender Bedeutung.

Die Auswertung der Kurve erfolgt im Frequenzraum. Hier zeigen sich im Idealfall zwei Bereiche, welche die Atem- und Herzfrequenzen repräsentieren.

Der große Vorteil dieser Methode besteht darin, dass die Daten weder in Sinogramme sortiert, noch Bilder aus den Daten rekonstruiert werden müssen. Damit ist für eine 2D Rekonstruktion auch kein Rebinning der Sinogramme erforderlich. Dies macht diese Methode sehr schnell. Nachteilig ist, dass durch die kleinen Zeitabschnitte eine ausreichend hohe Aktivität appliziert werden muss, um ein verwertbares Signal zu erhalten. Ist die Aktivität zu gering, geht die Bewegungsinformation verloren.

Methode des Massenschwerpunkts Bei der COM wird der Massenschwerpunkt berechnet. Die Auswertung erfolgt anhand der Sinogramme, also nicht direkt durch die List-Mode Datei. Die gemessenen Daten werden wie zuvor in kleine Zeitabschnitte eingeteilt. Für jeden Zeitabschnitt wird ein 3D Datensatz aus Sinogrammen erstellt, welcher durch Rebinning in einen Schichtstapel aus 2D Sinogrammen umgerechnet wird. Die Anzahl der wahren Koinzidenzen in einem Sinogramm wird nun sowohl als Funktion der Zeit, als auch der Nummer der Schicht ($i = 1, \dots, n_s$) bestimmt. Damit ergibt sich der Massenschwerpunkt nach [63]:

$$COM(t) = \frac{\sum_i i \cdot T(i,t)}{\sum_i T(i,t)}. \quad (3.69)$$

Praktisch jede Bewegung weist eine Komponente in axialer Richtung auf. Durch diese verschiebt sich der Massenschwerpunkt. Die Funktion $COM(t)$ folgt damit der Bewegung, wobei auch an dieser Stelle das Abtasttheorem für die Zeitabschnitte eingehalten werden muss. Das Prinzip der COM ist in Abbildung 3.20 (b) graphisch veranschaulicht. In Abbildung 3.21 (a) ist ein Beispiel für ein Signal der $COM(t)$ gegeben (dargestellt ist aus Gründen der Anschaulichkeit lediglich ein kleiner Ausschnitt des kompletten Zeitsignals). Durch das hohe Rauschen ist es im Zeitbereich schwer, hieraus ein Triggersignal zu gewinnen. Nach einer Transformation in den Frequenzraum ist es möglich, Signalanteile zu identifizieren, welche dem Herzschlag zugeordnet werden können (vergleiche den Peak des Signals bei höheren Frequenzen in Abbildung 3.21 (b)). Jedoch ist auch im Frequenzraum ein hoher Rauschanteil vorhanden.

In der Praxis deckt ein PET-Detektor praktisch nie den kompletten Patienten ab. Durch eine Bewegung können daher Teile des Patienten das FOV verlassen, wohingegen sich andere Teile in diesen Bereich hineinbewegen. Es ist leicht vorstellbar, dass dies zu einer Verschlechterung des Signals führen kann. Des Weiteren enthalten, beispielsweise im Bezug auf den Herzschlag, lediglich solche Voxel einen Anteil zum Triggersignal, welche sich im Bereich des Herzens befinden. Der Beitrag der anderen Voxel entspricht (im Bezug auf den Herzschlag) lediglich einem Rauschen, welches das Signal verschlechtert. Aus diesem

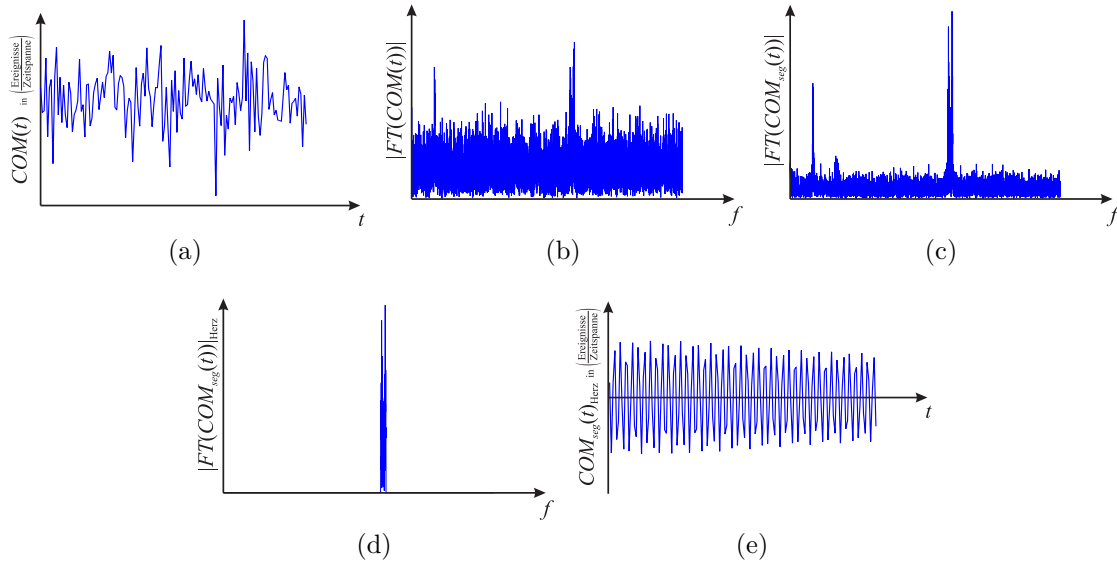


Abbildung 3.21: (a) Beispiel für ein Signal zur Triggerung mit der COM. (b) Betrag des Spektrums des Triggersignals mit der COM. (c) Betrag des Spektrums des Triggersignals mit der COM_{seg} , wobei der Herzmuskel maskiert wurde. Der Peak bei den hohen Frequenzen spiegelt das Signal des Herzschlags wider. Die niederfrequenten Anteile können beispielsweise von einer Bewegung des Herzmuskels durch die Atmung stammen. (d) Anwendung eines Bandpasses auf das Spektrum der COM_{seg} . Alle Anteile außerhalb des Signals des Herzens werden gleich null gesetzt. (e) Die inverse Fourier-Transformation des gefilterten Spektrums liefert ein Signal, welches für eine Triggerung verwendet werden kann.

Grund wird in [67] vorgeschlagen, dass vor der Berechnung des Massenschwerpunktes eine Segmentierung vorgenommen wird. Der segmentierte Bereich soll hierbei lediglich solche Strukturen umfassen, welche eine Information zu dem gewünschten Triggersignal enthalten. Am Beispiel des Herzschlags wird hierfür entsprechend der Herzmuskel segmentiert. Dies könnte jedoch auch ein Tumor sein, welcher sich durch die Atmung des Patienten bewegt.

Für die Segmentierung wird ein vollständiges Bild, ohne den Einsatz von Gating rekonstruiert. Hierfür eignet sich eine schnelle, direkte Rekonstruktionsmethode, da die Bildqualität nicht von primärer Bedeutung ist. In dem vollständigen Datensatz erfolgt eine Maskierung des entsprechenden Bereichs, z. B. des Herzens. Diese Maske wird durch eine Radon-Transformation zurück in den Sinogrammbereich transformiert und auf die Sinogramme aller Zeitabschnitte angewandt. Das Prinzip dieser *segmentierten Methode des Massenschwerpunkts* (engl. *segmented centre of mass method*, COM_{seg}) ist in Abbildung 3.22 graphisch veranschaulicht.

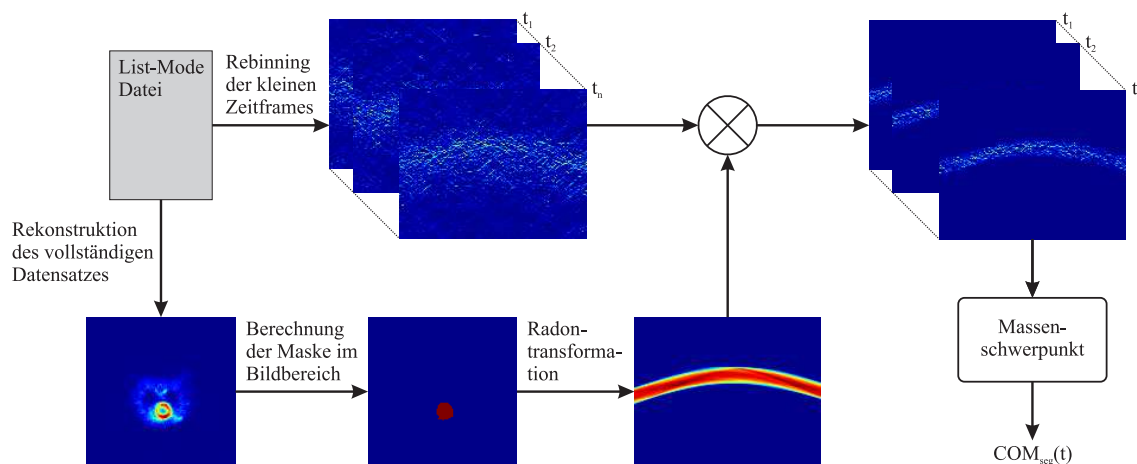


Abbildung 3.22: Graphische Veranschaulichung der COM_{seg} . Neben dem Rebinning der kleinen Zeitframes wird zusätzlich der vollständige Datensatz rekonstruiert. In dem resultierenden Bild erfolgt eine Segmentierung des interessanten Bereichs (z. B. des Herzens). Die Maske wird in den Sinogrammbereich transformiert und auf die Sinogramme der kleinen Zeitframes angewandt. Von diesen segmentierten Sinogrammen wird der Massenschwerpunkt berechnet. Das Ergebnis entspricht dem Signal für die Triggerung $COM_{seg}(t)$.

Sei $M(s, \phi, i)$ die Maske im Sinogrammbereich, dann lässt sich die COM_{seg} mathematisch durch folgende Gleichung darstellen [67]:

$$COM_{seg}(t) = \frac{\sum_i i \cdot T(s, \phi, i, t) \cdot M(s, \phi, i)}{\sum_i T(s, \phi, i, t) \cdot M(s, \phi, i)}. \quad (3.70)$$

Zum Vergleich ist in Abbildung 3.21 (c) von dem gleichen Datensatz, aus dem das Signal der COM aus Abbildung 3.21 (a) gewonnen wurde, das Spektrum der $COM_{seg}(t)$ mit Segmentierung des Herzmuskels gezeigt. Das schmale Frequenzband bei den hohen Frequenzen entspricht dem gesuchten Signal des Herzens. Es ist nun leicht und eindeutig gegenüber dem Rauschen abzugrenzen. Der Peak bei den niedrigen Frequenzen wurde nicht durch den Herzschlag verursacht. Hier kann es sich beispielsweise um eine Bewegung des Herzens infolge der Atmung handeln. Das Beispiel verdeutlicht anschaulich den Vorteil der Segmentierung durch das erheblich verringerte Rauschen.

Im weiteren Vorgehen kann ein Filter angewandt werden, um die unerwünschten Anteile des Spektrums zu unterdrücken. Hierfür eignet sich beispielsweise ein einfacher Bandpass, der alle Teile außerhalb des gesuchten Frequenzbandes gleich null setzt (Abbildung 3.21 (d)). Nach einer Rücktransformation in den Zeitbereich liegt ein Signal vor, welches für eine Triggerung verwendet werden kann (Abbildung 3.21 (e)).

3.8 Bilaterale Filterung

Nachdem ein Datensatz rekonstruiert wurde, kann unabhängig von der Rekonstruktionsmethode eine Filterung erfolgen. Hiermit ist es möglich, die Qualität der Bilder weiter zu verbessern. Wie bei den Rekonstruktionsmethoden existieren auch bei den Filtern verschiedene, sowohl direkte als auch iterative Verfahren mit unterschiedlichen Vor- und Nachteilen.

Die Methode der *bilateralen Filterung* wurde im Jahre 1998 von Tomasi und Manduchi publiziert [68]. Sie ist in der Lage, Bilder unter Erhaltung von Kanten zu glätten. Die Berechnung erfolgt direkt, d. h. nicht-iterativ. Es wird eine Kombination aus „Distanz- und Bildbereichsfilterung“ verwendet. Der erste Teil ist abhängig von der Entfernung der Pixel, der zweite von dem Unterschied ihrer Werte. Die mathematische Beschreibung der bilateralen Filterung ist durch folgende Gleichung gegeben:

$$h(\mathbf{x}) = \frac{1}{k(\mathbf{x})} \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(\boldsymbol{\xi}) c(\boldsymbol{\xi}, \mathbf{x}) s(f(\boldsymbol{\xi}), f(\mathbf{x})) d\boldsymbol{\xi}, \quad (3.71)$$

mit der Normalisierungsfunktion

$$k(\mathbf{x}) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} c(\boldsymbol{\xi}, \mathbf{x}) s(f(\boldsymbol{\xi}), f(\mathbf{x})) d\boldsymbol{\xi}. \quad (3.72)$$

$c(\boldsymbol{\xi}, \mathbf{x})$ stellt eine Funktion der geometrischen Nähe der Pixel dar und ist Teil des Distanzfilters. Die Ähnlichkeitsfunktion $s(f(\boldsymbol{\xi}), f(\mathbf{x}))$ beschreibt wie gleichartig die Werte der Pixel sind und ist Teil der Bildbereichsfilterung.

Die Ausgabe des Filters wird mit $h(\mathbf{x})$ bezeichnet, die Eingabe mit $f(\mathbf{x})$. Der Filter wird auf eine definierte Umgebung eines Pixels angewandt, dessen Zentrum durch \mathbf{x} definiert ist. Ein benachbarter Punkt wird mit $\boldsymbol{\xi}$ bezeichnet. Eine ausführlichere Beschreibung kann in [68] nachvollzogen werden. Im Folgenden soll das Beispiel der Gaußschen Filterung aus [68] näher beschrieben werden. Die Funktion der geometrischen Nähe ergibt sich damit zu:

$$c(\boldsymbol{\xi}, \mathbf{x}) = \exp \left(-\frac{1}{2} \left(\frac{d(\boldsymbol{\xi}, \mathbf{x})}{\sigma_d} \right)^2 \right), \quad (3.73)$$

wobei

$$d(\boldsymbol{\xi}, \mathbf{x}) = \|\boldsymbol{\xi} - \mathbf{x}\| \quad (3.74)$$

dem euklidischen Abstand der Pixel $\boldsymbol{\xi}$ und \mathbf{x} entspricht. Die Ähnlichkeitsfunktion wird wie folgt beschrieben:

$$s(\boldsymbol{\xi}, \mathbf{x}) = \exp \left(-\frac{1}{2} \left(\frac{\psi(f(\boldsymbol{\xi}), f(\mathbf{x}))}{\sigma_r} \right)^2 \right), \quad (3.75)$$

wobei

$$\psi(f(\boldsymbol{\xi}), f(\mathbf{x})) = \|f(\boldsymbol{\xi}) - f(\mathbf{x})\| \quad (3.76)$$

3 Bildrekonstruktion

als Betrag der Differenz der Intensitätswerte $f(\boldsymbol{\xi})$ und $f(\boldsymbol{x})$ gewählt wird. Der geometrische Streubereich σ_d legt das Maß an Tiefpassfilterung fest. Die Stärke des Einflusses, welchen die Pixel entsprechend ihrer Werte haben, wird durch σ_r bestimmt.

4 Compressed Sensing

4.1 Einführung

Compressed Sensing ist eine mathematische Methode aus der Informationstheorie, die vor etwa zehn Jahren von Candès und Donoho eingeführt und etwas später veröffentlicht wurde [69–71]. Diese stellt eine Möglichkeit zur Verfügung, mit der unter bestimmten Voraussetzungen ein unterabgetasteter Datensatz mit sehr hoher Wahrscheinlichkeit praktisch exakt rekonstruiert werden kann. Seit der Zeit der Veröffentlichung wurde eine Vielzahl an Arbeiten über die Theorie sowie die Anwendung von CS in unterschiedlichen Bereichen verfasst. In diesem und den folgenden Kapiteln wird ein kurzer Abriss über die wichtigsten Prinzipien und Eigenschaften der Theorie des Compressed Sensing vorgestellt. Dieser befasst sich hauptsächlich mit den notwendigen Voraussetzungen sowie zwei Beispielen für Rekonstruktionsalgorithmen.

Ein elementares Theorem der Signalverarbeitung und Informationstheorie ist das sogenannte *Nyquist-Shannon-Abtasttheorem*. Es besagt, dass ein bandbegrenzt Signal (maximale Frequenz f_{max}) mit mindestens der doppelten maximal auftretenden Frequenz f_{abtast} abgetastet werden muss, um eine exakte Rekonstruktion zu ermöglichen:

$$f_{abtast} \geq 2 \cdot f_{max}. \quad (4.1)$$

Im Hinblick auf die Bildrekonstruktion bedeutet dies, dass bei einer gegebenen Auflösung eine definierte, minimale Datenmenge gemessen werden muss, um das ursprüngliche Bild wiederherstellen zu können. Stehen weniger Daten für eine Rekonstruktion zur Verfügung, sind Artefakte, sogenanntes *Aliasing*, die Folge.

Bei der Speicherung digitaler Bilder wird der Datensatz häufig komprimiert, um Speicherplatz zu sparen. Hierbei finden unterschiedliche Transformationen Verwendung. Ein bekanntes Beispiel ist die sogenannte Wavelet-Transformation, welche unter anderem bei der Bildkompressionstechnik JPEG-2000 genutzt wird. Nach einer geeigneten Transformation ist es oft möglich, einen Großteil der transformierten Daten zu vernachlässigen, ohne die Qualität des Bildes sichtbar zu beeinflussen. Für gewöhnlich wurde vor der Kompression der vollständige Datensatz aufgenommen. An diesem Punkt setzt Compressed Sensing an: Wenn ein vollständiger Datensatz aufgenommen wird, zur Darstellung jedoch ein reduzierter Datensatz genügt, sollte es möglich sein, lediglich den reduzierten Datensatz zu erfassen.

Bei beliebigen unbekanntem Signalen widerspricht dies dem Abtasttheorem und ist folglich vom Prinzip her nicht möglich. In vielen Fällen sind allerdings bereits vorweg bestimmte Eigenschaften des Signals bekannt. Dieses sogenannte Vorwissen kann nun ver-

wendet werden, um das Abtasttheorem „aufzuweichen“ bzw. in gewisser Weise zu umgehen. Dies stellt indes keinen Bruch des Abtasttheorems dar oder steht diesem entgegen, da das Vorwissen eine neue Ausgangssituation schafft.

Ein Beispiel soll dies verdeutlichen. Allgemein sind zur Lösung eines linearen Gleichungssystems mit N Unbekannten auch N voneinander unabhängige Gleichungen nötig. Es sei nun als zusätzliche Information (Vorwissen) bekannt, dass lediglich m Unbekannte einen Wert ungleich 0 haben (ohne zu wissen, welche Unbekannten dies sind und welchen Wert sie haben!). Besonders für den Fall $m \ll N$ ist es leicht vorstellbar, dass auch deutlich weniger Gleichungen zur Lösung des Gleichungssystems ausreichen können. Das in diesem Beispiel verwendete Vorwissen entspricht der Eigenschaft des Signals, dass dieses „dünnbesetzt“ (engl. *sparse*) ist, also nur wenige, von null verschiedene Werte aufweist. Dies ist eine Grundvoraussetzung für Compressed Sensing. Entscheidend an dieser Stelle ist, dass das Signal in seinem Grundzustand nicht dünnbesetzt sein muss. Es genügt, wenn durch eine Transformation dieses Kriterium erfüllt werden kann. Dies wird mit dem Begriff komprimierbares Signal beschrieben. Es genügt folglich, wenn eine Basis existiert, in welcher das Signal dünnbesetzt dargestellt werden kann. Neben dieser Voraussetzung ist das Abtastschema (auch Abtastmuster) von entscheidender Bedeutung. Auf beide Punkte wird im nächsten Kapitel näher eingegangen.

4.2 Voraussetzungen für Compressed Sensing

4.2.1 Dünnbesetzte oder komprimierbare Signale

Eine Grundvoraussetzung für CS ist, dass das Signal in einer dünnbesetzten Form darstellbar ist. Abbildung 4.1 zeigt ein Beispiel eines 1D dünnbesetzten Signals, bei dem nur 6 der 100 Werte einen von Null verschiedenen Wert aufweisen.

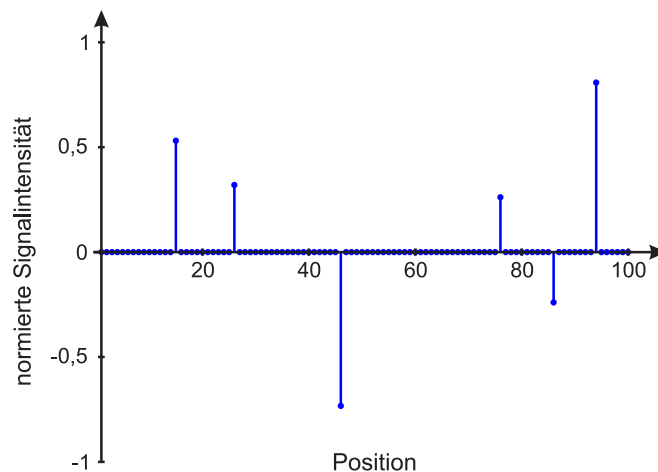


Abbildung 4.1: Beispiel eines normierten, dünnbesetzten 1D Signals. Lediglich $m = 6$ der $N = 100$ Werte sind ungleich Null.

Bei dem Shepp-Logan Phantom aus Abbildung 4.2(a) ist hingegen im Ortsraum etwa jeder zweite Wert ungleich Null. CS könnte hier nicht ohne weiteres angewandt werden. Allerdings besitzt das Shepp-Logan Phantom eine komprimierbare Form. Nach einer diskreten Gradienten-Transformation verbleiben von dem Phantom lediglich seine Kanten. Es existiert folglich eine Basis, welche eine dünnbesetzte Repräsentation des Signals liefert. Dies ermöglicht eine Anwendung von CS.

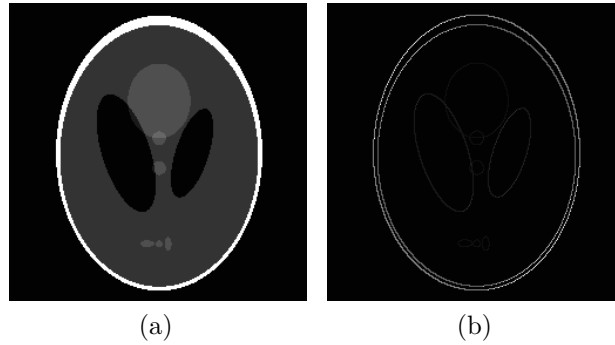


Abbildung 4.2: (a) Shepp-Logan Phantom. In dieser Form ist das Bild nicht dünnbesetzt. (b) Diskrete Gradienten-Transformation des Shepp-Logan Phantoms. Die glatten Bereiche des Bildes verschwinden und es bleiben lediglich die Kanten des Objektes zurück. Dies führt zu einer dünnbesetzten Darstellung.

Die Anzahl der von Null verschiedenen Werte eines Signals \mathbf{x} kann formal durch die l_p -Norm mit $p = 0$ ermittelt werden. Die l_p -Norm ist folgendermaßen definiert:

$$\|\mathbf{x}\|_p = \left(\sum_i |x_i|^p \right)^{\frac{1}{p}}, \quad (4.2)$$

mit $x_i \in \mathbb{C}$ und $p \in \mathbb{R}^+$. Für $p = 0$ gilt:

$$\|\mathbf{x}\|_0 = \sum_{i=1}^N |x_i|^0 = m, \quad (4.3)$$

wobei die Definition $0^0 := 1$ vorausgesetzt wird. Damit erhöht jedes Element ungleich Null die Summe um eins, wodurch m der Anzahl dieser Elemente entspricht.

An dieser Stelle treten bereits die ersten Schwierigkeiten auf. Es gibt keine eindeutige Definition, wann ein Signal als dünnbesetzt gilt. Im Bezug auf eine Anwendung von CS lässt sich jedoch die für eine Rekonstruktion minimal benötigte Datenmenge abschätzen. Sei μ die Kohärenz zwischen der Basis der Messung und der für die dünnbesetzte Repräsentation. Ihr Wert ist ein Maß dafür, ob die Messung bei dieser Basis in einer dünnbesetzten Form darstellbar ist. Eine Rekonstruktion mittels CS ist mit einer Wahrscheinlichkeit sehr nahe an eins möglich, wenn die Anzahl der Messungen n_{mess} folgender

Ungleichung genügt:

$$n_{mess} \gtrsim C \cdot \mu^2 \cdot m \cdot \log N. \quad (4.4)$$

C ist eine positive Konstante [72,73]. Für Inkohärenz oder eine Kohärenz nahe eins kann folglich eine Anzahl von Messungen in der Größenordnung von $m \cdot \log N$ anstelle von N genügen, um das Signal rekonstruieren zu können.

Eine zweite Schwierigkeit besteht nun darin, dass der Ausdruck „dünnbesetzt“ prinzipiell nur auf idealisierte Modellsignale anwendbar ist. In der Realität ist jede Messung mit Rauschen behaftet. Selbst wenn das gesuchte Signal theoretisch dünnbesetzt wäre, ist zu erwarten, dass durch das überlagerte Rauschen einer realen Messung kein einziger Wert tatsächlich gleich Null ist. Es konnte jedoch gezeigt werden, dass CS unter den besagten Voraussetzungen auch eine robuste Rekonstruktion unterabgetasteter verrauschter Daten ermöglicht [72].

4.2.2 Abtastschemata

In Gleichung 4.4 ist bereits das entscheidende Kriterium für das Abtastschema aufgezeigt: das Maß der Kohärenz der Basis der Messung bzw. Abtastung und der für die dünnbesetzte Repräsentation. Als Beispiel soll eine Datenakquisition im Frequenzbereich dienen. Das Bild wird im Anschluss mittels inverser Fourier-Transformation in den Ortsraum überführt. Bei einem kohärenten Abtastschema entstehen Einfaltungen in das Bild. Abbildung 4.3 (b) zeigt ein solches gleichmäßiges Abtastschema. Die weißen Punkte entsprechen den gemessenen Daten, die schwarzen Punkte wurden hingegen nicht erfasst. Das resultierende Bild nach der inversen Fourier-Transformation ist in Abbildung 4.3 (c) zu sehen. Die Alias-Objekte können nicht von dem originalen Signal unterschieden werden. Damit ist es für CS nicht möglich, diese Artefakte zu entfernen und eine akkurate Rekonstruktion zu gewährleisten.

Bei einer inkohärenten Abtastung verteilen sich die Artefakte ähnlich wie Rauschen über das Bild. Durch die Eigenschaft der Fourier-Transformation steckt in den bekannten Daten die Information über den gesamten Ortsraum. Diese kann von CS „dekodiert“ werden. Ein Beispiel für die inverse Fourier-Transformation einer inkohärenten Abtastung eines Shepp-Logan Phantoms zeigt Abbildung 4.3 (a) (verwendet wurde das Abtastschema aus Abbildung 4.4 (b), auf welches später näher eingegangen wird). Das Maß der Unterabtastung ist in den Abbildungen 4.3 (a) und (c) gleich. Die Schemata unterscheiden sich lediglich in ihrer Verteilung.

Es gibt unterschiedliche Prinzipien, bei denen von einer inkohärenten Abtastung ausgegangen werden kann. In [74,75] werden beispielsweise eine radiale und eine zufällige Abtastung mit dicht gefülltem Zentrum des Frequenzraums als geeignete Kandidaten vorgestellt. Das Maß der Unterabtastung soll im Folgenden durch den **Unterabtastfaktor** UF definiert werden. Dieser gibt das Verhältnis der Anzahl aller Abtastpunkt zu der Anzahl der gemessenen wieder. Für $UF = 2$ wurde folglich nur die Hälfte der Daten erfasst. In den Abbildungen 4.4 (a)–(c) sind Beispiele für eine Unterabtastung mit radia-

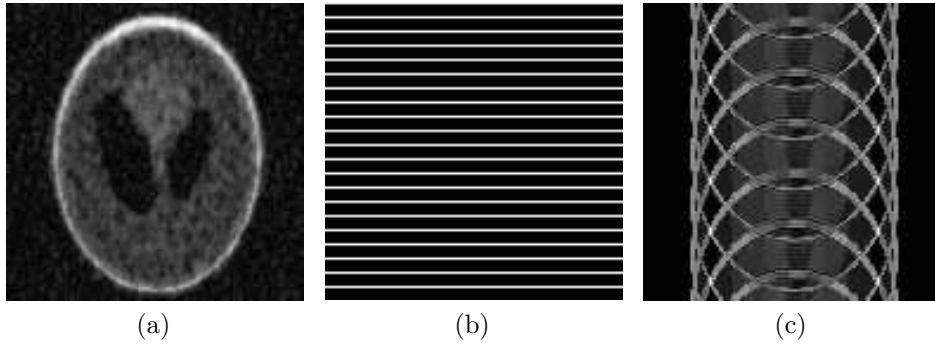


Abbildung 4.3: (a) Das Shepp-Logan Phantom wurde im Frequenzraum mit einem inkohärenten Abtastschema unterabtastet. Das Unterabtastschema entspricht dem aus Abbildung 4.4(b). Nach der inversen Fourier-Transformation sind inkohärente Artefakte über das Bild verteilt. (b) Gleichmäßiges (kohärentes) Abtastschema. (c) Nach einer inversen Fourier-Transformation entstehen durch das gleichmäßige Abtastschema aus (b) Einfaltungsartefakte (Alias-Objekte).

ler Trajektorie und unterschiedlichen UF dargestellt. Die Abbildungen 4.4 (d)–(f) zeigen Beispiele für eine zufällige Abtastung mit dicht gefülltem Zentrum des Frequenzraums. Sind sowohl ein dünnbesetztes Signal als auch ein entsprechendes Unterabtastschema gegeben, ist für eine CS Rekonstruktion noch ein akkurater Rekonstruktionsalgorithmus vonnöten. Das folgende Kapitel zeigt hierfür zwei unterschiedliche Ansätze.

4.3 Compressed Sensing Rekonstruktionsalgorithmen

Die Ausgangssituation wird durch die Verknüpfung eines Signals \mathbf{x} mit den bekannten oder gemessenen Daten \mathbf{y} beschrieben. Diese Verknüpfung kann beispielsweise eine den Messprozess repräsentierende Transformation darstellen (z. B. Fourier-Transformation) und soll durch die folgende Gleichung ausgedrückt werden:

$$\mathcal{F}\mathbf{x} = \mathbf{y}. \quad (4.5)$$

Eine Unterabtastung sei durch \mathcal{F}_u gekennzeichnet. Des Weiteren wird davon ausgegangen, dass \mathbf{x} bereits im Ortsraum eine dünnbesetzte Form hat. Daher ist an dieser Stelle keine weitere Transformation für eine dünnbesetzte Darstellung notwendig. Das durch CS zu lösende, unterbestimmte Gleichungssystem besitzt die folgende Gestalt:

$$\mathcal{F}_u\mathbf{x} = \mathbf{y}, \quad (4.6)$$

wobei von \mathbf{y} lediglich m der N Elemente bekannt sind.

Ein unterbestimmtes Gleichungssystem kann eine Vielzahl oder sogar unendlich viele Lösungen haben. Diese werden in dem Unterraum U der möglichen Lösungen zusammengefasst. Ein klassischer Ansatz zur Lösung solcher inverser Probleme besteht darin, die

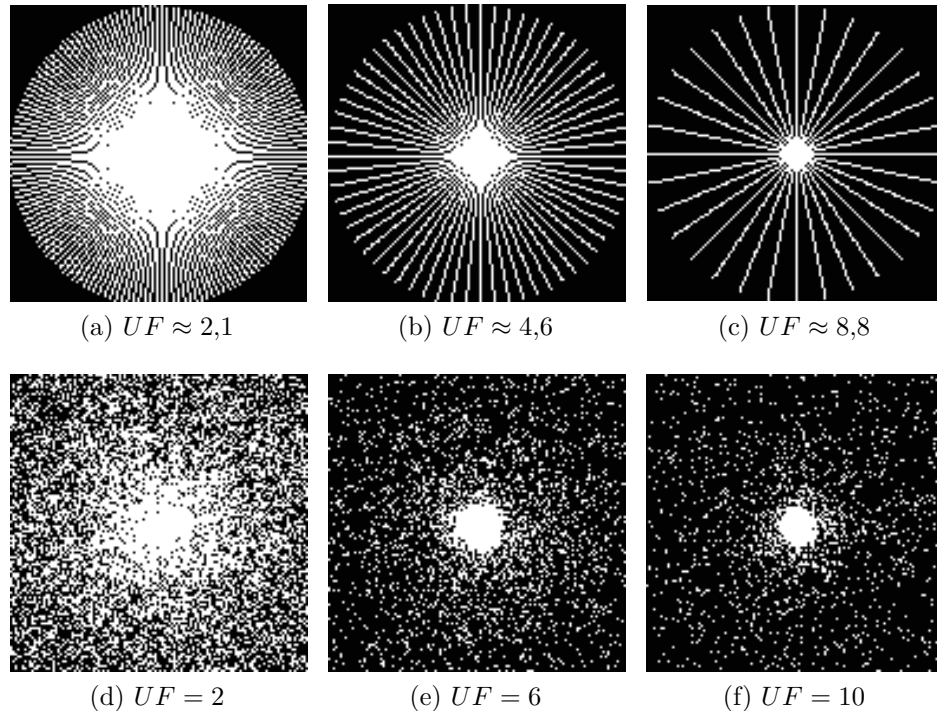


Abbildung 4.4: Beispiele für unterschiedliche Abtastschemata mit verschiedenen starker Unterabtastung. (a)-(c) Radiale Unterabtastung. (d)-(f) Zufällige Unterabtastung mit einem dicht gefüllten Zentrum und verstärkter Unterabtastung mit zunehmendem Abstand vom Ursprung.

Lösung aus U mit der minimalen Energie zu ermitteln. Dies kann über die Minimierung der l_2 -Norm erfolgen, wobei die bekannte Information, also Gleichung 4.6, berücksichtigt werden muss:

$$\min_{\mathbf{x}} \|\mathbf{x}\|_2 \quad s. t.^1 \quad \mathcal{F}_u \mathbf{x} = \mathbf{y}. \quad (4.7)$$

Die Nebenbedingung der Minimierung stellt die Konsistenz mit den gemessenen Daten sicher. Ohne diese Nebenbedingung würde ein Algorithmus gegen die triviale Lösung $\mathbf{x} = \mathbf{0}$ konvergieren. In Abbildung 4.5 (a) ist für einen Vektor mit drei Dimensionen der Unterraum U aller möglichen Lösungen von Gleichung 4.6 als Hyperebene sowie der Einheitsball als Lösung der Minimierung der l_2 -Norm graphisch veranschaulicht. Die dünnbesetzte Form des Vektors \mathbf{x} führt dazu, dass die Lösung mit hoher Wahrscheinlichkeit auf einer der Achsen liegt. Diese dünnbesetzte Lösung, in der Grafik mit \mathbf{x}_{sparse} bezeichnet, wird jedoch von der l_2 -Norm nicht gefunden. Der Schnittpunkt aus dem Einheitsball und U liegt nicht auf einer der Achsen. Diese Überlegung ist von den dargestellten drei auf höhere Dimensionen übertragbar.

Um den Vektor \mathbf{x} zu finden, welcher die am dünnsten besetzte Lösung liefert, könnte die l_0 -Norm unter der oben angegebenen Bedingung verwendet werden (Gleichung 4.3). Ihre

¹*s. t.* steht für das englische *subject to* und bedeutet soviel wie *unter der (Neben-)Bedingung*.

Berechnung stellt sich jedoch als numerisch instabil und die entsprechenden Algorithmen als laufzeitintensiv heraus. Die l_1 -Norm entspricht einem Kompromiss. Diese kann, wie in Abbildung 4.5 (b) veranschaulicht, dünnbesetzte Lösungen liefern und ihre Minimierung mit akzeptabler Berechnungskomplexität bestimmt werden.

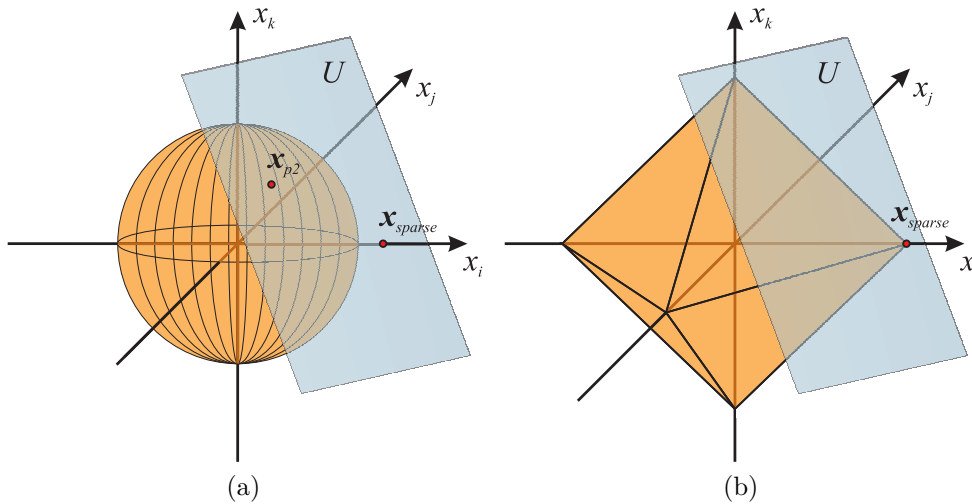


Abbildung 4.5: Graphische Veranschaulichung der Minimierung der (a) l_2 -Norm aus Gleichung 4.7 und (b) der l_1 -Norm aus Gleichung 4.8 für drei Dimensionen (orangene Strukturen). Der Unterraum U aller möglichen Lösungen der Nebenbedingung aus Gleichung 4.6 ist als blaue Hyperebene dargestellt. Der Schnittpunkt des Einheitsballs mit dem Unterraum U stellt die jeweilige Lösung der Minimierung unter der gegebenen Nebenbedingung dar. Der Einheitsball der l_1 -Norm begünstigt hierbei die dünnbesetzte Lösung \mathbf{x}_{sparse} , während diese durch die l_2 -Norm nicht gefunden wird (Abb. nach [76]).

Die Aufgabe von CS besteht folglich darin, das folgende Optimierungsproblem zu lösen:

$$\min_{\mathbf{x}} \|\mathbf{x}\|_1 \quad s. t. \quad \mathcal{F}_u \mathbf{x} = \mathbf{y}. \quad (4.8)$$

In den letzten Jahren wurde eine Vielzahl an Algorithmen entwickelt, um solche Optimierungsprobleme zu lösen. In den folgenden zwei Abschnitten sollen kurz zwei einfache und intuitive Methoden beschrieben werden.

4.3.1 CS Rekonstruktionsalgorithmus mit strikter Datenkonsistenz

Der in diesem Kapitel beschriebene Algorithmus wurde in [77] vorgestellt. Die Implementierung folgt den Ausführungen aus [74, 78].

Nach Gleichung 4.8 soll eine Minimierung berechnet werden. Um zu einem Minimum einer Funktion zu gelangen, besteht ein intuitives Vorgehen darin, schrittweise entlang

dieser Funktion immer in Richtung ihres *steilsten Abstiegs* (engl. *steepest descent*) zu gehen (Abbildung 4.6).

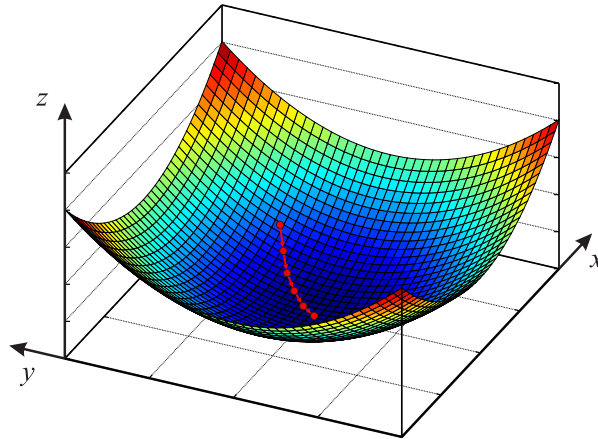


Abbildung 4.6: Darstellung einer dreidimensionalen Funktion. Um zu ihrem Minimum zu gelangen, wird schrittweise entlang der Funktion in Richtung ihres steilsten Abstiegs gegangen (rote Punkte bzw. Pfeile), bis ein Abbruchkriterium erfüllt ist.

Dies entspricht einem iterativen Verfahren. Angewandt auf das Rekonstruktionsproblem bedeutet dies, dass in jeder Iteration die Berechnung eines aktualisierten Bildes $\mathbf{x}_{updated}$ erfolgt, wobei hierfür in Richtung des steilsten Abstiegs des Vektors \mathbf{x} gegangen wird:

$$\mathbf{x}_{updated} = \mathbf{x}_{old} - t \cdot \mathbf{d}. \quad (4.9)$$

Der Vektor \mathbf{d} gibt die Richtung des steilsten Abstiegs vor. In [77] wird diese Richtung allgemein durch die mit p potenzierte Ableitung der l_p -Norm geteilt durch p bestimmt, $\|\cdot\|_p^p/p$. Die Schrittweite t entspricht einem skalaren Faktor.

Bei der Berechnung der Ableitung kann der Fall eintreten, dass im Nenner eines Bruches $x_i = 0$ auftritt. Um diese Division durch Null zu umgehen, wird der Parameter ϵ eingeführt und $|x_i|$ durch $\sqrt{|x_i|^2 + \epsilon^2}$ ersetzt. Für eine leichtere Lesbarkeit soll in den folgenden Ausführungen t die Skalierungsfaktoren der Ableitung \mathbf{d} enthalten. Für die einzelnen Komponenten der Ableitung gilt damit:

$$d_i = \left(|x_i|^2 + \epsilon^2\right)^{\frac{p-2}{2}} \cdot x_i. \quad (4.10)$$

In Gleichung 4.8 wird die l_1 -Norm verwendet, wodurch sich Gleichung 4.10 vereinfacht. Nach der Berechnung von $\mathbf{x}_{updated}$ ist strikte Datenkonsistenz zu gewährleisten. Hierfür werden die gemessenen Daten an ihrer durch das Abtastmuster festgelegten Stelle in das aktualisierte Bild eingesetzt. Zuvor ist die Transformation des Bildes $\mathcal{F}\mathbf{x}_{updated}$ in den entsprechenden Raum notwendig, in welchem die Daten aufgenommen wurden. Vor der nächsten CS Iteration wird das Bild in die dünnbesetzte Form rücktransformiert.

Ein iterativer Algorithmus benötigt entweder eine feste Vorgabe für die Anzahl der Iterationen oder ein Abbruchkriterium, bei dessen Erfüllung die Ausführung beendet wird. In [78] wird beispielsweise vorgeschlagen ϵ mit einem Startwert von $\epsilon = 1$ zu initialisieren und alle 30 Iterationen zu halbieren. Der Algorithmus wird so lange ausgeführt, bis ϵ einen Wert von $\epsilon = 10^{-4}$ unterschreitet. Nach [78] entspricht dies einer robusten und verlässlichen Wahl und führt zu jeweils 420 Iterationen für eine CS Rekonstruktion. Der Parameter für die Schrittweite t wird analog zu ϵ initialisiert und entsprechend alle 30 Iterationen halbiert.

In der Realität sind alle gemessenen Daten mit Rauschen behaftet. Durch die strikte Datenkonsistenz werden diese verrauschten Daten in jeder Iteration wieder in das Gleichungssystem eingesetzt. Dadurch hat der Algorithmus keine Möglichkeit, das Rauschen innerhalb dieser Daten zu unterdrücken oder zu entfernen. Dies kann zu Artefakten im Bild führen. Ein Vorteil dieser Methode besteht darin, dass keine weiteren Parameter abgestimmt werden müssen und die Rekonstruktion ohne manuelles Eingreifen durchführbar ist.

4.3.2 CS Rekonstruktionsalgorithmus mit aufgelockerter Datenkonsistenz

Stern et al. konnten zeigen, dass die Minimierung der l_1 -Norm mit einem speziellen Schwellwertverfahren durchgeführt werden kann [79]. Diese Algorithmen werden allgemein unter den „*iterativen Schwellwertverfahren*“ (engl. *iterative thresholding*) zusammengefasst. Im Folgenden soll eine Implementierung des sogenannten „*Iterative Soft-Thresholding*“ (*IST*) nach [79] näher beschrieben werden.

Das Prinzip des Algorithmus lässt sich anhand eines Beispiels erklären. In Abbildung 4.7 wurde ein unterabgetastetes Signal im Frequenzraum gemessen. Die inverse Fourier-Transformation in den Ortsraum dient als Initialisierung für den CS Algorithmus. Dort wird ein Schwellenwert τ nach folgendem Schema subtrahiert („soft-thresholding“):

$$\text{thresh}_\tau(\mathbf{x})_i = \begin{cases} x_i - \tau x_i / |x_i| & \text{für } |x_i| > \tau \\ 0 & \text{für } |x_i| \leq \tau. \end{cases} \quad (4.11)$$

Werte kleiner oder gleich τ werden folglich gleich Null gesetzt. Der Betrag der Teile des Signals, deren Absolutwert größer als τ ist, wird um τ reduziert. Es folgt eine Rücktransformation in den Frequenzraum, in welchem die berechneten Werte mit den ursprünglich gemessenen substituiert werden. Dieses Prinzip wird so lange wiederholt, bis ein Abbruchkriterium erfüllt ist und das dünnbesetzte Signal (im Ortsraum) vorliegt.

Die Bedingung strikter Datenkonsistenz aus Gleichung 4.8 kann im Hinblick auf das Rauschen zusätzlich etwas aufgeweicht werden:

$$\min_x \|\mathbf{x}\|_1 \quad s. t. \quad \|\mathcal{F}_u \mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2 \leq C_0, \quad (4.12)$$

wobei C_0 ein vom Rauschlevel abhängiger Parameter ist [72]. Dies erlaubt eine Abweichung zwischen den gemessenen und den berechneten Daten in der Größenordnung des

4 *Compressed Sensing*

Rauschlevels. Innerhalb des Algorithmus wird damit ein weiterer Parameter eingeführt, welcher den maximalen Betrag der Abweichung definiert.

Der Vorteil von IST besteht darin, dass durch die einfache Implementierung die einzelnen Schritte und Ergebnisse zu jedem Zeitpunkt nachvollziehbar sind. Durch die aufgelockerte Datenkonsistenz ist es zusätzlich möglich, Teile des Rauschens auch bei den gemessenen Daten zu entfernen. Demgegenüber stehen als Nachteil die beiden zusätzlichen Parameter, welche vor einer Rekonstruktion definiert werden müssen.

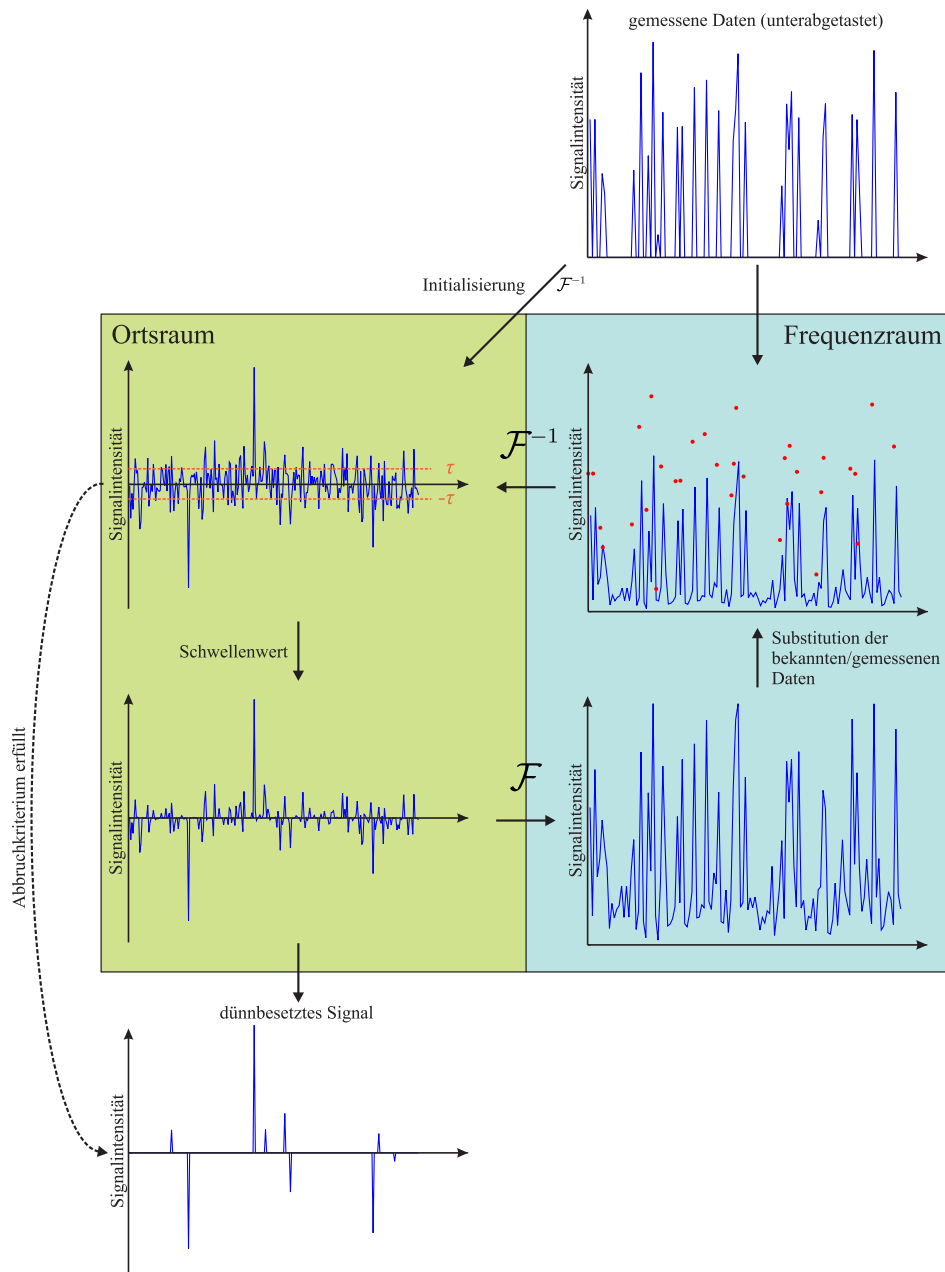


Abbildung 4.7: Schematische Darstellung von IST. In dem Beispiel werden die unterabgetasteten Daten im Frequenzraum akquiriert und anschließend zur Initialisierung des Algorithmus in den Ortsraum transformiert. Dort wird ein Schwellenwert τ nach dem Schema aus Gleichung 4.11 subtrahiert (orangene Linie). Nach der Rücktransformation in den Frequenzraum werden die gemessenen Daten mit den berechneten substituiert (rote Punkte). Dieses Schema wird so lange wiederholt, bis ein Abbruchkriterium erfüllt ist und das dünnbesetzte Signal vorliegt. In der Abbildung ist im Frequenzraum der Betrag der Signalintensität dargestellt, im Ortsraum ihr Realteil (Abb. nach [76]).

5 GATE

5.1 Einführung

Simulationen am Computer bieten viele Vorteile gegenüber einer realen Messung, um neuartige Verfahren und Methoden beispielsweise aus den Bereichen der Bildrekonstruktion oder der Dosimetrie testen und bewerten zu können. Hierzu zählen unter anderem das exakte Wissen über die Menge, Verteilung und den zeitlichen Verlauf des radioaktiven Tracers, die Möglichkeit, unterschiedliche Objekte und Strukturen zu definieren sowie zu messen und die Ausgangsbedingungen beliebig zu verändern. Zusätzlich werden weder Patienten noch Mitarbeiter einer Strahlenbelastung ausgesetzt.

Für eine Simulation ist es nötig, die „Realität“ durch theoretische Modelle zu beschreiben. Gerade im Hinblick auf die radioaktiven Materialien und die (ionisierende) Strahlung sind die meisten der physikalischen und mathematischen Modelle statistischer Natur. *Monte Carlo (MC) Simulationen* stellen hierbei ein mächtiges Werkzeug für akkurate und verlässliche Berechnungen dar. Durch die Entwicklung neuer, leistungsstarker Computer und Cluster sind solche Simulationsmethoden in den letzten Jahren praktikabel geworden.

Es existieren eine Reihe verschiedener MC Simulations-Pakete mit jeweils unterschiedlichen Vor- und Nachteilen. Eines der präzisesten und vielseitigsten Pakete stellt *Geant4* dar [80]. Geant ist ein Akronym für „**G**eometry **a**nd **t**racking“. Zusammengefasst kann Geant4 als ein „Werkzeugsatz zur Simulation des Durchtritts von Partikeln durch Materie“ bezeichnet werden [80]. Implementiert in der Programmiersprache C++ stellt es eine große Bandbreite für Tracking, Stöße, komplexe Geometrien, physikalische Modelle und Prozesse, Materialien, Partikeln und Elemente sowie Energiebereiche zur Verfügung. Die Entwicklung erfolgt am *CERN (Conseil Européen pour la Recherche Nucléaire, Europäische Organisation für Kernforschung)* im Kanton Genf in der Schweiz. Die Plattform wird weltweit von unterschiedlichen Forschungsinstituten aus verschiedenen Fachrichtungen wie zum Beispiel der Hochenergiephysik, der Astrophysik, der medizinischen Physik oder der Beschleunigerphysik verwendet. Eine prominente Anwendung sind die Simulationen zu den Hochenergiereaktionen am größten Teilchenbeschleuniger der Welt, dem *Large Hadron Collider (LHC)* am CERN [81].

Die direkte Anwendung von Geant4 in der PET gestaltet sich durch die Komplexität der Plattform schwierig. Zusätzlich ist ein vertieftes Verständnis der Programmiersprache C++ vonnöten. Aus diesem Grund gründeten eine Reihe von Forschern die sogenannte *OpenGATE collaboration* [82]. Diese stellt eine als *GATE (Geant4 Application for*

Tomographic Emission, Geant4 Anwendung für Emissionstomographie) bezeichnete Software mit Langzeitunterstützung und -wartung zur Verfügung [83,84]. GATE beinhaltet die präzisen Bibliotheken aus Geant4, ist jedoch speziell auf das Gebiet der Nuklearmedizin angepasst und soll ohne Kenntnisse von C++ bedient werden können. Hierfür wurde eine mehrschichtige Architektur entwickelt, welche in Abbildung 5.1 dargestellt ist. Der „einfache“ Anwender kann so durch einen Zugriff auf der obersten Benutzerebene mit Hilfe kleiner Skripte relativ leicht und nachvollziehbar die Funktionalitäten von Geant4 nutzen. Tiefergehende Ebenen erlauben den Entwicklern Werkzeuge und allgemeine Funktionen und Eigenschaften von GATE zu definieren. Vor wenigen Jahren wurde die GATE Simulationsplattform zusätzlich um die Modellierung von CT und Radiotherapie erweitert [85]. Ein Überblick über MC Simulationen in der PET mit Hilfe von GATE ist beispielsweise in [86–88] gegeben.

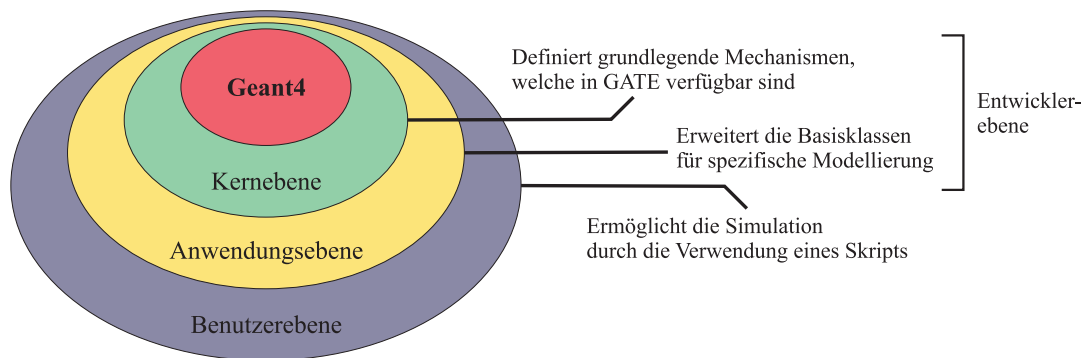


Abbildung 5.1: Schematische Darstellung der Architektur von GATE (Abb. nach [82]).

5.2 Definition eines Detektors in GATE

Um eine realistische Verarbeitung der in einem Detektor auftretenden Ereignisse zu gewährleisten, müssen gewisse hierarchische Prinzipien bezüglich der Geometrie eingehalten werden. Dies wird sichergestellt, indem zu Beginn eines Skriptes ein sogenanntes *System* definiert werden muss. Dieses legt das Konzept der Geometrien sowie die möglichen Ausgabeformate der Daten fest. Anhand des Beispiels eines PET-Detektors aus Kapitel 2.3 soll das Vorgehen verdeutlicht werden. Hier wird auch schnell der hierarchische Aufbau klar: Szintillationskristalle werden zu einem Block zusammengefasst, mehrere Blöcke bilden einen Ring, wobei ein Detektor aus mehreren Ringen zusammengesetzt ist. Viele PET-Scanner sind nach einem solchen oder ähnlichen Prinzip aufgebaut. Für die Simulation dieses Scanners eignen sich beispielsweise das `cylindricalPET`-System oder die etwas vereinfachte Version, das `ECAT`-System. Im Folgenden soll anhand des Beispiels eines `ECAT`-Systems die Vorgehensweise beim Aufbau eines PET-Detektors in GATE gezeigt werden.

Die hierarchische Struktur ist „von außen nach innen“ angelegt. Die oberste Ebene stellt die vordefinierte `world` (*Welt*) dar. Diese entspricht einer Box, welche im Ursprung zen-

triert ist. Sie legt den Rahmen fest, innerhalb dessen die Simulation stattfinden soll. Die erste weitere Geometrie muss Teil dieses Volumens sein und damit als sogenannte *daughter* (*Tochter*) definiert werden. Nach der Festlegung der Abmessungen der *world* wird folglich das ECAT-System als eine Tochter definiert. Im Anschluss wird die geometrische Form des Systems mit den jeweiligen Abmessungen festgelegt. Bei einem zylindrischen Detektor ist die Form entsprechend ein Zylinder, bei dem der innere und äußere Radius sowie die Höhe definiert werden müssen. Zusätzlich ist es möglich, das Material zu bestimmen, wobei der Detektor selber logischerweise mit Luft gefüllt ist (lediglich die später eingefügten Szintillationskristalle bestehen entsprechend aus einem anderen Material, beispielsweise LSO oder BGO). In dem folgenden Skript-Beispiel sind für „...“ die entsprechenden Abmessungen des Detektors einzusetzen. Die Bedeutung der einzelnen Befehle ist durch die Namensgebung selbsterklärend:

```
/gate/world/daughters/name ecat
/gate/world/daughters/insert cylinder
/gate/ecat/geometry/setRmax ... mm
/gate/ecat/geometry/setRmin ... mm
/gate/ecat/geometry/setHeight ... mm
/gate/ecat/setMaterial Air.
```

Ein Block ist nun wiederum Teil des ECAT-Systems und muss als eine Tochter dessen definiert werden. Die geometrische Form entspricht einer Box mit festgelegter Kantenlänge. Für die korrekte Positionierung innerhalb des Zylinders ist zusätzlich eine Verschiebung erforderlich:

```
/gate/ecat/daughters/name block
/gate/ecat/daughters/insert box
/gate/block/placement/setTranslation ... .. mm
/gate/block/geometry/setXLength ... mm
/gate/block/geometry/setYLength ... mm
/gate/block/geometry/setZLength ... mm
/gate/block/setMaterial Air.
```

Jeder Block ist aus Kristallen aufgebaut. Ein Kristall wird erneut als eine Tochter des Blocks definiert:

```
/gate/block/daughters/name crystal
/gate/block/daughters/insert box
/gate/crystal/geometry/setXLength ... mm
/gate/crystal/geometry/setYLength ... mm
/gate/crystal/geometry/setZLength ... mm
/gate/crystal/setMaterial LSO.
```

Um nicht jeden Kristall und im Anschluss jeden Block einzeln definieren zu müssen, stellt GATE die sogenannten *repeaters* (Wiederholer) zur Verfügung. Mit diesen ist es möglich, die vorhandenen Strukturen entsprechend oft zu kopieren, ohne diese explizit definieren zu müssen. Ein Block sei beispielsweise aus 4×4 Kristallen aufgebaut. Dies

ist mit Hilfe des vorher definierten Kristalls leicht durch folgende Zeilen möglich, wobei lediglich die entsprechenden Distanzen der Verschiebung festgelegt werden müssen:

```
/gate/crystal/repeaters/insert cubicArray
/gate/crystal/cubicArray/setRepeatNumberX 1
/gate/crystal/cubicArray/setRepeatNumberY 4
/gate/crystal/cubicArray/setRepeatNumberZ 4
/gate/crystal/cubicArray/setRepeatVector ... .. mm.
```

Besteht der Detektor aus vier Ringen, welche ihrerseits aus 16 Blöcken zusammengesetzt sind, kann dies durch den Einsatz zweier weiterer `repeaters` erzielt werden:

```
/gate/block/repeaters/insert ring
/gate/block/ring/setRepeatNumber 16
/gate/block/repeaters/insert linear
/gate/block/linear/setRepeatNumber 4
/gate/block/linear/setRepeatVector ... .. mm.
```

Um den Aufbau des Detektors abzuschließen, erfolgt die Zuweisung der unter `block` und `crystal` definierten Blöcke und Kristalle zu dem ECAT-System. GATE speichert Ereignisse nur in Volumina, welche als „sensitive“ Detektoren definiert wurden. Die letzte Zeile in dem folgenden Beispiel definiert die Kristalle als solche Volumina:

```
/gate/systems/ecat/block/attach block
/gate/systems/ecat/crystal/attach crystal
/gate/crystal/attachCrystalSD.
```

Die einzelnen Schritte beim Aufbau des Detektors (Beispiel anhand der vier Ringe aus jeweils 16 Blöcken, jeder Block besteht aus 4×4 Kristallen) in GATE sind in Abbildung 5.2 (a)–(f) veranschaulicht.

5.3 Phantome, Quellen und Simulationsparameter in GATE

Im Folgenden werden die weiteren Schritte für eine Simulation beschrieben. Häufig ist hierbei ein Kompromiss zwischen Simulationszeit bzw. -geschwindigkeit und deren Genauigkeit erforderlich. Aufgrund der Komplexität und der großen Anzahl an Einstellungsmöglichkeiten kann an dieser Stelle nur ein kurzer Überblick über die einzelnen Punkte gegeben werden. Eine ausführliche Beschreibung bietet das Wiki der GATE Dokumentation [89], welches von den Entwicklern geschrieben wurde und von Benutzern kommentiert werden kann. Eine weitere Hilfe ist in der Software selbst enthalten.

Allgemein kann die Vorgehensweise wie folgt zusammengefasst werden [89]:

1. Definition der Geometrie des Scanners (Kapitel 5.2).

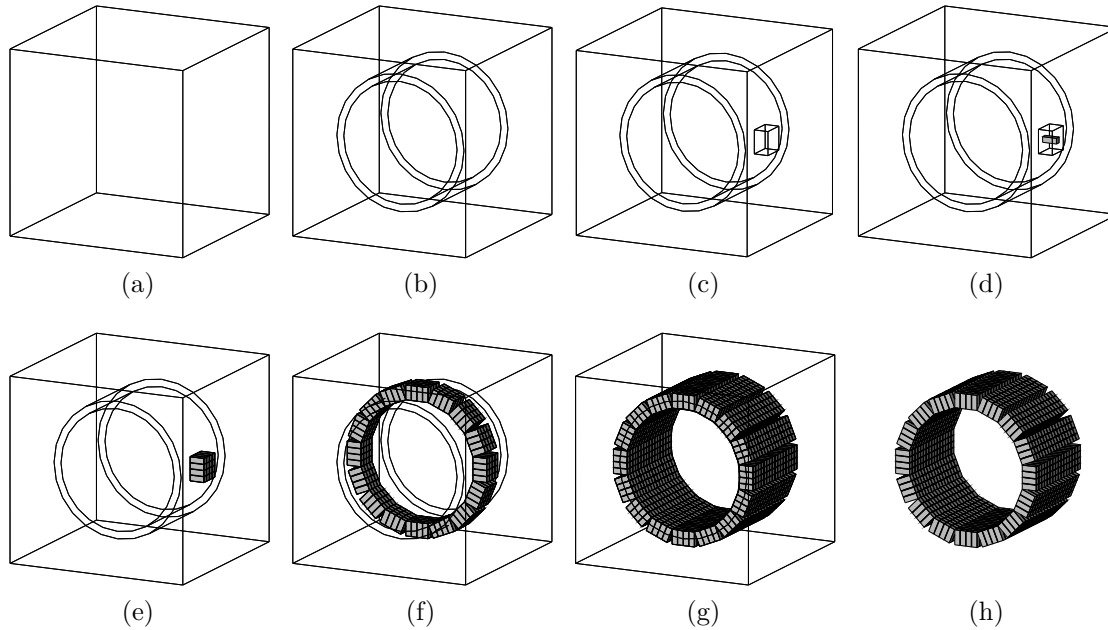


Abbildung 5.2: Hierarchischer Aufbau eines PET-Detektors in GATE. Der vollständige Detektor besteht aus 4 Ringen mit jeweils 16 Blöcken. Jeder Block ist aus 4×4 Kristallen aufgebaut. (a) Definition der `world`. Die Simulation findet innerhalb dieser vorgegebenen Grenzen statt. (b) Definition des ECAT-Systems mit zylindrischer Form des Detektors als erste `daughter` der `world`. (c) Definition eines Blocks als `daughter` des ECAT-Systems. (d) Definition eines Kristalls als Tochter des Blocks. (e) Wiederholung des Kristalls durch einen `repeater`, um den kompletten Block zu füllen. (f) Die Wiederholung des kompletten Blocks durch einen `repeater` liefert einen geschlossenen Ring. (g) Durch den Einsatz eines weiteren `repeater` entsteht der vollständige Detektor. (h) Darstellung der sensitiven Volumina. Nur in diesen werden Ereignisse in GATE gespeichert.

2. Definition der Geometrie des Phantoms.
3. Festlegung der physikalischen Prozesse, welche berücksichtigt werden sollen.
4. Initialisierung der Simulation.
5. Festlegung des Modells für den Detektor (Digitalisierer).
6. Definition der Quelle(n).
7. Spezifizierung des Ausgabeformates der Daten.
8. Start der Simulation.

Phantom Das Phantom stellt ein oder mehrere Objekte dar, welche sich neben dem Detektor in der `world` befinden. Die Definition erfolgt folglich wieder als eine `daughter` der `world`. Als einfache Objekte können gewisse Standardformen wie beispielsweise Zylinder eingefügt werden. Es ist jedoch auch möglich, komplette und vor allem komplexe Phantome zu importieren. Diese müssen in dem sogenannten *Interfile* Bildformat vorliegen, welches sich aus zwei Dateien zusammensetzt. In der ersten Datei sind die Bilddaten abgespeichert. Die zweite Datei beinhaltet den *Dateikopf* (engl. *header*) mit Informationen über das Bild. Für den Import ist nun zusätzlich eine weitere Datei notwendig, welche den in den Bilddaten gespeicherten Werten das Material zuweist, aus dem dieser Teil des Phantoms bestehen soll. Zusätzlich können dort Parameter für eine Visualisierung gesetzt werden. Die Eigenschaften der verschiedenen Materialien sind in einer Datenbank definiert, welche beliebig erweiterbar ist.

Physikalische Prozesse Mit dem Detektor und dem Phantom sind alle Objekte innerhalb der `world` festgelegt. Der nächste Schritt besteht darin, die physikalischen Prozesse zu definieren, welche bei der Simulation berücksichtigt werden sollen. Hierfür steht eine Palette an vordefinierten Prozessen zur Verfügung. Diese werden jeweils durch ein Modell abgebildet, wobei häufig zwischen unterschiedlichen Modellen gewählt werden kann. Beispiele für Prozesse, welche bei der PET sinnvollerweise eingebunden werden können, sind (mit den selbsterklärenden Namen aus GATE, vgl. Kapitel 2):

- `PhotoElectric`
- `Compton`
- `RayleighScattering`
- `ElectronIonisation`
- `Bremsstrahlung`
- `PositronAnnihilation`
- `eMultipleScattering`.

Für eine präzise Simulation könnten diese Modelle direkt angewandt werden. An dieser Stelle ist es jedoch möglich, Simulationszeit zu sparen, ohne die Qualität der Ergebnisse stark zu beeinflussen. Beispielsweise haben Teilchen und Strahlung über oder unter einem gewissen Energieniveau in der PET praktisch keinen Einfluss mehr. In einer vollständigen Simulation würde deren weiteres Verhalten jedoch trotzdem berechnet. Um dies zu vermeiden, ist es möglich, sogenannte *Schnitte* (engl. *cuts*) festzulegen. Diese definieren obere bzw. untere Grenzen für Entfernungen und Energieniveaus, außerhalb derer keine weiteren Berechnungen erfolgen. Für eine möglichst akkurate Simulation sollten diese Schnitte klein sein. Große Schnitte liefern gröbere Ergebnisse, können jedoch zu einer deutlich kürzeren Simulationszeit führen. Als Beispiel für die Schnitte wird mit

den folgenden Skript-Zeilen der relevante Energiebereich definiert. Werden die Energieniveaus über- bzw. unterschritten, erfolgen an dieser Stelle keine weiteren Berechnungen mehr:

```
/gate/physics/setEMin ... keV  
/gate/physics/setEMax ... GeV.
```

Mit der Initialisierung wird der erste Teil der Vorbereitungen abgeschlossen. Nach diesem Schritt sind keine Änderungen an der Geometrie oder den physikalischen Effekten mehr möglich:

```
/gate/run/initialize.
```

Digitalisierer Wie in Kapitel 2.3 beschrieben, sind bei einer Akquisition neben dem Detektor auch Photomultiplier und eine komplexe Verarbeitungselektronik beteiligt. Diese Komponenten haben ebenfalls großen Einfluss auf eine Messung und müssen daher bei einer akkuraten Simulation berücksichtigt werden. Eine Modellierung ihres Verhaltens erfolgt in GATE über den sogenannten *Digitalisierer* (engl. *digitizer*).

Trifft ein γ -Quant auf einen Detektorkristall, so besteht eine gewisse Wahrscheinlichkeit, dass dieses erfasst, der schwache Lichtblitz durch die Photomultiplier verstärkt und ein Einzelereignis an die Verarbeitungselektronik übergeben wird. Bei einem zweiten Einzelereignis innerhalb des definierten Zeit- und Energiefensters übergibt die Verarbeitungselektronik ein Koinzidenzereignis, welches abgespeichert wird. Diese Signalkette kann in einem einfachen Digitalisierer durch folgende Module zusammengesetzt werden: `adder` – `readout` – `blurring` – `thresholder` – `deadtime` – `setWindow`.

Ein γ -Quant kann auf dem Weg durch den Kristall mehrere Lichtblitze auslösen. Der Photomultiplier kann diese jedoch nicht unterscheiden. Er misst folglich immer die Summe aller Ereignisse. Dieses Verhalten wird durch den Addierer (`adder`) simuliert. Die Summe der Ereignisse wird durch den Addierer zu einem *Impuls* (engl. *pulse*) zusammengefasst.

In der Realität werden viele Kristalle mit mehreren Photomultipliern verbunden. Das Auslesen (`readout`) der Impulse erfolgt damit ortskodiert in Abhängigkeit der Ausgangsspannungen der einzelnen Photomultiplier. Das `readout`-Modul gruppiert die Impulse innerhalb eines Blocks entsprechend neu.

Das stets vorhandene statistische Rauschen und die Fluktuationen des Signals werden durch das `blurring`-Modul (Verwischung) berücksichtigt. Über die restlichen Module `thresholder` (vom englischen *threshold*, *Schwellwert*), `deadtime` (Totzeit) und `setWindow` (setzen des (Zeit-)Fensters) werden, wie die Namen bereits andeuten, das Energiefenster, die Totzeit des Detektors sowie das Zeitfenster für Koinzidenzereignisse definiert.

Quelle Nach der Definition des Digitalisierers sind der Aufbau und die Funktionsweise des Detektors sowie alle weiteren Objekte bzw. das Phantom festgelegt. Für eine PET-Messung ist jedoch zusätzlich eine (oder mehrere) radioaktive *Quelle(n)* (engl. *source*) notwendig. Durch das Phantom wurde bislang nur das „Material“ definiert. Die radioaktiven Bereiche, die Art der Strahlung und ihre Eigenschaften werden über die Quelle festgelegt. Für ihre Geometrie können analog zum Phantom Standardformen eingefügt oder eine komplette Quelle importiert werden. Diese muss wieder im Interfile-Format vorliegen. Zusätzlich ist eine weitere Datei notwendig, in welcher den in der Bilddatei gespeicherten Werten die Aktivität in Bq zugewiesen wird.

Ausgabeformat Vor dem Start der Simulation muss in einem letzten Schritt das Ausgabeformat der Daten festgelegt werden. Hierfür stehen unterschiedliche Möglichkeiten zur Verfügung, wobei durch das gewählte System Einschränkungen bestehen können. In allen Systemen ist das sogenannte ROOT-Format verfügbar. Dieses Format gehört zur ROOT-Software, welche ebenfalls am CERN entwickelt wurde und allgemein zur Analyse von Daten verwendet wird [90,91]. Das ROOT-Format ermöglicht ein Speichern der Daten mit vielen Zusatzinformationen und bietet somit große Flexibilität bei der Auswertung im Anschluss an die Simulation. Werden alle möglichen Zusatzinformationen gespeichert, können diese Datensätze jedoch schnell sehr groß werden. Um die Größe zu reduzieren, ist es möglich, die Menge der zu speichernden Daten festzulegen. Beispielsweise können lediglich Koinzidenzereignisse gespeichert, Einzelereignisse jedoch verworfen werden.

Nachdem der komplette Messaufbau definiert und beschrieben ist, kann die simulierte Akquisitionszeit festgelegt und die Simulation gestartet werden. Je nach verwendetem Computer (oder Cluster) können solche Simulationen extrem lange dauern. Es ist daher sinnvoll vor einer Simulation durch einfache Tests die Richtigkeit des Skripts zu überprüfen und fortwährend Zwischenergebnisse abzuspeichern. Zur visuellen Kontrolle bietet GATE die Möglichkeit, neben dem Phantom und dem Detektor auch den Pfad der Ereignisse zu plotten. In Abbildung 5.3 wurde die komplette Simulation eines Detektors mit einer Zylinderquelle mit sehr geringer Aktivität sowie dem Pfad der Ereignisse dargestellt. Anhand solcher Grafiken kann beispielsweise leicht überprüft werden, ob Quelle und Phantom an der richtigen Stelle platziert sind.

Dieses Kapitel soll lediglich einen kurzen Überblick über GATE sowie die Funktionsweise und Anwendung geben. Für eine ausführliche Beschreibung sei auf das Wiki [89] verwiesen. Dort kann auch das Vorgehen bei komplexeren Simulationen, wie beispielsweise der Umsetzung einer Bewegung des Phantoms, nachvollzogen werden.

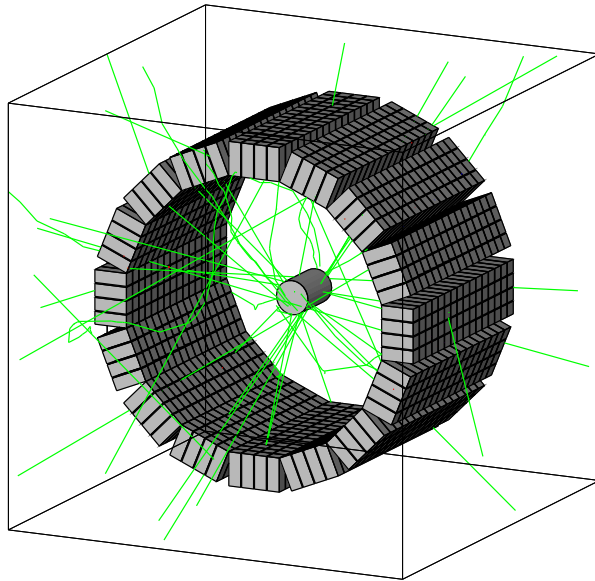


Abbildung 5.3: Graphische Veranschaulichung einer kompletten Simulation. Die Zylinderquelle im Zentrum hat nur eine sehr geringe Aktivität. Daher wurden lediglich ein paar Ereignisse simuliert, deren Pfad ebenfalls dargestellt ist (grüne Linien). Bei größeren Aktivitäten würde sich das Bild vollständig mit den Pfaden der Ereignisse füllen. Durch solche, sehr kurzen Simulationen kann beispielsweise die Position des Phantoms und der Quelle überprüft werden.

6 Anwendung von Compressed Sensing als Filtertechnik in der PET

6.1 Einführung

Ein fortwährendes Ziel in der PET ist die Reduktion sowohl der applizierten Aktivität als auch der Akquisitionszeit, ohne dabei die Bildqualität zu verschlechtern. Um das zu erreichen, werden unterschiedliche Ansätze verfolgt. Auf Seiten der Hardware versuchen die Hersteller ihre Scanner und die verwendeten Materialien zu verbessern und weiterzuentwickeln. Gleichzeitig wird an neuen Tracern geforscht, welche selektiv für die unterschiedlichen Fragestellungen verwendet werden können. Die dritte Möglichkeit besteht in der Neu- und Weiterentwicklung von Rekonstruktionsalgorithmen oder Filtertechniken.

Der letzte Punkt muss mit Bezug auf die Anwendbarkeit in der Praxis weiter eingeschränkt werden: ein Algorithmus oder Filter für die tägliche Routine kommt nicht umhin, schnell und praktikabel zu sein. Das bedeutet unter anderem, dass im Idealfall keine oder nur wenige Parameter auftreten dürfen, welche automatisch berechnet werden oder zumindest relativ leicht einstellbar sind.

Nach derzeitigem Stand kann der OS-EM Algorithmus als Standard der Rekonstruktionsmethoden angesehen werden. Bei dynamischen Messungen wird aber auch die FBP noch verwendet. Mit zunehmend leistungsfähigeren Computern geht der Trend tendenziell in Richtung der 3D Verfahren.

Die FBP liefert eine sehr schnelle Rekonstruktion und ist verlässlich quantifizierbar. Bei Messungen mit einer geringen Anzahl an Koinzidenzen weist das rekonstruierte Bild jedoch starke Rekonstruktionsartefakte und einen hohen Rauschanteil auf. Dies vermindert die Bildqualität und den Kontrast, was sich durch ein niedriges SNR zeigt [92, 93]. Mit OS-EM rekonstruierte Bilder zeichnen sich normalerweise durch eine, im Vergleich zur FBP, höhere Bildqualität aus. Der Preis dafür ist eine längere Rekonstruktionszeit. Für Datensätze mit einer hinreichenden Anzahl an Ereignissen ist der OS-EM Algorithmus ebenso wie die FBP quantifizierbar [92, 93]. Bei einer geringen Anzahl kann es hingegen bei dem Standard OS-EM in kalten Regionen zu einem systematischen Fehler kommen, welcher die quantitative Auswertung verfälscht [94, 95].

Es ist möglich, den OS-EM Algorithmus zu erweitern, um den systematischen Fehler zu reduzieren [96, 97]. Dies erfordert jedoch häufig die Bestimmung zusätzlicher Parameter und eine längere Rekonstruktionszeit.

Seit einigen Jahren wird intensiv das Potential von Compressed Sensing in der *Magnetresonanztomographie* (MRT) unter anderem zur Verkürzung der Akquisitionszeit erforscht. Es wurden bereits mehrere unterschiedliche Methoden und Anwendungsmöglichkeiten publiziert [74, 75, 98–100]. Die Voraussetzung einer dünnbesetzten Gestalt des Bildes konnte beispielsweise direkt im Ortsraum, durch Wavelet-Transformation oder bei dynamischen Bildern durch eine Transformation in Zeitrichtung gewährleistet werden. Die MRT bietet die Möglichkeit, ein entsprechendes Abtastschema zu wählen. Damit kann Messzeit unmittelbar eingespart werden, indem nicht der vollständige Datensatz aufgenommen wird.

Bei der PET ist eine derartige Einsparung von Messzeit nicht möglich. Ein normaler Detektor besteht hier aus mehreren geschlossenen Ringen. Alle Kristalle können prinzipiell gleichzeitig Ereignisse detektieren. Folglich werden immer alle Projektionen gemessen, wodurch sich ein vollständig abgetasteter Datensatz ergibt. Theoretisch wäre es zwar möglich, die Hardware des Detektors entsprechend eines speziellen Abtastmusters zu verändern. Ob diese Änderung jedoch Material- und Herstellungskosten einsparen würde und für eine Anwendung in der breiten Praxis geeignet wäre, ist fraglich.

CS ist jedoch zusätzlich in der Lage, Rauschen zu unterdrücken. Dieses Kapitel widmet sich daher der Frage, ob CS als eine Filtertechnik in der PET eingesetzt werden kann. Da die mittels der gefilterten Rückprojektion rekonstruierten Bilder schnell berechnet werden können, jedoch die Bildqualität durch Rauschen und Artefakte stark reduziert ist, bietet sich eine Filterung an dieser Stelle an. Der vollständig abgetastete und rekonstruierte Datensatz wird hierfür retrospektiv unterabgetastet und mit CS erneut berechnet. Für eine Verbesserung der Ergebnisse werden unterschiedliche Abtastmuster verwendet und der Mittelwert der mittels CS rekonstruierten Bilder bestimmt.

Die auf den folgenden Seiten beschriebene Methode wurde anhand von Simulationen mit GATE getestet. Zur Verifizierung der Simulationen wurden zusätzlich mit einem Siemens *Inveon* Kleintier-PET gemessene Phantom- und *in-vivo* Daten verwendet. Berechnungen wurden mit der Software MATLAB (The MathWorks Inc., Natick, USA) durchgeführt. Sämtliche Algorithmen sind, wenn nicht anders angegeben, ebenfalls durch eigene Implementierungen in MATLAB umgesetzt.

Die hier präsentierte Methode wurde zunächst auf mittels der 2D FBP rekonstruierte Bilder angewandt. Die Ergebnisse sind in [101] veröffentlicht. Publierte und hier erneut verwendete Abbildungen sind entsprechend gekennzeichnet. Die Erweiterung der Methode auf 3D Datensätze (Rekonstruktion mit 3D RP) wurde auf dem 26. Kongress der europäischen Gesellschaft für Nuklearmedizin (**E**uropean **A**ssociation of **N**uclear **M**edicine, EANM) im Jahre 2013 (EANM'13) vorgestellt.

6.2 Materialien und Methoden

6.2.1 Simulationen mit GATE

In dieser Arbeit wird GATE Version 6.2 verwendet. Material und Dimensionen des Detektors entsprechen denen des *Inveon* Kleintier-PET der Firma Siemens, auf welches in Kapitel 6.2.2 näher eingegangen wird. Bei den physikalischen Prozessen `PhotoElectric`, `Compton`, `ElectronIonisation` (e^+ und e^-) und `Bremsstrahlung` (e^+ und e^-) wird als Modell das `StandardModel` verwendet, bei `RayleighScattering` das `PenelopeModel`. Des Weiteren werden `PositronAnnihilation` und `eMultipleScattering` (e^+ und e^-) berücksichtigt. Die Simulation erfolgt in einem Energiebereich mit Schnitten bei 0,1 keV und 10 GeV. Sowohl bei den Kristallen als auch innerhalb des Phantoms werden die Schnitte für die Entfernungen auf 0,1 mm gesetzt. Innerhalb des Digitalisierers wird das Energiefenster mit 350 – 650 keV, das Zeitfenster mit 3.432 ns festgelegt. Die Ausgabe der Daten erfolgt im ROOT-Format, wobei lediglich die Koinzidenzen gespeichert werden.

Das simulierte Phantom ist ein Zylinderphantom und ähnelt einem Derenzo-Phantom (Abbildung 6.2 (b)). Der Entwurf erfolgt in MATLAB. In GATE wird es als Voxelphantom im Interfile Bildformat eingelesen. Eine Schicht des Phantoms besteht aus einem großen Zylinder mit einem Radius von etwa 88 Pixeln. Innerhalb dieses Zylinders sind mehrere kleinere Zylinder mit Radien von im Durchschnitt 3,25 – 5,55 Pixeln angeordnet. Der Raum außerhalb des Phantoms ist mit Luft gefüllt. Das Material des großen Zylinders ist Plexiglas, das der inneren Zylinder Wasser. In Abbildung 6.1 (a) ist ein Schnitt durch das Phantom dargestellt.

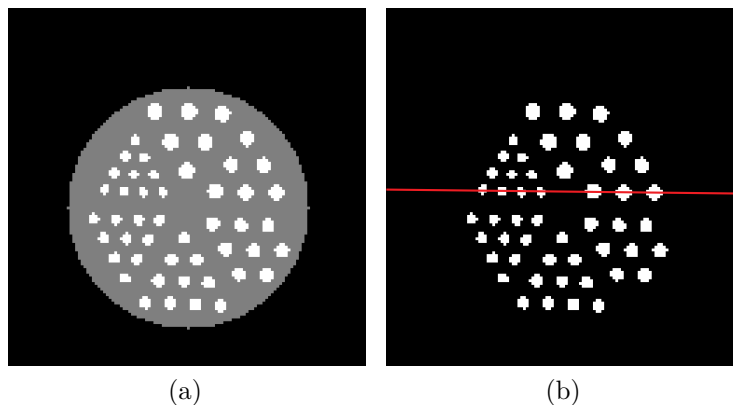


Abbildung 6.1: (a) Darstellung einer Schicht des simulierten Derenzo-Phantoms. Das Material der inneren, weißen Zylinder ist Wasser, das des äußeren, grauen Zylinders Plexiglas. Der schwarze Bereich außerhalb des Phantoms ist mit Luft gefüllt. Für die Simulation der Quelle wird den Voxeln der weißen Zylinder jeweils 270 Bq ^{18}F zugewiesen. (b) Die rote Linie zeigt den Verlauf des für die Auswertung verwendeten Linienprofils an.

Die Kantenlänge der Pixel beträgt $0,79 \times 0,79$ mm. Es werden 10 Schichten mit einer Ausdehnung in z -Richtung von 1,0 mm pro Schicht simuliert.

Dasselbe Objekt, welches als Phantom dient, wird auch als Quelle verwendet. Die Aktivität des großen Zylinders sowie des äußeren Bereichs ist gleich Null. Jedem Voxel der inneren Zylinder wird eine Aktivität von 270 Bq als Positronenquelle mit dem Energietyp ^{18}F zugewiesen. Dies führt zu einer Gesamtaktivität von etwa 223,56 kBq pro Schicht.

Die simulierte Akquisitionszeit beträgt 600 s. In der gewählten Konfiguration finden innerhalb einer Zeitspanne von 1, 2, ..., 5 s in etwa $1,2e5$, $2,4e5$, $3,7e5$, $4,9e5$ und $6,1e5$ Koinzidenzen statt. Aus dem kompletten Datensatz von 600 s werden mit Hilfe von MATLAB jeweils 100 Datensätze pro Zeitspanne zufällig generiert, wobei die Anzahl der Koinzidenzen in jedem Datensatz einer Zeitspanne gleich ist. Auf diesem Weg soll eine statistische Analyse ermöglicht werden. Die Auswertung der Daten erfolgt anhand der mittleren Schicht des Phantoms.

6.2.2 PET-Messungen

Für die Messungen steht ein Siemens *Inveon* Kleintier-PET (Siemens Medical Solutions, Knoxville, TN, USA; im Folgenden als MicroPET, kurz μPET abgekürzt) zur Verfügung. Abbildung 6.2 (a) zeigt das verwendete μPET aus den Laboren der Klinik und Poliklinik für Nuklearmedizin des Universitätsklinikums Würzburg. In Tabelle 6.1 sind einige wichtige Kenngrößen des Scanners zusammengefasst. Ausführliche Tests und eine Beurteilung des Verhaltens und der Eigenschaften des μPETs können in [102–104] nachgelesen werden.

Für die Steuerung des Scanners und die Akquisition wurde die Software *Inveon Acquisition Workplace (IAW)*, Version 1.5.0.28, der Firma Siemens verwendet, welche auf dem Computer des μPET installiert ist. Das Energiefenster umfasst 350 – 650 keV, das Zeitfenster 3.432 ns. Für eine flexible Handhabung der Daten werden die Ereignisse im List-Mode Format abgespeichert.

Das erste gemessene Objekt entspricht einem Derenzo-Phantom (Abbildung 6.2 (b)). Dieses besteht aus einem großen Zylinder aus Plexiglas mit einem Durchmesser von 80 mm und einer Länge von 52 mm. Innerhalb dieses großen Zylinders sind mehrere kleinere Zylinder mit Durchmessern zwischen 2,7 – 4,7 mm angebracht. Die inneren Zylinder sind auf der Ober- und Unterseite des Phantoms verbunden und können durch eine Öffnung gleichmäßig befüllt werden.

Als radioaktiver Tracer wird mit ^{18}F versetztes Wasser verwendet. Die berechnete Aktivität beim Start der Messung beträgt 10,5 MBq, die Akquisitionszeit 10 s. Der Datensatz wird in Zeitframes von 1, 2, ..., 10 s sortiert. Während dieser kurzen Zeiten finden nur wenige Ereignisse statt. Die rekonstruierten Bilder beruhen folglich auf einer schlechten Statistik, bei der ein hoher Rauschanteil und ein niedriges SNR erwartet werden. Um einen Vergleich mit einem Datensatz mit sehr vielen Ereignissen und damit geringem Rauschen zu ermöglichen, wird eine zusätzliche Messung von 3600 s durchgeführt.

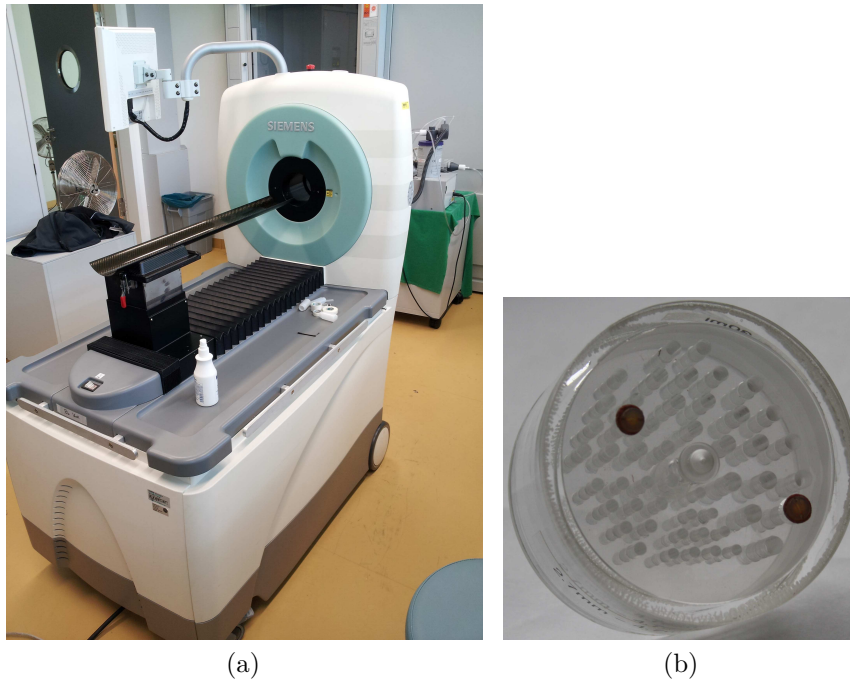


Abbildung 6.2: (a) *Inveon* Kleintier-PET (μ PET) der Firma Siemens aus den Laboren der Klinik und Poliklinik für Nuklearmedizin des Universitätsklinikums Würzburg. (b) Derenzo-Phantom, welches für die PET-Messungen verwendet wurde.

Bemerkung zu den Tierversuchen Für diese Arbeit wurden keine eigenen Tierversuche durchgeführt. Die Messungen der verwendeten Datensätze erfolgten im Zusammenhang mit anderen, genehmigten Studien. Eine Erlaubnis zur Verwendung der Daten wurde von den Projektleitern der Studien erteilt. Die Tierversuche wurden entsprechend dem *Guide for the Care and Use of Laboratory Animals* (Leitfaden für die Pflege und den Umgang mit Versuchstieren) der amerikanischen Nationalen Gesundheitsinstitute (*US National Institutes of Health*, NIH, Publication No. 85-23, überarbeitet 1996), durchgeführt. Die Arbeiten waren in Übereinstimmung mit dem deutschen Tierschutzgesetz. Eine Genehmigung der Regierung von Unterfranken (AZ: K 55.2-2531.01-6409) liegt vor.

Für die *in-vivo* Versuche werden Datensätze von Wistar-Ratten verwendet. Bei der ersten Studie lag der Fokus auf dem Herzmuskel. Während einer Operation wurde einige Tage vor der PET-Messung der Thorax des Tieres geöffnet. Durch eine Ligatur (Unterbindung eines Gefäßes durch eine Operation) der linken Herzkranzarterie erlitt das Myokard eine Ischämie (Sauerstoffunterversorgung), wodurch Teile des Herzmuskelgewebes abstarben. Nach einigen Minuten wurde die Durchblutung des Myokards durch Entfernen des Verschlusses wieder ermöglicht.

Während der PET-Messung wurde das Tier durch Anästhesie mit 1,5 – 2,0 % Isoflura-

Tabelle 6.1: Zusammenfassung einiger wichtiger Kenngrößen des *Inveon* Kleintier-PET (μ PET) der Firma Siemens; entnommen aus dem Datenblatt.

Spezifikationen	
Detektordurchmesser	16,1 cm
Durchmesser der Gantry	12 cm
Transversales FOV	10 cm
Axiales FOV	12,7 cm
Anzahl an Detektorblöcken	$4 \cdot 16 = 64$
Anzahl an Kristallen pro Detektorblock	$20 \cdot 20 = 400$
Anzahl an Kristallen in einem Ring	320
Anzahl an Kristallen insgesamt	25.600
Anzahl an Kristallringen	80
Kristallgröße	$1,51 \times 1,51 \times 10$ mm
Abstand der Kristalle	1,59 mm
Kristallmaterial	LSO
maximale Anzahl an Sinogrammen	6.400
Größe eines Sinogramms	128×160
Energiefenster (manuell einstellbar)	0 – 800 keV
Zeitfenster für Koinzidenzen (manuell einstellbar)	936 bis zu 9.984 ps in 624 ps Schritten

ne/Sauerstoff ruhig gestellt. Die Injektion von 8,5 MBq FDG erfolgte über die Schwanzvene. Die Akquisition begann 50 min nach der Injektion, um die Verteilung des Tracers und eine Anreicherung im Myokard zu gewährleisten. Die Rohdaten umfassen eine Aufnahmezeit von 10 min. Für die Rekonstruktion und Anwendung von CS werden kürzere Frames verwendet.

Für die zweite Studie wurde das gesunde Gehirn von Ratten betrachtet. Das Tier aus dem vorliegenden Datensatz wurde ebenfalls mit 1,5 – 2,0 % Isoflurane/Sauerstoff betäubt. Nach einer Injektion von 6,2 MBq FDG erfolgte zirka 35 min später eine 10 minütige Akquisition. Für die Rekonstruktionen werden die Daten in kürzere Zeitframes sortiert.

6.2.3 Korrekturen und Rekonstruktion des Ausgangsbildes

Die Datenakquisition erfolgt mit der maximalen Ringdifferenz von ± 79 . Für eine Kompression wird ein Span von 3 gewählt. Im Falle einer Simulation werden die Rohdaten mit Hilfe von MATLAB eingelesen und zu dem 3D Datensatz aus (direkten und schrägen) Sinogrammen sortiert. Jedes Sinogramm besteht aus $n_s = 128$ Punkten unter $n_\phi = 160$ Projektionswinkeln (Kapitel 3.2). Im Anschluss wird die Normalisierung vorgenommen, welche in diesem Fall einer Korrektur der Kompression mit dem Span von 3 entspricht. Bei einer Messung mit dem μ PET erfolgt die Sortierung der Koinzidenzen in die Sinogramme der Einfachheit halber mit Hilfe der Software IAW. Diese berechnet gleichzeitig eine Totzeit- und Zerfallskorrektur. Für die Abschwächungskorrektur wurde zusätzlich

eine ca. 13 minütige Transmissionsmessung mit einer ^{57}Co -Quelle durchgeführt. Sowohl bei den Simulationen als auch bei den Messungen wird eine Bogenkorrektur angewandt (Kapitel 2.4.2).

Im Hinblick auf die Rekonstruktion ist eine Unterscheidung zwischen dem 2D und dem 3D Fall notwendig. Die Auswertung erfolgt in beiden Fällen mit Hilfe der Software MATLAB.

2D Im 2D Fall wird der 3D Datensatz aus Sinogrammen vor der Rekonstruktion mit dem FORE Algorithmus in einen Schichtstapel aus direkten Sinogrammen umgerechnet (Kapitel 3.3.2). Die Rekonstruktion erfolgt mittels der gefilterten Rückprojektion. Zum einen wird die FBP direkt, zum anderen die FBP mit einem zusätzlichen Hann-Fenster verwendet (Kapitel 3.4.2). Auf beide Bilder wird die Filtertechnik mit CS angewandt. Zur Bewertung der Ergebnisse wird einerseits eine Rekonstruktion mit dem OS-EM Algorithmus (16 geordnete Teilmengen, 4 Iterationen) berechnet (Kapitel 3.5.3). Andererseits soll ein Vergleich mit einer anderen Filtermethode gezogen werden. Hierfür erfolgt die Filterung der FBP-Rekonstruktionen mit einem bilateralen Filter (Kapitel 3.8).

3D Im Fall einer 3D Rekonstruktion kann direkt der 3D RP Algorithmus auf den 3D Datensatz an Sinogrammen angewandt werden (Kapitel 3.6). Die Rekonstruktion erfolgt mittels der Software IAW. Zu diesem Zweck müssen simulierte Sinogramme zuvor in das entsprechende Format der Software umgewandelt werden. Zum Vergleich der Ergebnisse wird eine 3D OS-EM Rekonstruktion (16 geordnete Teilmengen, 4 Iterationen) mittels der Software IAW durchgeführt.

6.2.4 Compressed Sensing

Die vorgestellte Methode basiert auf einer retrospektiven Filterung eines analytisch rekonstruierten Bildes. Den Ausgangspunkt stellt folglich ein vollständiger Datensatz dar. Dieser wird in den Frequenzraum transformiert und in diesem mit einem zuvor generierten Abtastmuster unterabgetastet. Nach der Rücktransformation in den Ortsraum wird der Datensatz mit CS rekonstruiert. Der Rekonstruktionsalgorithmus entspricht dem in Kapitel 4.3.1 beschriebenen Verfahren. Für die Parameter ϵ und t werden, wie bereits erwähnt, die Startwerte $\epsilon, t = 1$ verwendet. Alle 30 Iterationen erfolgt eine Division durch zwei, bis die Endwerte $\epsilon, t = 10^{-4}$ erreicht sind.

Abtastschema In dieser Arbeit wird ein Unterabtastschema mit einem vollständig gefüllten Zentrum des Frequenzraums und zufällig ausgewählten Abtastpunkten außerhalb des Zentrums verwendet. Die Dichte der Abtastung der Peripherie des Frequenzraums nimmt dabei exponentiell ab und kann durch folgende Gleichung beschrieben werden:

$$f(\omega) = \begin{cases} 1, & \text{für } \omega < \omega_s / \ln(2) \\ \exp\left(\frac{\omega_s}{\omega}\right) - 1, & \text{if } \omega \geq \omega_s / \ln(2). \end{cases} \quad (6.1)$$

ω_s ist ein Skalierungsfaktor, wobei $\omega_s/\ln(2)$ den Radius des vollständig abgetasteten Frequenzraums festlegt. Für eine Implementierung wird der Frequenzraum in konzentrische Ringe mit dem Radius einer Pixellänge eingeteilt und die Anzahl der Pixel zwischen jeweils zwei Ringen bestimmt. In Abhängigkeit vom Abstand der Ringe ist durch Gleichung 6.1 vorgegeben, wie viele Pixel zwischen den jeweiligen Ringen in das Abtastmuster aufgenommen werden sollen. Die Auswahl der jeweiligen Pixel erfolgt pseudo-zufällig. Nach einem Durchlauf wird das aktuelle UF ermittelt und ω_s erhöht. Das Verfahren wird solange iterativ wiederholt, bis der gewünschte Wert für UF erreicht ist. Der Startwert für ω_s ist abhängig von dem gewünschten UF und der Größe des Bildes. Die in den Abbildungen 4.4 (d)–(f) dargestellten Abtastmuster wurden nach diesem Prinzip berechnet.

Für den Algorithmus zur Berechnung der Rekonstruktion mit der FBP wird die Gleichung für das Fourier-Slice Theorem umgeformt. Hierbei muss der Faktor $|\omega|$ eingefügt werden (Gleichung 3.39), welcher wie ein Hochpassfilter wirkt. Bei Bildern steckt häufig ein Großteil des Rauschens in den hohen Frequenzen. Diese werden durch $|\omega|$ verstärkt. Durch ein Abtastschema nach dem obigen Prinzip, werden hauptsächlich die hohen Frequenzen und damit ein Teil des Rauschens aus dem Bild entfernt. CS versucht diese nun als unbekannt geltenden Frequenzen zu berechnen. Werden die Frequenzen korrekt bestimmt, ist es auf diesem Weg möglich, Rauschen aus dem Bild zu entfernen.

Rekonstruktion verrauschter Signale Eine notwendige Voraussetzung für CS ist eine dünnbesetzte Form des zu rekonstruierenden Signals. Im Folgenden wird davon ausgegangen, dass der Datensatz im Ortsraum dünnbesetzt ist. Durch überlagertes Rauschen sind jedoch praktisch alle Werte des Signals ungleich null. Bei der Rekonstruktion der unterabgetasteten Daten kann es nun passieren, dass der CS Algorithmus Teile des Rauschens als Signal auffasst, et vice versa. Damit bleibt ein gewisser Teil des Rauschens erhalten oder wird sogar verstärkt bzw. können schwache Signalteile unterdrückt werden. Durch eine Variation des Abtastmusters ändert sich auch das „bekannte“ Signal und das verbleibende Rauschen. Unterschiedliche Abtastmuster können folglich verschiedene Strukturen des Rauschens oder eines schwachen Signals im rekonstruierten Bild erhalten.

Gerade bei hohem Rauschen und einem niedrigen SNR kann die Anwendung von CS zu sogenannten *Nadelartefakten* führen [105]. Diese täuschen eine erhöhte, punktuelle Anreicherung des Tracers vor und sind nicht von einer tatsächlichen Anreicherung des Signals zu unterscheiden. Dies kann zu einer fehlerhaften Beurteilung des Bildes führen. Die Position und Anzahl der Nadelartefakte sind jedoch ebenfalls abhängig von dem gewählten Abtastmuster. Abbildung 6.3 soll dies verdeutlichen.

Aus den genannten Gründen wird ein Mittelwert aus mehreren mit CS rekonstruierten Bildern berechnet. Die Unterabtastung erfolgt jeweils mit einem anderen Abtastmuster. Durch die Mittelung werden sowohl das Signal aufgefasste Rauschen, als auch die Nadelartefakte reduziert. Die Anzahl der Mittelungen ist frei wählbar, wobei die benötigte Rekonstruktionszeit mit der Anzahl der Rekonstruktionen steigt. In der vorliegenden Ar-

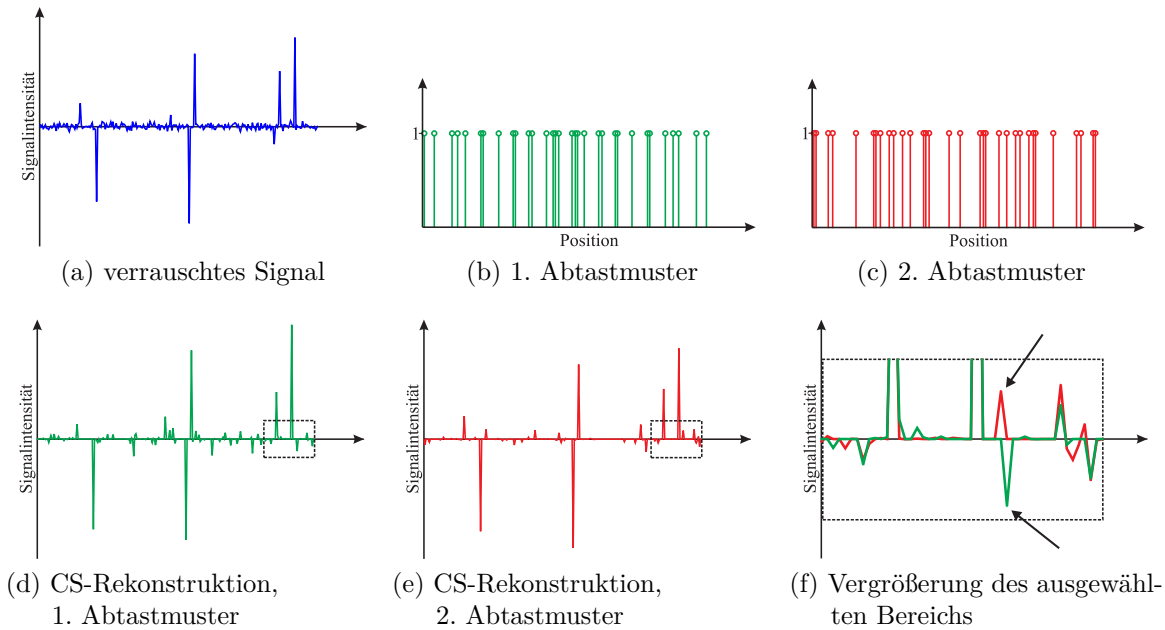


Abbildung 6.3: (a) 1D Beispielsignal, welches mit Gaußischem Rauschen überlagert wurde ($\sigma = 0.1$). (b)–(c) Beispiel für zwei unterschiedliche Abtastmuster ($UF = 8$). (d)–(e) Das Beispielsignal aus (a) wird in den Frequenzraum transformiert und retrospektiv mit den Abtastmustern aus (b) und (c) unterabgetastet. Die Rekonstruktion erfolgt mit dem CS Algorithmus aus Kapitel 4.3.1. Durch das verrauschte Eingangssignal treten in der Rekonstruktion Spike-Artefakte auf. (f) Vergrößerung des in den rekonstruierten Signalen markierten Bereichs. Spike-Artefakte sind mit schwarzen Pfeilen gekennzeichnet. Durch die Verwendung verschiedener Abtastmuster ist deren Anzahl und Position unterschiedlich.

beit wurden jeweils 25 CS rekonstruierte Bilder gemittelt. Es hat sich gezeigt, dass in den verwendeten Fällen eine größere Anzahl an Mittelungen praktisch keinen Einfluss mehr auf das Ergebnis hatte. Abbildung 6.4 fasst den kompletten Algorithmus zusammen.

6.2.5 Quantifizierung

Zur Bewertung der Qualität eines Bildes eignet sich das *Signal-Rausch-Verhältnis* [26, 106]. Das SNR wird in dieser Arbeit für zwei Zwecke verwendet: (I) Quantifizierung der rekonstruierten Bilder, (II) quantitative Beurteilung der Filtertechnik mit CS.

Sei S der Mittelwert des Signals und $\sigma_{Rauschen}$ die Standardabweichung des Rauschens, dann kann das SNR wie folgt definiert werden:

$$SNR = \frac{S}{\sigma_{Rauschen}}. \quad (6.2)$$

In Fall (I) wird in den rekonstruierten Bildern eine sog. *region of interest* (ROI, „Bereich von Interesse“) um jeden Zylinder gelegt. S bestimmt sich aus dem Mittelwert aller Pi-

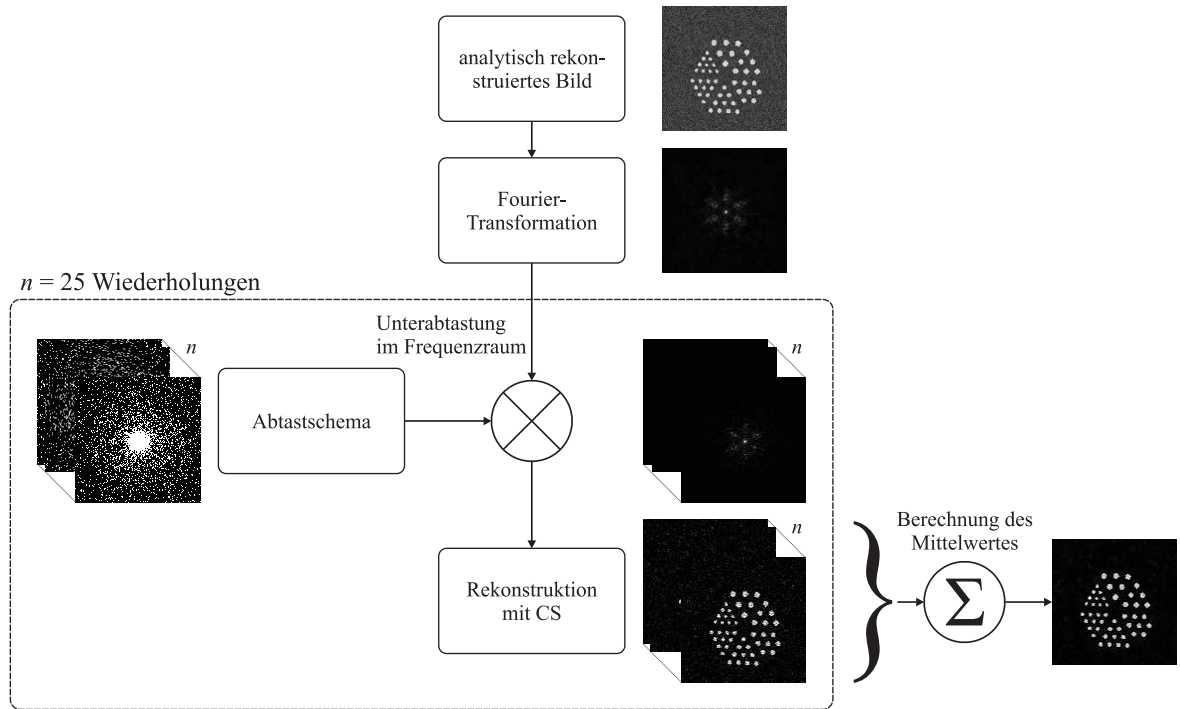


Abbildung 6.4: Zusammenfassung des Algorithmus zur retrospektiven Filterung von PET-Bildern anhand eines 2D Beispiels.

xel¹ innerhalb der ROIs. Außerhalb der Zylinder soll keine Aktivität vorhanden sein. Die Standardabweichung des Rauschens kann damit anhand aller Pixel außerhalb der ROIs berechnet werden. Auf diesem Weg wird jedem Bild genau ein SNR-Wert zugeordnet, durch welchen die Qualität des Bildes festgelegt wird.

In Fall (II) soll eine statistische Beurteilung ermöglicht werden. Bei den Simulationen mit GATE wurden zu unterschiedlichen Akquisitionszeiten jeweils 100 Datensätze mit der gleichen Anzahl an Ereignissen generiert. Die rekonstruierten Bilder sollten folglich theoretisch alle das gleiche Ergebnis liefern. Die Variation eines Pixels über den 100 Bildern dient in diesem Fall als Maß für die Qualität der Rekonstruktionsmethode bzw. Filtertechnik. Für (II) wird das SNR also für jedes einzelne Pixel über die 100 Rekonstruktionen berechnet. S entspricht dabei dem Mittelwert, $\sigma_{Rauschen}$ der Standardabweichung der einzelnen Pixel. Als Ergebnis entsteht für jede der gewählten Akquisitionszeiten eine SNR-Karte. Außerhalb der mit Aktivität gefüllten Zylinder sollte kein Signal auftreten und das SNR damit nahe bei null liegen. Innerhalb der Zylinder entspricht ein hohes SNR einer guten Rekonstruktion. Diese ausführliche Analyse wurde nur für den 2D Fall durchgeführt.

Mit Hilfe des SNR sollen die unterschiedlichen rekonstruierten Bilder verglichen werden. CS ist eine nicht-lineare Technik. Die Rauschverteilung und damit das statistische

¹Da bei einer 2D Rekonstruktion als Ergebnis einzelne 2D Bilder vorliegen, wird in diesem Fall häufig von Pixeln (also kleinen Flächenelementen) gesprochen. Im eigentlichen Sinne liegen jedoch auch in diesem Fall Volumina und somit Voxel vor.

Modell eines mit CS rekonstruierten Bildes sind jedoch nicht bekannt und stimmen damit im Allgemeinen nicht mit denen des ursprünglichen Bildes überein [74]. Aus diesem Grund wird die zur Quantifizierung verwendete Gleichung 6.2 in dieser Arbeit als „offensichtliches“ SNR betrachtet.

6.3 Ergebnisse

6.3.1 Simulationen

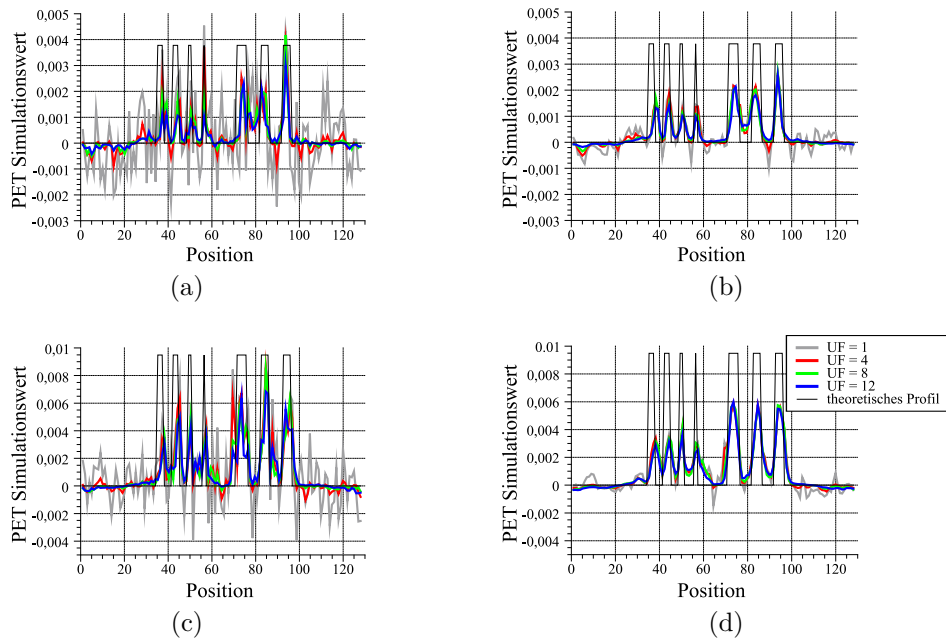


Abbildung 6.5: Linienprofil durch das simulierte Derenzo-Phantom bei einer simulierten Akquisitionszeit von (a)–(b) 2 s und (c)–(d) 5 s. Die Rekonstruktion des Ausgangsbildes (entspricht $UF = 1$) erfolgte in den Abbildungen (a) und (c) mit der FBP, in den Abbildungen (b) und (d) mit der FBP und einem zusätzlichen Hann-Fenster. Farblich dargestellt ist das Linienprofil durch die mit der vorgestellten Methode gefilterten Bilder bei unterschiedlich starker Unterabtastung. Die dünne, durchgezogene schwarze Linie entspricht dem theoretischen Profil, dessen Maxima aufgrund des Partialvolumeneffektes nicht erreicht werden (Abb. nach [101]).

2D Rekonstruktionen Das simulierte Objekt in GATE entspricht dem Derenzo-Phantom aus Abbildung 6.1 (a). In Abbildung 6.1 (b) sind die aktiven Zylinder zusammen mit einer Geraden dargestellt, entlang derer das Linienprofil zur Auswertung verlaufen soll. Abbildung 6.5 zeigt ein Beispiel für das Linienprofil bei einer simulierten Akquisitionszeit von 2 s (Abbildungen 6.5 (a)–(b)) und 5 s (Abbildungen 6.5 (c)–(d)). Hierbei erfolgte die Rekonstruktion des Ausgangsbildes (entspricht $UF = 1$) in den Abbildungen 6.5 (a) und

(c) mit der FBP, in den Abbildungen 6.5 (b) und (d) mit der FBP und einem zusätzlichen Hann-Fenster. Zusätzlich wurde das Linienprofil von den mit der vorgestellten Methode gefilterten Bildern bei verschieden starker Unterabtastung ($UF = 4, 8, 12$) aufgetragen. Durch eine durchgezogene schwarze Linie ist ebenfalls das theoretische Profil mit den vier kleineren (Position 30 – 60) und den drei größeren Zylindern (Position 70 – 100) in den Graphen eingezeichnet. Die Maxima würden jedoch auch bei langen Akquisitionszeiten aufgrund des Partialvolumeneffektes (Kapitel 2.4.2) nicht erreicht.

Die Ausgangsprofile, dargestellt durch die graue Kurve, zeigen gerade bei der FBP ohne Hann-Fenster starkes Rauschen und Artefakte. Insbesondere bei einer Akquisitionszeit von 2 s ist es kaum möglich, das Signal zu identifizieren. Nach der Anwendung von CS wird, unabhängig vom Grad der Unterabtastung, Rauschen deutlich unterdrückt. Die Stärke der Rauschunterdrückung ist abhängig von UF . Während bei niedrigen Unterabtastfaktoren das Signal selbst nur geringfügig beeinflusst wird, erfährt es jedoch mit steigendem UF ebenfalls eine Glättung. Durch das zusätzliche Hann-Fenster werden bereits bei der Rekonstruktion des Ausgangsbildes hohe Frequenzen unterdrückt. Das Profil ist bereits etwas geglättet. Der Effekt der Anwendung von CS fällt in diesem Fall im Allgemeinen geringer aus.

In Abbildung 6.6 sind beispielhaft die Ausgangsbilder mit und ohne Hann-Fenster (Abbildung 6.6 (a) und (b)) und die zugehörigen gefilterten Bilder mit $UF = 10$ (Abbildung 6.6 (e) und (f)) für eine Akquisitionszeit von 2 s gezeigt. Wie das Linienprofil bereits angedeutet, ist CS in der Lage, Rauschen und Artefakte aus den Bildern zu entfernen. Dies führt zu einer klaren Verbesserung der Bildqualität.

Abbildung 6.6 (h) macht zudem deutlich, dass der Effekt nicht lediglich auf der Unterdrückung hoher Frequenzen beruht. Zu diesem Zweck wurden für diese Abbildung 25 Abtastschemata entsprechend derer, die für CS eingesetzt werden, gemittelt und als Filter im Frequenzraum verwendet. Wie erwartet wird das Rauschen reduziert. Gleichzeitig erfolgt jedoch auch eine sichtbare Abschwächung und Glättung des Signals.

Zum Vergleich wurde der gleiche Datensatz mit dem OS-EM Algorithmus rekonstruiert. Abbildung 6.6 (c) zeigt das Ergebnis. Während der Rand des FOV praktisch rauschfrei ist, erhöht sich das Rauschen in der Nähe der aktiven Zylinder. Dies schwächt den Kontrast in diesen Bereichen. Daher können die mit CS gefilterten Bilder, gerade im Hinblick auf den Kontrast, die OS-EM Rekonstruktion übertreffen.

Des Weiteren wird ein Vergleich mit einer anderen Filtermethode gezogen. Hierfür wurden sowohl die Rekonstruktion mit der FBP, als auch die mit dem OS-EM Algorithmus mit einem bilateralen Filter nachbearbeitet. Die Ergebnisse sind in den Abbildungen 6.6 (g) ($\sigma_d = 3$, $\sigma_r = 0,007$, Radius von 2 Pixeln) und 6.6 (d) ($\sigma_d = 3$, $\sigma_r = 0,001$, Radius von 2 Pixeln) dargestellt. Auch wenn sich der Kontrast in beiden Fällen verbessert, wird gleichzeitig das Signal geglättet. Die Bildqualität der CS Rekonstruktionen konnte nicht erreicht werden.

Diese Ergebnisse werden durch die Auswertung mit Hilfe des SNR unterstützt. Abbil-

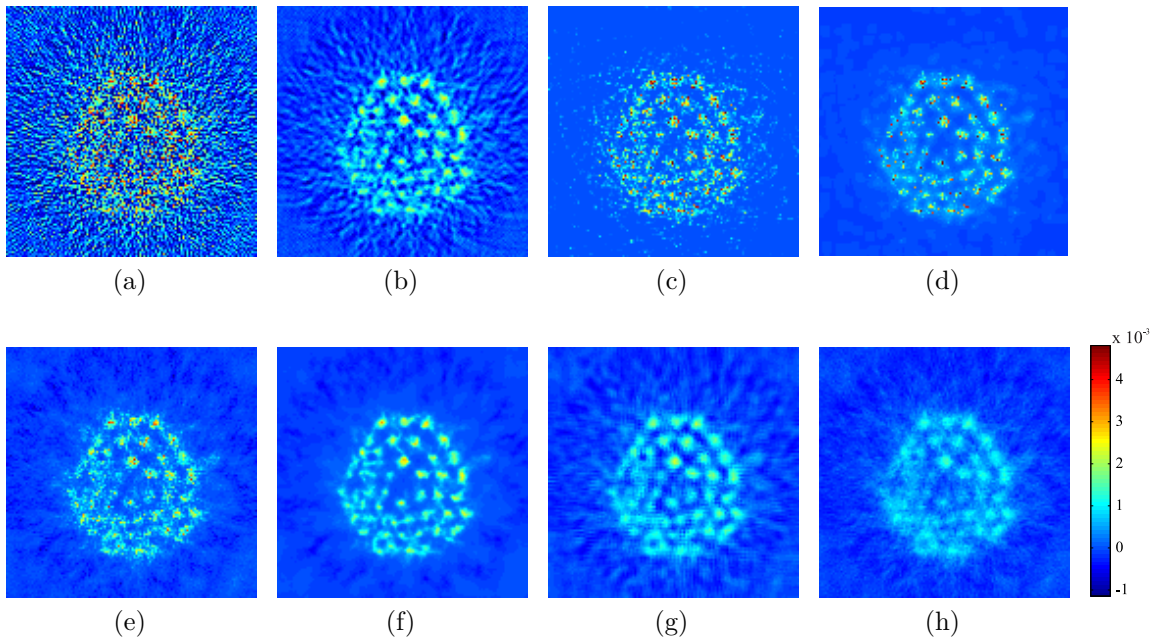


Abbildung 6.6: Rekonstruktion der simulierten Messung des Derenzo-Phantoms mit einer Akquisitionszeit von 2 s. (a) FBP. (b) FBP mit zusätzlichem Hann-Fenster. (c) OS-EM. (d) OS-EM, nachbearbeitet mit einem bilateralen Filter. (e) Filterung mit CS ($UF = 10$) der FBP Rekonstruktion. (f) Filterung mit CS ($UF = 10$) der FBP Rekonstruktion mit Hann-Fenster. (g) FBP Rekonstruktion, nachbearbeitet mit einem bilateralen Filter. (h) Filterung der FBP Rekonstruktion im Frequenzraum mit einem Filter bestehend aus 25 gemittelten Abtastschemata (Abb. nach [101]).

Abbildung 6.7 zeigt das SNR unterschiedlich rekonstruierter Bilder in Abhängigkeit von UF bei verschiedenen Akquisitionszeiten. Mit verstärkter Unterabtastung steigt das SNR, bis in etwa bei $UF = 10$ ein Plateau erreicht wird. Ab diesem Punkt ist durch eine stärkere Unterabtastung keine Verbesserung des SNR mehr zu erwarten. Wird UF dennoch erhöht, kehrt sich der Effekt um und das SNR fängt wieder an zu sinken. Durch die Anwendung von CS kann auf diesem Weg ein SNR gleich oder sogar größer als das einer Rekonstruktion mit OS-EM erreicht werden. Ab einer gewissen Anzahl an Ereignissen (ausgedrückt durch die Akquisitionszeit) bleibt das SNR der OS-EM Rekonstruktion stets über dem der gefilterten Bilder. Zusätzlich reduziert sich der Effekt der Filterung bei Ausgangsbildern von besserer Qualität. Dies belegt, dass sich die vorgestellte Filtermethode am besten für stark verrauschte Bilder mit wenigen gemessenen Ereignissen eignet.

Durch die SNR-Karten aus Abbildung 6.8 wird deutlich, warum das SNR bei zu großer Unterabtastung wieder zu sinken beginnt (in der Abbildung sind negative Werte des SNR gleich null gesetzt). Steht dem CS Algorithmus nicht genügend Information zur

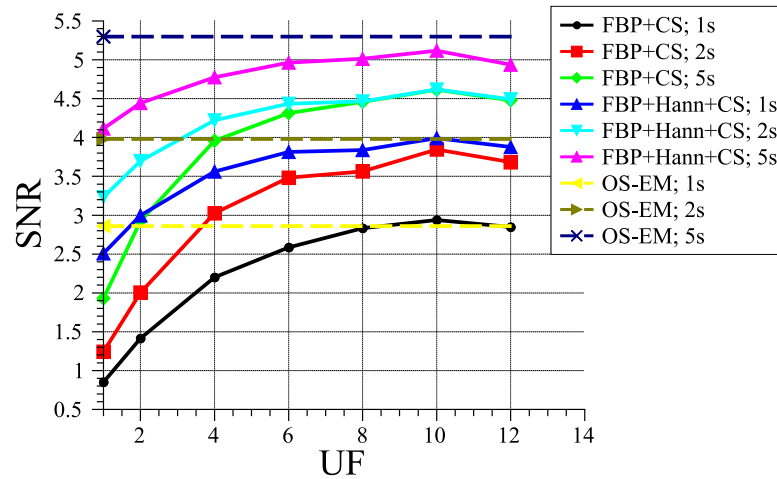


Abbildung 6.7: Quantitative Auswertung der 2D Rekonstruktionen mit Hilfe des SNR in Abhängigkeit von UF. Dargestellt sind simulierte Akquisitionszeiten von 1, 2, 5 s (Abb. nach [101]).

Verfügung, beginnt das rekonstruierte Bild zu verwischen. Dies zeigt sich deutlich in der SNR-Karte bei höherem UF. Das Signal wird in einen größeren Bereich außerhalb der heißen Zylinder verschmiert. Dieser liegt jedoch auch außerhalb der ROIs, zählt damit zum Hintergrund und wird als Rauschen gewertet. Das führt zu einer Verringerung des SNR des Bildes.

Bei der FBP (Abbildung 6.8 (a) – (d)) ist jedoch eine deutliche Zunahme des SNR in den inneren Zylindern bei der Anwendung von CS zu verzeichnen. Gleichzeitig wird das Rauschen in der Peripherie reduziert. Dies erklärt die qualitative Verbesserung der gefilterten Bilder.

Durch die Verwendung des Hann-Fensters wurde bereits Rauschen unterdrückt. In diesem Fall ist nur eine geringfügige Verbesserung durch die Anwendung von CS zu erwarten. Ab einem $UF = 8 - 10$ fangen auch diese Bilder an zu verwischen, wodurch sich die Bildqualität wieder reduziert.

3D Rekonstruktionen Analoge Ergebnisse liefert die Erweiterung auf den dreidimensionalen Fall. Nach der Rekonstruktion mit dem 3D RP Algorithmus wird die vorgestellte Methode auf den kompletten Datensatz angewandt. In Abbildung 6.9 ist ein transversaler Schnitt durch die rekonstruierten Datensätze bei unterschiedlichen Unterabtastfaktoren dargestellt. In diesem Fall ist bei einem $UF = 10$ eine deutliche Glättung des Signals festzustellen. Die besten Ergebnisse werden bei einer geringeren Unterabtastung erwartet.

Die Auswertung der Bilder durch das SNR bestätigt diese Annahme (Abbildung 6.10). Im Fall einer 3D Rekonstruktion wird das Plateau bereits bei einem $UF = 6 - 8$ erreicht. Eine stärkere Unterabtastung führt dazu, dass das SNR wieder deutlich sinkt. Diese Be-

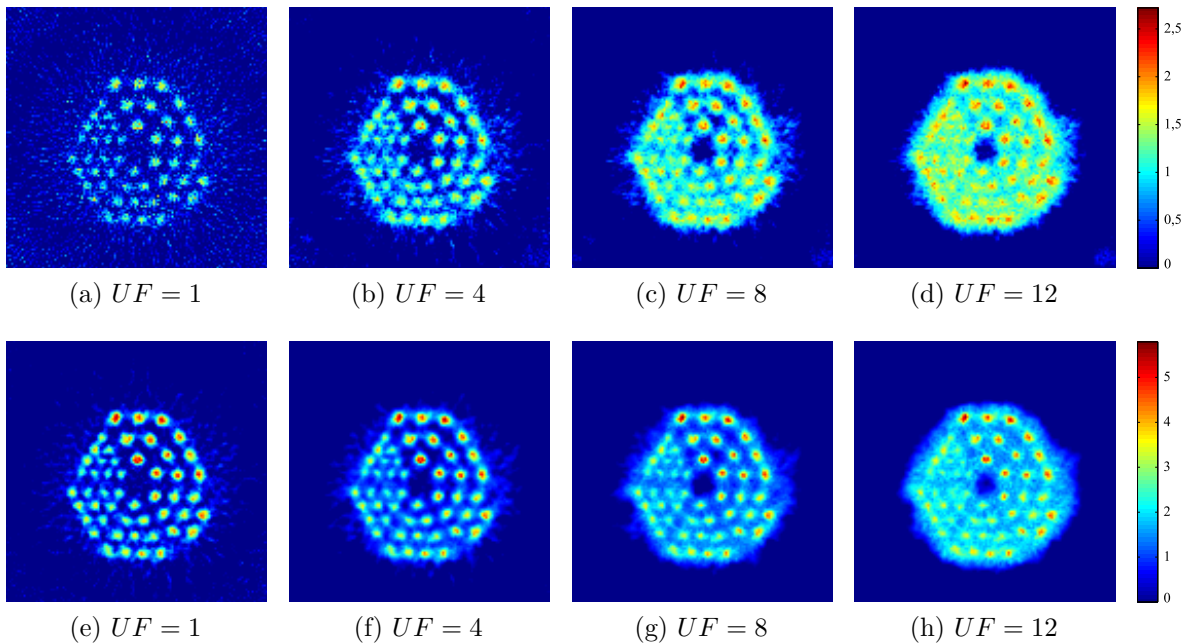


Abbildung 6.8: SNR-Karte der mit CS gefilterten Rekonstruktionen bei unterschiedlichen UF . Die Berechnung erfolgte anhand der 100 Datensätze mit einer Akquisitionszeit von 2 s. (a)–(d) Rekonstruktion mit der FBP. (e)–(h) Rekonstruktion mit der FBP und einem zusätzlichen Hann-Fenster; (Abb. nach [101]).

obachtung konnte für verschiedene Akquisitionszeiten bestätigt werden. Abbildung 6.10 zeigt außerdem das SNR einer 3D RP Rekonstruktion der kompletten Akquisitionszeit von 1200 s. In diesem Fall ist durch CS lediglich eine geringfügige Verbesserung möglich. Die Grafik veranschaulicht jedoch, dass eine Filterung der Datensätze mit deutlich kürzeren Akquisitionszeiten ein SNR liefern kann, welches sich in dem Bereich des SNR der kompletten Messung bewegt.

6.3.2 PET-Messungen

2D Rekonstruktionen Die rekonstruierten Bilder einer realen PET-Messung bekräftigen die Ergebnisse der Simulationen. In Abbildung 6.11 sind die Rekonstruktionen des mit dem μ PET gemessenen Derenzo-Phantoms gezeigt. Die Akquisitionszeit von 5 s liefert, wie bei den Simulationen, stark verrauschte Bilder. Insbesondere bei der FBP ist es kaum möglich, die inneren Zylinder des Phantoms auszumachen (Abbildung 6.11 (a)). Ein zusätzliches Hann-Fenster verbessert das Bild im Vergleich zur einfachen FBP (Abbildung 6.11 (b)). Die Streifenartefakte bleiben jedoch auch in diesem Fall bestehen. Die Filterung mit CS ($UF = 10$) ist hingegen in der Lage, aus beiden analytisch rekonstruierten Datensätzen einen Großteil des Rauschens und der Artefakte zu entfernen

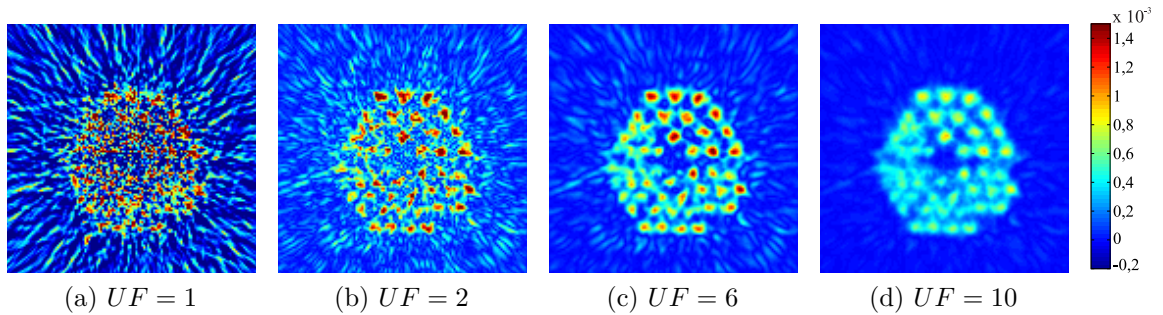


Abbildung 6.9: (a) Rekonstruktion der simulierten PET-Messung des Derenzo-Phantoms mit dem 3D RP Algorithmus. (b)–(d) Anwendung der vorgestellten 3D Filtertechnik mit CS auf den Datensatz aus (a) bei unterschiedlich starker Unterabtastung.

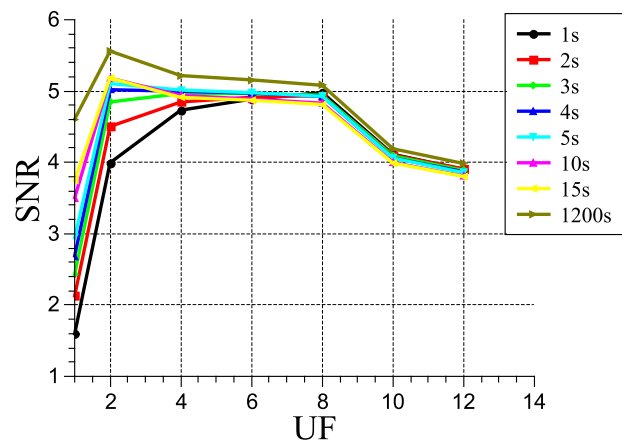


Abbildung 6.10: Quantitative Auswertung der 3D RP Rekonstruktionen mit Hilfe des SNR in Abhängigkeit von UF. Dargestellt sind simulierte Akquisitionszeiten von 1, 2, 3, 4, 5, 10, 15, 1200 s.

(Abbildungen 6.11 (e)–(f)). Im Hinblick auf den Kontrast und die Qualität des Bildes sind die gefilterten Datensätze der OS-EM Rekonstruktion aus Abbildung 6.11 (c) überlegen. Auch die mit dem bilateralen Filter nachbearbeitete OS-EM Rekonstruktion ($\sigma_d = 3$, $\sigma_r = 0,002$, Radius von 3 Pixeln) liefert keine vergleichbare Verbesserung (Abbildung 6.11 (d)).

Sowohl die bilaterale Filterung der FBP Rekonstruktion ($\sigma_d = 3$, $\sigma_r = 0,016$, Radius von 3 Pixeln) als auch der Filter im Frequenzraum, bestehend aus den überlagerten Abtastschemata, können Rauschen und Artefakte entfernen. Sie führen jedoch beide zu stark geglätteten Strukturen (Abbildungen 6.11 (g)–(h)).

Da bei einer Messung mit vielen Ereignissen das Rauschen prinzipiell geringer ist, würde in diesem Fall auch eine Filterung weniger Sinn ergeben. Wird diese dennoch durchgeführt, sollte das Bild sich nur geringfügig ändern. In Abbildung 6.12 ist die Rekonstrukti-

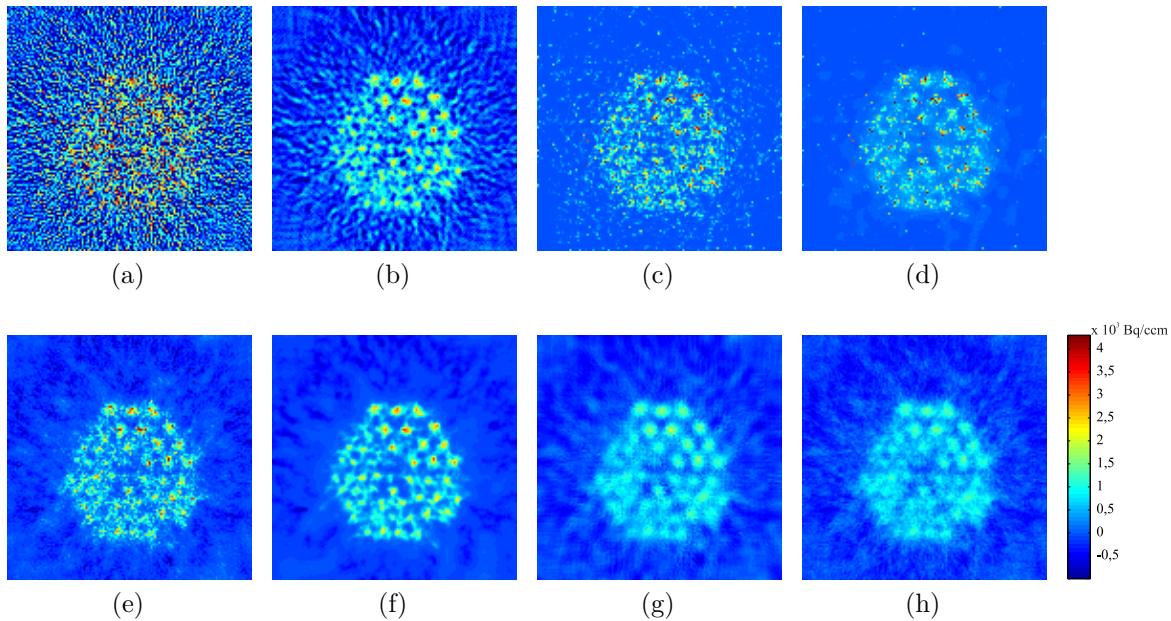


Abbildung 6.11: Rekonstruktion des mit dem μ PET gemessenen Derenzo-Phantoms mit einer Akquisitionszeit von 5 s. (a) FBP. (b) FBP mit zusätzlichem Hann-Fenster. (c) OS-EM. (d) OS-EM, nachbearbeitet mit einem bilateralen Filter. (e) Filterung mit CS ($UF = 10$) der FBP Rekonstruktion. (f) Filterung mit CS ($UF = 10$) der FBP Rekonstruktion mit Hann-Fenster. (g) FBP Rekonstruktion, nachbearbeitet mit einem bilateralen Filter. (h) Filterung der FBP Rekonstruktion im Frequenzraum mit einem Filter bestehend aus 25 gemittelten Abtastschemata (Abb. nach [101]).

on der Messung mit einer Akquisitionszeit von 3600 s gezeigt. Hier liefern bereits die FBP ohne als auch mit Hann-Fenster Bilder von sehr guter Qualität (Abbildungen 6.12 (a) und (b)). Die Filterung mit CS kann eine leichte Verbesserung durch das Entfernen der noch vorhandenen Streifenartefakte bewirken (Abbildungen 6.12 (c) und (d)). Insgesamt bleiben die Bilder jedoch praktisch unverändert. Es sei zusätzlich angemerkt, dass für Datensätze mit vielen Ereignissen der OS-EM Algorithmus prinzipiell der FBP überlegen ist und damit auch in der Praxis Verwendung findet.

Um das Verhalten der Filtertechnik an realistischen Daten zu testen, wurden zwei Datensätze von Versuchstieren rekonstruiert. Bei dem ersten Datensatz liegt der Fokus auf dem Herzen einer Ratte. Die Akquisitionszeit beträgt 60 s. Die 2D Rekonstruktionen sowie die Anwendung der unterschiedlichen Filter erfolgen anhand transversaler Schichten. Die Bilder in Abbildung 6.13 zeigen einen koronaren Schnitt, welcher sich aus einem Schichtstapel der transversalen Ebenen zusammensetzt. Durch Ischämie sind Teile des Herzmuskels abgestorben. Der erste Pfeil in der FBP Rekonstruktion aus Abbildung 6.13 (a) zeigt auf den entsprechenden Bereich. Durch das hohe Rauschen lässt sich mit etwas Erfahrung das Herz noch identifizieren, die äußere Kontur des Körpers ist jedoch

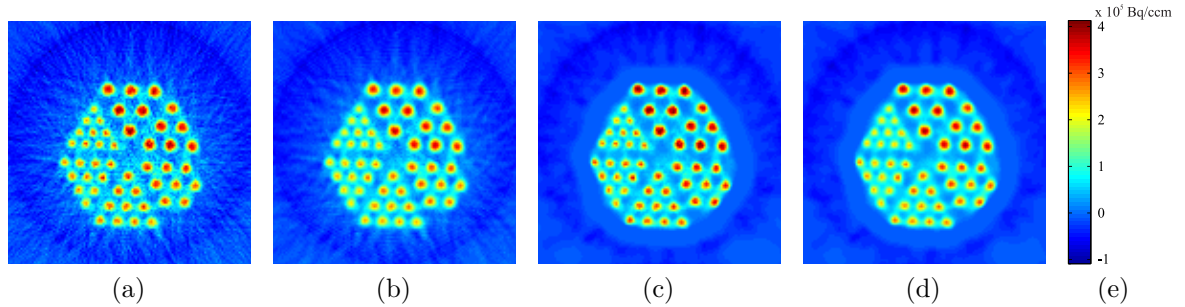


Abbildung 6.12: Rekonstruktion des mit dem μ PET gemessenen Derenzo-Phantoms mit einer Akquisitionszeit von 3600 s. (a) FBP. (b) FBP mit zusätzlichem Hann-Fenster. (c) Filterung mit CS ($UF = 10$) der FBP Rekonstruktion. (d) Filterung mit CS ($UF = 10$) der FBP Rekonstruktion mit Hann-Fenster.

nur schwer festzulegen. Auch der Übergang zwischen den vorderen Extremitäten und dem Kopf des Tieres verschwindet beinahe vollständig. Ein zusätzliches Hann-Fenster bei der Rekonstruktion liefert ein qualitativ besseres Bild, welches jedoch schon zu Beginn geglättet erscheint (Abbildung 6.13 (b)). In beiden Fällen kann eine Filterung mit CS ($UF = 8$) sowohl den Kontrast als auch die Qualität des Bildes deutlich verbessern. Es ist jedoch nicht möglich, die glättende Wirkung des Hann-Fensters rückgängig zu machen (Abbildung 6.13 (f)). Wird als Ausgangsbild die Rekonstruktion mittels FBP verwendet, liefert die Filterung ein ungeglättetes Bild von hoher Qualität mit gutem Kontrast (Abbildung 6.13 (e)). Im Vergleich zu der OS-EM Rekonstruktion ist das Ergebnis gleichwertig oder sogar überlegen (Abbildung 6.13 (c)). Beispielsweise ist der Bereich des Magens des Tieres, in welchem sich keine Aktivität befinden sollte (Pfeil 2 in Abbildung 6.13 (a)), in dem gefilterten Bild klarer und deutlicher abzugrenzen als in der OS-EM Rekonstruktion.

Die bilaterale Filterung der OS-EM und der FBP Rekonstruktion (Abbildungen 6.13 (d) und (g)) sowie die Verwendung der überlagerten Abtastschemata als Filter im Frequenzraum (Abbildung 6.13 (h)) sind auch hier nicht in der Lage, die Bilder vergleichbar zu der Filterung mit CS zu verbessern. Die Reduktion des Rauschens und der Artefakte geht gleichermaßen mit einer Glättung des Signals und der damit verbundenen Verminderung des Kontrastes einher.

In dem zweiten Datensatz aus Abbildung 6.14 liegt das Gehirn des Tieres im Zentrum des FOV. Die 2D Rekonstruktionen und Filtertechniken wurden auf die transversalen Ebenen angewandt. Die Abbildungen 6.14 (a, c, e, g, i) stellen einen koronaren, (b, d, f, h, j) einen sagittalen Schnitt dar, welcher sich jeweils aus den transversalen Ebenen zusammensetzt. Die gewählte Akquisitionszeit beträgt 30 s.

Sowohl in der Rekonstruktion mit FBP (Abbildungen 6.14 (a)–(b)), als auch in der mit dem OS-EM Algorithmus (Abbildungen 6.14 (e)–(f)) ist es durch die niedrige Rate an Ereignissen nur schwer möglich, das Gehirn des Tieres zu identifizieren. Eine klare Ver-

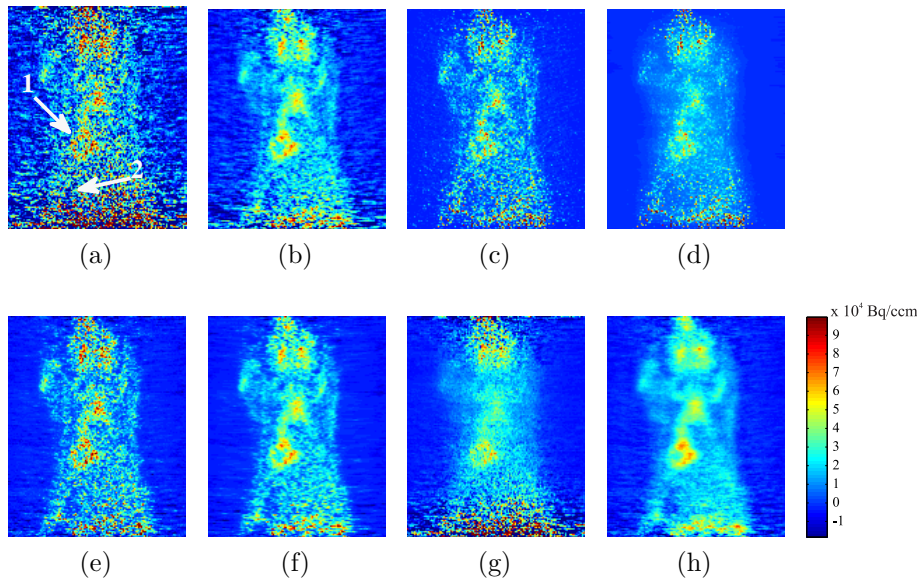


Abbildung 6.13: Rekonstruktion der FDG Messung des Datensatzes einer Ratte mit Ischämie des Herzens. Die Akquisitionszeit beträgt 60 s. Dargestellt ist ein koronarer Schnitt. (a) FBP; Pfeil 1 zeigt auf die verletzte Region des Herzmuskels, Pfeil 2 auf den Magen des Tieres. (b) FBP mit zusätzlichem Hann-Fenster. (c) OS-EM. (d) OS-EM, nachbearbeitet mit einem bilateralen Filter. (e) Filterung mit CS ($UF = 8$) der FBP Rekonstruktion. (f) Filterung mit CS ($UF = 8$) der FBP Rekonstruktion mit Hann-Fenster. (g) FBP Rekonstruktion, nachbearbeitet mit einem bilateralen Filter. (h) Filterung der FBP Rekonstruktion im Frequenzraum mit einem Filter bestehend aus 25 gemittelten Abtastschemas (Abb. nach [101]).

besserung bringt das Hann-Fenster, welches bei der FBP als zusätzlicher Filter verwendet wird (Abbildungen 6.14(c)–(d)). In diesem Fall ist es sogar möglich, in dem sagittalen Schnitt aus Abbildung 6.14(d) das Herz des Tieres am unteren Rand des FOV zu erkennen. Die gewählte Farbskalierung wurde zur Darstellung des Gehirns angepasst. Durch die erhöhte Anreicherung des Tracers im Herzen, wird dieses bei dieser Skalierung lediglich als großer roter Fleck abgebildet.

Die besten Ergebnisse werden durch eine Filterung mit CS ($UF = 8$) erzielt. Sowohl durch die Filterung der FBP Rekonstruktion ohne (Abbildungen 6.14(g)–(h)), als auch mit zusätzlichem Hann-Fenster (Abbildungen 6.14(i)–(j)) ist eine einfache Erfassung der Umrisse des Tieres, des Gehirns sowie des Herzens möglich. Wie bei den bisher gezeigten Beispielen, liefert die Filterung der Rekonstruktion mit Hann-Fenster ein leicht geglättetes Ergebnis.

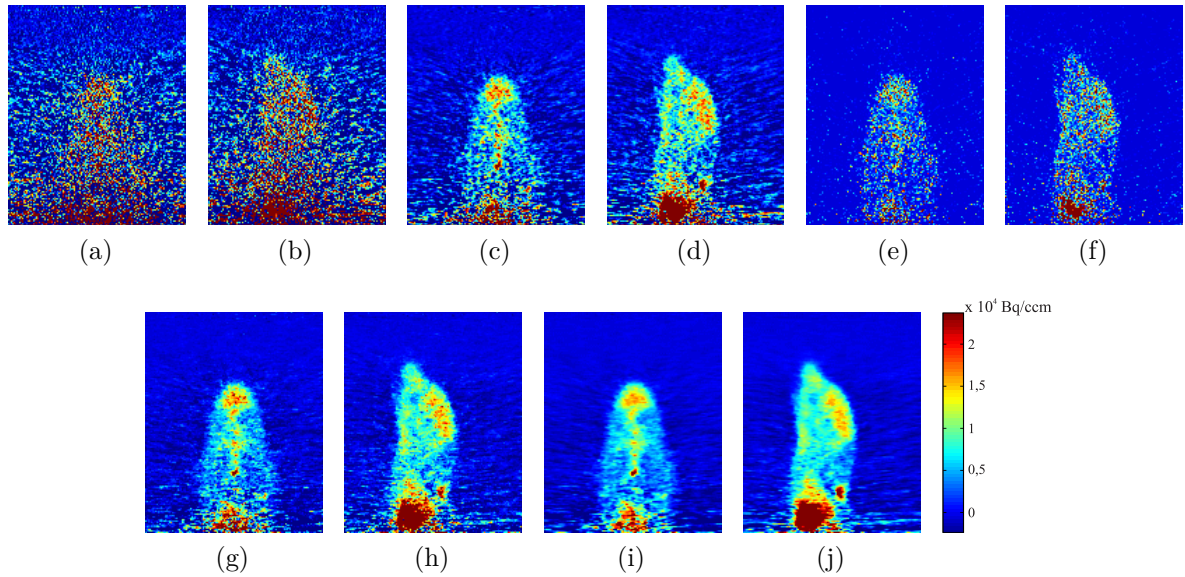


Abbildung 6.14: Rekonstruktion des Datensatzes einer PET-Messung des Gehirns einer Ratte mit einer Akquisitionszeit von 30 s. (a, c, e, g, i) koronarer Schnitt. (b, d, f, h, j) sagittaler Schnitt. (a)–(b) FBP. (c)–(d) FBP mit Hann-Fenster. (e)–(f) OS-EM. (g)–(h) Filterung mit CS ($UF = 8$) der FBP Rekonstruktion. (i)–(j) Filterung mit CS ($UF = 8$) der FBP Rekonstruktion mit Hann-Fenster.

3D Rekonstruktionen Analog zu den Simulationen, wurden die mit dem μ PET aufgenommenen Datensätze ebenfalls mit den 3D Methoden rekonstruiert. Abbildung 6.15 zeigt die Ergebnisse der Rekonstruktion des gemessenen Derenzo-Phantoms mit einer Akquisitionszeit von 5 s. Dargestellt ist jeweils ein transversaler Schnitt durch die Mitte des Phantoms.

Die Rekonstruktion mit der 3D RP liefert sowohl mit, als auch ohne Hann-Fenster qualitativ schlechte Bilder (Abbildungen 6.15 (a) und (b)). Eine signifikante Verbesserung wird durch die 3D Filterung mit der vorgestellten CS Methode ($UF = 8$) erzielt (Abbildungen 6.15 (d) und (e)). In beiden Fällen sind praktisch alle Zylinder gut zu erkennen und voneinander zu unterscheiden. Beide Bilder weisen eine deutlich bessere Qualität und einen stark erhöhten Kontrast auf. Die Filterung der Daten mit Hann-Fenster ist jedoch sichtbar geglättet. Im Hinblick auf den Kontrast ist gerade die Filterung des 3D RP Datensatzes vergleichbar mit der 3D OS-EM Rekonstruktion (Abbildung 6.15 (c)). Die iterative Rekonstruktion neigt jedoch dazu, ein schwaches Signal in den Zylindern zu unterdrücken. Dadurch erscheinen einige Strukturen mit einer falschen Größe und Form bzw. werden fast vollständig entfernt. Damit ist in diesem Punkt die Filterung der analytisch rekonstruierten Daten der iterativen Methode überlegen.

Zusätzlich wurden die Datensätze der beiden Ratten mit den 3D Methoden rekonstruiert. Abbildung 6.16 zeigt das Tier mit Ischämie des Herzens mit einer Akquisitionszeit von

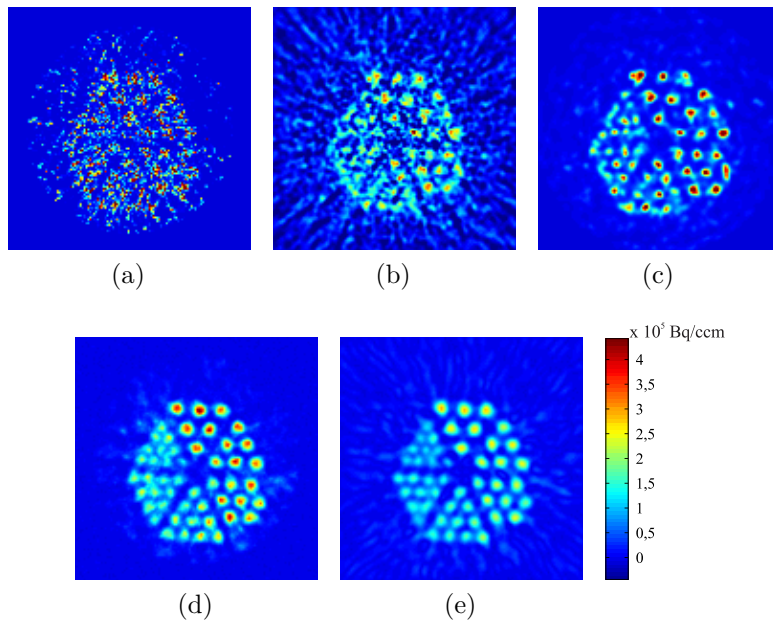


Abbildung 6.15: 3D Rekonstruktion des mit dem μPET gemessenen Derenzo-Phantoms mit einer Akquisitionszeit von 5 s. (a) 3D RP. (b) 3D RP mit zusätzlichem Hann-Fenster. (c) 3D OS-EM. (d) 3D Filterung mit CS ($UF = 8$) der 3D RP Rekonstruktion. (e) 3D Filterung mit CS ($UF = 8$) der 3D RP Rekonstruktion mit Hann-Fenster.

10 s (vergleiche die 2D Rekonstruktion aus Abbildung 6.13 mit einer Akquisitionszeit von 60 s). Zu sehen ist ein koronarer Schnitt. In Abbildung 6.17 sind in (a, c, e, g, i) koronare Schnitte, in (b, d, f, h, j) sagittale Schnitte durch die 3D Rekonstruktion des zweiten Datensatzes dargestellt, bei dem das Gehirn des Tieres im Zentrum des FOV liegt. Die Akquisitionszeit beträgt in diesem Fall 10 s (vergleiche die 2D Rekonstruktion aus Abbildung 6.14 mit einer Akquisitionszeit von 30 s).

Bei beiden Datensätzen liefert eine 3D RP Rekonstruktion ein Bild von minderer Qualität (Abbildungen 6.16 (a) bzw. 6.17 (a)–(b)). Die entscheidende Region (Herz bzw. Hirn) ist ebenso wie der Umriss des Tieres nicht eindeutig zu erkennen. Eine Verbesserung liefert ein zusätzliches Hann-Fenster (Abbildungen 6.16 (b) bzw. 6.17 (c)–(d)), wodurch sich die Qualität der 3D OS-EM Rekonstruktion annähert (Abbildungen 6.16 (c) bzw. 6.17 (e)–(f)). Gerade bei dem zweiten Datensatz ist es jedoch auch hier weiterhin nicht möglich, das Gehirn eindeutig abzugrenzen. Dies wird erst durch den Einsatz der Filtertechnik mit CS ($UF = 6$) an den analytischen 3D RP Rekonstruktionen ohne und mit Hann-Fenster möglich. Sowohl das Herz des ersten Tieres, als auch das Gehirn des zweiten Tieres werden deutlich dargestellt (Abbildungen 6.16 (d) und (e) bzw. 6.17 (g)–(h) und (i)–(j)). Des Weiteren ist es bei dem zweiten Tier nun wieder möglich, am unteren Bildrand das Herz zu identifizieren (durch die gewählte Farbskala verschwindet jedoch speziell bei den sagittalen Schnitten die Struktur und es erscheint lediglich als großer roter Fleck).

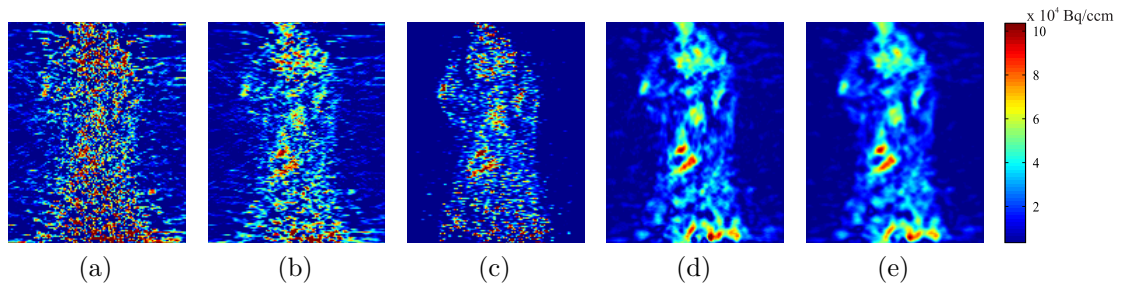


Abbildung 6.16: 3D Rekonstruktion der FDG Messung des Datensatzes einer Ratte mit Ischämie des Herzens. Die Akquisitionszeit beträgt 10 s (vergleiche die 2D Rekonstruktion aus Abbildung 6.13 mit einer Akquisitionszeit von 60 s). Dargestellt ist ein koronarer Schnitt durch den 3D Datensatz. (a) 3D RP. (b) 3D RP mit zusätzlichem Hann-Fenster. (c) 3D OS-EM. (d) 3D Filterung mit CS ($UF = 6$) der 3D RP Rekonstruktion. (e) 3D Filterung mit CS ($UF = 6$) der 3D RP Rekonstruktion mit Hann-Fenster.

6.4 Diskussion und Zusammenfassung

In den Kapiteln 6.1–6.3 wurde eine Methode vorgestellt, welche Compressed Sensing zur Filterung analytisch rekonstruierter PET-Bilder einsetzt. Die Anwendbarkeit und Effizienz wird sowohl anhand von Simulationen als auch realen Datensätzen bestätigt. Speziell für Messungen mit einer geringen Anzahl an Ereignissen und dem damit verbundenen hohen Rauschanteil sowie den Artefakten direkter Rekonstruktionsmethoden, liefert der präsentierte Algorithmus Bilder von deutlich verbesserter Qualität. Das signifikant erhöhte SNR und der verstärkte Kontrast beruhen auf der Reduktion des Rauschens sowie der Artefakte, während das eigentliche Signal nur geringfügig beeinflusst wird.

Eine Grundvoraussetzung für Compressed Sensing ist eine dünnbesetzte oder komprimierbare Form der Bilder. In den hier verwendeten Beispielen wird davon ausgegangen, dass die Datensätze im Ortsraum bereits dünnbesetzt sind. Es existiert jedoch keine eindeutige Definition, wann eine Matrix als dünnbesetzt gilt. Aus diesem Grund ist diese Annahme für die gewählten Datensätze nur bedingt erfüllt. Beispielsweise hätten im rauschfreien Fall bei dem ersten realen Datensatz einer Ratte mit Ischämie des Herzmuskels in etwa 10 % der Einträge einen von null verschiedenen Wert. Bei dem zweiten Datensatz, bei dem der Fokus auf dem Gehirn des Tieres liegt, weisen bei Vernachlässigung des Rauschens zirka 6 % der Voxel einen Wert ungleich null auf.

Wie in Kapitel 4 über CS angedeutet, hängt die mögliche Stärke der Unterabtastung unter anderem von diesem Faktor ab. Je nach Art der Untersuchung ist jedoch bekannt, auf welchem Körperteil der Fokus liegt. Damit kann bereits vor der Messung die mögliche Stärke der Unterabtastung abgeschätzt werden. Durch die retrospektive Anwendung der Filtermethode ist es aber ebenso möglich, den Unterabtastfaktor im Anschluss an die Messung festzulegen und zu variieren. Auf diesem Weg kann UF leicht an verschie-

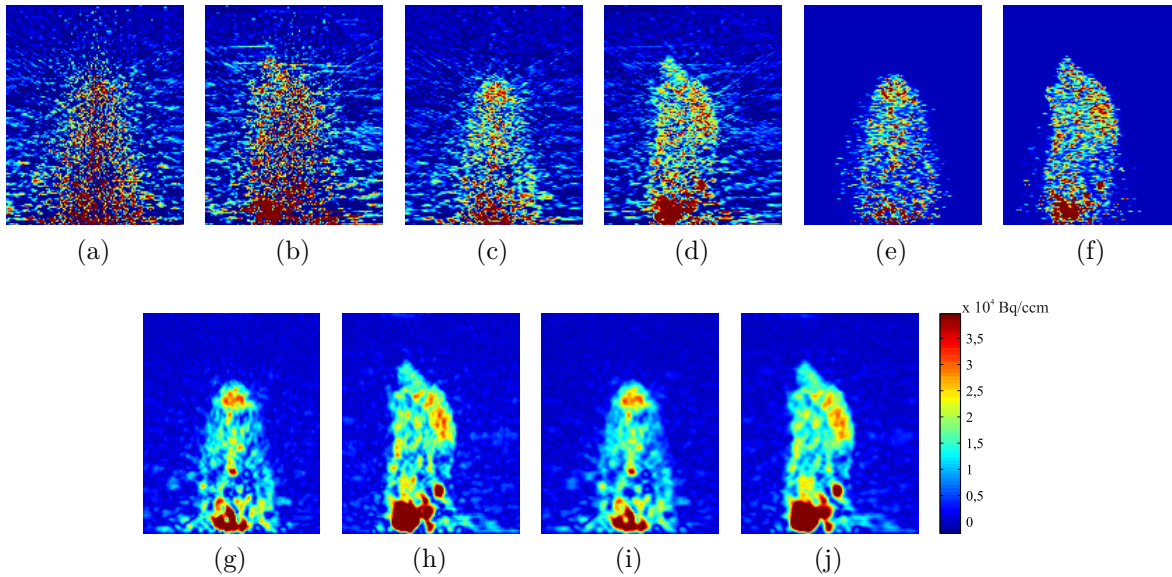


Abbildung 6.17: 3D Rekonstruktion des Datensatzes einer PET-Messung des Gehirns einer Ratte mit einer Akquisitionszeit von 10 s (vergleiche die 2D Rekonstruktion aus Abbildung 6.14 mit einer Akquisitionszeit von 30 s). (a, c, e, g, i) koronarer Schnitt. (b, d, f, h, j) sagittaler Schnitt. (a)–(b) 3D RP. (c)–(d) 3D RP mit Hann-Fenster. (e)–(f) 3D OS-EM. (g)–(h) 3D Filterung mit der vorgestellten Methode ($UF = 6$) der 3D RP Rekonstruktion. (i)–(j) 3D Filterung mit der vorgestellten Methode ($UF = 6$) der 3D RP Rekonstruktion mit Hann-Fenster.

dene Messungen angepasst werden, wodurch die Möglichkeit der Anwendung von CS gerechtfertigt ist. Dies wird durch die vorgestellten Ergebnisse bestätigt.

In anderen Applikationen wird CS beispielsweise zur Reduktion der Messzeit verwendet. Dadurch ist es möglich, weniger Daten aufzunehmen, als durch das Abtasttheorem vorgegeben ist und somit Akquisitionszeit zu sparen. Eine zu starke Unterabtastung führt zu einem geglätteten und verwischten Signal. In diesem Fall müsste die Messung verlängert oder entsprechend wiederholt werden, was nicht immer durchführbar ist. Den Ausgangspunkt der hier vorgestellten Methode stellt ein kompletter Datensatz dar. Damit kann die Filterung zu jeder Zeit mit einem niedrigeren UF erneut berechnet werden, um eine Glättung des Bildes zu vermeiden.

Durch die retrospektive Unterabtastung werden bei einer Anwendung von CS gemessene Daten verworfen. Intuitiv kann es als Nachteil eines Verfahrens ausgelegt werden, bereits bekannte Daten wieder zu verwerfen. In der vorgeschlagenen Anwendung erfolgt eine Überlagerung von 25 mit CS rekonstruierter Bilder, wobei eine Variation des Abtastmusters vorgenommen wird. Durch die Verwendung unterschiedlicher Abtastmuster fließt insgesamt ein Großteil der bekannten Daten in das gefilterte Bild ein. Bezogen auf das Endergebnis entspricht die Menge der verworfenen Daten lediglich einem Bruchteil

dessen, was durch UF angegeben wird. Beispielsweise werden bei einem $UF = 4$ etwa 99% der Daten verwendet, bei einem $UF = 10$ immer noch zirka 83%. Des Weiteren verwendet CS Vorwissen, welches bei einer normalen Rekonstruktion unberücksichtigt bleibt. Damit kann dieser „Nachteil“ des Verfahrens entkräftet werden.

Die Anwendung von CS nach der beschriebenen Methode entspricht einer Filtertechnik. Ein Nachteil vieler Filter besteht darin, dass unterschiedliche Parameter eingestellt und gegeneinander abgeglichen werden müssen. Diese Parameter können sich auf der einen Seite bei unterschiedlichen Datensätzen stark unterscheiden, auf der anderen Seite kann es zum Teil durch leichte Variationen zu merklichen Veränderungen des Ergebnisses kommen.

Auch in dem vorgestellten Algorithmus existieren mehrere Parameter: ϵ , t und UF . Den ersten beiden wird bei allen verwendeten Datensätzen im 2D sowie im 3D Fall derselbe Startwert zugewiesen. Ein Abgleichen ist folglich nicht nötig. Kleine Änderungen bei UF führen nur zu geringen Änderungen im gefilterten Bild. Dies macht diesen Parameter leicht zu handhaben.

Des Weiteren kann die Anzahl der für die Berechnung des Mittelwertes verwendeten CS Rekonstruktionen als Parameter angesehen werden. Die in dieser Arbeit verwendete Anzahl von 25 gemittelten Datensätzen wurde im Hinblick auf die qualitative Verbesserung der Bilder gewählt. Eine größere Anzahl führt bei den hiesigen Datensätzen lediglich zu minimalen Änderungen des Ergebnisses. Eine Optimierung könnte, insbesondere im Hinblick auf die zur Verfügung stehende Hardware und die damit verbundene Berechnungszeit durchgeführt werden. Es ist jedoch zu erwarten, dass dieser Parameter lediglich einmal für eine gewisse Art von Datensatz eingestellt und weiterhin für alle gleichartigen Messungen verwendet wird. Dies macht auch an dieser Stelle keinen Abgleich nötig.

Der in der Praxis tatsächlich relevante Parameter ist damit lediglich UF , welcher, wie bereits beschrieben, vor der Messung abgeschätzt werden kann und leicht einstellbar ist.

Ein kritischer Punkt aller Rekonstruktionsverfahren ist deren Berechnungszeit. Auch wenn die vorgestellte Methode unter den gegebenen Voraussetzungen Bilder von besserer Qualität als der OS-EM Algorithmus liefern kann, muss die Berechnungszeit mindestens vergleichbar zu der von OS-EM, besser deutlich darunter sein.

Für sämtliche 2D Algorithmen wurde eine eigene Implementierung in MATLAB verwendet. Der Fokus lag hierbei auf einer korrekten Implementierung. Zusätzlich wurde von einer Parallelisierung, also der parallelen Berechnung unabhängiger Teile des Algorithmus auf unterschiedlicher Hardware abgesehen. Die Algorithmen sind daher nicht auf Geschwindigkeit bzw. Leistung optimiert. Dies erschwert einen Vergleich der unterschiedlichen Rekonstruktionszeiten. Die folgenden Zahlenwerte sollen daher lediglich einen Anhaltspunkt geben. Für die Rekonstruktion einer transversalen Schicht benötigte der Algorithmus für die FBP $t_{\text{FBP}} \approx 0,2\text{s}$. Mit dem OS-EM (16 Teilmengen, 4 Iterationen) dauerte die Berechnung $t_{\text{OS-EM}} \approx 8,6\text{s}$. Bei der Filterung mit CS wurde der Mittelwert aus 25 CS-Rekonstruktionen berechnet. Diese Rekonstruktionen können komplett parallel berechnet werden. Bei einer vollständigen Parallelisierung benötigt dieser Algorithmus $t_{\text{CS}} \approx 1,7\text{s}$ (entspricht der Zeit für eine CS Rekonstruktion mit 420 Itera-

tionen resultierend aus den verwendeten Startwerten). Für die 3D RP Rekonstruktion sowie den 3D OS-EM wurde eine Software verwendet, welche auf einem separaten Computer mit anderer Hardware installiert ist. Ein Vergleich der Rekonstruktionszeiten ist daher in diesem Fall nicht sinnvoll.

Sowohl bei dem OS-EM Algorithmus als auch bei CS hängt die Berechnungszeit stark mit der Anzahl an Iterationen zusammen. Des Weiteren kann bei CS, abhängig von der technisch möglichen Parallelisierung, die Anzahl der gemittelten Bilder eine Rolle spielen. Die Zahlenwerte zeigen jedoch, dass eine Implementierung möglich ist, welche Berechnungszeiten kürzer oder im Bereich der iterativen Methode liefert.

Des Weiteren stellt die Filterung eine Nachbearbeitung der Daten dar. Haben die rekonstruierten Bilder bereits eine entsprechende Qualität, kann davon abgesehen werden, diese durchzuführen. In diesem Fall entspricht die Berechnungszeit lediglich derer für die schnelle, analytische Rekonstruktion, während der OS-EM Algorithmus stets seine volle Rekonstruktionszeit benötigt.

Ein großer Vorteil der PET gegenüber anderen bildgebenden Verfahren ist die Möglichkeit der Quantifizierung. Über eine Kalibrierung kann einer gemessenen Anzahl an Ereignissen ein Wert zugewiesen werden, welcher der Anreicherung des Tracers entspricht. Auf diesem Weg ist es möglich, unterschiedliche Messungen miteinander zu vergleichen. Wie eingangs erwähnt, sind Rekonstruktionen mit der FBP quantifizierbar [92, 93]. Idealerweise sollte eine Filtertechnik die Quantifizierbarkeit der Daten nicht beeinflussen. Es ist zwar vorstellbar, dass der Filter lediglich der Anzeige der Daten dient, die Quantifizierung jedoch auf den zugrundeliegenden Rohdaten basiert. Für diese Anwendung müsste die Filterung jedoch bei jedem Öffnen des Datensatzes neu berechnet und zwischengespeichert werden.

Um allgemein die Quantifizierbarkeit zu testen, müssten verschiedenste Datensätze mit unterschiedlichen gemessenen Objekten, Akquisitionszeiten und applizierten Aktivitäten verwendet werden. Eine evidenzbasierte Evaluierung geht über den Rahmen dieser Arbeit hinaus. Erste Tests legen jedoch nahe, dass die Filterung die Quantifizierbarkeit der Daten nicht beeinflusst. Hierfür wurden simulierte Kalibriermessungen mit GATE durchgeführt. Das Phantom entspricht einem Zylinder (Durchmesser von 31 Voxeln, Kantenlänge $0,79 \times 0,79$ mm; Höhe 10,0 mm bestehend aus 10 Schichten mit je 1,0 mm). Als Quelle wurde jedem Voxel 270 Bq ^{18}F zugewiesen. Die Rekonstruktion folgte dem Vorgehen für den 2D Fall, welcher in Kapitel 6.2.3 beschrieben ist, wobei Akquisitionszeiten von 1, 2, ..., 5 s entsprechend der Simulationen des Derenzo-Phantoms verwendet wurden. Für die Auswertung wurde jeweils ein sog. *volume of interest* (VOI, „Volumen von Interesse“) in den Zylinder gelegt und der Mittelwert der eingeschlossenen Voxel berechnet. Diese Werte entsprechen den theoretisch „erwarteten“ Ereignissen pro Voxel. An dieser Stelle wird nun davon ausgegangen, dass, unter der Voraussetzung der Quantifizierbarkeit der FBP, die Filterung mit CS ebenfalls quantifizierbar ist, wenn es keine großen Abweichungen zwischen den Kalibrierungen gibt. Die Ergebnisse zeigen eine maximale Abweichung der Mittelwerte von $\sim 0,1\%$. Dies gibt einen ersten Hinweis darauf, dass die gefilterten Bilder quantifizierbar bleiben. Es sind jedoch ausführliche Tests nötig, um diese These zu belegen.

In der Einführung wurde bereits darauf hingewiesen, dass es bei der Rekonstruktion mit dem OS-EM Algorithmus bei Datensätzen mit wenigen Ereignissen zu systematischen Fehlern kommen kann. Der Algorithmus kann jedoch erweitert werden, um dieses Problem zu lösen. Ein Beispiel ist der AB-OS-EM Algorithmus (mit der unteren Grenze A und der oberen Grenze B für die Werte des rekonstruierten Bildes), welcher auf dem AB-ML-EM Algorithmus beruht [107–109]. Es konnte gezeigt werden, dass diese Erweiterung dazu führen kann, den systematischen Fehler zu reduzieren bzw. zu entfernen [97]. Für gewöhnlich benötigen solche Erweiterungen jedoch zusätzliche Rekonstruktionszeit. Des Weiteren fallen zusätzliche Parameter an, welche eingestellt und gegebenenfalls abgestimmt werden müssen. Beide Punkte stellen wiederum Nachteile gegenüber der vorgestellten Filterung dar.

Auch bei den EM Verfahren ist es möglich, das Vorwissen einer dünnbesetzten Matrix zu nutzen und in die Berechnung zu integrieren. Dies wird im Englischen als *penalized likelihood* (PL, „bestrafte Wahrscheinlichkeit“) bezeichnet. Auch in diesem Fall treten jedoch zusätzliche Parameter auf. Diese können ebenfalls sehr sensitiv auf Veränderungen reagieren. Als Beispiel dient ein PL-EM Algorithmus, welcher die l_1 -Norm zur Regularisierung verwendet. Für die Berechnungen wird der MATLAB Code aus der „*Matlab tomography toolbox*“ von J. A. Fessler verwendet [110], bei welchem die Parameter β und γ übergeben werden müssen. In Abbildung 6.18 sind die Ergebnisse bei unterschiedlichen Werten für β und γ zu sehen. Ausgangspunkt für die Rekonstruktion ist das mit GATE simulierte Derenzo-Phantom mit einer Akquisitionszeit von 5 s. Die Abbildungen 6.18 (a) ($\beta = 51; \gamma = 3 \cdot 10^{-5}$) und (b) ($\beta = 50; \gamma = 4 \cdot 10^{-5}$) zeigen zwei sehr ähnliche Rekonstruktionen. Wird einer der Parameter nur leicht verändert, kann ein unbrauchbares Bild resultieren (Abbildung 6.18 (c) ($\beta = 51; \gamma = 4 \cdot 10^{-5}$)).

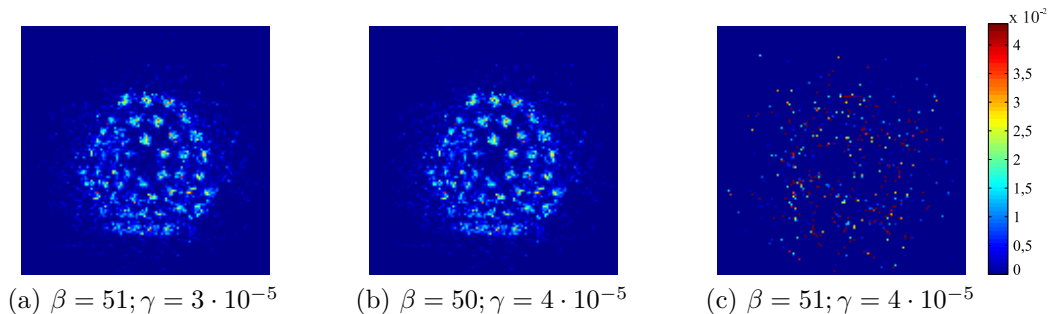


Abbildung 6.18: PL-EM Rekonstruktion des simulierten Derenzo-Phantoms mit einer Akquisitionszeit von 5 s. Während die Rekonstruktion mit den Parametern aus (a) und (b) beinahe identische Bilder liefert, führt bereits eine geringfügige Abweichung einer der Parameter zu dem unbrauchbaren Ergebnis aus (c).

Natürlich kann die Filtertechnik mit CS auch auf Bilder angewandt werden, welche mit dem OS-EM Algorithmus rekonstruiert wurden. Im allgemeinen ist das Rauschen bei

diesen Bildern nicht wie bei einer FBP Rekonstruktion über das Bild verteilt, sondern konzentriert sich in einem gewissen Bereich. Die Werte am Rand des FOV werden normalerweise praktisch auf Null reduziert. Damit fällt eine Unterscheidung zwischen dem Rauschen und dem eigentlichen Signal schwer, wodurch beides auch nach der Filterung mit CS größtenteils erhalten bleibt. Die leichte qualitative Verbesserung des Bildes beruht hauptsächlich auf einer glättenden Wirkung, speziell für höhere Werte von UF . Zur Demonstration wurde in Abbildung 6.19 die OS-EM Rekonstruktion aus Abbildung 6.6 (c) mit CS unter Verwendung unterschiedlicher Unterabtastfaktoren nachbearbeitet. Um den Vergleich zu erleichtern, ist in Abbildung 6.19 (a) das Bild aus Abbildung 6.6 (c) noch einmal dargestellt.

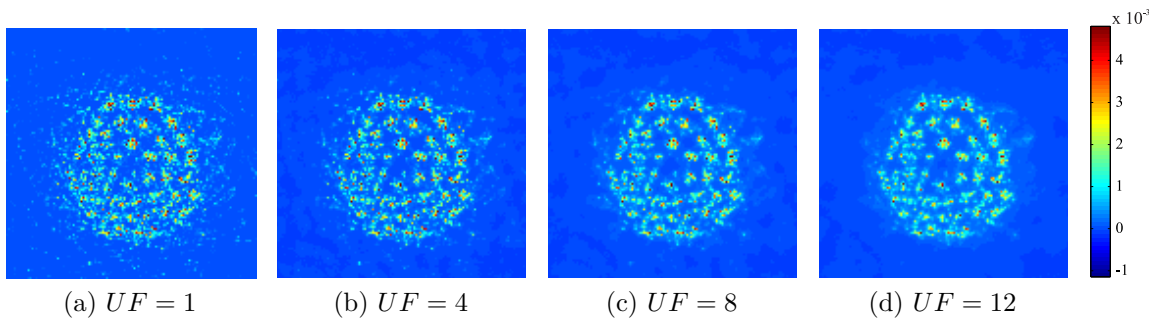


Abbildung 6.19: CS Filterung von mit dem OS-EM Algorithmus rekonstruierten Bildern.

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass die in diesem Kapitel vorgestellte Filtertechnik mit CS zu einer signifikanten Verbesserung analytisch rekonstruierter Bilder führen kann. Die Anwendung eignet sich insbesondere für Datensätze mit wenigen gemessenen Ereignissen. In diesem Fall liefern direkte Rekonstruktionsmethoden für gewöhnlich Bilder mit sehr hohem Rauschanteil und starken Artefakten. CS ist in der Lage beides zu reduzieren, ohne das eigentliche Signal stark zu beeinflussen.

Als mögliche Anwendungsgebiete bieten sich sowohl dynamische, als auch getriggerte Messungen an. Bei den dynamischen Aufnahmen ist der zeitliche Verlauf eines Tracers *in-vivo* von Interesse. Hierfür werden mehrere, häufig relativ kurze Zeitframes gebildet. Bei der Rekonstruktion einer größeren Anzahl an Frames spielt die Rekonstruktionszeit eine wichtige Rolle. Deshalb bieten sich hier die analytischen Rekonstruktionsverfahren an. Durch die Filterung mit CS kann die Qualität der resultierenden verrauschten Bilder nun erheblich verbessert werden. Gleiches gilt bei getriggerten Messungen. In diesem Fall wird die komplette Messung in mehrere Phasen eingeteilt. Aus jeder Phase wird ein eigenes Bild rekonstruiert. Damit ist es auch in diesem Fall erforderlich, eine Reihe (für gewöhnlich 8 oder mehr) von Datensätzen zu rekonstruieren, bei welchen durch die effektiv kürzeren Aufnahmezeiten von wenigen gemessenen Ereignissen ausgegangen werden kann. Dynamische Messungen finden unter anderem bei der neurologischen Untersuchung des Gehirns Anwendung, getriggerte Messungen werden zum Beispiel bei der Betrachtung des Herzens verwendet. In Kapitel 6.3 werden Datensätze aus beiden

Beispielen verwendet. Liegt der Fokus der Messung auf dem Gehirn, ist von einem dünnbesetzteren Bild auszugehen. Offensichtlich ist die Filtermethode jedoch in beiden Fällen erfolgreich anwendbar. Wie bereits erwähnt, sollten jedoch, speziell im Hinblick auf die Quantifizierbarkeit, weitere Studien erfolgen, um eine praktische Anwendung für unterschiedlichste Datensätze rechtfertigen zu können.

7 Reduktion der Rekonstruktionszeit bei Rohdaten-basierter Triggerung in der PET durch Compressed Sensing

7.1 Einführung

Als eine nicht-invasive Methode für funktionelle Bildgebung erlangte die PET in den letzten Jahren speziell als Technik zur Bewertung von Perfusion und Stoffwechselprozessen des Herzens immer größere Bedeutung [111]. Die inhärente Bewegung des Herzmuskels kann jedoch dazu führen, dass durch die signifikant verwischten Bilder die Ergebnisse verfälscht werden. In der Praxis wird daher häufig Gating eingesetzt, um die Bewegung und die durch Bewegung hervorgerufenen Artefakte zu reduzieren. Standardmäßig erfolgt die Aufnahme des hierfür benötigten Triggersignals durch ein EKG. Mehrere Studien haben jedoch bereits die Möglichkeit der Anwendung Rohdaten-basierter Verfahren für das Gating der Atmung und des Herzschlags gezeigt [63, 64, 67, 112]. Die meisten Studien befassen sich mit dem Gating der Atmung bei der humanen PET.

Die Entwicklung neuer Tracer, unter anderem zur Bestimmung biologischer Prozesse im Herzen, stellt ein fortwährendes Forschungsthema der Nuklearmedizin dar. Vor einer Anwendung dieser Tracer am Menschen erfolgen für gewöhnlich ausführliche Bewertungen an Tieren [113–116]. Im Hinblick auf eine Anwendung der Triggerung oder, im Speziellen, der Rohdaten-basierten Triggerung an einem Kleintier-PET, existieren jedoch lediglich wenige Arbeiten [117–119].

Wird das Triggersignal aus den inhärent akquirierten Rohdaten gewonnen, ist keine zusätzliche Hardware, wie beispielsweise ein EKG-Gerät, notwendig. Dies stellt einen klaren Vorteil der Rohdaten-basierten Verfahren dar. Nachteilig ist jedoch, dass die Berechnung des Triggersignals Zeit benötigt. In Abhängigkeit des verwendeten Algorithmus kann dies eine erhebliche Verzögerung bedeuten, bis die rekonstruierten Bilder zur Verfügung stehen. Speziell bei Methoden, welche auf Sinogrammen oder bereits rekonstruierten Bildern beruhen, ist von einem zum Teil enormen Rechen- und damit Zeitaufwand auszugehen.

Wie in Kapitel 4 dargestellt, beruht die mathematische Methode des CS auf der Verwendung von Vorwissen. Sie bietet die Möglichkeit, lediglich einen Bruchteil der nach dem Abtasttheorem notwendigen Daten aufzunehmen und trotzdem das vollständige Signal zu berechnen. Ein Triggersignal weist im Frequenzraum für gewöhnlich eine dünnbesetz-

te Form auf. Damit ist eine der Voraussetzungen für eine Anwendung von CS erfüllt. Die Ziele dieses Kapitels lassen sich in drei miteinander verknüpften Punkten zusammenfassen:

1. Anwendung von Gating am Kleintier-PET
2. Einsatz der Rohdaten-basierten Triggerung am Herzen
3. Reduktion der Rekonstruktionszeit bei der Rohdaten-basierten Triggerung durch die Verwendung von Compressed Sensing

Der Fokus liegt hierbei auf dem dritten Punkt, wodurch die Anwendbarkeit der ersten beiden Punkte ebenfalls gezeigt wird.

7.2 Materialien und Methoden

Für sämtliche Berechnungen und die vorgestellten Algorithmen werden, wenn nicht anders angegeben, eigene Implementierungen in MATLAB verwendet.

7.2.1 PET-Messungen

Die PET-Messungen erfolgen am Siemens *Inveon* Kleintier-PET (Kapitel 6.2.2). Die Akquisition wird mit Hilfe der Software *Inveon Acquisition Workplace*, Version 1.5.0.28, der Firma Siemens durchgeführt. Das Energiefenster wird auf 350 – 650 keV festgelegt, als Zeitfenster werden 3.432 ns gewählt. Die Ereignisse werden im List-Mode Format bei einer Ringdifferenz von ± 79 abgespeichert.

Zur Analyse und Auswertung werden drei Datensätze von Ratten (Wistar) sowie zwei Datensätze von Mäusen (black6; C57BL/6, Wildtyp und athymic nude-Fox1nu) verwendet. Die Herzen der beiden Mäuse (Maus 1 und Maus 2) sowie zweier Ratten (Ratte 1 und Ratte 2) waren völlig gesund, wohingegen das dritte Tier (Ratte 3) durch eine Operation einige Tage vor der PET-Messung eine Ligatur der linken Herzkranzarterie erlitten hatte. Dies rief eine Ischämie des Myokards hervor, wodurch Teile des Herzmuskelgewebes abstarben.

Durch Anästhesie mit 1,5 – 2,0% Isoflurane/Sauerstoff wurde verhindert, dass sich die Tiere während der Messung bewegen. Als Tracer kam FDG zum Einsatz. Die beiden gesunden Ratten erhielten hierbei eine erhöhte Menge von etwa 75 MBq, das dritte Tier 28,7 MBq. Den Mäusen wurden lediglich $5,2 \pm 0,4$ MBq verabreicht. Die Injektion erfolgte über die Schwanzvene. Die Aufnahme startete 50 min nach Injektion. Die Akquisitionszeit betrug bei allen Messungen 10 min.

7.2.2 Rohdaten-basierte Triggerung

Abstrakte Die Herzfrequenz von Mäusen liegt normalerweise im Bereich von ca. 330 – 530 Schläge/min, die von Ratten etwa bei 250 – 380 Schläge/min [120]. Bei narkotisierten Tieren kann davon ausgegangen werden, dass sich die Schlagrate im unteren Bereich

bewegt. Eine Abtastrate von 50 ms erfüllt das Abtasttheorem für Frequenzen bis zu 600 Schläge/min. Diese Wahl liefert genügend Spielraum und kann für alle Datensätze verwendet werden. Die List-Mode Datei wird folglich in kleine Zeitframes von 50 ms aufgeteilt, mit deren Hilfe das Triggersignal bestimmt werden soll. Bei einer Akquisitionszeit von 10 min führt dies zu insgesamt 12.000 Frames.

Vorgehensweise zur Gewinnung des Triggersignals Die Berechnung des Triggersignals nach der SM erfolgt direkt durch die List-Mode Datei nach Gleichung 3.68. Die Zerfallskonstante λ ist definiert als:

$$\lambda = \frac{\ln(2)}{T_{1/2}} \quad (7.1)$$

Für ^{18}F ergibt sich damit $\lambda_{^{18}\text{F}} = 1,052 \cdot 10^{-4} \text{ 1/s}$.

Sowohl bei der COM, als auch bei der COM_{seg} erfolgt die Auswertung anhand von Sinogrammen. Hierbei werden die 3D Datensätze der kleinen Zeitframes mit einem Span gleich 3 komprimiert. Nach der Normalisierung folgt das Rebinning der Sinogramme mit dem FORE Algorithmus. Der Fokus dieser Arbeit liegt auf der Triggerung des Herzschlags. Schichten, welche sich abseits des Herzens befinden, können keine Information über das Triggersignal enthalten. Aus diesem Grund wurde der FORE Algorithmus derart abgeändert, dass lediglich solche Schichten berechnet werden, welche sich in der Nähe des Herzens befinden. Dies ermöglicht sowohl eine deutlich kürzere Berechnungszeit, als auch einen erheblich geringeren Speicherbedarf. Anhand dieser 2D Sinogramme wird nach Gleichung 3.69 die Funktion $\text{COM}(t)$ bestimmt.

Für die COM_{seg} muss zusätzlich eine Maske erstellt werden. Hierfür erfolgt eine Rekonstruktion des vollständigen Datensatzes (Kompression mit einem Span gleich 3, Normalisierung, Rebinning mit FORE, Rekonstruktion mit der FBP). Anhand dieses Bildes wird im Anschluss der Bereich des Herzens bestimmt und ein Schwellenwert festgelegt. Dieser ermöglicht die Segmentierung des Herzens vom Rest des Bildes. Das Ergebnis ist eine Maske, bei der den Teilen des Herzens der Wert 1, allen anderen Teilen der Wert 0 zugewiesen wird. Durch kleine Anreicherungen außerhalb des Herzens oder auch durch Rauschen kann die Maske Strukturen enthalten, welche nicht zum Herzen selbst gehören. Diese Objekte haben normalerweise eine Größe von nur wenigen Voxeln und werden durch die Funktion `bwareaopen` aus MATLABs *Image Processing Toolbox* aus der Maske entfernt. Nach dem Schwellenwert wird die Maske zusätzlich in jeder Schicht um zwei Voxel in Richtung Herzzinneres erweitert, da hier die größte Bewegung erwartet wird. Im Anschluss erfolgt die Transformation in den Sinogrammbereich, in welchem sie auf die Sinogramme der kleinen Zeitframes angewandt werden kann (Abbildung 3.22).

Die Auswertung der Funktionen $\text{SM}(t)$, $\text{COM}(t)$ und $\text{COM}_{seg}(t)$ erfolgt im Frequenzraum. Hierfür wird das Zeitsignal mit der 1D Fourier-Transformation transformiert. Im

Idealfall zeichnet sich die durch den Herzschlag hervorgerufene Bewegung als ein schmales Frequenzband ab, dessen Amplitude deutlich oberhalb des Rauschlevels liegt. Der entsprechende Teil des Spektrums wird manuell ausgewählt. Mit Hilfe eines Bandpasses wird die Amplitude aller anderen Frequenzen gleich null gesetzt. Eine inverse Fourier-Transformation liefert nun ein gefiltertes Zeitsignal.

Die Triggerpunkte sollen durch die steigenden Flanken definiert werden. Die zeitliche Auflösung ist jedoch zu grob, um in dem vorliegenden Signal vergleichbare Positionen an den steigenden Flanken zu finden. Daher erfolgt eine 1D Interpolation, durch welche zwischen zwei bekannten Punkten jeweils 1000 weitere abgeschätzt werden. Dies führt zu einer effektiven Abtastrate von $50 \mu\text{s}$, welche aufgrund der zeitlichen Auflösung des μPET von $200 \mu\text{s}$ ausreichend ist. Im Anschluss an die Interpolation wird ein Schwellenwert auf das Signal angewandt. Alle Punkte, deren Wert größer als $1/50$ des Maximalwertes ist, werden gleich 1 gesetzt. Dem Rest wird der Wert 0 zugewiesen. Nach einer diskreten Ableitung der Kurve wird jede der ursprünglichen steigenden Flanken an der Stelle des Schwellenwertes durch eine 1 markiert (die fallenden Flanken entsprechend durch eine -1). Das gesuchte Triggersignal entspricht allen Zeitpunkten, welche den Wert 1 haben. Ausgehend von dem gefilterten Zeitsignal (Abbildung 3.21 (e)) ist das weitere Vorgehen in Abbildung 7.1 graphisch veranschaulicht.

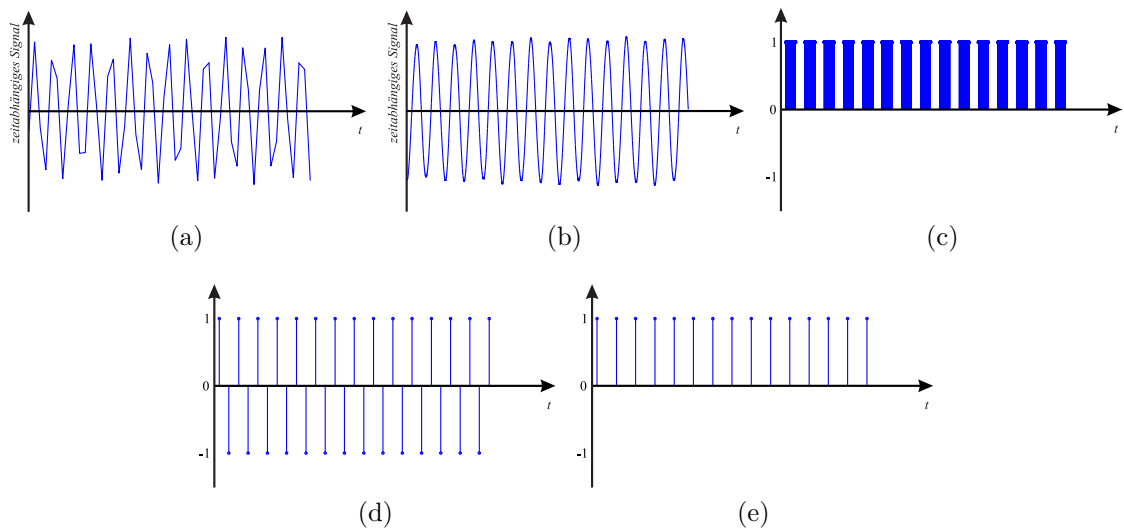


Abbildung 7.1: Vorgehensweise, um aus den Funktionen der Rohdaten-basierten Methoden das gesuchte Triggersignal zu erhalten. (a) Zeitsignal der Funktionen $SM(t)$, $COM(t)$ oder $COM_{seg}(t)$. (b) Interpoliertes Zeitsignal. (c) Berechnung eines Schwellenwertes. (d) Diskrete Ableitung der Kurve. (e) Gesuchtes Triggersignal.

Einteilung der Phasen für das Gating Zwei benachbarte Punkte des Triggersignals stecken die Zeitspanne für einen Herzschlag ab. Der Startpunkt innerhalb des tatsächlichen Herzzyklus ist abhängig vom verwendeten Schwellenwert bei der Bearbeitung des

Zeitsignals. Nach der Berechnung des Triggersignals werden die einzelnen Herzzyklen in Phasen eingeteilt. Die Einteilung erfolgt anhand der Zeit, wobei jeweils 8 gleichlange Phasen verwendet werden.

Rekonstruktion der getriggerten Bilder Nach der Definition der einzelnen Phasen können alle Events gleicher Phase zu einem Sinogramm sortiert werden. Die Rekonstruktion folgt dem bereits beschriebenen Schema. Nach einer Kompression mit einem Span gleich 3 und der Normalisierung wird aus dem 3D Datensatz ein Schichtstapel aus 2D Sinogrammen mit Hilfe des FORE Algorithmus berechnet. Die Rekonstruktion erfolgt mit dem 2D OS-EM Algorithmus.

Durch die Einteilung des Herzzyklus in 8 Phasen entstehen auf diesem Weg für jede Messung jeweils 8 Bilder. In jedem dieser Bilder ist die Herzbewegung, im Vergleich zu einem ungetriggerten Bild, deutlich reduziert. Die Auswertung kann nun entweder anhand verschiedener ROI erfolgen oder durch die Berechnung typischer physiologischer Größen bzw. Funktionsparameter. Auf letztere wird in Kapitel 7.2.4 näher eingegangen.

7.2.3 Compressed Sensing

Das Triggersignal eines Herzens hat im Normalfall im Frequenzraum eine dünnbesetzte Form. Damit ist keine Transformation erforderlich, um eine solche Gestalt zu erzielen. Eine Grundvoraussetzung für die Anwendbarkeit von CS ist somit unmittelbar erfüllt. Die „Aufnahme“ der Daten erfolgt im Zeitbereich. Aus jedem der 50 ms Zeitframes wird ein Wert für das Triggersignal berechnet. Bei einer Akquisitionszeit von 10 min muss die entsprechende Gleichung zur Berechnung des Zeitsignals 12.000 mal ausgewertet werden. Insbesondere bei der COM und der COM_{seg} ist es hierfür erforderlich, entsprechend 12.000 mal den Rebinning Algorithmus auf die Sinogramme anzuwenden.

An diesem Punkt setzt Compressed Sensing an. Durch die dünnbesetzte Repräsentation im Frequenzraum sollte es theoretisch möglich sein, das vollständige Signal auch dann zu rekonstruieren, wenn lediglich ein Teil der Daten im Zeitbereich vorliegt. Dies führt zu einer Einsparung an Rekonstruktionszeit in etwa proportional zu dem Faktor der Unterabtastung.

Abtastschema Die Gleichungen der Triggermethoden liefern ein 1D Signal im Zeitbereich. Durch das Abtastmuster wird bestimmt, welche Zeitframes zur Berechnung des Signals beitragen sollen. Die entsprechende Gleichung wird folglich nur an diesen Stellen ausgewertet. Als Abtastschema eignet sich eine zufällige Verteilung der Abtastpunkte für deren Berechnung MATLABs `randperm` Funktion verwendet wird. Der Unterabtastfaktor beschreibt die Stärke der Unterabtastung.

Rekonstruktionsalgorithmus Bei allen Gleichungen der Triggermethoden wird die Summe der Ereignisse bestimmt. Dies führt zu einem Signal mit einem großen Offset. Diese Verschiebung ist für die Bewegungen und damit für das gesuchte Spektrum nicht von Interesse. Im Frequenzraum zeigt sie sich durch einen großen Wert bei $f = 0$. Dies

kann jedoch dazu führen, dass der CS Algorithmus schwache Signalanteile als Rauschen auffasst und diese unterdrückt. Daher wird das Zeitsignal vor den Berechnungen derart verschoben, dass sich der Maximal- und Minimalwert um die Null bewegen.

Als CS Rekonstruktionsalgorithmus wird das *Iterative Soft-Thresholding* aus Kapitel 4.3.2 verwendet. Die Vorgehensweise kann in Abbildung 4.7 nachvollzogen werden. In der konkreten Anwendung liegt die dünnbesetzte Repräsentation jedoch im Frequenzraum und die bekannten Daten im Zeitbereich vor. Damit müssen, im Vergleich zu der Abbildung, entsprechend die Fourier-Transformation und ihre Inverse jeweils vertauscht werden.

7.2.4 Quantifizierung

Die Auswertung der Daten der Ratten erfolgt durch die folgenden physiologischen Parameter: *enddiastolisches* und *endsystolisches Volumen* (engl. *end-diastolic and end-systolic volume*, EDV und ESV), (*Herz-*)*Schlagvolumen* (engl. *stroke volume*, SV) sowie *Ejektionsfraktion* (engl. *ejection fraction*, EF). Hierbei besteht folgender Zusammenhang:

$$SV = EDV - ESV \quad (7.2)$$

und

$$EF = \frac{SV}{EDV} = 1 - \frac{ESV}{EDV}. \quad (7.3)$$

Mit Hilfe der frei zugänglichen Software Amide, Version 1.0.3, werden die Bilder derart gedreht, dass sich die Kurzachse sowie die vertikale und horizontale Längsachse darstellen lässt [121,122]. Für die Berechnungen der Parameter wird die Funktion *Heart Function View*, Version 1.00.00, der Software FALCON, Version 1.04.02, (Nihon Medi-Physics Co., Ltd.) verwendet. Die Software ist ausgelegt für humane Daten. Durch die deutlich kleineren Strukturen bei Kleintier-Datensätzen ist eine direkte Anwendung schwierig. Daher wird zuvor eine Interpolation der Bilder zur „Vergrößerung“ der Auflösung um den Faktor 4 durchgeführt.

Nach dem Einlesen der Datensätze in die Software FALCON wird der Bereich markiert, in welchem sich das Herz befindet. Im Anschluss segmentiert die Software das Herz und stellt die nötigen Berechnungen an. Nach dieser halbautomatischen Auswertung können EDV, ESV, SV und EF direkt abgelesen werden.

Die Reduktion der Rekonstruktionszeit durch die Verwendung von CS soll im Vergleich zu einer vollständigen Abtastung lediglich zu vernachlässigbaren Abweichungen der Ergebnisse führen. Hierfür wird das Verhältnis der physiologischen Parameter bei der Verwendung eines reduzierten, mit CS rekonstruierten Triggersignals und des kompletten Triggersignals berechnet:

$$\Delta X = \frac{X_{\text{komplett}} - X_{\text{CS}}}{X_{\text{komplett}}}, \quad \text{mit } X = EDV, ESV, SV, EF \quad (7.4)$$

Die Abmessungen von Mäuseherzen liegen an der Grenze der auflösbaren Strukturgröße des PET-Detektors. Bei maximaler Kontraktion des Herzmuskels ist es häufig nicht mehr möglich, zwischen den einzelnen Teilen des Herzens zu unterscheiden. Daher kann die Analyse der Datensätze nicht mit der Software FALCON durchgeführt werden. Ein Vergleich zwischen dem vollständig abgetasteten Triggersignal und dem mit CS rekonstruierten unterabgetasteten Triggersignal erfolgt hier anhand von Linienprofilen durch die getriggerten Bilder.

7.3 Ergebnisse und Diskussion

In Abbildung 7.2 sind Beispiele für die Spektren nach der Auswertung der Gleichungen zur Gewinnung eines Triggersignals mit den Rohdaten-basierten Methoden zu sehen. Der zugrunde liegende Datensatz stammt von einer der gesunden Ratten. In Abbildung 7.2 (a) ist das Ergebnis der Sensitivitäts-Methode dargestellt. Das Spektrum besteht lediglich aus Rauschen ohne Signalanteile einer Bewegung. Somit war es nicht möglich, mit der SM ein Triggersignal zu gewinnen.

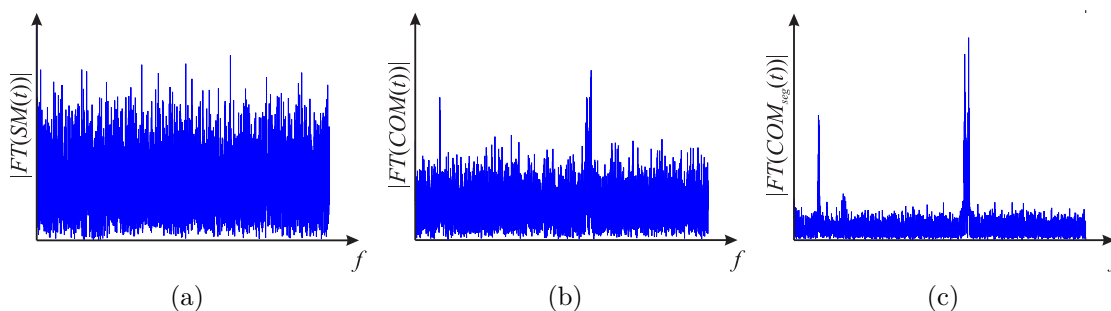


Abbildung 7.2: Spektren nach der Auswertung der Gleichungen zur Gewinnung des Triggersignals. Die Rohdaten stammen von einer gesunden Ratte (Ratte 1). (a) SM. (b) COM. (c) COM_{seg} .

Bei dem Spektrum der Methode des Massenschwerpunkts aus Abbildung 7.2 (b) sind hingegen zwei schmale Frequenzbänder erkennbar, welche sich von dem Rauschlevel abheben. Der erste Peak bei den niedrigen Frequenzen deutet auf eine langsame Bewegung hin und wurde wahrscheinlich durch die Atmung hervorgerufen. Der zweite, deutlichere Anteil bei höheren Frequenzen kann dem Herzschlag zugeordnet werden.

Abbildung 7.2 (c) zeigt das Ergebnis der segmentierten Methode des Massenschwerpunkts. Durch die Segmentierung liefern lediglich Voxel im Bereich des Herzens einen Beitrag. Die außerhalb liegenden Voxel werden hingegen verworfen, da diese keine Information über die Bewegung des Herzmuskels beinhalten. Dies führt zu einem stark reduzierten Rauschlevel, wodurch das eigentliche Signal deutlich hervortritt. Die niederfrequenten Anteile können eine Bewegung des Herzens als Folge der Atmung darstellen.

Der Peak bei den hohen Frequenzen ist hingegen eindeutig dem Herzschlag zuzuordnen.

Weder bei den Datensätzen der Ratten noch bei denen der Mäuse liefert die SM ein verwertbares Ergebnis. Mit Hilfe der COM war es möglich, bei den beiden gesunden Ratten ein Signal zu extrahieren, welches durch den Herzschlag der Tiere hervorgerufen wurde. Die Methode versagte jedoch bei den Mäusen und der Ratte mit einer Ischämie des Myokards. Lediglich die COM_{seg} konnte bei allen Tieren ein Signal generieren, welches eine Triggerung ermöglicht. Aus diesem Grund werden in der folgenden Auswertung ausschließlich die mit Hilfe der COM_{seg} getriggerten Bilder verwendet.

7.3.1 Auswertung der Datensätze der Ratten

In Abbildung 7.3 ist ein transversaler, in Abbildung 7.4 ein sagittaler Schnitt durch das Herz einer der gesunden Ratten zu sehen. Die Triggerung erfolgte mit Hilfe des Signals der COM_{seg} aus Abbildung 7.2 (c), wobei das schmale Frequenzband bei den hohen Frequenzen durch einen Bandpass herausgefiltert wurde.

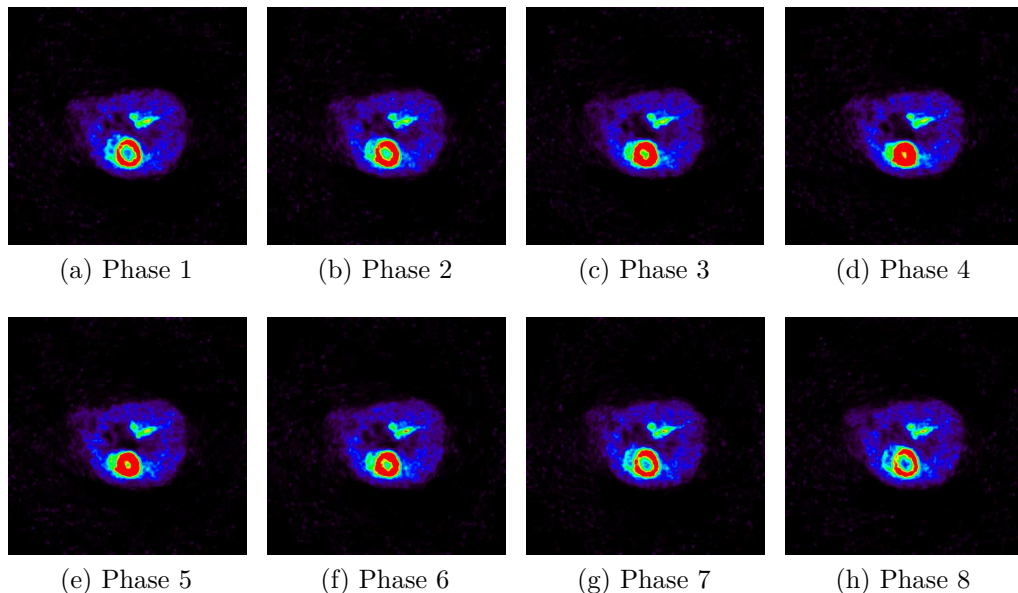


Abbildung 7.3: Transversaler Schnitt durch das Herz einer gesunden Ratte (Ratte 1). Dargestellt sind die einzelnen Bilder bei einer getriggerten Aufnahme. Das Triggersignal wurde anhand der Rohdaten mit Hilfe der COM_{seg} gewonnen.

Die Bewegung des Muskels als Folge des Herzschlags ist durch Vergleich der einzelnen Bildern klar zu erkennen. Die Phasen maximaler Kontraktion und Entspannung des Herzmuskels (Endsystole und Enddiastole) zeichnen sich durch unterschiedliche Wanddicken ab. Im Vergleich zu dem Datensatz ohne Triggerung aus den Abbildungen 7.5 (a)

und (b) wirkt der Herzmuskel weniger verwaschen, da die Bewegung innerhalb der einzelnen Phasen der jeweiligen Bilder deutlich reduziert ist. Die Qualität der Einzelbilder ist jedoch im Vergleich zu der Rekonstruktion ohne Triggerung reduziert. Dies ist darauf zurückzuführen, dass in den Zeitspannen der einzelnen Bilder jeweils lediglich etwa $1/8$ der Ereignisse stattfinden.

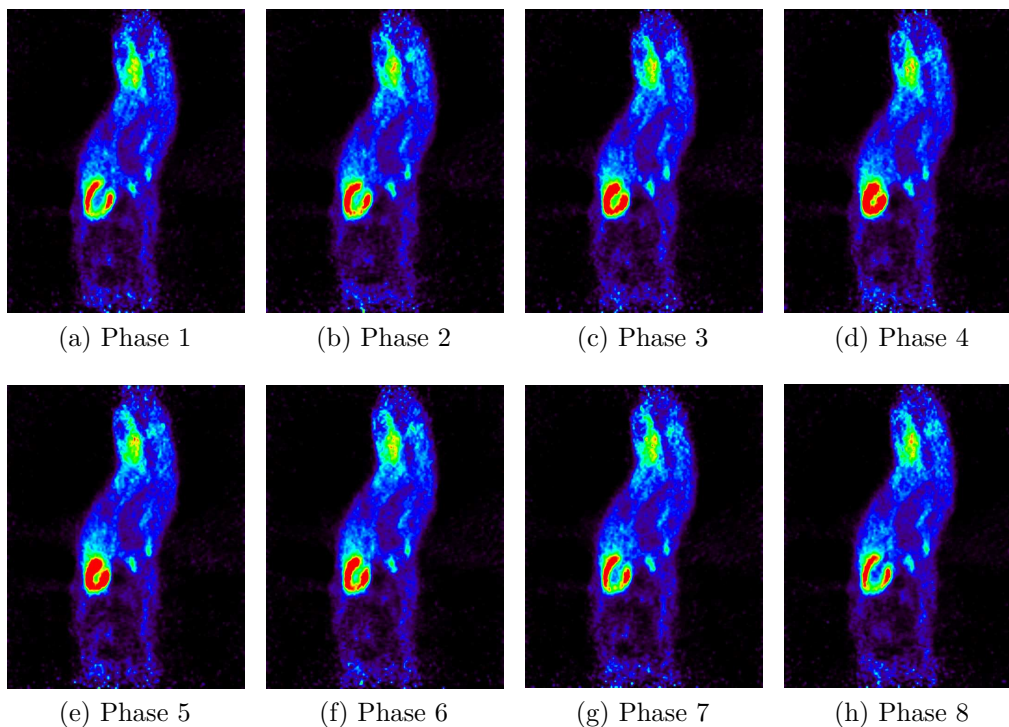


Abbildung 7.4: Sagittaler Schnitt durch das Herz einer gesunden Ratte (Ratte 1). Dargestellt sind die einzelnen Bilder bei einer getriggerten Aufnahme. Das Triggersignal wurde anhand der Rohdaten mit Hilfe der COM_{seg} gewonnen.

Durch die Rekonstruktion der getriggerten Bilder konnte gezeigt werden, dass die Rohdaten-basierten Verfahren auch am Kleintier-PET erfolgreich angewandt werden können. Das Hauptziel dieses Kapitels besteht jedoch darin, die Anwendbarkeit von Compressed Sensing zur Reduktion der Rekonstruktionszeit zu überprüfen. Hierfür wird das Triggersignal aus den Datensätzen erneut nach der COM_{seg} berechnet, wobei in diesem Fall lediglich $2/3$ der Daten Verwendung finden. Dies entspricht einer Reduktion der Rekonstruktionszeit um etwa $1/3$. Im Anschluss erfolgt der Einsatz von CS zur Berechnung des vollständigen Signals. Für die Auswertung werden anhand der rekonstruierten, getriggerten Bilder die Werte EDV, ESV, SV und EF bestimmt und das Verhältnis der Parameter nach Gleichung 7.4 ermittelt. Abbildung 7.6 zeigt die Ergebnisse.

Die Abweichung der physiologischen Parameter in den getriggerten Bildern zwischen

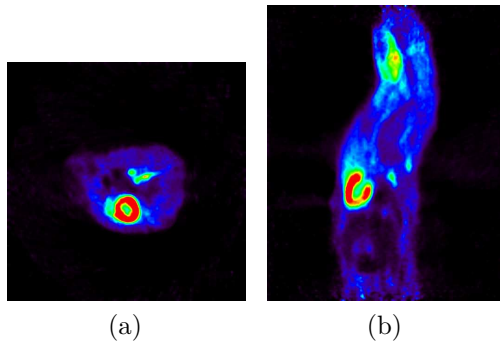


Abbildung 7.5: Rekonstruktion ohne Triggerung des Datensatzes aus den Abbildungen 7.3 und 7.4 (Ratte 1). (a) transversaler Schnitt. (b) sagittaler Schnitt.

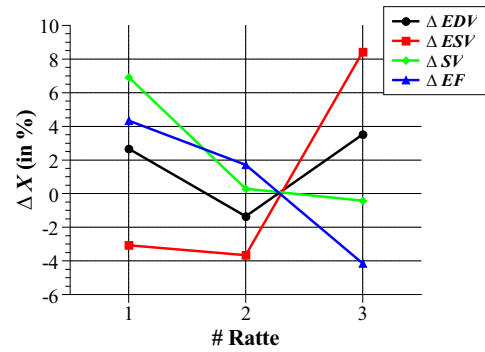


Abbildung 7.6: Auswertung des Verhältnisses der physiologischen Parameter von einem unterabgetasteten und mit CS rekonstruierten Triggersignal und einem vollständigen nach Gleichung 7.4.

einem mit CS rekonstruierten unterabgetasteten Triggersignal und einem vollständigen Triggersignal liegt im Bereich von wenigen Prozent. Der Unterschied zwischen den beiden rekonstruierten Datensätzen ist somit gering. Damit lässt sich festhalten, dass eine Anwendung von CS zur Reduktion der Rekonstruktionszeit prinzipiell möglich ist.

Bei Tier 3 handelt es sich um die Ratte mit einer Ischämie des Myokards. Hier ist von einer eingeschränkten Bewegung des Herzens auszugehen. Zusätzlich erhielt dieses Tier lediglich etwa 40% der Aktivität im Vergleich zu den gesunden Ratten. Beides führt zu einem geschwächten Signal für die Triggerung. Auch in diesem Fall konnte das Triggersignal mit der COM_{seg} gewonnen sowie die benötigte Rekonstruktionszeit durch die Anwendung von CS um etwa 1/3 verkürzt werden. In den Abbildungen 7.7(a) und (b) sind beispielhaft die Phasen maximaler und minimaler Kontraktion des Herzmuskels in einem koronaren Schnitt gezeigt. Zum Vergleich ist in Abbildung 7.7(c) die Rekonstruktion des gleichen Schnitts ohne Triggerung zu sehen. Mit Hilfe der Einzelbilder ist eine präzisere Aussage über die Funktionsfähigkeit des Muskelgewebes und eine exaktere Abgrenzung zwischen abgestorbenem und lebendem Myokard möglich.

7.3.2 Auswertung der Datensätze der Mäuse

Mit Hilfe der COM_{seg} konnte aus beiden Datensätzen der Mäuse erfolgreich ein Triggersignal generiert werden. In Abbildung 7.8 ist ein transversaler Schnitt durch das rekonstruierte Herz des ersten Tieres gezeigt. Durch einen Vergleich der einzelnen Bilder sind die unterschiedlichen Phasen des Herzschlags klar zu erkennen. Die Reduktion der Bewegung in den Einzelbildern wird durch den Vergleich zu der Rekonstruktion ohne

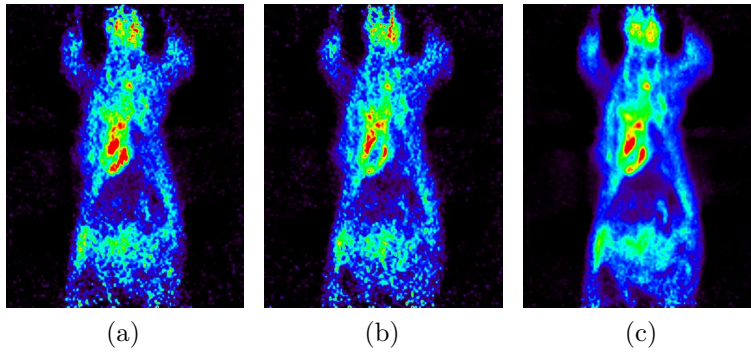


Abbildung 7.7: Koronarer Schnitt durch den Datensatz der Ratte mit einer Ischämie des Myokards. (a) Phase maximaler Kontraktion des Herzmuskels. (b) Phase minimaler Kontraktion des Herzmuskels. (c) Rekonstruktion des vollständigen Datensatzes ohne Triggerung des Herzschlags.

Triggerung aus Abbildung 7.9 (a) besonders deutlich.

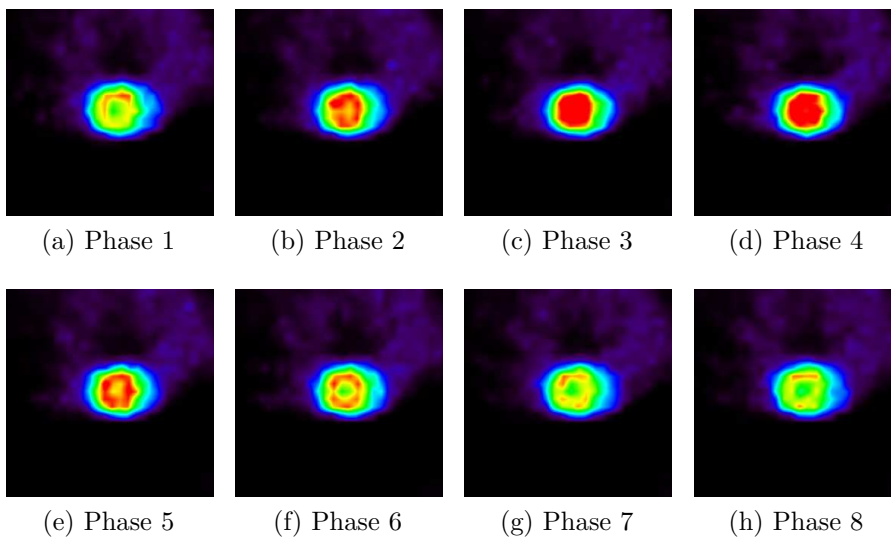


Abbildung 7.8: Transversaler Schnitt durch das Herz einer gesunden Maus. Dargestellt sind die einzelnen Bilder bei einer getriggerten Aufnahme. Das Trigger-signal wurde anhand der Rohdaten mit Hilfe der COM_{seg} gewonnen.

Bei allen Abbildungen wurde für eine optisch ansprechende Darstellung eine starke Vergrößerung des Herzens gewählt sowie die Interpolationsfunktion der Software Amide verwendet. Zum Vergleich zeigt Abbildung 7.9 (b) das Bild aus Abbildung 7.9 (a) in Originalgröße ohne Interpolation. Die Größe der Strukturen des Herzens liegt bei den Mäusen im Bereich der maximalen Auflösung des Kleintier-PET. Dies ist in dieser Abbildung leicht ersichtlich, da das vollständige Myokard nur aus wenigen Voxeln besteht.

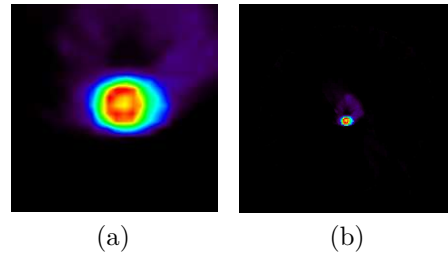


Abbildung 7.9: (a) Rekonstruktion des Datensatzes aus Abbildung 7.8 ohne Triggerung. (b) Vollständige Darstellung des rekonstruiertes Bild aus (a) ohne Vergrößerung und Interpolation.

Aufgrund der kleinen Strukturgrößen war es nicht möglich, die physiologischen Parameter mit der Software FALCON zu bestimmen. Die Auswertung erfolgt daher anhand eines Linienprofils. Es erfolgt ein Vergleich der Kurven bei einer Rekonstruktion mit einem vollständig abgetasteten und der mit einem unterabgetasteten und mit CS rekonstruierten Triggersignal. Aus Gründen der Anschaulichkeit werden lediglich die Linienprofile der Endsystole und der Enddiastole dargestellt. In Abbildung 7.10 sind die Ergebnisse zu sehen. In der Endsystole ist der Herzmuskel stark zusammengezogen. Durch die geringe Auflösung sowie den Partialvolumeneffekt ist es hier nicht immer möglich, die beiden Wände eindeutig von einander zu trennen (Abbildung 7.10 (a)). Auch wenn in den unterschiedlichen Phasen Abweichungen zwischen der Triggerung mit dem vollständig abgetasteten und dem mit CS rekonstruierten Signal auftreten können, zeigen die Kurven prinzipiell den gleichen Verlauf. Damit ist belegt, dass auch in diesem Fall eine signifikante Reduktion der Rekonstruktionszeit durch CS möglich ist.

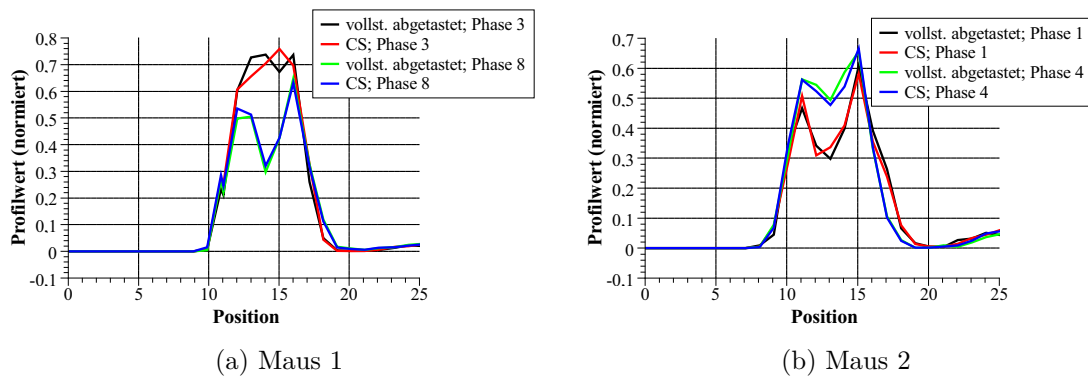


Abbildung 7.10: Linienprofil durch die getriggerten Bilder der Mäuse in der Endsystole und der Enddiastole. Dargestellt ist der Vergleich zwischen einer Rekonstruktion mit einem vollständig abgetasteten und der mit einem unterabgetasteten und mit CS rekonstruierten Triggersignal.

7.4 Zusammenfassung und Ausblick

Ziel des vorangegangenen Kapitels war es zu zeigen, dass Gating beim Kleintier-PET angewandt werden kann und der Einsatz von Rohdaten-basierter Triggerung am Herzen möglich ist. Zusätzlich wurde eine Technik vorgestellt, welche Compressed Sensing zur Reduktion der Rekonstruktionszeit bei diesen Methoden verwendet.

Für die Triggerung wurden die Sensitivitäts-Methode, die Methode des Massenschwerpunkts und die segmentierte Methode des Massenschwerpunkts verwendet. Die Anwendung der SM war in keinem Fall erfolgreich. Als Grund kann einerseits die geringe Bewegung der kleinen Strukturen des Herzens im Vergleich zu dem im Verhältnis großen Detektor genannt werden. Andererseits finden durch die geringe applizierte Aktivität bei Kleintieren relativ wenig Ereignisse innerhalb der kleinen Zeitframes statt. Dies hat zur Folge, dass statistisches Rauschen eine stärkere Auswirkung zeigt.

Die COM konnte erfolgreich bei den gesunden Ratten mit hoher applizierter Aktivität angewandt werden. Sowohl bei dem Tier mit einer Ischämie des Herzens, als auch bei den Datensätzen der Mäuse reichte die Anzahl der Ereignisse bzw. die Bewegung nicht aus, um mit dieser Methode ein Signal zu detektieren.

Lediglich durch die COM_{seg} war es möglich, bei allen verwendeten Datensätzen der Ratten, insbesondere jedoch auch bei den Mäusen, aus den aufgenommenen List-Mode Dateien ein Triggersignal zu gewinnen. Diese stellt folglich die Methode der Wahl für eine Anwendung am Kleintier-PET dar.

Durch die reduzierte Bewegung in den Einzelbildern ist es möglich, beispielsweise die Größe des abgestorbenen Bereichs des Herzmuskels besser abzuschätzen und dessen Funktionsfähigkeit sowie die Auswirkungen auf den Herzschlag zu beurteilen. Des Weiteren können physiologische Parameter berechnet werden und eine Quantifizierung des Herzmuskels erfolgen. Die Qualität der getriggerten Einzelbilder ist jedoch deutlich niedriger als die einer ungetriggerten Rekonstruktion. Dies kann insbesondere bei Datensätzen mit einer geringen applizierten Aktivität zu Problemen führen. Für eine Verbesserung der Bildqualität können beispielsweise Filtertechniken eingesetzt werden. Es existieren jedoch weitere Methoden, welche speziell die Bildqualität getriggerten Einzelbilder verbessern oder aus den einzelnen Phasen ein neues Bild berechnen, in welchem die Bewegung reduziert ist [119, 123, 124]. Diese Methoden basieren auf dem getriggerten Datensatz und könnten damit ohne Einschränkungen angewandt werden.

Ein großer Nachteil der Rohdaten-basierten Triggermethoden liegt in der zusätzlichen, teilweise erheblichen Berechnungszeit. Speziell solche Techniken, welche die Rohdaten in Zeitframes aus 2D Sinogrammen oder rekonstruierten Bildern aufteilen, können für das Rebinning bzw. die Rekonstruktion einen enormen Zeitaufwand erfordern. Wird eine zehnminütige Messung in Zeitabschnitte aus 50 ms unterteilt, entstehen 12.000 Frames. Damit müssen das Rebinning sowie u. U. der Rekonstruktionsalgorithmus 12.000 mal angewandt werden.

Die Ergebnisse des letzte Kapitels belegen, dass eine signifikante Reduktion der Berech-

nungszeit für das Triggersignal durch den Einsatz von Compressed Sensing möglich ist. Durch die dünnbesetzte Repräsentation im Frequenzraum ist die Grundvoraussetzung für die Anwendung von CS erfüllt. Somit ist an dieser Stelle keine weitere Transformation notwendig. Das Maß der Unterabtastung kann prinzipiell frei gewählt werden. In dieser Arbeit werden lediglich $2/3$ der Daten verwendet. Bei Anwendung der COM_{seg} muss der Rebinning Algorithmus damit lediglich auf 8.000 anstatt auf die vollen 12.000 Frames angewandt werden. Hieraus ergab sich eine Reduktion der Berechnungszeit um etwa $1/3$. Diese Beschleunigung wurde bei allen Datensätzen verwendet und führte nur zu geringen Änderungen bei einer Auswertung der rekonstruierten, getriggerten Bilder. Es wird jedoch davon ausgegangen, dass in vielen Fällen eine größere Beschleunigung möglich ist.

Durch die Segmentierung des Herzens bei der COM_{seg} wurde bereits ein Teil des Rauschens aus dem Spektrum des Triggersignals entfernt. Die Anwendung von CS ist nicht an die Methode zur Triggerung gebunden. Die Technik kann prinzipiell bei allen Verfahren angewandt werden, bei denen eine separate Berechnung der Abtastpunkte erfolgt. Liefert eine Methode ein besseres Signal mit geringerem Rauschanteil, kann auch die Beschleunigung vergrößert werden. Damit können unter Umständen Triggerverfahren mit einem hohen Berechnungsaufwand für die Praxis interessant werden. Die zusätzliche Zeit, welche CS selbst benötigt, ist durch die geringe Länge des Signals zu vernachlässigen. Bei den hier verwendeten Beispielen mit 12.000 Frames lag die Berechnungszeit im Bereich weniger 100 Millisekunden.

Im Allgemeinen ist der Rauschanteil im Triggersignal jedoch sehr hoch. Dies erschwert eine Anwendung von CS. Speziell bei Datensätzen mit geringer applizierter Aktivität kann dies dazu führen, dass eine größere Menge an Abtastpunkten berechnet werden muss. Durch die retrospektive Anwendung der Triggerung liegt stets die vollständige List-Mode Datei vor. Wurde die Beschleunigung und damit die Unterabtastung zu groß gewählt, können einfach weitere Punkte berechnet werden. Hierfür ist keine zusätzliche Messung nötig, es reduziert sich lediglich die gewonnene Zeitersparnis entsprechend dem neuen Faktor der Unterabtastung.

Ein Nachteil des verwendeten CS Rekonstruktionsalgorithmus besteht darin, dass zwei Parameter eingestellt werden müssen. Erste Versuche zeigen jedoch, dass eine Abschätzung anhand des Rauschlevels des Signals möglich ist, wodurch eine automatische Berechnung erfolgen könnte. Der Vorteil dieses Verfahrens besteht darin, dass dieser in der Lage ist, Teile des Rauschens zu unterdrücken. Aus diesem Grund fiel die Wahl auf den IST Algorithmus. Es ist jedoch ebenso möglich, andere CS Algorithmen zu verwenden.

Ende letzten Jahres stellte Tomohiko Yamane auf der EANM'13 eine Technik vor, welche es erlaubt, ein isoliertes perfundiertes Herz mit einem PET-Scanner zu untersuchen. Hierbei werden isolierte Rattenherzen nach der Langendorff Methode von einer mit FDG versetzten Pufferlösung perfundiert [125]. Mit Hilfe eines speziellen Aufbaus ist es möglich, hiervon eine PET-Messung durchzuführen. Dies erlaubt eine Quantifizierung der physiologischen Bewegungsparameter des Herzens mit einem hochauflösenden Kleintier-PET. Ein Anwendungsfeld ist z. B. die Untersuchung und Bewertung neuartiger PET-

Tracer, welche zur Diagnostik des Herzens eingesetzt werden sollen [126].

Bei einem solchen Aufbau ist es nur schwer möglich, ein externes Triggergerät an dem isolierten Herzen zu befestigen, ohne das Gewebe zu beschädigen oder die Bewegung zu beeinflussen. Eine getriggerte Aufnahme kann jedoch zusätzliche Informationen liefern. Experimente am isolierten perfundierten Herzen stellen damit eine ideale Anwendungsmöglichkeit Rohdaten-basierter Triggermethoden dar. Durch das Fehlen anderer Organe werden einerseits keine störenden Bewegungen erwartet. Auf der anderen Seite ist eine Segmentierung des Herzens leicht automatisch durch einen einfachen Schwellenwert möglich. Beides begünstigt die Anwendung der COM_{seg} . Eine Reduktion der Rekonstruktionszeit durch CS macht die Triggerung bei einer großen Anzahl an Datensätzen in einer Studie praktikabler. Bei dem Einsatz der gleichen Menge an Aktivität in der Pufferlösung ist davon auszugehen, dass sich das Rauschlevel des Triggersignals auch bei unterschiedlichen Datensätzen in einem vergleichbaren Rahmen bewegt. Damit können sowohl die Parameter für die CS Rekonstruktion leichter abgeschätzt werden, als auch das Maß der möglichen Unterabtastung und damit der Beschleunigung. Dies erleichtert einen Einsatz in der Praxis. Erste Versuche zeigen bereits, dass die COM_{seg} auch in diesem Fall erfolgreich zur Triggerung verwendet werden kann.

A Literaturverzeichnis

- [1] M.F. Di Carli, S. Dorbala, J. Meserve, G. El Fakhri, A. Sitek, and S.C. Moore. Clinical myocardial perfusion PET/CT. *J. Nucl. Med.*, 48(5):783–93, 2007.
- [2] E.M. Rohren, T.G. Turkington, and R.E. Coleman. Clinical Applications of PET in Oncology. *Radiology*, 231(2):305–32, 2004.
- [3] W. Chen. Clinical applications of PET in brain tumors. *J. Nucl. Med.*, 48(9):1468–81, 2007.
- [4] G.B. Saha. *Basics of PET Imaging: Physics, Chemistry and Regulations*. Springer Science+Business Media, Inc., 2005.
- [5] D.L. Bailey, D.W. Townsend, P.E. Valk, and M.N. Maisey. *Positron emission tomography: basic sciences*. Springer Science+Business Media, 2005.
- [6] M.E. Phelps. *PET Physics, Instrumentation and Scanners*. Springer Science+Business Media, LLC, 2006.
- [7] T.M. Buzug. *Computed Tomography: From Photon Statistics to Modern Cone-Beam CT*. Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2008.
- [8] C.D. Anderson. The positive electron. *Physical Review*, 43(6):491–4, 1933.
- [9] C. Loc'h, B. Maziere, and D. Comar. A new generator for ionic gallium-68. *J. Nucl. Med.*, 21(2):171–3, 1980.
- [10] W.A.P. Breeman and A.M. Verbruggen. The 68 Ge/68 Ga generator has high potential, but when can we use 68 Ga-labelled tracers in clinical routine? *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging*, 34(7):978–81, 2007.
- [11] T. Ido, C.N. Wan, J.S. Fowler, and A.P. Wolf. Fluorination with molecular fluorine. A convenient synthesis of 2-deoxy-2-fluoro-D-glucose. *J. Org. Chem.*, 42(13):2341–2, 1977.
- [12] S.N. Reske and J. Kotzerke. FDG-PET for clinical use. *Eur. J. Nucl. Med.*, 28(11):1707–23, 2001.
- [13] C.K. Hoh. Clinical use of FDG PET. *Nucl. Med. Biol.*, 34(7):737–42, 2007.
- [14] S. Banister, D. Roeda, F. Dolle, and M. Kassiou. Fluorine-18 chemistry for PET: a concise introduction. *Curr. Radiopharm.*, 3(2):68–80, 2010.

- [15] D. Delbeke. Oncological applications of FDG PET imaging. *J. Nucl. Med.*, 40(10):1706–15, 1999.
- [16] R.S. Beanlands, P.J. Hendry, R.G. Masters, K. Woodend, and T.D. Ruddy. Delay in revascularization is associated with increased mortality rate in patients with severe left ventricular dysfunction and viable myocardium on fluorine 18-fluorodeoxyglucose positron emission tomography imaging. *Circulation*, 98(19 Suppl):II51–6, 1998.
- [17] N.L. Foster, J.L. Heidebrink, C.M. Clark, W.J. Jagust, S.E. Arnold, N.R. Barbas, C.S. DeCarli, R.S. Turner, R.A. Koeppe, and R. Higdon. FDG-PET improves accuracy in distinguishing frontotemporal dementia and Alzheimer’s disease. *Brain*, 130(10):2616–35, 2007.
- [18] L. Mosconi, W.H. Tsui, K. Herholz, A. Pupi, A. Drzezga, G. Lucignani, E.M. Reiman, V. Holthoff, E. Kalbe, and S. Sorbi. Multicenter standardized 18F-FDG PET diagnosis of mild cognitive impairment, Alzheimer’s disease, and other dementias. *J. Nucl. Med.*, 49(3):390–8, 2008.
- [19] M. Dawood, F. Büther, N. Lang, O. Schober, and K.P. Schäfers. Respiratory gating in positron emission tomography: a quantitative comparison of different gating schemes. *Med. Phys.*, 34(7):3067–76, 2007.
- [20] T. Beyer, P.E. Kinahan, D.W. Townsend, and D. Sashin. The use of X-ray CT for attenuation correction of PET data. *IEEE Nucl. Sci. Conf. R.*, 4:1573–7, 1994.
- [21] P.E. Kinahan, D.W. Townsend, T. Beyer, and D. Sashin. Attenuation correction for a combined 3D PET/CT scanner. *Med. Phys.*, 25:2046, 1998.
- [22] J.P.J. Carney, D.W. Townsend, V. Rappoport, and B. Bendriem. Method for transforming CT images for attenuation correction in PET/CT imaging. *Med. Phys.*, 33:976, 2006.
- [23] P.L. Chow, F.R. Rannou, and A.F. Chatziioannou. Attenuation correction for small animal PET tomographs. *Phys. Med. Biol.*, 50(8):1837, 2005.
- [24] E. Kamel, T.F. Hany, C. Burger, V. Treyer, A.H. Lonn, G.K. von Schulthess, and A. Buck. CT vs ^{68}Ge attenuation correction in a combined PET/CT system: evaluation of the effect of lowering the CT tube current. *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging*, 29(3):346–50, 2002.
- [25] P.E. Kinahan, B.H. Hasegawa, and T. Beyer. X-ray-based attenuation correction for positron emission tomography/computed tomography scanners. *Semin. Nucl. Med.*, 33(3):166–79, 2003.
- [26] D. Brasse, P.E. Kinahan, C. Lartizien, C. Comtat, M. Casey, and C. Michel. Correction methods for random coincidences in fully 3D whole-body PET: impact on data and image quality. *J. Nucl. Med.*, 46:859–67, 2005.

- [27] R.D. Badawi, M.P. Miller, D.L. Bailey, and P.K. Marsden. Randoms variance reduction in 3D PET. *Phys. Med. Biol.*, 44(4):941, 1999.
- [28] O. Rokitta, M. Casey, K. Wienhard, and U. Pictrzyk. Random correction for positron emission tomography using singles count rates. *IEEE Nucl. Sci. Conf. R.*, 3:17–37, 2000.
- [29] M. Bergström, L. Eriksson, C. Bohm, G. Blomqvist, and J. Litton. Correction for scattered radiation in a ring detector positron camera by integral transformation of the projections. *J. Comp. Assist. Tomogr.*, 7(1):42–50, 1983.
- [30] S.R. Cherry and S.-C. Huang. Effects of scatter on model parameter estimates in 3D PET studies of the human brain. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 42(4):1174–9, 1995.
- [31] S. Grootenk, T.J. Spinks, D. Sashin, N.M. Spyrou, and T Jones. Correction for scatter in 3D brain PET using a dual energy window method. *Phys. Med. Biol.*, 41(12):2757, 1996.
- [32] C.C. Watson, D. Newport, M.E. Casey, R.A. DeKemp, R.S. Beanlands, and M. Schmand. Evaluation of simulation-based scatter correction for 3-D PET cardiac imaging. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 44(1):90–7, 1997.
- [33] L.-E. Adam, J.S. Karp, and R. Freifelder. Scatter correction using a dual energy window technique for 3D PET with NaI (Tl) detectors. *IEEE Nucl. Sci. Conf. R.*, 3:2011–8, 1998.
- [34] J.M. Ollinger. Model-based scatter correction for fully 3D PET. *Phys. Med. Biol.*, 41(1):153, 1996.
- [35] C.C. Watson. New, faster, image-based scatter correction for 3D PET. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 47(4):1587–94, 2000.
- [36] C.H. Holdsworth, C.S. Levin, T.H. Farquhar, M. Dahlbom, and E.J. Hoffman. Investigation of accelerated Monte Carlo techniques for PET simulation and 3D PET scatter correction. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 48(1):74–81, 2001.
- [37] C.S. Levin, M. Dahlbom, and E.J. Hoffman. A Monte Carlo correction for the effect of Compton scattering in 3-D PET brain imaging. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 42(4):1181–5, 1995.
- [38] C.H. Holdsworth, R.D. Badawi, P. Santos, A.D. van den Abbeele, E.J. Hoffman, and G. El Fakhri. Evaluation of a Monte Carlo scatter correction in clinical 3D PET. *IEEE Nucl. Sci. Conf. R.*, 4:2540–4, 2003.
- [39] M. Soret, S.L. Bacharach, and I. Buvat. Partial-volume effect in PET tumor imaging. *J. Nucl. Med.*, 48(6):932–45, 2007.

- [40] O. Rousset, A. Rahmim, A. Alavi, and H. Zaidi. Partial volume correction strategies in PET. *PET clinics*, 2(2):235–49, 2007.
- [41] J. Radon. Über die Bestimmung von Funktionen durch ihre Integralwerte längs gewisser Mannigfaltigkeiten. *Berichte über die Verhandlungen der königlich sächsischen Gesellschaft der Wissenschaften zu Leipzig, mathematisch-physikalischen Klasse*, 69:262–277, 1917.
- [42] R.N. Bracewell. Strip integration in radio astronomy. *Aus. J. Phys.*, 9(2):198–217, 1956.
- [43] M. Defrise, P.E. Kinahan, D.W. Townsend, C. Michel, M. Sibomana, and D.F. Newport. Exact and approximate rebinning algorithms for 3-D PET data. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 16:145–58, 1997.
- [44] P.R. Edholm, R.M. Lewitt, and B. Lindholm. Novel Properties Of The Fourier Decomposition Of The Sinogram. *Int. Workshop Physics and Engineering of Computerized Multidimensional Imaging and Processing, Proc. SPIE*, 671:8–18, 1986.
- [45] A.C. Kak and M Slaney. *Principles of Computerized Tomographic Imaging*. IEEE Press, New York (Electronic copy (C) 1999), 1988.
- [46] R. Gordon, R. Bender, and G.T. Herman. Algebraic reconstruction techniques (ART) for three-dimensional electron microscopy and X-ray photography. *J. Theoret. Biol.*, 29(3):471–81, 1970.
- [47] S. Kaczmarz. Angenäherte Auflösung von Systemen linearer Gleichungen. *Bull. Int. Acad. Pol. Sci. Lett. A*, 35:355–7, 1937.
- [48] K.F. Koral and W.L. Rogers. Application of ART to time-coded emission tomography. *Phys. Med. Biol.*, 24(5):879–94, 1979.
- [49] G.T. Herman and L.B. Meyer. Algebraic reconstruction techniques can be made computationally efficient . *IEEE Trans. Med. Imag.*, 12(3):600–9, 1993.
- [50] L.A. Shepp and Y. Vardi. Maximum likelihood reconstruction for emission tomography. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 1:113–22, 1982.
- [51] H.H. Barrett, D.W. Wilson, and B.M.W. Tsui. Noise properties of the EM algorithm. I. Theory. *Phys. Med. Biol.*, 39(5):833–46, 1994.
- [52] D.W. Wilson, B.M.W. Tsui, and H.H. Barrett. Noise properties of the EM algorithm. II. Monte Carlo simulations. *Phys. Med. Biol.*, 39(5):847–71, 1994.
- [53] H.M. Hudson and R.S. Larkin. Accelerated image reconstruction using ordered subsets of projection data. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 13:601–9, 1994.
- [54] J. Qi and R.M. Leahy. Iterative reconstruction techniques in emission computed tomography. *Phys. Med. Biol.*, 51(15):R541–78, 2006.

- [55] G.T. Gullberg, R.H. Huesman, J.A. Malko, N.J. Pelc, and T.F. Budinger. An attenuated projector-backprojector for iterative SPECT reconstruction. *Phys. Med. Biol.*, 30(8):799–816, 1985.
- [56] A. Averbuch and Y. Shkolnisky. 3D Fourier based discrete Radon transform. *Appl. Comput. Harmon. Anal.*, 15(1):33–69, 2003.
- [57] P.E. Kinahan and J.G. Rogers. Analytic 3D image reconstruction using all detected events. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 36(1):964–8, 1989.
- [58] J.G. Colsher. Fully-three-dimensional positron emission tomography. *Phys. Med. Biol.*, 25(1):103, 1980.
- [59] S.A. Nehmeh, Y.E. Erdi, C.C. Ling, K.E. Rosenzweig, H. Schoder, S.M. Larson, H.A. Macapinlac, O.D. Squire, and J.L. Humm. Effect of respiratory gating on quantifying PET images of lung cancer. *J. Nucl. Med.*, 43(7):876–81, 2002.
- [60] L. Boucher, S. Rodrigue, R. Lecomte, and F. Bénard. Respiratory gating for 3-dimensional PET of the thorax: feasibility and initial results. *J. Nucl. Med.*, 45(2):214–9, 2004.
- [61] A. Martinez-Möller, D. Zikic, R.M. Botnar, R.A. Bundschuh, W. Howe, S.I. Ziegler, N. Navab, M. Schwaiger, and S.G. Nekolla. Dual cardiac–respiratory gated PET: implementation and results from a feasibility study. *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging*, 34(9):1447–54, 2007.
- [62] A. Rahmim, O. Rousset, and H. Zaidi. Strategies for motion tracking and correction in PET. *PET Clinics*, 2(2):251–66, 2007.
- [63] F. Büther, M. Dawood, L. Stegger, F. Wübbeling, M. Schäfers, O. Schober, and K.P. Schäfers. List mode–driven cardiac and respiratory gating in pet. *J. Nucl. Med.*, 50(5):674–81, 2009.
- [64] A.L. Kesner, R.A. Bundschuh, N.C. Detorie, M. Dahlbom, S.I. Ziegler, J. Czernin, and D.H. Silverman. Respiratory gated PET derived in a fully automated manner from raw PET data. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 56(3):677–86, 2009.
- [65] R.A. Bundschuh, A. Martínez-Moeller, M. Essler, M. Martínez, S.G. Nekolla, S.I. Ziegler, and M. Schwaiger. Postacquisition detection of tumor motion in the lung and upper abdomen using list-mode PET data: a feasibility study. *J. Nucl. Med.*, 48(5):758–63, 2007.
- [66] J. He, G.J. O’Keefe, G. Jones, S.J. Saunder, T. and Gong, Mo. Geso, and A.M. Scott. Evaluation of geometrical sensitivity for respiratory motion gating by GATE and NCAT simulation. *Conf. Proc. IEEE Eng. Med. Biol. Soc.*, 1:4165–8, 2007.

- [67] F. Büther, I. Ernst, M. Dawood, P. Kraxner, M. Schäfers, O. Schober, and K.P. Schäfers. Detection of respiratory tumour motion using intrinsic list mode-driven gating in positron emission tomography. *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging*, 37(12):2315–27, 2010.
- [68] C. Tomasi and R. Manduchi. Bilateral Filtering for Gray and Color Images. *Proc. IEEE Int. Conf. Computer Vision*, pages 839–46, 1998.
- [69] D.L. Donoho. Compressed sensing. *IEEE Trans. Inform. Theory*, 52:1289–306, 2006.
- [70] E.J. Candès, J. Romberg, and T. Tao. Robust Uncertainty Principles: Exact Signal Reconstruction from Highly Incomplete Frequency Information. *IEEE Trans. Inform. Theory*, 52:489–509, 2006.
- [71] E.J. Candès. Compressive sampling. *Proc. Intern. Congr. Math.: Madrid, Spain*, pages 1433–52, 2006.
- [72] E.J. Candès and M.B. Wakin. An introduction to compressive sampling. *IEEE Signal Process. Mag.*, 25(2):21–30, 2008.
- [73] E.J. Candès and J. Romberg. Sparsity and incoherence in compressive sampling. *Inverse Probl.*, 23(3):969–85, 2007.
- [74] T. Kampf, A. Fischer, TC Basse-Lüsebrink, G. Ladewig, F. Breuer, G. Stoll, PM Jakob, and WR Bauer. Application of Compressed Sensing to in vivo 3D 19F CSI. *J. magn. Res.*, 207(2):262–73, 2010.
- [75] M. Lustig, D. Donoho, and J.M. Pauly. Sparse MRI: The Application of Compressed Sensing for Rapid MR Imaging. *Magn. Reson. Med.*, 58:1182–95, 2007.
- [76] T. Wech. *Compressed Sensing in der funktionellen kardialen Magnetresonanztomographie*. Dissertation, Graduate School of Life Sciences, Julius-Maximilians-Universität Würzburg, 2012.
- [77] R. Chartrand. Exact reconstruction of sparse signals via nonconvex minimization. *IEEE Signal Proc. Lett.*, 14:707–10, 2007.
- [78] A. Fischer. *On the Application of Compressed Sensing to Magnetic Resonance Imaging*. Dissertation, Fakultät für Physik und Astronomie, Julius-Maximilians-Universität Würzburg, 2012.
- [79] A.S. Stern, D.L. Donoho, and J.C. Hoch. NMR data processing using iterative thresholding and minimum l_1 -norm reconstruction. *J. Magn. Reson.*, 188(2):295–300, 2007.
- [80] S. Agostinelli, J. Allison, K. Amako, et al. GEANT4 – a simulation toolkit. *Nucl. Instr. Meth. A*, 506:250–303, 2003.

- [81] J. Allison, K. Amako, J. Apostolakis, et al. Geant4 developments and applications. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 53(1):270–8, 2006.
- [82] S. Jan, G. Santin, D. Strul, et al. GATE: a simulation toolkit for PET and SPECT. *Phys. Med. Biol.*, 49:4543–61, 2004.
- [83] G. Santin, D. Strul, D. Lazaro, L. Simon, M. Krieger, M. Vieira Martins, V. Breton, and C. Morel. GATE, a Geant4-based simulation platform for PET and SPECT integrating movement and time management. *IEEE Trans. Nucl. Sci.*, 50:1516–21, 2003.
- [84] D. Strul, G. Santin, D. Lazaro, V. Breton, and C. Morel. GATE (Geant4 Application for Tomographic Emission): a PET/SPECT general-purpose simulation platform. *Nucl. Phys. B (Proc. Suppl.)*, 125:75–9, 2003.
- [85] S. Jan, D. Benoit, E. Becheva, et al. GATE V6: a major enhancement of the GATE simulation platform enabling modelling of CT and radiotherapy. *Phys. Med. Biol.*, 56:881–901, 2011.
- [86] K. Assié, V. Breton, I. Buvat, et al. Monte Carlo simulation in PET and SPECT instrumentation using GATE. *Nucl. Instr. Meth. A*, 527(1):180–9, 2004.
- [87] I. Buvat and D. Lazaro. Monte Carlo simulations in emission tomography and GATE: An overview. *Nucl. Instr. Meth. Phys. Res.*, 569(2):323–9, 2006.
- [88] G. Santin, S. Staelens, R. Taschereau, P. Descourt, C.R. Schmidlein, L. Simon, D. Visvikis, S. Jan, and I. Buvat. Evolution of the GATE project: new results and developments. *Nucl. Phys. B*, 172:101–3, 2007.
- [89] GATE documentation wiki. http://wiki.opengatecollaboration.org/index.php/Main_Page, Zugriff: Dezember 2013.
- [90] R. Brun and F. Rademakers. ROOT – an object oriented data analysis framework. *Nucl. Instr. Meth. Phys. Res. A*, 389(1):81–6, 1997.
- [91] Offizielle ROOT-Homepage. <http://root.cern.ch/>, Zugriff: Dezember 2013.
- [92] F. Gutman, I. Gardin, N. Delahaye, H. Rakotonirina, A. Hitzel, A. Manrique, D.L. Guludec, and P. Véra. Optimisation of the OS-EM algorithm and comparison with FBP for image reconstruction on a dual-head camera: a phantom and a clinical 18 F-FDG study. *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging*, 30:1510–9, 2003.
- [93] R. Boellaard, A. van Lingen, and A.A. Lammertsma. Experimental and clinical evaluation of iterative reconstruction (OSEM) in dynamic PET: quantitative characteristics and effects on kinetic modeling. *J. Nucl. Med.*, 42:808–17, 2001.
- [94] A. Reilhac, S. Tomeï, I. Buvat, C. Michel, F. Keheren, and N. Costes. Simulation-based evaluation of OSEM iterative reconstruction methods in dynamic brain PET studies. *NeuroImage*, 39:359–68, 2008.

- [95] F.H.P. van Velden, R.W. Kloet, B.N.M. van Berckel, S.P.A. Wolfensberger, A.A. Lammertsma, and R. Boellaard. Comparison of 3D-OP-OSEM and 3D-FBP reconstruction algorithms for High-Resolution Research Tomograph studies: effects of randoms estimation methods. *Phys. Med. Biol.*, 53(12):3217–30, 2008.
- [96] M.D. Walker, M.C. Asselin, P.J. Julyan, M. Feldmann, P.S. Talbot, T. Jones, and J.C. Matthews. Bias in iterative reconstruction of low-statistics PET data: benefits of a resolution model. *Phys. Med. Biol.*, 56(4):931–49, 2011.
- [97] J. Verhaeghe and A.J. Reader. AB-OSEM reconstruction for improved Patlak kinetic parameter estimation: a simulation study. *Phys. Med. Biol.*, 55:6739–57, 2010.
- [98] A. Fischer, N. Seiberlich, M. Blaimer, P. Jakob, F. Breuer, and M. Griswold. A combination of nonconvex compressed sensing and GRAPPA (CS-GRAPPA). *Proc. Intl. Soc. Mag. Reson. Med.*, 17:2813, 2009.
- [99] M. Lustig and J.M. Pauly. SPIRiT: Iterative self-consistent parallel imaging reconstruction from arbitrary k-space. *Magn. Reson. Med.*, 64(2):457–71, 2010.
- [100] R. Otazo, D. Kim, L. Axel, and D.K. Sodickson. Combination of compressed sensing and parallel imaging for highly accelerated first-pass cardiac perfusion MRI. *Magn. Reson. Med.*, 64(3):767–76, 2010.
- [101] D. Richter, T.C. Basse-Lüsebrink, T. Kampf, A. Fischer, I. Israel, M. Schneider, P.M. Jakob, and S. Samnick. Compressed sensing for reduction of noise and artefacts in direct PET image reconstruction. *Z. Med. Phys.*, 24(1):16–26, 2014.
- [102] C.C. Constantinescu and J. Mukherjee. Performance evaluation of an Inveon PET preclinical scanner. *Phys. Med. Biol.*, 54(9):2885–99, 2009.
- [103] B.J. Kemp, C.B. Hruska, A.R. McFarland, M.W. Lenox, and V.J. Lowe. NEMA NU 2-2007 performance measurements of the Siemens InveonTM preclinical small animal PET system. *Phys. Med. Biol.*, 54(8):2359–76, 2009.
- [104] Q. Bao, D. Newport, M. Chen, D.B. Stout, and A.F. Chatziioannou. Performance Evaluation of the Inveon Dedicated PET Preclinical Tomograph Based on the NEMA NU-4 Standards. *J. Nucl. Med.*, 50(3):401–408, 2009.
- [105] T. Basse-Lüsebrink, T. Kampf, A. Fischer, G. Ladewig, G. Stoll, and P. M. Jakob. Spike artifact reduction in nonconvex Compressed Sensing. *Proc. ISMRM*, page 4886, 2010.
- [106] P.E. Kinahan and J.S. Karp. Figures of merit for comparing reconstruction algorithms with a volume-imaging PET scanner. *Phys. Med. Biol.*, 39:631–42, 1994.
- [107] C. Byrne. Accelerating the EMLL algorithm and related iterative algorithms by rescaled block-iterative methods. *IEEE Trans. Image Process.*, 7(1):100–9, 1998.

- [108] C. Byrne. Iterative algorithms for deblurring and deconvolution with constraints. *Inverse Probl.*, 14(6):1455–67, 1998.
- [109] K. Erlandsson, D. Visvikis, W.A. Waddington, I. Cullum, P. H. Jarritt, and L.S. Polowsky. Low-statistics reconstruction with AB-EMML. *IEEE NSS-MIC Conf. R.*, 2:15/249–15/53, 2000.
- [110] J. Fessler. Matlab tomography toolbox (MATLAB software): <http://www.eecs.umich.edu/~fessler/code/index.html>, Zugriff: August 2011.
- [111] N. Ghosh, O.E. Rimoldi, R.S.B. Beanlands, and P.G. Camici. Assessment of myocardial ischaemia and viability: role of positron emission tomography. *Eur. Heart J.*, 31(24):2984–95, 2010.
- [112] P.J. Schleyer, M.J. O’Doherty, and P.K. Marsden. Extension of a data-driven gating technique to 3D, whole body PET studies. *Phys. Med. Biol.*, 56(13):3953–65, 2011.
- [113] T. Higuchi, S.G. Nekolla, M.M. Huisman, S. Reder, T. Poethko, M. Yu, H.-J. Wester, D.S. Casebier, S.P. Robinson, R.M. Botnar, and M. Schwaiger. A new 18F-labeled myocardial PET tracer: myocardial uptake after permanent and transient coronary occlusion in rats. *J. Nucl. Med.*, 49(10):1715–22, 2008.
- [114] S.G. Nekolla, S. Reder, A. Saraste, et al. Evaluation of the Novel Myocardial Perfusion Positron-Emission Tomography Tracer 18F-BMS-747158-02 Comparison to 13N-Ammonia and Validation With Microspheres in a Pig Model. *Circulation*, 119(17):2333–42, 2009.
- [115] H.M. Sherif, A. Saraste, E. Weidl, et al. Evaluation of a novel 18F-labeled positron-emission tomography perfusion tracer for the assessment of myocardial infarct size in rats. *Circulation*, 2(2):77–84, 2009.
- [116] T. Higuchi, C. Rischpler, K. Fukushima, T. Isoda, J. Xia, M.S. Javadi, Z. Szabo, R.F. Dannals, W.B. Mathews, and F.M. Bengel. Targeting of endothelin receptors in the healthy and infarcted rat heart using the PET tracer 18F-FBzBMS. *J. Nucl. Med.*, 54(2):277–82, 2013.
- [117] E. Croteau, F. Bénard, J. Cadorette, M.-È. Gauthier, A. Aliaga, M. Bentourkia, and R. Lecomte. Quantitative gated PET for the assessment of left ventricular function in small animals. *J. Nucl. Med.*, 44(10):1655–61, 2003.
- [118] Y. Yang, S. Rendig, S. Siegel, D.F. Newport, and S.R. Cherry. Cardiac PET imaging in mice with simultaneous cardiac and respiratory gating. *Phys. Med. Biol.*, 50(13):2979–89, 2005.
- [119] A.L. Kesner, G. Abourbeh, E. Mishani, R. Chisin, S. Tshori, and N. Freedman. Gating, enhanced gating, and beyond: information utilization strategies for motion management, applied to preclinical PET. *EJNMMI research*, 3(1):29–43, 2013.

- [120] S.F. Noujaim, E. Lucca, V. Muñoz, D. Persaud, O. Berenfeld, F.L. Meijler, and J. Jalife. From mouse to whale: A universal scaling relation for the pr interval of the electrocardiogram of mammals. *Circulation*, 110(18):2802–8, 2004.
- [121] AMIDE: Amide’s a Medical Imaging Data Examiner. <http://amide.sourceforge.net>, Zugriff: Oktober 2012.
- [122] M.D. Cerqueira, N.J. Weissman, V. Dilsizian, A.K. Jacobs, S. Kaul, D.J. Laskey, W.K. Pennell, J.A. Rumberger, T. Ryan, and M.S. Verani. Standardized Myocardial Segmentation and Nomenclature for Tomographic Imaging of the Heart. *Circulation*, 105(4):539–42, 2002.
- [123] M. Dawood, N. Lang, X. Jiang, and K.P. Schafers. Lung motion correction on respiratory gated 3-D PET/CT images. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 25(4):476–85, 2006.
- [124] F. Gigengack, L. Ruthotto, M. Burger, C.H. Wolters, X. Jiang, and K.P. Schafers. Mass-preserving motion correction of dual gated cardiac PET. *IEEE Nucl. Sci. Conf. R.*, pages 3206–8, Oct 2011.
- [125] O. Langendorff. Untersuchungen am überlebenden Säugetierherzen. *Pflügers Arch.*, 61:291–332, 1985.
- [126] T. Yamane, M. Park, D. Richter, S.G. Nekolla, M.S. Javadi, C. Lapa, S. Samnick, A.K. Buck, K. Herrmann, and T. Higuchi. Small-Animal PET Imaging of Isolated Perfused Rat Heart. *J. Nucl. Med.*, 55(3):495–9, 2014.

B Lebenslauf

C Publikationen

Originalarbeiten

1. **D. Richter**, T.C. Basse-Lüsebrink, T. Kampf, A. Fischer, I. Israel, M. Schneider, P.M. Jakob and S. Samnick. Compressed sensing for reduction of noise and artefacts in direct PET image reconstruction, *Z. Med. Phys.*, 24(1):16–26, 2014
2. I. Israel, **D. Richter**, J. Stritzker, M. Ooschot, U. Donat, A.K. Buck and S. Samnick: PET Imaging with [⁶⁸Ga]NOTA-RGD for Prostate Cancer: A Comparative Study with [¹⁸F]Fluorodeoxyglucose and [¹⁸F]Fluoroethylcholine, *Curr. Cancer Drug Targets* 14(4):371–9, 2014
3. T. Yamane, M. Park, **D. Richter**, S.G. Nekolla, M.S. Javadi, C. Lapa, S. Samnick, A.K. Buck, K. Herrmann, and T. Higuchi: Small-Animal PET Imaging of Isolated Perfused Rat Heart. *J. Nucl. Med.*, 55(3):495–9, 2014
4. X. Li, W. Bauer, M. Kreissl, J. Weirather, E. Bauer, I. Israel, **D. Richter**, G. Riehl, A. Buck and S. Samnick: Specific somatostatin receptor II expression in arterial plaque: ⁶⁸Ga-DOTATATE autoradiographic, immunohistochemical and flow cytometric studies in apoE-deficient mice, *Atherosclerosis* 230:33–9, 2013
5. J. Tillmanns, M. Schneider, D. Fraccarollo, J.-D. Schmitto, F. Länger, **D. Richter**, J. Bauersachs and S. Samnick: PET Imaging of Cardiac Wound Healing Using a Novel [⁶⁸Ga]-Labeled NGR Probe in Rat Myocardial Infarction, *Mol. Imaging Biol.* 1–11, 2014
6. X. Li, W. Bauer, I. Israel, M.C. Kreissl, J. Weirather, **D. Richter**, E. Bauer, V. Herold, P. Jakob, A. Buck, S. Frantz, S. Samnick: Targeting P-Selectin by Gallium-68–Labeled Fucoidan Positron Emission Tomography for Noninvasive Characterization of Vulnerable Plaques: Correlation With In Vivo 17.6T MRI, *Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol.* 34:1661–7, 2014

Konferenz-Vorträge

1. **D. Richter**, T.C. Basse-Lüsebrink, T. Kampf, A. Fischer, P.M. Jakob and S. Samnick: Filtering of 3D PET images using compressed sensing, *Annual Congress of the European Association of Nuclear Medicine*, (2013)

2. **D. Richter**, T. Wech, T. Higuchi, T. Yamane, M. J. Park, S. Samnick: Reduction of reconstruction time in raw data based gating in PET using compressed sensing, *52. Jahrestagung der Deutschen Gesellschaft für Nuklearmedizin* (2014)

Poster

1. I. Israel, **D. Richter**, Y. Ye, P.M. Jakob, C. Reiners and S. Samnick: Darstellung der $\alpha_v\beta_3$ -Integrinexpression am Rattenmodell der Ischämie/Reperfusion mittels Ga-68-NOTA-RGD-PET, *Deutsche Gesellschaft für Nuklearmedizin / Dreiländertagung*, 2011
2. M.J. Park, M. Lassmann, **D. Richter**, L. Lemeunier, T. Yamane, F. Kaiser and T. Higuchi: Monte Carlo simulations of a small animal PET system for small rodent heart imaging, *11th International Conference of Non-Invasive Cardiovascular Imaging*, 2013
3. T. Yamane, M.J. Park, F. Kaiser, S. Samnick, **D. Richter** and T. Higuchi: Cardiac and respiratory dual-gated PET imaging of the rat heart, *11th International Conference of Non-Invasive Cardiovascular Imaging*, 2013
4. T. Yamane, M.J. Park, **D. Richter**, K. Fukushima and T. Higuchi: Assessment of global and regional tracer kinetics in isolated perfused rat heart using micro PET system, *Annual Congress of the European Association of Nuclear Medicine*, 2013

D Eidesstattliche Erklärung / Affidavit

Eidesstattliche Erklärung

Hiermit erkläre ich an Eides statt, die Dissertation „Compressed Sensing zur Filterung und Reduktion der Rekonstruktionszeit in der Positronen-Emissions-Tomographie“ eigenständig, d. h. insbesondere selbständig und ohne Hilfe eines kommerziellen Promotionsberaters, angefertigt und keine anderen als die von mir angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet zu haben.

Ich erkläre außerdem, dass die Dissertation weder in gleicher noch in ähnlicher Form bereits in einem anderen Prüfungsverfahren vorgelegen hat.

Würzburg, 20. August 2014

Dominik Richter

Affidavit

I hereby confirm that my thesis entitled „Compressed sensing for filtering and reduction of reconstruction time in positron emission tomography“ is the result of my own work. I did not receive any help or support from commercial consultants. All sources and / or materials applied are listed and specified in the thesis.

Furthermore, I confirm that this thesis has not yet been submitted as part of another examination process neither in identical nor in similar form.

Würzburg, 20. August 2014

Dominik Richter

E Danksagung

An dieser Stelle möchte ich mich herzlich bei allen Personen bedanken, die mich bei der Anfertigung der vorliegenden Arbeit unterstützt haben.

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. Samuel Samnick für die Bereitstellung des Themas, die Möglichkeit, meine Promotion an der Klinik und Poliklinik für Nuklearmedizin der Universität Würzburg anzufertigen sowie die hervorragende Betreuung und fortwährende Unterstützung.

Hervorheben möchte ich ebenfalls Herrn Prof. Dr. Peter Jakob für die ausgezeichnete Betreuung sowie die fachlichen Diskussionen und wertvollen Hinweise.

Ebenso geht mein Dank an Herrn Prof. Dr. Bernhard Nieswandt für die freundliche Betreuung und die motivierenden Gespräche.

Herrn Prof. Takahiro Higuchi danke ich für die fachliche Unterstützung, die nützlichen praktischen Tipps und Tricks im Labor sowie die ausgezeichnete Zusammenarbeit. Herrn Dr. Tomohiko Yamane und Herrn Dr. Min-Jae Park möchte ich für die hilfreichen Diskussionen und die herausragende Zusammenarbeit danken.

Ein besonderes Dankeschön geht an Frau Dr. Ina Israel für die Hilfe bei der Einarbeitung im Labor und am Kleintier-PET, die Bereitstellung der Tracer sowie die ständige Motivation. Frau Magdalena Schneider und Frau Katja Hirsch danke ich insbesondere für ihre Unterstützung bei den Versuchen sowie ihre freundschaftliche Hilfsbereitschaft bei auftretenden Problemen. Ferner möchte ich mich bei sämtlichen Mitarbeitern der Arbeitsgruppe, namentlich Herrn Dr. Gerhard Jörg, Herrn Dr. Markus Schiller, Herrn Dr. Andreas Schirbel, Frau Dr. Carina Rikanovic, Frau Heike Göbel und Herrn Sebastian Liebisch, für das tolle Arbeitsklima, die gute Zusammenarbeit und die außergewöhnliche Hilfsbereitschaft bedanken.

Allen anderen Mitarbeitern der Nuklearmedizin, insbesondere Herrn Prof. Dr. Michael Lassmann, Frau Dr. Susanne Schlögel, Frau Uta Eberlein, Herrn Andreas Hinsch, Herrn Xiang Li, Herrn Michael Schulze-Glück und Frau Simone Seifert danke ich für die technische Unterstützung und die tolle Atmosphäre in der Abteilung.

Herrn Dr. Thomas Basse-Lüsebrink, Herrn Dr. André Fischer, Herrn Thomas Kampf, Herrn Dr. Tobias Wech und Herrn Sven Vaegler danke ich für die fachlichen Diskussionen und die Unterstützung, die wesentlich zum Gelingen dieser Arbeit beigetragen haben.

Bei allen Kooperationspartnern innerhalb des SFB 688 möchte ich mich ebenfalls für die

E Danksagung

gute Zusammenarbeit bedanken. Des Weiteren geht mein Dank an die Graduate School of Life Sciences (GSLs) der Universität Würzburg, die einen ausgezeichneten Rahmen für die Promotion gestellt hat.

Herrn Manuel Deißberger, Herrn Ben Deißberger und Herrn Robert Baunach danke ich für die hilfreichen Gespräche und Diskussionen außerhalb der Universität sowie Frau Julia Wagner, die mir besonders in der letzten Phase der Arbeit zeigte, dass es sich lohnt am Ball zu bleiben.

Ein spezieller Dank geht an meine Eltern Harry und Helga Richter, meine Schwester Katharina und ihren Mann Markus sowie Annika und Lukas Hupp für den Rückhalt und die unermüdliche Motivation und Unterstützung.