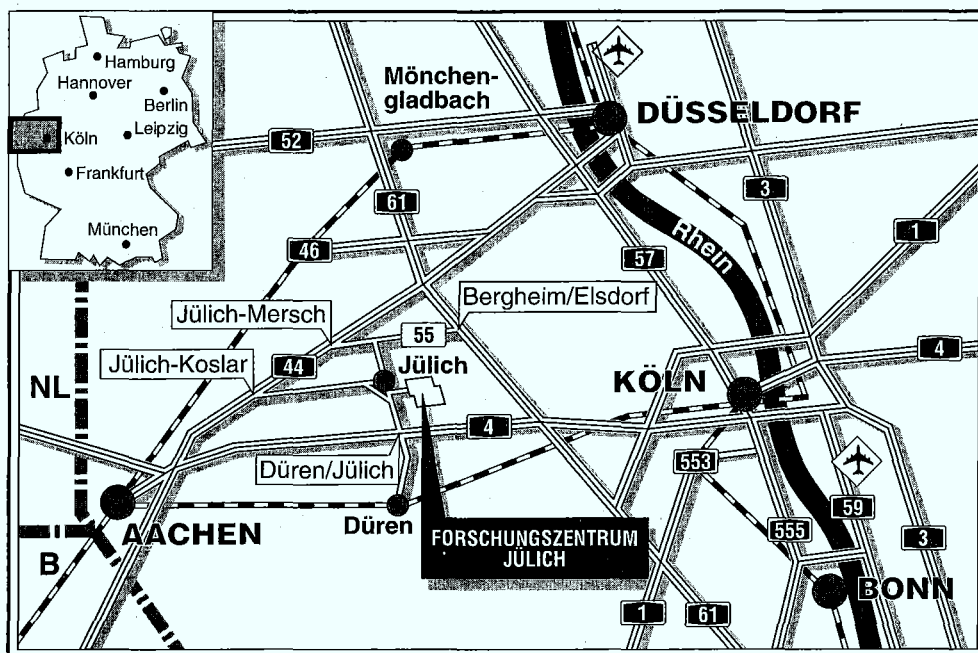


Institut für Medizin

**Rekonstruktion von positronen-
emissions-tomographischen Bildern
unter Einbeziehung anatomischer
Information**

Bernadette Lipinski



Berichte des Forschungszentrums Jülich ; 3160

ISSN 0944-2952

Institut für Medizin Jül-3160

D 82 (Diss. RWTH Aachen)

Zu beziehen durch: Forschungszentrum Jülich GmbH · Zentralbibliothek

D-52425 Jülich · Bundesrepublik Deutschland

Telefon: 02461/61-61 02 · Telefax: 02461/61-61 03 · Telex: 833 556-70 kfa d

Rekonstruktion von positronen-emissions-tomographischen Bildern unter Einbeziehung anatomischer Information

Bernadette Lipinski

Abstract

Positron-Emission-Tomography (PET) is a tool for quantitative imaging metabolic pathways in humans using radioactive tracers. PET images suffer from both low resolution and high statistical noise. Using statistical methods the reconstruction of PET images can be improved by involving high resolution anatomical information obtained from Magnetic Resonance (MR) images. In this work two methods were developed that utilized MR data for PET reconstruction. The anatomical MR information is modeled as a priori distribution of the PET image and combined with the distribution of the measured PET data to generate the a posteriori function from which the Expectation Maximization (EM) type algorithm with a maximum a posteriori (MAP) estimator can be derived. One algorithm (Markov-GEM) uses a Gibbs function to model interactions between neighbouring pixels within the anatomical regions. The other (Gauss-EM) applies a Gauss function with the same mean for all pixels in a given anatomical region. A basic assumption of these methods is that the radioactivity is homogeneously distributed inside the anatomical regions. The algorithms were tested with simulated and phantom data and the results were compared to the conventional reconstruction algorithms, namely the filtered backprojection and the maximum likelihood reconstruction. Further, the algorithms were investigated under the following aspects: count density, object size, missing anatomical information and misregistration of the anatomical information. Compared with the filtered backprojection and the maximum likelihood algorithm the results of both algorithms show a large reduction in noise and a better delineation of borders. Of the two algorithms tested, the Gauss-EM method is superior in noise reduction but suffers on sensitivity to small errors in the a priori information. Regarding missing a priori information or mismatch of the a priori information the Markov-GEM showed greater stability with only small changes in the recovery coefficients.

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	5
2	Die bildgebenden Verfahren	9
2.1	Positronen-Emissions-Tomographie	9
2.2	Magnet-Resonanz-Tomographie	17
3	Konventionelle Rekonstruktionsmethoden	21
3.1	Analytische Rekonstruktionsmethoden	23
3.2	Iterative Rekonstruktionsmethoden	25
4	Statistische Rekonstruktion	27
4.1	Das statistische Modell	27
4.2	Der Maximum-Likelihood-EM-Algorithmus	31
4.3	Eigenschaften des ML-EM-Algorithmus	33
4.4	Problematik des ML-EM-Algorithmus	35
4.4.1	Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten	38
4.4.2	Veränderungen des ML-EM-Algorithmus	44
5	Extraktion anatomischer Information aus MRT-Daten	49

5.1	Räumliche Anpassung von PET- und MRT-Daten	49
5.2	Segmentierung der MRT-Daten	52
6	Einbeziehung anatomischer Information in die Rekonstruktion	55
6.1	Algorithmus 1: Markoff-GEM-Algorithmus	57
6.1.1	Die <i>a priori</i> Wahrscheinlichkeitsverteilung	57
6.1.2	Der MAP-Algorithmus	65
6.2	Algorithmus 2: Gauß-EM-Algorithmus	69
6.2.1	Die <i>a priori</i> Wahrscheinlichkeitsverteilung	69
6.2.2	Der MAP-Algorithmus	70
7	Ergebnisse	75
7.1	Methoden der Auswertung	75
7.2	Simulationsdaten	76
7.3	Auswertung der simulierten Datensätze	81
7.3.1	Auswertung eines einfachen Kreisphantoms	81
7.3.2	Einfluß der Ereignisdichte und Zusammenhang mit β - und γ -Werten	82
7.3.3	Einfluß der Objektgröße	89
7.3.4	Einfluß fehlender Regionen in der Vorinformation	94
7.3.5	Einfluß kleiner Verschiebungen der Vorinformation	110
7.4	Physikalische Phantomdaten	118
7.5	Auswertung der physikalischen Phantome	122
7.5.1	Auswertung eines einfachen Zylinderphantoms	122
7.5.2	Einfluß der Ereignisdichte	122

7.5.3	Einfluß der Objektgröße	126
7.5.4	Einfluß fehlender Regionen in der Vorinformation	129
7.5.5	Einfluß kleiner Verschiebungen der Vorinformation	131
7.6	Gehirndaten	134
8	Zusammenfassung	139
9	Literaturverzeichnis	145
A	Abkürzungen	151
B	Mathematische Symbole	153
C	Das statistische Modell einer PET-Messung	155

Kapitel 1

Einleitung

Tomographische Verfahren liefern seit mehr als zwei Jahrzehnten die Möglichkeit, in das Körperinnere des Menschen zu schauen. Diese Verfahren befinden sich in einem fortlaufenden Entwicklungsprozeß, bei dem ihre technischen Eigenschaften ständig erweitert und verbessert werden. Beliebige Schnittbilder von verschiedenen Regionen des menschlichen Körpers mit den unterschiedlichsten Strukturen und den unterschiedlichsten Gewebeparametern können mit solchen Verfahren erzeugt werden.

Weit verbreitet und in die radiologische Klinik integriert sind mittlerweile die Computertomographie (CT) und die Magnet-Resonanz-Tomographie (MRT). Diese Verfahren erzeugen Bilder von der Struktur des menschlichen Körpers, also von der Anatomie, in hoher Auflösung von bis zu 0,5 mm.

Vollkommen andere Bilder dagegen liefern die emissions-tomographischen Verfahren, die der Nuklearmedizin zugeordnet sind. Diese Verfahren erlauben uns Einsicht in den Stoffwechsel des Körpers. Hierbei wird nicht die Anatomie, sondern die Funktion des Körpers untersucht. Man bedient sich radioaktiv markierter Substanzen, um biochemische Vorgänge in vivo zu verfolgen. Neben der Bedeutung emissions-tomographischer Verfahren für die Erforschung biochemischer Vorgänge ist es bemerkenswert, daß es Krankheiten gibt, die lediglich durch einen gestörten Stoffwechsel manifestiert sind und nur mit Hilfe der genannten Verfahren diagnostiziert werden können.

Die beiden emissions-tomographischen Verfahren sind die Positronen-Emissions-Tomographie (PET) und die Single-Photonen-Emissions-Computer-Tomographie (SPECT). Die vorliegende Arbeit beschäftigt sich mit der PET. Die PET ist aufgrund ihrer hohen Anschaffungs- und Betriebskosten nur gering verbreitet, verfügt aber im Vergleich zu anderen nuklearmedizinischen Verfahren über funktionelle Vorteile, wie zum Beispiel die Möglichkeit der Quantifizierung von Stoffwechselprozessen.

Wie die Bilder aller nuklearmedizinischen Verfahren leiden die PET-Bilder unter schlechten statistischen Eigenschaften. Der radioaktive Zerfall stellt einen statistischen Prozeß dar. Entsprechend sind die gemessenen Daten statistisch verteilt, was zusammen mit den angewendeten niedrigen Konzentrationen an radioaktiven Substanzen zu einem starken Rauschen in den Bildern führt. Eine Verringerung dieses Rauschanteils in den Bildern ist notwendig, um die Aussagekraft der Messungen zu steigern.

Ein weiteres Problem ist die niedrige Auflösung der PET im Vergleich zu anderen tomographischen Verfahren wie der Computertomographie oder der Magnet-Resonanz-Tomographie. Heutige Positronen-Emissions-Tomographen liefern Bilder mit Auflösungen zwischen 4 und 9 mm. Um auch kleinere Strukturen im Gehirn, wie zum Beispiel die verschiedenen Kerne, exakt zu erfassen, ist eine weitere Verbesserung der Auflösung unerlässlich.

Das Problem des Partialvolumeneffektes steht in direktem Zusammenhang zu der Auflösung. Strukturen, deren Durchmesser unter dem doppelten Wert der Auflösung liegen, werden durch diesen Effekt unter- oder überschätzt. Die Werte benachbarter, unterschiedlicher Strukturen werden verwischt, was zu Ungenauigkeiten bei der Quantifizierung von Stoffwechselprozessen führt. Dies ist besonders bedauerlich, da gerade die Quantifizierung ein besonderes Merkmal und eine Stärke der PET darstellt.

Ziel dieser Arbeit ist es, diese Probleme der PET mit softwaretechnischen Mitteln durch eine Verbesserung der Rekonstruktion zu bearbeiten. Dabei dient hochaufgelöste anatomische Information aus einem anderen tomographischen Verfahren als Hilfsmittel. Die Magnet-Resonanz-Tomographie (MRT) liegt mit einer Auflösung von 0,5 bis 2 mm wesentlich über der PET-Auflösung und liefert gute Kontraste zwischen den einzelnen anatomischen Regionen im Gehirn.

Eine zentrale Frage ist, welche Information aus der MRT für die PET nutzbar ist. Die grundlegende Annahme in der vorliegenden Arbeit ist eine Kongruenz zwischen Stoffwechselräumen und anatomischen Räumen. Damit ist gemeint, daß Stoffwechsel- und

anatomische Räume sich überdecken. Eine typische PET-Untersuchung ist zum Beispiel die Aufnahme des Energiestoffwechsels im Gehirn mit Hilfe von ^{18}F -Fluorodeoxyglukose (FDG). Es ist bekannt, daß sich innerhalb der grauen Substanz im Vergleich zur weißen Substanz die vierfache Konzentration dieser chemischen Verbindung anreichert. Dabei verteilt sich die FDG sowohl innerhalb der grauen als auch innerhalb der weißen Substanz annähernd gleichmäßig. Auch bei vielen anderen PET-Untersuchungen kann davon ausgegangen werden, daß sich innerhalb der beiden anatomischen Räume, weiße Substanz und graue Substanz, die gemessenen radioaktiven Substanzen gleichmäßig verteilen. Die Bereiche der grauen und der weißen Substanz stellen anatomische Räume dar, die auf einem MRT-Bild differenziert werden können.

In dieser Arbeit werden zwei Verfahren entwickelt, bei denen anatomische Information aus der MRT bei der Rekonstruktion von PET-Bildern verwendet wird. Zur Rekonstruktion werden statistische Verfahren angewendet. In dem angewendeten Modell der PET-Messung wird die dem radioaktiven Prozeß zu Grunde liegende Poissonstatistik berücksichtigt. Die Kenntnis der anatomischen Information aus der MRT fließt in die sogenannte *a priori* Verteilung ein. Beide Wahrscheinlichkeitsverteilungen werden in der sogenannten *a posteriori* Verteilung zusammengefaßt. Die Lösung des Rekonstruktionsproblems ergibt sich so als Maximum *a posteriori* Schätzung. Dabei findet das Expectation-Maximization-Prinzip (EM) [DLR77] Anwendung. Die beiden entwickelten Verfahren unterscheiden sich in der Modellierung der *a priori* Verteilung. Der Markoff-GEM-Algorithmus modelliert mit Hilfe von Markoffzufallsfeldern Wechselwirkungen zwischen benachbarten Pixeln. Dabei werden bei der Festlegung der Nachbarschaft die bekannten anatomischen Regionen berücksichtigt. Der Gauß-EM-Algorithmus schätzt vorab für jede anatomische Region die Aktivitätskonzentration und verwendet die gefundenen Werte als Mittelwerte einer Gaußverteilung. In beiden Fällen gelingt es durch die Anwendung von *a priori* Information, das Rauschen in den PET-Bildern stark zu vermindern bei einer gleichzeitigen Verstärkung von Kanten. Eine Voraussetzung für die hier entwickelten Verfahren ist die Segmentierung der anatomischen Regionen und die räumliche Anpassung von MRT- und PET-Datensätzen. Sowohl Segmentierung als auch Überlagerung sind momentan noch nicht optimal gelöst und bilden einen begrenzenden Faktor der Algorithmen. Der Markoff-GEM-Algorithmus erweist sich als stabil gegenüber kleinen Fehlern in der Vorinformation. Beide Verfahren werden auf Gehirnuntersuchungen angewendet.

Die Arbeit gliedert sich in 8 Kapitel. In Kapitel 2 werden die Grundlagen der verwendeten bildgebenden Verfahren PET und MRT beschrieben. Kapitel 3 erläutert die konventionellen Rekonstruktionsverfahren. Dabei ist die gefilterte Rekonstruktion von besonderer Bedeutung, da sie das üblicherweise angewendete Rekonstruktionsverfahren für die PET darstellt. Kapitel 4 behandelt einen alternativen Typ von Rekonstruktionsverfahren: die statistische Rekonstruktion. Der grundlegende Ansatz von Shepp und Vardi [SV82], der Maximum-Likelihood-Expectation-Maximization-Algorithmus (ML-EM), wird ausführlich vorgestellt. Er stellt die Grundlage der in dieser Arbeit entwickelten Algorithmen dar. Verschiedene Probleme dieses Ansatzes werden diskutiert und Lösungswege aufgezeigt. Kapitel 5 beinhaltet eine kurze Beschreibung der Algorithmen, mit denen die MRT-Datensätze bearbeitet werden. Dazu zählt die räumliche Anpassung des MRT-Datensatzes an den PET-Datensatz, die im Rahmen zweier Diplomarbeiten [Buc93, Ess94] im Forschungszentrum Jülich bearbeitet wurde. Außerdem wird die Segmentierung der MRT-Daten in die anatomischen Regionen behandelt. Kapitel 6 beschreibt die entwickelten Rekonstruktionsalgorithmen für die PET unter Einbeziehung anatomischer Information und leitet sie mathematisch her. In Kapitel 7 werden die beiden Rekonstruktionsverfahren anhand von Simulations-, Phantom- und Gehirndaten evaluiert. Es finden sich hier Vergleiche zu den konventionellen Verfahren und eine Bewertung der Verfahren. Kapitel 8 schließlich enthält eine Zusammenfassung mit abschließender Diskussion.

Kapitel 2

Die bildgebenden Verfahren

Die vorliegende Arbeit behandelt die Rekonstruktion von emissions-tomographischen Verfahren. Dazu zählen die Positronen-Emissions-Tomographie (PET) und die Single-Photonen-Emissions-Computer-Tomographie (SPECT). Hier wird PET behandelt, jedoch lassen sich alle Algorithmen auch auf SPECT übertragen. Der erste Teil dieses Kapitels geht auf die physikalischen Grundlagen von PET und auf die medizinische Bedeutung dieses Verfahrens ein. Die Rekonstruktion der PET-Bilder soll mit Hilfe anatomischer Informationen verbessert werden. Die hierzu benötigten Daten werden aus einem anderen tomographischen Verfahren gewonnen. Hierbei handelt es sich um die Magnet-Resonanz-Tomographie (MRT). Der zweite Teil dieses Kapitels beschreibt die Grundlagen der MRT.

2.1 Positronen-Emissions-Tomographie

Die diagnostischen Verfahren der Nuklearmedizin bieten die Möglichkeit, den Stoffwechsel im menschlichen Körper zu untersuchen. Es werden radioaktiv markierte Substanzen injiziert. Die Strahlung, die vom Ort des radioaktiven Zerfalls in die verschiedenen Richtungen ausgeht, wird mit Detektoren von außen gemessen. Bei den emissions-tomographischen Verfahren werden die Detektoren beweglich oder stationär ringförmig um den Körper angeordnet. Durch die Rückrechnung der Detektorinformation, der sogenannten Rekonstruktion, lassen sich Aussagen über die Verteilung der radioaktiv markierten Substanz im Körper machen, aus der wiederum Rückschlüsse über bestimmte Stoffwechselvorgänge

gewonnen werden. Die beiden tomographischen Verfahren PET und SPECT unterscheiden sich grundsätzlich durch die Art der verwendeten Radioisotope. PET arbeitet mit Positronen- und SPECT mit γ -Strahlern.

Das physikalische Prinzip

PET nutzt das besondere Prinzip des β^+ -Zerfalls der Positronenstrahler aus (Abb. 2.1).

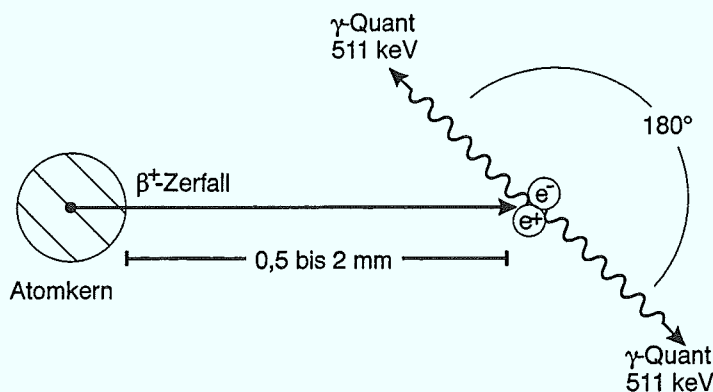


Abbildung 2.1: Positronenzerfall und Annihilation

Beim β^+ -Zerfall wandelt sich im radioaktiven Kern ein überschüssiges Proton in ein Neutron und ein Positron um. Dabei wird das Positron frei. Ein Positron ist ein Teilchen, das die gleiche Masse wie ein Elektron besitzt aber die entgegengesetzte Ladung. Das freigesetzte Positron verfügt über kinetische Energie, die es beim Durchlauf durch das Körpergewebe verliert. Sobald es genügend abgebremst worden ist und mit einem Elektron zusammentrifft, erfolgt die sogenannte Annihilation. Dabei zerstrahlen Elektron und Positron in zwei γ -Quanten unter einem Winkel von 180° mit einer Energie von jeweils 511 keV. Die Strecke, die das Positron vom Ort des Zerfalls zum Ort der Annihilation zurücklegt, beträgt bei den in der PET verwendeten Radioisotopen (wie ^{18}F , ^{11}C oder ^{15}O) abhängig von der Energie der Positronen im Mittel zwischen 0,5 und 2 mm und stellt somit einen Begrenzungsfaktor für die Auflösung dar. Bei der Annihilation verfügt das

Positron über eine geringe Restenergie, durch die eine Abweichung von dem 180° -Winkel verursacht wird.

Beim Durchlauf der γ -Quanten durch das Körpergewebe treten verschiedene Wechselwirkungen auf: Zum einen können Quanten vom Körpergewebe vollständig absorbiert werden; zum anderen können Quanten durch Comptonstreuung in ihrer Richtung abgelenkt werden.

Das technische Prinzip

Eine PET-Kamera besteht aus einer ringförmigen Anordnung von Detektoren. Üblicherweise liegen mehrere Ringe von Detektoranordnungen vor. Es gibt allerdings auch Kameras, die aus einem einzigen Detektorring bestehen. Das am häufigsten verwendete Detektormaterial sind BGO-Kristalle (Wismuthgermanat). Dieser Kristall bietet einen Ausgleich zwischen Wirkungsquerschnitt und zeitlicher Auflösung, welche bei ca. 10 ns liegt. Die verwendeten Kristalle haben die Eigenschaft, daß sie beim Auftreffen von Photonen einen Lichtblitz erzeugen. Sie werden deshalb als Szintillationskristalle bezeichnet. Die Kristalle sind an Photokathoden und diese wiederum an Photomultiplier gekoppelt. So wird das optische Signal in ein elektrisches Signal umgewandelt und anschließend verstärkt. Die Ausgänge der Photomultiplier sind mit den gegenüberliegenden Einheiten in Koinzidenz geschaltet, um gleichzeitig eintreffende Photonen einander zuordnen zu können.

Der PET-Scanner PC4096-15WB

Folgende Anordnung lag bei dem in dieser Arbeit verwendeten PET-Gerät (Typ PC4096-15WB der Firma Scanditronix) vor [RHS90]: Der Tomograph besteht aus 8 Ringen, wobei jeder Ring aus 512 BGO-Kristallen besteht und einen Durchmesser von 101 cm aufweist. Zwischen den einzelnen Ringen befinden sich Bleisepten, die die Aufnahme von gestreuten Koinzidenzen quer zur Symmetrieachse vermindern. Jeweils 4×4 Kristalle sind zu einem Detektormodul zusammengefaßt und mit jeweils zwei Dualphotomultiplier verschaltet. Die Kristalle haben eine Fläche von 6 mm x 12 mm und eine Höhe von 30 mm. Innerhalb eines Ringes ist jeder Detektor mit 195 gegenüberliegenden Detektoren in Koinzidenz geschaltet. Der maximale zeitliche Abstand, bei dem zwei Photonen als zusammengehörig

erkannt werden, beträgt 12 ns. Außerdem befinden sich Koinzidenzlinien zwischen Detektoren von jeweils benachbarten Ringen. Die Gesamtzahl der Koinzidenzlinien beträgt ca. 50000. Durch die Messung von Koinzidenzen zwischen benachbarten Detektorringen werden mit den 8 Detektorringen insgesamt 15 Ebenen aufgenommen. Der Aufnahmebereich umfaßt in axialer Richtung 10,4 cm. Für den transversalen Aufnahmebereich kann zwischen einem Durchmesser von 55 cm und einem Durchmesser von 27 cm gewählt werden. Die maximale Auflösung in der Ebene beträgt 4,9 mm und in axialer Richtung 6,0 mm.

Der Ablauf der Messung

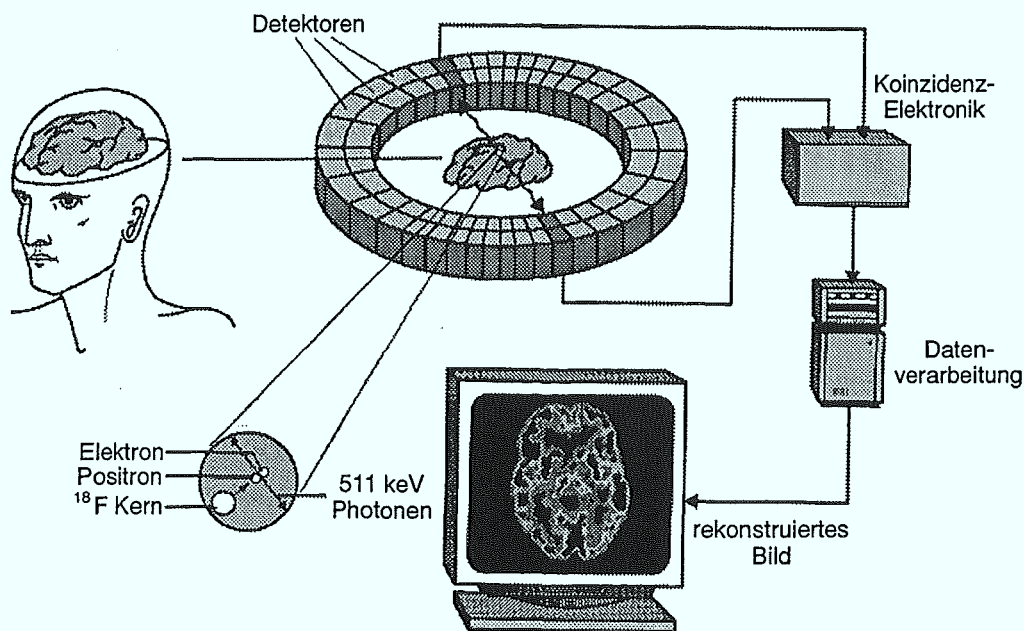


Abbildung 2.2: Schematischer Meßaufbau einer PET-Messung

Der Aufbau einer Messung ist in Abbildung 2.2 skizziert. Zu Beginn der Messung wird dem Patienten eine radioaktiv markierte stoffwechselaktive Substanz injiziert. Nach einer Zeitspanne, die von dem verwendeten Radioisotop, dem zu untersuchenden Organ und der Zielsetzung der Messung abhängt, hat die Substanz ihren Bestimmungsort erreicht. Nun beginnt die eigentliche Messung. Sie umfaßt eine Zeitspanne von minimal 3 Minuten bis

zu maximal mehreren Stunden. Der Patient wird so positioniert, daß der interessierende Körperbereich im Aufnahmebereich des Tomographen liegt. Über einen festgelegten Zeitraum wird für jedes in Koinzidenz geschaltete Detektorpaar die Anzahl der eingetroffenen Photonenpaare gezählt. Die Messung wird unter Umständen in mehrere Zeitabschnitte untergliedert, um zeitliche Veränderungen der Verteilung des Radioisotops zu messen und so Rückschlüsse über gewisse Stoffwechselfparameter zu gewinnen.

Üblicherweise wird neben der eigentlichen Messung, der Emissionsmessung, eine sogenannte Transmissionsmessung mit dem Ziel durchgeführt, die Abschwächung durch das Körpergewebe zu bestimmen. Dazu rotiert eine externe Positronen strahlende Stabquelle um den Patienten. Durch den Vergleich zu einer Leermessung, bei der die Strahlung der Stabquelle ohne Patient gemessen wird, wird die Absorption der Emissionsstrahlen im Körper bestimmt und zur Absorptionskorrektur der eigentlichen PET-Messung verwendet.

Die medizinische Bedeutung des Verfahrens

Die diagnostischen Verfahren der Nuklearmedizin bieten die Möglichkeit, funktionelle Untersuchungen durchzuführen. Im Gegensatz zu den radiologischen Verfahren wie CT und MRT steht hier der Stoffwechsel im Blickpunkt. Dabei werden radioaktiv markierte Tracer verwendet. Tracer sind Substanzen, die mit einem radioaktiven Isotop versehen werden, um so die biochemischen Vorgänge im Körper zu verfolgen. Dabei muß sichergestellt werden, daß durch die radioaktive Markierung der untersuchte Stoffwechselvorgang nicht oder nur in gewünschter Weise verändert wird. Ein Vorteil der PET ist, daß mit ^{11}C , ^{18}F und ^{15}O positronenstrahlende Isotope zur Verfügung stehen, deren stabile Schwesterisotope in einer Vielzahl organischer Verbindungen eine Rolle spielen. Deshalb stehen der PET für die Untersuchung der unterschiedlichen Stoffwechselvorgänge eine Vielzahl von radioaktiven Substanzen zur Verfügung, deren Verhalten im menschlichen Organismus relevant ist.

Im Unterschied zu anderen bildgebenden Verfahren, bei denen morphologische Veränderungen untersucht werden, können die funktionellen Verfahren bei einem anderen Krankheitsstadium eingesetzt werden. Bevor die Krankheit morphologisch ausgeprägt ist, können unter Umständen Stoffwechseländerungen erkannt werden. Grundlage hiervon ist die Vorstellung einer Hierarchie vom Genotyp zum Chemotyp und vom Chemotyp zum Phänotyp.

Eine morphologisch orientierte Diagnostik setzt beim Phänotyp an, wohingegen die funktionelle Diagnostik eine Stufe vorher also beim Chemotyp einsetzt. Zudem gibt es auch Krankheiten, die nur aufgrund einer Stoffwechselveränderung diagnostizierbar sind.

Eine andere Bedeutung spielt die PET in der Pharmazie zur Erforschung neuer Medikamente. Die Wirkungsweise kann in vivo zum Beispiel anhand von Tierversuchen verfolgt werden. Im Bereich der Grundlagenforschung werden mit PET die grundlegenden biochemischen Vorgänge im Gehirn oder Herzen erforscht.

Die zentralen Organe, die im Institut für Medizin des Forschungszentrums Jülich mit PET untersucht werden, sind Herz und Gehirn. Im allgemeinen werden auch Ganzkörperuntersuchungen durchgeführt, zum Beispiel zur Metastasensuche bei Tumorkranken.

Abgrenzung von PET gegenüber anderen nuklearmedizinischen Verfahren

Gegenüber den planaren nuklearmedizinischen Verfahren, zu denen zum Beispiel die Szintigraphie zählt, zeichnet sich die PET als tomographisches Verfahren dadurch aus, daß mit ihr einzelne Schnittebenen des Körpers dargestellt werden können.

Der bereits erwähnte Unterschied der verwendeten Strahler zwischen PET und SPECT hat die folgenden Auswirkungen. Zum einen sind die PET-Detektoren hochspezialisiert für Gammaquanten mit der immer gleichen Ausgangsenergie von 511 keV, wohingegen beim SPECT Quanten mit unterschiedlichen Ausgangsenergien gemessen werden (zum Beispiel ^{123}J 159 keV oder ^{99}Tc 140 keV). Zum anderen stehen, wie oben bereits erwähnt, einige Positronen strahlende Isotope zur Verfügung, die leicht in Substanzen eingesetzt werden können, die im Organismus auftreten, ohne deren physikalischen oder chemischen Eigenschaften zu verändern. Dies ist bei den in der SPECT verwendeten Isotopen nicht gewährleistet.

Ein großer Vorteil der PET ist die Möglichkeit der Quantifizierung von Stoffwechselprozessen. In der PET ist die Abschwächungskorrektur auf analytischem Wege berechenbar. Außerdem existieren hinreichend genaue Korrekturverfahren für Streuung. Dies ist bei der SPECT zur Zeit ebenfalls noch nicht gewährleistet.

Ein großer Nachteil der PET gegenüber der SPECT sind hingegen die hohen Kosten und die Notwendigkeit eines in der Nähe gelegenen Zyklotrons aufgrund der niedrigen

Halbwertszeiten der verwendeten Isotope (^{18}F 109 min, ^{11}C 20 min und ^{15}O 2 min).

Meßungenauigkeiten und Korrekturen beim PET

Bei der Messung treten einige Meßungenauigkeiten beziehungsweise Fehler auf, die teilweise in Zusammenhang mit der Bildrekonstruktion korrigiert werden.

Der radioaktive Zerfall stellt unter statistischen Gesichtspunkten einen Poissonprozeß dar. Da die verwendeten Aktivitätskonzentrationen möglichst gering sein sollen, ist ein statistisches Rauschen in den Bildern wiederzufinden. In den im weiteren beschriebenen statistischen Rekonstruktionsverfahren (Kapitel 4) wird dieser Eigenschaft der Daten Rechnung getragen.

Des weiteren stellen sowohl die Positronenreichweite als auch die Abweichung vom 180° -Winkel der auseinanderfliegenden Vernichtungsstrahlen Fehler dar. Diese bleiben bei der Bearbeitung der Daten unberücksichtigt.

Bei der Aufnahme der Koinzidenzen treten folgende Probleme auf, die in Abbildung 2.3 schematisch dargestellt sind:

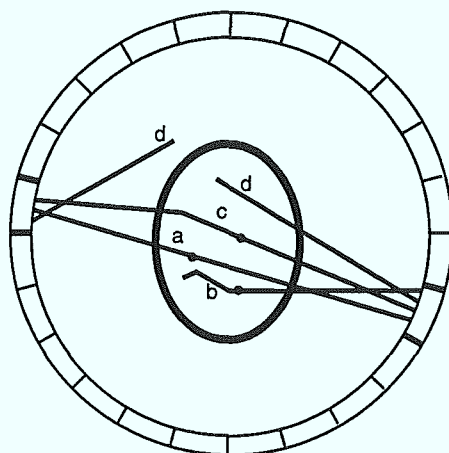


Abbildung 2.3: schematische Darstellung: (a) wahre Koinzidenz, (b) absorbierte Koinzidenz, (c) gestreute Koinzidenz, (d) zufällige Koinzidenz

- Absorbierte Koinzidenzen: Mindestens ein Quant der Koinzidenz wird so stark abgeschwächt, daß es im Detektor nicht nachgewiesen werden kann. Es kann keine Koinzidenz gemessen werden. Durch die Transmissionsmessung läßt sich für jedes Detektorpaar der Abschwächungsfaktor berechnen. Die Abschwächungskorrektur erfolgt durch Multiplikation der Emissionsmessung mit den Abschwächungsfaktoren.
- Gestreute Koinzidenzen: Durch den Comptoneffekt wird ein Quant in seiner Richtung abgelenkt. Das Quantenpaar wird dem falschen Detektorpaar zugeordnet. Die Streukorrektur geschieht nach einem von Bergström vorgeschlagenen Verfahren [BEB83]. Dazu wird die Streuung für eine Punktquellenmessung berechnet und eine Entfaltungsfunktion bestimmt. Mit dieser werden die Emissionsdaten korrigiert.
- Zufällige Koinzidenzen: Zwei unabhängige Quanten treffen zufällig gleichzeitig an gegenüberliegenden Detektoren auf und werden fälschlicherweise einander zugeordnet. Für die Korrektur wird ausgenutzt, daß neben den Koinzidenzen zusätzlich einzeln eintreffende Quanten für jeden Detektor gezählt werden. Eine Schätzung der zufälligen Koinzidenzen für ein spezifisches Detektorpaar a, b ergibt sich als das zweifache des Produktes aus der Anzahl der an jedem Detektor einzeln eintreffenden Quanten (n_a, n_b) und dem Zeitfenster τ [BBE80]. Der Schätzwert zufälliger Koinzidenzen wird von den gemessenen subtrahiert.
- Koinzidenzen während der Totzeit: Der Detektor befindet sich nach einer Szintillation in einer Phase, in der er nicht ansprechbar ist. Diese Phase wird als Totzeit bezeichnet. Trifft innerhalb dieses Zeitabschnittes ein Quant ein, so kann es nicht registriert werden.

Diese Meßfehler werden vor dem Rekonstruktionsprozeß korrigiert.

Die einzelnen Detektoren weisen Unterschiede in der Sensitivität auf. Diese Faktoren werden durch regelmäßig durchzuführende Normierungsmessungen bestimmt, um damit die Emissionsdaten zu korrigieren. Ungenauigkeiten in der Ortszuordnung der Detektoren bleiben üblicherweise unberücksichtigt.

2.2 Magnet-Resonanz-Tomographie

In der medizinischen Routine wird die MRT zur Darstellung von morphologischen Strukturen verwendet. Sie zeichnet sich durch eine hohe Auflösung zwischen 0,5 und 2 mm aus. Die MRT ist ein sehr komplexes Werkzeug und kann abhängig von der Wahl bestimmter Parameter Kontraste zwischen unterschiedlichem Gewebe verschieden darstellen. Im Gehirn ist es möglich, die anatomischen Räume wie graue Substanz, weiße Substanz und Liquorraum auf dem MRT-Bild zu differenzieren.

Das physikalische Prinzip

Die MRT beruht auf dem Effekt der Kernresonanz. Die Grundlage hiervon ist das Phänomen des Kernspins, der bei den folgenden Atomkernen auftritt: Atomkernen mit gerader Protonenanzahl und ungerader Neutronenanzahl, Atomkernen mit ungerader Protonenanzahl und gerader Neutronenanzahl und Atomkernen mit ungerader Protonenanzahl und ungerader Neutronenanzahl. Beispiele dafür sind Wasserstoff (^1H), Stickstoff (^{14}N), Phosphor (^{31}P) und Natrium (^{23}Na). Wasserstoff kommt für die MRT-Bildgebung eine besondere Rolle zu, da es das mit Abstand am häufigsten vorkommende Isotop im menschlichen Körper darstellt und zudem eine gute Signalintensität für die MRT liefert.

Der Kernspin I hat eine Richtung und weist einen Eigendrehimpuls auf. Da der Kern eine positive Ladung besitzt, entsteht so ein magnetisches Moment μ , welches folgendermaßen bestimmt ist:

$$\mu = \gamma I \quad (2.1)$$

Dabei bezeichnet γ das gyromagnetische Verhältnis, welches die Frequenz pro Magnetfeldstärke angibt und isotopenspezifisch ist.

Ohne ein äußeres Magnetfeld sind die Ausrichtungen der Kernspins statistisch in alle Raumrichtungen gleichverteilt. Sobald ein äußeres Magnetfeld B_0 angelegt wird, richten sich die Spins in zwei Richtungen aus: parallel und antiparallel zu B_0 (Abbildung 2.4). Zwischen diesen beiden Zuständen besteht die folgende Energiedifferenz, wobei der antiparallele Zustand der höher energetische Zustand ist:

$$\Delta E = \gamma(\hbar/2\pi)B_0 \quad (\hbar \text{ Plank'sches Wirkungsquantum}) \quad (2.2)$$

Das Verhältnis der Anzahl der Kerne in parallelem zu antiparallelem Zustand ist durch die Boltzmannverteilung bestimmt, in die die Feldstärke des angelegten Magnetfeldes B_0 und die Temperatur T als Parameter eingehen. Unter typischen Versuchsbedingungen ist die Zahl der Kerne in paralleler Ausrichtung leicht höher als die in antiparalleler Ausrichtung. Somit entsteht eine Magnetisierung M_0 in Richtung des angelegten Magnetfeldes. Neben der Drehung um die eigene Achse führen die Spins noch eine Kreiselbewegung mit einem festen Winkel aus, deren Frequenz ebenfalls durch das Magnetfeld B_0 bestimmt ist. Das gesamte System befindet sich in einem thermischen Gleichgewicht.

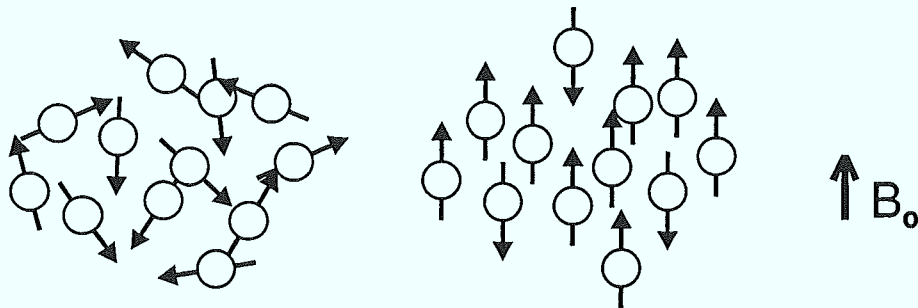


Abbildung 2.4: Ausrichtung der Spins ohne und mit äußerem Magnetfeld

Wird dem System durch kurzzeitiges Anlegen eines hochfrequenten elektromagnetischen Feldes Energie zugeführt, so wird das thermische Gleichgewicht gestört, wenn die folgende Bedingung erfüllt ist: Die zugeführte Energie muß gerade der Energiedifferenz zwischen parallelem und antiparallelem Zustand entsprechen. Daraus folgt, daß die eingestrahlte Frequenz genau die Größe der sogenannten Resonanzfrequenz oder Larmorfrequenz ω_0 annimmt:

$$\omega_0 = \gamma B_0 \quad (2.3)$$

Dies ist dieselbe Frequenz, mit der die Spins ihre Kreiselbewegung durchführen. Unter dieser Bedingung werden abhängig von der Stärke und der Dauer des Signals einige Kerne aus der parallelen Richtung in den höherenergetischen Zustand der antiparallelen Richtung übergehen. Damit ändert sich die Gesamtmagnetisierung meßbar und das thermische Gleichgewicht wird gestört. Sofort nach Beendigung des Signals kehren die Spins in ihren Gleichgewichtszustand zurück. Diesen Prozeß nennt man Relaxation. Er

ist durch eine Änderung der Magnetisierung in Richtung der Ausgangsmagnetisierung des Gleichgewichtszustandes (M_o) gekennzeichnet und wird bei der MRT von außen gemessen.

Dabei überlagern sich verschiedene Relaxationsprozesse im Gewebe, wobei die beiden folgenden Prozesse für die MRT von Bedeutung sind. Man unterscheidet die Longitudinalrelaxation, auch Spin-Gitter-Relaxation genannt, und die Transversalrelaxation, auch Spin-Spin-Relaxation. Die Longitudinalrelaxation beschreibt die Relaxation in Richtung des Magnetfeldes B_o . Sie ist direkt mit der T1-Relaxationszeit verknüpft. Es ergibt sich folgendes Gesetz für den Magnetisierungsanteil M_z in Richtung des Magnetfeldes B_o :

$$M_z = M_o(1 - \exp(-t/T_1)) \quad (2.4)$$

Die Transversalrelaxation beschreibt die Relaxation senkrecht zum äußeren Magnetfeld. Kennzeichnende Größe ist hier die Zeit T2. Der Magnetisierungsanteil in dieser Richtung M_{xy} ist folgendermaßen bestimmt:

$$M_{xy} = M_o \exp(-t/T_2) \quad (2.5)$$

Die Messung

Die typischen MRT-Bilder sind Magnetisierungsbilder, die zu einem festen Zeitpunkt nach Anlegen der Impulssequenz erzeugt werden. Bilder derselben Pulssequenz, die sich nur durch den Zeitabstand vom Impuls unterscheiden, können deutliche Unterschiede im Kontrast zwischen den verschiedenen Geweben aufweisen, die sich bei der Wahl unterschiedlicher Sequenzen unter Umständen noch verstärken. Um optimale Kontraste für bestimmte Anwendungen in den Bildern zu erreichen, sind ganz spezielle Sequenzen von Pulsen entwickelt worden. Es gibt grundsätzlich drei Parameter, die man mit der MRT analysieren kann. Dazu gehören die T1-Zeit, die T2-Zeit und die Spindichte. Diese Parameter sind gewebespezifisch und lassen sich prinzipiell für jedes Voxel eines Volumens bestimmen. Dazu sind allerdings verschiedene Meßsequenzen notwendig. Die Magnetisierung nach einer einzelnen Meßsequenz ist immer hauptsächlich durch die T1-Zeit, die T2-Zeit oder die Dichte beeinflusst und wird dementsprechend als T1-, T2- oder dichte-gewichtet bezeichnet.

In dieser Arbeit werden zum einen T1-gewichtete Magnetisierungsbilder verwendet, die mit der sogenannten 3D-Flash-Sequenz gemessen wurden. Zum anderen sind mit der Dual-

Echo-Technik jeweils zwei Bildsätze erzeugt worden, von denen der eine protonendichtegewichtet und der andere T2-gewichtet ist. Damit erlangt man doppelte Information über das Gewebe, was sich bei der Segmentierung der Daten als nützlich erwiesen hat. Die verwendeten Segmentierungsalgorithmen sind in Kapitel 5.2 beschrieben.

Kapitel 3

Konventionelle Rekonstruktionsmethoden

Rekonstruktionsprobleme tauchen bei verschiedenen Anwendungen auf: in der Medizin bei der Computertomographie und bei der Magnet-Resonanz-Tomographie, ebenso in der Astrophysik und auf anderen Gebieten. Immer kann man den interessierenden Parameter-raum (zum Beispiel die Abschwächungskoeffizienten oder die Radioaktivität) nicht direkt messen, sondern muß diesen aus den von außen gemessenen Richtungsprojektionen, die sich zum Beispiel durch Integration über die Projektionslinie ergeben, zurückrechnen. Die verschiedenen Richtungsprojektionen sollen möglichst den gesamten Bildraum mit dem interessierenden Parameter abdecken. Sie werden durch Integration über die Projektionslinien gebildet. Die Projektionen können als Transformation der Bildfunktion betrachtet werden. Sie werden nach dem Mathematiker, der sie als erster beschrieben hat, als Radontransformation bezeichnet [Rad17]:

$$[\mathcal{R}f](s, \theta) = \int_y \int_x f(x, y) \delta(s + x \cos \theta - y \sin \theta) dx dy \quad (3.1)$$

Die Radontransformation bildet eine Funktion $f(x, y)$, die in der euklidischen Ebene definiert ist, in eine Funktion $[\mathcal{R}f](s, \theta)$ von Polarkoordinaten ab, die im folgenden mit $p(s, \theta)$ bezeichnet wird. θ beschreibt den Winkel der Projektionslinie und s den Abstand vom Ursprung (Abb. 3.1).

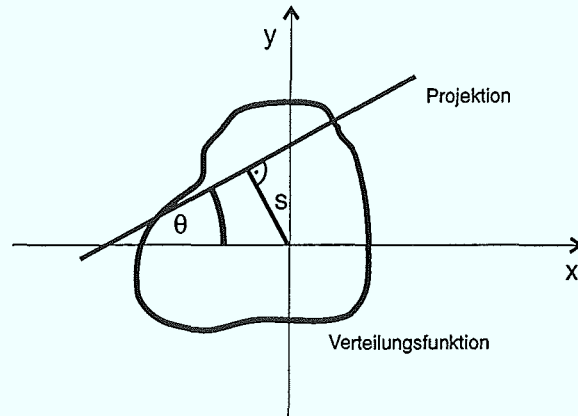


Abbildung 3.1: Transformation der Verteilungsfunktion aus der euklidischen Ebene (x, y) in die Projektionsebene der Polarkoordinaten (s, θ)

In der PET beschreibt die Funktion $f(x, y)$ die Radioaktivität in dem Punkt (x, y) der Schnittebene. Die Projektion $p(s, \theta)$ ist durch Integration über die Aktivitäten entlang der Projektionslinie, die unter dem Winkel θ mit dem Abstand s vom Ursprung durch die Schnittebene läuft, bestimmt. Die Projektionen stellen also die Anzahl der gemessenen Photonenpaare dar, die an den einzelnen Detektorpaaren gemessen werden. Für die weitere Bearbeitung werden die Projektionen nach Winkeln sortiert und zusammengefaßt (Abb. 3.2). Das rekonstruierte Bild stellt eine Schnittebene des menschlichen

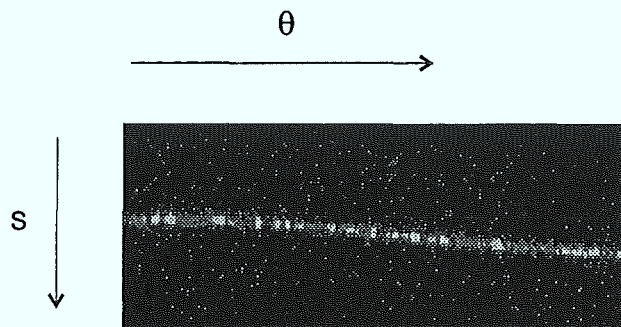


Abbildung 3.2: Projektionen einer Punktquelle.

Körpers beziehungsweise des gemessenen Objektes dar, wobei die Grauwertintensität der Verteilung der radioaktiven Substanz entspricht.

Man unterscheidet grundsätzlich zwei Rekonstruktionsmethoden: die analytischen und die iterativen Methoden.

3.1 Analytische Rekonstruktionsmethoden

Die inverse Radontransformation liefert eine *analytische Lösung* des Rekonstruktionsproblems:

$$[\mathcal{R}^{-1}p](x, y) = \frac{1}{2\pi^2} \int_0^\pi \int_{-\infty}^\infty \frac{1}{\sqrt{x^2 + y^2} \cos(\theta - \tan^{-1} \frac{y}{x}) - s} \frac{dp}{ds} ds d\theta \quad (3.2)$$

Zur softwaretechnischen Realisierung müssen weitere Überlegungen angestellt werden. Bei der Formulierung der Radontransformation befindet man sich im kontinuierlichen Raum. Durch Begrenzung der Meßapparatur können nur endlich viele diskrete Projektionen aufgenommen werden und bei der Berechnung auf dem Computer ist ebenfalls eine Diskretisierung von Meßraum und Bildraum nötig.

Die sogenannte gefilterte Rückprojektion stellt eine approximierte Berechnung der inversen Radontransformation dar. Diese Methode besteht aus zwei Schritten. Zunächst werden die geordneten Projektionen gefiltert und anschließend auf den Bildraum rückprojiziert, indem die Werte aller Projektionslinien, die durch den entsprechenden Bildpunkt hindurchlaufen, aufaddiert werden. Die Rückprojektion $\mathcal{B}$ läßt sich also folgendermaßen beschreiben:

$$[\mathcal{B}p](x, y) = \int_0^\pi p(x \cos \theta + y \sin \theta, \theta) d\theta \quad (3.3)$$

Diese Methode zeichnet sich als effiziente Lösung des Rekonstruktionsproblems aus. Vor allem deshalb wird sie in der medizinischen Routine am PET häufig angewendet, obwohl die berechneten Bilder einen hohen Rauschanteil und Artefakte aufweisen (Abb. 3.3). Bei anderen tomographischen Verfahren wie zum Beispiel der Computertomographie treten diese Störungen aufgrund einer feineren Abtastung und der höheren Statistik nicht auf.

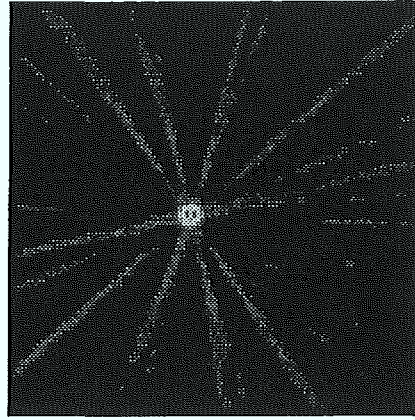


Abbildung 3.3: Punktquelle, rekonstruiert mit der gefilterten Rückprojektion.

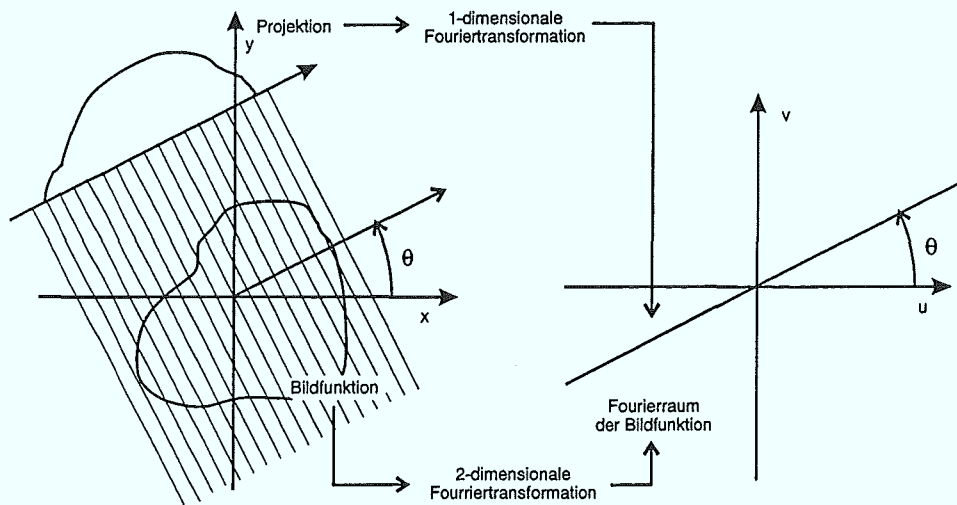


Abbildung 3.4: Schematische Darstellung des Zentralschnitttheorems.

Eine andere analytische Form der Rekonstruktion beruht auf dem Zentralschnitttheorem (Abb. 3.4). Dieses besagt, daß die eindimensionale Fouriertransformation der Radontransformierten eines Winkels gerade der zweidimensionalen Fouriertransformation der Bildfunktion unter demselben Winkel entspricht. Sei $\mathcal{F}$ das Zeichen für die Fouriertransformation und $[\mathcal{F}_1 \mathcal{R}f](s, \theta)$ die eindimensionale Fouriertransformation der Radontransformierten der Funktion f bezüglich des Parameters s bei festem Winkel θ , so gilt folgen-

des:

$$[\mathcal{F}_1 \mathcal{R}f](s, \theta) = [\mathcal{F}_2 f](s \cos \theta, s \sin \theta) \quad (3.4)$$

Durch eindimensionale Fouriertransformation der Projektionen, Anordnung im Fourierraum der Bildfunktion und anschließende zweidimensionale inverse Fouriertransformation läßt sich also ebenfalls der gesuchte Bild- oder Parameterraum berechnen. Die inverse Radonformel läßt sich mathematisch aus dem Zentralschnitttheorem herleiten. Es gibt noch weitere analytische Rekonstruktionsalgorithmen, die sich auch auf das Zentralschnitttheorem zurückführen lassen [Lew83].

3.2 Iterative Rekonstruktionsmethoden

Unter den *iterativen Methoden*, die auch als Reihenentwicklungsmethoden bezeichnet werden, gibt es eine Vielzahl Ansätze [Cen83]. Sie haben gegenüber den analytischen Methoden den Nachteil, wesentlich mehr Rechenzeit zu benötigen. Im allgemeinen wird nämlich in jedem Iterationsschritt eine Hin- und Rückprojektion der Bildpixel durchgeführt.

Alle iterativen Methoden gehen von einem diskreten Bildraum aus. Das Rekonstruktionsproblem läßt sich als lineares Gleichungssystem darstellen:

$$A\vec{x} = \vec{y} \quad (3.5)$$

Dabei bezeichnet $\vec{y}$ den Vektor der Projektionswerte, $\vec{x}$ den Bildvektor und die Koeffizientenmatrix A gibt den jeweiligen Anteil des Pixels x_i an der Projektion y_j an. Jede Zeile spiegelt eine Projektionslinie und jede Spalte ein Pixel wider. Ein solches Gleichungssystem ist sehr groß und hat zum Beispiel 48000 Zeilen und 65536 oder 16384 Spalten für die Geometrie des PET-Scanner PC4096. Zudem ist es über- oder unterbestimmt, schlecht konditioniert und unter Umständen inkonsistent.

Es lassen sich die bekannten Techniken zur Lösung eines linearen Gleichungssystems anwenden, wie zum Beispiel die Methode von Kaczmarz, das Gradientenverfahren oder das konjugierte Gradientenverfahren. Bei einem unterbestimmten Gleichungssystem müssen

Optimierungskriterien angewendet werden, um aus dem Lösungsraum eine spezielle Lösung auszuwählen. Bei der quadratischen Optimierung minimiert man die Varianz:

$$\sum_{j=1}^n (x_j - \bar{x})^2 \quad \text{mit} \quad \bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n x_j \quad , \quad \vec{x} \text{ Bildvektor} \quad (3.6)$$

und bei der Entropie-Optimierung maximiert man die Entropie:

$$-\sum_{j=1}^n x_j \ln(x_j) \quad (3.7)$$

Bei den iterativen Verfahren stellt sich der Schätzwert für ein Bildpixel x_i in jeder Iteration als Funktion des letzten Schätzwertes x_i^n , des Meßvektors $\vec{y}$ und den aus den letzten Schätzern der Bildpixel berechneten Richtungsprojektionen $\vec{y}_{cal} = A\vec{x}^n$ dar. Die Iterations- oder Korrekturformel sieht also folgendermaßen aus:

$$x_i^{n+1} = f(x_i^n, \vec{y}, \vec{y}_{cal}) \quad (3.8)$$

Die iterativen Verfahren werden nach ihrer Korrekturformel unterschieden: zum einen danach, ob die Korrekturformel additiver oder multiplikativer Natur ist und zum anderen danach, ob in jedem Korrekturschritt sämtliche Projektionen, alle Projektionen einer Richtung oder genau eine Projektion berücksichtigt wird. Eine Untergruppe der iterativen Verfahren, die für die Positronen-Emissions-Tomographie von besonderer Bedeutung ist, stellen die statistischen Verfahren dar. Diese werden im folgenden Kapitel eingehend behandelt.

Kapitel 4

Statistische Rekonstruktion

Der grundlegende Ansatz für ein statistisches Rekonstruktionsverfahren ist der *Maximum-Likelihood-Expectation-Maximization-Algorithmus* (ML-EM-Algorithmus) von Shepp und Vardi [SV82]. Die Meßdaten werden als Stichprobe eines zu Grunde liegenden statistischen Prozesses angesehen. Dabei beschreiben die Parameter dieses Prozesses das gesuchte Bild. Sie sollen nach dem Maximum-Likelihood-Prinzip geschätzt werden.

4.1 Das statistische Modell

Der radioaktive Zerfall stellt unter räumlichem und zeitlichem Gesichtspunkt einen Poissonprozeß dar. Betrachtet man eine feste Raumeinheit, in welcher sich radioaktive Substanz befindet, so ergibt sich in einem festen Zeitintervall folgende statistische Verteilung für die Anzahl der Zerfälle:

$$P(X = k) = \frac{\lambda^k}{k!} e^{-\lambda} \quad (4.1)$$

Sei X die Zufallsvariable, die die Anzahl der radioaktiven Zerfälle in dem untersuchten Raum angibt, so gibt obige Formel die Wahrscheinlichkeit an, daß in dieser Raumeinheit gerade k Zerfälle stattfinden, wenn die mittlere Aktivität gerade λ ist. Die Poissonverteilung ist allein durch den Parameter λ bestimmt, der sowohl Mittelwert als auch Varianz der Verteilung angibt.

Um ein statistisches Modell für die Emissions-Tomographie zu beschreiben, werden einige Bezeichnungen eingeführt. Zur Vereinfachung wird nur eine einzelne Schnittebene betrachtet. Aus dieser Ebene wird ein quadratischer Ausschnitt gewählt und in quadratische Pixel $i = 1, \dots, B$ eingeteilt. X bezeichnet den Zufallsvektor, der die Anzahl der Zerfälle pro Pixel angibt (Abb. 4.1):

X mit $X_i =$ Anzahl der Zerfälle in Pixel i

Damit ist jede Komponente X_i poissonverteilt mit Mittelwert λ_i :

λ mit $\lambda_i =$ mittlere Aktivität in Pixel i

λ ist als kennzeichnender Parametervektor von X der gesuchte Bildvektor, der mit dem Rekonstruktionsverfahren geschätzt werden soll.

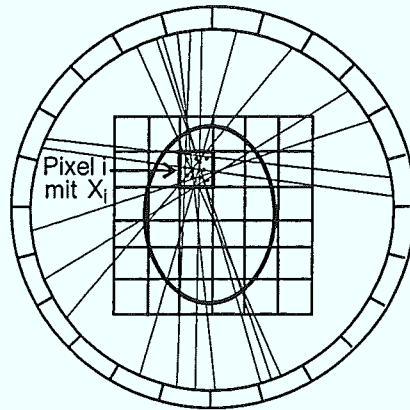


Abbildung 4.1: Jede Komponente X_i zählt die Anzahl der Zerfälle in Pixel i .

Von jedem Pixel i laufen die Ereignisse gleichverteilt in alle Raumrichtungen. Betrachtet man nun für jedes Pixel i und jedes Detektorpaar j ($j = 1, \dots, D$) die Ereignisse, die ihren Ursprung in i haben und in j gemessen werden, so ergibt sich hierdurch ein Zufallsvektor Z , deren Komponenten Z_{ij} ebenfalls poissonverteilt sind (Abb. 4.2):

Z mit $Z_{ij} =$ Anzahl Ereignisse aus Pixel i ,
die in Detektorpaar j registriert werden

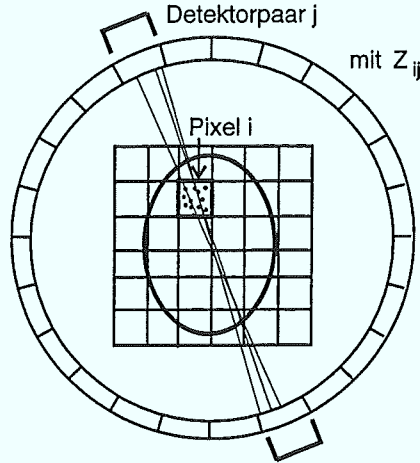


Abbildung 4.2: Jede Komponente Z_{ij} zählt die Anzahl der Zerfälle in Pixel i , die im Detektorpaar j gemessen werden.

Damit ergibt sich jede einzelne Komponente X_i als Summe von Komponenten Z_{ij} :

$$X_i = \sum_j Z_{ij}$$

Der analoge Zusammenhang ergibt sich für die Mittelwerte. Sei λ_Z der Parametervektor des Zufallsvektors Z mit Komponenten $\lambda_{Z_{ij}}$:

$$\lambda_i = \sum_j \lambda_{Z_{ij}}$$

Umgekehrt lassen sich Koeffizienten p_{ij} finden, so daß gilt:

$$\lambda_{Z_{ij}} = p_{ij} \lambda_i$$

Die Koeffizienten p_{ij} geben an, mit welcher Wahrscheinlichkeit ein Ereignis, welches in Pixel i stattgefunden hat, in Detektor j gemessen wird. Da alle Richtungen gleichverteilt angenommen werden, lassen sich die Koeffizienten p_{ij} aus der Detektorgeometrie ableiten. Zudem spielen jedoch noch einige physikalische Effekte eine Rolle, sowie die Eigenschaften der Detektoren, die bei der Beschreibung des Modells zunächst unberücksichtigt bleiben sollen. Vereinfachend wird angenommen:

$$\sum_j p_{ij} = 1$$

Unter dieser Annahme würde jedes Ereignis, das stattfindet, auch von einem Detektorpaar aufgenommen werden.

Der gesuchte Parametervektor λ des Zufallsvektors X ist unbekannt und es liegt auch keine Stichprobe $X = x$ vor, sondern nur eine Stichprobe y des Zufallsvektors Y (Abb. 4.3), der den Meßvektor beschreibt. Jede Komponente Y_j gibt an wieviel Ereignisse im Detektorpaar j registriert werden und ist ebenfalls poissonverteilt, da sie sich aus Komponenten von Z zusammensetzt:

$$Y \quad \text{mit} \quad Y_j = \text{Anzahl der Ereignisse in Detektorpaar } j$$

$$\text{und} \quad Y_j = \sum_i Z_{ij}$$

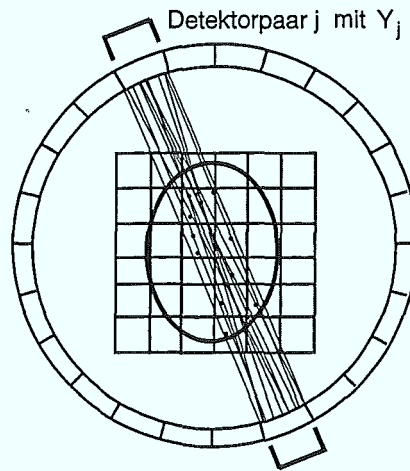


Abbildung 4.3: Jede Komponente Y_j zählt die Anzahl der Zerfälle die in Detektorpaar j gemessen werden.

Entsprechend ergibt sich der Mittelwert λ_Y der einzelnen Komponenten von Y als Summe der Mittelwerte der zugehörigen Komponenten von Z :

$$\lambda_{Y_j} = \sum_i p_{ij} \lambda_i$$

Damit ergeben sich nun folgende Zufallsvektoren mit zugehörigen Parametervektoren:

Emissionsereignisse in i	: X_i	λ_i
Detektorereignisse in j	: Y_j	$\sum_i p_{ij} \lambda_i$
Emissionsereignisse in $i \cap$ Detektorereignisse in j	: Z_{ij}	$p_{ij} \lambda_i$

Für die gemessenen Ereignisse $Y = y$ gilt folgende Verbundwahrscheinlichkeit bei gegebenem Parametervektor λ :

$$P(y/\lambda) = \prod_j \exp\left(-\sum_i p_{ij}\lambda_i\right) \frac{(\sum_i p_{ij}\lambda_i)^{y_j}}{y_j!} \quad (4.2)$$

Der Parametervektor λ dieser Gleichung ist der Mittelwert des Zufallsvektors X und soll mit dem im folgenden Abschnitt beschriebenen Algorithmus geschätzt werden.

4.2 Der Maximum-Likelihood-EM-Algorithmus

Das Likelihoodkonzept dient dazu, aus einer gegebenen Stichprobe, deren Zufallsgesetz bekannt ist, die zugehörigen unbekannten Parameter zu schätzen. Liegt eine PET-Messung vor, so stellt $Y = y$ eine Stichprobe der Verteilung (4.2) dar, deren Parameter λ gesucht wird. Um ein solches Problem zu lösen, betrachtet man die Likelihoodfunktion, die die Wahrscheinlichkeit für die Stichprobe y unter der angenommenen Verteilung angibt. Im Gegensatz zu der entsprechenden Wahrscheinlichkeitsverteilung wird dabei y als fest und der Parameter λ als variabel angenommen. Die Likelihoodfunktion $L(\lambda)$ ist also eine Funktion von λ bei gegebenem y :

$$L(\lambda) = P(y/\lambda) = \prod_j \exp\left(-\sum_i p_{ij}\lambda_i\right) \frac{(\sum_i p_{ij}\lambda_i)^{y_j}}{y_j!} \quad (4.3)$$

Gesucht wird nun der Parametervektor λ , für den die Messung y maximale Wahrscheinlichkeit annimmt. Dieser ist gerade das λ^* , für das die Likelihoodfunktion ihr Maximum annimmt. Um das Produkt aus der Likelihoodfunktion zu eliminieren, wird $L(\lambda)$ mit dem natürlichen Logarithmus transformiert. Diese Funktion wird Loglikelihoodfunktion genannt:

$$l(\lambda) = \ln L(\lambda) = \sum_j \left(-\sum_i p_{ij}\lambda_i + y_j \ln\left(\sum_i p_{ij}\lambda_i\right) - \ln(y_j!) \right) \quad (4.4)$$

Wegen der Monotonieeigenschaft des Logarithmus ist jedes Maximum von $L(\lambda)$ auch Maximum von $l(\lambda)$ und umgekehrt. Ebenso können additive Konstanten des Loglikelihoods weggelassen werden, da sie die Lage des Maximums nicht beeinflussen. Es gilt:

$$l(\lambda) \propto \sum_j \left(-\sum_i p_{ij}\lambda_i + y_j \ln\left(\sum_i p_{ij}\lambda_i\right) \right) \quad (4.5)$$

Dabei ist $\propto$ das Zeichen für die Proportionalität. Des weiteren wird diese vereinfachende Formel als $l(\lambda)$ bezeichnet. Gesucht wird das Maximum von (4.5) mit Hilfe der partiellen Ableitungen bezüglich λ_i :

$$\begin{aligned}\frac{\partial l(\lambda)}{\partial \lambda_i} &= \sum_j \left(-p_{ij} + \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \lambda_k} \right) \\ &= -1 + \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \lambda_k}\end{aligned}\quad (4.6)$$

Für die zweiten Ableitungen gilt, daß sie eine quadratische Form bilden, die negativ semidefinit ist [SV82]:

$$\frac{\partial^2 l(\lambda)}{\partial \lambda_{i1} \partial \lambda_{i2}} = - \sum_j \frac{y_j p_{i1,j} p_{i2,j}}{(\sum_k p_{kj} \lambda_k)^2} \quad (4.7)$$

Daraus folgt, daß $l(\lambda)$ konkav ist. Damit sind alle existierenden Maxima globale Maxima. Sie befinden sich an einer Nullstelle der ersten Ableitungen:

$$-1 + \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \lambda_k} = 0 \quad (4.8)$$

Durch Multiplikation dieser Gleichung mit λ_i ergibt sich die folgende Fixpunktiteration:

$$\hat{\lambda}_i^{n+1} = \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} \quad (4.9)$$

Als Anfangsschätzwert für λ wird üblicherweise eine Gleichverteilung aus der Summe der gemessenen Ereignisse über den gesamten Betrachtungsausschnitt gewählt.

In diesem Abschnitt wurde ausgehend von dem Maximum-Likelihood-Prinzip ein iterativer Algorithmus hergeleitet. Der so definierte Algorithmus stellt den EM-Algorithmus (Expectation-Maximization-Algorithmus) für die Maximum-Likelihood-Schätzung dar und wird als Maximum-Likelihood-Expectation-Maximation-Algorithmus (ML-EM) bezeichnet. Im folgenden Abschnitt wird gezeigt, daß es sich um einen EM-Algorithmus handelt, wie er in [DLR77] beschrieben wird. Daraus ergibt sich, daß die Konvergenz dieses Iterationsalgorithmus gesichert ist. Allerdings zeigt sich, daß der Konvergenzpunkt nicht unbedingt mit einer optimalen Lösung des Rekonstruktionsproblems übereinstimmen muß.

4.3 Eigenschaften des ML-EM-Algorithmus

Der Algorithmus, der durch die Iterationsformel (4.9) beschrieben wird, hat folgende Eigenschaften:

a) Positivität:

$$\hat{\lambda}_i^n \geq 0, \forall i \in I, n = 1, 2, \dots$$

$$\text{falls } \hat{\lambda}_i^0 \geq 0, \forall i \in I$$

b) Summe aller Ereignisse bleibt erhalten:

$$\sum_i \hat{\lambda}_i^{n+1} = \sum_j y_j, n = 1, 2, \dots$$

$$\text{falls } \sum_i \hat{\lambda}_i^0 = \sum_j y_j$$

c) Die Likelihoodwahrscheinlichkeit wird mit jedem Iterationsschritt vergrößert:

$$L(\hat{\lambda}^{n+1}) \geq L(\hat{\lambda}^n), \text{ wobei Gleichheit nur für } L(\hat{\lambda}^n) = \max_{\lambda} L(\lambda)$$

Die Positivitätsbedingung, die bei anderen Verfahren wie zum Beispiel bei der gefilterten Rückprojektion nicht erfüllt ist, wird automatisch erreicht, wenn alle Komponenten des Anfangsschätzers $\hat{\lambda}$ positiv gewählt werden. Außerdem bleibt die Summe der Ereignisse, wenn sie mit dem Anfangsschätzer $\hat{\lambda}^0$ einmal im Bild vorhanden sind, erhalten. Des weiteren wird die Likelihoodwahrscheinlichkeit nicht nur mit jedem Iterationsschritt erhöht, sondern es wird sogar Konvergenz gegen das Maximum gewährleistet. Dies wird mit den folgenden Überlegungen gezeigt.

Der beschriebene Rekonstruktionsalgorithmus läßt sich als Expectation-Maximization-Algorithmus (EM-Algorithmus) [DLR77] auffassen, von dem die Konvergenz bei Anwendung auf bestimmte Verteilungsfunktionen bekannt ist. Da die Poissonverteilung die Form einer regulären Exponential-Familie aufweist, gehört sie zu der Gruppe, für die die Konvergenz am einfachsten nachzuweisen ist [DLR77].

Der EM-Algorithmus liefert ein iteratives Verfahren zur Berechnung von Maximum-Likelihood Schätzern. Die grundlegende Idee kommt aus der Schätzung von Parametern bei unvollständigen Daten. Dieses Prinzip wird auf Schätzprobleme übertragen, bei denen es

sich als schwierig erweist, die gesuchten Parameter direkt aus der vorliegenden Stichprobe zu schätzen.

Man arbeitet dabei mit zwei Stichprobenräumen, die einen Zusammenhang aufweisen: auf der einen Seite die beobachteten Daten v , die auch als unvollständige Daten bezeichnet werden, und auf der anderen Seite die vollständigen Daten w , die sich nicht direkt beobachten lassen aber funktionell mit den beobachteten Daten zusammenhängen. Für die vollständigen Ereignisse, die mit der Zufallsvariable W erfaßt werden, liegt keine direkte Stichprobe vor, dafür aber eine eindeutige Zuordnung zu den beobachtbaren Ereignissen V . Die Verteilungen der beiden Zufallsvariablen V und W hängen nun von demselben Parameter δ ab. Dieser Parameter könnte aus einer Stichprobe der vollständigen Daten sehr leicht, aus der Stichprobe der beobachteten Daten jedoch nur sehr aufwendig geschätzt werden.

Die beobachteten Daten sind bei dem Rekonstruktionsproblem nun die Stichprobe y , die die PET-Messung liefert. Eine Stichprobe der Zufallsvariablen Z stellt die vollständigen Daten dar. Alle Ereignisse aus z_{ij} , $i = 1, 2, \dots, B$ sind nur indirekt über die Ereignisse aus y_j beobachtbar. Die Zuordnung ist also durch $z \rightarrow y(z) : \sum_i z_{ij}$ gegeben. Der gesuchte Parameter beider Verteilungen ist λ .

Die grundlegende Idee des EM-Algorithmus ist es, den gesuchten Parameter aus den beobachteten Daten über den Umweg der vollständigen Daten zu schätzen. Dazu wechseln sich der Erwartungswertschritt (Expectation) und der Maximierungsschritt (Maximization) ab. Ausgehend von einem Anfangsschätzer $\hat{\delta}$ wird in jeder Iterationsstufe $n + 1$ bei gegebener Stichprobe y und aktuellem Schätzer $\hat{\delta}^n$ der bedingte Erwartungswert für die vollständigen Daten als Schätzer für die vollständigen Daten berechnet: $\hat{w}^n = E[w/v, \hat{\delta}^n]$. Dies ist der Erwartungswertschritt. Der Maximierungsschritt berechnet den neuen Schätzer $\hat{\delta}^{n+1}$ so, daß die Likelihoodverteilung der vollständigen Daten mit dem Schätzer $\hat{v}$ maximiert wird. Diese beiden Schritte werden wiederholt angewendet, bis Konvergenz erreicht ist.

Um den Parameter λ zu schätzen, reicht es aus, eine Stichprobe $t(z)$ mit Komponenten $t_i(z) = \sum_j z_{ij}$ vorliegen zu haben. Eine solche Transformation t der Zufallsvariablen Z , die bezüglich der Schätzung des Parameters λ alle notwendige Information enthält, wird als *ausreichende Statistik* (*sufficient statistic*) bezeichnet ($t(z)$ ist gerade eine Stichprobe der Zufallsvariablen X aus Abschnitt 4.1). So wird im Erwartungswertschritt der folgende

Erwartungswert berechnet:

$$\hat{t}_i(z)^n = E[t_i(z)/\hat{\lambda}^n, y] = \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} \quad (4.10)$$

Die Berechnung von $\hat{t}(z)^n$ ist damit identisch mit der rechten Seite der Iterationsformel (4.9). Der Maximierungsschritt beschreibt nun die Schätzung des neuen Schätzers $\hat{\lambda}^{n+1}$ aus dem berechneten Erwartungswert. Eine konsistente Schätzung ergibt sich aufgrund der Poissonverteilung von Z durch die Identität. Damit fallen Erwartungswert- und Maximierungsschritt in einen Schritt zusammen. Da die Iterationsformel (4.9) identisch mit dem Erwartungswertschritt ist, wird durch diese gerade ein EM-Algorithmus beschrieben. Nach [DLR77] ist die Konvergenz des EM-Verfahrens gesichert und somit auch die Konvergenz des ML-EM-Algorithmus.

4.4 Problematik des ML-EM-Algorithmus

In diesem Abschnitt werden verschiedene Aspekte des ML-EM-Algorithmus erläutert, die sich bei der Implementierung als kritisch erwiesen haben.

Im letzten Abschnitt sind Eigenschaften des ML-EM-Algorithmus beschrieben worden, die sich für das Rekonstruktionsproblem als Vorteil erweisen, wie die Positivität des Schätzers und der Erhalt der Summe der Ereignisse in jedem Iterationsschritt. Zudem ist die Konvergenz des ML-EM-Algorithmus gesichert. Die grundlegende Annahme des ML-EM-Algorithmus der Poissonverteilung der Meßdaten ist unter gewissen Einschränkungen erfüllt. Diese Einschränkungen ergeben sich durch die in Abschnitt 2.1 beschriebenen Meßungenauigkeiten.

Als iterativer Algorithmus benötigt der ML-EM-Algorithmus außer der eigentlichen Iterationsvorschrift einen Startwert und eine Abbruchbedingung.

Als naheliegender und brauchbarer Startwert hat sich eine gleichmäßige Verteilung der Anzahl der gemessenen Ereignisse auf das gesamte Bild ergeben [SV82]. Liegt schon eine Rekonstruktion mit gefilterter Rückprojektion vor, so kann auch diese als Startwert dienen. Möglicherweise auftretende negative Werte, die als Artefakte durch die Filterung entstanden sind, müssen eliminiert werden. Durch diese Vorwahl des Startbildes kann sich unter Umständen die Iterationsanzahl verringern.

Da der ML-EM-Algorithmus konvergiert (Abschnitt 4.3), muß für das Abbruchkriterium eigentlich nur sichergestellt werden, daß der Schätzwert für λ nahe genug an dem Maximum-Likelihood-Schätzer liegt. Dies erfolgt mit den üblichen Abbruchkriterien für iterative Algorithmen [IK73]. Im Unterschied zu dieser Annahme ergibt sich für den subjektiven Betrachter bei der Verfolgung der rekonstruierten Bilder eines Meßdatensatzes über die verschiedenen Iterationsstufen die folgende Beobachtung. Aus einem gleichverteilten Bild entwickelt sich schrittweise das gesuchte Objekt. Die Grenzen zwischen einzelnen Regionen gewinnen von Iteration zu Iteration an Schärfe. In gleichem Maße taucht ein hochfrequentes Rauschen im Bild auf, welches mit zunehmender Iterationszahl stärker wird und schließlich nach einer sehr hohen Anzahl von Iterationen (ca. 1000) ein unakzeptables Bild liefert.

Wichtig ist es also, an einem optimalen Punkt die Iterationen abubrechen. Das Objekt muß klar identifizierbar sein. Den einzelnen Regionen müssen bereits die richtigen Konzentrationswerte zugeordnet sein. Auf der anderen Seite soll das Rauschen möglichst gering sein. Die Konvergenz des Verfahrens bezüglich des Maximum-Likelihood-Kriteriums ist gewährleistet. Die Bilder höherer Iterationsstufen weisen tatsächlich einen höheren Likelihoodwert auf.

Als Beispiel dient ein simuliertes Kreisphantom. Es wird eine homogene Konzentration innerhalb des Kreises angenommen. Die simulierten Projektionsdaten passen ohne Einschränkung zu der Annahme der Poissonverteilung. In Abbildung 4.4 sind die Rekonstruktionen nach 10, 40, 100 und 1000 Iterationen abgebildet.

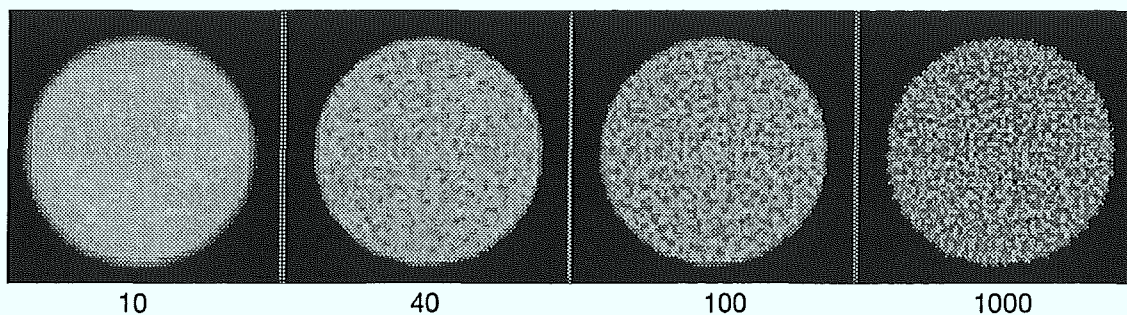


Abbildung 4.4: Simuliertes Kreisphantom nach 10, 40, 100, 1000 Iterationen

Nach 10 Iterationen ist die Grenze des Kreises noch verwischt, aber auch noch kein

Rauschen vorhanden. Bei 40 Iterationen hat man klare Grenzen und das Rauschen ist mäßig. Bei 100 Iterationen ist das Rauschen schon wesentlich stärker und nach 1000 Iterationen weist das rekonstruierte Bild unakzeptables Rauschen auf. Dieses Verhalten spiegelt die linke Kurve in Abbildung 4.5 wider, in der die Standardabweichung innerhalb einer Region of Interest (ROI), die mitten im Kreis liegt, gegen die Anzahl der Iterationen aufgetragen ist. Um das Konvergenzverhalten zu überprüfen, ist auf der rechten Seite von Abbildung 4.5 der Loglikelihoodwert über die Iterationen aufgetragen. Man sieht, daß er innerhalb der 1000 durchgeführten Iterationen stetig steigt und gegen ein Maximum strebt.

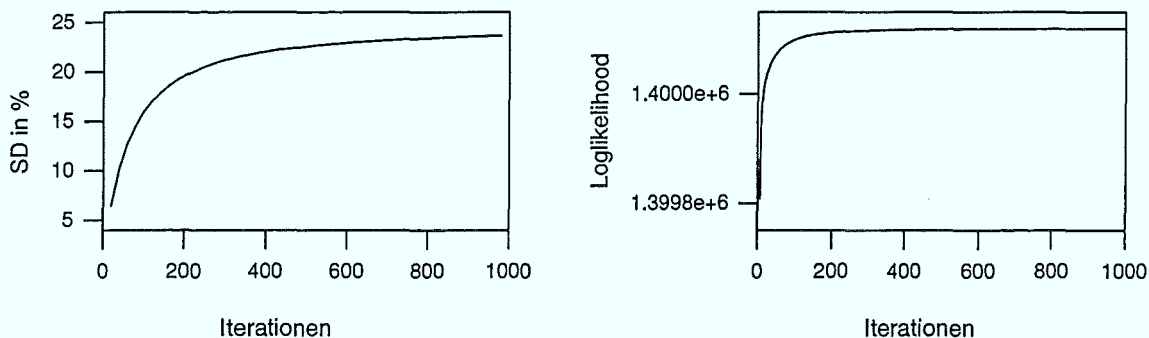


Abbildung 4.5: Links: prozentuale Standardabweichung über Iterationsschritte. Rechts: Loglikelihoodwert über Iterationsschritte, jeweils für das simulierte Phantom aus Abb. 4.4.

Der Effekt der Bildung von Rauschartefakten bei hohen Iterationszahlen ist in der Literatur zum Beispiel bei [VSK85], [VL87], [SMT87], [LH87] und [SBD94] beschrieben. Es werden dabei unterschiedliche Gründe angegeben. Statistische Gründe gibt zum Beispiel [VL87] an. Auf Grund einer zu geringen Stichprobenzahl bezüglich der Anzahl der zu schätzenden Parameter erfolgt eine zu gute Anpassung der Parameter an die Meßdaten und das Rauschen wird von den Meßdaten in das rekonstruierte Bild projiziert.

[GM87] hält aus ähnlichen Gründen eine reine Maximum-Likelihood-Schätzung ohne zusätzliche Regularisierungsmethoden für unzureichend. [Zie92] und [SBD94] halten eine zu ungenaue Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten p_{ij} verantwortlich für die oben beschriebenen Rauschartefakte.

Ebenso wie die Ansichten über die Gründe für das Rauschverhalten des ML-EM-Algorithmus differieren, gibt es auch verschiedene Vorschläge zur Vermeidung oder Verminderung dieses Problems. Diese werden in Abschnitt 4.4.2 vorgestellt.

4.4.1 Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten

In diesem Abschnitt wird die Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten zum einen in Bezug auf die Rechenzeit und zum anderen in Bezug auf die Bildung von Rauscharten beschrieben.

Wie bei allen iterativen Rekonstruktionsalgorithmen liegt der rechenintensive Teil des ML-EM-Algorithmus in der Hin- und Rückrechnung der Projektionssummen. Einen großen Anteil trägt dabei die Bestimmung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten p_{ij} . Diese geben die Wahrscheinlichkeit an, mit der Ereignisse aus Pixel i in Detektorpaar j gemessen werden. Die Anzahl der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten ergibt sich als Produkt aus der Anzahl der Detektorpaare und der Anzahl der Bildpixel. Dabei haben viele Koeffizienten (ca. 90%) den Wert Null. Sie können also bei geschickter Vorgehensweise von vornherein ausgeschlossen werden. Dennoch bleibt eine nicht unerhebliche Anzahl von Wahrscheinlichkeitskoeffizienten übrig:

$$\text{Pixelanzahl} * \text{Anzahl der Projektionsrichtungen} * \text{Konstante}$$

Die Konstante gibt die mittlere Anzahl paralleler Projektionsstrahlen an, von denen ein einzelnes Pixel gestreift wird. Abhängig von der Leistungsfähigkeit des Rechnersystems ist eine Speicherung dieser Koeffizienten, die bei jedem Iterationsschritt gleich bleiben, im Hauptspeicher nicht möglich. Die Berechnung muß in jeder Iteration neu durchgeführt werden.

Um die Wahrscheinlichkeitskoeffizienten exakt zu bestimmen, müßte das gesamte Gesichtsfeld der Kamera mit Punktquellen vermessen werden, um so für jeden Standort der Punktquelle die genauen Werte für die einzelnen Projektionen zu bestimmen.

Zur Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten finden sich in der Literatur Vorschläge für eine Abschätzung. Im folgenden wird mit Strahl beziehungsweise Projektionsstrahl der Bereich zwischen einem Detektorpaar bezeichnet. [SV82] schätzt die Wahrscheinlichkeitskoeffizienten, die den Anteil eines Pixels an einem Strahl angeben, durch den Abstand

der Strahlmitte von dem Pixelmittelpunkt. Andere Autoren [Joh89] arbeiten mit einer 1/0-Bewertung der Koeffizienten. Für jedes Pixel i wird aus jeder Projektionsrichtung genau ein Strahl j ausgewählt, für den p_{ij} der Wert 1 zugeordnet wird. Die Koeffizienten müssen mit der Anzahl der Projektionslinien normiert werden. Die Bewertung mittels der Länge der Strecke des Projektionsstrahls innerhalb des Pixels wird von [HMB93] vorgeschlagen. Dabei beurteilen [SV82] und [Joh89] eine genaue Bestimmung der Koeffizienten für den ML-EM-Algorithmus und die auftretenden Rauschartefakte als unerheblich.

[Zie92] und [SBD94] hingegen haben den Zusammenhang zwischen genauer Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten und der Entstehung von Rauschartefakten betrachtet. Beide benutzen die Berechnung der Schnittfläche zwischen Pixel und Strahl zur Abschätzung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten.

[Zie92] schlägt eine genaue Flächenberechnung mit Hilfe der trigonometrischen Gesetze vor, indem er Ein- und Austrittspunkte des gedachten Strahls für jedes Pixel verwendet.

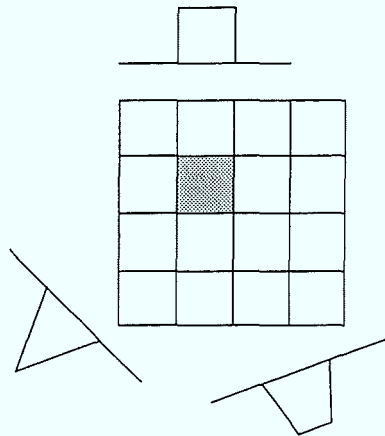


Abbildung 4.6: Schematische Darstellung des Pixelprofils, mit dem die Faltung bei der Schwinger-Cool-Methode durchgeführt wird.

[SBD94] verwendet die Methode von Schwinger und Cool [SCK86], bei der Zwischenstrahlen zwischen die gemessenen Projektionsstrahlen gelegt werden. Zunächst werden die Pixel mit einer einfachen 1/0-Wichtung Richtung für Richtung projiziert. Anschließend werden die so entstandenen Richtungsprojektionen mit einem exakten Abbild eines Pixels auf die entsprechende Projektionsrichtung gefaltet (Abb. 4.6). [SBD94] stellt bei be-

stimmten Winkeln Artefaktbildung fest. Diese können durch eine Änderung der Abstände zwischen den parallelen Projektionsstrahlen einer Richtung behoben werden. Der Abstand wird so gewählt, daß die Durchtrittspunkte der Projektionsstrahlen bezüglich des Pixelgitters immer auf gleicher Höhe liegen.

Ein ähnlicher Ansatz ist bei der Implementierung der vorliegenden Arbeit durchgeführt worden. Die Aufteilung der Projektionsstrahlen erfolgt so, daß parallele Strahlen in immer gleicher Weise die Bildmatrix schneiden (Abb. 4.7). Seien j_1 und j_2 parallele Projektionsstrahlen, i_1 und i_2 die beiden Pixel, die von j_1 und j_2 in der Reihe k der Bildmatrix mit dem größten Anteil geschnitten werden, so gilt für die Wahrscheinlichkeitskoeffizienten $p_{i_1 j_1} = p_{i_2 j_2}$.

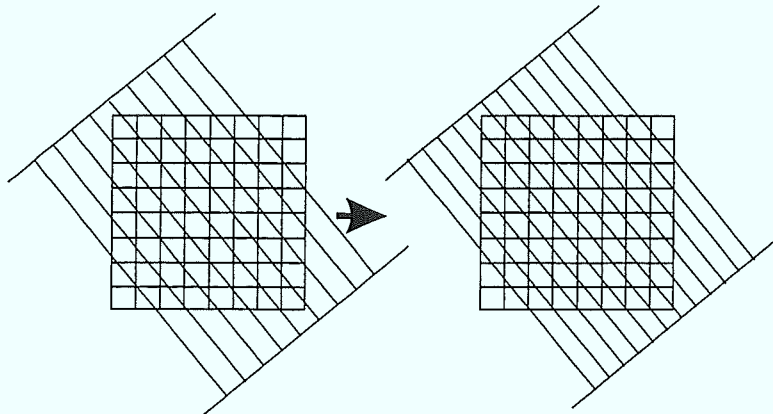


Abbildung 4.7: Transformation der Projektionen, so daß parallele Strahlen die Bildmatrix in immer gleicher Weise schneiden.

Um dies zu erreichen, wird der Abstand zwischen zwei benachbarten parallelen Projektionsstrahlen folgendermaßen gewählt:

$$\cos \alpha * \text{Pixelbreite}$$

Dabei ist α der Winkel der Projektion bezüglich der Bildmatrix. Es wird berücksichtigt, daß sich der gesamte Winkelbereich der Aufnahme von 180° in 4 symmetrische Teile mit jeweils 45° einteilen läßt, für die sich gleiche Wahrscheinlichkeitskoeffizienten ergeben (Abb. 4.8). Man betrachtet das System aus Bildmatrix und Projektionen für jeden 45° -Teilbereich von jeweils der Richtung aus, aus der sich nur spitze Winkel (Winkel zwischen 0° und 45°) für die Projektionen ergeben. Durch diese Neueinteilung werden die

Projektionsstrahlen allenfalls feiner als die Pixelbreite, was im allgemeinen auch eine Verfeinerung bezüglich der ursprünglichen Projektionsstrahlbreite bedeutet.

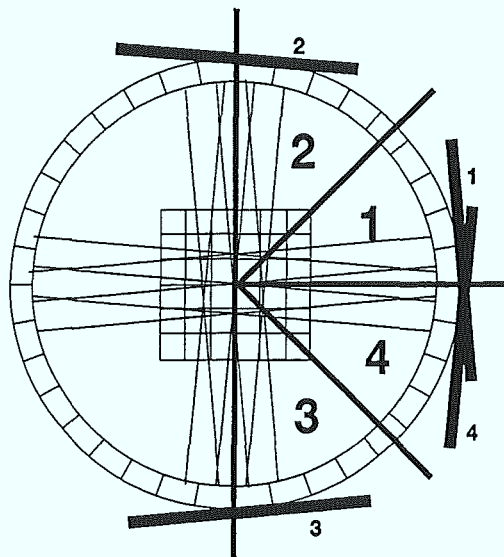


Abbildung 4.8: Der 180°-Bereich der Projektionen wird in 4 symmetrische Teile geteilt, die dieselben Wahrscheinlichkeitskoeffizienten aufweisen.

Durch diese Art der Aufteilung vereinfachen sich die trigonometrischen Beziehungen bei einer geometrischen Flächenberechnung, was eine Verkürzung der Rechenzeit zur Folge hat. Zudem weisen parallele Projektionsstrahlen dieselben Wahrscheinlichkeitskoeffizienten auf. Diese Verringerung der Anzahl der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten (Anzahl Projektionsrichtungen $\times$ Reihen der Bildmatrix $\times$ 3) ermöglicht auch bei weniger leistungsfähigen Rechnersystemen eine Vorabberechnung der Koeffizienten.

Unter Voraussetzung dieser Neuaufteilung der Projektionsstrahlen sind unterschiedlich genaue Berechnungen der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten durchgeführt worden:

1. geometrische Flächenberechnung nach [Zie92].
2. Länge der Strecke des Projektionsstrahls innerhalb des Pixels.
3. 1/0-Bewertung; für jedes Pixel i wird demjenigen Projektionsstrahl j aus einer Richtung der Zuschlag gewährt, der die größte Länge aufweist.

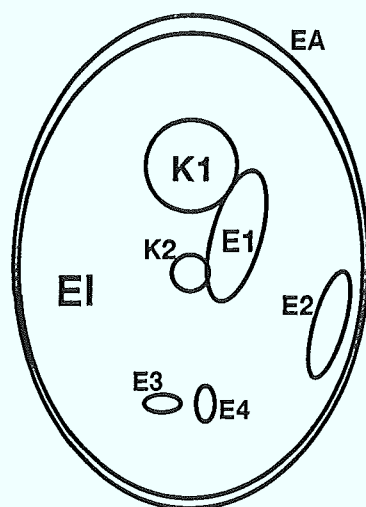


Abbildung 4.9: Skizze Shepp-Logan-Phantom.

Es werden anhand eines simulierten Shepp-Logan-Phantoms (Abbildung 4.9), welches in Abschnitt 7.2 genau beschrieben wird, Rekonstruktionen über 200 Iterationen mit den unterschiedlich abgeschätzten Wahrscheinlichkeitskoeffizienten berechnet und verglichen. Dabei werden verschiedene Parameter in ihrem Verlauf über die Iterationen betrachtet.

In Abbildung 4.10 ist im Diagramm links oben der Verlauf des Loglikelihoodwertes aufgetragen. Der Verlauf ist für alle drei Kurven ähnlich, wobei der Wert der 0/1-Berechnung geringfügig über dem Wert der Längenberechnung und dieser geringfügig über dem Wert der Flächenberechnung liegt. In dem Diagramm rechts oben ist der Chiquadratabstand der gemessenen Projektionen zu den berechneten Projektionen, die sich aus dem geschätzten Bild einer Iterationsstufe ergeben, aufgetragen. Die drei Kurven für die unterschiedlichen Berechnungen der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten liegen fast übereinander. Der Chiquadratabstand ist bei der Methode mit Flächenberechnung am größten. Um die rekonstruierten Bilder zu beurteilen werden sogenannte *Regions of Interest* (ROIs) innerhalb einzelner Elemente des Shepp-Logan-Phantoms gelegt und ausgewertet. Dabei wird der Recovery-Koeffizient und die prozentuale Standardabweichung bestimmt. In Abschnitt 7.1 werden diese Auswertemethoden beschrieben. Der Recovery-Koeffizient ist ein Maß dafür, wie genau die berechnete Konzentration mit der wahren Konzentration übereinstimmt. Die prozentuale Standardabweichung wird als Maß für das Rauschen verwendet. In dem Diagramm links unten ist der Recovery-Koeffizient für die Elemente E1, EI und K1 aufgetragen. Dabei sind für jedes Element wieder die drei verschiedenen Methoden bei der

Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten angewendet worden. Für jedes der drei Elemente fallen die drei verschiedenen Kurven so dicht zusammen, daß sie im Diagramm nicht zu unterscheiden sind. Unten rechts ist für dieselben drei Elemente die prozentuale Standardabweichung aufgetragen. Auch hier gilt für jedes der drei ausgewerteten Elemente, daß die drei Kurven für die unterschiedliche Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten fast einen identischen Verlauf annehmen. Es ergibt sich also kein Vorteil aus einer genauen Flächenberechnung gegenüber größeren Abschätzungsmethoden, wenn man die Projektionsstrahlen in der oben vorgeschlagenen Form transformiert.

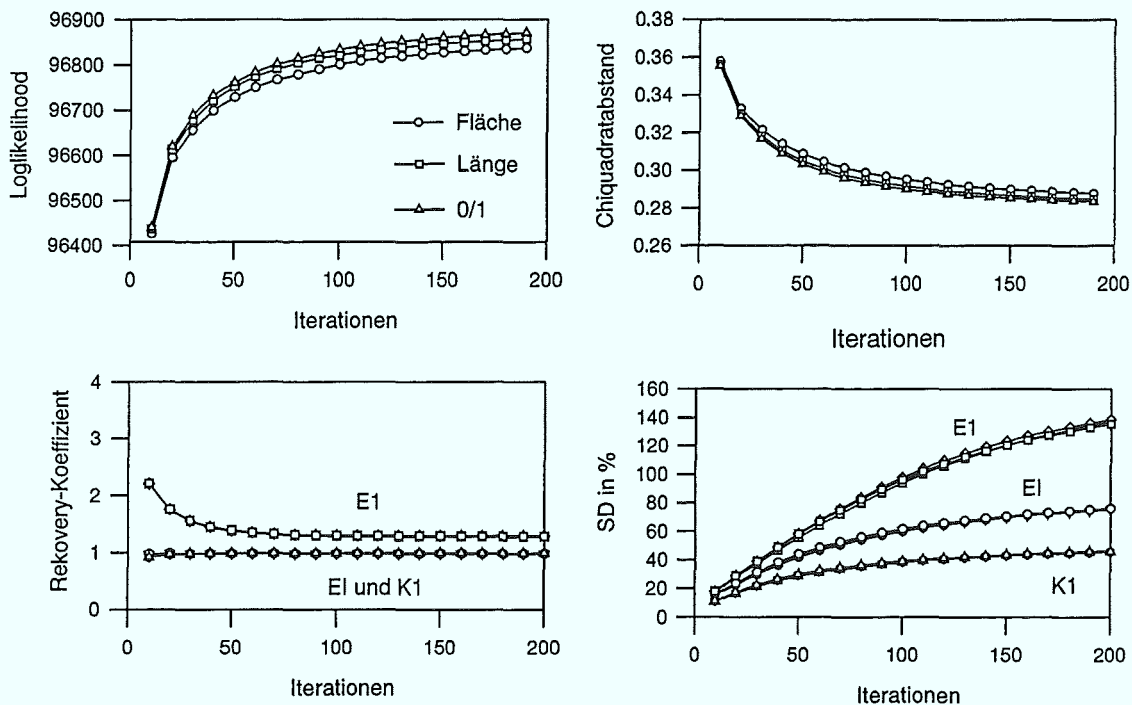


Abbildung 4.10: Drei Methoden der Koeffizientenberechnung p_{ij} . Links oben: Loglikelihood, rechts oben: Chi-Quadrat-Abstand, links unten: Recovery Koeffizient, rechts unten: prozentuale Standardabweichung

Durch die Neueinteilung der Projektionsstrahlen ergibt sich neben dem Vorteil der Verringerung der Rechenzeit (Bei Implementierung auf der Cray-M94 Reduktion der Rechenzeit um 80 Prozent) zusätzlich die Möglichkeit, eine einfache 1/0-Bewertung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten durchzuführen, ohne daß zusätzliche Rauschartefakte erwartet

werden müssen. Zudem ergibt sich folgender Zusammenhang zu der These aus [SBD94]. Dort wird behauptet, daß bei dieser Wahl der Projektionsabstände auch mit einer geringeren Anzahl von Zwischenprojektionen artefaktfreie Resultate mit der Schwinger und Cool Methode erzeugt werden könnten. Die hier vorgestellten Ergebnisse zeigen, daß auf Zwischenprojektionen verzichtet werden kann und eine anschließende Faltung mit dem Pixelprofil nicht notwendig ist.

Der Wahrscheinlichkeitskoeffizient gibt die Wahrscheinlichkeit an, mit der ein Photonenpaar aus Pixel i in Projektionsstrahl j gemessen wird. Bisher sind rein geometrische Betrachtungen durchgeführt worden. Es spielen theoretisch aber auch die verschiedenen physikalischen Faktoren wie zum Beispiel Streuung und Abschwächung oder auch die Sensitivität der Detektoren (Abschnitt 2.1) bei dieser Wahrscheinlichkeit eine Rolle. Üblicherweise werden diese Faktoren vorab berechnet und die Meßdaten entsprechend korrigiert. Das bedeutet, daß die poissonverteilte Stichprobe der Meßdaten mit bestimmten Faktoren multipliziert wird beziehungsweise bestimmte Faktoren von ihr subtrahiert werden. Dadurch ist die grundlegende Annahme, daß die Meßdaten poissonverteilt sind, gestört. Aus diesem Grunde schlagen [LC84] und [Gre90] vor, diese Korrekturen in den iterativen Rekonstruktionsprozeß über die Wahrscheinlichkeitsfaktoren zu integrieren.

Ein weiterer Vorschlag ist die Einbeziehung der Punkt-Bild-Funktion der Projektionen, die die Abbildung einer Punktquelle auf die Projektionen beschreibt, in den Rekonstruktionsprozeß [SMT87]. Dies kommt einer Entfaltung der dem System innewohnenden Filterfunktion gleich und läßt eine Verminderung des Partialvolumeneffektes erwarten, da die Unschärfeeigenschaften der Detektoren berücksichtigt werden.

4.4.2 Veränderungen des ML-EM-Algorithmus

In diesem Abschnitt werden drei Methoden aus der Literatur vorgestellt, die zur Vermeidung der in 4.4 beschriebenen Rauschartefakte vorgeschlagen werden.

[VL87] schlägt ein statistisches Stopp-Kriterium vor. Dabei handelt es sich um einen Vorschlag zum Abbruchkriterium des ML-EM-Algorithmus. Der eigentliche Algorithmus wird nicht verändert. Die gemessenen Projektionen y_j sind unabhängig poissonverteilt. Die gesuchten λ_i werden mit dem ML-EM-Algorithmus so geschätzt, daß die theoretischen Mittelwerte $\lambda_{y_j} = \sum_j p_{ij} \lambda_i$ der Projektionen möglichst nah an den gemessenen

Projektionen y_j liegen. Da dieselben λ_i für verschiedene y_j relevant sind, werden die Mittelwerte λ_{y_j} nie genau identisch y_j werden. Allerdings kann es trotzdem auftreten, daß die beiden Werte recht nahe beieinander liegen. Dies wäre aus statistischem Gesichtspunkt recht unwahrscheinlich. Um zu verhindern, daß Mittelwert und Stichprobe zu nahe beieinander liegen, führen Veklerov und Llacer die Stopp-Regel ein. Es wird getestet, wie wahrscheinlich es ist, daß $y_1, y_2, y_3, \dots$ Stichproben von Poissonverteilungen mit Mittelwerten $\lambda_{y_1}, \lambda_{y_2}, \lambda_{y_3}, \dots$ sind.

Dazu soll der Chiquadrattest von Pearson durchgeführt werden. Der Stichprobenraum wird in N verschiedene Klassen $1, 2, 3, \dots, k, \dots, N$ eingeteilt. Nun wird gezählt, wieviel Stichproben in die einzelnen Klassen fallen. Die verschiedenen Projektionen stellen allerdings keine identisch verteilten Stichproben dar. Jede Projektion ist einer Poissonverteilung mit anderem Mittelwert zugeordnet. Und umgekehrt existiert für jede dieser Verteilungen nur genau eine Stichprobe. Um den Chiquadrattest durchführen zu können, müssen die Verteilungen in äquivalente Klassen eingeteilt werden. Dazu wird die folgende Transformation durchgeführt. Zunächst werden für jede Stichprobe y_j die beiden Wahrscheinlichkeiten p_1 und p_2 berechnet:

$$p_1 = \sum_{l=0}^{y_j-1} \exp(-\lambda_{y_j}) \frac{\lambda_{y_j}^l}{l!} \quad (4.11)$$

$$p_2 = \sum_{l=0}^{y_j} \exp(-\lambda_{y_j}) \frac{\lambda_{y_j}^l}{l!} \quad (4.12)$$

Es wird nun ein u zufällig und gleichverteilt gewählt, welches zwischen p_1 und p_2 liegt. Für diese neue Zufallsvariable U gilt, daß sie gleichverteilt zwischen 0 und 1 ist. Nun ordnet man jede Stichprobe derjenigen Klasse k zu, für die gilt, k ist die kleinste ganze Zahl, die größer als $u * N$ ist. Damit sind N Klassen mit Auftrittswahrscheinlichkeit $1/N$ definiert. Die gemessenen Stichproben y_j , die unterschiedlich poissonverteilt sind, sind so in Stichproben der gleichverteilten Zufallsvariablen u transformiert worden. Sei h_k die Anzahl der Stichproben der Klasse k und D die Anzahl der Projektionen, so sieht der Chiquadrattest von Pearson folgendermaßen aus. Man definiert:

$$H := \sum_{k=1}^N \frac{(h_k - D/N)^2}{D/N} \quad (4.13)$$

H ist damit chiquadratverteilt mit $(N - 1)$ Freiheitsgraden. Nach Berechnung dieser Wahrscheinlichkeit für die zugrundeliegende Stichprobe kann man die Hypothese, daß

die gemessenen Projektionen poissonverteilt mit den Mittelwerten λ_{y_j} sind, mit dem entsprechenden Signifikanzniveau akzeptieren oder ablehnen. Auf diese Weise läßt sich ein Abbruchkriterium bestimmen. [VL87] ist es mit diesem Verfahren gelungen, Bilder mit niedrigem Rauschanteil mit dem ML-EM-Algorithmus zu erzeugen.

In [SMT87] findet sich eine systematische Untersuchung des ML-EM-Algorithmus auf Artefaktbildungen bei hohen Iterationszahlen (bis 5000 Iterationen). Neben den oben beschriebenen Rauschartefakten werden bei hohen Iterationszahlen auch sogenannte Kantenartefakte festgestellt. Es handelt sich dabei um Überschwinger an den Grenzen zwischen homogenen Regionen. Nach [SMT87] sind diese Artefakte, Rausch- und Kantenartefakte fundamental für eine Maximum-Likelihood-Schätzung ohne Zusatzbedingung bei der Schätzung von Intensitätsfunktionen aus Punktprozessen, wie es die gemessenen Emissionen darstellen.

Zur Behebung der Rauschartefakte wird die Methode der Siebe von Grenander [Gre81] vorgeschlagen. Dazu werden die Projektionen und die gesuchten Konzentrationen im Bildraum als kontinuierliche Funktionen aufgefaßt. Dieser Ansatz wird hier kurz skizziert, aber in dieser Arbeit nicht weiter verfolgt.

Es sei E der Bildraum der Emissionen, $\lambda(x)$ die Intensitätsfunktion auf E und M der Meßraum der Projektionen und $\mu(u)$ die zugehörige Funktion. Entsprechend werden die Wahrscheinlichkeitskoeffizienten p_{ij} als Funktion $p(u/x)$ dargestellt. So ergibt sich die Projektionsgleichung in integraler Form:

$$\mu(u) = \int_E p(u/x) \lambda(x) dx \quad (4.14)$$

Es wird nun eine zusätzliche Bedingung in die Maximum-Likelihood-Schätzung eingeführt. Es werden nur bestimmte Untermengen S von Funktionen, sogenannte Siebe, für die gesuchte Intensitätsfunktion $\lambda(x)$ zugelassen:

$$S := \{ \lambda : \lambda(x) = \int_Y s(x/y) \zeta(y) dy \} \quad (4.15)$$

$s(x/y)$ ist der Kern des Siebes, wobei eine Gaußverteilung gewählt wird, um eine gewisse Glattheit in der Bildfunktion zu erzwingen. ζ ist eine zusätzlich eingeführte Hilfsintensitätsfunktion auf einem Raum Y . Um zu erreichen, daß $\lambda(x)$ die gewünschte Form hat, wird der ML-EM-Algorithmus verändert. Dabei wird mit dem Kern $k(u/y)$ gearbeitet:

$$k(x/y) = \int_Y p(u/x) s(x/y) dy \quad (4.16)$$

$p(u/x)$ ist die den Detektoren innewohnende Punkt-Bild-Funktion, die den Wahrscheinlichkeitskoeffizienten p_{ij} entspricht. [SMT87] nimmt eine Gaußverteilung an. Eine diskretisierte Form dieses Kerns k wird anstatt der p_{ij} in der Iterationsformel des ML-EM-Algorithmus verwendet. Dadurch wird die Intensitätsfunktion $\zeta(y)$ und nicht die gesuchte Funktion $\lambda(x)$ durch die ML-EM-Iterationen bestimmt:

$$\hat{\zeta}_i^{n+1} = \hat{\zeta}_i^n \sum_j \frac{\mu_j k_{ij}}{\sum_k k_{kj} \hat{\zeta}_k^n} \quad (4.17)$$

Abschließend muß mit (4.15) die gesuchte Bildfunktion $\lambda(x)$ berechnet werden:

$$\lambda(x) = \int \zeta(y) s(x/y) dy \quad (4.18)$$

Der so berechnete Schätzer für λ weist eine deutliche Reduktion des Rauschens auf, führt allerdings auch zu einer Verminderung der Auflösung.

Nach [GM87] ist das emissions-tomographische Rekonstruktionsproblem inhärent nicht parametrisch, da die Schätzung einer Funktion in einem kontinuierlichen Bereich gesucht wird. Reine Maximum-Likelihood-Schätzungen müssen deshalb regularisiert oder geglättet werden.

In [GM85] und [GM87] findet sich einer der ersten Bayes-basierten Ansätze zur Rekonstruktion. Er beruht auf dem Bayes-Paradigma für Probleme aus der Bildverarbeitung, welches in [GG84] detailliert dargestellt wird. Neben den Meßdaten wird zusätzliche Information, die sogenannte *a priori* Information, verwendet. Anstelle der Likelihoodfunktion beim ML-EM-Algorithmus wird die sogenannte Maximum *a posteriori* Verteilung maximiert. Mit der *a priori* Verteilung können zusätzliche Anforderungen an die Weichheit des Schätzers gestellt werden. [GM85] benutzen dafür eine Gibbsverteilung, die auch in dieser Arbeit eine Rolle spielt und in Abschnitt 6.1.1 genauer erläutert wird.

Neuere Bayes-basierte Ansätze zur Rekonstruktion finden sich in der Literatur zum Beispiel bei [LH87], [HL89], [HL87], [Gre90], [CJW90] und [LHK94].

Kapitel 5

Extraktion anatomischer Information aus MRT-Daten

Um die MRT-Daten für die Rekonstruktion von PET-Daten verwenden zu können, ist es notwendig, zunächst die relevante anatomische Information aus dem MRT-Datensatz zu extrahieren. Dazu müssen bei den hier verwendeten Gehirndaten zwei Schritte durchgeführt werden. Zuerst werden die MRT-Daten räumlich an den PET-Datensatz angepaßt. Anschließend werden die den PET-Daten entsprechenden MRT-Schnitte in die relevanten anatomischen Räume segmentiert.

5.1 Räumliche Anpassung von PET- und MRT-Daten

Die räumliche Anpassung von MRT- und PET-Daten, die im allgemeinen als Registration bezeichnet wird, erweist sich als ein wichtiges Problem bei der Kombination der beiden Datensätze, wie sie hier bei der Rekonstruktion vorgenommen wird. Dabei ist es das Ziel, PET- und MRT-Datensätze in die gleiche räumliche Lage zueinander zu bringen. In Abbildung 5.1 ist das erwünschte Ergebnis anhand eines Schnittbildes des MRT-Datensatzes und des zugehörigen Schnittbildes des PET-Datensatzes gezeigt. In der Literatur sind einige Methoden beschrieben, bei denen der durchschnittliche Fehler der Anpassung für

kein Verfahren kleiner als 1 bis 2 mm ist.

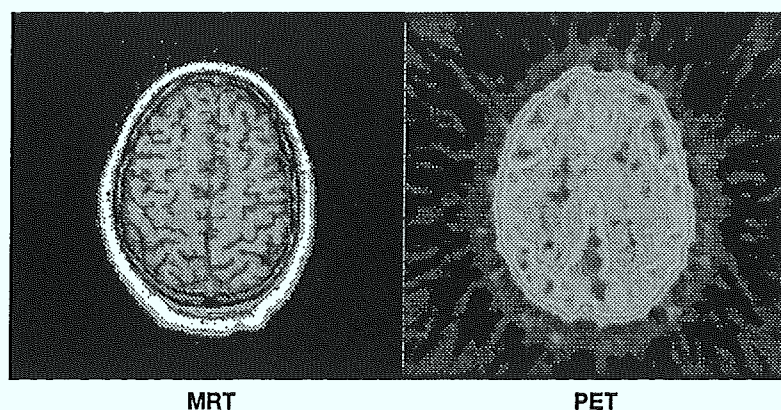


Abbildung 5.1: MRT- und zugehörige PET-Schnittebene als Ergebnis der räumlichen Anpassung.

Für diese Arbeit stand zur Anpassung der Datensätze das Verfahren von Pelizzari [PCS89] zur Verfügung, welches als Hut-Kopf-Algorithmus bezeichnet wird. Dabei wird angenommen, daß die beiden anzupassenden Volumendatensätze ähnliche Außenkonturen besitzen, die in ihrer Lage eindeutig einander zugeordnet werden können. Diese beiden Konturen sollen nun so aneinander angepaßt werden, daß die eine Kontur so wie ein Hut auf die andere Kontur, den Kopf, paßt (Abb. 5.2).

Nachdem in einem Vorverarbeitungsschritt die Außenkonturen beider Datensätze gefunden worden sind, wird in dem eigentlichen Algorithmus die Summe der quadratischen Abstände zwischen beiden Konturen minimiert. Von dem Volumenmittelpunkt aus werden Strahlen gelegt, wobei der Abstand der Durchtrittspunkte beider Datenvolumen zur Bestimmung des Konturabstandes verwendet wird. Mittels eines iterativen Verfahrens wird der Hut an den Kopf so angepaßt, daß in jedem Schritt der Abstand der Konturen voneinander verkleinert wird, bis ein Minimum erreicht wird. Dabei spielt der PET-Datensatz die Rolle des Hutes und der MRT-Datensatz die Rolle des Kopfes. Ist durch die schrittweise Minimierung eine optimale Anpassung in Form von Rotation und Translation gefunden, so wird der MRT-Datensatz entsprechend transformiert, so daß MRT-Bilder entstehen, die deckungsgleich zu den entsprechenden PET-Bildern sind.

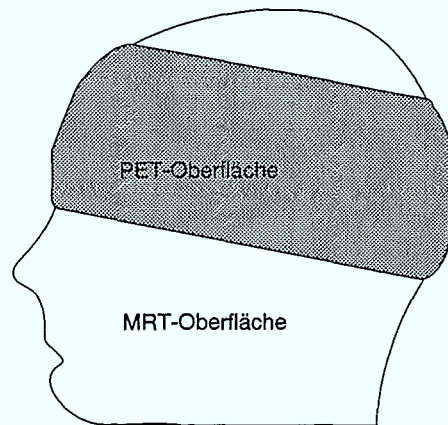


Abbildung 5.2: MRT- und PET-Datensatz werden so räumlich aneinander angepaßt, daß die Konturen des PET-Datensatzes sich zu den Konturen des MRT-Datensatzes wie ein Hut zu einem Kopf verhalten.

Von Bedeutung ist dabei die Suchstrategie, nach der in jedem Iterationsschritt eine neue Lage des Hutes festgelegt wird. In [Ess94] werden zwei verschiedene Strategien vorgeschlagen. Zunächst wird nur in Richtung der Hauptachsen, also der Sagittalen, Horizontalen und der Vertikalen, gesucht. Man geht jeweils in Richtung derjenigen Achse, für die sich die größte Verkleinerung bezüglich der angewählten Schrittgröße ergibt. Als zweites wird die Methode des steilsten Abstieges gewählt. Dazu berechnet man den Gradienten und wählt als nächste Richtung gerade den negativen Gradienten. Qualitätsunterschiede zwischen einzelnen Verfahren sind noch nicht untersucht.

In einzelnen Fällen tritt das folgende Problem auf. Trotz falscher räumlicher Zuordnungen bleiben die Fehlerquadrate gering. Dies läßt sich zum einen durch die starke Symmetrie des Kopfes erklären. Zum anderen wird in transaxialer Richtung nur ein enger Bereich des Kopfes (ca. 10 cm) bei der PET-Messung erfaßt. Zusätzlich bleibt die Qualität der räumlichen Zuordnung von PET- und MRT-Datensätzen durch die geringe PET-Auflösung begrenzt. Trotz dieser dem Problem innewohnenden Schwierigkeiten ist es notwendig, in Zukunft eine höhere Genauigkeit in der räumlichen Anpassung zu erreichen, wenn MRT-Daten bei der Rekonstruktion von PET-Daten verwendet werden sollen. Der zu erwartende Effekt der Verbesserung der Auflösung der PET-Daten würde sich mit schlecht angepaßten MRT-Datensätzen in das Gegenteil umkehren.

Eine andere im Institut für Medizin des Forschungszentrums Jülich eingesetzte Methode zur Anpassung von MRT- und PET-Datensätzen stellen normierte Kopfhalter dar, die eine annähernd gleiche Lage bei beiden Messungen gewährleisten sollen. Der Spielraum zwischen zwei Datensätzen beträgt immer noch 2 bis 5 mm. Es bietet sich eine Kombination beider Verfahren, des mechanischen und des softwaretechnischen, an, da eine gute Startposition in dem Verfahren von Pelizarri das Anpassungsergebnis wesentlich verbessern kann. Erste Ergebnisse sind jedoch noch abzuwarten.

5.2 Segmentierung der MRT-Daten

Das zweite zentrale Problem bei der Vorbereitung der MRT-Daten zur Verwendung für die PET-Rekonstruktion stellt die Segmentierung der einzelnen MRT-Schnitte dar. Für die Rekonstruktion der PET-Daten sind nicht die gemessenen Magnetisierungswerte, sondern die dadurch bestimmten anatomischen Räume im Gehirn relevant. Deshalb muß versucht werden, diese Räume möglichst genau zu erkennen. Dabei spielen in der Hauptsache die drei folgenden Räume eine Rolle: graue Substanz (Bereich der Hirnrinde, d.h. der Nervenzellen), weiße Substanz (Bereich der Nervenzellfortsätze) und Liquor (mit Flüssigkeit gefüllte Hohlräume).

Das erste angewendete Verfahren stellt die Histogrammanalyse dar. Dabei wird eine einfache T1-gewichtete Messung durchgeführt. Es kann mit dieser Methode bei den vorliegenden Datensätzen nur graue und weiße Substanz voneinander getrennt werden und dies auch nur unzureichend. Inhomogenitäten innerhalb der einzelnen Schnittbilder lassen im allgemeinen keine eindeutige Zuordnung über den Grauwert zu.

Als zweites Verfahren wurde die Clusteranalyse nach [CLK90] ausgewählt. Dazu sind zwei MRT-Messungen notwendig: eine protonendichte-gewichtete und eine T2-gewichtete Messung. Über diese zwei unterschiedlichen Informationen jedes Datenpunktes wird eine Clusterzuordnung durchgeführt. Dazu sucht ein Experte für jeden Gewebetyp eine Stichprobe aus ca. 40 Pixeln. Mit dieser Stichprobe wird für jeden Gewebetyp eine bivariate Normalverteilung bestimmt. Jeder der restlichen Pixel wird derjenigen Verteilung zugeordnet, zu der er am besten paßt.

Das besondere Problem dieses Verfahrens ist ebenfalls die Inhomogenität innerhalb des MRT-Bildes. Aufgrund von Inhomogenitäten zwischen den verschiedenen Schichten müssen theoretisch aus jeder Schicht die bivariaten Verteilungen durch Stichprobennahme eines Experten neu bestimmt werden, was einen hohen Aufwand darstellt. Mit diesem Verfahren konnten die drei gesuchten Teilräume bestimmt werden (Abb. 5.3).

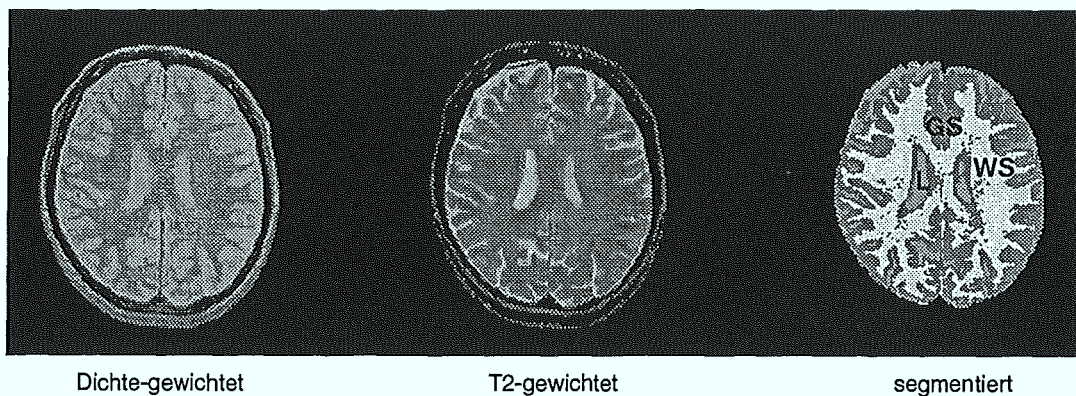


Abbildung 5.3: Clusteranalyse: dichte-gewichtetes MRT-Bild (links) T2-gewichtetes MRT-Bild (Mitte) und zugehöriges segmentiertes MRT-Bild (rechts) mit grauer Substanz (GS), weißer Substanz (WS) und Liquor (L).

Kapitel 6

Einbeziehung von anatomischer Information in die statistische Rekonstruktion

Die PET-Bilder haben abhängig von dem verwendeten Radioisotop und der gewählten Rekonstruktionsmethode eine Auflösung zwischen 4 und 9 mm. Die zugehörigen MRT-Bilder haben eine Auflösung von 0,5 bis 2 mm. Das zentrale Ziel dieser Arbeit ist, mit Hilfe der MRT-Information die Qualität der PET-Bilder bezüglich Auflösung, Rauschen und ihrer quantitativen Aussage zu verbessern. MRT bildet anatomische Räume ab. PET-Messungen hingegen spielen sich in Stoffwechselräumen ab. Übereinstimmungen dieser Räume sollen genutzt werden. Deshalb müssen die für ein Radiopharmazeutikum relevanten anatomischen Räume gefunden werden. Stellt man sich diese Räume so vor, daß sich das Radiopharmazeutikum dort gleichmäßig verteilt, so hat man einen einfachen Zusammenhang, welcher allerdings in dieser Strenge unrealistisch ist. Als leichtere Voraussetzung könnte gewählt werden, daß benachbarte Pixel innerhalb desselben Raumes dazu tendieren, ähnliche Intensitäten anzunehmen. Diese Wechselwirkung wird mathematisch durch eine Markoffeigenschaft beschrieben. Ein anderer Weg führt über die Berechnung einer mittleren Intensität für jeden gefundenen Raum und betrachtet die Intensität jedes Pixels als gaußverteilt um diesen Mittelwert.

Die aus dem MRT-Bild gewonnenen Informationen müssen in die Rekonstruktion der Projektionsdaten integriert werden. Da die Zusatzinformationen sich direkt auf die Struktur des PET-Bildes, nicht aber auf die Struktur der PET-Projektionsdaten beziehen, können sie in einen iterativen Rekonstruktionsalgorithmus eingebracht werden.

Zum anderen handelt es sich bei der Vorinformation um Tendenzen oder Eigenschaften, die durch Wahrscheinlichkeitsmodelle beschreibbar sind. Aus diesem Grund bietet die statistische Rekonstruktion die Möglichkeit, solche Informationen einzubeziehen. Die Rekonstruktion wird analog zu dem in Kapitel (4) beschriebenen ML-EM-Verfahren als Schätzproblem betrachtet. Ein mathematisches Werkzeug für Probleme, die außer den inhärenten Meßdaten noch *a priori* Information zur Verfügung haben, bildet die Bayes'sche Regel:

$$p(\lambda/y) = \frac{P(y/\lambda)p(\lambda)}{P(y)} \quad (6.1)$$

Die linke Seite dieser Gleichung $p(\lambda/y)$ wird als *a posteriori* Wahrscheinlichkeit bezeichnet. Sie beschreibt die Wahrscheinlichkeit eines Bildvektors λ bei einem gegebenen Meßvektor y . Hierbei wird der Parameter λ , der mit dem ML-EM-Verfahren (4.9) berechnet wurde, selbst als Zufallsvariable mit einer gegebenen Verteilung, der *a priori* Verteilung, angesehen. Die *a posteriori* Wahrscheinlichkeit verhält sich nun wie das Produkt der Likelihood Verteilung ($P(y/\lambda)$) mit der *a priori* Verteilung des Bildvektors ($p(\lambda)$). Der Nenner $P(y)$ bleibt unberücksichtigt, da y für eine Messung fest ist und damit $P(y)$ eine Konstante darstellt. In die *a priori* Verteilung $p(\lambda)$ läßt sich das Vorwissen über den gesuchten Bildvektor einbringen. Daraus ergibt sich also folgende Maximierungsaufgabe:

$$\text{gesucht } \hat{\lambda} \text{ mit } \max_{\lambda} p(\hat{\lambda}/y) = \max_{\lambda} P(y/\hat{\lambda})p(\hat{\lambda}) \quad (6.2)$$

Ein solches Verfahren, das einen Bildvektor mit maximaler *a posteriori* Wahrscheinlichkeit berechnet, heißt Maximum *a posteriori* (MAP) Schätzverfahren. Der gelieferte Vektor $\hat{\lambda}$ heißt MAP-Schätzer.

Die folgenden beiden Abschnitte beschreiben zwei unterschiedliche Rekonstruktionsmethoden, die beide Informationen über anatomisch zusammenhängende Regionen aus MRT-Bildern berücksichtigen. Dabei werden die Grenzen zwischen den Regionen als fest angenommen. Die gefundenen Segmente stellen die relevanten Stoffwechselräume dar. Beide Algorithmen berechnen den MAP-Schätzer. Der Unterschied der beiden Verfahren liegt in der Abbildung der *a priori* Information in unterschiedliche Wahrscheinlichkeitsmodelle.

6.1 Algorithmus 1: Markoff-GEM-Algorithmus

Die *a posteriori* Wahrscheinlichkeit, die maximiert werden soll, beinhaltet zweierlei Wahrscheinlichkeitsmodelle: das Datenmodell, mit dem die eigentliche Messung modelliert wird, und das *a priori* Modell, mit dem die Vorinformation modelliert wird. Das Datenmodell ist analog zu Kapitel (4.1) definiert. Das *a priori* Wahrscheinlichkeitsmodell, das mittels Markoffzufallsfelder gebildet wird, behandelt der folgende Abschnitt. Anschließend wird der Algorithmus zur Berechnung des MAP-Schätzers beschrieben. Dabei handelt es sich um einen verallgemeinerten EM-Algorithmus.

6.1.1 Die *a priori* Wahrscheinlichkeitsverteilung

Mittels des segmentierten MRT-Bildes können die einzelnen zusammenhängenden anatomischen Regionen der aktuellen Schnittebene identifiziert werden. Innerhalb dieser Regionen verteilt sich die radioaktive Substanz in etwa gleichmäßig. Benachbarte Pixel tendieren dazu, ähnliche Intensitäten anzunehmen. An den Grenzen zwischen den relevanten Regionen besteht diese Tendenz allerdings nicht. Markoffzufallsfelder (Markoff Random Field: MRF) bieten die Möglichkeit, Wechselwirkungen zwischen benachbarten Pixeln zu modellieren [GG84, Der86]. Die Markoffzufallsfelder liefern eine bedingte Wahrscheinlichkeitsverteilung. Gibbsverteilungen stellen eine äquivalente Beschreibung von Zufallsfeldern als Verbundverteilung dar. Hierbei wird im Gegensatz zu einer bedingten Wahrscheinlichkeitsverteilung die Wahrscheinlichkeit für das gemeinsame Auftreten einer Kombination von Grauwerten im Bild beschrieben. Aus diesem Grund wird im weiteren mit Gibbsfeldern gearbeitet.

Im folgenden wird zunächst eine Nachbarschaftsrelation auf einem Feld eingeführt. Anschließend werden die Markoffzufallsfelder und die Gibbszufallsfelder definiert, um darauf aufbauend die für die Rekonstruktionsaufgabe gewählte *a priori* Wahrscheinlichkeitsverteilung zu präsentieren.

Das Nachbarschaftssystem

Um ein Nachbarschaftssystem einzuführen, betrachte man die Pixel des Bildfeldes als eine Menge von Knoten oder Gitterpunkten $M = \{1, 2, \dots, B\}$ auf einem rechteckigen Gitter (Abb. 6.1) mit der natürlichen Ordnung der Gitterpunkte in Zeilen und Spalten:

$$M = \{(i_x, i_y) \mid 1 \leq i_x \leq B_x, 1 \leq i_y \leq B_y\} \quad (6.3)$$

Dabei sind B_x und B_y die Dimensionen der Bildmatrix. Sie stellen den höchsten Zeilen- beziehungsweise den höchsten Spaltenindex dar.

	1	...	i_x	...	B_x
1					
$\vdots$					
i_y					
$\vdots$					
B_y					

Abbildung 6.1: Die Bildmatrix wird als Menge von geordneten Gitterpunkten betrachtet.

Definition:

Ein *Nachbarschaftssystem* auf einem Gitter M ist eine Menge

$$\eta = \{\eta_{i_x, i_y} \mid (i_x, i_y) \in M, \eta_{i_x, i_y} \subset M\} \quad (6.4)$$

von Teilmengen der Gitterpunkte, die den folgenden Bedingungen genügen:

- a) $(i_x, i_y) \notin \eta_{i_x, i_y}$
- b) $(j_x, j_y) \in \eta_{i_x, i_y} \iff (i_x, i_y) \in \eta_{j_x, j_y}$

für alle $(i_x, i_y), (j_x, j_y) \in M$. η_{i_x, i_y} bezeichnet die Nachbarschaft des Knotens $(i_x, i_y) \in M$.

Es darf also kein Gitterpunkt in seiner eigenen Nachbarschaft liegen und je zwei disjunkte Knoten liegen entweder beide oder keiner in der Nachbarschaft des jeweils anderen Knotens. Damit wird von einem Nachbarschaftssystem Irreflexivität und Symmetrie gefordert jedoch keine Transitivität. Mit diesen Forderungen ist noch nichts über die räumliche Lage benachbarter Knoten zueinander ausgesagt. Man kann sich Nachbarschaftssysteme vorstellen, deren Nachbarschaften aus der leeren Menge oder umgekehrt aus allen restlichen Gitterpunkten bestehen. Ebenso kann Nachbarschaft durch Eigenschaften definiert werden, die nichts mit der räumlichen Lage von Gitterpunkten zueinander zu tun haben. So könnte die Eigenschaft des Grauwertes oder die Zugehörigkeit zu einem Grauwertbereich für die Nachbarschaftsdefinition bei einer Bildmatrix Verwendung finden, indem zu einem Pixel alle anderen Pixel mit demselben Grauwert als zur Nachbarschaft gehörig definiert werden. In dieser Arbeit ist allerdings die intuitive Vorstellung von Nachbarschaft im Sinne von räumlicher Nähe von Bedeutung.

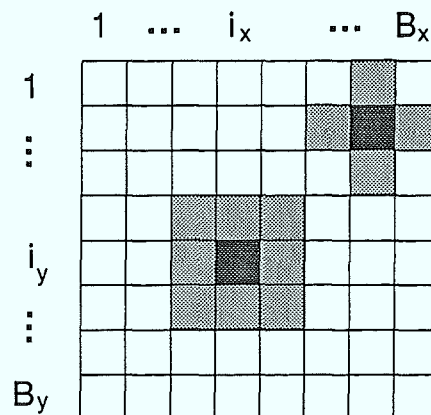


Abbildung 6.2: Bei der 1er-Nachbarschaft (rechts oben) und der 2er-Nachbarschaft (Mitte) wird das Nachbarschaftssystem durch die Abstände der Gitterpunkte voneinander definiert.

Dazu wird ein Nachbarschaftssystem durch den Abstand der Knoten voneinander definiert. Man betrachte die hierarchische Folge $\eta^0, \eta^1, \eta^2, \dots$ von Nachbarschaftssystemen. η^0 sei das System, das aus leeren Nachbarschaften besteht, η^1 enthält zusätzlich die vier direkten Nachbarn, η^2 zusätzlich die 4 diagonalen Nachbarn, usw. Von praktischer Bedeutung sind η^1 und η^2 , die im folgenden auch als 1-er beziehungsweise 2-er Nachbarschaft bezeichnet werden (Abb. 6.2):

1-er Nachbarschaft: $(j_x, j_y) \in \eta_{i_x j_x}$, falls $|i_x - j_x| + |i_y - j_y| = 1$

2-er Nachbarschaft: $(j_x, j_y) \in \eta_{i_x j_x}$, falls $\sqrt{(i_x - j_x)^2 + (i_y - j_y)^2} < 2$
und $(j_x, j_y) \neq (i_x, i_y)$

Eng verbunden mit der Definition eines Nachbarschaftssystems ist der Begriff der Clique.

Definition:

Sei η ein Nachbarschaftssystem über einem Gitter M . Eine nichtleere Teilmenge $C \subseteq M$ heißt *Clique* in η , falls für alle $(i_x, i_y) \neq (j_x, j_y)$ gilt

$$(j_x, j_y) \in \eta_{i_x, i_y} \quad (6.5)$$

Jede Menge, die aus genau einem Knoten besteht, stellt auch eine Clique dar.

Eine Clique ist eine Menge von paarweise benachbarten Knoten. Für das Nachbarschaftssystem η^1 bestehen Cliques aus einem Pixel oder zwei Pixeln, die senkrecht zueinander stehen. Für das Nachbarschaftssystem η^2 gibt es Cliques, die aus 1, 2, 3 oder 4 Pixeln bestehen (Abb. 6.3). Der Begriff der Clique wird für die Definition der Gibbszufallsfelder benötigt.

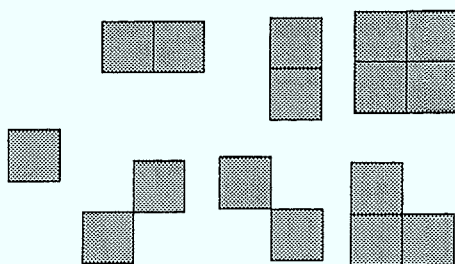


Abbildung 6.3: Cliques einer 2er-Nachbarschaft.

Die Markoffzufallsfelder

Markoffzufallsfelder stellen eine Übertragung der Markoffprozesse von einer zeitlichen in eine räumliche Abhängigkeit dar [Dob68, KS80]. Bei den Markoffprozessen ist eine

natürliche Ordnung der Indexmenge durch die Zeit gegeben. Eine solche natürliche Ordnung ist bei der Indexmenge der zwei- oder mehrdimensionalen MRFs nicht gegeben. Stattdessen behilft man sich durch die Einführung eines Nachbarschaftssystems. Nun ist der Wert eines Pixels höchstens von den ihm direkt benachbarten Pixeln in dem folgenden Sinne bestimmt. Ein MRF auf dem Gitter $M = \{1, 2, \dots, B\}$ ist ein B -dimensionaler Zufallsvektor $\lambda = (\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_B)$, der als zweidimensionales Feld angeordnet ist, mit:

$$\begin{aligned} p(\lambda) &> 0 \quad \forall \lambda \\ p(\lambda_i / \lambda_k, k \neq i) &= p(\lambda_i / \lambda_k, k \in \eta_i) \end{aligned} \quad (6.6)$$

Damit ist es möglich, über die Markoffzufallsfelder Wechselwirkungen zwischen benachbarten Pixeln zu modellieren. Das Nachbarschaftssystem muß entsprechend der anatomischen Grenzen gewählt werden. Ausgehend von einem allgemeinen Nachbarschaftssystem dürfen Pixel nur dann als benachbart gelten, wenn die betrachteten Pixel derselben anatomischen Region zugeordnet sind. Man überprüft leicht, daß damit die Bedingungen an ein Nachbarschaftssystem (6.4) gewährleistet sind.

In [Gri76] wird die Äquivalenz von Markoffzufallsfeldern zu einer anderen Klasse von Zufallsfeldern, den Gibbszufallsfeldern, für feste Nachbarschaftssysteme nachgewiesen. Für jedes Zufallsfeld, welches als Markoffzufallsfeld beschrieben ist, läßt sich eine Formulierung als Gibbszufallsfeld mit genau demselben Nachbarschaftssystem finden und umgekehrt. Die Gibbszufallsfelder, auch Gibbsverteilungen genannt, stellen sich als Verbundverteilung dar. Damit ist es möglich für ein Zufallsfeld, von dem seine bedingte Wahrscheinlichkeit bezüglich eines Nachbarschaftssystems bekannt ist, die Verbundverteilung in Form einer Gibbsverteilung zu konstruieren.

Gibbsverteilungen

Gibbsverteilungen haben ihren Ursprung in der Physik und der statistischen Mechanik. Ising [Isi25] benutzte als erster eine spezielle Gibbsverteilung zur Darstellung der magnetischen Eigenschaften eines Ferromagneten. Der Beweis der Äquivalenz zwischen Markoffzufallsfeldern und Gibbsverteilungen ist in [Bes74, KS80] gegeben.

Eine Gibbsverteilung hat folgende Form:

$$p(\lambda) = \frac{\exp -(\frac{1}{kT}U(\lambda))}{\mathcal{Z}} \quad (6.7)$$

Dabei ist T ein Temperaturparameter, k eine festgelegte Konstante, $U(\lambda)$ die Energiefunktion und $\mathcal{Z}$ die Normalisierungskonstante, die auch als Partitionsfunktion bezeichnet wird:

$$\mathcal{Z} = \sum_{\lambda} \exp -(\frac{1}{kT}U(\lambda)) \quad (6.8)$$

Der Temperaturparameter hat seinen Namen aus physikalischen Anwendungen, in denen die Gibbsverteilung den Zustand eines Systems abhängig von der Temperatur beschreibt. Für Temperaturen ($T \rightarrow \infty$) strebt die Gibbsverteilung gegen die Gleichverteilung. Das bedeutet, daß alle Zustände gleich häufig auftreten. Bei physikalischen Systemen interessiert insbesondere das Verhalten bei niedrigen Temperaturen ($T \rightarrow 0$). Hier werden vorzugsweise Zustände geringster Energie angenommen. Die Grenzverteilung der Gibbsverteilung unter dieser Annahme stellt eine Gleichverteilung aller Zustände mit geringster Energie dar, wobei die Wahrscheinlichkeit für die restlichen Zustände gerade 0 beträgt. Niedrige Energie eines betrachteten Zustandes ist äquivalent zu einer hohen Wahrscheinlichkeit.

Die Energiefunktion $U(\lambda)$ ergibt sich als Summe von Potentialfunktionen:

$$U(\lambda) = \sum_{C \in \mathcal{C}} V_C(\lambda) \quad (6.9)$$

$\mathcal{C}$ bezeichnet dabei die Menge aller Cliques C bezüglich des gewählten Nachbarschaftssystems η . Die Potentialfunktionen beziehen sich direkt auf die durch die Nachbarschaft η definierten Cliques C . Für jede Potentialfunktion $V_C(\lambda)$ ist der Wert an der Stelle λ nur von denjenigen λ_i abhängig, für die $i \in C$. Häufig werden nur Cliques mit höchstens 2 Pixeln betrachtet, so daß für Cliques C mit $|C| > 2$ $V_C \equiv 0$ gesetzt wird.

Bestimmend für eine Gibbsverteilung sind also: das Nachbarschaftssystem und die daraus resultierende Cliquesrelation, der Temperaturparameter T und die Potentialfunktion. Nun wird die konkrete Realisation der *a priori* Wahrscheinlichkeitsverteilung beschrieben.

Realisation der *a priori* Wahrscheinlichkeitsverteilung

Um die Information, die die MRT-Bilder liefern, als Gibbsverteilung darzustellen, wird das η^2 Nachbarschaftssystem gewählt und an den Segmentgrenzen entsprechend eingeschränkt. Sei nun R_i diejenige Region, der Pixel i angehört, dann ergibt sich die eingeschränkte η^2 Nachbarschaft, die im folgenden mit η_E^2 bezeichnet wird, folgendermaßen:

$$\eta_E^2 = \{\eta_i^2 \cap R_i; i \in M\} \quad (6.10)$$

Jedes Pixel wird also durch diejenigen der 8 umliegenden Nachbarn beeinflusst, die seiner Region angehören (Abb. 6.4). Obwohl bei dieser Nachbarschaft Cliquengrößen von bis zu 4 Pixeln entstehen, sollen aus Gründen der Komplexität nur Cliques der Größe ≤ 2 berücksichtigt werden.

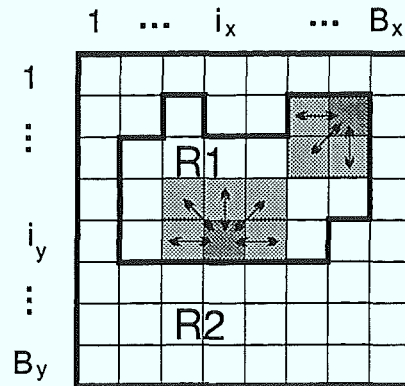


Abbildung 6.4: Zur η_E^2 -Nachbarschaft eines Gitterpunktes gehören nur jeweils diejenigen umliegenden 8 Nachbarn, die derselben anatomischen Region zugeordnet sind.

Für Cliques der Größe 2, die für die hier vorgesehene Anwendung von Bedeutung sind, ist $V_C(\lambda)$ gerade eine Funktion von (λ_i, λ_j) für $C = \{i, j\}$ ($V_C(\lambda) = \tilde{V}_C(\lambda_i, \lambda_j)$). Es wird gefordert, daß $\tilde{V}_C(\lambda_i, \lambda_j)$ translationsinvariant ist. Damit wird der Wert von $\tilde{V}_C$ allein durch die Stellung der Cliquenmitglieder zueinander, nicht aber durch den Ort der Clique auf dem Gitter beeinflusst. Es sollen zwei verschiedene Stellungen der Pixel zueinander unterschieden werden: die Pixel berühren sich mit einer Kante und die Pixel berühren sich nur mit einer Ecke. Die zugehörigen Potentialfunktionen sollen sich nur durch einen

Wichtungsfaktor unterscheiden, welcher den räumlichen Abstand der Pixelmittelpunkte zueinander berücksichtigt. $\tilde{V}_C(\lambda_i, \lambda_j) = w_{ij} \dot{V}_C(\lambda_i, \lambda_j)$. $\dot{V}_C(\lambda_i, \lambda_j)$ soll allein durch die Differenz der Intensitätswerte der Pixel bestimmt sein. Damit ergibt sich die Funktion $v(r)$, die auf den Differenzen der Pixelintensitäten $r = (\lambda_i - \lambda_j)$ definiert ist:

$$\begin{aligned} V_C(\lambda) &= \tilde{V}_C(\lambda_i, \lambda_j) = w_{ij} \cdot \dot{V}_C(\lambda_i, \lambda_j) \\ &= w_{ij} \cdot v(\lambda_i - \lambda_j) = w_{ij} \cdot v(r) \end{aligned} \quad (6.11)$$

Die Funktion $v(r)$ und an sie gestellte Anforderungen werden nun genauer spezifiziert. Offensichtlich sollte es sich um eine monoton steigende Funktion handeln, um kleine Differenzen schwächer als große Differenzen zu bewerten. Damit ist die zugehörige Wahrscheinlichkeit $p(\lambda) = \frac{1}{Z} \exp -(\frac{1}{kT} \sum w_{ij} v(\lambda_i - \lambda_j))$ bei kleinen Differenzen groß und bei großen Differenzen entsprechend klein. Eine weitere Forderung ist die Symmetrie bezüglich des Nullpunktes. [Lan90] hat günstige Eigenschaften für $v(r)$ zusammengestellt. Von Bedeutung sind:

$$\begin{aligned} v(r) &\geq 0 \\ v(r) &= v(-r) \\ v(0) &= 0 \\ v'(r) &> 0 \text{ für } r > 0 \\ v''(r) &> 0 \end{aligned} \quad (6.12)$$

Die letzte Eigenschaft zielt auf die strenge Konvexität von $v(r)$. Daraus folgt strenge Konkavität der zugehörigen Gibbsverteilung. Später wird gezeigt, daß dies für die strenge Konkavität der zugehörigen Logposteriorfunktion notwendig ist, welche daraus folgend ein eindeutiges Maximum besitzt. Ebenfalls ist dies für die Konvergenz des EM-Algorithmus von Bedeutung. In der Literatur sind einige Potentialfunktionen vorgeschlagen, die den oben geforderten Eigenschaften nur teilweise genügen und bis auf eine Ausnahme nicht streng konvex sind. Von [HL89] wird die Funktion r^2 vorgeschlagen. Diese zeichnet sich durch eine starke Bestrafung hoher Differenzen aus. Ein anderer Vorschlag von [HL89] ist $r^2(1 + r^2)^{-1}$. [GM87] verwendet $\ln(1 + r^2)$. Aufgrund der Voraussetzung der Konvexität ist in dieser Arbeit folgende Funktion [Gre90] ausgewählt worden:

$$v(r) = \ln(\cosh h|r|) \quad (6.13)$$

Sie erfüllt alle oben genannten Eigenschaften (6.12). Dabei stellt h eine Konstante dar, mit der der qualitative Verlauf der Funktion angepaßt werden kann.

Damit ergibt sich als *a priori* Wahrscheinlichkeitsdichte $p(\lambda)$:

$$\begin{aligned}
 p(\lambda) &= \frac{1}{Z} \exp -\left(\frac{1}{kT} U(\lambda)\right) \\
 &= \frac{1}{Z} \exp -\left(\frac{1}{kT} \sum_C V_C(\lambda)\right) \\
 &= \frac{1}{Z} \exp -\left(\frac{1}{kT} \sum_{C=\{i,j\}} w_{ij} v(\lambda_i - \lambda_j)\right) \\
 &= \frac{1}{Z} \exp -\left(\frac{1}{kT} \sum_{C=\{i,j\}} w_{ij} \ln(\cosh h|\lambda_i - \lambda_j|)\right)
 \end{aligned} \tag{6.14}$$

w_{ij} wird für diagonale Nachbarn mit $\frac{1}{\sqrt{2}}$ festgelegt und für horizontale oder vertikale Nachbarn 1 gesetzt. Der Temperaturparameter wird zunächst experimentell bestimmt, indem seine Abhängigkeit von verschiedenen Faktoren wie Größe der einzelnen Objekte und durchschnittliche Anzahl von Emissionen pro Bildebene untersucht wird. Der Parameter wird dann so gewählt, daß ein Ausgleich zwischen Weichheit innerhalb der Regionen und Schärfe der Grenzen bewirkt wird.

6.1.2 Der MAP-Algorithmus

Nun ist der MAP-Schätzer $\hat{\lambda}$ gesucht, für den die Posteriorfunktion ihr Maximum annimmt. Analog zum Vorgehen in Abschnitt (4.2) muß nun die Posteriorfunktion (6.1) an Stelle der Likelihoodfunktion (4.5) maximiert werden. Die Posteriorfunktion sieht folgendermaßen aus:

$$\begin{aligned}
 p(\lambda/y) &= P(y/\lambda) \cdot p(\lambda)/P(y) \\
 \propto \tilde{p}(\lambda/y) &:= P(y/\lambda) \cdot p(\lambda) \\
 &= \prod_j \exp\left(-\sum_i p_{ij} \lambda_i\right) \frac{(\sum_i p_{ij} \lambda_i)^{y_j}}{y_j!} \cdot \frac{1}{Z} \exp -(\beta \sum_C V_C(\lambda))
 \end{aligned} \tag{6.15}$$

Dabei ist $\beta = \frac{1}{kT}$ gesetzt. Da $P(y)$ eine Konstante darstellt, braucht im folgenden nur noch $\tilde{p}(\lambda/y)$ betrachtet zu werden. Die Logposteriorfunktion ergibt sich dementsprechend:

$$\begin{aligned}
 \ln \tilde{p}(\lambda/y) &= \sum_j \left(-\sum_i p_{ij} \lambda_i + y_j \ln(\sum_i p_{ij} \lambda_i) - \ln y_j!\right) \\
 &\quad - \ln Z - \beta \sum_C V_C(\lambda)
 \end{aligned} \tag{6.16}$$

$$\begin{aligned} & \propto \sum_j (-\sum_i p_{ij} \lambda_i + y_j \ln(\sum_i p_{ij} \lambda_i)) \\ & \quad - \beta \sum_C V_C(\lambda) \end{aligned} \quad (6.17)$$

Aus denselben Gründen wie in Abschnitt(4.2) reicht es, ein Maximum für die vereinfachte Funktion (6.17) zu finden. Sie unterscheidet sich nur um Konstanten von der Logposteriorfunktion (6.16). Die Lage ihrer Maxima ist gleich. (6.17) wird im folgenden vereinfachend mit $\ln \tilde{p}(\lambda/y)$ bezeichnet. Die partiellen Ableitungen von $\ln \tilde{p}(\lambda/y)$ ergeben sich folgendermaßen:

$$\begin{aligned} \frac{\partial \ln \tilde{p}}{\partial \lambda_i} &= \sum_j (-p_{ij} + \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \lambda_k}) - \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\lambda) \\ &= -1 + \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \lambda_k} - \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\lambda) \end{aligned} \quad (6.18)$$

Die zweite Ableitung ist:

$$\frac{\partial^2 \ln \tilde{p}}{\partial \lambda_{i1} \partial \lambda_{i2}} = - \sum_j \frac{y_j p_{i1,j} p_{i2,j}}{(\sum_k p_{kj} \lambda_k)^2} - \beta \frac{\partial^2}{\partial \lambda_{i1} \partial \lambda_{i2}} \sum_C V_C(\lambda) \quad (6.19)$$

Der linke Teil der zweiten Ableitung entspricht gerade der zweiten Ableitung der Loglikelihoodfunktion (4.7) und ist nach Abschnitt (4.2) eine negativ semidefinite quadratische Form. Handelt es sich bei den Potentialfunktionen um streng konvexe Funktionen, wie vorausgesetzt nach Abschnitt (6.1.1), so ist die Logposteriorfunktion insgesamt streng konkav und besitzt damit ein eindeutiges Maximum. Zur Maximierung der Posteriorfunktion wird die Gleichung (6.18) Null gesetzt:

$$0 = -1 + \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \lambda_k} - \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\lambda) \quad (6.20)$$

Diese Gleichung ist aufgrund der Form der Ableitungen der Gibbsverteilung, in der verschiedene Komponenten - jeweils genau die Nachbarn eines λ_i - gegenseitig voneinander abhängen, nicht direkt lösbar. Zur Vereinfachung betrachtet man das λ der Potentialfunktion zunächst als Konstante. Analog zum ML-EM-Algorithmus in Kapitel 4.2 wird nun die Gleichung mit λ_i multipliziert, um so die folgende Fixpunktiteration zu erhalten, wobei jetzt an die Stelle des freien λ der Potentialfunktion gerade das $\hat{\lambda}^n$ aus dem letzten Iterationsschritt eingesetzt wird:

$$\hat{\lambda}_i^{n+1} = \frac{\hat{\lambda}_i^n}{1 + \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\hat{\lambda}^n)} \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} \quad (6.21)$$

Es wird nun analog zu Kapitel (4.3) gezeigt, daß es sich dabei um einen EM-Algorithmus handelt. Der Erwartungswertschritt ist derselbe wie beim Maximum-Likelihood-EM-Algorithmus (4.10). $t(z) = \sum_j z_{ij}$ wird als ausreichende Statistik verwendet:

$$\hat{t}_i(z)^n = \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} \quad (6.22)$$

Im Maximierungsschritt wird nun λ gesucht, so daß $p(\lambda/t(z))$ für das im Erwartungswertschritt berechnete $\hat{t}(z)$ sein Maximum annimmt. Zunächst wird die Verteilungsfunktion $p(\lambda/t(z))$ genauer spezifiziert:

$$\begin{aligned} p(\lambda/t(z)) &= P(t(z)/\lambda) \cdot p(\lambda)/P(t(z)) \\ \propto \tilde{p}(\lambda/t(z)) &:= P(t(z)/\lambda) \cdot p(\lambda) \\ &= \prod_i \frac{\exp(-\lambda_i) \lambda_i^{t_i(z)}}{t_i(z)!} \cdot \frac{1}{\mathcal{Z}} \exp(-\beta \sum_C V_C(\lambda)) \end{aligned} \quad (6.23)$$

Logarithmieren von $\tilde{p}(\lambda/t(z))$ ergibt:

$$\begin{aligned} \ln \tilde{p}(\lambda/t(z)) &= \sum_i (-\lambda_i + t_i(z) \ln \lambda_i - \ln t_i(z)!) \\ &\quad - \ln \mathcal{Z} - \beta \sum_C V_C(\lambda) \end{aligned} \quad (6.24)$$

$\ln \tilde{p}(\lambda/t(z))$ wird nach λ_i abgeleitet:

$$\frac{\partial \ln \tilde{p}}{\partial \lambda_i} = -1 + \frac{t_i(z)}{\lambda_i} - \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\lambda) \quad (6.25)$$

Für den Maximierungsschritt des EM-Algorithmus wird der Erwartungswert aus dem Erwartungswertschritt in die Gleichung eingesetzt und die Gleichung Null gesetzt:

$$\begin{aligned} 0 &= -1 + \frac{\hat{t}_i(z)}{\lambda_i} - \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\lambda) \\ &= -1 + \frac{1}{\lambda_i} \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} - \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\lambda) \end{aligned} \quad (6.26)$$

Es gilt aus denselben Gründen wie für die Maximierung der Logposteriorfunktion $\ln \tilde{p}(\lambda/y)$ (6.17), daß die Nullstellen der Richtungsableitungen ein Maximum für $\ln \tilde{p}(\lambda/t(z))$ liefern.

Eine direkte Lösung dieser Gleichung ist wie bei Gleichung (6.20) aufgrund der Form der Ableitungen der Gibbsverteilung nicht möglich. Wieder hängen verschiedenen Komponenten - jeweils genau die Nachbarn eines λ_i - gegenseitig voneinander ab.

Nun stehen zwei Möglichkeiten zur Auswahl. Bei der ersten Alternative verzichtet man auf eine Maximierung und gibt sich mit einem sogenannten Vergrößerungsschritt zufrieden. Dabei wird die Ableitung der Posteriorfunktion so vereinfacht, daß sie direkt lösbar ist. Die zweite Möglichkeit besteht darin, zur Lösung der Maximierungsgleichung wiederum ein iteratives Verfahren, wie zum Beispiel das Newton-Verfahren, zu wählen. Für diese Arbeit wurde die erste Möglichkeit gewählt. Analog zum 'One-Step-Late'-Algorithmus von [Gre90] wurde die Ableitungsgleichung vereinfacht, indem bei der Ableitung der Gibbsverteilung für λ der alte Wert $\hat{\lambda}^n$ gewählt wurde. Somit wird kein Maximum der Posteriorfunktion bezüglich des im E-Schritt bestimmten $\hat{x}$ berechnet, sondern nur noch eine Vergrößerung der Posteriorfunktion. Ein solcher Algorithmus heißt nach [DLR77] verallgemeinerter EM-Algorithmus (generalized-EM: GEM).

Setzt man in Gleichung (6.26) in der Potentialfunktion ($V_C(\lambda)$) für λ den Schätzwert aus dem letzten Iterationsschritt ($\hat{\lambda}^n$) ein, so ergibt sich:

$$0 = -1 + \frac{1}{\lambda_i} \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} - \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\hat{\lambda}^n) \quad (6.27)$$

Diese Gleichung läßt sich analog zum ML-EM-Algorithmus durch Multiplikation von λ_i nach λ_i auflösen. So liefert sie den Schätzer für den nächsten Iterationsschritt und eine Iterationsgleichung die zu (6.21) identisch ist:

$$\hat{\lambda}_i^{n+1} = \frac{1}{\sum_j p_{ij} + \beta \frac{\partial}{\partial \lambda_i} \sum_C V_C(\lambda^n)} \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} \quad (6.28)$$

Damit ist gezeigt, daß die Iterationsvorschrift (6.21) einen GEM-Algorithmus liefert.

Durch diese Iterationsgleichung ist zusammen mit der Wahl der Potentialfunktion (6.14) und eines Nachbarschaftssystems (6.10) der Markoff-GEM-Algorithmus eindeutig definiert. An der Iterationsvorschrift läßt sich erkennen, daß unter der Voraussetzung einer begrenzten Nachbarschaft nur geringfügig mehr Rechenaufwand gegenüber dem ML-EM-Algorithmus notwendig ist.

Ein iteratives Verfahren zur exakten Lösung des Maximierungsschrittes hat einen hohen Rechenaufwand zur Folge. Ein solches Verfahren wird in [Set92] beschrieben. Empirische Untersuchungen, siehe auch Kapitel 7, haben gezeigt, daß eine Vergrößerung des *a posteriori* Wertes an Stelle des Maximierungsschrittes durchaus ausreichend ist.

6.2 Algorithmus 2: Gauß-EM-Algorithmus

In diesem Ansatz wird die Homogenitätseigenschaft der *a priori* Information mittels einer Gaußverteilung modelliert. Dabei wird für jedes Pixel einer zusammengehörigen Region derselbe Mittelwert angenommen (Abb. 6.5). Diese für jede Region spezifischen Mittelwerte müssen in einem Vorverarbeitungsschritt bestimmt werden. Mittels eines EM-Algorithmus wird anschließend der MAP-Schätzer berechnet.

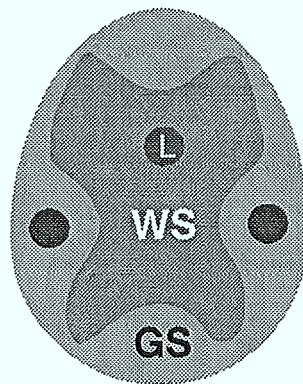


Abbildung 6.5: Beim Gauß-EM-Algorithmus wird für die Vorinformation jeder Region eine mittlere Aktivitätskonzentration zugeordnet.

6.2.1 Die *a priori* Wahrscheinlichkeitsverteilung

Als *a priori* Verteilung wird eine Gaußverteilung um den Mittelwertsvektor m gewählt:

$$p(\lambda) = c \exp \left[-\frac{\gamma}{2} (\lambda - m)^T H (\lambda - m) \right] \quad (6.29)$$

Die Matrix H gibt zusammen mit $\frac{\gamma}{2}$ die inverse Kovarianzmatrix an. Bei diesem Modell werden Wechselwirkungen zwischen einzelnen Pixeln ausgeschlossen und H ergibt sich als Diagonalmatrix. Das bedeutet, daß keine gegenseitigen Beeinflussungen zwischen benachbarten Pixeln modelliert werden. Damit sind die λ_i in diesem Modell voneinander unabhängig.

Berechnung der Mittelwerte

Die Mittelwerte der einzelnen Regionen werden in einem Vorverarbeitungsschritt mit dem konventionellen EM-Algorithmus berechnet. Dabei betrachtet man nicht einzelne Pixel, sondern zusammenhängende Segmente - gerade die anatomischen Regionen, die im MRT-Bild durch Segmentation erkannt wurden. Für diese neuen Bildelemente wird die Intensität berechnet. Üblicherweise sind dies insgesamt weniger als 10 verschiedene Regionen. Ihnen stehen eine Vielzahl von Projektionsdaten gegenüber. Deshalb lassen sich die Intensitätswerte relativ genau und mit geringem Rechenaufwand bestimmen.

Sei nun m_r der Intensitätswert einer Region r , so sieht die Iterationsvorschrift für den sogenannten regionalen EM-Algorithmus folgendermaßen aus [Car86]:

$$m_r^{n+1} = m_r^n \sum_j \frac{p_{rj} y_j}{\sum_{r'} p_{r'j} m_{r'}^n} \quad (6.30)$$

Dabei gibt p_{rj} die Wahrscheinlichkeit an, daß ein Strahl, der in Region r seinen Ursprung hat, im Detektorpaar j gemessen wird.

Bestimmung der Varianzen

$\frac{1}{2} H_{ii}$ stellt den reziproken Wert der Varianz dar. Die Varianz innerhalb einer spezifischen anatomischen Region ist durch ihre innere Struktur (zusammen mit ihren physiologischen und chemischen Eigenschaften) in Zusammenhang mit dem verwendeten Radiopharmazeutikum beeinflusst. So verteilt sich zum Beispiel ^{18}FDG (Fluorodeoxyglukose) relativ gleichmäßig in der weißen Substanz und wesentlich ungleichmäßiger innerhalb der grauen Substanz. Bisher wurde die Varianz für das angenommene Modell anhand konventionell rekonstruierter Bilder geschätzt oder empirisch ermittelt.

6.2.2 Der MAP-Algorithmus

Es wird wieder das EM-Prinzip zur Berechnung des MAP-Schätzers angewendet mit dem Vorteil, daß bei dem hier vorliegenden Modell keine Koppelung zwischen den einzelnen λ_i vorliegt. Betrachtet wird nun die folgende *a posteriori* Verteilung:

$$p(\lambda/y) = P(y/\lambda) \cdot p(\lambda)/P(y)$$

$$\begin{aligned}
\propto \tilde{p}(\lambda/y) &:= P(y/\lambda) \cdot p(\lambda) \\
&= \prod_j \exp\left(-\sum_i p_{ij}\lambda_i\right) \frac{(\sum_i p_{ij}\lambda_i)^{y_j}}{y_j!} \\
&\quad \cdot c \exp\left(-\frac{\gamma}{2}(\lambda - m)^T H(\lambda - m)\right)
\end{aligned} \tag{6.31}$$

Des weiteren wird zur Vereinfachung mit $\tilde{p}(\lambda/y)$ gearbeitet. Es wird wieder der Logarithmus der Posteriorfunktion betrachtet und als Logposteriorfunktion bezeichnet:

$$\begin{aligned}
\ln \tilde{p}(\lambda/y) &= \sum_j \left(-\sum_i p_{ij}\lambda_i + y_j \ln(\sum_i p_{ij}\lambda_i) - \ln y_j!\right) \\
&\quad + \ln(c) - \frac{\gamma}{2}(\lambda - m)^T H(\lambda - m)
\end{aligned} \tag{6.32}$$

Gesucht ist nun das Maximum der Logposteriorfunktion. Es ergeben sich die folgenden partiellen Ableitungen für $\ln \tilde{p}(\lambda/y)$.

Die erste Ableitung:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial \ln \tilde{p}}{\partial \lambda_i} &= \sum_j \left(-p_{ij} + \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj}\lambda_k}\right) - \gamma \sum_u H_{iu}(\lambda_u - m_u) \\
&= -1 + \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj}\lambda_k} - \gamma \sum_u H_{iu}(\lambda_u - m_u)
\end{aligned} \tag{6.33}$$

Die zweite Ableitung:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial^2 \ln \tilde{p}}{\partial \lambda_{i1} \partial \lambda_{i2}} &= \frac{\partial^2 \ln P(y/\lambda)}{\partial \lambda_{i1} \partial \lambda_{i2}} - \gamma H_{i1,i2} \\
&= -\sum_j \frac{y_j p_{i1,j} p_{i2,j}}{(\sum_k p_{kj}\lambda_k)^2} - \gamma H_{i1,i2}
\end{aligned} \tag{6.34}$$

Die Matrix der zweiten Ableitungen der Loglikelihoodfunktion ($\partial^2 \ln P(y/\lambda)$), die den linken Teil der zweiten Ableitung (6.34) der Logposteriorfunktion ausmacht, ist negativ definit [SV82]. Dies folgt ebenfalls für die gesamte zweite Ableitung der Logposteriorfunktion ($\partial^2 \ln p(\lambda/y)$), falls die Matrix H positiv definit und symmetrisch ist. Unter diesen Bedingungen ist die Logposteriorfunktion $\ln p(\lambda/y)$ streng konkav und besitzt ein eindeutiges Maximum. Ist H , wie oben festgelegt, eine Diagonalmatrix mit positiven Einträgen, so ist der Bedingung nach positiver Definitheit und Symmetrie Genüge getan.

Für den EM-Algorithmus ergibt sich der gleiche Erwartungswertschritt wie für den Markoff-GEM-Algorithmus (Abschnitt 6.1.2) und den ML-EM-Algorithmus (Abschnitt 4.3).

$t(z) = \sum_j z_{ij}$ dient als ausreichende Statistik zur Schätzung des gesuchten Parameters λ :

$$\hat{t}_i(z)^n = \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} \quad (6.35)$$

Zu dem im Erwartungswertschritt bestimmten $\hat{t}_i(z)^n$ wird nun ein λ gesucht, so daß die Dichteverteilung $p(\lambda/\hat{t}(z))$ maximiert wird. Dazu wird die Verteilungsfunktion genauer betrachtet:

$$\begin{aligned} p(\lambda/t(z)) &= P(t(z)/\lambda) \cdot p(\lambda)/P(t(z)) \\ \propto \tilde{p}(\lambda/t(z)) &:= P(t(z)/\lambda) \cdot p(\lambda) \\ &= \prod_i \frac{\exp(-\lambda_i) \lambda_i^{t_i(z)}}{t_i(z)!} \cdot c \exp(-\frac{\gamma}{2}(\lambda - m)^T H(\lambda - m)) \end{aligned} \quad (6.36)$$

Logarithmieren von $\tilde{p}(\lambda/t(z))$ ergibt:

$$\begin{aligned} \ln \tilde{p}(\lambda/t(z)) &= \sum_i (-\lambda_i + t_i(z) \ln \lambda_i - \ln t_i(z)!) \\ &\quad + \ln(c) - \frac{\gamma}{2}(\lambda - m)^T H(\lambda - m) \end{aligned} \quad (6.37)$$

$\ln \tilde{p}(\lambda/t(z))$ wird nach λ_i abgeleitet:

$$\frac{\partial \ln \tilde{p}}{\partial \lambda_i} = -1 + \frac{t_i(z)}{\lambda_i} - \gamma \sum_u H_{iu}(\lambda_u - m_u) \quad (6.38)$$

Für den Maximierungsschritt des EM-Algorithmus wird nun der berechnete Wert von $\hat{t}^n(z)$ aus dem Erwartungswertschritt in die Gleichung eingesetzt und die Gleichung Null gesetzt:

$$\begin{aligned} 0 &= -1 + \frac{\hat{t}_i(z)}{\lambda_i} - \gamma \sum_u H_{iu}(\lambda_u - m_u) \\ &= -1 + \frac{1}{\lambda_i} \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} - \gamma \sum_u H_{iu}(\lambda_u - m_u) \end{aligned} \quad (6.39)$$

$\ln \tilde{p}(\lambda/t(z))$ ist aus denselben Gründen wie $\ln \tilde{p}(\lambda/y)$ streng konkav und besitzt ein eindeutiges Maximum, welches an der Nullstelle der Richtungsableitungen angenommen wird.

Durch die Bedingung an H , die Form einer Diagonalmatrix anzunehmen, wird aus (6.39) ein System ungekoppelter quadratischer Gleichungen, welches sich nach λ_i auflösen läßt. Im folgenden werden die Diagonalelemente der Matrix H mit h_i bezeichnet:

$$0 = -1 + \frac{1}{\lambda_i} \hat{\lambda}_i^n \sum_j \frac{y_j p_{ij}}{\sum_k p_{kj} \hat{\lambda}_k^n} - \gamma h_i(\lambda_i - m_i) \quad (6.40)$$

Damit ergibt sich die folgende Iterationsgleichung:

$$\lambda_i^{n+1} = \frac{\gamma h_i m_i - 1 + \sqrt{(\gamma h_i m_i - 1)^2 + 4\gamma h_i \lambda_i^n \sum_j \frac{p_{ij} y_j}{\sum_k p_{kj} \lambda_k^n}}}{2\gamma h_i} \quad (6.41)$$

Für $\gamma \rightarrow 0$ ergibt sich daraus eine einfache Maximum-Likelihood-Schätzung. Für $\gamma \rightarrow \infty$ ergibt sich die Schätzung von λ alleine durch die *a priori* Verteilung.

Kapitel 7

Ergebnisse

Die in Kapitel 6 vorgestellten Algorithmen, der Markoff-GEM-Algorithmus und der Gauß-EM-Algorithmus, werden anhand von Simulations-, Phantom- und Gehirndaten überprüft und mit den konventionellen Rekonstruktionsalgorithmen, dem ML-EM-Algorithmus (Abschnitt 4.2) und der gefilterten Rückprojektion (Abschnitt 3.1), verglichen. Es wird das Verhalten bei vielen Iterationsschritten überprüft. Der Einfluß der Parameter, die das Gewicht der Vorinformation in dem Algorithmus angeben, wird untersucht. Des weiteren werden die Auswirkungen falscher Vorinformation wie zum Beispiel das Fehlen von Regionen oder kleine Verschiebungen der Regionen betrachtet.

7.1 Methoden der Auswertung

Bei der Auswertung von PET-Daten spielt die Berechnung spezieller Parameter wie der Standardabweichung und des Recovery-Koeffizienten eine besondere Bedeutung. Für die Beurteilung der hier entwickelten Algorithmen sollen diese Verfahren angewendet werden.

Das Rauschen im Bild wird mit der Standardabweichung gemessen. Es wird hierfür eine sogenannte *Region of Interest* (ROI) innerhalb eines homogenen Bereiches gelegt. Dabei ist von Bedeutung, daß die ROI gut innerhalb des entsprechenden Bereiches liegt und den Rand dieser Region so ausspart, daß der Bereich des Partialvolumeneffektes bei der Auswertung nicht berücksichtigt wird. Die Standardabweichung (SD) wird üblicherweise

bezüglich des Mittelwertes der gemessenen Werte in der betrachteten ROI berechnet, welcher nicht mit der tatsächlich vorhandenen Konzentration übereinzustimmen braucht.

$$SD = \frac{1}{n_{ROI}} \sqrt{\sum_{i \in ROI} (M_{ROI} - v_i)^2} \quad (7.1)$$

Dabei ist n_{ROI} die Anzahl der Pixel in der ROI, M_{ROI} der Mittelwert der rekonstruierten Konzentration innerhalb der ROI und v_i der rekonstruierte Wert von Pixel i .

Um mit PET quantitative Aussagen machen zu können, müssen die berechneten Konzentrationen möglichst nahe an den wahren Konzentrationswerten liegen. In diesem Zusammenhang ist der Recovery-Koeffizient von besonderer Bedeutung. Er gibt das Verhältnis zwischen dem rekonstruierten Konzentrationswert, der sich als Mittelwert einer ROI ergibt, und dem tatsächlichen Konzentrationswert (M_{real}) an.

$$RK = \frac{M_{ROI}}{M_{real}} \quad (7.2)$$

Je näher der Recovery-Koeffizient bei 1 liegt, um so genauer wird der tatsächliche Konzentrationswert bei der Rekonstruktion berechnet.

Neben der ROI, die den Bereich des Partialvolumeneffektes möglichst ausspart, werden bei der Auswertung auch ROIs gelegt, die den gesamten Bereich einer homogenen Region umfassen. Diese werden im folgenden einfach als *große* ROIs bezeichnet, im Gegensatz zu den üblicherweise verwendeten *kleinen* ROIs.

7.2 Simulationsdaten

Bei der Simulation werden geometrische Formen mit gleichmäßiger Konzentration angenommen. Es wird die Poissonverteilung berücksichtigt und ein Datensatz des Emissionsraumes und der zugehörige Datensatz des Projektionsraumes erzeugt. Vereinfacht wird davon ausgegangen, daß die Orte von Zerfall und Annihilation zusammenfallen. Die beiden Photonen laufen gleichverteilt in alle Richtungen genau 180° auseinander. Wechselwirkungseffekte wie Streuung und Abschwächung bleiben unberücksichtigt. Beim Auftreffen auf die Detektoren wird eine Verschmierung in Form einer Gaußkurve mit Standardabweichung von 3 mm angenommen. Dieser Wert wurde für eine Punktquelle gemessen. Damit passen die Daten gut zu den Voraussetzungen der statistischen Rekonstruktionsalgorithmen. Korrekturen vor der Rekonstruktion brauchen nicht durchgeführt zu

werden. Beim Vergleich verschiedener Rekonstruktionsalgorithmen können Nebeneffekte solcher Korrekturen ausgeschlossen werden. Zusätzlich schließt die Simulation die genaue Kenntnis über den geometrischen Aufbau der erzeugten Objekte oder Segmente ein. Die Anwendung eines Anpassungs- und Segmentierungsalgorithmus (Kapitel 5) erübrigt sich so.

Zunächst werden die einzelnen simulierten Phantome beschrieben. Dabei handelt es sich jeweils um mehrere zusammengehörige Datensätze. Diese unterscheiden sich jeweils nur in einzelnen Faktoren wie zum Beispiel der Konzentration oder der Größe einzelner Elemente.

Simulationsphantom 1: Kreisphantom mit unterschiedlichen Konzentrationen

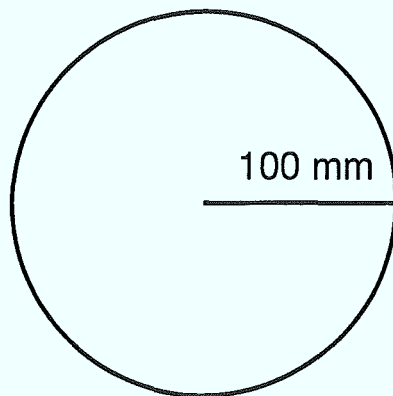


Abbildung 7.1: Simulationsphantom 1. Kreis mit 100 mm Radius. Aktivitätskonzentrationen: von 1000 bis 500000 $\mu\text{Ci/cc}$. Es wird eine Meßdauer von 1 Sekunde simuliert. Damit ergeben sich Ereigniszahlen von 30000 bis zu 15 Millionen.

Es wird ein Kreis mit Radius 100 mm angenommen, der dem für regelmäßige Normierungsmessungen am PET-Scanner verwendeten Zylinderphantom entspricht. Es werden verschiedene Konzentrationen mit fester Meßdauer simuliert, um Datensätze mit unterschiedlichen Ereigniszahlen oder Counts zu erzeugen. Dabei hat der Datensatz mit der geringsten Ereignisdichte 30000 Counts verteilt auf die gesamte Fläche und der Datensatz mit der höchsten Dichte 15 Millionen Counts. Eine typische FDG-Aufnahme entspricht einem Datensatz mit ca. 1 bis 2 Million Counts pro Ebene. Diese Phantomdatensätze dienen dazu, den Einfluß der Countdichte auf die Rekonstruktionsalgorithmen unter weitgehendem Ausschluß anderer Faktoren wie Partialvolumeneffekt zu untersuchen.

Simulationsphantom 2: Kreisphantom mit unterschiedlichen Durchmessern

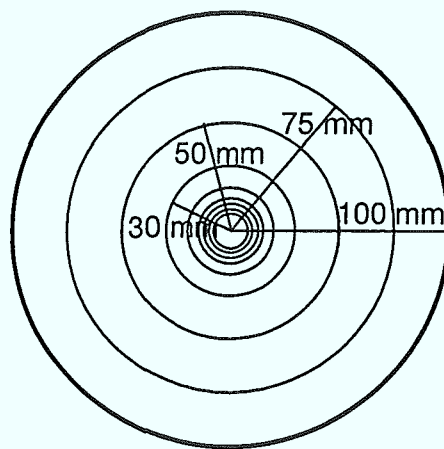


Abbildung 7.2: Simulationsphantom 2. Ein Kreis mit jeweils variierendem Radius. Es werden folgende Radien gewählt: 8, 10, 12,5, 15, 20, 30, 50, 75, 100 mm.

Dieses Phantom besteht ebenso wie Phantom 1 aus einem Kreis. Im Unterschied zu Phantom 1 wird eine feste realistische Konzentration angenommen, dagegen aber der Radius von 8 mm bis 100 mm variiert. Dies dient insbesondere dazu, den Einfluß der Objektgröße auf die Rekonstruktionsalgorithmen zu untersuchen. Der Partialvolumeneffekt kommt bei kleineren Durchmessern zunehmend zum Tragen.

Simulationsphantom 3: Kreisphantom mit 6 kleinen Kreisen

Dieses Phantom ist aus verschiedenen Elementen zusammengesetzt. Ein großer äußerer Kreis weist einen Radius von 100 mm auf. In seinem Inneren sind 6 Kreise mit jeweils einem Radius von 20 mm wiederum auf einer Kreisbahn mit 60 mm Radius gleichmäßig angeordnet. Die Kreise sind mit verschiedenen Konzentrationen gefüllt (Abb. 7.3). Bei den beiden erzeugten Datensätzen ist zum einen eine äußere Konzentration gewählt worden, die wesentlich niedriger ist als in den kleinen Kreisen, zum anderen eine Konzentration, die der mittleren Aktivitätskonzentration der kleinen Kreise entspricht.

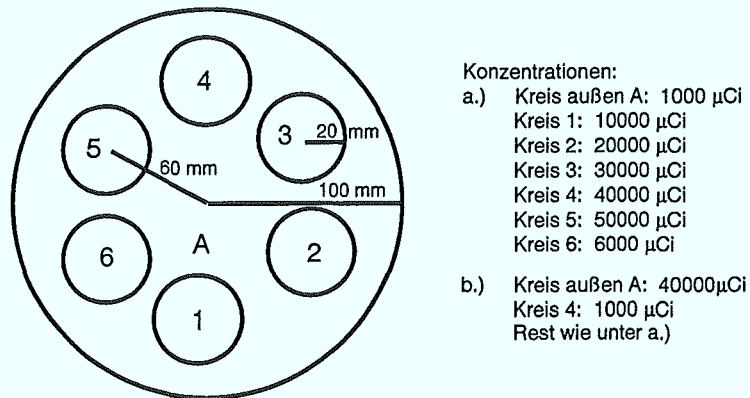


Abbildung 7.3: Simulationsphantom 3. Großer Kreis mit 6 kleinen Kreisen.

Simulationsphantom 4: Shepp-Logan-Phantom

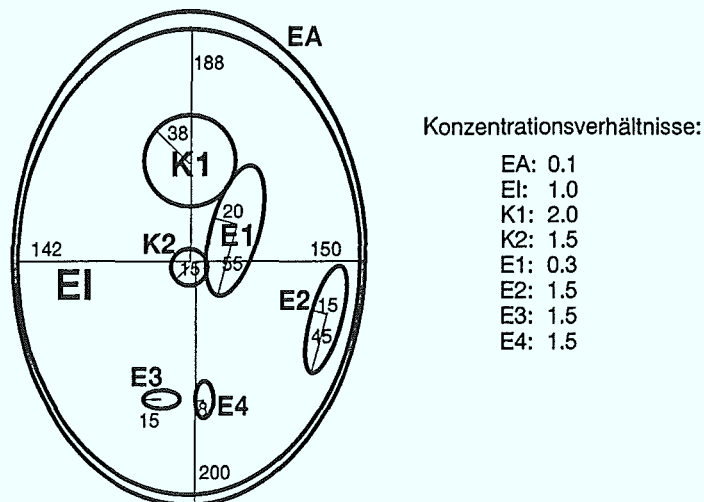


Abbildung 7.4: Simulationsphantom 4. Shepp-Logan-Phantom. Die Zahlen geben die Radien in mm an. Die Liste gibt die Konzentrationsverhältnisse der einzelnen Elemente bezüglich EI an.

Dieses Phantom ist bereits in Abschnitt 4.4.1 verwendet worden. In Abbildung 7.4 finden sich die genauen Abmessungen und Konzentrationen. Das Shepp-Logan-Phantom ist eine einfache Darstellung des Gehirns und deren Verhältnisse für die Aufnahme radioaktiver

Stoffe zueinander. Es werden fünf Datensätze mit unterschiedlichen Konzentrationen erzeugt, wobei die Verhältnisse der einzelnen Elemente in Abbildung 7.4 angegeben sind und für die verschiedenen erzeugten Datensätze zueinander gleich bleiben.

Simulationsphantom 5: Kleiner Kreis in großem Kreis

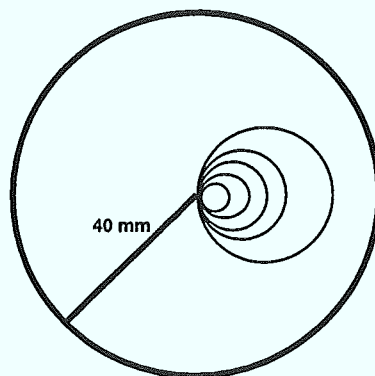


Abbildung 7.5: Simulationsphantom 5. Äußerer Kreis mit Radius 40 mm, innerer Kreis mit variierendem Radius von 4 bis 15 mm.

Dieses Phantom besteht aus zwei Kreisen, die nur einen geringen Konzentrationsunterschied aufweisen. Das Verhältnis der Konzentrationen des inneren Kreises zu dem äußeren Kreis beträgt 6 : 5. Es wird mit realistischen Ereignisdichten gearbeitet. Der innere Kreis liegt so, daß sein Rand durch den Kreismittelpunkt des äußeren Kreises läuft. Mit diesem Phantom soll die Situation überprüft werden, daß die Region eines kleinen eingebetteten Objektes nicht bekannt ist und so in der Vorinformation die innere und äußere Region als eine zusammenhängende Region interpretiert werden.

Simulationsphantom 6: Drei ineinander verschachtelte Kreise

Dieses Phantom ist mit einer ähnlichen Intention wie Phantom 5 gestaltet worden. Die Konzentrationsverhältnisse betragen von außen nach innen 4,25 : 5 : 6. Der kleinste Kreis liegt so, daß sein Rand den gemeinsamen Mittelpunkt des mittleren und äußeren Kreises durchläuft. Nun variiert der Radius des mittleren Kreises so, daß der schmale Steg zwischen äußerem und inneren Kreis 3 bis 15 mm beträgt.

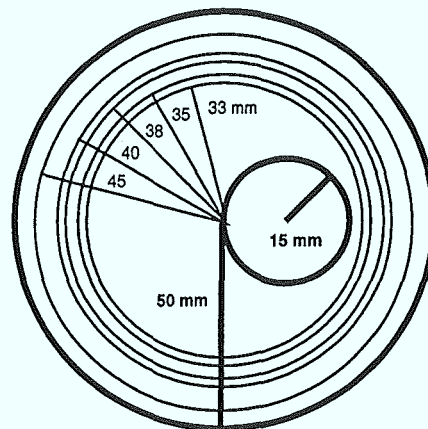


Abbildung 7.6: Simulationsphantom 6. Äußerer Kreis mit Radius 50 mm, innerer Kreis mit Radius 15 mm und mittlerer Kreis mit variierendem Radius von 33 bis 45 mm.

7.3 Auswertung der simulierten Datensätze

7.3.1 Auswertung eines einfachen Kreisphantoms

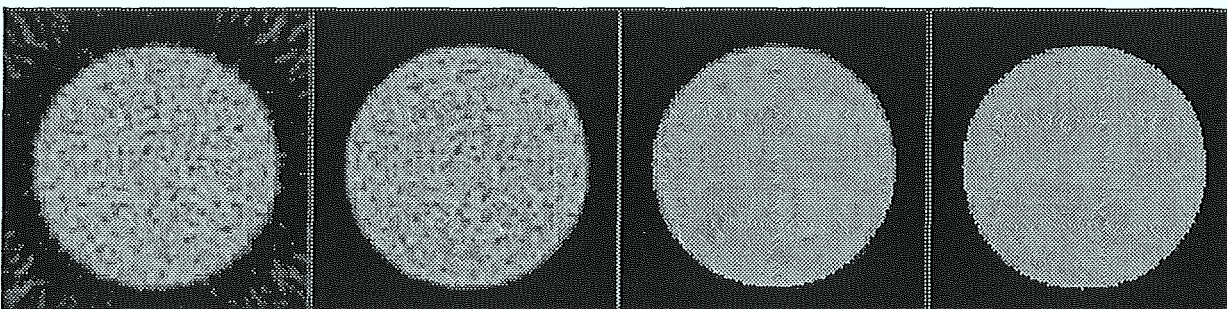


Abbildung 7.7: Simulationsphantom 1. Von links nach rechts: gefilterte Rückprojektion, ML-EM-Algorithmus, Markoff-GEM-Algorithmus und Gauß-EM-Algorithmus.

Zunächst wurde das Simulationsphantom 1 (Abb. 7.1) rekonstruiert. Dieses Phantom erfüllt die Annahmen der *a priori* Verteilung des Markoff-GEM-Algorithmus. Jedes Pixel tendiert dazu, dieselbe Konzentration wie sein Nachbarpixel aufzuweisen, wenn beide Pixel in derselben Region liegen. Bezüglich der *a priori* Verteilung des Gauß-EM-Algorithmus

gilt das folgende. Die simulierten Konzentrationen für die gesamte Kreisregion sind bekannt oder können leicht mit dem regionalen ML-EM-Algorithmus berechnet werden und liefern so die Mittelwerte der einzelnen Pixel für die Vorinformation des Gauß-EM-Algorithmus. Die Aktivität ist gleichmäßig über den gesamten Kreisbereich verteilt. Also liegen die tatsächlichen Konzentrationswerte nahe bei den in der Vorinformation vorgegebenen Werten. In Abbildung 7.7 sind die rekonstruierten Bilder des Simulationsphantomes 1 mit den unterschiedlichen Rekonstruktionsalgorithmen abgebildet. Hierfür wurde ein Datensatz mit realistischen Ereigniszahlen gewählt. Die beiden Bilder, die mit *a priori* Information rekonstruiert wurden, erscheinen wesentlich homogener. Die Standardabweichung innerhalb des Kreises ist für beide wesentlich vermindert. Der Recovery-Koeffizient ist für diesen Datensatz für alle vier Verfahren fast identisch. Es fällt auf, daß bei beiden Algorithmen mit Vorinformation Kreis und Hintergrund gegeneinander scharf abgegrenzt sind.

Rekonstruktionsalgorithmus	Standardabweichung in %	Recovery-Koeffizient
gefilterte Rückprojektion	11,2	0,994
ML-EM-Algorithmus	10,2	0,994
Markoff-GEM-Algorithmus	4,6	0,995
Gauß-EM-Algorithmus	3,1	0,988

7.3.2 Einfluß der Ereignisdichte und Zusammenhang mit β - und γ -Werten

Die Bilder der MAP-Rekonstruktionsalgorithmen sind unter anderem von der Stärke, mit der die Vorinformation gewichtet wird, bestimmt. Dies wird beim Markoff-GEM-Algorithmus durch den Parameter β (6.27) und beim Gauß-EM-Algorithmus durch den Parameter γ (6.41) bestimmt. Im folgenden ist der Einfluß dieser Parameter auf die Rekonstruktion von Simulationsphantom 1 untersucht worden.

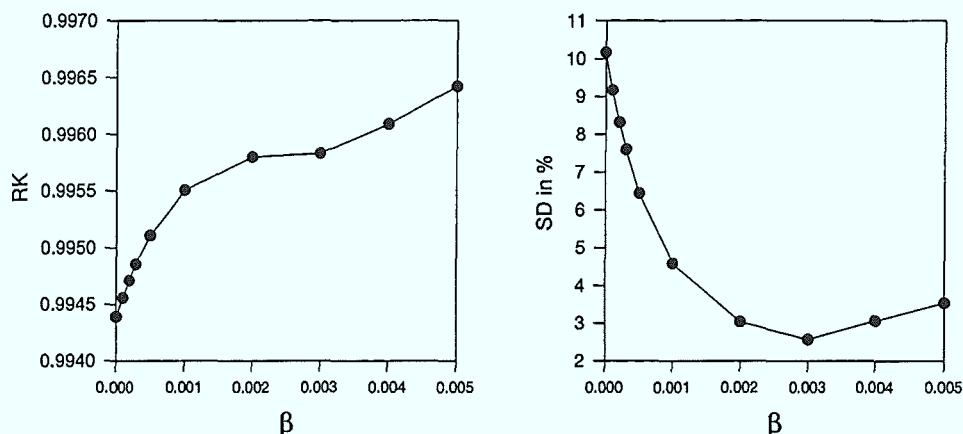


Abbildung 7.8: Simulationsphantom 1. Markoff-GEM-Algorithmus. Links: Recovery-Koeffizient. Rechts: prozentuale Standardabweichung. Auswertung mit *kleiner* ROI.

In Abbildung 7.8 sind Recovery-Koeffizient und prozentuale Standardabweichung für verschiedene β -Werte für den Markoff-GEM-Algorithmus aufgetragen. Der Recovery-Koeffizient steigt für wachsendes β an und nähert sich dabei dem Wert 1. Die Kurve erscheint in ihrem Verlauf bis $\beta = 0,003$ wie eine Sättigungskurve. Für Werte größer als 0,003 läuft sie steil nach oben. Dieses Verhalten manifestiert sich in den zugehörigen Bildern als Artefakte. Diese zeigen sich durch eine Art Streifenmuster. Das Bild (Abb. 7.9) schwankt regelmäßig zwischen zwei Werten.

Die Kurve der Standardabweichung fällt bis $\beta = 0,003$ ab und steigt dann wieder an. Bei Betrachtung der beiden Kurven, Recovery-Koeffizient und Standardabweichung, und der mit unterschiedlichen β s rekonstruierten Bildern lässt sich $\beta = 0,003$ als optimaler Wert definieren.

Abbildung 7.10 stellt die entsprechenden Kurven des Gauß-EM-Algorithmus für verschiedene Werte für γ dar. Die Standardabweichung fällt in dem betrachteten Bereich stetig bis auf 0,5 ab und erreicht damit sogar noch niedrigere Werte als der Markoff-GEM-Algorithmus. Der Recovery-Koeffizient fällt allerdings auch stetig ab und entfernt sich immer mehr von dem erwünschten Wert 1. Bei sehr hohen Werten für γ hat man in den Bildern eine fast gleiche Konzentration in dem gesamten Kreisbereich (Abb. 7.11).

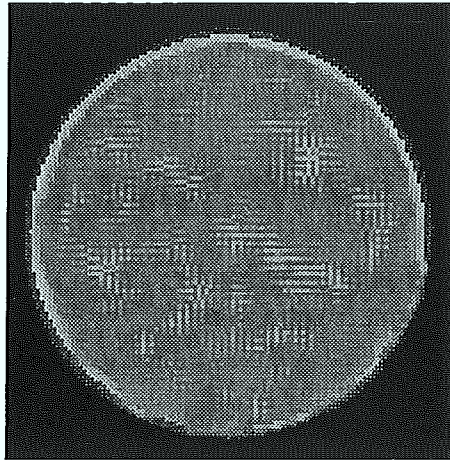


Abbildung 7.9: Simulationsphantom 1. Artefaktbildung beim Markoff-GEM-Algorithmus.
 $\beta = 0,005$

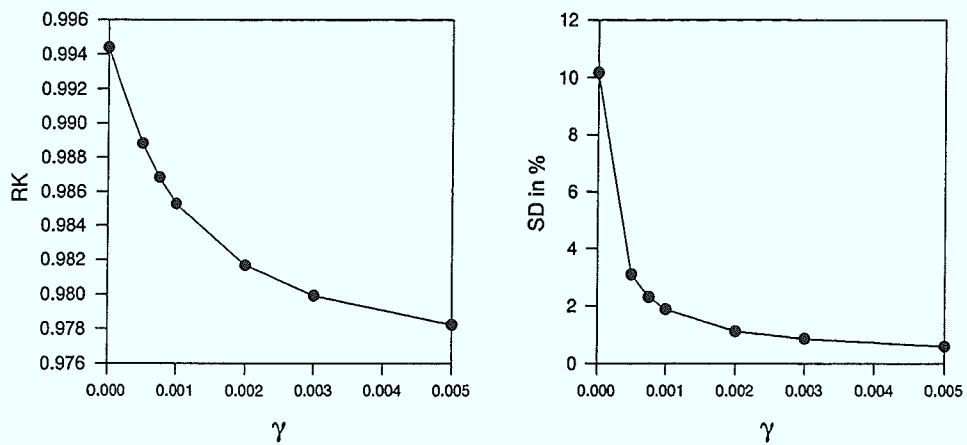


Abbildung 7.10: Simulationsphantom 1. Gauß-EM-Algorithmus. Links: Recovery-Koeffizient. Rechts: prozentuale Standardabweichung. Auswertung mit *kleiner* ROI.

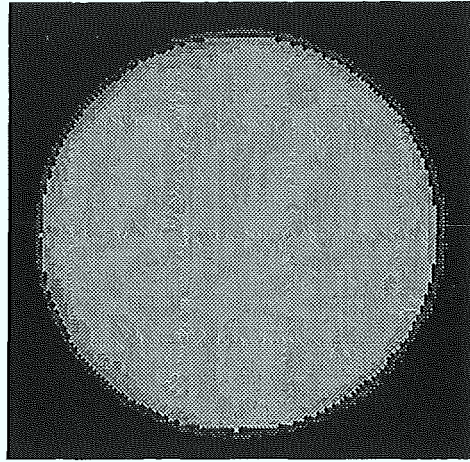


Abbildung 7.11: Simulationsphantom 1. Rekonstruktion des Gauß-EM-Algorithmus bei großem γ (0,005)

Bei der Untersuchung verschiedener Datensätze mit unterschiedlichen Ereigniszahlen, die mit dem Markoff-GEM-Algorithmus rekonstruiert worden sind, hat sich ein jeweils anderer Kurvenverlauf für β ergeben. Das bedeutet, daß der optimale Wert β für verschiedene Ereignisdichten unterschiedlich ist. Dieser Zusammenhang ist genauer untersucht worden: Zum einen ist es wichtig, den Wert für β nicht zu groß zu wählen, um keine fehlerhaften Strukturen zu erhalten. Zum anderen soll das Verfahren die gegebene Vorinformation auch tatsächlich ausnutzen. In Abbildung 7.12 sind für verschiedene Konzentrationsdichten die optimalen β -Werte aufgetragen. Diese Werte sind aus den Kurven für den Recovery-Koeffizienten und die Standardabweichung zusammen mit einer subjektiven Kontrolle der rekonstruierten Bilder bezüglich Artefakte erzeugt worden. Diese Kurve ist mit einer zweifachen Exponentialfunktion "gefittet" worden. Mit den gefundenen Parametern ist es möglich, bei der Rekonstruktion einen geeigneten Wert für β abhängig von der vorliegenden Ereignisdichte zu bestimmen. Seien N_E die Anzahl der Ereignisse pro Pixel, so ergab sich die folgende Funktion:

$$\beta_{ideal}(N_E) = 0,0094 * \exp(-0,024 * N_E) + 0,0016 * \exp(-0,0014 * N_E) \quad (7.3)$$

Man erkennt, daß die "gefittete" Kurve im interessierenden Bereich (ca. 50 bis 300 Ereignisse pro Pixel) sehr nah an der gemessenen Kurve liegt. Ziel ist es, diese berechneten Werte für β in den Rekonstruktionsalgorithmus einzubeziehen. Da aber beim Start der Iterationen die Ereignisdichte noch nicht bekannt ist, wird vorgeschlagen, in jedem Schritt

die aktuelle Ereignisdichte für jede Region zu bestimmen und daraus jeweils die Werte für β neu zu berechnen.

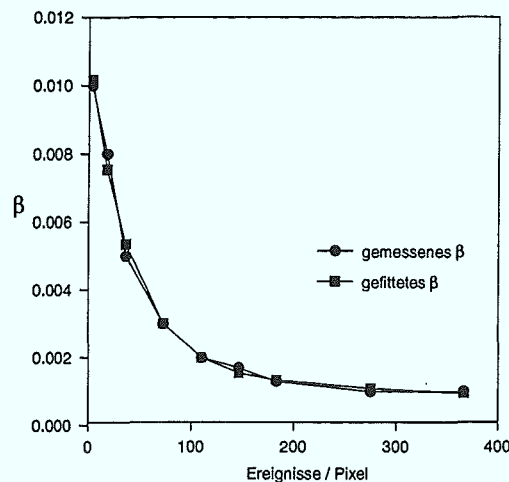


Abbildung 7.12: optimales β (aus Simulationsphantom 1) gegen Ereignisdichte; "gefittet" mit zweifacher Exponentialfunktion.

Dieses Verfahren ist an dem Simulationsphantom 3 (Abb. 7.3) überprüft worden. Dieses Phantom ist aus mehreren Regionen mit unterschiedlichen Konzentrationen zusammengesetzt. Die einzelnen Regionen sind hierbei Kreise mit einem Radius von 20 mm und somit kleiner als die Regionen, aus denen die *ideale Betafunktion* berechnet wurde. Im folgenden Abschnitt findet sich eine genaue Betrachtung der Objektgröße in Zusammenhang mit β . An dieser Stelle sei nur erwähnt, daß mit einem Radius von 20 mm bereits ein kritischer Wert für die Objektgröße erreicht wird, bei dem eine geringe Verschlechterung des Recovery-Koeffizienten beim Markoff-GEM-Algorithmus gegenüber dem ML-EM-Algorithmus fast zwangsläufig auftritt. In Abbildung 7.13 sind für das Simulationsphantom 3 mit niedriger Hintergrundkonzentration die Kurven für den Recovery-Koeffizienten und die Standardabweichung aufgetragen. Mit dem iterativen Berechnungsverfahren ergaben sich für die einzelnen Regionen β -Werte zwischen 0,01 und 0,0004. Zum Vergleich sind die Kurven für den ML-EM-Algorithmus und für den Markoff-GEM-Algorithmus mit verschiedenen festen β -Werten aufgetragen: $\beta = 0,0005$ ein eher niedriger Wert und $\beta = 0,002$ ein hoher Wert. Man sieht, daß die Kurve mit den iterativ berech-

neten *idealen* β -Werten sowohl für den Recovery-Koeffizienten als auch für die Standardabweichung bis auf wenige Abweichungen sehr nah an der besten Kurve liegt.

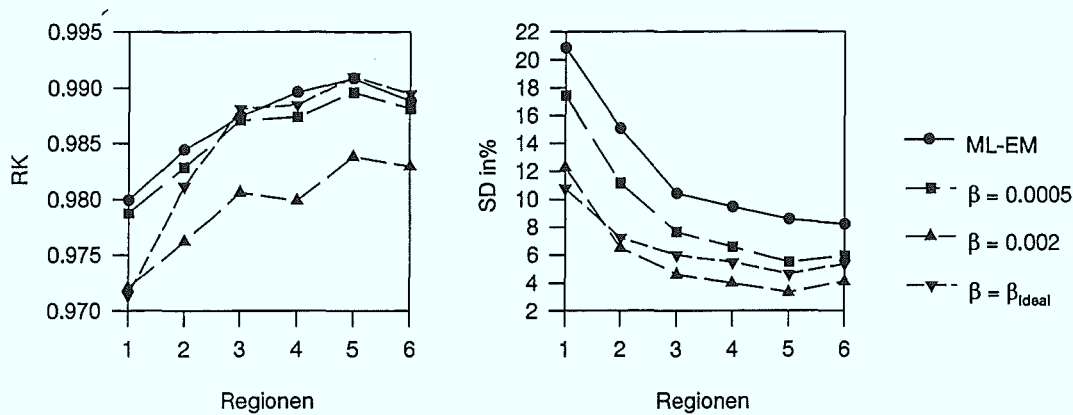


Abbildung 7.13: Simulationsphantom 3. Niedrige Außenkonzentration. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung für ML-EM-Algorithmus, Markoff-GEM-Algorithmus mit $\beta = 0,0005$, $\beta = 0,002$ und β_{ideal} . Auswertung mit *kleiner* ROI.

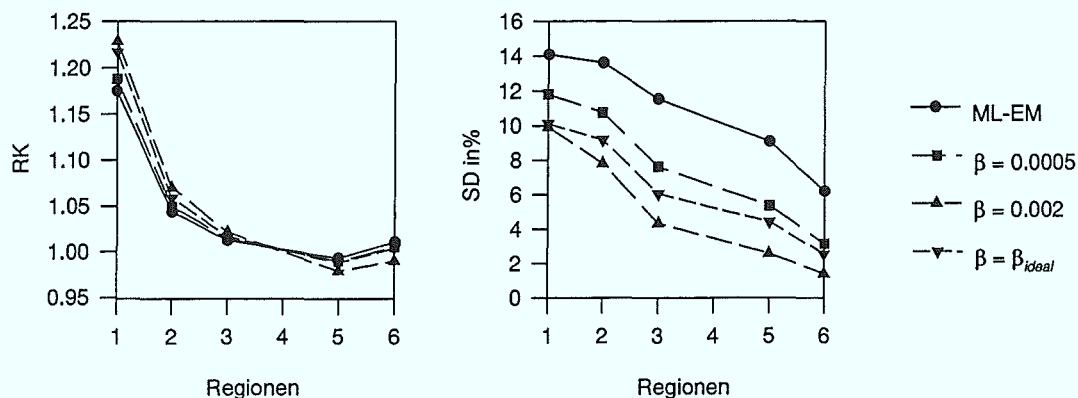


Abbildung 7.14: Simulationsphantom 3. Hohe Außenkonzentration. Wie Abbildung 7.13.

Bezüglich des Recovery-Koeffizienten liegt die Kurve mit $\beta = 0,0005$ für einzelne Regionen besser. Dafür ist die entsprechende Kurve der Standardabweichung wesentlich schlechter. Das genau umgekehrte gilt bei dem β -Wert von 0,002. Hier ist der Recovery-Koeffizient wesentlich schlechter im Vergleich zu den iterativ ermittelten idealen β -Werten. Dagegen liegt die Kurve der Standardabweichung für fast alle Regionen niedriger. In Abbildung

7.14 sind die entsprechenden Kurven bei einer hohen Außenkonzentration dargestellt. Dort zeigen sich ganz analoge Ergebnisse.

Daraus läßt sich ableiten, daß eine differenzierte Berechnung der β -Werte für die unterschiedlichen Regionen eines zusammengesetzten Phantoms durchaus angemessen ist.

Da für den Gauß-EM-Algorithmus keine optimalen γ -Werte für die verschiedenen Ereignisdichten gefunden wurden, kann für die Bestimmung der γ -Werte kein analoges Verfahren vorgeschlagen werden. Die Standardabweichung ist hier zwar noch niedriger als bei dem Markoff-GEM-Algorithmus, aber der erniedrigte Recovery-Koeffizient des Gauß-EM-Algorithmus stellt einen Nachteil dar.

Die Erniedrigung des Recovery-Koeffizienten kann folgendermaßen begründet werden. Die *a priori* Information geht von einer perfekten Datenaufnahme aus. Sie läßt Ungenauigkeiten bei der Meßdatenaufnahme unberücksichtigt. Hierzu zählen die Unschärfeneigenschaften der Detektoren und ebenso die Diskretisierung des Meßraumes, die eine andere Diskretisierung als die des Bildraumes ist. Bei der iterativen Hin- und Rückprojektion der Meßdaten fallen diese Ungenauigkeiten jedoch ins Gewicht. Damit widersprechen sich die Information der Meßdaten und die *a priori* Information. Die Erniedrigung der Konzentration, die beim ML-EM-Algorithmus nur auf den Bereich des Partialvolumeneffektes, also der Kreisränder, beschränkt ist, ist beim Gauß-EM-Algorithmus homogen auf den gesamten Kreisbereich verteilt.

Bei den oben durchgeführten Meßreihen wurde die ROI so gelegt, daß der Partialvolumeneffekt keine Rolle spielt. Die ROI stellt einen Kreis mit einem Radius von 90 mm mit dem gleichen Mittelpunkt wie der Kreis des Phantoms dar. Legt man nun die ROI so, daß der gesamte Bereich des Phantoms überdeckt wird, so ist der zugehörige Recovery-Koeffizient des Gauß-EM-Algorithmus gegenüber dem ML-EM Algorithmus sogar erhöht. Die Werte sind in Abbildung 7.15 aufgezeichnet.

Vorschläge, dieses Verschmieren des Partialvolumeneffektes über den gesamten Bereich einer zusammenhängenden Region zu unterdrücken, können die Folgenden sein. Zum einen kann sowohl die Verschmierung bei der Aufnahme der Meßdaten als auch die Verschmierung bei der Hin- und Rückprojektion durch Einbeziehung in die Wahrscheinlichkeitskoeffizienten berücksichtigt werden. Zum anderen könnte γ in dem Übergangsbereich von zwei Regionen erniedrigt werden, um hier den Einfluß der *a priori* Information zu vermindern. Eine weitere Möglichkeit wäre es, zwischen zwei Regionen mit hohem

Konzentrationsunterschied eine neue Region einzuführen und mit dem regionalen ML-EM-Algorithmus zusätzliche Schätzwerte hierfür zu berechnen.

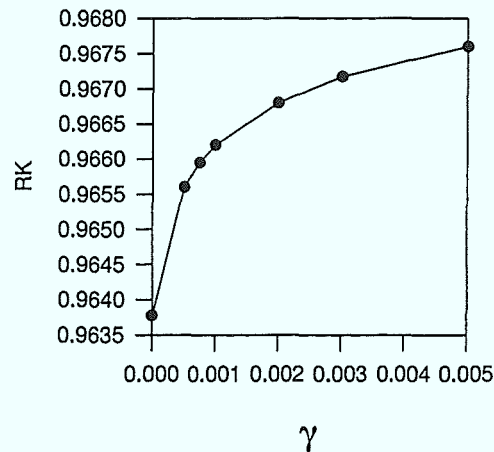


Abbildung 7.15: Recovery-Koeffizient bei Gauß-EM-Algorithmus innerhalb einer *großen* ROI, die den gesamten Kreis von Simulationsphantom 1 umfaßt.

7.3.3 Einfluß der Objektgröße

Um die Objektgröße als Einflußfaktor auf die Rekonstruktionsalgorithmen zu untersuchen, wurde Simulationsphantom 2 (Abb. 7.2) betrachtet. Dabei wurde eine realistische Ereignisdichte gewählt, für die sich ein optimales β mit Formel (7.3) von 0,002 ergibt.

In der Reihe von unterschiedlichen Radien bei Simulationsphantom 2 gilt für diejenigen Kreise, deren Radien kleiner als 30 mm sind, daß der Recovery-Koeffizient für die rekonstruierten Bilder beim Markoff-GEM-Algorithmus gegenüber dem ML-EM-Algorithmus erniedrigt ist (zwischen 1% und 4%). Dies ist selbst bei sehr kleinen Werten von β der Fall. Zudem läßt bei kleineren Radien die Verringerung der Standardabweichung gegenüber der Standardabweichung beim ML-EM-Algorithmus nach. Bei einem Kreis mit einem Radius von 100 mm ist die Standardabweichung für $\beta = 0,002$ gegenüber dem ML-EM-Algorithmus um 80% vermindert, bei einem Radius von 10 mm nur noch um 50%, und bei einem Radius von 8 mm sogar nur um 35%.

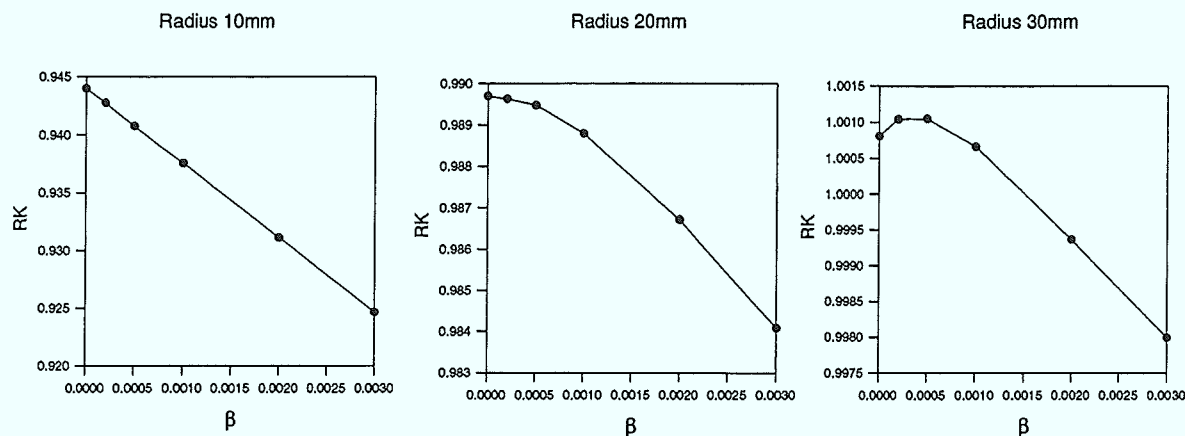


Abbildung 7.16: Simulationsphantom 2. Markoff-GEM-Algorithmus. Verlauf des Recovery-Koeffizienten gegen β bei unterschiedlichen Objektgrößen. Auswertung mit kleiner ROI.

In Abbildung 7.16 findet sich der Verlauf des Recovery-Koeffizienten für verschiedene Werte von β . Für $\beta = 0$ wird die *a priori* Information gar nicht gewertet und der Markoff-GEM-Algorithmus wird zum ML-EM-Algorithmus. Es sind exemplarisch Kurven für die Radien 10, 20 und 30 mm dargestellt. Bei einem Radius von 10 mm fällt der Recovery-Koeffizient in einer Geraden von 0,945 auf 0,925 ab. In dem mittleren Diagramm, das sich auf einen Radius von 20 mm bezieht, ist der Abfall bei sehr kleinen Werten von β (0,0002 und 0,0005) bereits etwas verzögert. Bei einem Radius von 30 mm findet sich zunächst ein Anstieg des Recovery-Koeffizienten ebenfalls bei $\beta = 0,0002$ und 0,0005, um dann bei größeren β -Werten wieder abzufallen. Für Radien, die kleiner als 10 mm sind, fällt der Recovery-Koeffizient in einer Geraden ab, die mit kleinerem Radius zunehmend steiler wird. Für Phantome mit Radien größer als 30 mm ist im untersuchten Bereich ($\beta = 0,0002$ bis $\beta = 0,003$) ein Anstieg des Recovery-Koeffizienten zu verzeichnen.

Die Verringerung des Recovery-Koeffizienten bei kleinen Objekten, die mit dem Markoff-GEM-Algorithmus rekonstruiert werden, läßt sich noch besser erklären als die Verringerung des Recovery-Koeffizienten beim Gauß-EM-Algorithmus im letzten Abschnitt. Der Markoff-GEM-Algorithmus fordert durch die *a priori* Verteilung, daß benachbarte Pixel zu ähnlichen Konzentrationen tendieren. In jedem Iterationsschritt wird ein größerer Bereich einer zusammenhängenden Region von dieser Tendenz erfaßt. Damit tendieren die gesamten Ereignisse, die einer zusammenhängenden Region zugeordnet werden, dazu, sich

über diese Region gleichmäßig zu verteilen. Durch den Partialvolumeneffekt wird ein Teil der Ereignisse, die im Randbereich der betrachteten Region stattgefunden haben, den angrenzenden Regionen zugeordnet. Haben die angrenzenden Regionen eine geringere Ereignisdichte, so werden der gesamten Region zu wenig Ereignisse zugeordnet. Durch die Markoffeigenschaft, die mit der Vorinformation eingebracht wird, werden jedoch diese fehlenden Ereignisse vom Rand her über die gesamte Region verteilt. Dieser Effekt ist bei größeren Objekten nicht so stark. Zum einen ist der Anteil der Fläche einer großen kreisförmigen Region, die vom Partialvolumeneffekt betroffen ist, wesentlich kleiner. Zum anderen braucht es auch mehr Iterationen, bis bei einem großen Kreis die zu wenig geschätzten Ereignisse sich vom Rand bis zur Kreismitte verteilt haben.

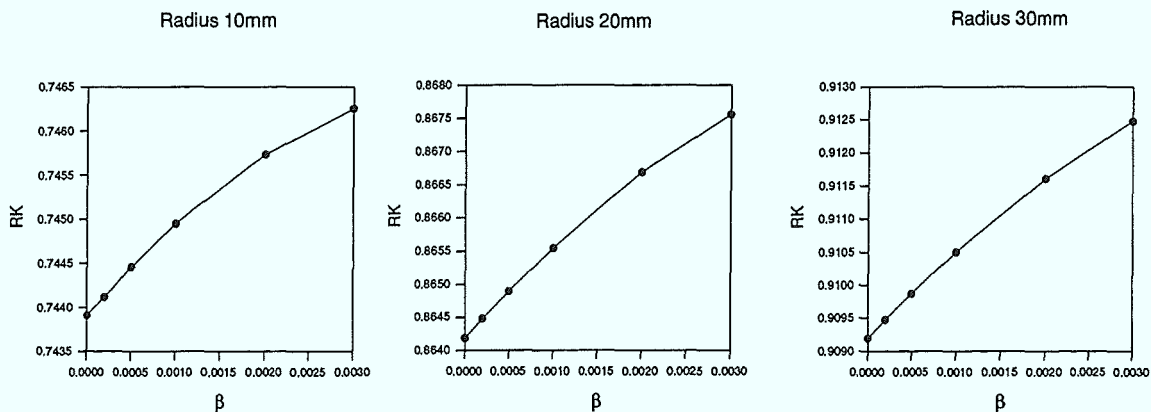


Abbildung 7.17: Simulationsphantom 2. Wie Abbildung 7.16 Verlauf des Recovery-Koeffizienten. Auswertung mit *großer* ROI.

Die Kurven in Abbildung 7.16 sind mit einer ROI erzeugt worden, die den Randbereich der Kreise je nach Kreisgröße zwischen 3 und 5 mm ausspart. In einem weiteren Versuch wurde die ROI so gelegt, daß sie den gesamten Bereich des Phantoms umfaßt. Hier tritt der Effekt auf, daß der Recovery-Koeffizient auch für Kreise mit Radien von 10, 20 und 30 mm ansteigt ausgehend von dem entsprechend niedrigeren Niveau. In Abbildung 7.17 sind die zu Abbildung 7.16 analogen Kurven für die *große* ROI angegeben.

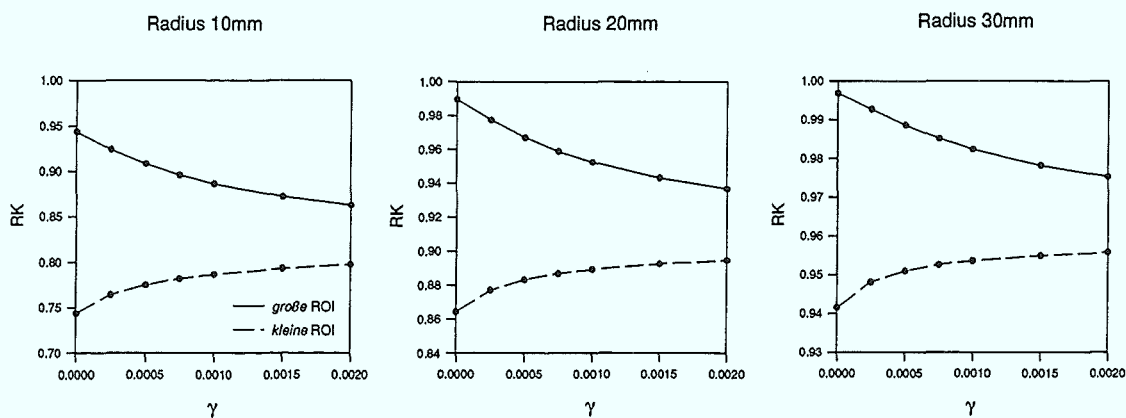


Abbildung 7.18: Simulationsphantom 2. Gauß-EM-Algorithmus. Verlauf des Recovery-Koeffizienten gegen γ bei unterschiedlichen Objektgrößen. Auswertung mit *kleiner* ROI.

Die Kurven in Abbildung 7.18 beziehen sich auf dieselben Phantome, rekonstruiert mit dem Gauß-EM-Algorithmus. Dabei zeigt der Graph mit der durchgezogenen Linie den Recovery-Koeffizient innerhalb der *kleinen* ROI und der Graph mit der gestrichelten Linie den Recovery-Koeffizient innerhalb der *großen* ROI, die den gesamten Phantombereich umfaßt. Nachdem bereits bei Kreisen mit 100 mm Radius ein Absinken der Recovery-Koeffizienten zu verzeichnen ist, ist es nicht verwunderlich, daß man denselben Effekt auch bei Kreisen mit kleineren Radien feststellen kann. Im Gegensatz dazu ist bei der *großen* ROI ein Anstieg des Recovery-Koeffizienten zu verzeichnen.

Im vorhergehenden Abschnitt wird die Verminderung des Recovery-Koeffizienten beim Markoff-GEM-Algorithmus durch eine gleichmäßige Verteilung von fehlenden Ereignissen über die gesamte Region beschrieben. Man kann sich vorstellen, daß dieser Effekt von der Anzahl der durchgeführten Iterationen abhängt.

Deshalb wird im folgenden das Verhalten des Recovery-Koeffizienten für einen festen Wert von β über die Anzahl durchgeführter Iterationsschritte verfolgt. Dafür wird ein Phantom mit einem Radius von 15 mm gewählt. In Abbildung 7.19 sind links Recovery-Koeffizient und rechts Standardabweichung über die Iterationen aufgetragen. In der Tat erkennt man für die *kleine* ROI (durchgezogene Linie) zunächst ein Ansteigen des Recovery-Koeffizienten, der von Iteration 6 bis 8 sein Maximum erreicht, bevor er abfällt.

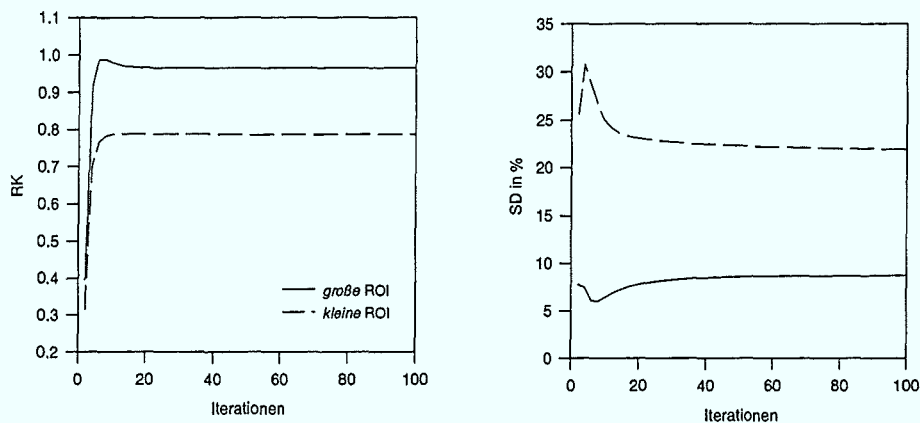


Abbildung 7.19: Simulationsphantom 2. Markoff-GEM-Algorithmus. Verlauf des Recovery-Koeffizienten über Iterationsschritte bei festem β (0,0002).

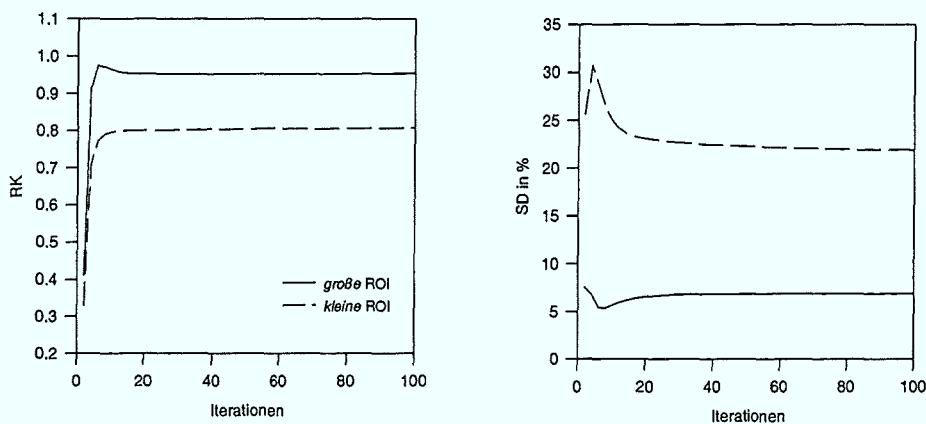


Abbildung 7.20: Simulationsphantom 2. Gauß-EM-Algorithmus. Verlauf des Recovery-Koeffizienten über Iterationsschritte bei festem γ (0,0002).

Der gestrichelte Graph zeigt wieder die größere ROI. Hier ist ein gleichmäßiger Anstieg und eine Art Sättigung zu verzeichnen. Fast derselbe Verlauf ergibt sich für den Gauß-EM-Algorithmus, für den die zugehörigen Graphen in Abbildung 7.20 gezeigt sind.

Allerdings wird bei einem einfachen Kreisphantom, wie es Simulationsphantom 2 darstellt, mit einem iterativen Rekonstruktionsalgorithmus bereits nach wenigen Schritten die gesuchte Konzentration erreicht (bereits nach 6 Schritten Abb. 7.19 und 7.20). Bei komplexeren Objekten wird nach so wenigen Iterationsschritten noch nicht der gesuchte

Konzentrationswert angenommen. Trotzdem ist aber bei höheren Iterationzahlen bereits eine Verteilung der aufgrund des Partialvolumeneffektes fehlenden Ereignisse über den gesamten Regionenbereich zu verzeichnen. Um grundsätzlich den Partialvolumeneffekt zu vermindern, sollte die Punkt-Bild-Funktion, die die Verschmierung der Detektoren beschreibt, über die Wahrscheinlichkeitskoeffizienten p_{ij} bei der Hin- und Rückprojektion berücksichtigt werden. Eine weitere Möglichkeit wäre es, die *a priori* Information erst in den letzten zum Beispiel 10 Iterationsschritten zu verwenden und in den ersten Iterationen den ML-EM-Algorithmus durchzuführen.

7.3.4 Einfluß fehlender Regionen in der Vorinformation

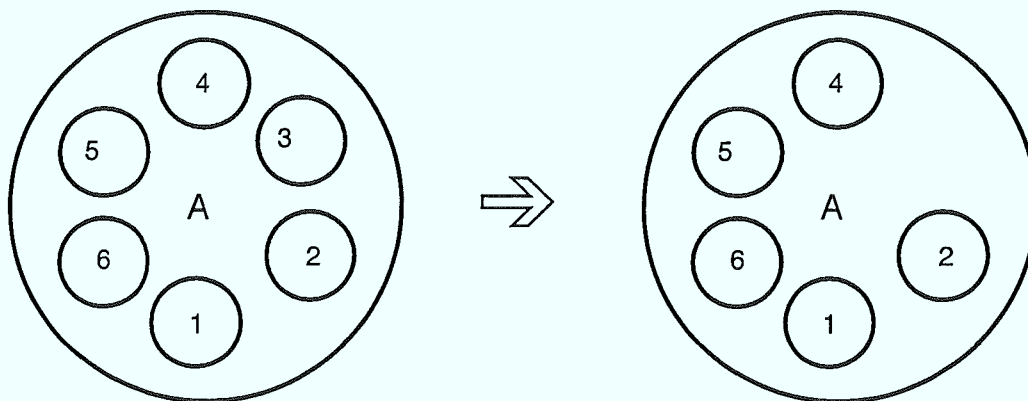


Abbildung 7.21: Links: vollständige Vorinformation über den strukturellen Aufbau von Simulationsphantom 3; rechts: unvollständige Vorinformation, die sich ohne Kenntnis von Region 3 ergibt. Region 3 wird mit der äußeren Region A identifiziert.

In diesem Abschnitt soll untersucht werden, welchen Einfluß die Anwendung unvollständiger Vorinformation auf die rekonstruierten Bilder hat. Es werden einzelne Regionen als unbekannt angenommen. In Abbildung 7.21 ist dies am Beispiel von Simulationsphantom 3 schematisch dargestellt. Auf der linken Seite ist das Phantom vollständig mit allen geometrischen Regionen, aus denen es sich zusammensetzt, dargestellt. Auf der rechten Seite wird davon ausgegangen, daß nur Kenntnis über den äußeren Kreis und 5 der 6 inneren Kreise vorhanden ist. Die Pixel, die vorher Region 3 zugeordnet worden sind, werden jetzt der umgebenden Region A zugeordnet. Die beiden Regionen fallen zusammen. Die Unter-

suchung dieser Problematik kann von Bedeutung sein, wenn Strukturen, die im PET-Bild unterschiedliche Aktivitätskonzentrationen aufweisen, in der zugehörigen MRT-Aufnahme nicht differenziert werden können.

Es wird Simulationsphantom 3 betrachtet und der Datensatz mit niedriger Konzentration in der äußeren Region A verwendet. In einzelnen Versuchen bleiben die Regionen 1 bis 6 bei der Erzeugung der Vorinformation unberücksichtigt. Die Pixel der unberücksichtigten Region fallen bezüglich der Vorinformation mit den Pixeln der Region A zu einer Region zusammen. Der Konzentrationsunterschied zwischen den beiden Regionen, der äußeren Region und der unberücksichtigten inneren Region, ist für jede der 6 Regionen verschieden. Für Region 1 beträgt das Verhältnis zur äußeren Region 10:1, welches den niedrigsten Konzentrationsunterschied darstellt. Der höchste Konzentrationsunterschied liefert ein Verhältnis zur äußeren Region von 60:1 (Region 6).

Zunächst werden die Ergebnisse des Markoff-GEM-Algorithmus vorgestellt. Für jede Vorinformation wird die Rekonstruktion mit unterschiedlichen β -Werten durchgeführt. Als Referenz dienen die Ergebnisse des Markoff-GEM-Algorithmus mit vollständiger Vorinformation.

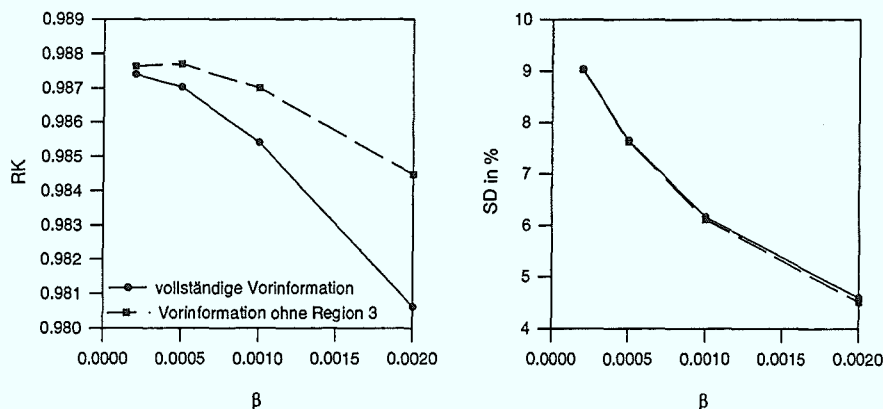


Abbildung 7.22: Simulationsphantom 3. Markoff-GEM-Algorithmus mit und ohne Kenntnis von Region 3. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung von Region 3. Auswertung mit *kleiner* ROI.

Beispielhaft werden der Recovery-Koeffizient und die Standardabweichung für Region 3 in Abbildung 7.22 dargestellt. Die Auswertung wurde mit einer *kleinen* ROI durchgeführt. Die durchgezogenen Linien beziehen sich auf die Rekonstruktion mit vollständiger Vorinformation, die gestrichelten Linien auf die Rekonstruktion mit fehlerhafter Vorinformation. Der Wert des Recovery-Koeffizienten bei Rekonstruktion ohne Kenntnis der Grenze zwischen Region 3 und Region A ist höher als bei Rekonstruktion mit Kenntnis der Grenze. Dieser Unterschied liegt im Bereich zwischen 0,2 und 0,5%. Die Standardabweichung ist fast identisch. Eine Erhöhung des Recovery-Koeffizienten findet sich in analoger Weise bei allen 6 Regionen.

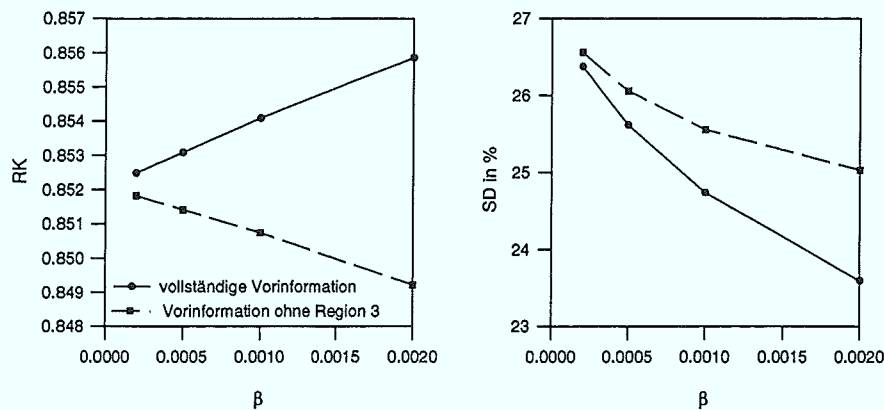


Abbildung 7.23: Simulationsphantom 3. Markoff-GEM-Algorithmus mit und ohne Kenntnis von Region 3. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung von Region 3. Auswertung mit *großer* ROI.

Die gleiche Auswertung ist mit einer *großen* ROI, die den gesamten Bereich von Region 3 umfaßt, durchgeführt worden. Das Ergebnis ist in Abbildung 7.23 dargestellt. Hier ist der Recovery-Koeffizient bei Rekonstruktion mit Kenntnis höher als bei Rekonstruktion ohne Kenntnis von Region 3. Die Kurven laufen auseinander. Das heißt, der Recovery-Koeffizient wird für zunehmendes β bei korrekter Vorinformation größer und nimmt bei unvollständiger Vorinformation ab.

Bei Simulationsphantom 3 sind starke Konzentrationsdifferenzen zwischen den betrachteten Regionen 1 bis 6 und der äußeren Region A vorhanden. Für diesen Fall erweist sich das Fehlen einzelner Regionen für den ML-EM-Algorithmus als unkritisch. Im rekonstruierten

Bild zeichnet sich die Verwendung vollständiger Vorinformation gegenüber der Verwendung unvollständiger Vorinformation durch schärfere Grenzen aus.

Im folgenden wurde nun dasselbe Experiment mit dem Gauß-EM-Algorithmus durchgeführt. Wieder wird als Beispiel Region 3 ausgewählt. Das Verhältnis der simulierten Konzentrationen zwischen äußerer Region A und innerer Region 3 beträgt 1:30. Bei der Generierung der Vorinformation für den Gauß-EM Algorithmus wird Region 1 und Region A gemeinsam ein erwarteter mittlerer Konzentrationswert zugeordnet, der sich aus den insgesamt in diesem Bereich stattfindenden Ereignissen ergibt. Für die zusammengefaßte Region läßt sich aus den Verhältnissen der Konzentrationen und den Verhältnissen der Flächen die erwartete Konzentration errechnen. Für den hier betrachteten Fall liegt dieser Wert im Verhältnis zu den tatsächlichen Konzentrationen bei 2,45 : (1 : 30).

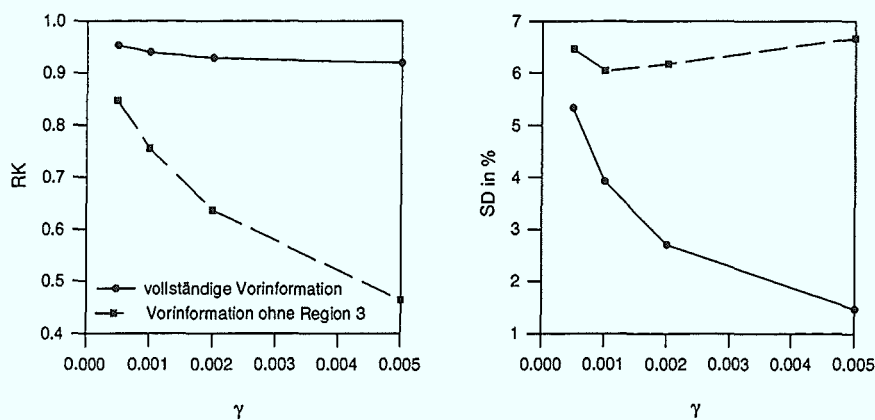


Abbildung 7.24: Simulationsphantom 3. Gauß-EM-Algorithmus mit und ohne Kenntnis von Region 3. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung von Region 3. Auswertung mit *kleiner* ROI.

In Abbildung 7.24 sind nun Recovery-Koeffizient und Standardabweichung für Region 3 aufgetragen. Der Recovery-Koeffizient strebt für zunehmendes γ stark nach unten. Selbst bei sehr kleinem γ (0,0005) ist er mit 0,85 gegenüber dem Recovery-Koeffizient bei korrekter Vorinformation von 0,97 unakzeptabel stark vermindert.

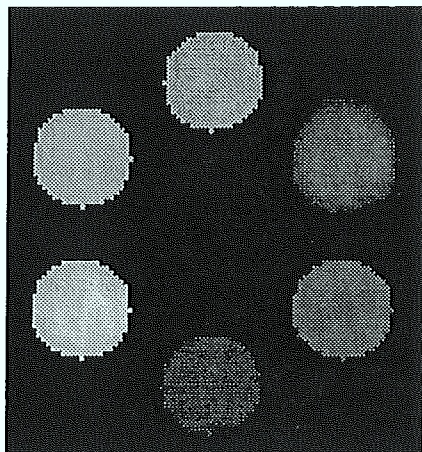


Abbildung 7.25: Simulationsphantom 3. Gauß-EM-Algorithmus ohne Kenntnis von Region 3. Rekonstruiertes Bild.

Abbildung 7.25 soll verdeutlichen, wie das rekonstruierte Bild des Gauß-EM-Algorithmus durch die falsche Vorinformation, die sich aus der Unkenntnis von Region 3 ergibt, verändert ist. Zum einen ist die Konzentration stark erniedrigt. Sie ist in etwa gleich der Konzentration in Region 2, obwohl die simulierte Konzentration in Region 3 um die Hälfte höher liegt. Zum anderen ist der Rand von Region 3 stark verschwommen.

Für den Gauß-EM-Algorithmus ist die Unkenntnis einzelner Regionen sehr kritisch. Werden dadurch zwei Regionen zusammengefaßt, die sehr unterschiedliche Konzentrationen aufweisen, so ist die Konzentration im rekonstruierten Bild stark verfälscht.

Im folgenden wird der Einfluß unvollständiger Vorinformation bei niedrigen Konzentrationsdifferenzen untersucht. Simulationsphantom 5 (Abb. 7.5) besteht aus einem äußeren Kreis mit einem eingebetteten inneren Kreis und weist ein Konzentrationsverhältnis zwischen diesen Regionen von 5 : 6 auf. Für dieses Phantom wird die Region des inneren Kreises als unbekannt angenommen. Damit ergibt sich die Vorinformation allein aus dem großen Kreis. Zum Vergleich werden Rekonstruktionen mit dem ML-EM-Algorithmus und mit vollständiger Vorinformation durchgeführt. Es soll geprüft werden, bei welchen Rekonstruktionsmethoden der innerer Kreis differenzierbar ist. Neben der geringen Konzentrationsdifferenz zwischen äußerer und innerer Region kommt erschwerend die geringe Objektgröße der inneren Region hinzu, deren Radius für die verschiedenen Datensätze zwischen 4 und 15 mm beträgt.

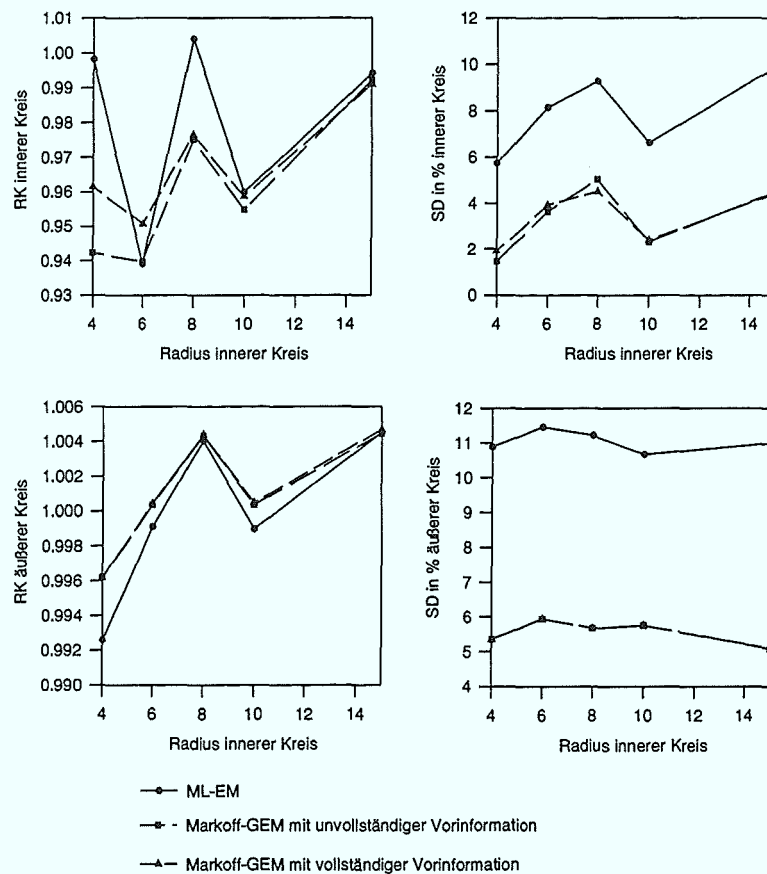


Abbildung 7.26: Simulationsphantom 5. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung. ML-EM-Algorithmus, Markoff-GEM-Algorithmus mit unvollständiger und vollständiger Vorinformation. Auswertung mit *kleiner* ROI.

Zunächst wird der Markoff-GEM-Algorithmus getestet. Die Werte für Recovery-Koeffizient und Standardabweichung sind in Abbildung 7.26 gegen den Radius des inneren Kreises aufgetragen. Man kann an diesen Kurven keinen Zusammenhang zur Objektgröße ablesen. Die großen Schwankungen der Recovery-Koeffizienten für eine feste Rekonstruktionsmethode haben ihren Grund in der Größe der ROIs, die zum Teil nur aus wenigen Pixeln bestehen und deshalb große statistische Schwankungen erwarten lassen. Beim Recovery-Koeffizienten des inneren Kreises liegt die Kurve, die sich auf die Anwendung unvollständiger Vorinformation bezieht, am niedrigsten. Die Differenz zu den anderen Kurven ist bei Radius 4 mm am größten. Ansonsten liegt für jede Objektgröße ein anderes Verfahren in etwa auf dem gleichen Niveau. Beim Recovery-Koeffizient des äußeren

Kreises liegen die Kurven mit und ohne vollständiger Vorinformation fast deckungsgleich. Dasselbe gilt für die Standardabweichung sowohl des inneren als auch des äußeren Kreises.

In Abbildung 7.27 sind nun die zugehörigen rekonstruierten Bilder des simulierten Datensatzes mit einem inneren Kreisradius von 8 mm abgebildet. Für den ML-EM-Algorithmus läßt sich in der Mitte des Phantoms eine Erhöhung der Konzentration wahrnehmen. Jedoch ist eine Identifizierung des inneren Kreisobjektes aufgrund der großen statistischen Streuung nicht möglich. Im mittleren Bild, welches das Ergebnis des Markoff-GEM-Algorithmus mit unvollständiger Vorinformation darstellt, ist in der Mitte der innere Kreis als hellere Region zu erkennen. Eine scharfe Abgrenzung von der äußeren Region ist jedoch nur bei Verwendung der korrekten Vorinformation, wie auf der rechten Seite dargestellt, möglich.

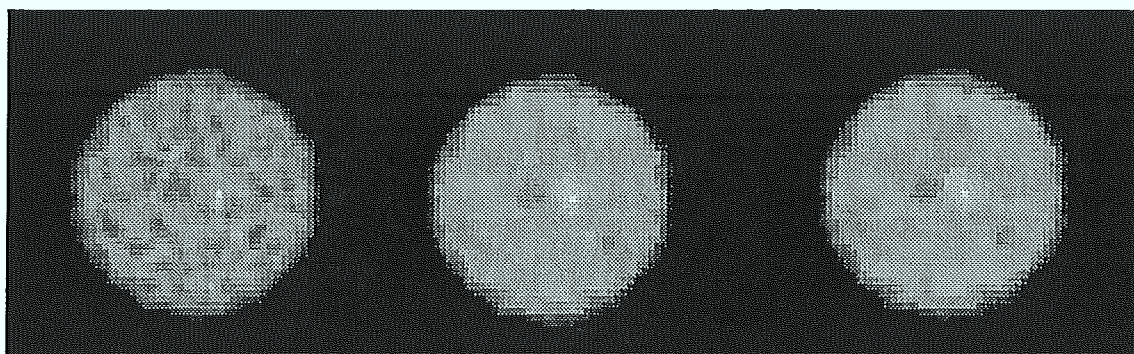


Abbildung 7.27: Simulationsphantom 5. Rekonstruierte Bilder. ML-EM-Algorithmus (links), Markoff-GEM-Algorithmus mit unvollständiger (Mitte) und vollständiger Vorinformation (rechts).

Zur Verdeutlichung zeigt Abbildung 7.28 Profillinien aus den drei rekonstruierten Bildern. Diese wurden jeweils horizontal durch die Mitte der Bilder gelegt. Das linke Profildia-gramm zeigt den gesamten Bereich des Phantoms über den Durchmesser von 80 mm des äußeren Kreises, was in dieser Darstellung einem Bereich von 40 Pixeln entspricht. Das rechte Profil zeigt die Vergrößerung eines Ausschnittes hiervon. Dieser Teil beinhaltet den besonders interessierenden Bereich der Übergänge von der äußeren zur inneren Region und umgekehrt.

Es zeigt sich für den ML-EM-Algorithmus, daß die innere Region bedingt durch den

geringen Konzentrationsunterschied und die geringe Größe im Rauschen untergeht. Das Profil für den Markoff-GEM-Algorithmus mit unvollständiger Vorinformation zeigt einen viel glatteren Verlauf. Infolge dessen läßt sich auch der kleine Bereich höherer Konzentration innerhalb der inneren Region identifizieren. Für den Markoff-GEM-Algorithmus mit vollständiger Vorinformation finden sich an den Übergängen vom äußeren zum inneren Kreis steile Kanten. Diese sind im vergrößerten Ausschnitt des Profils durch Pfeile markiert.

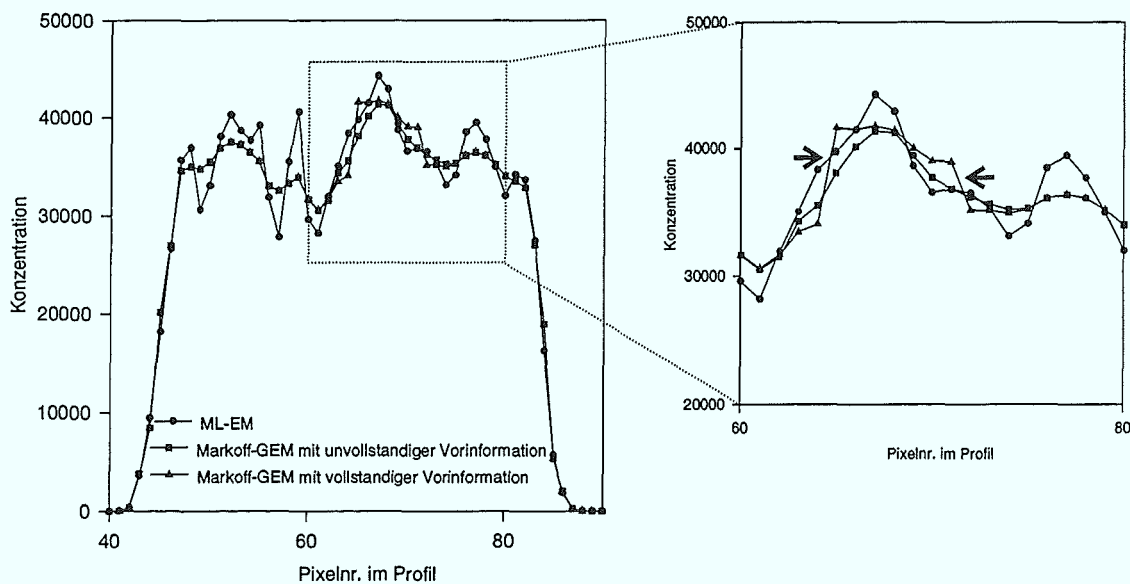


Abbildung 7.28: Simulationphantom 5. Profile durch die rekonstruierten Bilder aus Abb. 7.27.

Im folgenden wurde Simulationphantom 5 mit dem Gauß-EM-Algorithmus rekonstruiert. In Abbildung 7.29 finden sich Recovery-Koeffizient und Standardabweichung für den ML-EM-Algorithmus und den Gauß-EM-Algorithmus mit unvollständiger und vollständiger Vorinformation. Da die Konzentrationen für die innere und die äußere Region recht nah beieinander liegen, weicht der erwartete Konzentrationswert in der unvollständigen Vorinformation entsprechend weniger von den simulierten Konzentrationen ab. Trotzdem liegt der Recovery-Koeffizient für die innere Region wesentlich unter dem entsprechenden Recovery-Koeffizient bei korrekter Vorinformation.

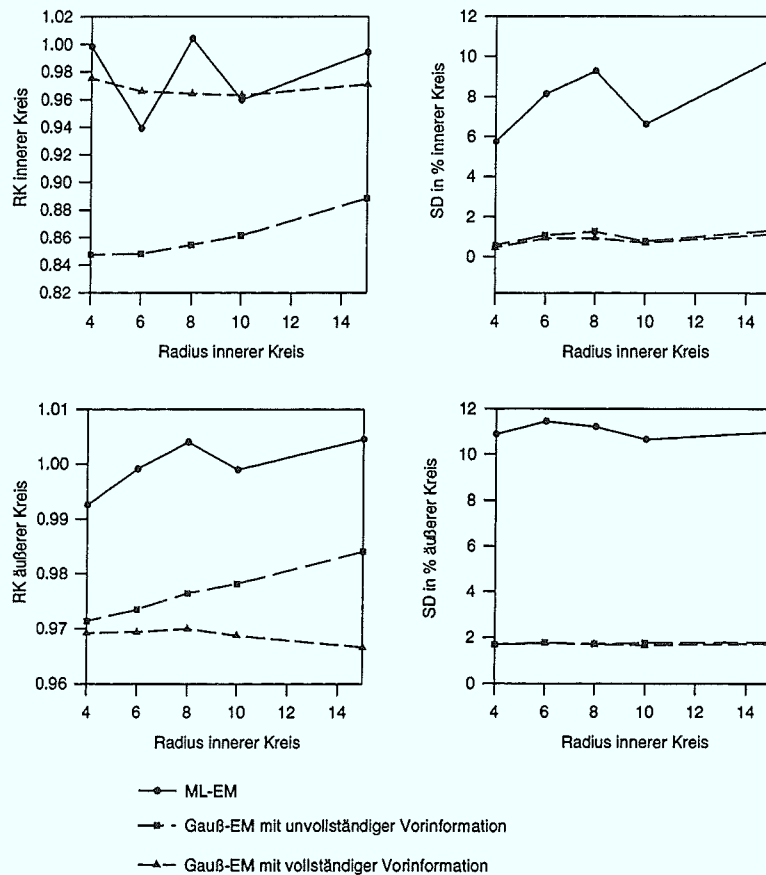


Abbildung 7.29: Simulationsphantom 5. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung. ML-EM-Algorithmus, Gauß-EM-Algorithmus mit unvollständiger und vollständiger Vorinformation. Auswertung mit *kleiner* ROI.

In Abbildung 7.30 sind die rekonstruierten Bilder des Datensatzes mit 8 mm Radius des inneren Kreises gezeigt. Das linke Bild zeigt das bereits in Abbildung 7.27 abgebildete Ergebnis des ML-EM-Algorithmus. In der Mitte sieht man das rekonstruierte Bild, das mit unvollständiger Vorinformation erzeugt worden ist. Hier erkennt man, daß im Bereich des inneren Kreises eine höhere Konzentration im Vergleich zum äußeren Bereich vorherrscht, ohne daß jedoch der Kreis als solches zu erkennen wäre. Im rechten Bild, welches mit vollständiger Vorinformation rekonstruiert wurde, sind beide Regionen klar zu unterscheiden.

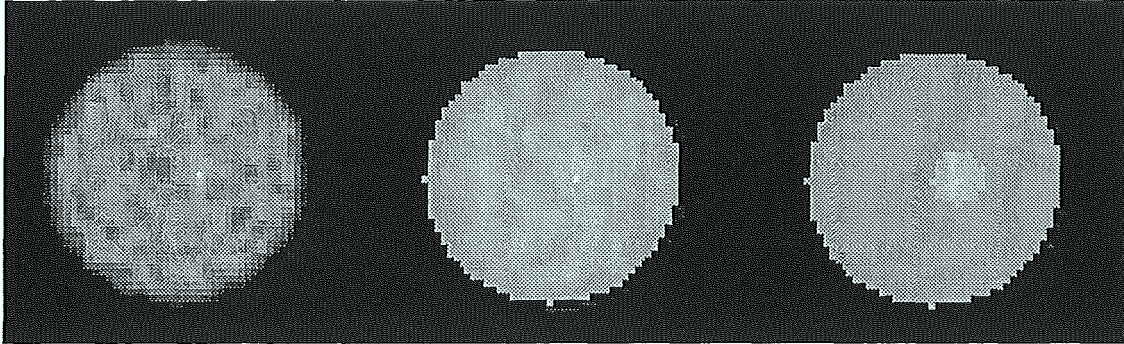


Abbildung 7.30: Simulationsphantom 5. Rekonstruierte Bilder. ML-EM-Algorithmus (links), Gauß-EM-Algorithmus mit unvollständiger (Mitte) und vollständiger Vorinformation (rechts).

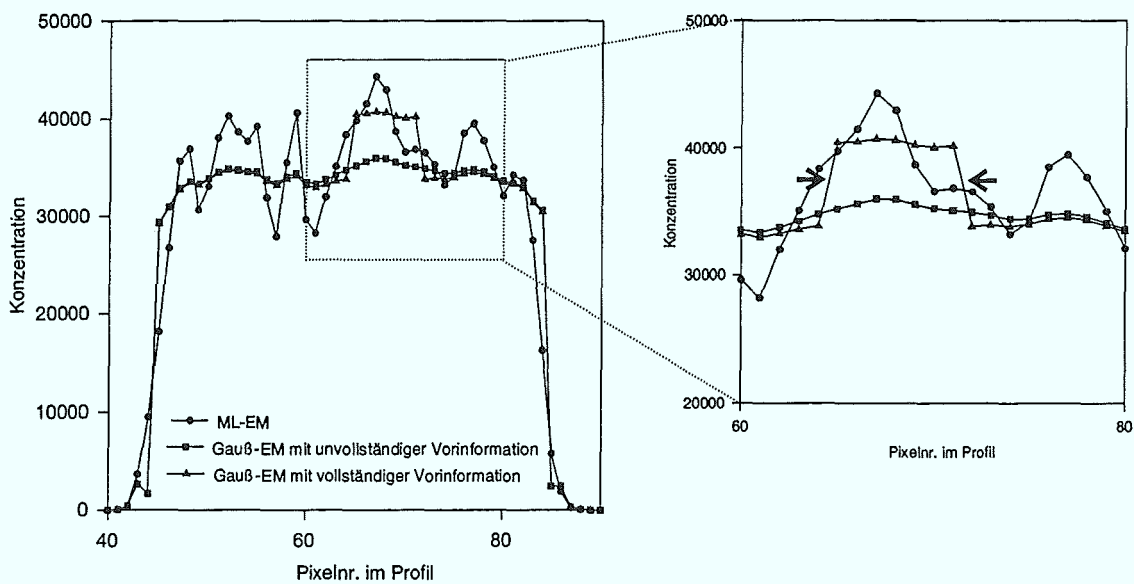


Abbildung 7.31: Simulationsphantom 5. Profile durch die rekonstruierten Bilder aus Abb. 7.30.

Die Profillinien in Abbildung 7.31 bestätigen die oben gemachten Aussagen. Im Profil des mit unvollständiger Vorinformation rekonstruierten Bildes zeigt sich der innere

Kreis nur durch ein minimales Anheben der Konzentrationswerte bei einem fast gleichbleibenden Konzentrationsverlauf über das gesamte Profil. Im Profil des Bildes, welches mit vollständiger Vorinformation rekonstruiert wurde, lassen sich die Übergänge zwischen den unterschiedlichen Regionen anhand der steilen Kanten gut nachvollziehen. Sie sind im vergrößerten Ausschnitt wieder durch Pfeile markiert und noch klarer sichtbar als beim Markoff-GEM-Algorithmus.

Simulationsphantom 6 (Abb. 7.6) ist aus 3 Kreisen zusammengesetzt. Der innere Kreis liegt etwas nach rechts verschoben im mittleren Kreis. Abhängig vom Radius des mittleren Kreises, wird der Übergang des mittleren Kreises vom inneren zum äußeren Kreis an der schmalsten Stelle bis zu 3 mm eng. Die Rekonstruktionen werden mit dem ML-EM-Algorithmus und unter Einbeziehung der unvollständigen und der vollständigen Vorinformation mit dem entsprechenden Rekonstruktionsalgorithmus durchgeführt. Für die unvollständige Vorinformation wird die innere Region als unbekannt angenommen. Damit fallen die Pixel des inneren Kreises mit den Pixeln des mittleren Kreises zu einer Region zusammen. Es soll untersucht werden, inwieweit der enge Bereich des mittleren Kreises auch mit dieser unvollständigen Vorinformation identifiziert werden kann. Dabei sind ebenso wie bei Simulationsphantom 5 geringe Konzentrationsunterschiede zwischen den einzelnen Regionen gewählt worden.

Als erstes werden die Rekonstruktionen mit dem Markoff-GEM-Algorithmus durchgeführt. In Abbildung 7.32 sind Recovery-Koeffizient und Standardabweichung für den inneren Kreis und den mittleren Kreis aufgezeichnet. Die ROI ist für den mittleren Kreis innerhalb des Bereiches der engsten Stelle gelegt worden und ist nur wenige Pixel groß. Innerhalb des inneren Kreises, der einen festen Radius von 15 mm aufweist, unterscheiden sich die Werte des Recovery-Koeffizienten und der Standardabweichung für den Markoff-GEM-Algorithmus mit vollständiger und unvollständiger Vorinformation minimal. Für den mittleren Kreis ist der Recovery-Koeffizient bei unvollständiger Vorinformation gegenüber dem Recovery-Koeffizienten bei vollständiger Vorinformation um 1 bis 2 Prozent niedriger. Auch der Recovery-Koeffizient des ML-EM-Algorithmus liegt leicht besser.

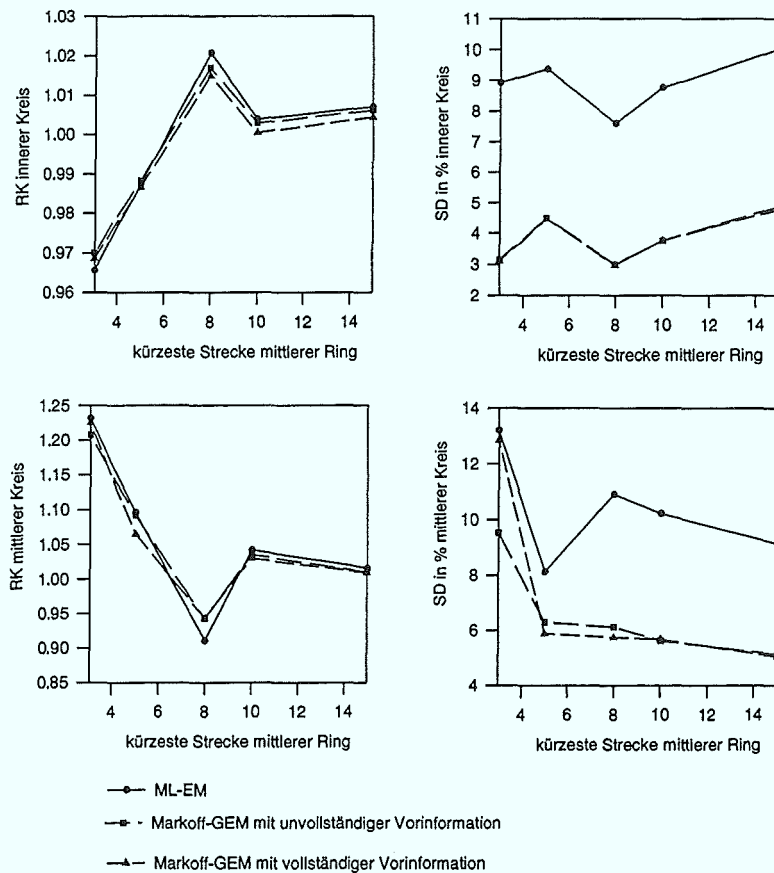


Abbildung 7.32: Simulationsphantom 6. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung. ML-EM-Algorithmus, Markoff-GEM-Algorithmus mit unvollständiger und vollständiger Vorinformation. Auswertung mit *kleiner* ROI.

In den rekonstruierten Bildern (Abb. 7.33) zeigt sich links beim ML-EM-Algorithmus, daß sich mittlerer und innerer Kreis an der engsten Stelle kaum differenzieren lassen. Der Konzentrationsunterschied geht fast völlig im Rauschen unter. Beim rekonstruierten Bild, das mit unvollständiger Vorinformation mit dem Markoff-GEM-Algorithmus erzeugt wurde, läßt sich dieser Bereich, der durch weiche Übergänge gekennzeichnet ist, erfassen. Bei der Verwendung vollständiger Vorinformation sind alle Grenzen scharf und die einzelnen Regionen sind klar zu differenzieren.

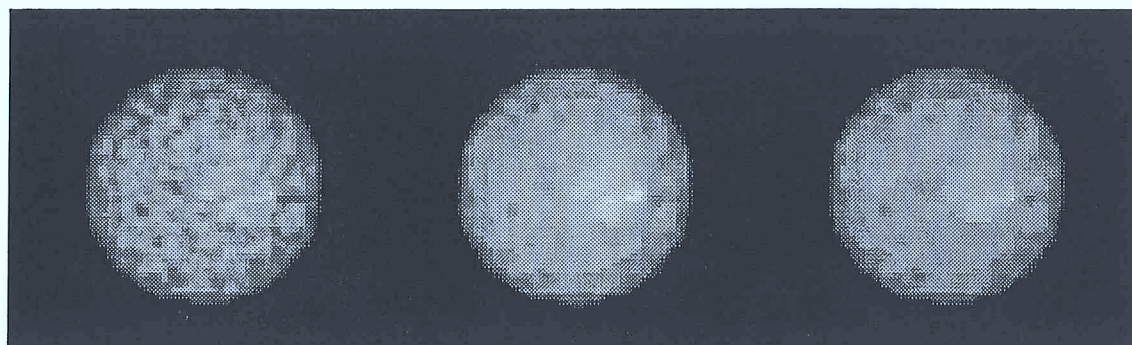


Abbildung 7.33: Simulationsphantom 6. Rekonstruierte Bilder. ML-EM-Algorithmus (links), Markoff-GEM-Algorithmus mit unvollständiger (Mitte) und vollständiger Vorinformation (rechts).

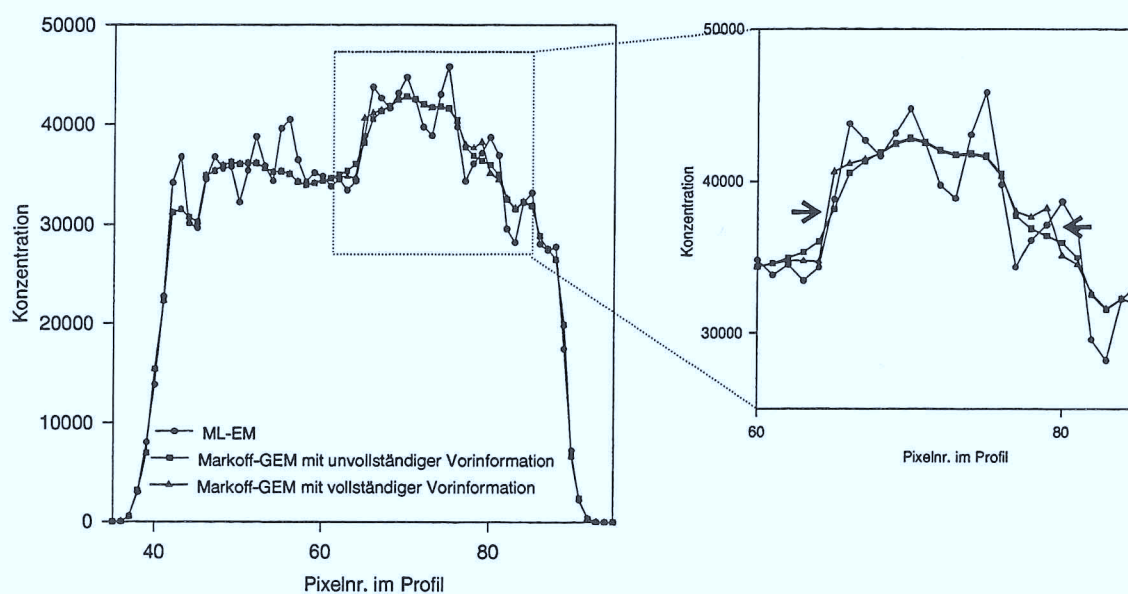


Abbildung 7.34: Simulationsphantom 6. Profile durch die rekonstruierten Bilder aus Abb. 7.33.

Die Profillinien bestätigen diese Aussage in ähnlicher Weise wie bei Phantom 5 (Abb. 7.34). Die Linien sind horizontal durch die Mitte der rekonstruierten Bilder gelegt. Für den ML-EM-Algorithmus geht der Übergang zwischen mittlerem und innerem Kreis auf der rechten Seite fast vollständig im Rauschen verloren. Bei dem Profil des Bildes mit unvollständiger Vorinformation läßt sich dieser Übergang durch einen weichen Konzentrationsabfall erkennen. Für die rekonstruierten Bilder unter Verwendung der vollständigen Vorinformation finden sich im Profil an den Übergangsstellen steile Kanten.

Bei niedrigen Konzentrationsunterschieden ergibt sich eine leichte Verschlechterung des Recovery-Koeffizienten, wenn beim Markoff-GEM-Algorithmus nicht die vollständige Vorinformation verwendet wird. Der Recovery-Koeffizient ist auch gegenüber dem ML-EM-Algorithmus für die vorgestellten Phantome 5 und 6 in geringem Maße erniedrigt. Diesem Nachteil steht allerdings die bessere Differenzierbarkeit der unterschiedlichen Regionen in den rekonstruierten Bildern gegenüber, die ihren Grund in dem homogeneren Erscheinungsbild hat.

Im folgenden Abschnitt findet sich die entsprechende Auswertung des Gauß-EM-Algorithmus mit Simulationsphantom 6. Abbildung 7.35 zeigt für die Rekonstruktion mit unvollständiger Vorinformation eine Verringerung des Recovery-Koeffizienten um ca. 10% für den inneren Kreis. Für den mittleren Kreis beträgt die Verschlechterung 5%.

In dem zugehörigen rekonstruierten Bild (Abb. 7.36 Mitte) ist der Bereich des inneren Kreises identifizierbar durch eine hellere Region, die eine höhere Konzentration andeutet.

In den Profilen (Abb. 7.37) sieht man nur eine minimale Erhöhung der Konzentration innerhalb des Bereiches des inneren Kreises. Sie liegt wesentlich unter den Werten des ML-EM-Algorithmus und des Gauß-EM-Algorithmus mit vollständiger Vorinformation.

Auch für die Phantome mit geringer Konzentrationsdifferenz finden sich beim Gauß-EM-Algorithmus durch die Verwendung von unvollständiger Vorinformation Verfälschungen der Konzentrationen in den rekonstruierten Bildern, wie die Profile deutlich zeigen. Die Verschlechterung der Recovery-Koeffizienten ist nicht akzeptabel. Aufgrund des geringen Rauschens lassen sich die unberücksichtigten Regionen dennoch in den rekonstruierten Bildern differenzieren.

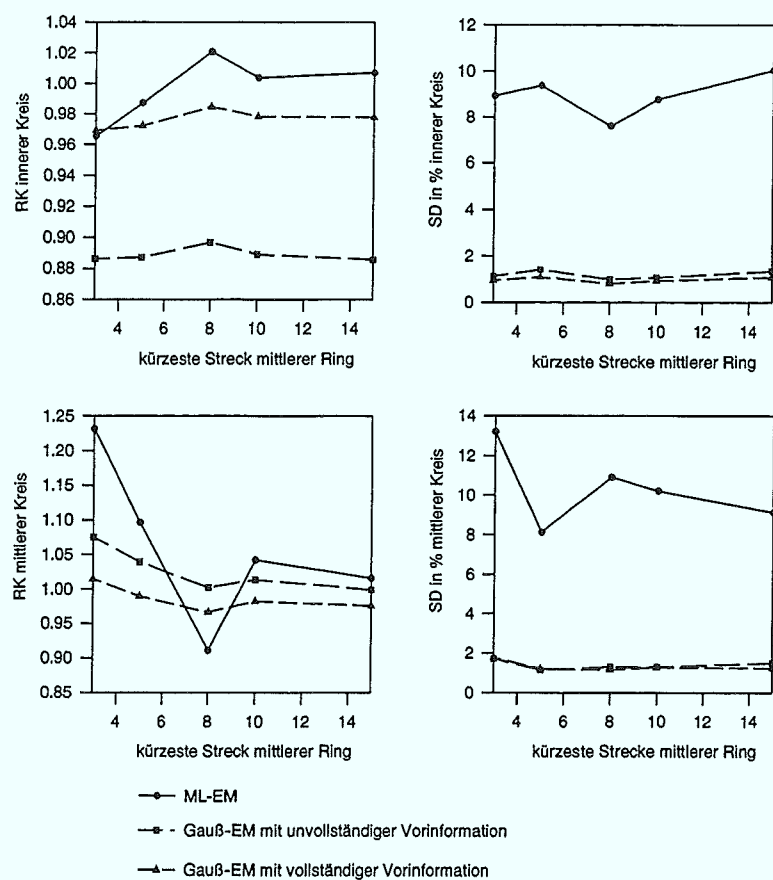


Abbildung 7.35: Simulationsphantom 6. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung. ML-EM-Algorithmus, Gauß-EM-Algorithmus mit unvollständiger und vollständiger Vorinformation. Auswertung mit *kleiner* ROI.

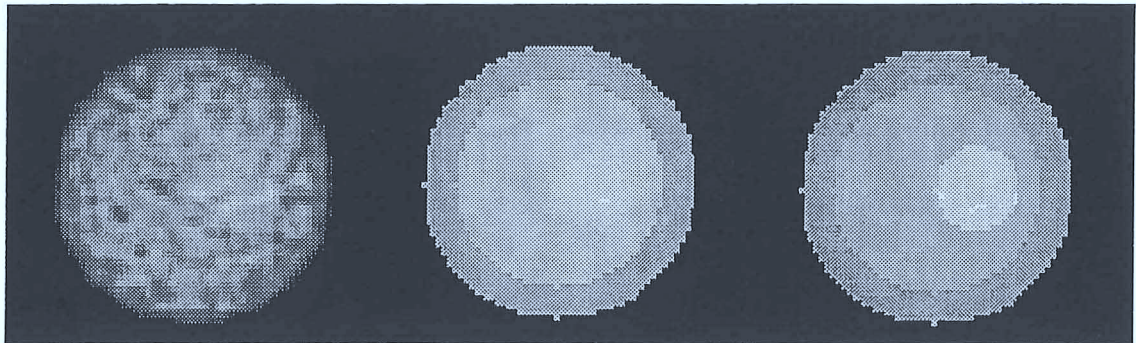


Abbildung 7.36: Simulationsphantom 6. Rekonstruierte Bilder. ML-EM-Algorithmus (links), Gauß-EM-Algorithmus mit unvollständiger (Mitte) und vollständiger Vorinformation (rechts).

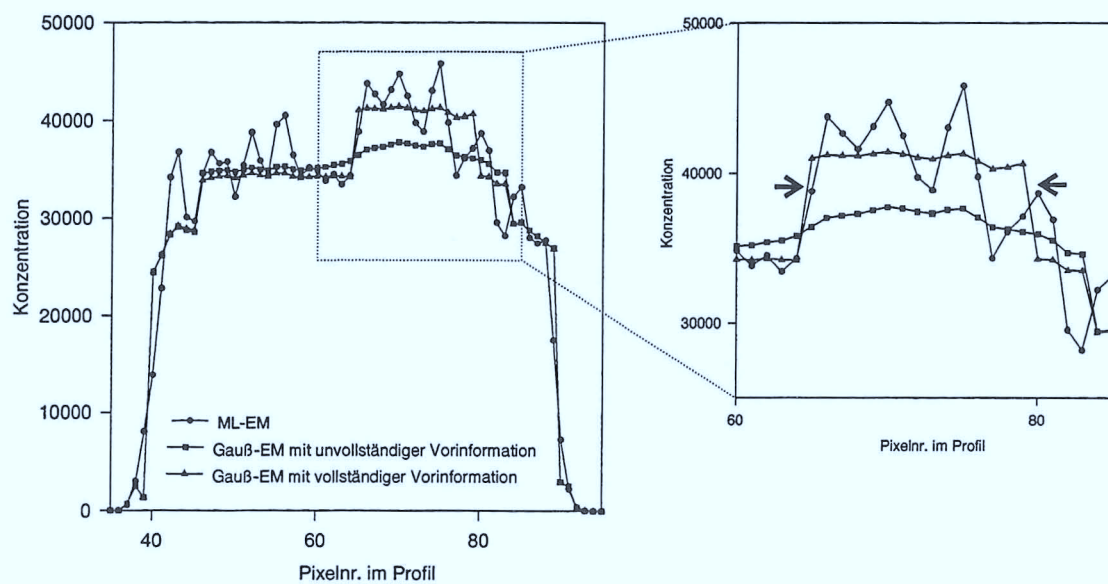


Abbildung 7.37: Simulationsphantom 6. Profile durch die rekonstruierten Bilder aus Abb. 7.36.

7.3.5 Einfluß kleiner Verschiebungen der Vorinformation

Bei der Verwendung der MRT-Information bei der Rekonstruktion von PET-Bildern müssen sich der MRT-Datensatz und der PET-Datensatz in der gleichen räumlichen Lage befinden. Trotz der Anwendung von Anpassungsalgorithmen (Abschnitt 5.1) bleiben Verschiebungen von 1 bis 2 mm bestehen. Um diese Fehler nachzubilden, wird bei den simulierten Phantomen die Vorinformation, die aus Struktur und Lage der einzelnen Elemente des Phantoms besteht, um einige Millimeter verschoben. Der daraus entstehende Effekt im rekonstruierten Bild wird systematisch untersucht.

Es wird zunächst Simulationsphantom 4, das Shepp-Logan-Phantom, betrachtet. Seine geometrische Struktur wird hinsichtlich der Vorinformation in 1 mm-Schritten von 1 bis zu 5 mm verschoben (Abb. 7.38).

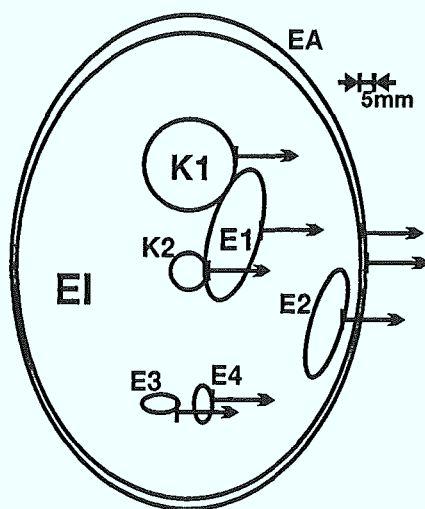


Abbildung 7.38: Simulationsphantom 4 wird um 1 bis 5 mm verschoben.

Im folgenden sind die Ergebnisse der Rekonstruktion mit dem Markoff-GEM-Algorithmus unter Verwendung der verschobenen Vorinformation zusammengetragen. Die Berechnungen der Recovery-Koeffizienten wurden für verschiedenen Werte von β (0,001, 0,002 und 0,004) durchgeführt und lieferten für diese β -Werte einen ähnlichen Verlauf. Bei fast allen Elementen von Simulationsphantom 4 verbessert sich der Recovery-Koeffizient schrittweise bis zu einer Verschiebung von 4 mm und verschlechtert sich erst bei einer Ver-

schiebung von 5 mm.

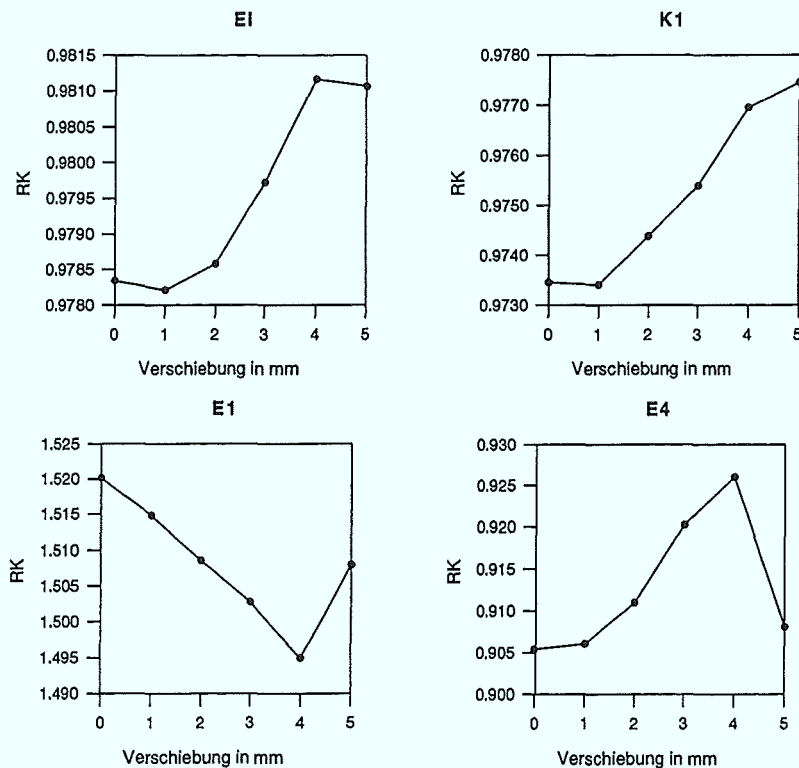


Abbildung 7.39: Simulationsphantom 4. Markoff-GEM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient gegen Verschiebung der Vorinformation. Auswertung mit *kleiner* ROI.

In Abbildung 7.39 ist der Verlauf des Recovery-Koeffizienten für die Elemente EI, K1, E1 und E4 bei einem β von 0,004 gezeigt. Element EI ist die innere große Ellipse, in der die kleineren Elemente eingebettet sind. Der Recovery-Koeffizient von 0,978 bei korrekter Vorinformation fällt hier bei um 1 mm verschobener Vorinformation minimal ab und steigt bis zu einer Verschiebung von 4 mm steil auf 0,981 an, um dann wieder leicht abzufallen. Für Element K1 - der große Kreis mit der höchsten Konzentration - steigt der Recovery-Koeffizient über den gesamten Kurvenverlauf an. Für Element E1 - die Ellipse mit niedrigerer Konzentration als ihre Umgebung - fällt der Recovery-Koeffizient von 1,520 bei korrekter Vorinformation bis auf 1,495 bei einer Verschiebung von 4 mm ab und steigt dann wieder an. Für E4 - eine der kleinen Ellipsen mit geringer Konzentrationsdifferenz

zur Umgebung - findet man einen kontinuierlichen Anstieg bis 4 mm. Diese Ergebnisse stellen eine Analogie zu den Ergebnissen bei fehlender Vorinformation dar, bei denen sich ebenfalls in unerwarteter Weise der Recovery-Koeffizient verbessert.

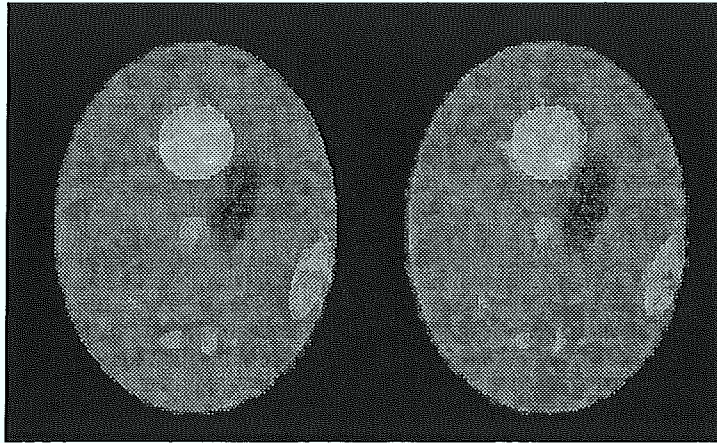


Abbildung 7.40: Simulationsphantom 4. Markoff-GEM-Algorithmus. Rekonstruierte Bilder mit korrekter Vorinformation (links) und mit um 4 mm verschobener Vorinformation (rechts).

In Abbildung 7.40 sind die rekonstruierten Bilder bei korrekter Vorinformation und bei um 4 mm nach rechts verschobener Vorinformation gegenübergestellt. Die folgenden Veränderungen sind an Element K1 und Element E1 besonders gut zu erfassen: Die scharfen Grenzen zwischen den einzelnen Elementen bleiben größtenteils erhalten. Durch die Verschiebung der Vorinformation nach rechts wird die linke Kante eines Elementes jeweils in den originalen Bereich dieses Elementes hineingeschoben. Im umgebenden Bereich, den Ellipse E1 darstellt, findet man links von der nach innen verschobenen Kante eine Konzentrationsveränderung in Richtung der Konzentration des entsprechenden Elementes. Für den Kreis mit hoher Konzentration K1 sind die Grauwerte erhöht und für die Ellipse E1 mit niedriger Konzentration sind sie erniedrigt. Die rechte Kante befindet sich umgekehrt außerhalb des originalen Bereiches dieses Elementes. Links der nach außen verschobenen Kante findet sich hier ein Bereich innerhalb des Elementes, in dem die Grauwerte in Richtung des Hintergrundes erniedrigt beziehungsweise erhöht sind. Bei der Betrachtung des rechten Bildes lassen sich so auch ohne Vergleich mit dem korrekten Bild einige Hinweise auf die Verwendung verschobener Grenzen finden.

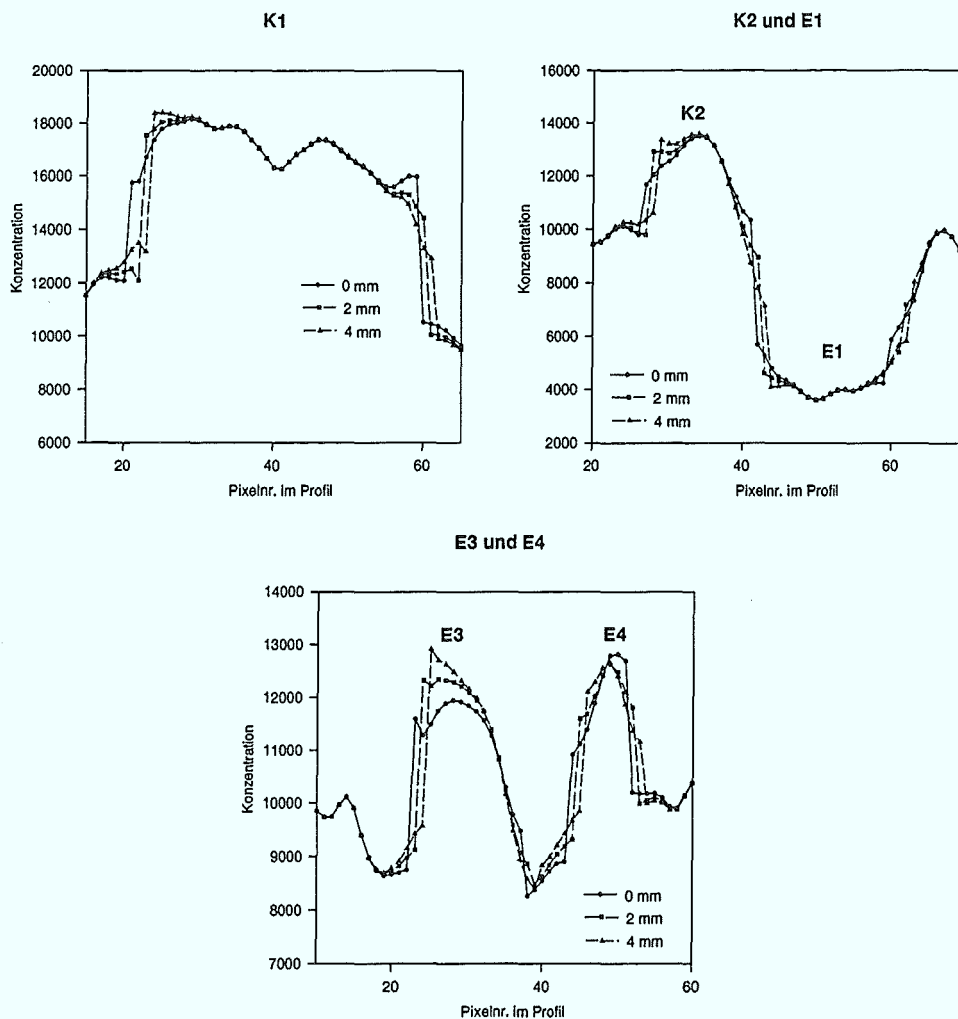


Abbildung 7.41: Simulationsphantom 4. Markoff-GEM-Algorithmus. Profile der rekonstruierten Bilder mit korrekter Vorinformation (0 mm), und mit um 2 mm und 4 mm verschobener Vorinformation.

In Abbildung 7.41 sind Profile durch die rekonstruierten Bilder gelegt worden. Es finden sich dort Profile aus 3 verschiedenen Bildausschnitten: aus dem Bereich von K1, von K2 und E1 und aus dem Bereich von E3 und E4. Die Profile sind horizontal durch das Bild gelegt. Es sind Profile bei korrekter Vorinformation und bei Vorinformation, die um 2 und um 4 mm verschoben wurde, aufgetragen. Die Kanten an den Grenzen der Elemente sind durch die Verschiebung nach rechts versetzt. Die Effekte, die für die rekonstruierten Bilder beschrieben worden sind, lassen sich hier wiederfinden. Man sieht bei den Elementen K1,

K2 und E3, daß sich sowohl vor der linken Kante als auch hinter der linken Kante eine Erhöhung der Konzentration gegenüber dem mit korrekter Vorinformation rekonstruierten Profil findet. Entsprechend sind die Bereiche an der rechten Kante erniedrigt.

Durch kleine Verschiebungen bis zu 5 mm in der Vorinformation werden also beim Markoff-GEM-Algorithmus geringe Artefakte erzeugt. Der Recovery-Koeffizient verschlechtert sich nicht. In den Bildern sind die Grenzen verschoben, und es finden sich leichte Verzerrungen an den Kanten. Bei einfachen Phantomen läßt sich anhand dieser Artefakte im rekonstruierten Bild auf die Anwendung verschobener Vorinformation schließen.

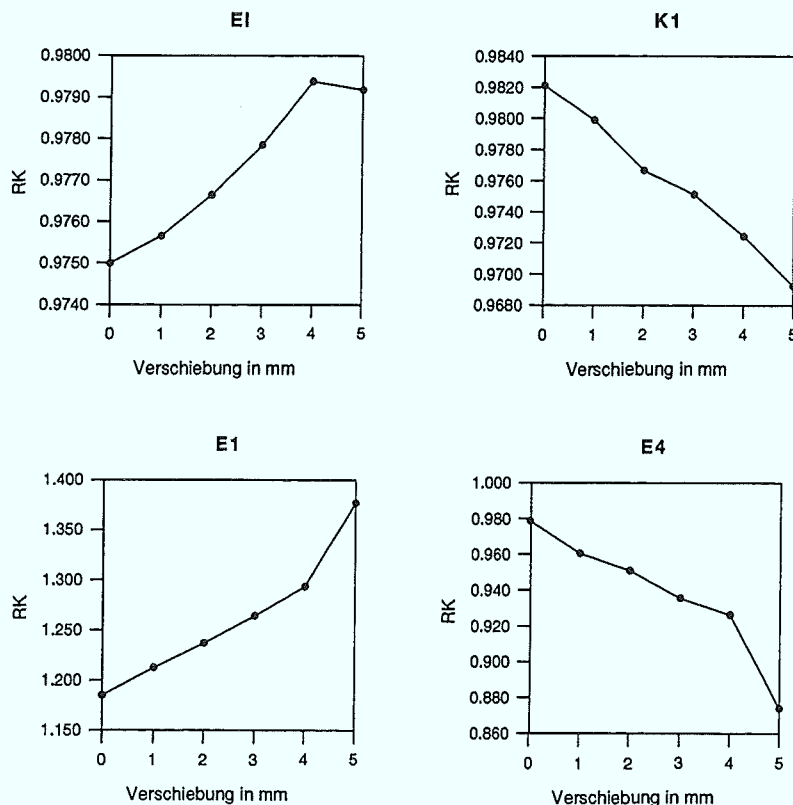


Abbildung 7.42: Simulationsphantom 4. Gauß-EM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient gegen Verschiebung der Vorinformation. Auswertung mit *kleiner* ROI.

Als nächstes werden die entsprechenden Ergebnisse des Gauß-EM-Algorithmus beschrieben. Durch Verschiebungen der Grenzen werden für die Mittelwerte der Gaußverteilung

der Vorinformation ebenso falsche Konzentrationswerte berechnet, wie dies beim Weglassen einzelner Regionen im letzten Abschnitt der Fall war. Entsprechend zeigt sich für fast alle Elemente eine Verschlechterung des Recovery-Koeffizienten.

In Abbildung 7.42 sind die Recovery-Koeffizienten für EI, K1, E1 und E4 über die Verschiebung aufgetragen. Es wurde $\gamma = 0,002$ gewählt. Mit zunehmender Verschiebung ist für alle Elemente außer für Ellipse EI eine Verschlechterung des Recovery-Koeffizienten zwischen 1 und 15% festzustellen. Die Verbesserung des Recovery-Koeffizienten bei EI ist auf eine Wechselwirkung der eingebetteten Regionen zurückzuführen. Da die meisten Elemente einen etwas höheren simulierten Konzentrationswert als EI aufweisen, ist der erwartete Mittelwert von EI, der sich aus der verschobenen Vorinformation ergibt, etwas erhöht. Dies führt zu höheren Werten im rekonstruierten Bild.

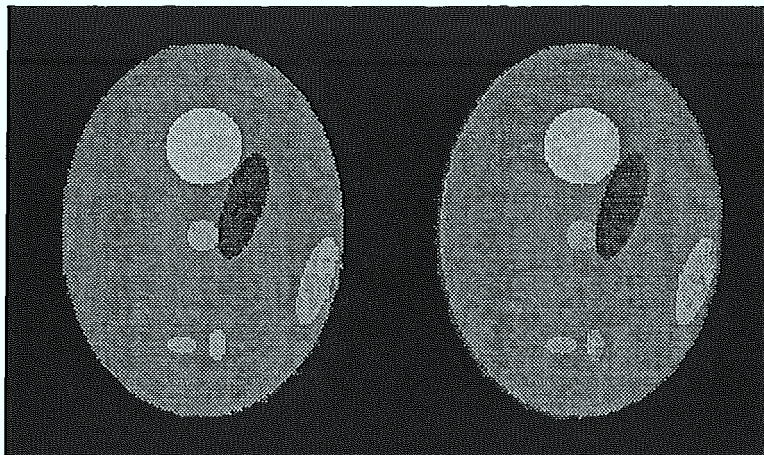


Abbildung 7.43: Simulationsphantom 4. Gauß-EM-Algorithmus. Rekonstruierte Bilder mit korrekter Vorinformation (links) und mit um 4 mm verschobener Vorinformation (rechts).

In Abbildung 7.43 sind die rekonstruierten Bilder bei korrekter Vorinformation (links) und bei Vorinformation (rechts), die auf einer Verschiebung der Gesamtstruktur von 4 mm beruht, gegenübergestellt. In beiden Bildern sind scharfe Grenzen zu erkennen. Im rechten Bild sind diese jedoch ebenso wie in Abbildung 7.40 beim Markoff-GEM-Algorithmus um 4 mm nach rechts verschoben. Im Gegensatz zu den Ergebnissen des Markoff-GEM-Algorithmus sind jedoch keine Artefakte im Bild vorhanden, die auf eine

fehlerhafte Vorinformation hinweisen könnten. Der Konzentrationsunterschied zwischen rechtem und linkem Bild, der durch die Recovery-Koeffizienten (Abb. 7.42) belegt wurde, ist so gering, daß er anhand der Grauwerte nicht erkannt werden kann.

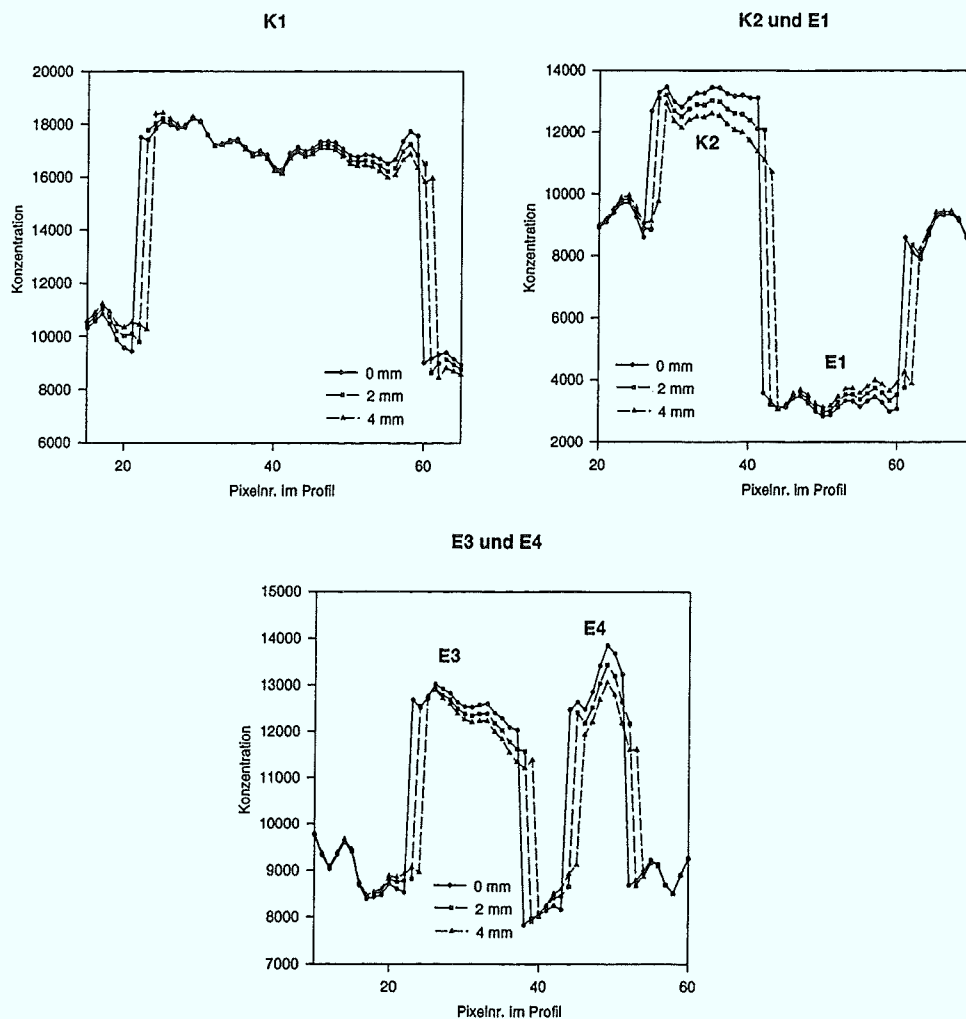


Abbildung 7.44: Simulationsphantom 4. Gauß-EM-Algorithmus. Profile der rekonstruierten Bilder mit korrekter Vorinformation (0 mm) und mit um 2 mm und 4 mm verschobener Vorinformation.

In Abbildung 7.44 sind die Profillinien einzelner Elemente dargestellt. Die Linien sind so gelegt, daß sie horizontal mitten durch die Elemente laufen. Für die Elemente, die eine höhere Konzentration als ihre Umgebung aufweisen, liegt der Verlauf des Profils bei

verschobener Vorinformation unter dem Profil bei korrekter Vorinformation. Für Elemente die niedrigere Konzentration aufweisen als ihre Umgebung, wie zum Beispiel Element E1, liegt der Verlauf des Profils darüber. Dabei nimmt die Differenz zwischen den Profillinien im Bereich des betreffenden Elementes von links nach rechts zu.

Durch kleine Verschiebungen der Vorinformation bleibt beim Gauß-EM-Algorithmus die Gesamtstruktur im rekonstruierten Bild mit der entsprechenden Verschiebung erhalten. Die Recovery-Koeffizienten sind verschlechtert. Im rekonstruierten Bild lassen sich keine Hinweise auf die Verwendung fehlerhafter Vorinformation finden.

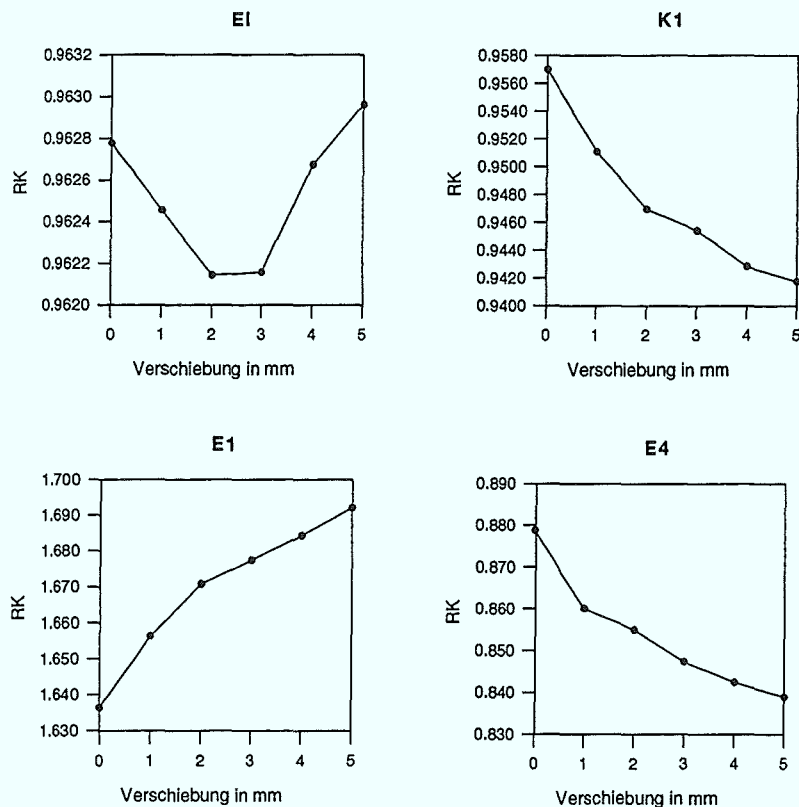


Abbildung 7.45: Simulationsphantom 4. Markoff-GEM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient gegen Verschiebung der Vorinformation. Auswertung mit *großen* ROIs.

Da die Verbesserung der Recovery-Koeffizienten für den Markoff-GEM-Algorithmus bei einer Verschiebung der Vorinformation bisher nicht erklärt worden ist, finden sich in Ab-

bildung 7.45 die Recovery-Koeffizienten über *große* ROIs. Hier stellt sich für alle Elemente außer für EI eine Verschlechterung der Recovery-Koeffizienten ein. Ellipse EI spielt eine Sonderrolle, da sie mit den eingebetteten Elementen und der umgebenden Ellipse EA in Wechselwirkung steht. Da diese Elemente unterschiedliche simulierte Konzentrationen aufweisen, heben sich die Effekte der einzelnen Elemente gegenseitig auf.

Im Falle verschobener Vorinformation erkennt man im Bereich der linken Kanten von Element K1, K2 und E3 eine Erhöhung des Profils (Abb. 7.41) gegenüber der korrekten Vorinformation. Im Bereich der rechten Kante findet sich eine Erniedrigung. Die linke Kante ist in den originalen Bereich des Elements verschoben, und die rechte Kante liegt außerhalb dieses Bereiches. Die ROI, mit der die Auswertung in Abbildung 7.39 durchgeführt wurde, ist mitten in die originale Region gelegt worden. So wird der erhöhte Bereich der linken verschobenen Kante noch erfaßt, nicht jedoch der erniedrigte Bereich der rechten Kante. Damit ist die Verbesserung der Recovery-Koeffizienten bei der Verwendung *kleiner* ROIs erklärt.

7.4 Physikalische Phantomdaten

In diesem Abschnitt werden die Rekonstruktionsalgorithmen auf die Daten von physikalischen Phantomen angewendet. Zunächst werden die verwendeten Phantome beschrieben und anschließend die Ergebnisse vorgestellt.

Die Vorinformation wurde für die physikalischen Phantome auf zwei verschiedene Arten erzeugt. Diejenigen Phantome, die sich aus kreis- und ellipsenförmigen Zylindern zusammensetzen, wurden ausgemessen und ihre Struktur mathematisch konstruiert. Diejenigen Phantome, die sich aus aufwendigeren unregelmäßigen Strukturen zusammensetzen, wurden im MRT gemessen. Einzelne Kammern wurden dabei mit Wasser gefüllt, wodurch ein guter Kontrast erreicht wird. Die Segmente können so durch eine Histogrammanalyse bestimmt werden. Durch die Anwendung eines Lasersystems wurden gewährleistet, daß die Phantome in beiden tomographischen Systemen (PET und MRT) in einer gleichen räumlichen Lage positioniert wurden.

Die physikalischen Phantome werden unter ähnlichen Gesichtspunkten wie die Simulationsphantome betrachtet, und die Ergebnisse werden mit diesen verglichen.

Phantom 1: Zylinderphantom

Dieses Phantom besteht entsprechend Simulationsphantom 1 (Abb. 7.3) aus einem Zylinder mit einem Radius von 100 mm. Mit diesem Phantom werden unter anderem Normierungsmessungen durchgeführt.

Phantom 2: Zweikammerphantom

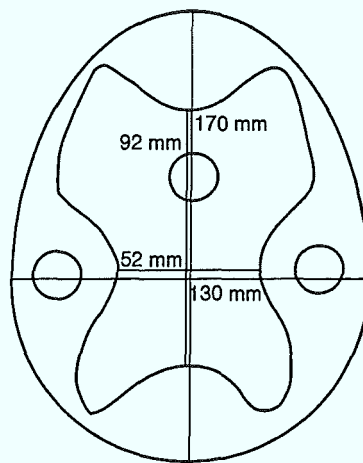


Abbildung 7.46: Phantom 2: Zweikammerphantom.

Das Zweikammerphantom bildet in vereinfachten geometrischen Formen die beiden anatomischen Räume, graue und weiße Substanz des Gehirns, nach. Das Phantom ist in der transaxialen Ebene ellipsenförmig mit Durchmessern von 170 und 130 mm und hat eine Tiefe von 10 cm. Abbildung 7.46 zeigt einen transaxialen Schnitt. Die große äußere Kammer stellt die graue Substanz und die große innere Kammer stellt die weiße Substanz dar. Die kleinen kreisförmigen Kammern können abhängig von ihrer Aktivität für kleinere Strukturen des Gehirns, wie zum Beispiel Striatum, Tumore oder Infarkte, stehen. Die einzelnen Kammern sind durch 5 mm dickes Plexiglas voneinander getrennt. Für die PET-Messung wurde das Verhältnis 4:1 zwischen grauer und weißer Substanz gewählt, was dem theoretisch zu erwartenden Wert bei einer ^{18}F FDG-Messung im Gehirn entspricht. Die kreisförmigen Kammern wurden nicht mit Aktivität gefüllt. Die geometrischen Strukturen des Phantoms sind mit einer MRT-Messung gewonnen worden. Es wurden PET-

Datensätze mit unterschiedlichen Ereigniszahlen erzeugt, um damit den Einfluß der Ereignisdichte zu untersuchen.

Phantom 3: 6-Kugel-Phantom

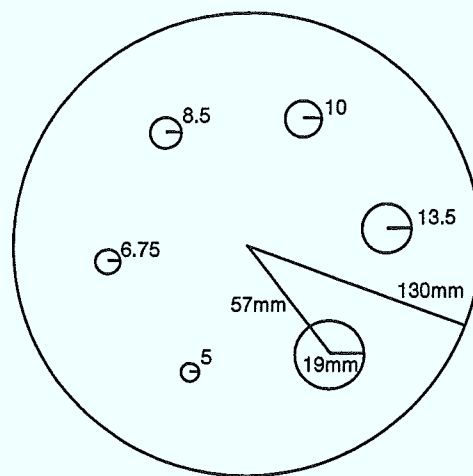


Abbildung 7.47: Phantom 3: 6-Kugel-Phantom.

Dieses Phantom besteht aus einem äußeren Zylinder mit einem Radius von 130 mm. In diesem Zylinder befinden sich 6 Kugeln mit unterschiedlichen Radien, die gleichmäßig auf einer Kreisbahn angeordnet sind. In Abbildung 7.47 ist der transaxiale Schnitt dargestellt, der mitten durch die Kugeln läuft. Alle Kugeln sind mit gleicher Konzentration gefüllt, wohingegen der äußere Zylinder leer ist. Dieses Phantom wird zur Untersuchung der Objektgröße verwendet.

Phantom 4: 6-Zylinder-Phantom

Dieses Phantom besteht aus einem großen Zylinder, in dem 6 kleine Zylinder regelmäßig auf einer Kreisbahn angeordnet sind. Der große Zylinder weist einen Radius von 100 mm und die kleinen Zylinder weisen einen Radius von 20 mm auf. Ein transaxialer Schnitt durch dieses Phantom ergibt gerade den geometrischen Aufbau von Simulationsphantom 3 (Abb. 7.3). Der äußere Zylinder ist leer. Die inneren Zylinder sind mit unterschiedlicher

Aktivität gefüllt. Dabei weisen Zylinder 1 bis 6 aufsteigende Aktivitäten auf. Mit diesem Phantom wird die Auswirkung unvollständiger Vorinformation untersucht.

Phantom 5: Hoffmann-Gehirn-Phantom

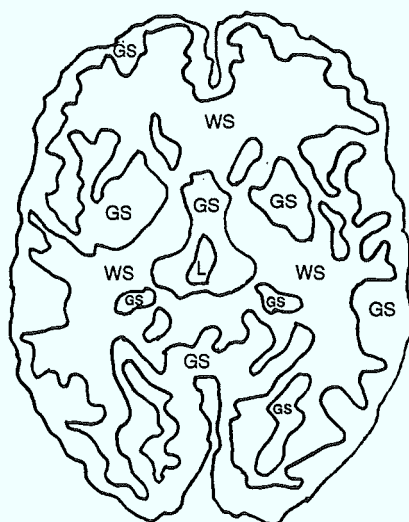


Abbildung 7.48: Phantom 5: Hoffmann-Gehirn-Phantom.

Das Hoffmann-Gehirn-Phantom (Abb. 7.48) stellt eine Annäherung an die Struktur des menschlichen Gehirns dar. Durch den Aufbau des Phantoms wird das Verhältnis 4:1 der Aktivitätskonzentrationen von grauer zu weißer Substanz erreicht. Da das Phantom aus einer einzigen Kammer aufgebaut ist, befinden sich keine Wände zwischen weißer und grauer Substanz. Die Bereiche von weißer und grauer Substanz unterscheiden sich durch ihre Ausdehnung in axialer Richtung. Dabei muß ein Detektorring den gesamten Bereich des Phantoms in axialer Richtung umfassen, oder es müssen die Ereignisse mehrerer Ebenen zu einer Ebene zusammengefaßt werden. Die einzelnen Windungen der grauen Substanz sind nachgebildet. Anhand des Hoffmann-Gehirn-Phantoms soll die Auswirkung kleiner Verschiebungen der Vorinformation untersucht werden.

7.5 Auswertung der physikalischen Phantome

7.5.1 Auswertung eines einfachen Zylinderphantoms

Zunächst wurde das physikalische Phantom 1 rekonstruiert. Auf eine Darstellung der rekonstruierten Bilder wird hier verzichtet und auf die entsprechende Abbildung 7.7 des Simulationsphantom 1 verwiesen, da sich diese qualitativ nicht unterscheiden. Die folgenden Werte ergaben sich für die Standardabweichung in % und den Recovery-Koeffizienten.

Rekonstruktionsalgorithmus	Standardabweichung in %	Recovery-Koeffizient
gefilterte Rückprojektion	15,85	0,82
ML-EM-Algorithmus	14,39	0,82
Markoff-GEM-Algorithmus	8,5045	0,82
Gauß-EM-Algorithmus	1,6059	0,81

Für diese Auswertung wurde $\beta = 0,001$ und $\gamma = 0,0005$ gewählt. Im Vergleich zu der entsprechenden Tabelle des Simulationsphantoms (Abschnitt 7.3) ist die Erniedrigung der Standardabweichung beim Gauß-EM-Algorithmus sogar noch größer. Für den Recovery-Koeffizienten gilt wieder, daß er für alle 4 Verfahren fast identisch ist. Für den Gauß-EM-Algorithmus liegt er ungefähr 1% niedriger als für die anderen Verfahren.

7.5.2 Einfluß der Ereignisdichte

Es wurden von Phantom 2, dem Zweikammerphantom in Abbildung 7.46, Datensätze mit unterschiedlichen Ereignisdichten aufgenommen. Dabei wurde der Bereich von 9 bis 248 Ereignissen pro Pixel abgedeckt. Wie bei den Simulationsphantomen wurden Rekonstruktionen mit verschiedenen Werten von β und γ durchgeführt.

In Abbildung 7.49 sind für den Markoff-GEM-Algorithmus die Kurven des Recovery-Koeffizienten und der prozentualen Standardabweichung gegen β aufgetragen.

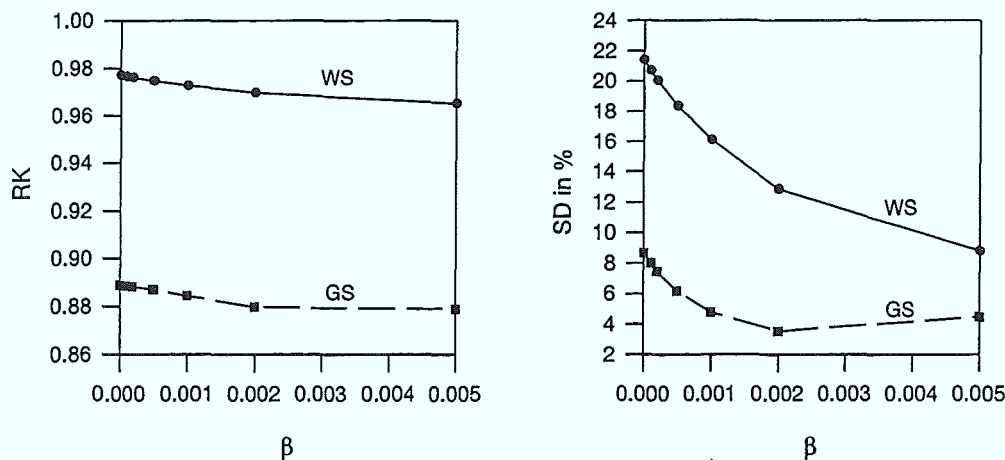


Abbildung 7.49: Zweikammerphantom. Markoff-GEM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung. Auswertung mit *kleiner* ROI.

Es wurde ein Datensatz mit mittlerer Ereignisdichte gewählt: im Mittel 133 Ereignisse pro Pixel innerhalb der grauen Substanz und 34 Ereignisse pro Pixel innerhalb der weißen Substanz. In den beiden Diagrammen ist jeweils die Kurve für die weiße Substanz durchgezogen und die Kurve für die graue Substanz gestrichelt dargestellt. Die Kurven der Recovery-Koeffizienten fallen sowohl für die weiße als auch für die graue Substanz über den gesamten betrachteten Bereich ab. Die Standardabweichung der weißen Substanz fällt ebenso über den betrachteten Bereich ab, wohingegen die Standardabweichung der grauen Substanz bis $\beta = 0,002$ abfällt und von $\beta = 0,002$ zu $\beta = 0,005$ um etwa 30% ansteigt. In dem mit $\beta = 0,002$ rekonstruierten Bild lassen sich dieselben Artefakte wie in Abbildung 7.9 innerhalb der grauen Substanz wiederfinden. Innerhalb der grauen Substanz schwankt das Bild zwischen zwei Intensitätswerten, die sich in Streifen ausprägen. Der Bereich der weißen Substanz hingegen erscheint homogen. Bei der Betrachtung *großer* ROIs (Abb. 7.50) ist die Kurve des Recovery-Koeffizienten für die graue Substanz steigend. Die Kurve für die weiße Substanz ist auf dem relativ hohen Niveau über den gesamten Bereich gleichbleibend.

Es wurden für die einzelnen Ereignisdichten optimale β -Werte so bestimmt, daß die Standardabweichung möglichst gering ist und in den rekonstruierten Bildern keine Artefakte auftreten. Die gefundenen Werte sind in Abbildung 7.51 aufgetragen. Die optimalen β -Werte fallen mit zunehmender Ereignisdichte ab. Es ergibt sich eine Kurve mit ähnlichem Verlauf wie für Simulationsphantom 1 in Abbildung 7.12. Die gefundenen β -Werte sind

insgesamt erniedrigt. Dies lässt sich durch die kleinere Fläche der zusammenhängenden Regionen begründen, die in diesem Experiment gewählt wurde.

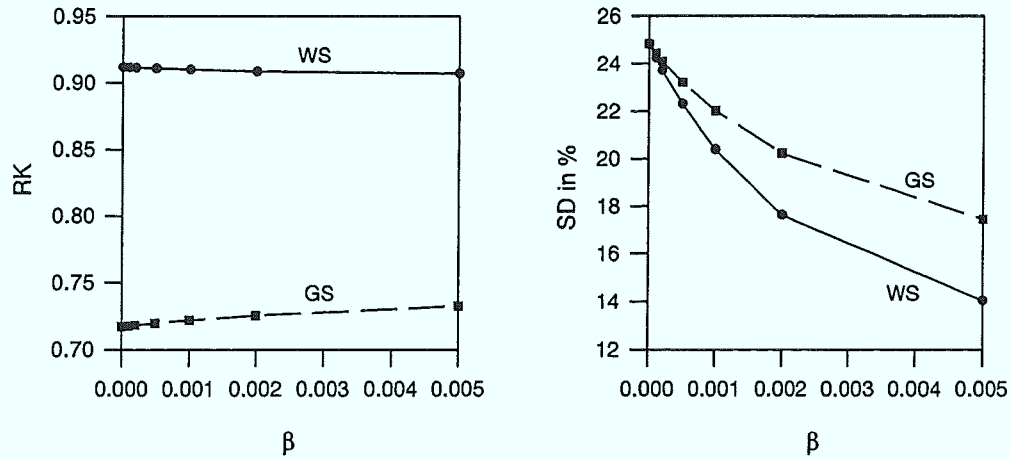


Abbildung 7.50: Zweikammerphantom. Markoff-GEM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung. Auswertung mit *großer* ROI

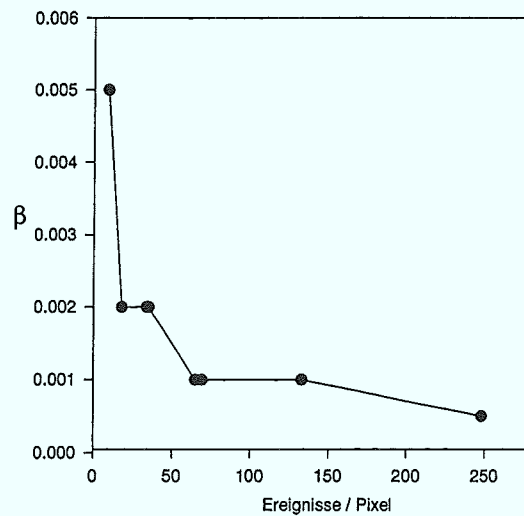


Abbildung 7.51: Zweikammerphantom. Optimale β -Werte über verschiedene Ereignisdichten

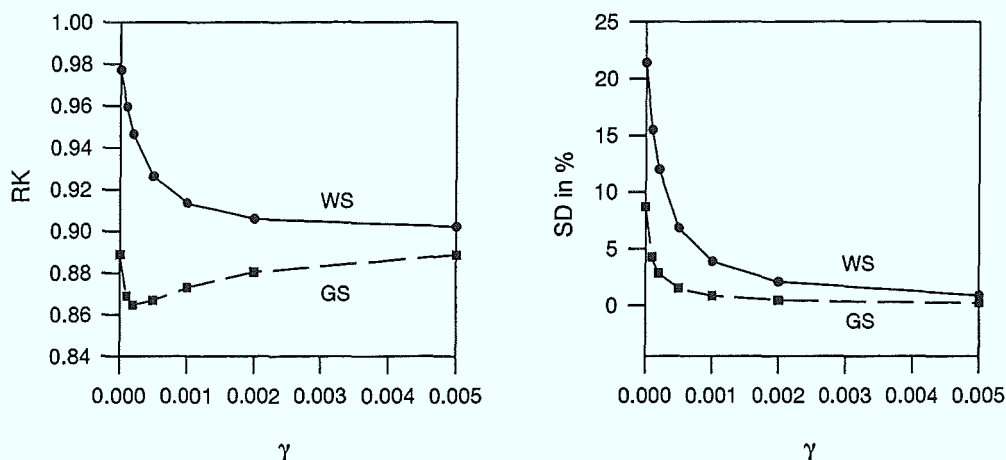


Abbildung 7.52: Zweikammerphantom. Gauß-EM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung. Auswertung mit *kleiner* ROI.

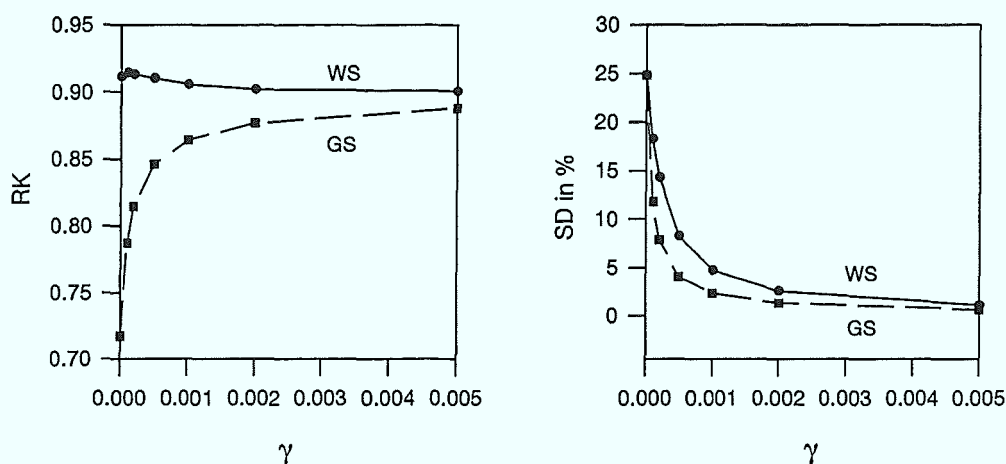


Abbildung 7.53: Zweikammerphantom. Gauß-EM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung. Auswertung mit *großer* ROI

Abbildung 7.52 zeigt nun für den Gauß-EM-Algorithmus die Kurve des Recovery-Koeffizienten und der prozentualen Standardabweichung bei gleicher Ereignisdichte wie oben. Der Recovery-Koeffizient fällt zunächst stark ab, um dann bei einem Niveau von 0,91 für die weiße und 0,89 für die graue Substanz zu bleiben. Die Standardabweichung fällt über den gesamten Bereich ab. Bei Verwendung *großer* ROIs (Abb. 7.53) kehrt sich die Kurve des Recovery-Koeffizienten für die graue Substanz um. Sie steigt für zunehmendes γ . Für die weiße Substanz ist sie über dem betrachteten γ -Bereich gleichbleibend.

7.5.3 Einfluß der Objektgröße

Der Einfluß der Objektgröße wird mit Phantom 3, dem 6-Kugel-Phantom, untersucht. Dabei wird die Ebene des Phantoms betrachtet, die senkrecht durch die Kugelmittelpunkte läuft. Es wurden Rekonstruktionen mit dem Markoff-GEM-Algorithmus und dem Gauß-EM-Algorithmus mit verschiedenen β - und γ -Werten durchgeführt. Dabei traten in dem untersuchten β -Bereich für den Markoff-GEM-Algorithmus keine Artefakte auf.

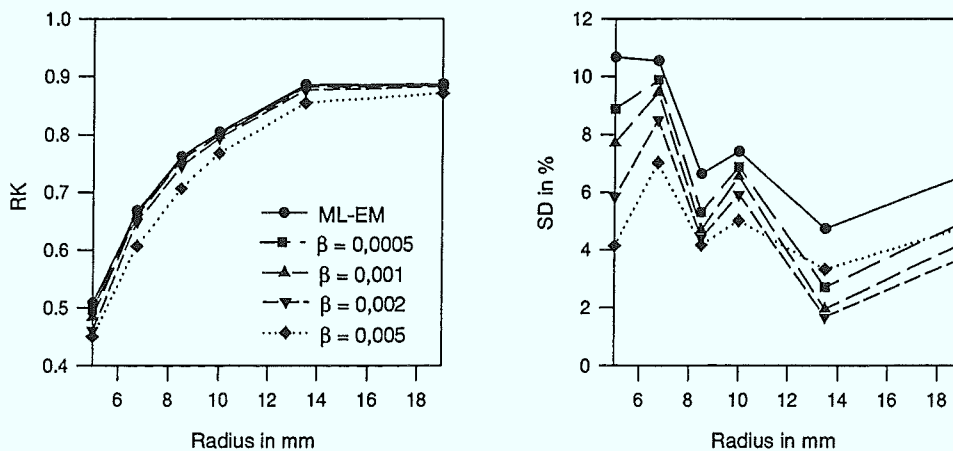


Abbildung 7.54: 6-Kugel-Phantom. Markoff-GEM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung über Kugelradius. Auswertung mit *kleiner* ROI.

In Abbildung 7.54 sind der Recovery-Koeffizient und die Standardabweichung für den Markoff-GEM-Algorithmus über die verschiedenen Radien aufgetragen. Die einzelnen Kurven beziehen sich auf die unterschiedlichen Werte von β . Alle Kurven des Recovery-Koeffizienten nehmen einen ähnlichen Verlauf an, wobei die Kurve des ML-EM-Algorithmus am nächsten an die 1 herankommt. Die anderen Kurven verlaufen unterhalb dieser Kurve. Dabei liegen die Kurven für einen β -Wert von 0,0005 und 0,001 sehr dicht beieinander. Ihr Unterschied zum ML-EM-Algorithmus beträgt weniger als ein Prozent. Die Kurven der Standardabweichung haben ebenfalls einen ähnlichen Verlauf. Hierbei zeigt sich deutlich der Vorteil des Markoff-GEM-Algorithmus, bei dem sich bei Wahl von $\beta = 0,005$ eine Verringerung zwischen 30 und 70% der Standardabweichung ergibt.

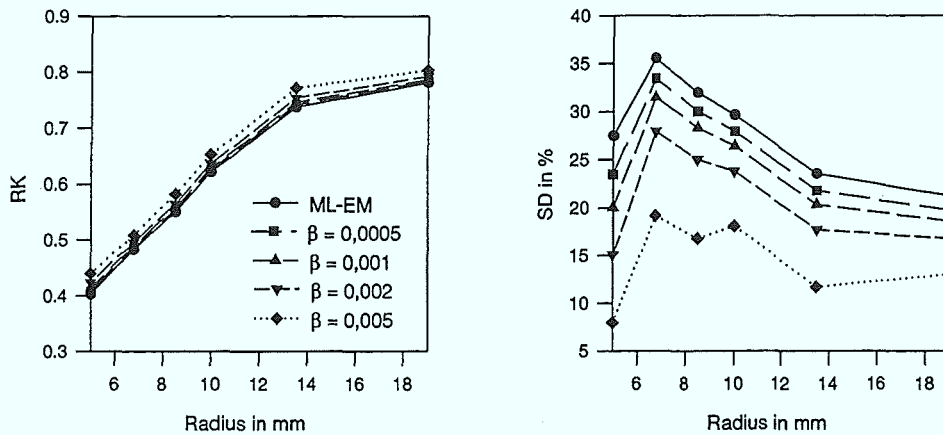


Abbildung 7.55: 6-Kugel-Phantom. Markoff-GEM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung über Kugelradius. Auswertung mit *großer* ROI.

In Abbildung 7.55 sind die entsprechenden Kurven für eine Auswertung mit einer *großen* ROI dargestellt. Hier sind die Verhältnisse zwischen den einzelnen Kurven genau umgekehrt. Der ML-EM-Algorithmus hat für jeden betrachteten Radius den niedrigsten Recovery-Koeffizienten. In dem untersuchten Bereich steigt der Recovery-Koeffizient mit zunehmendem β an. Für die Standardabweichung ändern sich die Verhältnisse der Kurven untereinander nicht. Die Verringerung der Standardabweichung bei $\beta = 0,005$ gegenüber dem ML-EM-Algorithmus beträgt wieder etwa 30 bis 70%. Genau wie bei der Kurve in Abbildung 7.54 ist jedoch kein Zusammenhang zwischen der Höhe der Erniedrigung der Standardabweichung und dem Kugelradius festzustellen.

In Abbildung 7.56 sind die entsprechenden Kurven für den Gauß-EM-Algorithmus bei einer Auswertung mit einer *kleinen* ROI dargestellt. Die Kurven des Recovery-Koeffizienten über den Kugelradius haben für den Gauß-EM-Algorithmus einen anderen Verlauf als für den ML-EM-Algorithmus. Dabei wird die Differenz zwischen den einzelnen Kurven vom kleinsten zum größten Kugelradius immer geringer. Für $\gamma = 0,005$ ist eine Gerade erreicht. Die Kurven des Recovery-Koeffizienten des Gauß-EM-Algorithmus schneiden die Kurve des Recovery-Koeffizienten des ML-EM-Algorithmus, so daß für kleine Radien der Recovery-Koeffizient des Gauß-EM-Algorithmus besser ist und für große Kugelradien derjenige des ML-EM-Algorithmus. Für die Standardabweichung ist eine starke Erniedrigung gegenüber dem ML-EM-Algorithmus zu verzeichnen. Für $\gamma = 0,005$ liegt die Standardabweichung über dem gesamten Radiusbereich bei fast 0,1%. Selbst für $\gamma = 0,0001$ beträgt

die Erniedrigung zum ML-EM-Algorithmus zwischen 40 und 60%.

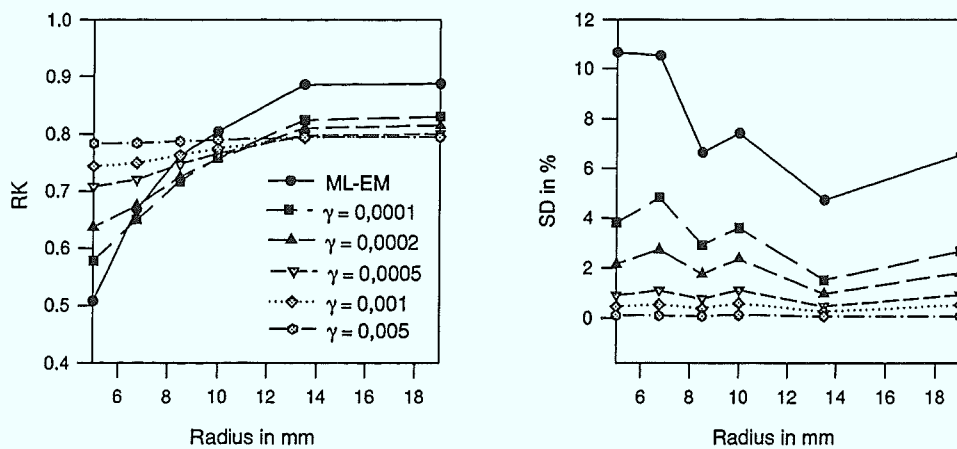


Abbildung 7.56: 6-Kugel-Phantom. Gauß-EM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung über Kugelradius. Auswertung mit *kleiner* ROI.

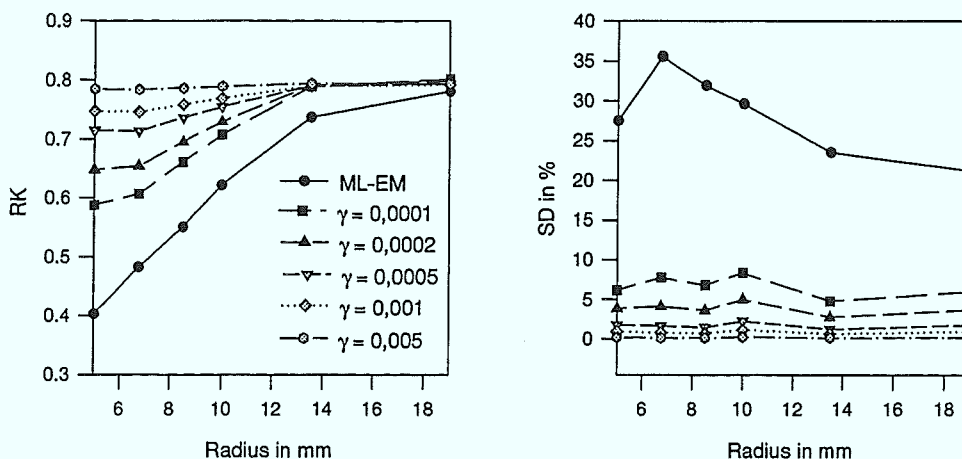


Abbildung 7.57: 6-Kugel-Phantom. Gauß-EM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung über Kugelradius. Auswertung mit *großer* ROI.

Bei der Auswertung *großer* ROIs (Abb. 7.57) sind alle Werte des Recovery-Koeffizienten unter Verwendung des Gauß-EM-Algorithmus besser als die entsprechenden Werte für den ML-EM-Algorithmus. Für den größten γ Wert ist der Verlauf des Recovery-Koeffizient über die Kugelradien wieder eine Gerade. Die Kurven der niedrigeren γ -Werte liegen

unterhalb davon und weisen für einen wachsenden Radius höhere Recovery-Koeffizienten auf. Ab Radius 13,5 mm liegen sie auf demselben Niveau wie $\gamma = 0,005$. Der Verlauf der Standardabweichung ist ähnlich dem Verlauf bei der Auswertung mit *kleinen* ROIs. Allerdings sind die Unterschiede zwischen den Kurven größer. Die Standardabweichung für den ML-EM-Algorithmus ist verdreifacht, wohingegen die Werte der Standardabweichung für den Gauß-EM-Algorithmus ungefähr gleich geblieben sind.

7.5.4 Einfluß fehlender Regionen in der Vorinformation

Anhand von Phantom 4, des 6-Zylinder-Phantoms, wurde der Einfluß fehlender Vorinformation untersucht. Eine transaxiale Ebene dieses Phantoms weist dieselben geometrischen Strukturen auf wie Simulationsphantom 3 (Abb. 7.3). Region 3 war bei der unvollständigen Vorinformation unbekannt.

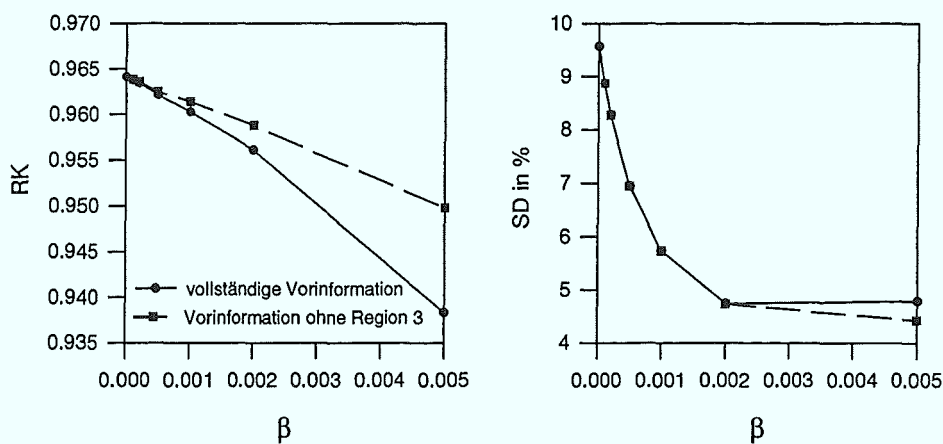


Abbildung 7.58: 6-Zylinder-Phantom. Markoff-GEM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung über Kugelradius. Auswertung mit *kleiner* ROI.

In Abbildung 7.58 sind für den Markoff-GEM-Algorithmus die Kurven des Recovery-Koeffizienten und der Standardabweichung für eine *kleine* ROI innerhalb von Region 3 über verschiedene β -Werte aufgetragen. Dabei beschreibt die durchgezogene Kurve den Verlauf bei vollständiger Vorinformation und die gestrichelte Kurve den Verlauf bei einer Vorinformation ohne Kenntnis von Region 3. Analog zu den Ergebnissen des Simulationsphantoms 3 (Abb. 7.22) liegt der Recovery-Koeffizient bei unvollständiger Vorinformation

besser als der Recovery-Koeffizient bei vollständiger Vorinformation. Die Standardabweichung ist für beide Vorinformationen vergleichbar.

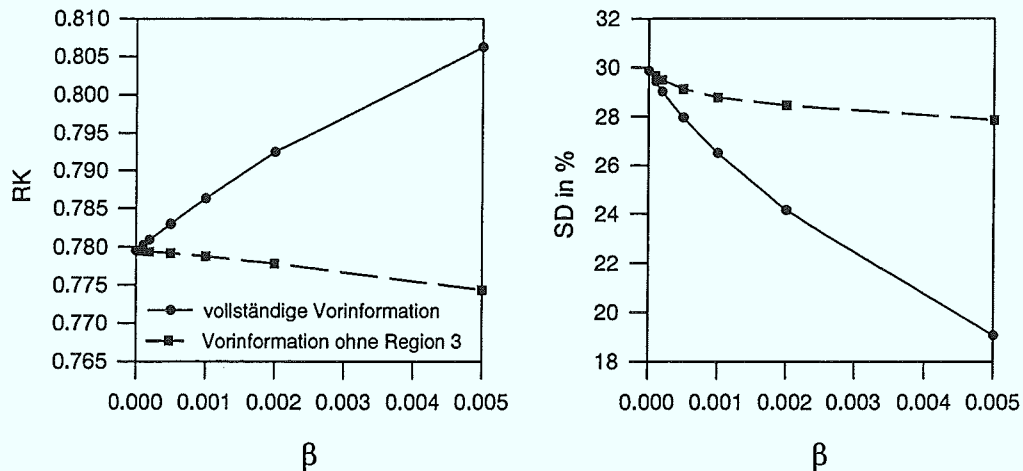


Abbildung 7.59: 6-Zylinder-Phantom. Markoff-GEM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung über Kugelradius. Auswertung mit *großer* ROI.

In Abbildung 7.59 finden sich die entsprechenden Kurven bei Auswertung mit einer *großen* ROI. Hier zeigt sich genauso wie bei der Auswertung mit dem entsprechenden Simulationsphantom (Abb. 7.23) die Überlegenheit der vollständigen Vorinformation sowohl beim Recovery-Koeffizienten als auch bei der Standardabweichung. Die Standardabweichung ist bei Kenntnis von Region 3 um bis zu 30% gegenüber der unvollständigen Vorinformation erniedrigt.

Nun wurden die entsprechenden Rekonstruktionen mit unterschiedlichen Werten von γ mit vollständiger Vorinformation und ohne Kenntnis von Region 3 für den Gauß-EM-Algorithmus durchgeführt (Abb. 7.60). Ähnlich wie bei Simulationsphantom 3 sieht man bei der Auswertung mit einer *kleinen* ROI eine starke Verschlechterung des Recovery-Koeffizienten von 10% bei kleinen Werten von γ ($\gamma = 0,0001$) und fast 80% bei $\gamma = 0,005$, wenn unvollständige Vorinformation angewendet wird. Die Standardabweichung ist erhöht.

Bei der Anwendung unvollständiger struktureller Vorinformation beim Gauß-EM-Algorithmus ergibt sich also eine starke Verfälschung der Intensitätswerte in den rekonstruierten Bildern. Dies ist durch die falsche Berechnung der erwarteten Mittelwerte für die *a priori*

Information zu erklären. In dem rekonstruierten Bild ist Region 3 stark verschmiert und läßt sich analog zu Abbildung 7.25 nicht mehr als Kreis erkennen.

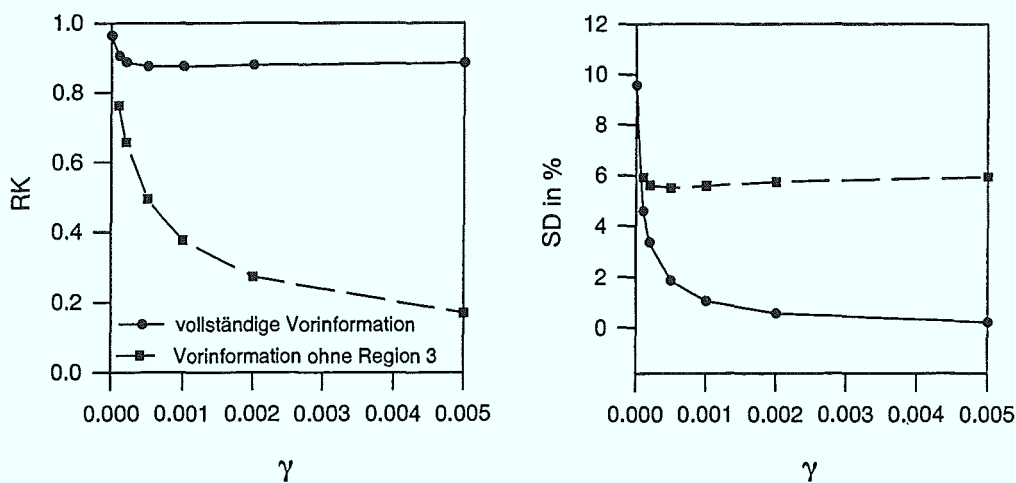


Abbildung 7.60: 6-Zylinder-Phantom. Gauß-EM-Algorithmus. Recovery-Koeffizient und Standardabweichung über den Kugelradius. Auswertung mit *kleiner* ROI.

7.5.5 Einfluß kleiner Verschiebungen der Vorinformation

Anhand des Hoffmann-Gehirn-Phantoms wird der Einfluß kleiner Verschiebungen auf das Rekonstruktionsergebnis untersucht. Bei diesem Phantom sind die Bedingungen realitätsnäher als bei dem in Abschnitt 7.3 verwendeten Shepp-Logan-Phantom. Die Strukturinformation des Hoffmann-Gehirn-Phantoms wurde in horizontaler Richtung in 1 mm-Schritten von 1 bis 5 mm verschoben.

In den folgenden Auswertungen wird nicht der Recovery-Koeffizient sondern der Mittelwert über eine ROI betrachtet. Aufgrund des Aufbaus des Hoffmann-Gehirn-Phantoms ist nicht gewährleistet, daß tatsächlich der gesamte Bereich in axialer Richtung erfaßt wird. Deshalb ist es nicht möglich, die wahre Aktivitätskonzentration zu bestimmen. Für die Beurteilung der Mittelwerte gilt: Der Recovery-Koeffizient ist für die graue Substanz aufgrund des Partialvolumeneffektes immer kleiner als 1. Eine Erhöhung des Mittelwertes bedeutet für die graue Substanz also eine Verbesserung des Recovery-Koeffizienten, und eine Erniedrigung des Mittelwertes bedeutet eine Verschlechterung des Recovery-Koeffizienten.

Für den Bereich der weißen Substanz ist umgekehrt der Recovery-Koeffizient immer größer als 1. Die Erniedrigung des Mittelwertes kommt hier einer Verbesserung des Recovery-Koeffizienten gleich und seine Erhöhung umgekehrt einer Verschlechterung.

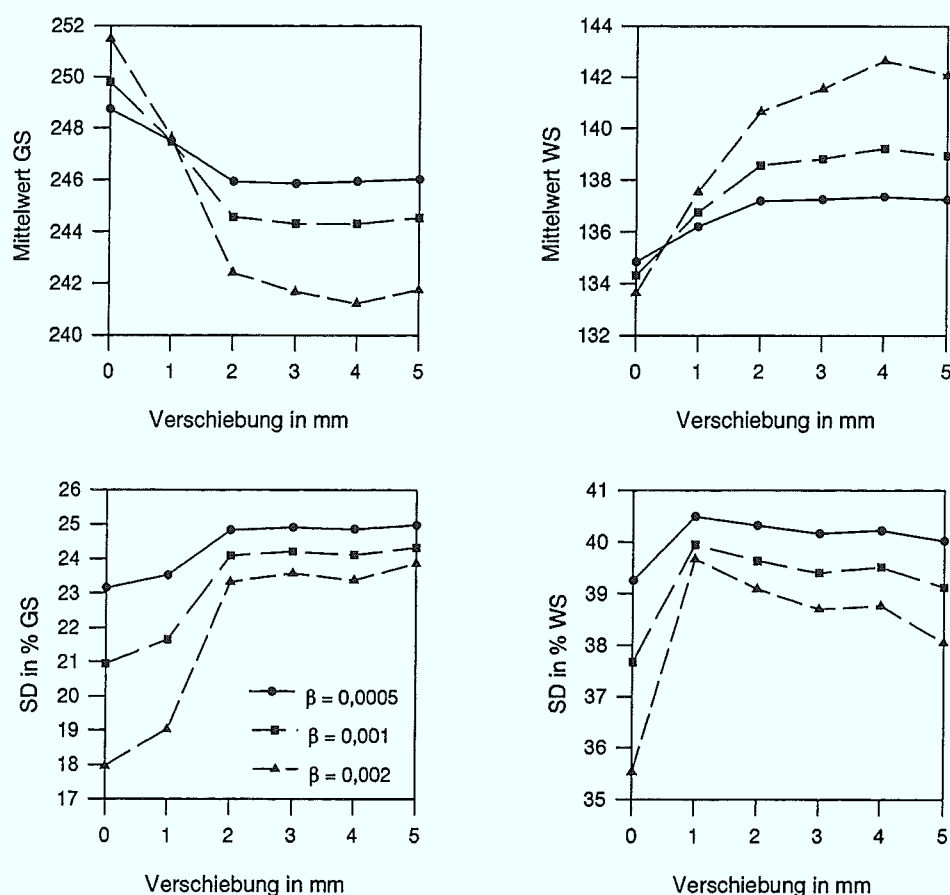


Abbildung 7.61: Hoffmann-Gehirn-Phantom. Markoff-GEM-Algorithmus. Mittelwert und Standardabweichung über Verschiebung. Auswertung mit *großer* ROI.

In Abbildung 7.61 sind für den Markoff-GEM-Algorithmus Mittelwerte und prozentuale Standardabweichungen über die Verschiebung für verschiedene Werte von β aufgetragen. Zur Auswertung wurden zwei *große* ROIs verwendet, wobei die eine den gesamten Bereich der grauen Substanz und die andere den gesamten Bereich der weißen Substanz abdeckt. Für die graue Substanz ist der Mittelwert der um 3 mm verschobenen Vorinformation gegenüber der korrekten Vorinformation für $\beta = 0,002$ um etwa 5% erniedrigt. In dem Bereich 3 bis 5 mm ist der Mittelwert gleichbleibend. Für die weiße Substanz steigt der

Mittelwert mit einer zunehmenden Verschiebung an. Die maximale Erhöhung des Mittelwertes ist bei einer Verschiebung von 4 mm erreicht und beträgt für $\beta = 0,002$ etwa 7% des Ausgangswertes bei korrekter Vorinformation. Die Standardabweichung nimmt innerhalb der grauen Substanz bis zu einer Verschiebung von 2 mm zu und bleibt dann auf gleichem Niveau. Für die weiße Substanz nimmt die Standardabweichung von der korrekten zu der um 1 mm verschobenen Vorinformation zwischen 3% und 10% zu und nimmt in dem verbleibenden Bereich bis zu einer Verschiebung von 5 mm geringfügig ab.

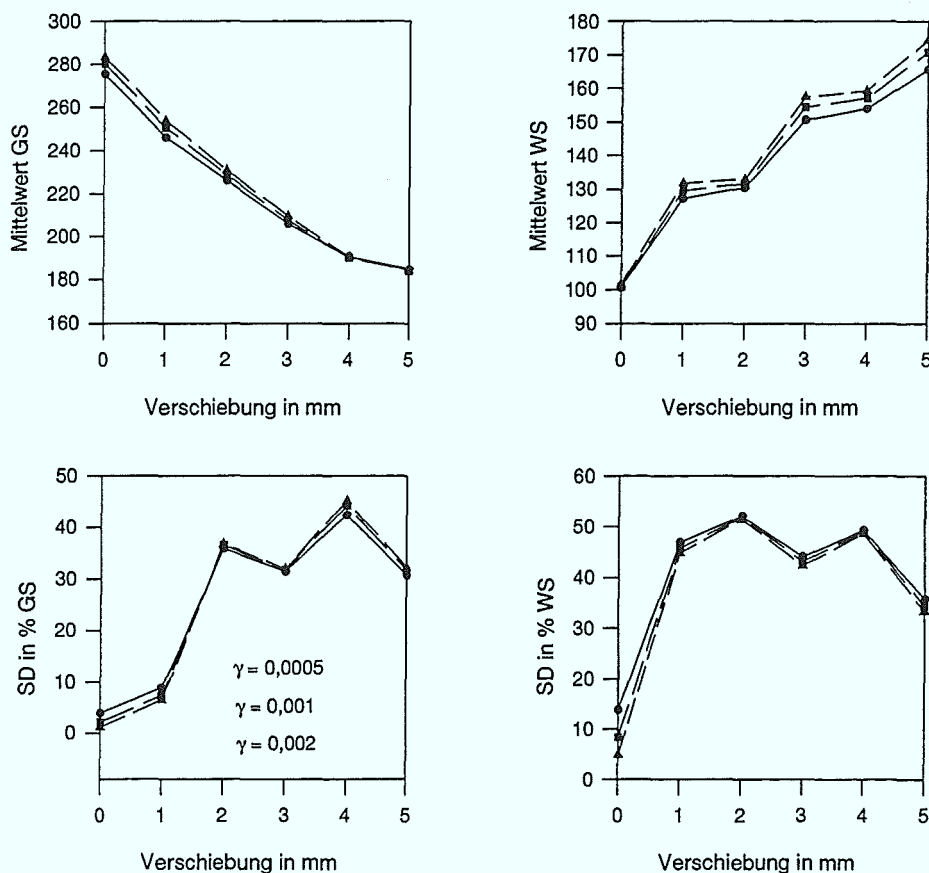


Abbildung 7.62: Hoffmann-Gehirn-Phantom. Gauß-EM-Algorithmus. Mittelwert und Standardabweichung über Verschiebung. Auswertung mit *großer* ROI.

In Abbildung 7.62 sind die entsprechenden Kurven des Gauß-EM-Algorithmus dargestellt. Der Mittelwert der grauen Substanz fällt über den gesamten Bereich um fast 40% ab. Der Mittelwert der weißen Substanz steigt über den gesamten Bereich um 80% des Aus-

gangswertes bei korrekter Vorinformation an. Bei einer Verschiebung von 5 mm ergeben sich für weiße und graue Substanz fast identische Mittelwerte. Die prozentuale Standardabweichung steigt ebenfalls stark an. Dabei ist der größte Anstieg für die graue Substanz bereits bei einer Verschiebung von 2 mm erreicht und für weiße Substanz bereits bei einer Verschiebung von 1 mm. Anschließend bleiben die Kurven für beide Bereiche etwa auf gleichem Niveau.

Genau wie in dem entsprechenden Abschnitt über Simulationsphantome zeigt sich, daß die Verschiebung der Vorinformation auf den Gauß-EM-Algorithmus wesentlich gravierendere Folgen hat als für den Markoff-GEM-Algorithmus. Beim Gauß-EM-Algorithmus sind die berechneten Intensitätswerte stark verfälscht. Beim Markoff-GEM-Algorithmus ist die Abweichung bezüglich der Intensitäten, die bei einer Rekonstruktion mit korrekter Vorinformation bestimmt werden, gering. Jedoch sind für das Hoffmann-Gehirn-Phantom die Ausgangswerte bei korrekter Vorinformation für den Gauß-EM-Algorithmus wesentlich besser als für den Markoff-GEM-Algorithmus.

7.6 Gehirndaten

In diesem Abschnitt werden die Ergebnisse einer Gehirnmessung vorgestellt. Es wurde eine PET-Messung mit ^{15}O -Butanol und eine T1-gewichtete MRT-Messung durchgeführt. ^{15}O ist ein Radioisotop mit einer Halbwertszeit von 2 Minuten. Es weist im Vergleich zu anderen in der PET verwendeten Positronenstrahlern eine große Positronenreichweite auf. Die maximale Reichweite beträgt 8 mm und die mittlere Reichweite etwa 2 mm. Der hier verwendete Datensatz wurde innerhalb einer sogenannten *Aktivierungsstudie* aufgenommen. Dabei wird der Proband während der Messung zu ganz spezifischen Tätigkeiten aufgefordert, wie zum Beispiel zur Bewegung der Finger, zum Nachsprechen einzelner Wortbeispiele oder Silben oder zur Betrachtung irgendwelcher Muster auf einem Bildschirm. Ziel einer solchen Studie ist es, den einzelnen Tätigkeiten oder Wahrnehmungen bestimmte Gehirnareale zuzuordnen. Zum Vergleich werden innerhalb einer solchen Studie sogenannte *Ruhemessungen* durchgeführt. Das sind Messungen, während denen der Proband ruhig liegt möglichst ohne jegliche geistige oder körperliche Aktivität. Der hier verwendete Datensatz entstammt einer solchen Ruhemessung. Innerhalb dieser Studie wird neben der PET-Messung immer zusätzlich eine MRT-Messung durchgeführt. Die

MRT-Aufnahme dient bei dieser Studie der genauen morphologischen Lokalisation der aktivierten Areale.

Der MRT-Datensatz ist mit einer Histogrammanalyse (Abschnitt 5.2) segmentiert und anschließend mit dem Hut-Kopf-Algorithmus (Abschnitt 5.1) in die gleiche räumliche Lage wie der PET-Datensatz gebracht worden.

In den folgenden Abbildungen sind die rekonstruierten Bilder dargestellt: in Abbildung 7.63 die Ergebnisse der gefilterten Rückprojektion und die Ergebnisse des ML-EM-Algorithmus, in Abbildung 7.64 die Ergebnisse des Markoff-GEM-Algorithmus mit verschiedenen Werten von β (0,0001, 0,0005, 0,002, 0,008) und schließlich in Abbildung 7.65 die Ergebnisse des Gauß-EM-Algorithmus mit verschiedenen Werten von γ (0,0001, 0,0002, 0,0005, 0,001).

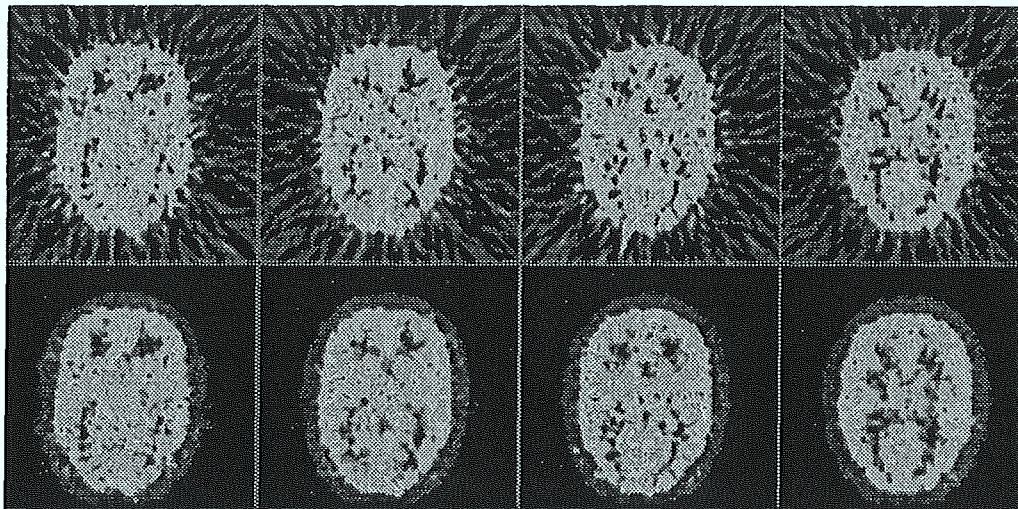


Abbildung 7.63: Gehirndaten. Rekonstruierte Bilder von 4 aufeinanderfolgenden Ebenen. Gefilterte Rückprojektion (oben). ML-EM-Algorithmus (unten).

Die Bilder der gefilterten Rückprojektion, zeigen die üblichen Artefakte der sternförmig nach außen laufenden Strahlen. Die Bilder des ML-EM-Algorithmus weisen hohes Rauschen auf, welches mit der niedrigen Statistik dieses Datensatzes zu begründen ist.

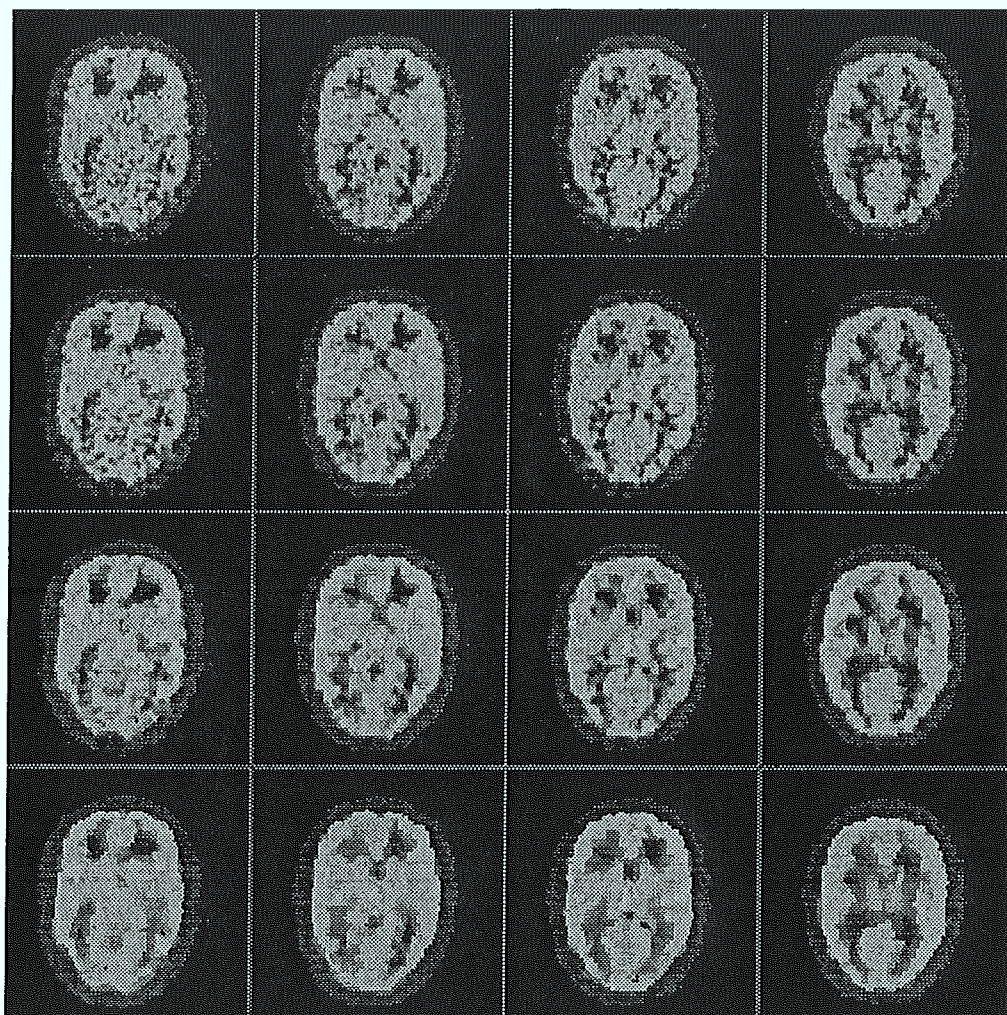


Abbildung 7.64: Gehirndaten. Rekonstruierte Bilder von 4 aufeinanderfolgenden Ebenen. Markoff-GEM-Algorithmus. Von oben nach unten: $\beta = 0,0001$, $\beta = 0,0005$, $\beta = 0,002$, $\beta = 0,008$.

Die Bilder des Markoff-GEM-Algorithmus weisen mit zunehmendem Wert von β zunehmende Glätte auf. Es finden sich erst bei einem sehr großen Wert von β ($0,002$, $0,008$) scharfe Kanten im Bild. Dies ist ein Gegensatz zu den Ergebnissen der Simulationsdaten, wo bereits bei kleineren Werten von β scharfe Kanten im Bild erscheinen. Vermutlich ist sowohl die Überlagerung als auch die Segmentierung nicht ausreichend genau.

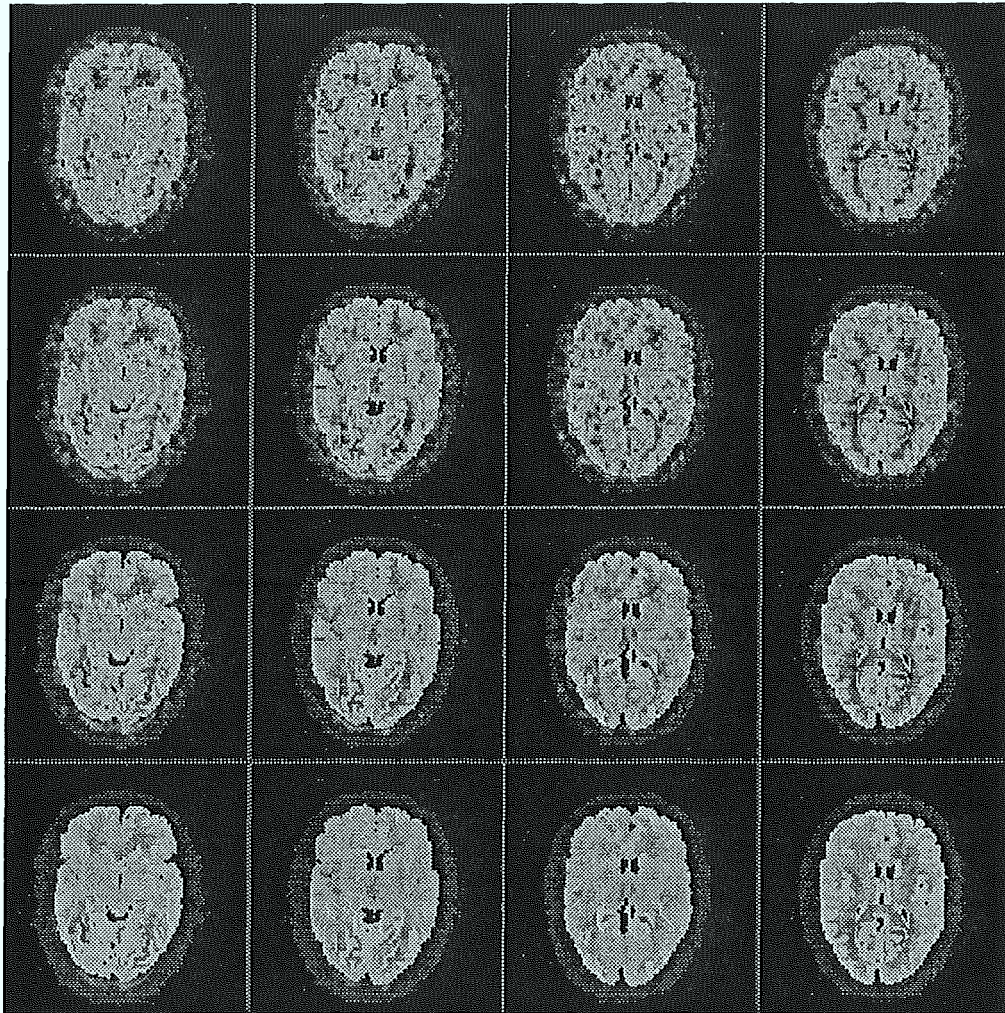


Abbildung 7.65: Gehirndaten. Rekonstruierte Bilder von 4 aufeinanderfolgenden Ebenen. Gauß-EM-Algorithmus. Von oben nach unten : $\gamma = 0,0001$, $\gamma = 0,0002$, $\gamma = 0,0005$, $\gamma = 0,001$.

Die Bilder des Gauß-EM-Algorithmus sind homogener als die Bilder des Markoff-GEM-Algorithmus und weisen scharfe Kanten auf. Innerhalb einer zusammenhängenden Region gibt es Bereiche mit unterschiedlichen Intensitäten. Die Übergänge zwischen diesen Bereichen sind fließend. Vermutlich lassen diese Intensitätsunterschiede auf eine fehlerhafte Überlagerung schließen.

Anhand dieser Ergebnisse wird der Einfluß einer schlechten Überlagerung und Segmentierung deutlich. Für den Markoff-GEM-Algorithmus ergeben sich bei einem niedrigen Wert von β keine Fehler. Die Bilder sind im Vergleich zum ML-EM-Algorithmus etwas homogener, ohne daß ein Auflösungsverlust zu beobachten ist. Für große Werte von β ist ein Auflösungsverlust zu verzeichnen. Aufgrund der verschobenen Vorinformation sind die Kanten im Bild entsprechend verschoben. Für den Gauß-EM-Algorithmus ist der Einfluß der fehlerhaften Vorinformation noch stärker. Obwohl sich der Eindruck eines korrekten Bildes ergibt, ist aufgrund der Erfahrung mit den Simulations- und Phantomdaten mit falschen Intensitäten im Bild zu rechnen.

Kapitel 8

Zusammenfassung

In dieser Arbeit sind zwei Algorithmen zur Rekonstruktion von PET-Daten unter Einbeziehung anatomischer Information aus einem zugehörigen MRT-Datensatz entwickelt, implementiert und getestet worden.

Mit der Positronen-Emissions-Tomographie (PET) werden Stoffwechselräume mit einer Auflösung von 6 bis 9 mm in der Ebene dargestellt. Ein Problem der PET stellt die niedrige Statistik und das daraus resultierende Rauschen in den rekonstruierten Bildern dar. Die Magnet-Resonanz-Tomographie (MRT) liefert die Darstellung anatomischer Räume mit einer Auflösung zwischen 0,5 und 2 mm.

Um MRT-Information bei der Rekonstruktion von PET-Bildern nutzen zu können, wurde der Zusammenhang zwischen Stoffwechselraum und anatomischem Raum untersucht. Stoffwechsel findet innerhalb anatomischer Räume statt. Man kann bei den meisten Anwendungen davon ausgehen, daß sich die injizierte radioaktive Substanz innerhalb der anatomischen Räume in etwa gleichmäßig verteilt. Grenzen zwischen anatomischen Räumen sind in der Regel auch Grenzen zwischen Stoffwechselräumen.

Voraussetzung für die Nutzung der MRT-Information ist die gleiche räumliche Lage von PET- und MRT-Datensatz, die durch Anwendung eines Anpassungsalgorithmus sichergestellt wird (Abschnitt 5.1). Für diese Arbeit wurde Information über die einzelnen anatomischen Räume mittels Segmentierung aus dem MRT-Bilddatensatz extrahiert (Abschnitt 5.2). Als Vorinformation dient nun die Kenntnis der gefundenen anatomischen Räume zusammen mit der Annahme, daß sich die radioaktive Substanz innerhalb dieser

Räume in etwa gleichmäßig verteilt.

Diese Information wird als Vorinformation in den Rekonstruktionsalgorithmus eingebracht. Rekonstruktionsalgorithmen, die statistische Methoden verwenden, bieten die Möglichkeit, neben den eigentlichen Meßdaten Zusatzinformation - die *a priori* Information - in die Rekonstruktion einzubringen (Abschnitt 6).

Es sind zwei Wege eingeschlagen worden, um die Vorinformation mathematisch als *a priori* Wahrscheinlichkeitsverteilung zu formulieren.

Zum einen werden mit Hilfe von Markoffzufallsfeldern Wechselwirkungen zwischen benachbarten Pixeln modelliert (Abschnitt 6.1.1). Bei der Wahl eines geeigneten Nachbarschaftssystems, welches die gefundenen anatomischen Grenzen berücksichtigt, wird so innerhalb der anatomischen Grenzen eine homogenere Intensitätsverteilung in den rekonstruierten PET-Bildern angestrebt.

Zum anderen ist für jede der anatomisch zusammenhängenden Regionen ein zu erwartender Mittelwert berechnet worden. Für alle Pixel einer zusammenhängenden Region wird davon ausgegangen, daß ihre Intensitäten gaußverteilt um diesen Mittelwert schwanken (Abschnitt 6.2.1). Damit bezieht sich diese Vorinformation direkt auf den zu berechnenden Intensitätswert des PET-Bildes, wohingegen die erste Vorinformation sich nur über die Beziehung zwischen den benachbarten Pixeln auf den zu berechnenden Intensitätswert auswirkt.

Zur Berechnung der Rekonstruktion mit der so modellierten Vorinformation wird ein sogenannter EM-Typ-Algorithmus angewendet, bei dem abwechselnd ein Erwartungswert- und ein Maximierungsschritt angewendet werden. Ein Ausgangspunkt stellt dabei der ML-EM-Algorithmus [SV82] dar, bei dem die PET-Bilder durch Maximierung der Likelihoodfunktion ohne die Anwendung von Vorinformation rekonstruiert werden (Abschnitt 4.2). Bei der Anwendung von *a priori* Information wird im Gegensatz dazu die *a posteriori* Verteilung maximiert.

Bei Verwendung der Markoffeigenschaft als Vorinformation wird ein verallgemeinerter EM-Algorithmus, ein sogenannter GEM-Algorithmus (generalized-EM-Algorithmus) [Gre90], eingesetzt. Dabei wird statt des Maximierungsschrittes ein Vergrößerungsschritt durchgeführt. Dieser Algorithmus wird entsprechend als Markoff-GEM-Algorithmus bezeichnet (Abschnitt 6.1.2). Bei Verwendung der Gaußverteilung als Vorinformation wird

ein reiner EM-Algorithmus durchgeführt und als Gauß-EM-Algorithmus bezeichnet (Abschnitt 6.2.2).

Die entwickelten Rekonstruktionsalgorithmen sind in drei Schritten getestet worden: mit Simulationsdaten, mit Phantomdaten und mit Patientendaten von Hirnuntersuchungen.

Der größte Vorteil der beiden entwickelten Rekonstruktionsalgorithmen ist die starke Verminderung des Rauschens gegenüber der gefilterten Rückprojektion und dem ML-EM-Algorithmus. Dabei ist die Größe der Parameter, die die Wichtung der Vorinformation angeben, von besonderer Bedeutung. Je stärker die Vorinformation gewichtet wird, desto homogener erscheinen die rekonstruierten Bilder.

Der Zusammenhang der Wichtungparameter der Vorinformation (β und γ) mit der Ereignisdichte in den PET-Datensätzen ist untersucht worden (Abschnitt 7.3.2 und 7.5.2). Es wird eine Berechnungsvorschrift für den Parameter des Markoff-GEM-Algorithmus β vorgeschlagen, wobei mit zunehmender Ereignisdichte ein kleineres β zu wählen ist. Hierbei wird von einer großen homogenen Fläche ausgegangen. Bei der Wahl eines zu großen Wertes für β treten streifenförmige Artefakte in den Bildern auf. Es ist das Ziel, für jede zusammenhängende Region eines Bildes abhängig von der Ereignisdichte ein spezifisches β während des Rekonstruktionsprozesses zu berechnen. Für den entsprechenden Parameter des Gauß-EM-Algorithmus γ konnte eine solche Berechnungsvorschrift nicht gefunden werden.

Des weiteren ist der Einfluß der Objektgröße untersucht worden (Abschnitt 7.3.3 und 7.5.3). Bei kleineren Regionen ist eine Verschlechterung des Recovery-Koeffizienten festgestellt worden.

Bei Verwendung des Markoff-GEM-Algorithmus tritt folgender Effekt auf: Sämtliche Ereignisse, die während der Rekonstruktion einer anatomischen Region zugeordnet werden, verteilen sich durch die angenommene Markoffeigenschaft annähernd gleichmäßig. Damit wird der Intensitätsunterschied, der bei der gefilterten Rückprojektion und beim ML-EM-Algorithmus aufgrund des Partialvolumeneffektes zwischen dem Randbereich und dem mittleren Bereich einer Region auftritt, vermindert. Bei der Hin- und Rückprojektion werden einer Region beim Markoff-GEM-Algorithmus und beim ML-EM-Algorithmus etwa die gleiche Anzahl von Ereignissen zugeordnet. Geht man zum Beispiel von einer niedrigeren Außenkonzentration als Konzentration innerhalb der Region aus, so ist der mittlere Bereich dieser Region im Vergleich zum ML-EM-Algorithmus geringfügig ernied-

rigt. Bei großen Objekten kommt dieser Effekt nicht zur Wirkung. Zum einen ist der Anteil des Randbereiches zur Gesamtfläche einer Region geringer. Zum anderen ist die gleichmäßige Verteilung der Intensitäten ein Effekt der Markoffeigenschaft, der sich iterativ über eine zusammenhängende Region ausbreitet und unter Umständen bei großen Regionen nicht die gesamte Fläche erreicht.

Für den Gauß-EM-Algorithmus gilt ähnliches: Es werden einer Region aufgrund des Partialvolumeneffektes grundsätzlich zu wenig Ereignisse zugeordnet, falls diese Region eine höhere Aktivität aufweist als ihre Umgebung. Insgesamt sind durch die Vorinformation aber sämtliche Ereignisse annähernd gleichmäßig über den gesamten Bereich verteilt. So ist der mittlere Bereich der Region genau wie beim Markoff-GEM-Algorithmus gegenüber dem ML-EM-Algorithmus erniedrigt.

Aus diesem Grunde könnte es sowohl für den Markoff-GEM-Algorithmus als auch für den Gauß-EM-Algorithmus sinnvoll sein, die Punkt-Bild-Funktion der Projektionen bei der Berechnung der Wahrscheinlichkeitskoeffizienten einzubeziehen, um so den Recovery-Koeffizienten auch für kleinere Regionen zu verbessern.

Von besonderer Bedeutung ist die Untersuchung der Auswirkung von fehlerhafter Vorinformation auf die rekonstruierten Bilder. Es ist sowohl der Einfluß unvollständiger Vorinformation als auch der Einfluß kleiner Verschiebungen der Vorinformation untersucht worden.

Zunächst kann es auftreten, daß bei Segmentierung des MRT-Datensatzes Strukturen nicht differenziert werden, die sich innerhalb einer gefundenen anatomischen Region durch einen veränderten Stoffwechsel auszeichnen. Ein Beispiel dafür wäre der stoffwechselaktive Bereich eines Tumors nach einer Behandlung oder die aktivierte Region einer Stimulation während der PET-Messung. Es wurde der Einfluß auf das rekonstruierte Bild untersucht, wenn eine Struktur bezüglich der Vorinformation mit der sie umgebenden Region identifiziert wird (Abschnitt 7.3.4 und 7.5.4).

Für den Markoff-GEM-Algorithmus zeigt sich, daß unabhängig von den Konzentrationsunterschieden zwischen unberücksichtigter Region und dem umgebenden Bereich diese Region im rekonstruierten Bild gegenüber ihrer Umgebung abzugrenzen ist. Der Recovery-Koeffizient war vergleichbar mit dem rekonstruierten Bild bei vollständiger Vorinformation. Bei niedrigen Konzentrationsunterschieden ergibt sich gegenüber dem ML-EM-Algorithmus in den rekonstruierten Bildern der folgende Vorteil: Aufgrund des geringeren

Rauschens beim Markoff-GEM-Algorithmus läßt sich die unberücksichtigte Region im Bild besser erkennen als bei dem entsprechenden Bild des ML-EM-Algorithmus. Dort geht die Region im Rauschen unter.

Für den Gauß-EM-Algorithmus ergeben sich größere Abweichungen für die rekonstruierten Konzentrationen. Dies ist besonders bei hohen Konzentrationsunterschieden zwischen unberücksichtigter Region und Umgebung der Fall. Da bei der Berechnung der Mittelwerte für die Vorinformation beide Regionen zusammengefaßt werden, ergeben sich große Fehler, die sich in die rekonstruierten Bilder fortpflanzen. Bei kleinen Konzentrationsunterschieden sind diese Fehler entsprechend geringer.

Bei den heute zur Verfügung stehenden Überlagerungsmethoden treten Ungenauigkeiten zwischen dem PET- und dem MRT-Datensatz von 2 bis 3 mm auf. Es ist der Einfluß einer bis zu 5 mm verschobenen Vorinformation untersucht worden (Abschnitt 7.3.5 und 7.5.5).

Die Mittelwerte innerhalb einer zusammenhängenden Region sind beim Markoff-GEM-Algorithmus durch kleine Verschiebungen der Vorinformation um bis zu 7% verändert. Dabei gilt für die betrachteten Verschiebungen bis zu 5 mm, daß der Hauptanteil der Veränderung bereits bei einer Verschiebung von 2 mm erreicht ist.

Für den Gauß-EM-Algorithmus ergeben sich durch die verschobene Vorinformation wesentlich größere Veränderungen in den rekonstruierten Bildern. Die Mittelwerte in den zusammenhängenden Regionen waren bei dem Hoffmann-Gehirn-Phantom um 40% erniedrigt für die graue Substanz und um 80% erhöht für die weiße Substanz. Diese starken Veränderungen haben ebenso wie die Veränderungen bei unvollständiger Vorinformation ihren Grund in der falschen Berechnung der Mittelwerte für die Gaußverteilung der Vorinformation. In den rekonstruierten Bildern ist die gesamte Struktur des Objektes mit veränderten Intensitäten verschoben.

Für die in dieser Arbeit verwendeten Gehirndaten (Abschnitt 7.6) muß von einer nicht hinreichend genauen Überlagerung von PET- und MRT-Datensatz ausgegangen werden. Für den Markoff-GEM-Algorithmus zeigen sich deshalb in den rekonstruierten Bildern erst bei sehr großen Werten von β scharfe Kanten zwischen der weißen und der grauen Substanz. Bei diesen β -Werten ist die Wichtung der Vorinformation jedoch so stark, daß eine starke Glättung über den gesamten Bereich der zusammenhängenden anatomischen Regionen eintritt. Für den Gauß-EM-Algorithmus sind die Kanten klar zu erkennen, was

mit der strengeren Vorinformation zu begründen ist. Aufgrund der Erfahrungen mit den Phantomdaten ist jedoch mit ungenauen Intensitätswerten zu rechnen.

Neben der ungenauen räumlichen Zuordnung von PET- und MRT-Datensätzen kann auch die Segmentierung der MRT-Daten Probleme beinhalten. Bei der verwendeten PET-Geometrie hat ein Pixel im PET-Bild eine Ausdehnung von 2×2 mm in der Ebene und 6,4 mm in der Tiefe. So kann ein Pixel Anteile verschiedener anatomischer Regionen beinhalten. Neben den Pixeln, die der weißen Substanz zugeordnet sind, und den Pixeln, die der grauen Substanz zugeordnet sind, gibt es auch Mischpixel. Aus diesem Grund ist es schwierig, genaue Grenzen zwischen den zusammenhängenden anatomischen Räumen im PET-Koordinatensystem zu definieren, selbst wenn von einer genauen Segmentierung des MRT-Datensatzes ausgegangen wird. Zum effektiveren Einsatz von Rekonstruktionsalgorithmen, die mit anatomischer Vorinformation arbeiten, wäre es von Vorteil, mit dünneren PET-Schichten zu arbeiten, als dies momentan der Fall ist.

Mit den in dieser Arbeit entwickelten Algorithmen, dem Markoff-GEM-Algorithmus und dem Gauß-EM-Algorithmus, ist es möglich, anatomische Information eines MRT-Datensatzes bei der Rekonstruktion eines zugehörigen PET-Datensatzes zu nutzen. Gegenüber den konventionellen Rekonstruktionsalgorithmen ergibt sich für diese Algorithmen eine starke Verminderung des Rauschens bei einer gleichzeitigen Verstärkung der Kanten zwischen den anatomischen Regionen. Bei der Anwendung fehlerhafter Vorinformation hat sich der Markoff-GEM-Algorithmus als stabil erwiesen. Strukturen, die in der Vorinformation fehlen, lassen sich bei Anwendung des Markoff-GEM-Algorithmus unter Umständen besser erkennen als bei Anwendung des ML-EM-Algorithmus. Verschobene Strukturen in der Vorinformation bewirken nur geringfügige Veränderungen der Intensitäten im rekonstruierten Bild. Ein wichtiger Schritt zum routinemäßigen Einsatz des Markoff-GEM-Algorithmus ist jedoch eine genauere Überlagerung von PET- und MRT-Datensatz, als dies momentan möglich ist.

Kapitel 9

Literaturverzeichnis

- [BBE80] M. Bergström, C. Bohm und K. Ericson. *Corrections for attenuation, scattered radiation, and random coincidence in a ring detector positron emission transaxial tomograph*. IEEE Transactions on Nuclear Science, 27:435–444, 1980.
- [BEB83] M. Bergström, L. Eriksson und C. Bohm. *Correction for scattered radiation in a ring detector positron camera by integral transformation of the projections*. Journal of Computer Assisted Tomography, 7(1):42–50, 1983.
- [Bes74] Julien Besag. *Spatial interaction and the statistical analysis of lattice systems*. J. R. Statist. Soc. B, 36(2):192–236, 1974.
- [Buc93] Hans Georg Buchholz. *Entwicklung eines Programms zur automatisierten räumlichen Zuordnung von PET- und MRT-Bildern*. Diplomarbeit, Fachhochschule Aachen, Abteilung Jülich, Juni 1993.
- [Car86] R. E. Carson. *A maximum likelihood method for region-of-interest evaluation in emission tomography*. Journal of Computer Assisted Tomography, 10:654–663, 1986.
- [Cen83] Y. Censor. *Finite series expansion reconstruction methods*. Proceedings of the IEEE, 71(3):409–419, 1983.

- [CJW90] Chin-Tu Chen, V. E. Johnson und Wing H. Wong. *Bayesian image reconstruction in positron emission tomography*. IEEE Transactions on Nuclear Science, 37(2):636–641, 1990.
- [CLK90] H. E. Cline, W. E. Lorensen und R. Kikinis. *Three-dimensional segmentation of MR images of the head using probability and connectivity*. Journal of Computer Assisted Tomography, 14(6):1037–1045, 1990.
- [Der86] H. Derin. *The use of Gibbs distributions in image processing*. In: H. V. Poor I. F. Blake (Hrsg.), *Communications and Networks. A Survey of Recent Advances*, Seiten 266–298, Springer-Verlag, New York, 1986.
- [DLR77] A. P. Dempster, N. M. Laird und D. B. Rubin. *Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm*. J. R. Statist. Soc. B, 39:1–38, 1977.
- [Dob68] P. L. Dobruschin. *The description of a random field by means of conditional probabilities and conditions of its regularity*. Theory of Probability and its Applications, 13(2):197–224, 1968.
- [Ess94] Norbert Esseling. *Parallele Algorithmen und Werkzeuge für die Zuordnung funktionaler und anatomischer Daten auf der Basis von PET- und MRT-Volumendaten*. Diplomarbeit, RWTH Aachen, Lehrstuhl für Technische Informatik und Computerwissenschaften, März 1994.
- [GG84] Stuart Geman und Donald Geman. *Stochastic Relaxation, Gibbs Distributions, and the Bayesian Restoration of Images*. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 6(6):721–740, 1984.
- [GM85] S. Geman und D. McClure. *Bayesian image analysis: An application to single photon emission tomography*. Proc. Statist Comput. Sect., Amer. Statist. Assoc., 12–18, 1985.
- [GM87] S. Geman und D. McClure. *Statistical methods for tomographic image reconstruction, ISI Tokyo session*. Bull. Int. Statist. Inst., 4:5–21, 1987.
- [Gre81] U. Grenander. *Abstract inference*. Wiley, New York, 1981.

- [Gre90] Peter J. Green. *Bayesian reconstructions from emission tomography data using a modified EM algorithm*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 9(1):84–93, 1990.
- [Gri76] D. Griffeath. *Introduction to random fields*. In: A. Knapp J. Kemeny, L. Snell (Hrsg.), *Denumerable Markov Chain*, Seiten 425–458, Springer, New York, 1976.
- [HL87] Hiram Hart und Zhengrong Liang. *Bayesian image processing in two dimensions*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 6(3):201–208, 1987.
- [HL89] T. Hebert und R. Leahy. *A generalized EM algorithm for 3-D bayesian reconstruction from poisson data using gibbs priors*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 8:194–202, 1989.
- [HMB93] D. Hellwig, B. Müller und R. Bares. *Echt dreidimensionale iterative Maximum-Likelihood-Rekonstruktion für klinische PET-Untersuchungen*. Nuklear Medizin, 32(2):119, 1993.
- [IK73] E. Isaacsen und H. B. Keller. *Analyse numerischer Verfahren*. Verlag Harri Deutsch, Zürich und Frankfurt am Main, 1973.
- [Isi25] E. Ising. *Beitrag zur Theorie des Ferromagnetismus*. Zeitschrift Physik, 31:253, 1925.
- [Joh89] V. E. Johnson. *On statistical image reconstruction*. Dissertation, University of Chicago, Department of Statistics, 1989.
- [KS80] R. Kinderman und J. L. Snell. *Markov random fields and their applications*. RI: Amer. Math. Soc., 1980.
- [Lan90] K. Lange. *Convergence of EM image reconstruction algorithms with gibbs smoothing*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 9:439–446, 1990.
- [LC84] Kenneth Lange und Richard Carson. *EM reconstruction algorithms for emission and transmission tomography*. Journal of Computer Assisted Tomography, 8(2):306–316, 1984.
- [Lew83] Robert M. Lewitt. *Reconstruction algorithms: transform methods*. Proceedings of the IEEE, 71(3):390–408, 1983.

- [LH87] Emanuel Levitan und Gabor T. Herman. *A maximum a posteriori probability expectation maximization algorithm for image reconstruction in emission tomography*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 6(3):185–192, 1987.
- [LHK94] B. Lipinski, H. Herzog, E. Rota Kops und H. W. Müller-Gärtner. *Iterative Rekonstruktion von PET-Bildern unter Einbeziehung von anatomischer Information*. Nuklear Medizin, 33(2):A17, 1994.
- [PCS89] C. A. Pelizzari, G. T. Y. Chen und D. R. Spelbring. *Accurate three-dimensional registration of CT, PET, and/or MR images of the brain*. Journal of Computer Assisted Tomography, 13(1):20–26, 1989.
- [Rad17] J. Radon. *On the determination of functions from their integrals along certain manifolds*. Ber. Sachs. Akad. Wiss., 29:262–277, 1917.
- [RHS90] E. Rota Kops, H. Herzog, A. Schmid et al. *Performance characteristics of an eight-ring whole body PET Scanner*. Journal of Computer Assisted Tomography, 14(3):437–445, 1990.
- [SBD94] P. Schmidlin, M. E. Bellmann und J. Doll. *Iterative PET-Bildrekonstruktion: Einfluß der Projektionsmethode auf das Rauschen*. Nuklear Medizin, 33(2):A78, 1994.
- [SCK86] R. B. Schwinger, S. L. Cool und M. A. King. *Area weighted convolutional interpolation for data reprojection in single photon emission computed tomography*. Medical Physics, 13(3):350–353, 1986.
- [Set92] Bernd Setzepfand. *ESNM: Ein rauschunterdrückendes EM-Verfahren für die Emissionstomographie*. Dissertation, Westfälische Wilhelms-Universität Münster, mathematisch-naturwissenschaftliche Fakultät, Juli 1992.
- [SMT87] D. L. Snyder, M. I. Miller und L. J. Thomas. *Noise and Edge artifacts in maximum-likelihood reconstructions for emission tomography*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 6:228–238, 1987.
- [SV82] L. A. Shepp und Y. Vardi. *Maximum Likelihood Reconstruction for Emission Tomography*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1(2):113–122, 1982.

-
- [VL87] E. Veklerov und J. Llacer. *Stopping rule for the MLE algorithm based on statistical hypothesis testing*. IEEE Transactions on Medical Imaging, 6:313–319, 1987.
- [VSK85] Y. Vardi, L. A. Shepp und L. Kaufman. *A statistical model for positron emission tomography*. Journal of the American Statistical Association, 80(389):8–20, 1985.
- [Zie92] Karl Ziemons. *Optimierung der Bildauflösung eines Positronen-Emissions-Tomographen*. Dissertation, RWTH Aachen, mathematisch-naturwissenschaftliche Fakultät, November 1992.

Anhang A

Abkürzungen

BGO	Wismuthgermanat (bismuth germanate)
CT	Computertomographie
EM-Algorithmus	Expectation-Maximization-Algorithmus
FDG	Fluordeoxyglukose
GEM-Algorithmus	Generalized-Expectation-Maximization-Algorithmus
GS	Graue Substanz
MAP-Algorithmus	Maximum a posteriori-Algorithmus
ML	Maximum-Likelihood
ML-EM-Algorithmus	Maximum-Likelihood-Expectation-Maximization-Algorithmus
MRF	Markoffzufallsfeld (Markoff-Random-Field)
MRT	Magnet-Resonanz-Tomographie
PET	Positronen-Emissions-Tomographie
RK	Recovery-Koeffizient
ROI	Region of Interest
SD	Standardabweichung
SPECT	Single-Photonen-Emissions-Computer-Tomographie
WS	Weiß Substanz

Anhang B

Mathematische Symbole

$X, Y, Z, \dots$	Zufallsvektoren
$X_i, Y_j, \dots$	Komponenten eines Zufallsvektors
$x, y, z, \dots$	Realisationen der Zufallsvektoren $X, Y, Z, \dots$
$P(X = x), P(x)$	Wahrscheinlichkeit einer diskreten Verteilung
$p(x)$	Verteilungsfunktion einer kontinuierlichen Verteilung
λ	Parametervektor eines Zufallsvektors
$L(\lambda/x)$	Likelihoodfunktion von λ bei gegebener Stichprobe x
$l(\lambda)$	Loglikelihoodfunktion von λ
$\partial f(x)/\partial x_i$	Richtungsableitung erster Ordnung
$\partial^2 f(x)/\partial x_i \partial x_j$	Richtungsableitung zweiter Ordnung
$v'(r)$	erste Ableitung einer univariaten Funktion
$v''(r)$	zweite Ableitung einer univariaten Funktion
$\hat{\lambda}$	Schätzer von λ
$E_X[f(x)]$	Erwartungswert von $f(x)$ bezüglich X
$E_X[f(x)/\dots]$	bedingter Erwartungswert von $f(x)$ bezüglich X
$\{x, y, z, \dots\}$	Menge
$\{(x, y) \dots\}$	Menge mit Bedingung
η	Nachbarschaftssystem
$V_C(\lambda)$	Potentialfunktion einer Gibbsverteilung bezüglich der Clique C
$U(\lambda)$	Energiefunktion einer Gibbsverteilung
Z	Partitionsfunktion einer Gibbsverteilung

$\sum_i$	Summe über alle i des Definitionsbereiches
$\prod_j$	Produkt über alle j des Definitionsbereiches
$\exp$	Exponentialfunktion
$\ln$	natürlicher Logarithmus
$\cosh$	Cosinus hyperbolicus
$!$	Fakultätsfunktion
$\propto$	proportional zu
$:=$	definiert
$\equiv$	identisch gleich
$ M $	Anzahl der Elemente der Menge M
$\in$	Element
$\notin$	nicht Element
$\subset$	Teilmenge
$\iff$	genau dann wenn
$\implies$	es folgt
$\forall_x$	für alle x
$\exists_x$	es existiert ein x
$\cap$	Schnittmenge

Anhang C

Bezeichnungen für das statistische Modell einer PET-Messung

X	Zufallsvektor für die Anzahl der Zerfälle in der Bildmatrix
Y	Zufallsvektor für die Anzahl der Zerfälle in den Detektorpaaren
Z	Anzahl der Zerfälle in der Bildmatrix aufgeteilt auf die Detektorpaare
D	Anzahl der Detektorpaare
B	Anzahl der Pixel in der Bildmatrix
i	Indizierung der Bildmatrix
j	Indizierung der Detektorpaare
p_{ij}	Wahrscheinlichkeit, daß ein Zerfall aus Pixel i in Detektorpaar j aufgenommen wird
N	Anzahl der insgesamt stattfindenden Zerfälle pro Bildebene
λ	gesuchter Mittelwertsvektor von X , der Bildmatrix
λ_Z	Mittelwertsvektor von Z
λ_Y	Mittelwertsvektor von Y
$t_i(z)$	ausreichende Statistik zur Schätzung von λ ($t_i(z) = \sum_j z_{ij}$)

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. rer. nat. W. Oberschelp, Inhaber des Lehrstuhls für angewandte Mathematik insbesondere Informatik an der Rheinisch-Westfälischen Technischen Hochschule Aachen, für seine Unterstützung durch stete Bereitschaft zur Diskussion und für die Übernahme des Referats.

Die vorliegende Arbeit entstand am Institut für Medizin des Forschungszentrums Jülich innerhalb der PET-Gruppe. Dem ehemaligen Direktor dieses Institutes Herrn Prof. Dr. med. L. Feinendegen danke ich für die Möglichkeit, diese Arbeit an seinem Institut anfertigen zu können. Seinem Nachfolger, Herrn Professor Dr. med. H. W. Müller-Gärtner, danke ich für sein Interesse an der Aufgabenstellung, für die Unterstützung der Arbeit und für die Übernahme des Korreferats.

Herrn Priv.-Doz. Dr.-Ing. H. Herzog, Leiter der PET-Gruppe, danke ich für die Unterstützung bei der Einarbeitung in die interdisziplinäre Fragestellung und für die konstruktiven Diskussionen.

Schließlich danke ich meinen Kollegen in der PET-Gruppe, insbesondere Frau Dr. rer. nat. Rota Kops, für die gute Zusammenarbeit.

Jül-3160
Dezember 1995
ISSN 0944-2952