

Untersuchungen zur Bildrekonstruktion für die hochauflösende Positronen-Emissions-Tomographie am Beispiel des ClearPETTM Neuro

Dissertation
zur Erlangung der Doktorwürde
des Fachbereichs C / Physik
der Bergischen Universität Wuppertal

vorgelegt von
Patrick Musmann
aus
Salzgitter Bad

erstellt am
Zentralinstitut für Elektronik
Forschungszentrum Jülich GmbH
August 2006

Diese Dissertation kann wie folgt zitiert werden:

urn:nbn:de:hbz:468-20070538

[<http://nbn-resolving.de/urn/resolver.pl?urn=urn%3Anbn%3Ade%3Ahbz%3A468-20070538>]

Dekan:

Erster Gutachter:

Zweiter Gutachter:

Tag der mündlichen Prüfung:

Tag der Promotion:

Prof. Dr. Reint Eujen

Prof. Dr. Uwe Pietrzyk

Prof. Dr. Peter Mättig

5. Dezember 2006

für den Frieden in der Welt -
und für meine Mutter

Die Positronen-Emission-Tomographie (PET) ist ein bildgebendes Verfahren, das in vivo Einblicke in die physiologischen Vorgänge von Organismen ermöglicht. Das Verfahren kommt dabei sowohl im klinischen Bereich, als auch in der Grundlagenforschung zur Anwendung. Mit der fortschreitenden Entwicklung und Verbreitung der Tomographentechnik werden dabei neue Anforderungen an die Bildrekonstruktion gestellt. Speziell die Grundlagenforschung nutzt dabei immer kleinere Detektorsysteme, um eine höhere Auflösung zu erreichen. Ferner werden spezielle Datenformate verwendet, die eine Vielzahl an zusätzlichen Informationen bei der Messung speichern.

Ziel dieser Arbeit war die Untersuchung inwieweit sich durch die Implementation neuer Ansätze in die Bildrekonstruktionsverfahren, der gestiegene Anspruch an eine höhere Sensitivität und räumliche Auflösung verwirklichen lässt.

In dieser Arbeit wird ein Bildrekonstruktionsverfahren vorgestellt und implementiert, das durch eine genaue Modellierung der Detektorgeometrie des Tomographen eine Verbesserung im Bezug auf die räumliche Auflösung liefert. Das Rekonstruktionsverfahren basiert auf dem bereits existierenden Ordered-subset-Algorithmus für List-mode-Daten. Der Vorteil des List-mode-Ansatzes besteht dabei darin, dass alle akquirierten Messdaten in die Rekonstruktion mit einbezogen werden können.

Durch die Kombination einer List-mode-Rekonstruktion mit einer genauen Modellierung der Detektorgeometrie konnte eine wesentliche Steigerung der Bildqualität gegenüber der üblichen Rekonstruktion von Projektionen erzielt werden, wie an Beispielen von Messdaten des hochauflösenden ClearPETTM Neuro gezeigt wird.

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	8
2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)	10
2.1. Physikalische Grundlagen	10
2.1.1. Wechselwirkungen zwischen Photonen und Materie	14
2.2. Photoeffekt	17
2.2.1. Compton-Effekt	18
2.3. Detektortechnik	20
2.3.1. Szintillatoren	21
2.3.2. Nachweis des Szintillationslichtes	22
2.4. Koinzidenztomographie	24
2.5. Datenformate	24
2.5.1. Projektionsformat	25
2.5.2. List-mode-Format	30
3. ClearPET™ Neuro	32
3.1. Technischer Aufbau	32
3.2. Datenakquisition und Datenformate	35
4. Bildrekonstruktion	37
4.1. Klassifikation	37
4.2. Analytische Methoden	40
4.2.1. 2D Fourierscheibentheorem	41
4.2.2. 2D Gefilterte Rückprojektion (FBP)	43
4.2.3. 3D Gefilterte Rückprojektion (3DRP)	47
4.2.4. Rebinning-Methoden	50
4.2.4.1. Single-Slice-Rebinning (SSR)	52
4.2.4.2. Multi-Slice-Rebinning (MSR)	52
4.2.4.3. Fourier-Rebinning (FORE)	52
4.3. Algebraische Methoden	54
4.3.1. Statistische Methoden	58
4.3.1.1. Maximum-Likelihood Expectation-Maximization (ML-EM)	59
4.3.1.2. Ordered-Subset Expectation-Maximization (OS-EM)	65
4.3.1.3. List-mode Expectation-Maximization (LM-EM)	69

5. Berechnung der Systemmatrix \mathbf{A}	71
5.1. Faktorisierung der Systemmatrix	72
5.2. Berechnung der geometrischen Gewichtsmatrix \mathbf{A}_{geom}	74
5.2.1. Räumlich-invariante Gewichtung	74
5.2.2. Räumlich-variante Gewichtung	75
5.3. Ray-tracing der Systemmatrix	78
6. Simulation (Validierung des Ray-tracing-Algorithmus)	86
6.1. GATE (GEANT4 Application for Tomographic Emission)	86
6.2. Aufbau der Simulation	88
6.3. Methodik der Auswertung	90
6.4. Ergebnisse	90
6.4.1. Direkte LOR	92
6.4.2. Schräge LOR	96
7. Rekonstruktionsbeispiele	101
7.1. Homogener Zylinder	101
7.2. Derenzo-Phantome	103
7.3. Knochenmessung einer Ratte	105
8. Diskussion und Ausblick	108
A. GATE Macros	109
B. LMF ASCII-Header	113
Literaturverzeichnis	115

1. Einleitung

Die Positronen-Emissions-Tomographie gehört zu den bildgebenden Verfahren der Nuklearmedizin. Mit ihr lassen sich physiologische Vorgänge am lebenden Objekt untersuchen. Das Verfahren wird sowohl zur Grundlagenforschung eingesetzt, um die biochemischen Vorgänge in Organismen zu untersuchen und zu verstehen, als auch im klinischen Bereich zur Diagnostik und Kontrolle von Therapien.

Bei der PET kommen dabei Positronen emittierende Radionuklide zum Einsatz, die an spezifische Stoffwechselformen gebunden werden. Diese werden in geringen Mengen in den Körper injiziert und verteilen sich dort im Gewebe je nach ihrer spezifischen Funktion. Die beim Zerfall des Nuklides entstehenden Photonen verlassen in der Regel den Körper und werden von den Detektoren des Tomographen registriert. Um die räumliche Verteilung der Zerfallsorte im Objekt zu bestimmen kommen dann spezielle Rekonstruktionsverfahren zum Einsatz.

Obwohl die PET grundsätzlich ein dreidimensionales Verfahren ist, wurde seit ihrem Beginn in der Mitte der 70er Jahre die Registrierung der Positronen weitestgehend auf parallele Schichten beschränkt, indem die einzelnen Ebenen für schräg emittierte Strahlung durch sogenannte Septen gegeneinander abgeschirmt wurden. Das Objekt wurde dann schichtweise mit Fourier-basierten Methoden rekonstruiert und zusammengesetzt. Der durch die Abschirmung verbundene Sensitivitätsverlust musste dabei in Kauf genommen werden, da die damalige Technik bzw. Rechenleistung noch nicht ausreichte, um eine echte dreidimensionale Datenakquisition und -rekonstruktion durchzuführen. Mit zunehmendem Bedarf an höherer Sensitivität und fortschreitender Entwicklung der Computertechnik wurden Ende der 80er Jahre erste Methoden zur echten dreidimensionalen Datenaufnahme und -verarbeitung entwickelt.

Bereits Anfang der 80er Jahre kamen mit dem Maximum-Likelihood-Algorithmus von Shepp u. Vardi (1982) die ersten statistischen Rekonstruktionsverfahren auf, die eine signifikante Verbesserung der Bildqualität gegenüber der früh zum Standard avancierten gefilterten Rückprojektion mit sich brachten, indem sie den Entstehungs- und Detektionsprozess der Strahlung in die Bildrekonstruktion mit einbezogen. Der statistische Rekonstruktionsansatz resultiert dabei in einer iterativen Lösungssuche, mit dem auch wieder ein erhöhter Rechenaufwand verbunden ist.

Heutzutage werden speziell für die Grundlagenforschung immer kompaktere Systeme entwickelt, die für Studien an Kleintieren gedacht sind. Ziel dabei ist es, neben einer hohen räumlichen Auflösung auch eine hohe Sensitivität zu erreichen. Die räumliche Auflösung wird in der Regel durch den Querschnitt der Detektoren und den Ringdurchmesser bestimmt. Dabei stehen immer kleiner werdende Detektoren jedoch im Widerspruch zu

einer hohen Sensitivität. Man verwendet deshalb relativ lange Detektoren mit einer kleinen Grundfläche. Um den damit einhergehenden Auflösungsverlust im Randbereich des Messfeldes zu reduzieren, werden zunehmend die Detektoren in mehreren Lagen aufgebaut, wodurch man Informationen über die Tiefe der Wechselwirkung erhält.

Viele dieser Systeme zeichnen die registrierten Photonen direkt in der Reihenfolge ihres zeitlichen Auftretens in dem sogenannten List-mode-Format auf. Das Datenformat hat gegenüber dem klassischen Projektions- oder Sinogrammansatz vor allem den Vorteil, dass die Messdaten in ihrer höchstmöglichen räumlichen und zeitlichen Auflösung vorliegen. Zusätzlich können zu jedem Photon weitere relevante, während der Messung akquirierte Parameter gespeichert werden. Werden die List-mode-Informationen zur Rekonstruktion eingesetzt, kann in der Regel eine Steigerung der Bildqualität erwartet werden. Allerdings ist die Rekonstruktion direkt von List-mode-Daten meist wesentlich rechenintensiver als die Rekonstruktion von Projektionen, da unter anderem wesentlich größere Datenmengen prozessiert werden müssen. Das Problem wird durch die wachsende Anzahl der Detektoren moderner Tomographen weiter verstärkt. Die hochauflösende Tomographie stellt damit nicht nur neue Herausforderungen an die Rekonstruktionsverfahren, sondern auch an moderne Computerhardware.

Ziel dieser Arbeit war die Entwicklung und Implementation eines Rekonstruktionsverfahrens für das ClearPETTM Neuro, einem dedizierten, hochauflösenden Kleintiertomographen. Dabei sollte der Vorteil der List-mode-Akquisition in die Rekonstruktion mit einfließen, mit dem Ziel, die räumliche Auflösung der Messdaten optimal zu nutzen. Als Basisalgorithmus wird dafür der Maximum-Likelihood-Algorithmus für List-mode-Daten und dessen Erweiterung für geordnete Untermengen verwendet. Um die räumliche Auflösung zu optimieren, wurde dabei ein genaues Modell des Messvorgangs in der Systemmatrix implementiert, das den Parallaxeneffekt und die Tiefenkodierung der Detektoren berücksichtigt. Zusätzlich wurde Wert darauf gelegt, dass die Rekonstruktion parallel auf mehreren Standard-Workstations und -PCs durchgeführt werden konnte, um akzeptable Rechenzeiten zu ermöglichen.

In dieser Arbeit werden zunächst die allgemeinen physikalischen Grundlagen der PET vorgestellt, die bei dem Messvorgang eine Rolle spielen (Kapitel 2). Anschließend erfolgt die Beschreibung des ClearPETTM Neuro Tomographen (Kapitel 3). Nach der Erläuterung der Theorie der verschiedenen Rekonstruktionsansätze (Kapitel 4), werden in Kapitel 5 die bereits existierenden Ansätze zu Berechnung der Systemmatrix vorgestellt, bevor an dessen Schluss das im Rahmen dieser Arbeit entwickelte Verfahren zur Berechnung des Systemmodells vorgestellt und diskutiert wird.

In Kapitel 6 wird dann das vorgestellte Modell anhand von Monte-Carlo-Simulationen überprüft. Anschließend wird das Verfahren an realen Messungen getestet und mit der Standardrekonstruktion von Projektionen verglichen (Kapitel 7). Abschließend erfolgt in Kapitel 8 die Zusammenfassung und Diskussion der Ergebnisse.

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

Die Positronen-Emissions-Tomographie ist ein nichtinvasives, bildgebendes Verfahren der Nuklearmedizin. Mit ihr lassen sich funktionelle Vorgänge in Organismen (Menschen, Tiere und Pflanzen) *in vivo* untersuchen. Dazu wird für eine PET-Untersuchung ein radioaktives Präparat, der sogenannte Tracer, in den Stoffwechsel eingebracht und anschließend dessen Verteilung im Körper bestimmt. Als Tracer kommen dabei Positronen-emittierende Radionuklide zum Einsatz. Die Bestimmung der Tracerverteilung im Körper geschieht dabei über eine tomographische Messung.

Die Möglichkeit Änderungen im Stoffwechsel untersuchen zu können, ist der größte Vorteil der emissions-tomographischen Methoden wie PET und SPECT, da andere tomographische Modalitäten (z. B. CT oder MRT) lediglich anatomische Informationen wiedergeben. Das Haupteinsatzgebiet der PET ist der klinische Bereich, wo sie vor allem in der Onkologie zur Lokalisation und Kontrolle von malignen Tumoren eingesetzt werden. Das Verfahren findet aber auch in der Neurologie und Kardiologie seine Anwendung. Ein weiteres wichtiges Anwendungsgebiet dieses Verfahrens findet sich in der Forschung und Entwicklung von neuen Medikamenten. Dabei werden meist besonders hochauflösende Tomographen eingesetzt, die speziell auf die Anforderungen kleiner Labortiere zugeschnitten sind.

In diesem Kapitel sollen die grundlegenden Aspekte der PET vorgestellt werden und die physikalischen Prozesse beschrieben, die bei PET-Messungen involviert sind und zu den Messdaten führen. Abschließend werden die verschiedenen Datenformate behandelt, in denen tomographischen Messdaten gespeichert werden.

2.1. Physikalische Grundlagen

Die in der PET eingesetzten Radionuklide sind β^+ -Strahler, die sich in der Regel durch kurze Halbwertszeiten auszeichnen. Ferner wählt man im wesentlichen solche Nuklide, die möglichst ausschließlich einen β^+ -Zerfall haben, damit durch sie die Strahlungsbelastung nicht unnötig erhöht wird. Tabelle 2.1 listet verschiedene Positronen-Strahler auf. Die gebräuchlichsten sind dabei ^{11}C (Kohlenstoff), ^{13}N (Stickstoff) und ^{15}O (Sauerstoff), die in unveränderter Form die Basis für organische Moleküle bilden. Mit ^{18}F (Fluor) kön-

2.1. Physikalische Grundlagen

RADIOISOTOP:	$^{11}_6C$	$^{13}_7N$	$^{15}_8O$	$^{18}_9F$
Halbwertszeit [min]	20,3	10,0	2,1	109,8
Wahrscheinlichste Energie [MeV]	0,326	0,432	0,696	0,202
Maximale Energie [MeV]	0,959	1,197	1,738	0,633
Max. Reichweite in H_2O [cm]	0.5	0.54	0.82	0.24
Reichweite in H_2O (FWHM) [cm]	0,111	0,142	0,149	0,102
Reichweite in H_2O (FWTM) [cm]	0,219	0,278	0,357	0,18
Produktionsreaktionen	$^{10}B(d, n)$ $^{11}B(p, n)$ $^{14}N(p, \alpha)$	$^{12}C(d, n)$ $^{13}C(p, n)$ $^{16}O(p, \alpha)$	$^{14}N(d, n)$ $^{15}C(p, n)$	$^{18}O(p, n)$ $^{20}Ne(d, \alpha)$
Wahrscheinlichkeit des β^+ -Zerfalls [%]	99,8	99,8	99,9	96,9
Stabiles Zerfallsprodukt	$^{11}_5B$	$^{13}_6C$	$^{15}_7N$	$^{18}_8O$

Tabelle 2.1.: Positronenemittierende Isotope für die PET und deren Eigenschaften (Townsend u. Defrise 1993).

Tracer	Medizinischer Anwendungsbereich
Physiologie	
^{15}O Wasser, ^{15}O Butanol, $C^{15}O_2$	Durchblutung
^{11}CO , $C^{15}O$, ^{68}Ga -EDTA	Blutvolumen
Metabolismus und Biosynthese	
2- ^{18}F Fluoro-2-Deoxy-D-Glukose (FDG)	Glukosemetabolismus
2- ^{11}C Deoxy-D-Glukose	
$^{15}O_2$	Sauerstoffverbrauch
^{11}C - und ^{11}F -Aminosäuren	Proteinsynthese
Neurorezeptoren und -transmitter	
^{11}C Raclopride	Dopaminrezeptor
^{11}C Methylspiperone	
6- ^{18}F Fluoro-L-DOPA	
4- ^{18}F Fluoro-m-Tyrosin	

Tabelle 2.2.: Beispiele biologischer Tracer für die PET (Pietrzyk 1997)

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

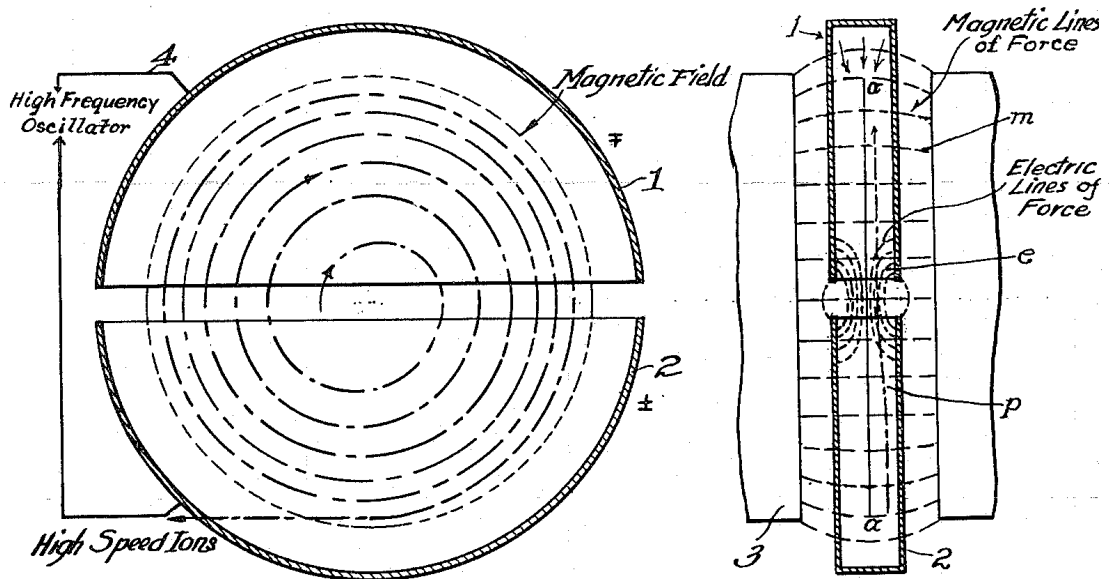
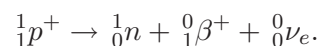


Abbildung 2.1.: Schematischer Aufbau und Funktionsweise eines Zyklotrons aus dem Patent von Lawrence (1934). Das Zyklotron besteht prinzipiell aus zwei D-förmigen Elektroden (1, 2), den sogenannten Dees, die zwischen den Polen eines großen Magneten (3) eingebaut sind. Das äußere Magnetfeld zwingt dabei geladene Teilchen durch die Lorentzkraft auf eine Kreisbahn. An den Dees liegt nun eine hochfrequente Wechselspannung (4, e) an, so dass die geladene Teilchen in einem Spalt zwischen den Dees beschleunigt werden. Durch die zunehmende kinetische Energie bewegen sich die Teilchen dann spiralförmig nach außen.

nen außerdem Wasserstoff- oder Hydroxylgruppen substituiert werden. Tabelle 2.2 listet einige biologische Tracer mit dem entsprechenden medizinischen Anwendungsbereich auf.

Die überwiegende Zahl der Radionuklide wird künstlich in einem Zyklotron (Abbildung 2.1) synthetisiert. Hierin werden die Kerne stabiler Ausgangselemente, sogenannte Targets, mit hochenergetischen Protonen (${}^1_1p^+$ bzw. ${}^1_1H^+$), Deuteronen (${}^2_1d^+$ bzw. ${}^2_1H^+$) oder Wasserstoffionen (${}^1_1H^-$) beschossen, so dass ein Protonenüberschuss im Kern des Targets entsteht und der Kern instabil wird. Die Wahl des Targets hängt dabei von dem gewünschten Radionuklid und der Produktionsreaktion ab (s. Tabelle 2.1).

Eine Möglichkeit für den protonenreichen Kern nun wieder in einen stabilen Zustand zu gelangen besteht in dem sogenannten β^+ -Zerfall, bei dem sich ein Proton p in ein Neutron n , ein Positron β^+ und ein Elektron-Neutrino ν_e umwandelt



Das Neutron verbleibt dabei im Kern, so dass das Tochterelement Y nach dem Zerfall die

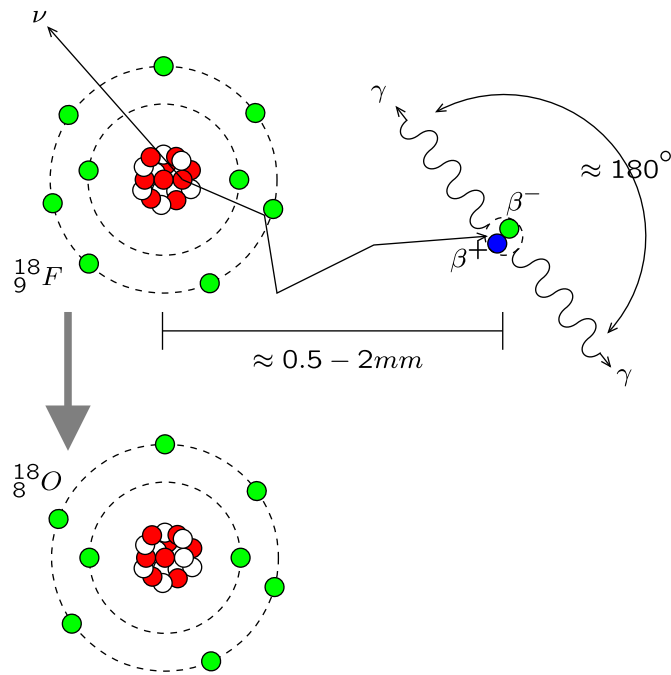


Abbildung 2.2.: β^+ -Zerfall am Beispiel von ^{18}F und anschließende Annihilation des Positrons (blau) mit einem Elektron (grün). Die entstanden γ -Quanten haben jeweils eine Energie von 511keV .

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

gleiche Massenzahl A , aber eine um 1 geringere Kernladungszahl Z als das Mutterelement X besitzt



Die beim Kernzerfall freiwerdende Energie, die sich aus der Massendifferenz zwischen Radioisotop und den stabilen Zerfallsprodukten ergibt, verteilt sich zufällig auf das Neutrino und das Positron, so dass beide ein kontinuierliches Energiespektrum besitzen, das von beinahe Null bis zur maximalen freiwerdenden Energie reicht. Die mitgegebene kinetische Energie sorgt dafür, dass beide Teilchen den Kern verlassen. Das Neutrino fliegt dabei als elektrisch neutrales Teilchen ungehindert davon, während das Positron mit der umgebenden Materie in Wechselwirkung tritt (Abbildung 2.2).

Nach dem Austritt aus dem Kern verliert das Positron sehr schnell seine kinetische Energie. Der dominante Prozess dabei ist der unelastische Stoß mit den Hüllenelektronen der Atome, bei der das Positron seine Richtung ändert und einen Teil seiner Energie abgibt (Bailey et al. 2005). Abhängig von der anfänglichen Energie und der Dichte des umgebenden Materials hat das Positron etwa eine mittlere Reichweite von 0.5 bis 2 mm bevor es seine kinetische Energie verloren hat.

Hat das Positron den größten Teil seiner kinetischen Energie verloren und trifft auf ein Elektron, kombinieren Teilchen und Antiteilchen zunächst zu einem sehr kurzlebigen (10^{-10} s) wasserstoffähnlichem Teilchen, einem Positronium, bevor sich bei der sogenannten Annihilation die Masse beider Teilchen in Energie wandelt. Dabei entstehen als Vernichtungsstrahlung zwei Photonen (γ -Quanten), die nach der Einsteinschen Masse-Energie-Äquivalenz jeweils eine Energie von 511 keV besitzen und aufgrund der Impulserhaltung diametral (180°) auseinanderstreben (Abbildung 2.2). Möglich sind auch Annihilationen, bei denen mehr als zwei Photonen erzeugt werden. Die Wahrscheinlichkeit dafür ist jedoch mit 0.003% sehr gering (Phelps 2004). Da das Positronium einen kleinen Restimpuls besitzen kann, treten Winkelabweichungen im Mittel von circa $\pm 0,25^\circ$ auf (Phelps 2004).

Der Annihilationsprozess bildet die physikalische Grundlage der PET. Die beiden γ -Quanten verlassen wegen ihrer hohen Energie mit großer Wahrscheinlichkeit das umgebende Material und können dann von einem Detektorsystem registriert werden (Abbildung 2.3). Es sind also die bei der Annihilation entstandenen γ -Quanten, die detektiert werden und nicht das Positron selbst. Folglich wird die maximale räumliche Auflösung bei der Ortsbestimmung des Tracers durch die Winkelabweichung und Positronenreichweite physikalisch begrenzt.

2.1.1. Wechselwirkungen zwischen Photonen und Materie

Die beim Annihilationsprozess erzeugten γ -Quanten interagieren sowohl mit der umgebenden Materie des Objektes als auch mit dem Detektormaterial. Ganz allgemein gibt es dabei folgende Wechselwirkungen von Wellen mit Teilchen

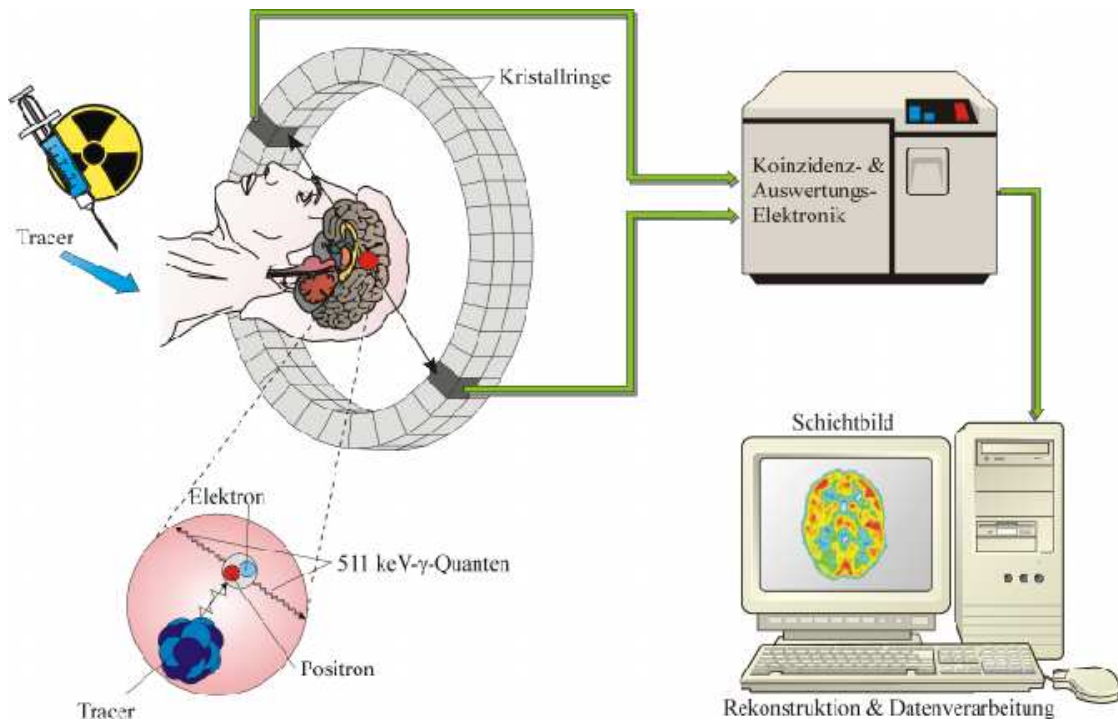


Abbildung 2.3.: Prinzip einer PET Messung (Kehren 2001).

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

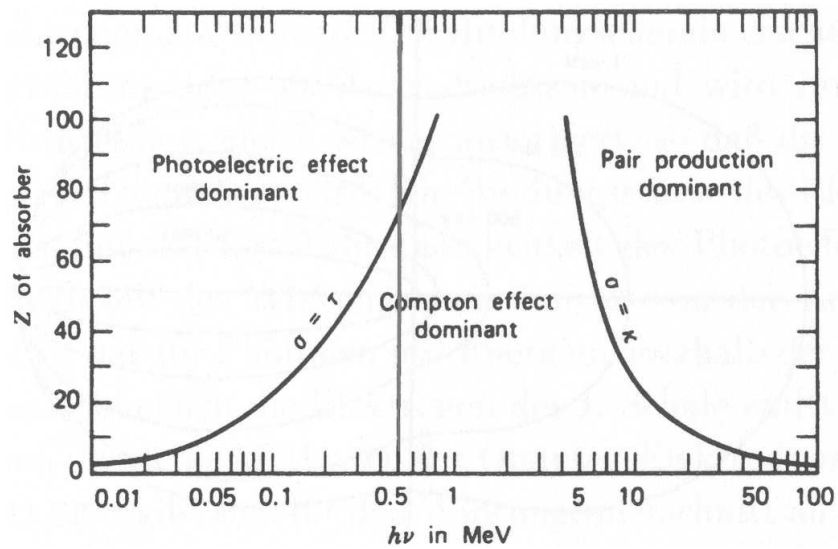


Abbildung 2.4.: Relative Bedeutung der Wechselwirkungen zwischen Photonen und Materie als Funktion der Kernladungszahl der Materie und der Energie des Photons (Knoll 1989). Entlang der (dunklen) Linien sind die entsprechenden Effekte gleich wahrscheinlich. Die senkrechte Linie bei 551 keV markiert die Energie der Gammaquanten bei der PET.

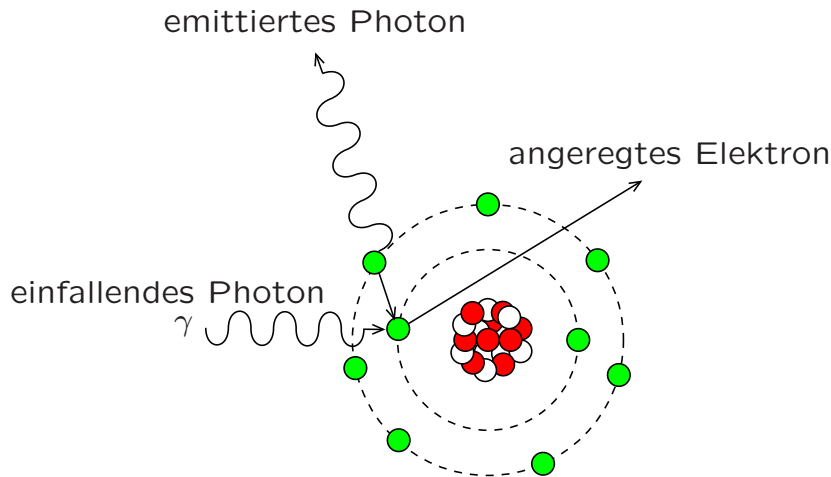


Abbildung 2.5.: Beim Photoeffekt überträgt das Photon seine gesamte Energie auf das Elektron.

- Photoelektrische Effekt
- Compton-Effekt
- Paarbildung
- Rayleigh-Streuung

Abbildung 2.4 zeigt die relative Bedeutung der drei wichtigsten Wechselwirkungen zwischen Photonen und Materie für verschiedene Elemente und Energien. Die beiden wichtigsten Effekte für die 511 *keV*-Photonen der PET sind dabei der Photoelektrische Effekt und die Compton-Streuung. Die Paarbildung ist bei der PET nicht zu beobachten, da die Energie der Photonen hierzu nicht ausreicht. Ferner können die Photonen noch durch die Rayleigh-Streuung abgelenkt werden. Auch dieser Effekt spielt in der PET nur eine untergeordnete Rolle, da er nur für Energien unter 50 *keV* dominant ist und bei 511 *keV* die Streuung meist nur in Vorwärtsrichtung stattfindet.

2.2. Photoeffekt

Der Photoeffekt beschreibt die Wechselwirkung von Photonen ausschließlich mit den Hüllenelektronen von Atomen. Bei diesem Vorgang wird das Photon komplett absorbiert, das heißt, es gibt seine gesamte Energie an das Elektron ab. Die Energie des Elektrons ist nach der Wechselwirkung also gleich der Energie des Photons vermindert um seine Bindungsenergie. Das angeregte Elektron wird dann abhängig von seiner Bindungsenergie

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

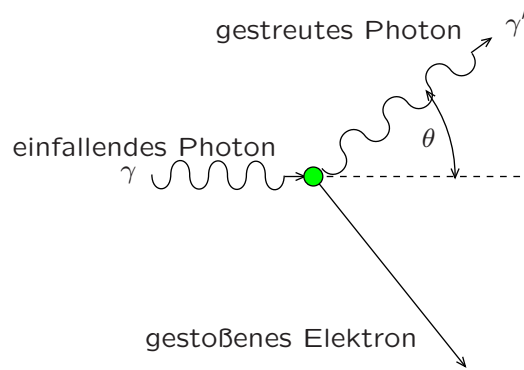


Abbildung 2.6.: Compton-Streuung eines Photons als Folge eines inelastischen Stoßes mit einem Elektron.

und der Energie des Photons entweder in eine höhere Schale gehoben oder aber aus der Hülle emittiert (Abbildung 2.5).

In Folge dessen wird der frei gewordene Platz von einem Elektron aus einer höheren Schale eingenommen, da tiefere Schalen energetisch günstiger sind. Die Energiedifferenz zwischen den beiden Schalen gibt das zurückfallende Elektron als Photon ab. Die Wellenlänge des emittierten Photons ist dabei charakteristisch für das Atom bzw. Material in dem der Effekt stattfindet.

Der Wirkungsquerschnitt des Photoeffektes ist dabei sehr stark abhängig von der Kernladungszahl Z des Atoms

$$\sigma_P \propto \frac{Z^5}{E_\gamma^{7/2}},$$

wobei E_γ die Energie des einfallenden Photons ist. Aus der Gleichung (und ebenso aus Abbildung 2.4) wird ersichtlich, dass der Photoeffekt für wasserähnliche Materialien (gegenüber dem Compton-Effekt) vernachlässigbar gering ist. Stattdessen kommt der Photoeffekt im Detektor zum tragen, wo gezielt Materialien mit hoher Kernladungszahl eingesetzt werden, um möglichst viele der 511 keV-Photonen nachzuweisen, das heißt den Wirkungsquerschnitt zu erhöhen (Tabelle 2.3).

2.2.1. Compton-Effekt

Der Compton-Effekt beschreibt den inelastischen Stoß zwischen einem Photon und einem Elektron (Abbildung 2.6). Bei dem Stoß gibt das Photon einen Teil seiner Energie an das Elektron ab und wird gestreut (Compton-Streuung). Die Energieabgabe ist dabei umso höher, je größer der Streuwinkel ist. Hat das Photon danach noch genug Energie übrig kann sich der Prozess wiederholen (Mehrfachstreuung).

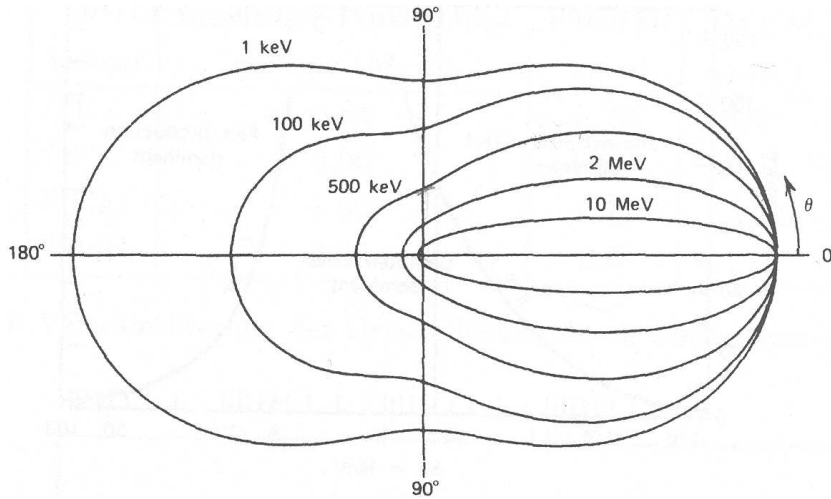


Abbildung 2.7.: Wirkungsquerschnitt in Abhängigkeit vom Streuwinkel θ (Knoll 1989).

Der Compton-Effekt kann dabei sowohl an freien als auch schwach gebundenen Elektronen stattfinden. Ist dabei die Energie des Photons wesentlich höher als die Bindungsenergie eines Hüllenelektrons oder die kinetische Energie des freien Elektrons, dann kann die Energie des Elektrons vernachlässigt werden und die Energie $E_{\gamma'}$ des gestreuten Photons berechnet sich aus seiner ursprünglichen Energie E_{γ} und dem Streuwinkel θ zu

$$E_{\gamma'} = \frac{E_{\gamma}}{1 + \alpha(1 - \cos \theta)}$$

mit $\alpha = E_{\gamma}/m_{\beta^-}c^2$, wobei m_{β^-} die Ruhemasse des Elektrons ist.

Die Verteilung des Streuwinkels bei gegebener Energie ist durch die Klein-Nishina-Formel (Klein u. Nishina 1929) gegeben. Der differentielle Wirkungsquerschnitt der Compton-Streuung lautet

$$\frac{d\sigma}{d\Omega} = \frac{r_{\beta^-}^2}{2} \left(\frac{1}{1 + \alpha(1 - \cos \theta)} \right)^2 \left(1 + \cos^2 \theta + \frac{\alpha^2(1 - \cos \theta)^2}{1 + \alpha(1 - \cos \theta)} \right) \quad (2.1)$$

mit r_{β^-} als klassischem Elektronenradius. Das heißt $d\sigma/d\Omega$ gibt die Wahrscheinlichkeit an, dass ein Photon bei gegebener Energie an einem Elektron in den Raumwinkel $d\Omega = 2\pi \sin \theta d\theta$ gestreut wird. Für ein Atom mit der Kernladungszahl Z (und i.d.R. auch Z Elektronen) gilt dann für den absoluten Wirkungsquerschnitt der Compton-Streuung

$$\sigma_C \propto \frac{Z}{E_{\gamma}}$$

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

DETEKTORMATERIAL:	<i>NaJ</i>	<i>BGO</i>	<i>LSO</i>	<i>LuYAP</i>
Chemische Formel	<i>NaJ(Tl)</i>	<i>Bi₄Ge₃O₁₂</i>	<i>Lu₂(SiO₄)O : Ce</i>	<i>Lu_{0,7}Y_{0,3}AlO₃ : Ce</i>
Lichtausbeute [Photonen/MeV]	38.000 - 40.000	6.000 - 8.200	25.000 - 29.000	12.500
Abklingzeit [ns]	230	300	40	20 - 25 / 200 - 250
Dichte [g/cm ³]	3,67 - 3,76	7,13	7,4	7,1 - 7,4
Strahlungslänge bei 511 keV [mm]	25,6 - 29,3	10,5 - 11,2	11,4 - 12,0	≈13
Photoeffektverhältnis $\sigma_P/(\sigma_P + \sigma_c)$ bei 511 keV [%]	18	43	34	27
Wellenlänge [nm]	415	480	420	390
Natürliche Radioaktivität	Nein	Nein	Ja	Ja
Hygroskopisch	Ja	Nein	Nein	Nein
Effektive Kernladungszahl	50,6 - 51	74,2 - 75	65,5 - 66	k.A.

Tabelle 2.3.: Beispiele gängiger Detektormaterialien für die PET. Die Werte für die einzelnen Eigenschaften unterscheiden sich dabei zum Teil je nach Literatur. Der Grund dafür liegt in der leicht variierenden chemischen Zusammensetzung beim Herstellungsprozess. Die besten Werte sind jeweils farblich unterlegt.

In Abbildung 2.7 ist die Klein-Nishina-Formel graphisch dargestellt. Hier wird erkenntlich, dass für Photonen mit der Energie von 511 keV die Streuung hauptsächlich in Vorwärtsrichtung erfolgt und der Energieverlust in Folge auch nur relativ gering ist.

Der Compton-Effekt ist die dominierende Wechselwirkung in Wasser für Photonen mit Energien zwischen etwa 100 keV und 2 MeV.

Da biologisches Gewebe in etwa die Eigenschaften von Wasser aufweist, ist der Compton-Effekt für PET-Untersuchungen von großer Relevanz. Die Streuung hat zur Folge, dass die Photonen von ihrer eigentlichen Koinzidenzlinie abweichen und folglich in einer falschen detektiert werden. Außerdem können die Photonen auch gänzlich absorbiert werden, was Auswirkungen auf die Quantifizierung hat.

Die Compton-Streuung ist auch in den Detektoren von Bedeutung. Allerdings in geringerem Ausmaß, da das Detektormaterial aus Elementen mit wesentlich höheren Kernladungszahlen besteht (Tabelle 2.3).

2.3. Detektortechnik

In der PET werden prinzipiell zwei verschiedene Detektortechniken zum Nachweis der hochenergetischer Photonen verwendet:

1. Proportional-Gas-Kammern (engl. multi wire proportional chamber)

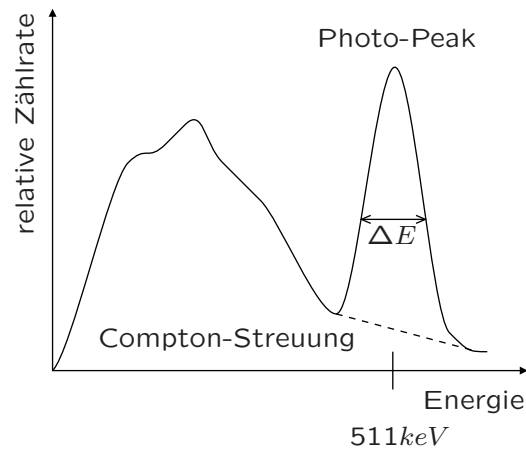


Abbildung 2.8.: Schematisches Energiespektrum eines Szintillators. Der Photoeffekt erzeugt eine scharfe Spitze im Energiespektrum, während die Energie der Compton-gestreuten Ereignisse kontinuierlich ist.

2. Szintillatoren

Die ältesten Detektoren sind die Proportional-Gas-Kammern. Sie stammen aus dem dem Bereich der Hochenergiephysik und werden in modernen PET-Systemen vergleichsweise selten eingesetzt, da sie eine relativ geringe Sensitivität haben und sich mit ihnen die eingestrahelte Energie nicht bestimmen lässt. Dagegen bieten sie eine sehr gute Ortsauflösung. Ein Beispiel für den Einsatz dieser Technik findet sich beim HIDAC-System (Jeavons et al. 1999; Missimer et al. 2004).

2.3.1. Szintillatoren

Heutzutage basieren die meisten Detektoren für PET- und SPECT-Systeme auf anorganischen Szintillationskristallen. Der Szintillator wird beim Durchgang der Photonen angeregt und gibt die deponierte Energie danach in Form von niederenergetischeren Photonen im sichtbaren bis ultraviolettem Bereich wieder ab. Die Anregung des Szintillators geschieht dabei sowohl durch den Compton-Effekt als auch den Photoeffekt (Kapitel 2.1.1).

Aus praktischer Sicht werden für die Detektoren Materialien bevorzugt, die eine hohe Wahrscheinlichkeit für den Photoeffekt aufweisen. Da hierbei die gesamte Energie abgegeben wird, äußert sich der Photoeffekt als scharfe Spitze (engl. peak) bei 511 keV im Energiespektrum des Detektors und ermöglicht eine eindeutige Identifikation der Annihilationsphotonen. Die Photonen, die durch den Compton-Effekt gestreut wurden, bilden dagegen ein kontinuierliches Spektrum, da nur ein Teil der Energie an den Detektor abgegeben wurde. Bei ihnen kann dann nicht unterschieden werden, ob die Streuung im

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

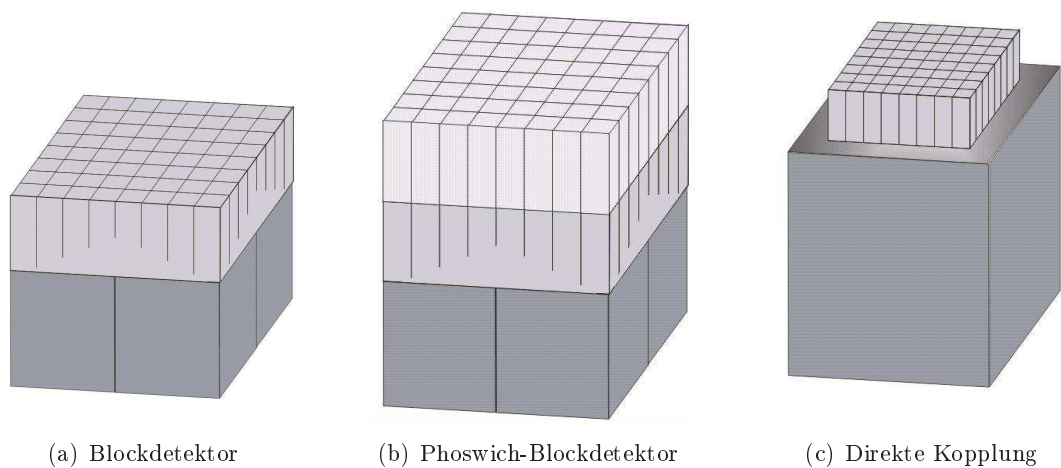


Abbildung 2.9.: Beispiele für verschiedene Designs von PET-Detektoren. Beim Blockdetektor a) wird die Ortsinformation durch eine Schwerpunktbildung der Lichtverteilung in den darunterliegenden PMTs gewonnen. Mit der Phoswich-Bauweise b) erhält man zusätzlich Informationen über die Tiefe der Wechselwirkung. Alternativ lassen sich die Detektorkristalle auch direkt auf einen ortsempfindlichen PMT koppeln c).

Detektor oder im Objekt, was in der Regel zu einer falschen LOR führt, stattgefunden hat. Abbildung 2.8 zeigt ein schematisches Energiespektrum.

Man favorisiert also in der Praxis Detektormaterialien mit hoher Dichte bzw. hoher Kernladungszahl Z , um den Wirkungsquerschnitt für den Photoeffekt zu erhöhen. Tabelle 2.3 listet einige gängige Detektormaterialien auf: Thallium dotiertes Natriumjodid (NaJ), Bismuthgermanat (BGO), sowie Lutetium-Oxyorthosilikat (LSO) und Lutetium-Yttrium-Aluminium-Perovskit ($LuYAP$), die beide mit Cerium dotiert sind. Bei den aktuellen Szintillatoren liegt das Verhältnis von Photoeffekt zu Compton-Effekt (engl. photo fraction) grob unter 50%. Neben einem hohem Wirkungsquerschnitt für den Photoeffekt sind eine hohe Lichtausbeute und eine geringe Szintillationsabklingzeit weitere gewünschte Eigenschaften. Aus der Tabelle 2.3 wird ersichtlich, dass es keinen perfekten Szintillator für die PET gibt. Aktuell stellt LSO mit einer hohen Dichte und Lichtausbeute ein gutes Material für die PET dar.

2.3.2. Nachweis des Szintillationslichtes

Das vom Szintillator erzeugte Licht wird anschließend mit einer speziellen Elektronenröhre, dem so genannten Photomultiplier (engl. photomultiplier tube, PMT), um das $10^5 - 10^6$ -fache verstärkt und so in ein messbares, elektrisches Signal umgewandelt, das

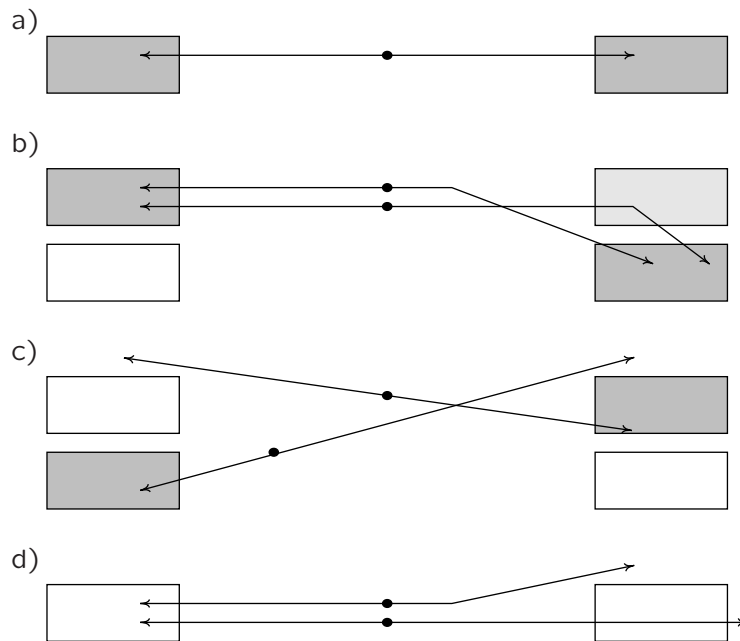


Abbildung 2.10.: Verschiedene Möglichkeiten der Koinzidenzbildung und des Koinzidenzverlustes: a) wahre Koinzidenz, b) gestreute Koinzidenzen, c) zufällige Koinzidenzen und d) verlorene Koinzidenzen.

an der Anode des PMT abgegriffen werden kann. Da die PMT-Technik weit fortgeschritten ist, eine hohe Verstärkung bietet und stabil arbeitet, werden PMTs zur Zeit standardmäßig zur Verstärkung des Szintillationslichtes in PET-Systemen verwendet. In Abbildung 2.9 sind verschiedene Detektorkonfigurationen dargestellt. Zum Einsatz kommen dabei ein oder mehrere PMTs, vor denen sich dann eine Matrix aus mehreren Szintillationskristallen befindet. So kann für jeden einzelnen Kristall die abgegebene Energie bestimmt werden.

Aktuell wird gerade an Halbleiterdetektoren auf der Basis von Avalanche-Photodioden (APDs) zur Auslesung des Szintillationslichtes geforscht. Die APDs haben dabei den Vorteil, dass sich mit ihnen sehr kompakte Detektormodule aufbauen lassen. Damit sind sie besonders interessant für dedizierte Kleintierscanner. Ferner sind sie insensitive gegenüber magnetischen Feldern, so dass sie prädestiniert für kombinierte PET/MRI-Systeme sind. Es existieren bereits erste Prototypen, die die neue Technik einsetzen (Ziegler et al. 2001; Pichler et al. 2004; Dokhale et al. 2004).

2.4. Koinzidenztomographie

Wie bereits in Kapitel 2.1 beschrieben, bildet die Emission der beiden γ -Quanten, die diametral auseinanderstreben, die physikalische Grundlage der PET. Für den Fall, dass beide γ -Quanten detektiert werden, weiss man auf Grund der diametralen Ausbreitung der γ -Quanten, dass die Annihilation mit hoher Wahrscheinlichkeit auf der Verbindungslinie zwischen den Detektoren, der sogenannten "Line of Response" (LOR), stattgefunden hat. Da das PET-Prinzip immer auf der Detektion von zwei γ -Quanten basiert, spricht man hier auch von Koinzidenztomographie.

Bei einer realen Messung finden nun sehr viele solcher Annihilationsprozesse gleichzeitig statt. Die Zuordnung, ob die in zwei unterschiedlichen Detektoren nachgewiesenen γ -Quanten aus dem selben Annihilationsprozess stammen, wird durch ein Koinzidenzzeitfenster τ vorgenommen. Werden zwei Photonen in diesem Zeitfenster detektiert, werden sie als zusammengehörig, das heißt, als koinzident interpretiert. In der Praxis wird die Länge des Koinzidenzzeitfenster vor allem durch die zeitlichen Auflösung der Detektoren bestimmt. Einen Einfluß hat aber auch die Größe des Scannersystems.

Trotz der Vorgabe eines Koinzidenzzeitfensters werden nicht nur wahre Koinzidenzen bestimmt. Eine Übersicht über die verschiedenen Möglichkeiten der Koinzidenzbildung gibt Abbildung 2.10. So können die γ -Quanten durch Streuung von ihrer gradlinigen Flugbahn sowohl im Objekt als auch im Detektor abgelenkt werden. In Folge dessen wird ihnen dann eine falsche Koinzidenzlinie zugewiesen (Abbildung 2.10b).

Eine andere Möglichkeit, die zu eine falschen Zuordnung der Koinzidenzlinie führt, stellen die zufälligen Koinzidenzen dar (Abbildung 2.10c). Hier werden zwei Photonen aus unterschiedlichen Annihilationsprozessen innerhalb des Koinzidenzzeitfensters detektiert, wodurch sie fälschlicherweise auch als zusammengehörig eingestuft werden. Eine Möglichkeit, die Anzahl der zufälligen Koinzidenzen (engl. *randoms*) für ein Detektorpaar C_1 und C_2 abzuschätzen, kann über deren Einzelzählraten N_{C_1} und N_{C_2} und dem Koinzidenzzeitfenster τ vorgenommen werden

$$N_{random} = 2\tau N_{C_1} N_{C_2} \quad (2.2)$$

Werden nun genügend Koinzidenzlinien gemessen kann die Tracer-Verteilung im Objekt mit Hilfe mathematischer Verfahren rekonstruiert werden (Kapitel 4).

2.5. Datenformate

Neben den beteiligten Detektoren registrieren moderne Tomographiesysteme heute oft eine Vielzahl weiterer Informationen zu den koinzidenten Annihilationsphotonen oder kurz Koinzidenzen. Dabei gibt es zwei grundlegend verschiedene Methoden die Koinzidenzen einer Messung zu speichern:

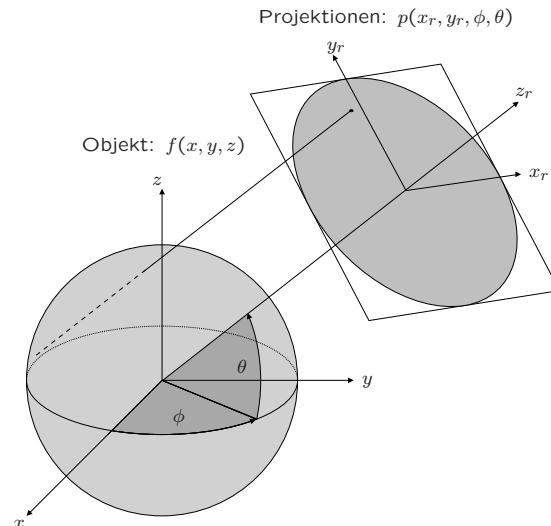


Abbildung 2.11.: Zweidimensionale Projektion eines dreidimensionalen Objektes. Die zweidimensionale Projektionsfläche ist definiert als Satz aller paralleler Linienintegrale mit dem azimuthalen Winkel ϕ und dem co-polarem Winkel θ relativ zu den Objektkoordinaten (Defrise u. Kinahan 1998).

1. im matrixbasiertem Projektions- bzw. Sinogrammformat
2. im ereignisorientierten List-mode-Format

2.5.1. Projektionsformat

Der klassische Ansatz, die gemessenen Koinzidenzen zu speichern, ist das Projektions- bzw. Sinogrammformat. Hier werden die Koinzidenzen in einer großen Matrix gespeichert, wobei die einzelnen Matrixelemente grob den möglichen Koinzidenzlinien im Scannersystem entsprechen. Für jede gemessene Koinzidenz, die einem bestimmten Kriterium genügt, wie zum Beispiel, dass die Energie in einem bestimmten Bereich liegt oder die Zeitdifferenz zwischen den detektierten Photonen dem Koinzidenzzeitfenster entspricht, wird dann das entsprechende Matrixelement um eins erhöht. Das Format reduziert den Informationsgehalt der gemessenen Koinzidenzen also in der Regel auf die Geometrie der LORs und auf die Anzahl der darin registrierten Ereignisse, die dem vorgegebenen Kriterium entsprechen.

In einem echten dreidimensionalen tomographischen System wird die Geometrie der LOR dabei durch minimal vier Parameter beschrieben. Die Richtung der Koinzidenz wird durch den azimuthalen Winkel ϕ und co-polarem Winkel θ bestimmt und die beiden Koordinaten x_r und y_r geben den Abstand zum Zentrum des Scanners an. Abbildung

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

2.11 veranschaulicht die vorgenommene Parametrisierung. Hierbei wird die Aktivitätsverteilung des Objektes $f(x, y, z)$ auf

$$p(x_r, y_r, \phi, \theta) = \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y, z) dz_r$$

abgebildet, wobei die Rotation des Koordinatensystem durch

$$\begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\sin \phi & -\cos \phi \sin \theta & \cos \phi \cos \theta \\ \cos \phi & -\sin \phi \sin \theta & \sin \phi \cos \theta \\ 0 & \cos \theta & \sin \theta \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_r \\ y_r \\ z_r \end{bmatrix}$$

gegeben ist. Der Satz aller parallelen LORs für eine vorgegebene Richtung (ϕ, θ) bildet dabei eine Fläche, die üblicherweise als Projektion bezeichnet. Die Parametrisierung für den zweidimensionalen Fall erfolgt analog durch setzten von $\theta = 0$ und wird in Kapitel 4.2 verwendet.

Die Parametrisierung der Messdaten in Projektionen ist vor allem für die analytische Rekonstruktion sinnvoll, die von regelmäßig verteilten und kontinuierlichen Projektionsdaten ausgeht (vgl. Kapitel 4.2). Ein Nachteil des Projektionsformates besteht jedoch darin, dass insbesondere die (y_r, θ) -Koordinaten für dreidimensionalen Daten, d. h. $\theta \neq 0$, in der Regel nicht mit den realen LORs eines Scanners übereinstimmen.

Gebräuchlicher ist deshalb für dreidimensionale Daten eine andere Parametrisierung in das sogenannte Sinogrammformat. Für zweidimensionale Daten entsprechen die beiden Parametrisierungen allerdings einander. Abbildung 2.12 zeigt ein Sinogramm für zwei ausgedehnte Punktequellen.

Das Sinogrammformat berücksichtigt bei der Parametrisierung, dass viele Scannersysteme aus mehreren hintereinander angeordneten Detektorringen bestehen. Bei diesem Format werden die Koinzidenzen durch die Ringdifferenz δ und die mittlere axiale Koordinate z zwischen den Ringen beschrieben (Abbildung 2.13) anstatt durch y_r und θ . Der Zusammenhang zwischen den beiden Formaten ist durch

$$p(x_r, y_r, \phi, \theta) = s(x_r, \phi, z, \delta)$$

mit

$$y_r = z \cos \theta, \quad \tan \theta = \frac{\delta}{2\sqrt{R^2 - x_r^2}}$$

gegeben, wobei R der Radius des Scanners ist (Defrise u. Kinahan 1998). Abbildung 2.14 stellt den Zusammenhang graphisch dar.

Die beiden matrixbasierten Formate haben vor allem den Vorteil, dass sie sehr kompakt sind, da die gemessenen Koinzidenzen in den Matrixelementen aufsummiert werden und

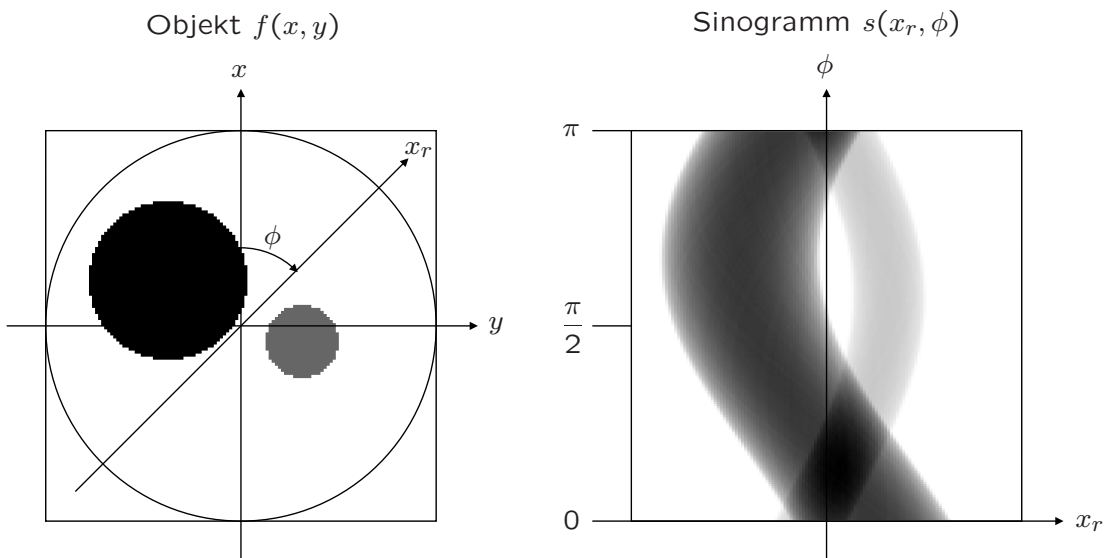


Abbildung 2.12.: Sinogramm von zwei ausgedehnten Punktquellen. Der Name Sinogramm hat seinen Ursprung daher, dass sich eine Punktquelle hierin als sinusoidale Spur abzeichnet.

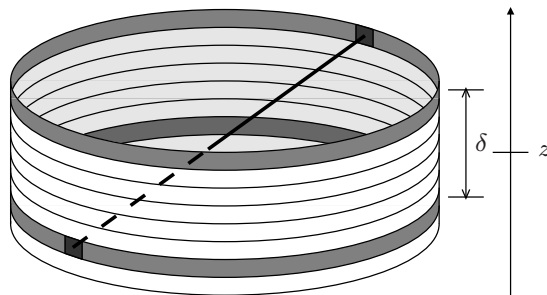


Abbildung 2.13.: Parametrisierung einer LOR durch die Ringdifferenz δ und die mittlere axiale Koordinate z für das Sinogrammformat (Defrise u. Kinahan 1998).

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

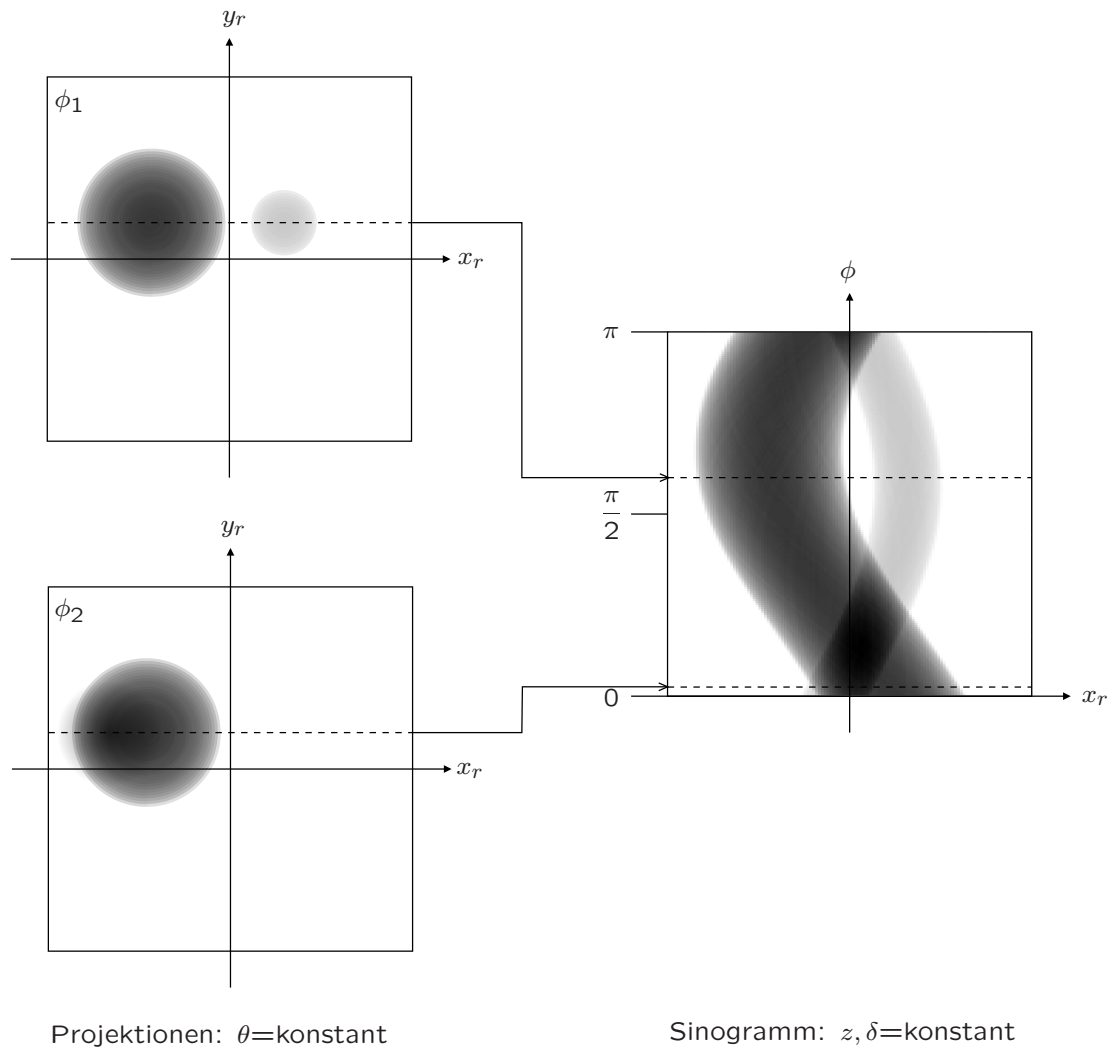


Abbildung 2.14.: Zusammenhang zwischen Projektionen und Sinogrammen.

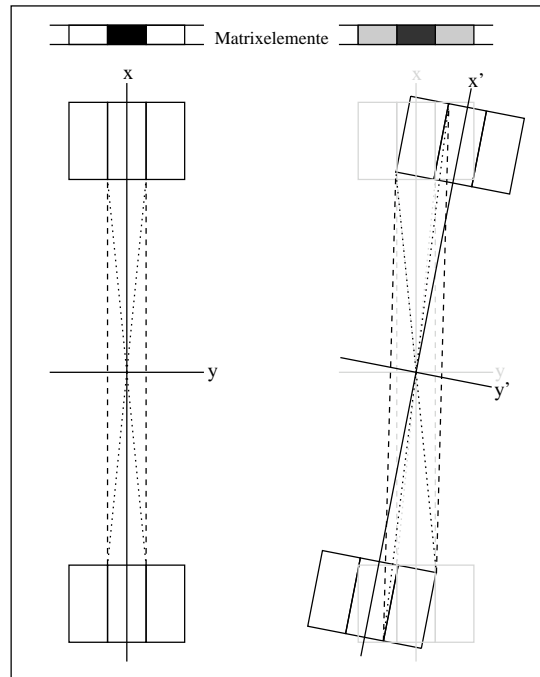


Abbildung 2.15.: Beispiel für den Auflösungsverlust durch Interpolation. Links kann der LOR genau ein Matrixelement (Bin) zugeordnet werden. Rechts ist auf Grund der Detektorneigung die LOR verbreitert, so dass sie sich auf drei Bins verteilt, die zusammen allerdings wieder breiter als die wahre LOR sind. In den Randbereichen der beiden äußeren Bins wird also Aktivität suggeriert, die nicht vorhanden ist.

somit das Datenvolumen reduzieren. Insbesondere bei hohen Zählraten ist das Datenformat damit sehr effizient. Zusätzlich lässt sich die gewünschte räumliche Auflösung durch die Wahl der Matrixgröße steuern.

Ineffizient kann das Datenformat bei Messungen mit niedriger Statistik oder hoher Auflösung sein, wenn die Anzahl der gemessenen Koinzidenzen niedriger als die Anzahl der Matrixelemente ist. Ein weiterer Nachteil ergibt sich, wenn man zusätzliche Attribute in der Matrix speichern möchte. Prinzipiell ist es natürlich möglich, für jedes Attribut eine eigene Matrix zu erzeugen, allerdings wächst dann die Größe der Matrix schnell sehr stark an. Für gewöhnlich ist dieser Ansatz bereits ab vier Attributen nicht mehr praktikabel (Barrett et al. 1997).

Ein weitere Nachteil der matrixbasierten Formate ist, dass die einzelnen Matrixelemente in der Regel nicht exakt den LORs des Scannersystem entsprechen und somit in die Matrixelemente interpoliert werden. Eine möglichst genaue Interpolation ist insbesondere bei komplexen Scannergeometrien recht aufwendig, da eine Vielzahl von geometrische

2. Grundlagen der Positronen-Emissions-Tomographie (PET)

Koinzidenz- nummer	Zeit [min:s]	1. Detektor- nummer	2. Detektor- nummer	1. Energie [keV]	2. Energie [keV]	Winkelposition [10 ⁻² Grad]
0	00:00,10	435	5129	478	520	0
1	00:00,15	2	352	517	603	0
			⋮			
E	15:13,74	9875	278	592	522	3600

Tabelle 2.4.: Beispiel für einen List-mode-Datensatz.

Faktoren wie Bogenkorrektur, DOI, Lücken im Detektorsystem etc. berücksichtigt werden müssen. Ferner ist mit jeder Interpolation auch immer ein Auflösungsverlust verbunden. Abbildung 2.15 zeigt ein Beispiel.

2.5.2. List-mode-Format

Das List-mode-Format entspricht dem natürlichen Akquisitionsvorgang bei der PET, da die gemessenen Koinzidenzen in der chronologischen Reihenfolge ihres Auftretens einfach in einer Liste gespeichert werden. Als Einträge müssen mindestens die Detektornummern für jede Koinzidenz vorhanden sein, um später die geometrische Position der LOR bestimmen zu können. Vorteilhafterweise können neben der Position auch weitere Attribute, wie zum Beispiel die Detektionszeit, die deponierte Energie in den Detektoren, aber auch die Tiefe der Koinzidenz (engl. depth of interaction, DOI) für jede Koinzidenz gespeichert werden. Tabelle 2.4 stellt ein Beispiel für einen List-mode-Datensatz dar. Die Speicherung der Liste kann dabei einfach im ASCII-Format vorgenommen werden. Verbreiteter ist allerdings die Benutzung von Binärformaten, wodurch in der Regel der Speicherbedarf sinkt.

Das List-mode-Format hat damit gegenüber dem Projektionsformat den Vorteil, dass die Daten in ihrer höchstmöglichen zeitlichen und räumlichen Auflösung vorliegen und der gesamte gemessene Informationsgehalt erhalten bleibt. Speziell die Bildrekonstruktion kann davon profitieren. So bewirkt die nicht vorhandene räumliche Kompression der Daten eine verbesserte Bildqualität in Bezug auf Auflösung und Kontrast. Auch die Auswertung von Differenzen in der Ankunftszeit zwischen den Detektoren (engl. time-of-flight, TOF), wodurch das statistische Rauschen im Bild vermindert wird (Snyder u. Politte 1983), lassen sich in der Regel nur sinnvoll über List-mode-Daten beschreiben. Einen großen Vorteil bietet das Format auch bei dynamischen Untersuchungen, da hier im Gegensatz zum Projektionsformat die Dauer eines Zeitrahmens (engl. time frame) durch Auswerten der Koinzidenzzeit variiert werden kann. Ferner lassen sich auch Bewegungskorrekturen mit dem List-mode-Format implementieren (Rahmin et al. 2003; Carson et al. 2003). Für die hochauflösende Kleintiertomographie ist das Format damit besonders interessant, da dadurch Einfluß auf die zeitliche und räumliche Auflösung genommen werden kann.

Der größte Nachteil des List-mode-Formats ist, dass die Liste in der Regel, abhängig von der Aktivität und der Messdauer, mehrere 10-100 Millionen Einträge für die Ko-

inzidenzen enthalten kann. Das Prozessieren und Auswerten dieser Liste, z. B. für die Bildrekonstruktion, erfordert dann viel Zeit und Rechenleistung, so dass sich das Projektionsformat eventuell als praktikabler erweist. Lediglich für niedrige Statistiken, wenn die Anzahl der gemessene Koinzidenzen geringer als die Anzahl der möglichen LORs ist, ist das List-mode-Format kompakter.

3. ClearPET™ Neuro

Das ClearPET™ Neuro (Abbildung 3.1) ist ein dedizierter, hochauflösender Kleintier-tomograph, der zur Zeit am Forschungszentrum Jülich GmbH (FZJ) entwickelt wird. Er gehört zu der Familie der ClearPET™-Scanner, einer neuen Generation von hochperformanten PET-Scannern, die in Zusammenarbeit mit der Crystal Clear Collaboration (CCC) entwickelt werden (Auffray et al. 2004; Ziemons et al. 2005).

Das Ziel bei der Entwicklung des ClearPET™ Neuro bestand darin, neben einer hohen räumlichen Auflösung von unter 2 mm, primär auch eine hohe Sensitivität zu gewährleisten, um die injizierte Aktivitätsdosis im Untersuchungsobjekt so gering wie möglich halten zu können. Dies wurde durch die Kombination von den Lutetium-basierten Szintillationsmaterialien *LSO* und *LuYAP*, die im Detektor in zwei Lagen angeordnet sind (Phoswich-Bauweise) erreicht. Durch die Phoswich-Bauweise erhält man zum einen einen effektiv größeren Kristall und somit eine höhere Sensitivität, zum anderen erhält man auch Tiefeninformationen durch die Mehrlagigkeit, wodurch eine bessere Ortsbestimmung der LOR möglich ist. Der Tomograph ist damit insbesondere für vivo Untersuchungen an Ratten, sowie für Rezeptorstudien an kleinen, nicht menschlichen Primaten geeignet. Eine Besonderheit des ClearPET™ Neuro besteht darin, dass sich der Detektorring um 90° in die Horizontale kippen lässt, wodurch Primaten in aufrechter, sitzender Position untersucht werden können. Zusätzlich kann der Öffnungsradius des Scanners an die Größe des Untersuchungsobjektes angepasst werden.

3.1. Technischer Aufbau

Ein Detektorblock des ClearPET™ Neuro besteht aus einer zweilagigen 8x8 *LSO/LuYAP* Phoswich-Kristallmatrix, die direkt an einen ortsempfindlichen Hamamatsu R7600-M64 Mehrkanal-Photomultiplier gekoppelt ist. Die einzelnen *LSO*- und *LuYAP*-Kristalle haben jeweils eine Größe von 2x2x10 mm. Der Abstand eines Phoswich-Kristalls zum nächsten beträgt 0,3 mm. Dazwischen wird Tyvek-Papier als Reflektormaterial verwendet. Der Aufbau eines Detektorblocks ist in Abbildung 3.2a dargestellt. Jeweils vier dieser Detektorblöcke sind in einer Detektorkassette zusammengefasst, die auch die "Frontend"-Elektronik enthält. Der Abstand von Zentrum zu Zentrum der Detektorblöcke in einer Kassette beträgt dabei 27,6 mm und ist technisch durch die Größe der PMT-Gehäuse bedingt (Abbildung 3.2b).

Das ClearPET™ Neuro besteht aus insgesamt 20 dieser Detektorkassetten, die ringförmig um eine zentrale Achse angeordnet sind. Der Innenradius des Ringes kann dabei

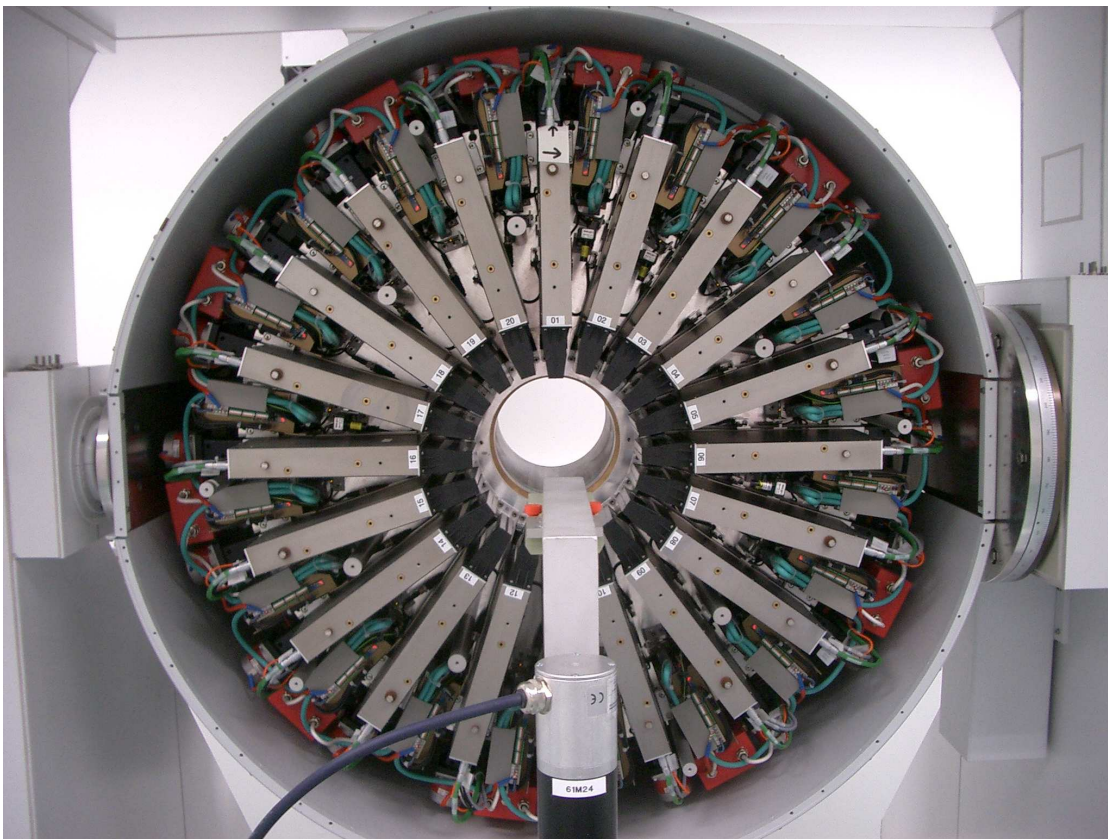


Abbildung 3.1.: Technischer Aufbau des ClearPET™ Neuro (ohne Vorderwandverkleidung).

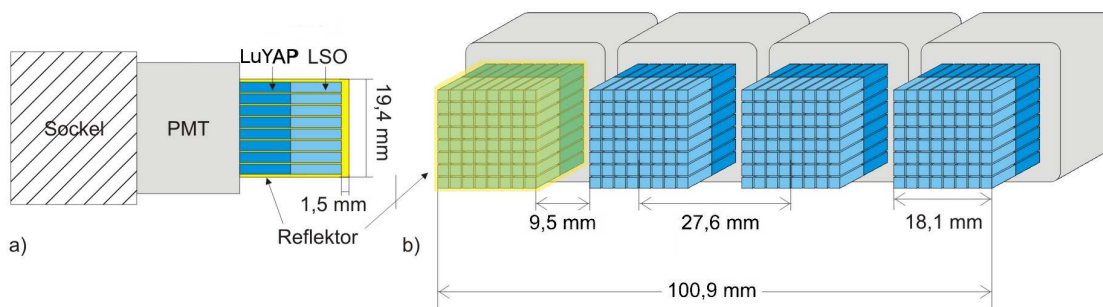
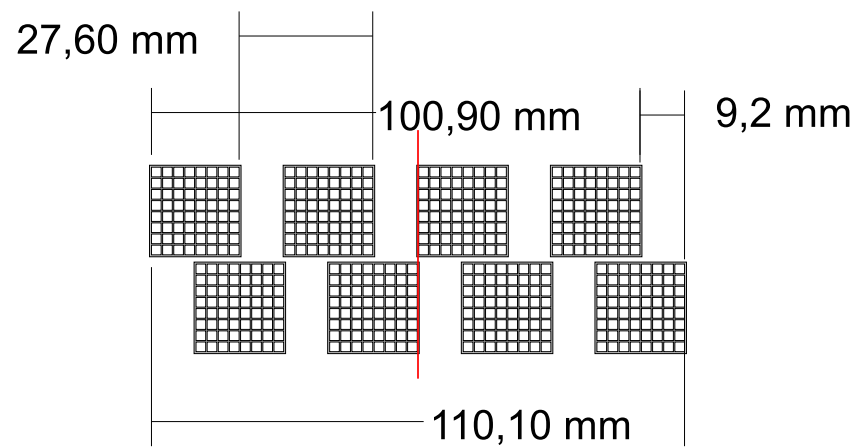
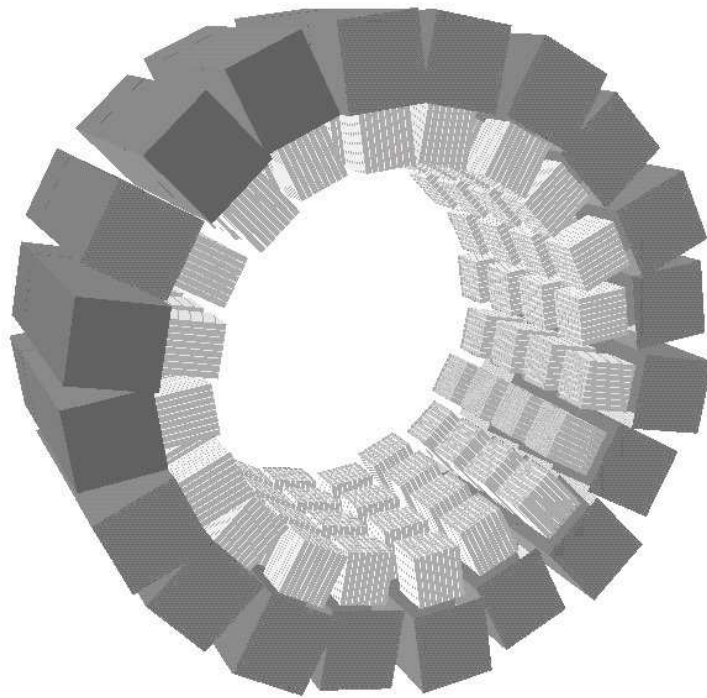


Abbildung 3.2.: Schematischer Aufbau eines Detektorblocks (a) und Anordnung in einer Detektorkassette (b) beim ClearPET™ Neuro. Die einzelnen Kristalle sind $2 \times 2 \times 10$ mm groß.

3. ClearPETTM Neuro



(a) Versatz der Detektormodule



(b) Gesamter Detektorring

Abbildung 3.3.: Schematischer Aufbau des ClearPETTM Neuro. Der gesamte Detektorring besteht insgesamt aus 20 Detektorkassetten, wobei jede zweite Kasette um 9,2 mm versetzt ist.

```

struct LMF_ccs_eventRecord
{
    u8 timeStamp[8]; /* time stamp on 63 bits for singles , 23 for
        coincidence */
    u8 timeOfFlight; /* time of flight on 8 bits */
    u16 *crystalIDs; /* crystal's ID (1st & 2nd and neighbours), 16
        bits each */
    u8 *energy; /* energy in each crystal, 8 bits each */
    u16 gantryAxialPos; /* gantry's axial position, 16 bits */
    u16 gantryAngularPos; /* gantry's angular position, 16 bits */
    u16 sourceAngularPos; /* external source's angular position, 16
        bits */
    u16 sourceAxialPos; /* external source's axial position, 16 bits */
    u8 fpgaNeighInfo[2]; /* store fpga neighbour information */
    struct LMF_ccs_gateDigiRecord *pGDR; /* extension of event record
        to accept GATE simul. infos */
};

```

Listing 3.1: Ereignisstruktur für das ClearPETTM Neuro (LMF Version 1.2) (Krieger et al. 2002).

zwischen 130 und 300 *mm* variiert werden, indem die Kassetten elektronisch ein- und ausfahren werden. Jede zweite Kassette ist axial um 9,2 *mm* versetzt, so dass die axiale Ausdehnung des Scanners rund 11 *cm* beträgt. Der Versatz zwischen den Kassetten ist so gewählt, dass der Totraum zwischen den Detektorblöcken in einer Kassette bei Rotation des Scanners durch die Nachbarkassette abgedeckt wird. Der Scanner erlaubt dabei eine volle Rotation um 360°. In Abbildung 3.3 ist der Aufbau des Detektorrings dargestellt.

3.2. Datenakquisition und Datenformate

Jeden registrierten Szintillationspuls senden die Kassetten versehen mit der Zeitinformation, der digitalisierten Pulsform und der Ortsinformation an einen von fünf Vorverarbeitungs-PCs. Diese werfen das Ereignis entweder oder bereiten es auf und senden es weiter an den Hauptrechner (Streun et al. 2003). Dort werden die Informationen dann als Einzelergebnisse, sogenannte Singles, im List-mode-Format (LMF) gespeichert. Für jedes Ereignis werden dabei die Informationen über Energie, Detektionszeit, Position des Scanners und Kristallidentifikationsnummer sowie Informationen über die Nachbarkristalle gespeichert. Danach stehen die Singles zur weiteren Verarbeitung zur Verfügung. Die Speicherung der Singles hat dabei gegenüber der direkten Speicherung der Koinzidenzen unter anderem den Vorteil, dass das Koinzidenzzeitfenster einfach verändert werden kann, ohne die Messung wiederholen zu müssen. Außerdem kann über die Singles die Anzahl der zufälligen Koinzidenzen abgeschätzt werden (Kapitel 2.4).

Nach der Akquisition werden die Einzelereignisse per Software in koinzidente Ereignisse

3. *ClearPETTM Neuro*

sortiert. In Listing 3.1 ist die genaue Datenstruktur für die Ereignisse dargestellt. Die Struktur wird sowohl für die Speicherung der Singles als auch der Koinzidenzen verwendet. Da der Detektorring des *ClearPETTM Neuro* aus insgesamt 10.240 Einzelkristallen besteht, beträgt die Anzahl der theoretisch möglichen Koinzidenzlinien im Scannersystem $(10.240 * (10.240 - 1)/2) = 52.423.680$. Die Anzahl wird jedoch in der Praxis durch die Bedingung eingeschränkt, dass eine Kassette nur mit den neun gegenüberliegenden in Koinzidenz geschaltet ist. Die Anzahl der genutzten LORs beträgt dann noch 23.592.960.

Standardmäßig werden die Koinzidenzen noch nach wie vor in Sinogramme einsortiert. Unter Verwendung des halben Kristallabstandes ($2,3\text{ mm}/2 = 1,15\text{ mm}$) als gebräuchliches Abtastkriterium (Bailey et al. 2005) ergibt sich für den minimalen Ringradius von 130 mm ein Sinogramm mit rund 113 tangentialen Bins. Die Anzahl der axialen Schichten entspricht hier den 48 axial angeordneten Kristallreihen. In der Praxis wird zur Bildrekonstruktion eine maximale Ringdifferenz von ± 15 Schichten verwendet. Der azimuthale Winkel ist in 80 Schritten zu je $2,25^\circ$ eingeteilt. Als Software zur tomographischen Bildrekonstruktion wird in der Regel der "Ordered-Subset Maximum-A-Posteriori One-Step-Late"-Algorithmus (OSMAPOS�) des STIR-Paketes (Sauge et al.; Labbe et al. 1999) eingesetzt.

4. Bildrekonstruktion

Ziel der tomographischen Bildrekonstruktion ist es, aus den gemessenen Projektionen bzw. LORs wieder das ursprüngliche Objekt zu berechnen. In der Röntgentomographie entspricht das gesuchte Objekt der Verteilung des linearen Abschwächungskoeffizienten, in der PET oder SPECT ist es proportional zur Radioisotopenverteilung. Die tomographische Messung bildet diese Verteilung auf die Projektionen bzw. LORs ab und die räumliche Verteilung im Objekt muss daraus berechnet werden. Allgemein gehört das Rekonstruktionsproblem damit zu den inversen Problemen, bei denen eine gesuchte Größe nur indirekt gemessen werden kann und dann über die Messung berechnet werden muss. Ziel der Inversion ist es, die Abbildungsfunktion, die der Messung zugrunde liegt, zu bestimmen und umzukehren. Die mathematischen Methoden, die hierbei zur Anwendung kommen, unterscheiden sich für die verschiedenen bildgebenden Verfahren nur geringfügig.

In diesem Kapitel werden die grundlegenden mathematischen Methoden der tomographischen Bildrekonstruktion dargestellt und erläutert. Nach der Klassifikation der verschiedenen Methoden, wird stellvertretend für die analytischen Methoden die gefilterte Rückprojektion hergeleitet und beschrieben. Bei den algebraischen Methoden wird auf den Maximum-Likelihood-Algorithmus und dessen Erweiterung für geordnete Untermenüen und List-mode-Daten näher eingegangen.

4.1. Klassifikation

Mathematisch können die Methoden zur Bildrekonstruktion nach ihren Ansätzen in analytische und algebraische Methoden unterschieden werden:

1. Die analytischen Methoden (Abbildung 4.1) setzen voraus, dass sich sowohl das Objekt, als auch die Projektionen durch kontinuierliche Funktionen beschreiben lassen. Die Rekonstruktionsvorschriften leiten sich dann aus funktionalen Zusammenhängen zwischen dem Objekt und seinen gemessenen Projektionen ab. Die analytischen Methoden gehören zu den frühesten Verfahren, die zur Bildrekonstruktion eingesetzt wurden, und sind auch heute noch von großer Bedeutung. Der Grund dafür liegt weniger in der Tatsache, dass diese Methoden sehr schnell arbeiten, sondern vielmehr darin, dass die Algorithmen linear sind und daher eine einfachere Kontrolle der räumlichen Auflösung und des Rauschverhaltens in der Rekonstruktion erlauben. Beides sind Faktoren die zur Quantifizierung benötigt

4. Bildrekonstruktion

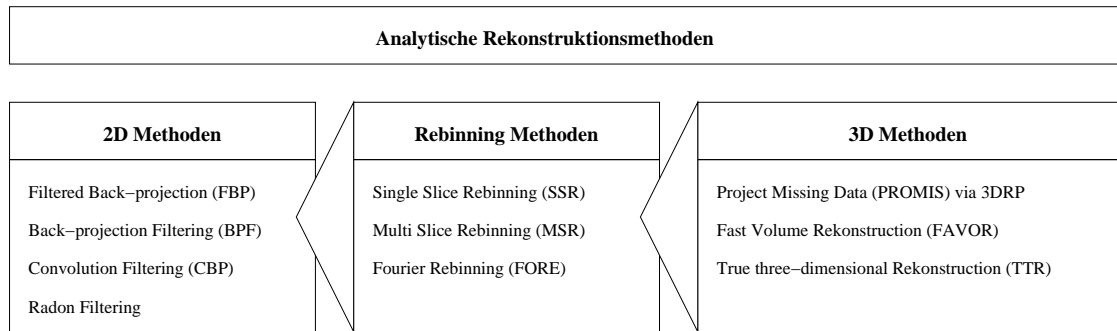


Abbildung 4.1.: Unterscheidung der analytische Rekonstruktionsmethoden nach zwei- und dreidimensionalen Methoden. Die Rebinning-Methoden stellen den Zusammenhang zwischen zwei- und dreidimensionalen Methoden her.

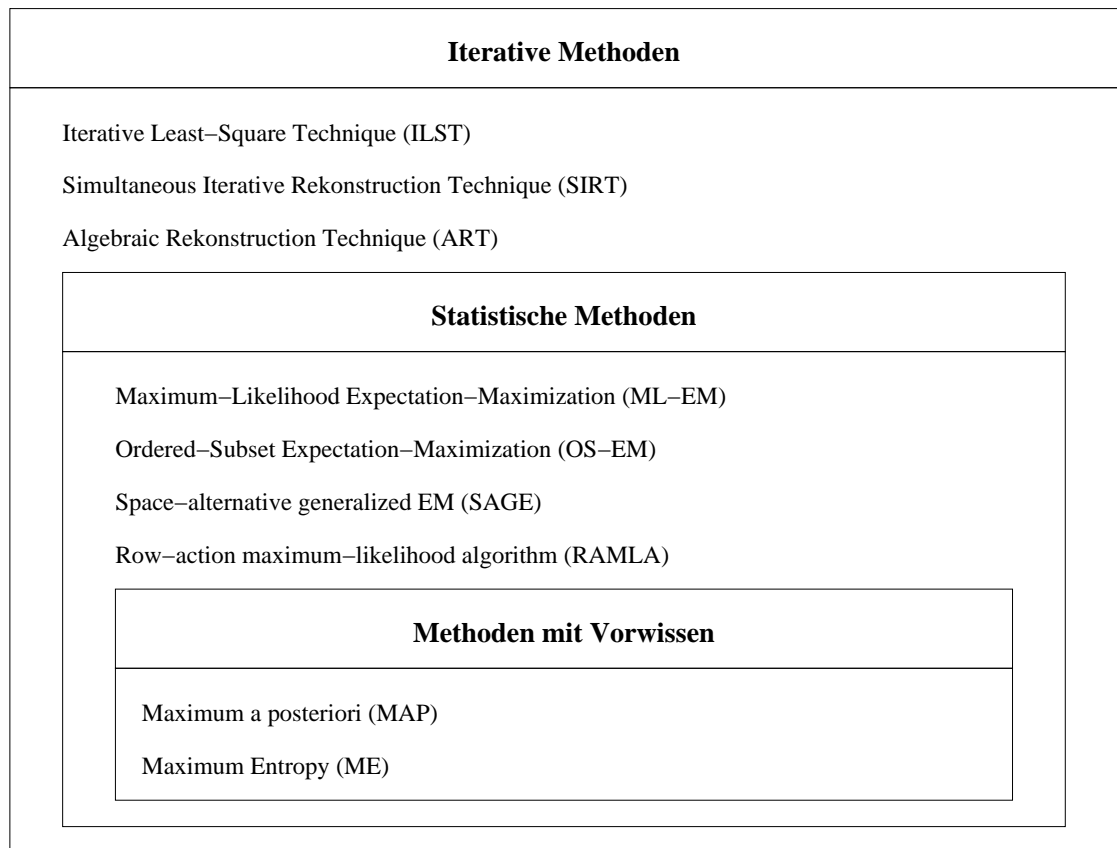


Abbildung 4.2.: Iterative Rekonstruktionsmethoden als Stellvertreter der algebraischen Methoden. Für die (medizinische) tomographische Bildrekonstruktion sind vor allem die statistischen Methoden relevant.

werden (Bailey et al. 2005).

Weiter können die analytischen Methoden nach ihrer Dimension unterschieden werden, denn während im Zweidimensionalen der Projektionsdatensatz ebenfalls zweidimensional und annähernd gleichmäßig über das Objekt verteilt ist, ist im dreidimensionalen Fall der Datensatz vierdimensional und enthält redundante Informationen. Hinzu kommt, dass im Dreidimensionalen die Projektionen in der Regel nicht vollständig vorliegen (vgl. Kapitel 4.2.3), so dass sich eine komplexe Verteilung ergibt, die bei der Rekonstruktion berücksichtigt werden muss. Alternativ lassen sich durch die Rebinning-Methoden dreidimensionale auf zweidimensionale Projektionsdaten umrechnen, so dass das Objekt anschließend schichtweise rekonstruiert werden kann.

Allgemeine Nachteile ergeben sich bei der zwangsläufigen Diskretisierung der Projektionen durch die Messung aufgrund der Detektorgeometrie. So führen unvollständige oder lückenhafte Projektionsdaten, insbesondere bei unkonventionellen Scannergeometrien, zu Artefakten im rekonstruierten Bild und müssen vor der Rekonstruktion kompensiert werden (Gundlich et al. 2005). Desweiteren wird in den analytischen Methoden das Rauschen nicht modelliert, so dass die Bildqualität stark von der Anzahl der gemessenen Zerfälle abhängt.

2. Die algebraischen Methoden (Abbildung 4.2) stellen das Objekt und seine Projektionen von vorne herein als diskret dar und jedes Bildelement (Voxel) ist mit jedem Messwert (Bin) über ein lineares Gleichungssystem miteinander verknüpft (vgl. Kapitel 4.3).

Der mathematische Ansatz ist größtenteils unabhängig von der Scannergeometrie, so dass man folglich auch nicht zwischen zwei- oder dreidimensionalen Methoden unterschieden muss. Der wesentliche Vorteil des algebraischen Ansatzes liegt aber in der Möglichkeit, ein verbessertes physikalisches Modell der Messung in dem Gleichungssystem zu berücksichtigen, wobei auch nicht ideale Faktoren der Messungen voneinander getrennt und modelliert werden können.

Als nachteilig für die algebraischen Methoden stellt sich die zwangsläufig vorhandene Inkonsistenz zwischen Modell und Messung heraus. Sie wird vor allem durch Messungenauigkeiten und durch Überlagerung der Daten mit Rauschen verursacht. Infolge ist das Gleichungssystem schlecht konditioniert, so dass keine oder keine eindeutige Lösung mehr existiert. Das Gleichungssystem ist dann nicht mehr direkt invertierbar und andere Lösungen (Pseudoinverse) müssen berechnet werden. Aufgrund der Größe des Gleichungssystem kommen dabei (fast) ausschließlich iterative Verfahren zum Einsatz.

Die bedeutendste Gruppe der algebraischen Methoden ist die der statistischen Methoden. Ihnen liegt zusätzlich zu dem mathematisch-physikalischen Modell ein statistisches Modell der Messung zugrunde. Zusätzlich ist eine statistische Evaluierung des Rekonstruktionsergebnisses möglich. Dieser Vorteil gegenüber den reinen algebraischen Methoden ist so gravierend, dass die statistischen Methoden heute Standard in der Forschung sind. Im Sprachgebrauch werden deshalb die Begriffe "iterative Verfahren" und "algebraische Methoden" oft synonym verwendet.

4. Bildrekonstruktion

Die schlechte Konditionierung des Gleichungssystems macht sich auch bei den statistischen Verfahren bemerkbar. Sie führt dazu, dass das Rekonstruktionsergebnis eine hohe Varianz aufweist und im Fall der iterativen Lösungssuche bei höheren Iterationen entartet. Zur Lösung des Problems wird die Rekonstruktion regularisiert. Dies geschieht meist durch einen frühen Abbruch der Iterationen, bevor die Konvergenz erreicht wird. Zusätzlich können auch Strafterme zur Regularisierung des Rekonstruktionsergebnisses eingeführt werden.

Eine elegante Methode, das Rekonstruktionsergebnis mit Hilfe von Vorinformationen zu regularisieren, bietet die Bayes-Statistik (Leahy u. Qi 2000). Dabei werden die Eigenschaften des Objektes, die im voraus (a priori) bekannt sind oder angenommen werden, modelliert. Die A-priori-Informationen passen das Rekonstruktionsergebnis zum Beispiel an anatomische Strukturen (Lipinski 1995) an oder liefern eine speziell geglättete Lösung (Reader et al. 1998a). Kritische Aspekte sind die Wahl des richtigen A-priori-Modells und dessen Einflussstärke auf die Rekonstruktion.

Der größte Nachteil der iterativen Verfahren gegenüber den analytischen Verfahren ist ihr wesentlich höherer Rechenaufwand.

4.2. Analytische Methoden

Die analytischen Methoden gehen von einer kontinuierlichen Beschreibungen des Objekts und der Projektionen durch stetige Funktionen kontinuierlicher Variablen aus. Die Rekonstruktionsvorschriften ergeben sich dann ebenfalls über den analytischen Zusammenhang. Die notwendige Diskretisierung in den Objekt- und Messraum findet erst bei der Anwendung der Algorithmen stand.

Die gemessenen Projektionen $p(x_r, \phi)$ können vereinfacht als Linienintegrale über das Objekts $f(x, y)$ entlang der Koinzidenzlinien angesehen werden. Im Zweidimensionalen wird das Linienintegral durch die Radontransformation beschrieben

$$p(x_r, \phi) = \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) dy_r. \quad (4.1)$$

Die Integrationslinie verläuft dabei entlang der LOR und ist durch die Rotation des Koordinatensystems um den Winkel ϕ

$$\begin{bmatrix} x \\ y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos \phi & -\sin \phi \\ \sin \phi & \cos \phi \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_r \\ y_r \end{bmatrix}$$

und den tangentialen Abstand x_r zum Ursprung des Koordinatensystem bestimmt (Abbildung 4.3).

Gleichung 4.1 ist die fundamentale Gleichung der analytischen Rekonstruktionsmethoden und trägt den Namen zu Ehren des deutschen Physikers J. Radon, der diese als erste beschrieb und löste (Radon 1917). Die direkte Inversion der Radontransformation

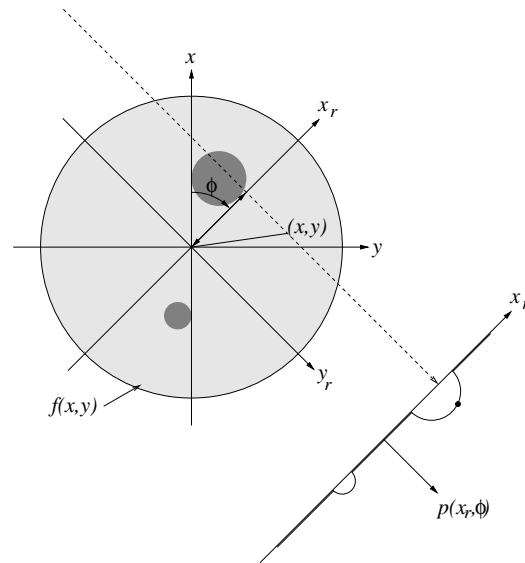


Abbildung 4.3.: Zusammenhang zwischen den Objekt- (x, y) und den Projektionskoordinaten (x_r, y_r) . Die Integration verläuft entlang der gestrichelten Linie, die durch ihren Winkel ϕ zur x -Achse und ihrem Abstand x_r zum Ursprung definiert ist.

wird aufgrund einer Singularität jedoch nur selten in der Bildrekonstruktion eingesetzt (Barret 1984). Stattdessen verwendet man andere Zusammenhänge zur Invertierung der Radontransformation, wie das Fourierscheibentheorem und die gefilterte Rückprojektion.

4.2.1. 2D Fourierscheibentheorem

Die wichtigste Eigenschaft für die tomographische Bildrekonstruktion ist der Zusammenhang der Radontransformation mit der Fouriertransformation, der im Folgenden erläutert wird. Betrachtet man die eindimensionale Fouriertransformation der Projektionen $p(x_r, \phi)$ bezüglich x_r

$$P(k_{x_r}, \phi) = \int_{-\infty}^{+\infty} p(x_r, \phi) \exp[-2\pi i k_{x_r} x_r] dx_r \quad (4.2)$$

erhält man durch Einsetzen der Radontransformation (Gleichung 4.1) und Koordinatentransformation

4. Bildrekonstruktion

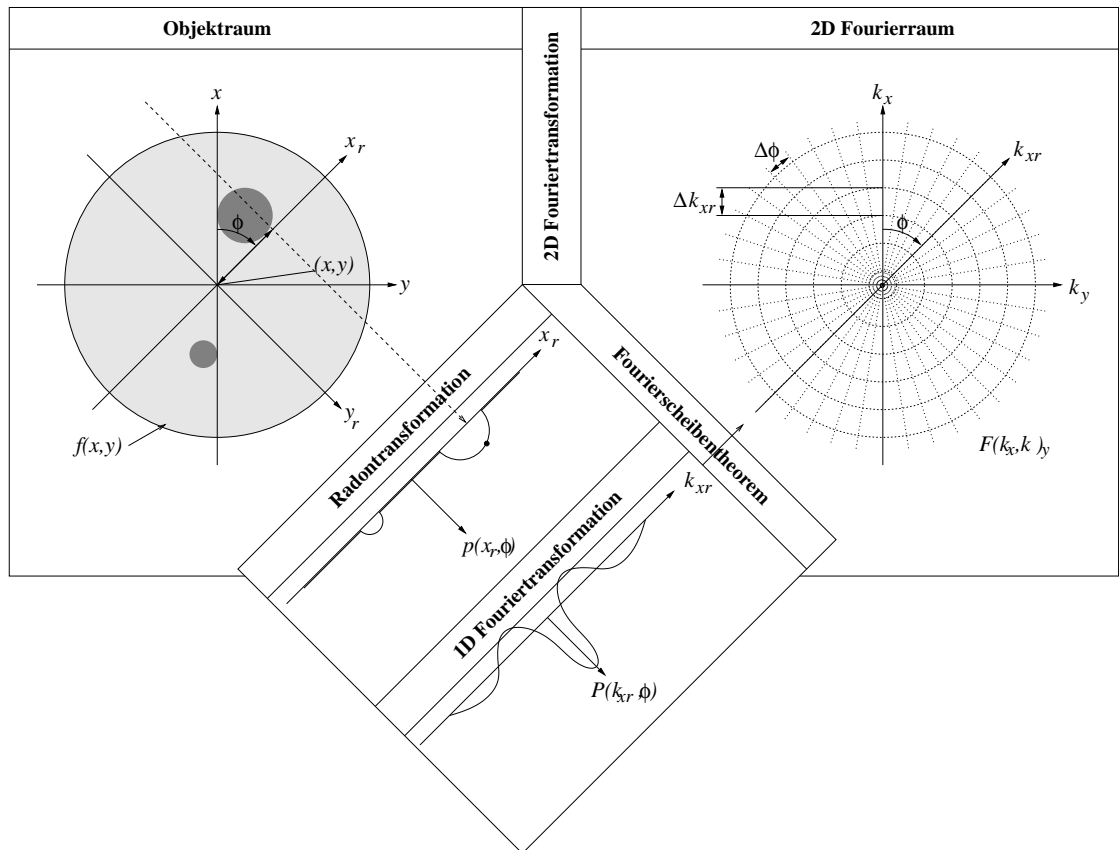


Abbildung 4.4.: Veranschaulichung des Fourierscheibentheorems.

$$\begin{aligned}
P(k_{xr}, \phi) &= \int_{-\infty}^{+\infty} p(x_r, \phi) \exp[-2\pi i k_{xr} x_r] dx_r \\
&= \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} f(x, y) \exp[-2\pi i k_{xr} x_r] dx_r dy_r \\
&= \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} f(x, y) \exp[-2\pi i k_{xr} (x \cos \phi + y \sin \phi)] dx dy \\
&= F(k_{xr} \cos \phi, k_{xr} \sin \phi),
\end{aligned}$$

wobei ein Vergleich mit der zweidimensionalen Fouriertransformation des Objektes

$$F(k_x, k_y) = \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} f(x, y) \exp[-2\pi i (k_x x + k_y y)] dx dy \quad (4.3)$$

das Fourierscheibentheorem (engl. projection-slice theorem oder central-section theorem) liefert (Barret 1984), (Kak u. Slaney 1988):

$$P(k_{xr}, \phi) = F(k_x, k_y)|_{k_x=k_{xr} \cos \phi, k_y=k_{xr} \sin \phi} \quad (4.4)$$

Es besagt anschaulich (von rechts nach links gelesen), dass ein Schnitt durch die 2D-Fourier-Transformierte $F(k_x, k_y)$ des Objekts entlang der Ursprungsgeraden $k_y = k_x \tan(\phi)$ gleich der 1D Fouriertransformierten der Projektion $p(x_r, \phi)$ bezüglich des tangentialen Abstandes x_r ist. Der Sachverhalt ist graphisch in Abbildung 4.4 dargestellt.

Aus dem Fourierscheibentheorem geht hervor, dass der $F(k_x, k_y)$ -Raum vollständig bestimmt ist, wenn alle Projektionen des Objektes bekannt sind. Das Objekt $f(x, y)$ kann dann durch die inverse zweidimensionale Fouriertransformation

$$f(x, y) = \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} F(k_x, k_y) \exp[2i k_{xr} (k_x x + k_y y)] dk_x dk_y \quad (4.5)$$

rekonstruiert werden kann (Algorithmus 1). Algorithmen, die nach dieser Methode arbeiten, werden auch direkte Fouriermethoden genannt. Die Technik zur Bildrekonstruktion wurde als erstes von Bracewell (1956) für radioastronomische Zwecke genutzt. In der Bildrekonstruktion finden die direkten Fouriermethoden jedoch seltener Anwendung, da die Abtastwerte im zweidimensionalen Fourierraum auf einem polaren Raster verteilt sind. Aufgrund der inhomogenen Verteilung müssen die Werte im Fourierraum interpoliert und normalisiert werden, bevor das Objekt rekonstruiert werden kann. Literatur zu den direkten Fouriermethoden findet sich z. B. bei (Herman 1980; O'Sullivan 1985; Cheung u. Lewitt 1991; Magnussen 1993; Schomberg u. Timmer 1995).

4.2.2. 2D Gefilterte Rückprojektion (FBP)

In der medizinischen Tomographie ist die gefilterte Rückprojektion (engl. filtered back-projection) als Rekonstruktionsalgorithmus sehr weit verbreitet; so gut wie alle kommerziellen Systeme haben diesen Algorithmus standardmäßig implementiert. Der Algorithmus

4. Bildrekonstruktion

-
1. Berechne die eindimensionale Fouriertransformation der Projektionen (Gleichung 4.2).
 2. Fülle damit die k_x - k_y -Ebene, dabei sind Rasterung und Interpolation nötig (Gleichung 4.4).
 3. Transformiere die k_x - k_y -Matrix zurück in den Bildraum durch die inverse zweidimensionale Fouriertransformation (Gleichung 4.5).
-

Algorithmus 1: Zweidimensionale Fourierrekonstruktion

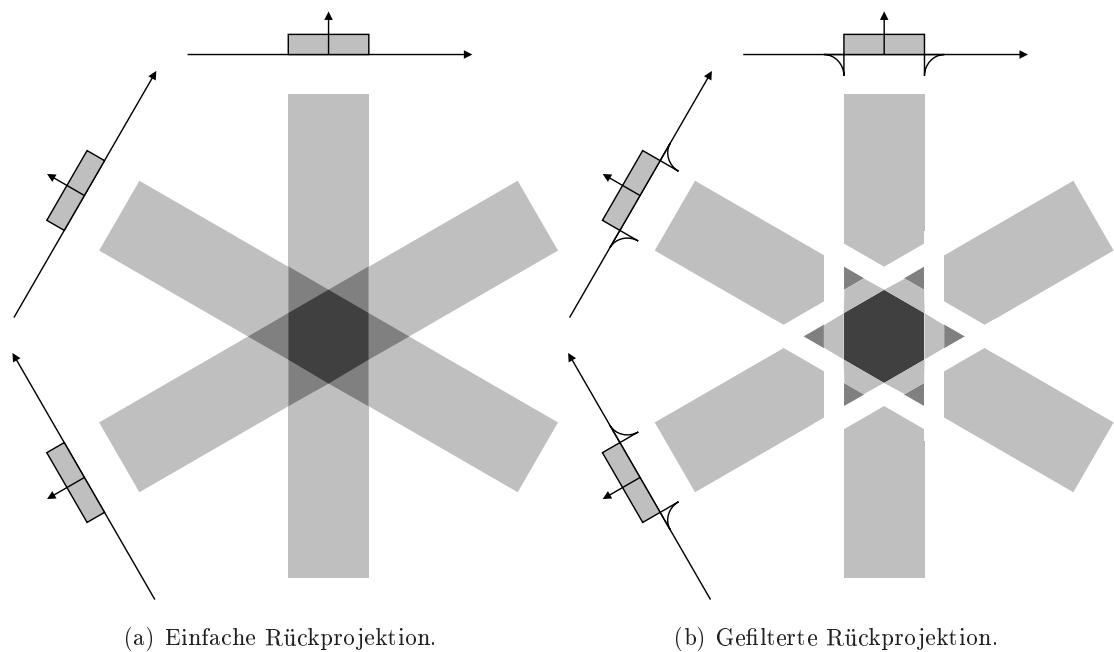


Abbildung 4.5.: Rückprojektion der Aktivitätsverteilung in das Objekt. Ohne die Filterung (a) bildet sich durch konstruktive Überlagerung der Projektionen außerhalb der Aktivitätsquelle das so genannte ein Sternartefakt. Durch die Filterung (b) kommt es zu negativen Beiträgen an den Aktivitätsrändern, die sich mit den positiven destruktiv überlagern (Holmes 1994).

-
1. Für alle Projektionen mit $0 \leq \phi < \pi$:
 - a) Berechne die eindimensionale Fouriertransformation $P(x_r, \phi)$ (Gleichung 4.2).
 - b) Multipliziere die Fourierkoeffizienten mit $|k_{xr}|$ bzw. mit dem Filter $G(k_{xr})$ (siehe Gleichung 4.9).
 - c) Berechne die inverse eindimensional Fouriertransformation (Gleichung 4.8).
 - d) Rückprojiziere die gefilterte Projektion in den Objektraum (Gleichung 4.7).
-

Algorithmus 2: Filtered-backprojection (FBP)

-
1. Für alle Projektionen mit $0 \leq \phi < \pi$:
 - a) Rückprojektion aller Projektionen (Gleichung 4.7) in den Objektraum.
 2. Zweidimensionale Fouriertransformation des Objektes (Gleichung 4.3).
 3. Filterung durch Multiplikation alle Koeffizienten mit $|k|$.
 4. Inverse zweidimensionale Fouriertransformation (Gleichung 4.5).
-

Algorithmus 3: Backprojection-filtering (BPF)

ist relativ einfach umzusetzen, da der Umweg über den zweidimensionalen Fourierraum durch eine eindimensionale Filterung ersetzt wird.

Bei der Herleitung der gefilterten Rückprojektion trägt man der polaren Verteilung der Abtastwerte im Fourierraum Rechnung und betrachtet zur Rekonstruktion die inverse Fouriertransformation (Gleichung 4.5) unter Verwendung der Polarkoordinaten $k_x = k_{xr} \cos \phi$ und $k_y = k_{xr} \sin \phi$:

$$f(x, y) = \int_0^\pi \int_{-\infty}^{+\infty} F(k_x, k_y) \exp[2ik_{xr}(x \cos \phi + y \sin \phi)] |k_{xr}| dk_{xr} d\phi \quad (4.6)$$

Unter Verwendung des Foursierscheibentheorems, läßt sich der Weg über den 2D Fourierraum $F(k_x, k_y)$ durch die 1D Fouriertransformation der Projektionen $P(k_{xr}, \phi)$ ersetzen und man erhält als Ergebnis die gefilterte Rückprojektion

$$f(x, y) = \int_0^\pi p^*(x \cos \phi + y \sin \phi, \phi) d\phi \quad (4.7)$$

mit

$$p^*(x_r, \phi) = \int_{-\infty}^{+\infty} |k_{xr}| P(k_{xr}, \phi) \exp[2\pi i k_{xr} x_r] dk_{xr} \quad (4.8)$$

als eine Lösung der Radontransformation. Das Integral in Gleichung 4.7 verteilt dabei die Aktivität der Projektionen entlang ihrer Koinzidenzlinien zurück in das Volumen (Ab-

4. Bildrekonstruktion

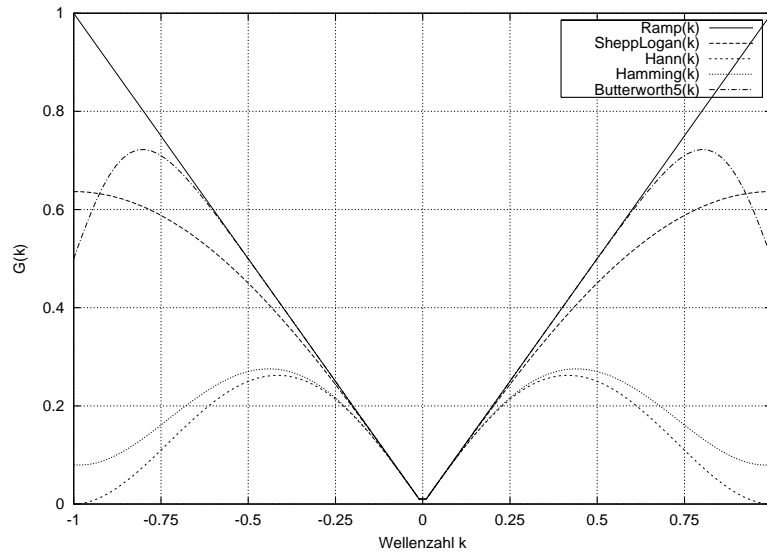


Abbildung 4.6.: Gebräuchliche Filter ($k_{lim} = 1$) für die gefilterte Rückprojektion.

bildung 4.5a) und wird als Rückprojektion bezeichnet. Wendet man die Rückprojektion direkt auf die gemessenen Projektionen $p(x_r, \phi)$ an, ergibt sich die sogenannte einfache Rückprojektion, die lediglich verschmierte Rekonstruktionsergebnisse liefert. Für die korrekte Inversion der Radontransformation müssen die gemessenen Projektionen vor der Rückprojektion noch gefiltert werden (Gleichung 4.8, Abbildung 4.5b). Der rampenförmige Filter ist im Frequenzraum durch den Betrag der Wellenzahl $|k_{xr}|$ gegeben. Er hebt die hohen Frequenzen an und dämpft die niedrigen - entsprechend dem polaren Abtastmuster im Frequenzraum.

Die analytische Betrachtung mittels des Fourierscheibentheorems setzt in der Regel ideale, das heißt rauschfreie Projektionen voraus. In der Praxis werden die Projektionen ab einer bestimmten Frequenz k_{lim} vom Rauschen dominiert. Die Filterung mit der Rampe $|k_{xr}|$ führt somit zu einer weiteren Verstärkung des Rauschens. Um diese Probleme zu vermeiden, wird der Filter um eine so genannte Fensterfunktion $W(k_{xr})$, die als Tiefpass fungiert, erweitert:

$$G(k_{xr}) = |k_{xr}| * W(k_{xr}) \quad (4.9)$$

Die am häufigsten verwendeten Fensterfunktionen sind (Abbildung 4.6):

- Ramp: $W(k_{xr}) = 1$
- Shepp-Logan: $W(k_{xr}) = \text{sinc}\left(\frac{k_{xr}}{2k_{lim}}\right)$
- Hann: $W(k_{xr}) = \frac{1 + \cos\left(\pi \frac{k_{xr}}{k_{lim}}\right)}{2}$

- Hamming: $W(k_{xr}) = a + (1 - a) \cos\left(\pi \frac{k_{xr}}{k_{lim}}\right)$ mit $0.5 \leq a \leq 1$
- Butterworth: $W(k_{xr}) = \frac{1}{1 + \left(\frac{k_{xr}}{k_{lim}}\right)^{2n}}$

Die Funktionen sind für alle Frequenzen $|k_{xr}|$ kleiner der Nyquistfrequenz definiert, sonst gilt $W(k_{xr}) = 0$. Die Grenzfrequenz k_{lim} bestimmt hierbei die Form der Fensterfunktion und insbesondere die Dämpfung der hohen Frequenzen. Die Wahl des passenden Filters und seiner Parameter hängt vom Signal-Rausch-Verhältnis ab und beeinflusst die räumliche Auflösung des rekonstruierten Bildes. Werden die hohen Frequenzen zu stark unterdrückt wird das Bild detaillos und unscharf, eine zu hohe Grenzfrequenz dagegen lässt das Bild verrauschen.

Allgemein gehört die gefilterte Rückprojektion (Algorithmus 2) zu einer ganzen Gruppe von Algorithmen, die auf dem Prinzip der Filterung und der Rückprojektion basieren. Ähnliche Algorithmen, wie die Filterung nach der Rückprojektion (engl. backprojection-filtering, Algorithmus 3), unterscheiden sich dabei in der Reihenfolge von Filterung und Rückprojektion. Alternativ zur Filterung durch eine Multiplikation im Frequenzraum, kann die Filterung auch per Konvolution direkt im Projektionsraum, wie bei der Konvolutionsfilterung (CBP) und der Radonfilterung, durchgeführt werden. Ebenso ist die Konvolution im Objektraum nach Rückprojektion möglich. Aufgrund numerischer Instabilitäten wird die Filterung durch Konvolution jedoch seltener eingesetzt. Eine Zusammenstellung analytischer Rekonstruktionsverfahren und Filter findet sich bei Brooks u. Chiro (1976) und aktueller bei Bendriem et al. (1998).

4.2.3. 3D Gefilterte Rückprojektion (3DRP)

Die dreidimensionalen analytischen Rekonstruktionsmethoden sind eine allgemeine Erweiterung der zweidimensionalen Methoden um eine Dimension.

Der grundlegende Unterschied zu den zweidimensionalen Methoden ist, dass im Dreidimensionalen die Projektionsdaten nicht vollständig vorliegen (engl. data truncation). Während im zweidimensionalen Fall ein Ring des Scanners einen vollständigen Projektionsdatensatz seiner Schicht liefert, werden im dreidimensionalen Fall die Projektionsebenen mit zunehmenden co-polarem Winkel θ durch die zylindrische Form des Scanners axial beschnitten (Abbildung 4.7). Die Fouriertransformation setzt aber voraus, dass alle Projektionen das Objekt vollständig abdecken. Eine gängige Lösung ist, die abgeschnittenen Projektionsebenen vor der Rekonstruktion aufzufüllen.

Ein weiterer Unterschied entsteht durch die Redundanz in den Projektionsdaten. Wie in den vorherigen Abschnitten gezeigt, reichen eindimensionale Projektionen (um den azimuthalen Winkel ϕ oder allgemeiner um einen beliebigen Vektor \vec{v}) aus, um eine Schicht des Objektes eindeutig zu rekonstruieren (Abbildung 4.8a). Demnach ist es möglich, das dreidimensionale Objekt schichtweise aus den direkten Projektionen ($\theta = 0$) zu rekonstruieren (Abbildung 4.8b). Durch die zusätzlichen schrägen Projektionen ($\theta \neq 0$) ist das

4. Bildrekonstruktion

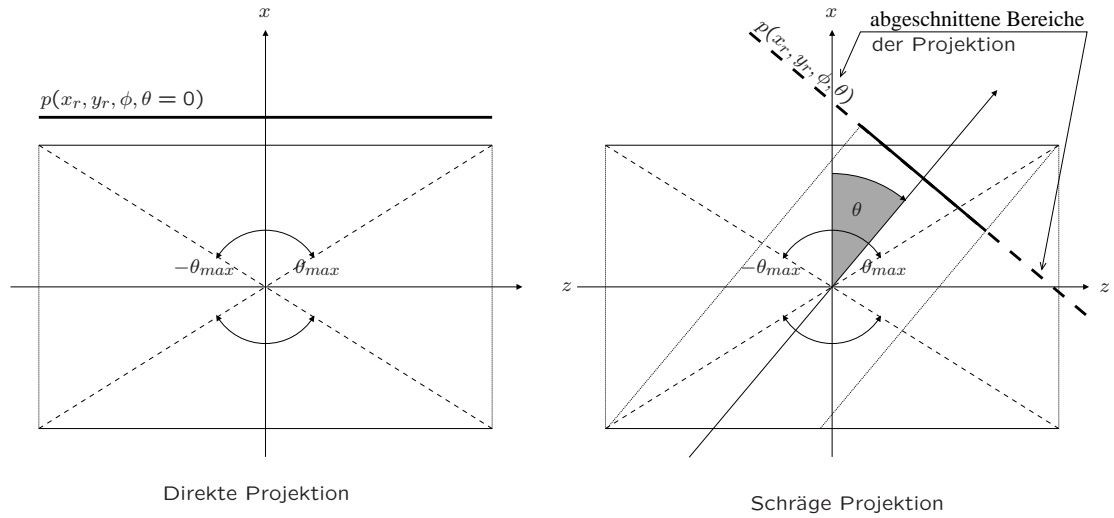


Abbildung 4.7.: Beschneidung der Projektionen $p(x_r, y_r, \phi, \theta)$ mit zunehmenden copolarem Winkel θ aufgrund der axial begrenzten, zylindrischen Scannergeometrie.

-
1. Schichtweise Rekonstruktion des Objektes $f_{2D}(x, y, z)$ mittels 2D-FBP (Algorithmus 2) aus den direkten Projektionen ($\theta = 0$).
 2. Für alle Projektionen mit $0 \leq \phi < \pi$ und $-\theta_{max} \leq \theta \leq \theta_{max}$
 - a) Berechne die abgeschnittenen Projektionen durch Vorwärtsprojektion: $p(x_r, y_r, \phi, \theta) = \int_{-\infty}^{\infty} f_{2d}(x, y, z) dz_r$ (dreidimensionales Linienintegral, vergleiche Gleichung 4.1) und füge sie den gemessenen hinzu
 - b) 3D gefilterten Rückprojektion für vollständige Projektionen:
 - i. Berechne die zweidimensionale Fouriertransformation der Projektionen $P(k_{xr}, k_{yr}, \phi, \theta)$
 - ii. Multipliziere die Fourierkoeffizienten mit 2D-Colsher-Filter und $H_c(k_{xr}, k_{yr}, \theta)$ und der 2D-Fensterfunktion $W(k_{xr}, k_{yr})$.
 - iii. berechne die inverse zweidimensionale Fouriertransformation.
 - iv. 3D Rückprojektion der gefilterten Projektionen
-

Algorithmus 4: 3D reprojection (3DRP)

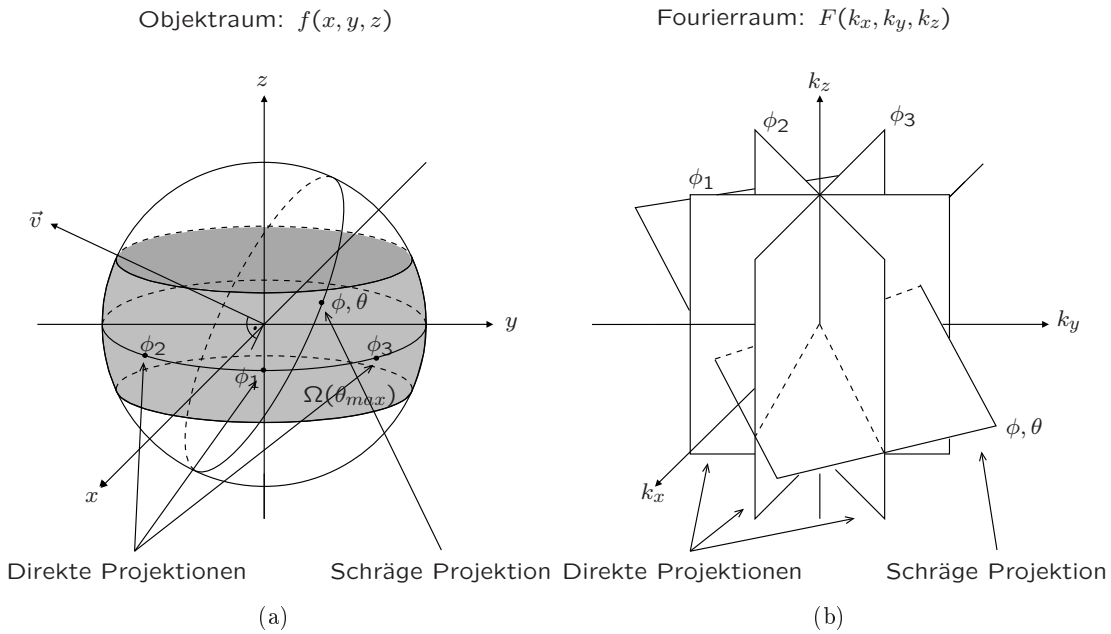


Abbildung 4.8.: Zweidimensionale Projektionen (a) und ihre Lage im Fourierraum (b). Die direkten Projektionen ($\theta = 0$) bilden sich im Fourierraum als um die z -Achse rotierte Ebenen ab, aus denen das Objekt bereits auf die Z -Ebene bezogen schichtweise rekonstruiert werden kann. Die schrägen Projektionen liegen windschief im Fourierraum und liefern redundante Frequenzinformationen an den Schnittstellen.

4. Bildrekonstruktion

Rekonstruktionsproblem überbestimmt. Das hat zur Folge, dass ein eindeutiger Filter wie der Rampenfilter im Dreidimensionalen nicht existiert. Für vollständige Projektionsdaten $\Omega(\theta_{max})$ wird für gewöhnlich der sogenannte Colsher-Filter $H_c(k_{xr}, k_{yr}, \theta)$ verwendet (Colsher 1980). Er berücksichtigt die Redundanz und gewichtet die Beiträge der einzelnen Projektionen im Fourierraum entsprechend. Zur Rauschkontrolle kann der Filter wieder durch eine jetzt zweidimensionale Fensterfunktion $W(k_{xr}, k_{yr})$ erweitert werden. Eine Übersicht verschiedener Filterklassen findet sich bei Defrise et al. (1989).

Analog zur gefilterten Rückprojektion ist der 3DRP (engl. 3D reprojection) Algorithmus (Kinahan u. Rogers (1989), Algorithmus 4), der auch PROMIS (engl. project missing data) genannt wird. Hierbei wird zunächst ein vorläufiges Objekt aus den direkten Projektionen rekonstruiert und dann mit Hilfe der Radontransformation die abgeschnittenen Bereiche mittels Vorwärtsprojektion nachberechnet und aufgefüllt. Auch die direkten Fouriermethoden bei Matej u. Lewitt (2001) und Stearns et al. (1990) arbeiten auf dieselbe Weise.

Die Nachberechnung der abgeschnittenen Projektionen ist vergleichsweise aufwendig und nimmt etwa 40% der gesamten Rekonstruktionszeit in Anspruch. Der FAVOR (engl. fast volume reconstruction) Algorithmus (Defrise et al. 1991a) umgeht diesen Nachteil, indem er die gefilterten Projektionen direkt aus den gemessenen berechnet. Hierbei wird die zweidimensionale Filterung der abgeschnittenen Projektionen durch eine eindimensionale Filterung, die keiner Vollständigkeit der Projektionen bedarf, approximiert.

4.2.4. Rebinning-Methoden

Rebinning-Methoden führen das dreidimensionale Rekonstruktionsproblem auf ein zweidimensionales zurück, indem sie die schrägen Projektionen -meist Sinogramme- auf die direkten umrechnen. Anschließend läßt sich das Objekt schichtweise mit den zweidimensionalen Methoden rekonstruieren, die erheblich schneller arbeiten als die dreidimensionalen. Gleichzeitig kann weiterhin vom verbesserten Signal-Rausch-Verhältnis der dreidimensionalen Messung profitiert werden.

Das eingesetzte Rebinningverfahren sollte also schnell arbeiten und dabei stabil auf Rauschen reagieren, um einen Vorteil gegenüber den dreidimensionalen Methoden zu bieten.

Die Rebinning-Methoden stellen lediglich eine Näherung dar. Das gilt insbesondere für das Single- und Multi-Slice-Rebinning, die von einer stark vereinfachten Betrachtungsweise ausgehen; lediglich das Fourier-Rebinning geht von einem exakten (analytischen) Ansatz aus und die Approximation wird erst bei der Implementation vorgenommen. So kommt es bei allen Methoden zu einem Auflösungsverlust in axialer Richtung mit zunehmenden co-polarem Winkel θ , wodurch der nutzbare axiale Akzeptanzwinkel des Scanners eingeschränkt wird.

Untersuchungen des Einflusses der verschiedenen Rebinning-Methoden auf die Bildqualität finden sich unter anderem bei Kinahan u. Karp (1994) und in den Referenzen darin.

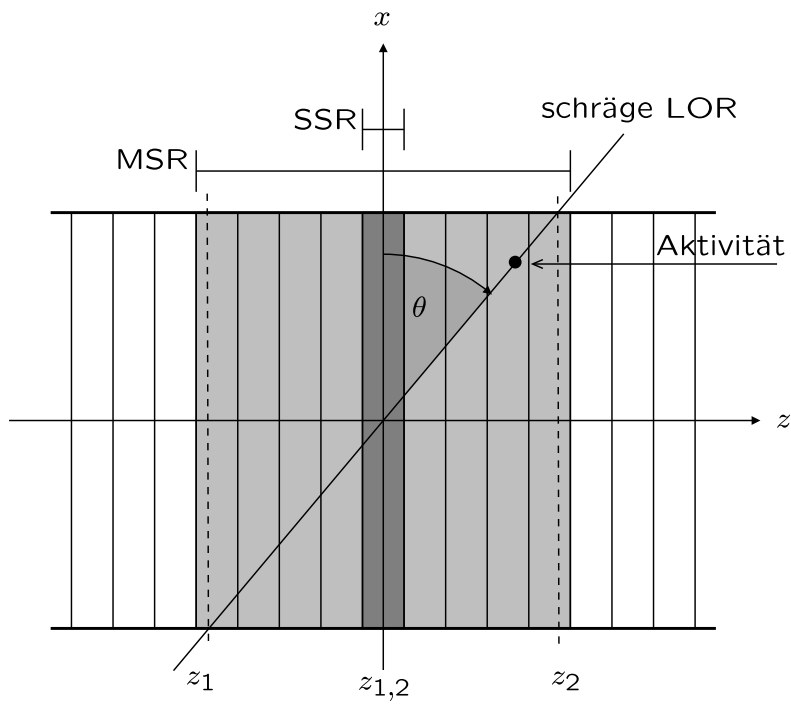


Abbildung 4.9.: Verteilung der Aktivität einer schrägen LOR auf die direkten Schichten beim SSR (dunkel schattiert) und MSR (hell schattiert).

4. Bildrekonstruktion

4.2.4.1. Single-Slice-Rebinning (SSR)

Das älteste und einfachste Rebinning Verfahren ist das Single-Slice-Rebinning (SSR) (Daube-Witherspoon u. Muehllehner 1987). Hierbei wird die Aktivität einer schrägen LOR entsprechend der mittleren axialen Koordinate $z_{1,2} = (z_1 + z_2)/2$ und ihrem azimuthalen Winkel ϕ einem direkten Sinogramm zugewiesen, d. h.:

$$p(x_r, \phi, z, \delta) \approx p(x_r, \phi, z, \delta = 0)$$

Abbildung 4.9 illustriert die Zuweisung der axialen Koordinate bei einem Ring-Scanner. Deutlich wird hier, dass das SSR nur für Aktivitäten in der Nähe der Achse des FOVs eine gute Näherung bietet.

4.2.4.2. Multi-Slice-Rebinning (MSR)

Eine Erweiterung des SSR ist das Multi-Slice-Rebinning (MSR) nach Lewitt et al. (1994). Diese Methode verteilt die Aktivität gleichmäßig auf alle axialen Schichten, die von der LOR geschnitten werden. Anschließend werden die Sinogramme normiert, so dass die Gesamtaktivität in den Sinogrammen vor und nach dem Rebinning konstant bleibt. Das MSR verbessert leicht die räumliche Auflösung, und liefert ähnliche Ergebnisse wie die 3DRP. Allerdings verhält sich diese Methode weniger stabil bei verrauschten Daten als das SSR (Bendriem et al. 1998).

4.2.4.3. Fourier-Rebinning (FORE)

Die fortschrittlichste Methode ist das Fourier-Rebinning (FORE) von Defrise et al. (1997). Sie basiert auf dem Zusammenhang zwischen den direkten und schrägen Sinogrammen im dreidimensionalen Fourierraum:

$$S(k_{xr}, k_\phi, k_z, \delta) = \exp \left\{ -2\pi i k_\phi \arctan \left(\frac{\delta k_z}{k_{xr}} \right) \right\} S(k_{xr} \sqrt{1 + \frac{\delta^2 k_z^2}{k_{xr}^2}}, k_\phi, k_z, \delta = 0) \quad (4.10)$$

Gleichung 4.10 wird auch als exakte Rebinning-Formel bezeichnet. Die Implementation ist vergleichsweise aufwendig, da wieder die Vollständigkeit der Projektionen vorausgesetzt wird (s. Kapitel 4.2.3).

Stattdessen verwendet man eine approximierete Rebinning-Formel, die durch die Taylor-Reihen-Entwicklung von Gleichung 4.10 gewonnen wird. In der Praxis ergeben sich dabei unterschiedliche Approximationen für niedrige Wellenzahlen von k_{xr} .

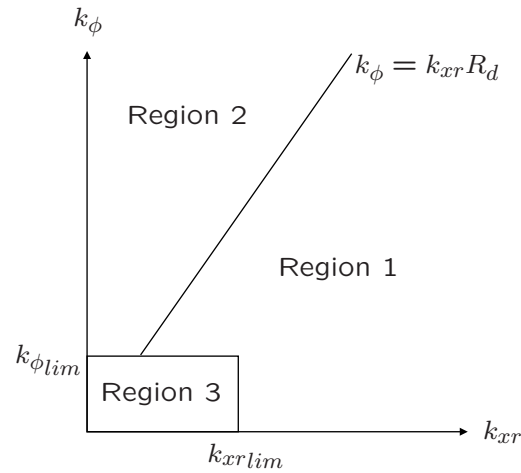


Abbildung 4.10.: Einteilung des Frequenzraumes beim Fourier-Rebinning.

-
1. Berechne die zweidimensionale Fouriertransformation der direkten Sinogramme $S(k_{xr}, k_{\phi}, z, \delta = 0)$
 2. Für alle schrägen Sinogramme
 - a) Berechne die zweidimensionale Fouriertransformation $S(k_{xr}, k_{\phi}, z, \delta)$
 - b) Für alle Frequenzen (k_{xr}, k_{ϕ})
 - i. Berechne die mittlere axiale Position der Ebene durch $z' = z - k \tan \theta / (2\pi k_{xr})$
 - ii. Addiere $S(k_{xr}, k_{\phi}, z, \delta)$ zu $S(k_{xr}, k_{\phi}, z', \delta = 0)$
 3. Normalisiere den Frequenzraum der direkten Sinogramme entsprechend der Anzahl der Beiträge der schrägen Sinogramme
 4. Berechne die inverse zweidimensionale Fouriertransformation für jede z -Schicht der direkten Sinogramme.
-

Algorithmus 5: Fourier-Rebinning (FORE)

4. Bildrekonstruktion

Abbildung 4.10 zeigt die Aufteilung des Frequenzraumes in die verschieden approximierten Bereiche. In der Hochfrequenzregion 1 kommt die Fourier-Rebinning-Approximation zum Einsatz:

$$S(k_{xr}, k_\phi, z, \delta) \approx S(k_{xr}, k_\phi, z - \frac{k_\phi \delta}{k_{xr}}, \delta = 0) \quad (4.11)$$

Gleichung (4.11) setzt die 2D-Fouriertransformation eines schrägen Sinogramms mit der 2D-Fouriertransformation der Schichten der direkten Sinogramme in Verbindung. Die Fourierkoeffizienten der schrägen Sinogramme werden dabei abhängig von der Frequenz der axial um $-\frac{k_\phi \delta}{k_{xr}}$ verschobenen direkten Schicht zugeordnet. Die Approximation hat gegenüber dem exakten Rebinning den Vorteil, dass Fouriertransformation entlang der z-Richtung entfällt, wodurch die Implementierung vereinfacht wird (Algorithmus 5).

In der Region 2, ebenfalls Hochfrequenzregion, ist die Konsistenzbedingung der Radontransformation ($|k_{xr}| \leq |k_\phi|/R_d$) nicht erfüllt, so dass die Werte im Fourierraum nicht definiert sind und auf Null gesetzt werden. In der Niederfrequenzregion 3 wird aufgrund sehr kleiner Wellenzahlen nicht die Fourier-Rebinning-Approximation eingesetzt. Stattdessen verwendet man hier das SSR, dass aus der Näherung 0. Ordnung der exakten Rebinning-Formel hervorgeht.

Trotz der vergleichsweise aufwendigen Implementation arbeitet das Fourier-Rebinning immer noch schneller als die 3DRP. Dabei zeichnet sich das FORE durch eine gute Genauigkeit und stabile Eigenschaften auch für größere axiale Akzeptanzwinkel aus (Matej et al. 1998).

4.3. Algebraische Methoden

Im Gegensatz zu den analytischen Methoden werden bei den algebraischen Methoden sowohl das Objekt als auch seine Messung von Beginn an als diskret angesehen und der mathematische Ansatz zur Herleitung einer Rekonstruktionsvorschrift ist für zwei- und dreidimensionale Rekonstruktionsmethoden identisch.

Das Objekt $f(x, y, z)$ wird hierbei in M diskrete Objekt- bzw. Bildelemente f_i zerlegt, die durch den Vektor $\mathbf{f} = \{f_i | i = 1, \dots, M\}$ repräsentiert werden. In der Regel findet dabei die Zerlegung in sogenannten Voxel statt und die Werte f_i stellen direkt die gesuchte Objektverteilung dar.

Die Einteilung des Objektes in die Voxel stellt dabei lediglich eine spezielle Parametrisierung dar. Allgemein wird die Parametrisierung des Objektes durch sogenannte Basisfunktionen vorgegeben, so dass das Objekt als Linearkombination von Basisfunktionen $b_i(x, y, z)$ und Objektwerten f_i modelliert werden kann

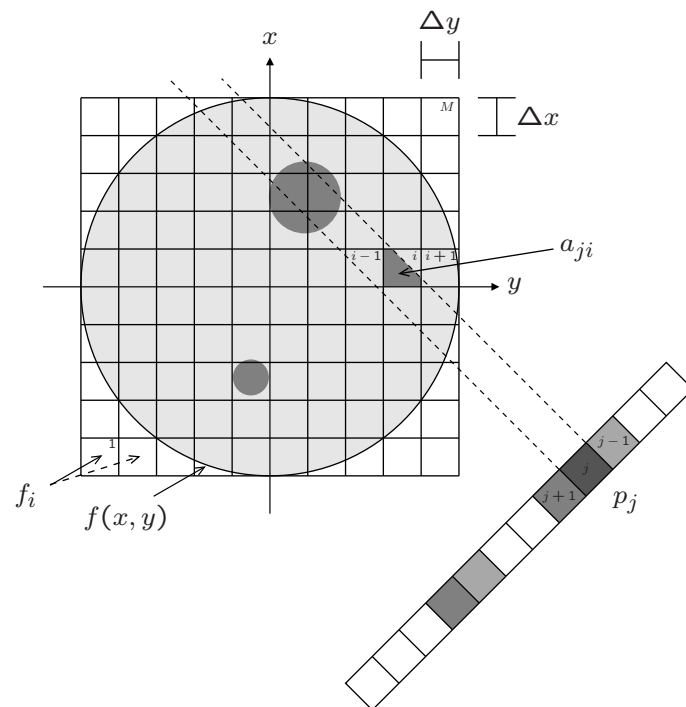


Abbildung 4.11.: Ein Element a_{ij} der Systemmatrix enthält den Beitrag eines Voxels i zu einer LOR j . Eine Zeile der Systemmatrix enthält die Beiträge eines jeden Voxels zu einer LOR j .

4. Bildrekonstruktion

$$f(x, y, z) \simeq \sum_{i=1}^M f_i b_i(x, y, z)$$

Bei den Voxeln legt man bei der Parametrisierung des Objektes sich nicht überlappende kubische Volumenelemente mit der Basisfunktion

$$b_i(x, y, z) = \begin{cases} 1, & \text{falls } |x - x_i| < \Delta x/2 \quad \wedge \quad |y - y_i| < \Delta y/2 \quad \wedge \quad |z - z_i| < \Delta z/2 \\ 0, & \text{sonst} \end{cases}$$

zugrunde, wobei das (x_i, y_i, z_i) das Zentrum des i -ten Bildelementes und $(\Delta x, \Delta y, \Delta z)$ die Größe der Bildelemente darstellt.

Eine Übersicht über alternative Basisfunktionen gibt Lewitt (1992). Als interessant wird hier vor allem die Verwendung von weichen Basisfunktionen herausgestellt. Möglich ist auch die Einführung von zeitlich abhängigen Basisfunktion $b_i(x, y, z, t)$ zur Rekonstruktion von Zeitaktivitätskurven (Nichols et al. 2002; Rahmin et al. 2005).

Die Diskretisierung des Messvektors $\mathbf{p} = \{p_j | j = 1, \dots, N\}$ ist dagegen durch die LORs bzw. Projektionselemente (Bins) vorgegeben. Dabei stellt sich hier als vorteilhaft heraus, dass die Diskretisierung entsprechend der technisch vorgegebene Detektoranordnung des Scannersystems vorgenommen werden kann. Die Elemente p_j entsprechen dann direkt den gemessenen Aktivitäten in den entsprechenden LORs.

Die Beziehung zwischen dem Bild- und seinem Messvektor wird durch die lineare Transformation

$$\mathbf{p} = \mathbf{A} \mathbf{f} \tag{4.12}$$

modelliert. Die $N \times M$ (Zeilen x Spalten) Transformationsmatrix \mathbf{A} , auch Systemmatrix genannt, ist scannerspezifisch und muss zur Rekonstruktion bekannt sein. Ihre Elemente a_{ji} geben den Beitrag des Bildelementes i zum Messwert j an (Abbildung 4.11). Das algebraische Projektionsmodell verknüpft letztendlich jedes Bildelement mit jedem Messwert und erlaubt damit eine genaue Beschreibung der physikalischen Prozesse, die dem Messvorgang zugrunde liegen. Auf die Berechnung der Systemmatrix und ihren Einfluss auf die Rekonstruktion wird ausführlich in Kapitel 5 eingegangen.

Gleichung 4.12 ist ein lineares Gleichungssystem mit M Unbekannten und N Gleichungen. Zur Rekonstruktion des unbekanntes Objektes kann das Gleichungssystem durch Inversion von \mathbf{A} gelöst werden:

$$\mathbf{f} = \mathbf{A}^{-1} \mathbf{p}$$

Allerdings ist eine direkte Berechnung der Inversen \mathbf{A}^{-1} nur für $M = N$ und unter idealisierten physikalischen Bedingungen möglich. Bei heutigen Scannersystemen überschreitet die Anzahl der LORs gewöhnlich die Anzahl der zu rekonstruierenden Voxel, so

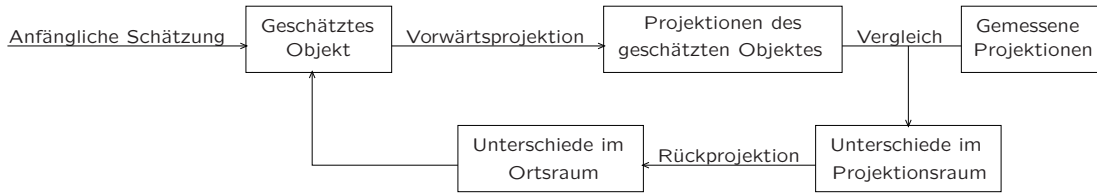


Abbildung 4.12.: Prinzip der iterativen Methoden: für ein vorgegebenes Objekt wird der theoretische Messwert berechnet und mit dem tatsächlichen verglichen. Aus dem Unterschied werden Korrekturfaktoren bestimmt, die letztendlich wieder auf das Objekt angewendet werden.

dass das Gleichungssystem in der Regel überbestimmt ist ($M < N$). Allerdings enthält die Systemmatrix unter realen Bedingungen Singularitäten (Toft 1996) und kann deshalb nicht direkt invertiert werden. Ebenso sind die Messwerte mit Fehlern behaftet und mit Rauschen überlagert. Letztendlich resultiert das in einem schlecht konditionierten Gleichungssystem 4.12, das eventuell keine oder keine eindeutige Lösung mehr besitzt.

Um dennoch immer eine eindeutige Lösung zu gewährleisten, können zusätzliche Bedingungen an die Lösung geknüpft werden. Eine solche Bedingung ist zum Beispiel, dass die Summe der Fehlerquadrate minimal wird (engl. least-square-minimum-norm)

$$\min_f |\mathbf{A}\mathbf{f} - \mathbf{p}|^2$$

Für obige Bedingung stellt die sogenannte Moore-Penrose-Pseudoinverse (Natterer 2001) \mathbf{A}^+ von \mathbf{A} eine direkte Lösungsmöglichkeit dar und die beste Objektverteilung ist gegeben durch

$$\begin{aligned} \mathbf{f} &= \mathbf{A}^+ \mathbf{p} \\ &= (\mathbf{A}^T \mathbf{A})^{-1} \mathbf{A}^T \mathbf{p} \end{aligned}$$

Ein anderes Verfahren zur Berechnung Pseudoinversen, stellt zum Beispiel die Singulärwertzerlegung dar (Buzug 2003).

Für die medizinische Tomographie scheiden die direkten Methoden zur Berechnung der Inversen bzw. Pseudoinversen in der Praxis in der Regel wegen der Größe des Gleichungssystem aus (Golub u. van Loan 1996). Zur Rekonstruktion werden deshalb überwiegend iterative Verfahren eingesetzt. Diese Methoden haben den entscheidenden Vorteil, dass sich mit ihnen auch sehr große Gleichungssysteme lösen lassen, da sie ohne eine direkte Invertierung der Systemmatrix auskommen.

Alle iterativen Methoden arbeiten dabei nach dem selben Prinzip (Abbildung 4.12), indem sie ausgehend von einer anfänglichen Schätzung des Objekts $\mathbf{f}^{(0)}$, die in der Regel homogen ausfällt, versuchen das Objekt sukzessiv zu verbessern. Dazu werden in jedem

4. Bildrekonstruktion

Iterationsschritt k die Projektionen der aktuellen Schätzung durch Vorwärtsprojektion $\mathbf{p}^{(k)} = \mathbf{A}\mathbf{f}^{(k)}$ berechnet und mit den gemessenen verglichen. Aus dem Vergleich erhält man Korrekturfaktoren für das Objekt, mit denen dann die Schätzung korrigiert wird, um sie konsistenter mit den gemessenen Projektionsdaten \mathbf{p} zu machen. Somit erhält man eine Folge von Bildvektoren $\mathbf{f}^{(0)}, \mathbf{f}^{(1)}, \mathbf{f}^{(2)}, \dots$ die gegen das gesuchte Objekt \mathbf{f} konvergiert.

Die Methoden unterscheiden sich im wesentlichen in der Art und Weise des Vergleiches und im Anwendungsbereich der Korrekturen:

1. Der Vergleich zwischen den Projektionen kann dabei additiv (z.B. durch Differenzbildung), multiplikativ (z.B. durch Quotientenbildung) oder über ein Gütekriterium (z.B. minimale Summe der Fehlerquadrate oder ML-EM) geschehen.
2. Der Anwendungsbereich der Korrekturen gibt die Region und die Reihenfolge an, in der die Voxel bei den Iterationsschritten korrigiert werden. Man unterscheidet dabei drei prinzipielle Kategorien:
 - a) Methoden mit der gleichzeitigen Korrektur aller Objektvoxel berücksichtigen den kompletten Satz an Messdaten in einer Iteration und die Korrekturfaktoren werden auf sämtliche Objektvoxel simultan angewandt. Zu dieser Kategorie zählen zum Beispiel die "Iterative Least-Squares Technique" (ILST, Goitein) und die ML-EM-Methoden (siehe Kapitel 4.3.1.1).
 - b) Methoden mit strahlweiser Korrektur arbeiten die Messdaten sukzessiv ab. Dabei werden für jeden Messwert immer nur die Voxel korrigiert, die zu der entsprechenden Koinzidenröhre beigetragen haben. Nach der Korrektur dieser Voxel, wird dann mit den Voxeln des nächsten Messwertes fortgefahren. Stellvertretend für die Methoden steht die "Algebraic Reconstruction Technique" (ART, Gordon et al. (1970)).
 - c) Methoden mit pixelweiser Korrektur bestimmen die Korrekturfaktoren für alle Objektvoxel einzeln und nacheinander. Zur Berechnung des Korrekturfaktors eines Voxels werden dabei alle Messdaten ausgewertet, die zu dem entsprechenden Voxel einen Beitrag geleistet haben. Bevor mit der Berechnung des Korrekturfaktors für den nächsten Voxel weiter gemacht wird, werden die vorherigen Korrekturen angewandt. Die bekannteste Methode, die nach diesem Verfahren arbeitet ist die "Simultaneous Iterative Reconstruction Technique" (SIRT, Gilbert (1972)).

Eine Diskussion der algebraischen Verfahren und eine genauere Beschreibung der Wirkungsweise der Korrekturen findet sich bei Brooks u. Chiro (1976) und Kak u. Slaney (1988).

4.3.1. Statistische Methoden

Die statistischen Methoden erweitern das algebraische Modell, mit dem der physikalische Messvorgang modelliert wird, durch die Angabe statistischer Modelle.

Mit dem grundlegenden Modell, dem sogenannten Daten- oder Rauschmodell, wird eine Wahrscheinlichkeitsverteilung $w(\mathbf{p}|\mathbf{f})$ für die Messwerte \mathbf{p} bei gegebenem Objekt \mathbf{f} angenommen. Die Verteilung beschreibt die statistischen Schwankungen der Messdaten und somit das Rauschen. Die Integration eines Rauschmodells kann dabei zu einer Verringerung der Varianz und zu einer wesentlichen Verbesserung des Rekonstruktionsergebnisses insbesondere bei schlechtem Signal-Rausch-Verhältnis und niedrigen Zählraten führen.

Der Ansatz aus der Bayes-Statistik erlaubt die Einbeziehung von sogenannten A-priori-Informationen, die die statistischen Zusammenhänge der Objektelemente $w(\mathbf{f})$, die im voraus angenommen werden können, beschreiben. Die A-priori-Informationen können eingeführt werden, um das Rekonstruktionsergebnis explizit zu regularisieren (Leahy u. Qi 2000) oder spezielle anatomische Gegebenheiten vorauszusetzen.

Zusammengefasst besteht ein iterativer (statistischer) Rekonstruktionsalgorithmus dabei stets aus den fünf folgenden Komponenten (Fessler 1994; Bendriem et al. 1998):

1. Eine endliche Parametrisierung des Objektes; üblicherweise in einen Satz diskreter Voxel repräsentiert durch den Objekt- oder Bildvektor \mathbf{f} .
2. Ein mathematisch-physikalisches Modell des Messvorgangs, das den Zusammenhang zwischen dem Objekt \mathbf{f} und dem Messvektor \mathbf{p} beschreibt (Gleichung 4.12).
3. Ein Rauschmodell, das die Wahrscheinlichkeitsverteilung der Messdaten angibt (z. B.: Poissonmodell für den radioaktiven Zerfall).
4. Ein Gütekriterium, das angibt, wie das Objekt zu den Messdaten passt (z.B: Maximum-Likelihood, Maximum-A-posteriori). Bei der Verwendung von Vorinformationen gibt das Gütekriterium zusätzlich an, wie gut das Objekt zu den A-priori-Informationen passt.
5. Ein iterativer Algorithmus, der sukzessiv die Parameter des Lösungsvektors bestimmt und gegen die Minimums- oder Maximumlösung des Gütekriteriums konvergiert (z.B: expectation-maximization, EM); zusätzlich muss ein Abbruchkriterium für den Algorithmus definiert sein.

4.3.1.1. Maximum-Likelihood Expectation-Maximization (ML-EM)

Der bekannteste iterative Rekonstruktionsalgorithmus für die Emissionstomographie ist der Maximum-Likelihood-Expectation-Maximization-Algorithmus von Shepp u. Vardi (1982). Der Algorithmus berücksichtigt die statistische Natur des radioaktiven Zerfalls durch die Integration des Poissonmodells in die Rekonstruktion und bildet damit das grundlegende Modell für die meisten statistischen Rekonstruktionsmethoden.

Der statistische Rekonstruktionsansatz führt dabei auf das Likelihood-Konzept, bei der aus einer gegebenen Stichprobe die unbekannt Parameter des zugrundeliegenden statistischen Prozesses geschätzt werden sollen. Hier wird der Messvektor \mathbf{p} als Stichprobe des

4. Bildrekonstruktion

zugrunde liegenden statistischen Prozesses betrachtet und der zu schätzende Parameter dieses Prozesses ist die gesuchte Aktivitätsverteilung des Objektes \mathbf{f} .

Die zentrale Idee der Maximum-Likelihood-Methode (ML) besteht nun darin, die erwartete Aktivität $\bar{\mathbf{f}}$ so zu variieren, dass die Likelihood-Funktion $w(\mathbf{p}|\bar{\mathbf{f}})$ maximal wird

$$\tilde{\mathbf{f}} = \arg \max_{\bar{\mathbf{f}}} w(\mathbf{p}|\bar{\mathbf{f}})$$

Der Wert $\tilde{\mathbf{f}}$, für die w sein Maximum annimmt, stellt dann die gesuchte Maximum-Likelihood-Lösung dar und kann als die wahrscheinlichste Verteilung verstanden werden, die unter Annahme des Poissonmodells zu den gemessenen Projektionsdaten passt.

Unter Annahme der Poissonverteilung ist die bedingte Wahrscheinlichkeit w , eine bestimmte Anzahl von Zerfällen f_i in einer Raum- und Zeiteinheit i (Voxel) bei einer mittleren erwarteten Aktivitätsverteilung von \bar{f}_i zu messen, durch

$$w(f_i|\bar{f}_i) = \frac{\bar{f}_i^{f_i}}{f_i!} e^{-\bar{f}_i}$$

beschrieben. Gemäß dem algebraischen Projektionsmodell (Gleichung 4.12) ergeben sich die gemessenen Projektionswerte p_j lediglich aus einer Linearkombination dieser Aktivitäten f_i . Setzt man ferner die statistische Unabhängigkeit der Aktivitäten f_i und der gemessenen Projektionen p_j voraus, kann für letztere ebenfalls die Poissonverteilung

$$w(p_j|\bar{p}_j) = \frac{\bar{p}_j^{p_j}}{p_j!} e^{-\bar{p}_j} \quad (4.13)$$

mit dem Erwartungswert

$$\bar{p}_j = \sum_{i=1}^M a_{ji} \bar{f}_i \quad (4.14)$$

und $a_{ji} \in \mathbf{A}$ angenommen werden.

Durch Multiplikation der Einzelwahrscheinlichkeiten $w(p_j|\bar{p}_j)$ erhält man als Verbundwahrscheinlichkeit aller Projektionswerte $p_j \in \mathbf{p}$, die sogenannte Likelihood-Funktion für die Emissionstomographie als Gütekriterium

$$\begin{aligned} w(\mathbf{p}|\bar{\mathbf{p}}) &= \prod_{j=1}^N \frac{\bar{p}_j^{p_j}}{p_j!} e^{-\bar{p}_j} \\ &= \prod_{j=1}^N \frac{\left(\sum_{i=1}^M a_{ji} \bar{f}_i\right)^{p_j}}{p_j!} e^{-\left(\sum_{i=1}^M a_{ji} \bar{f}_i\right)} \\ &= w(\mathbf{p}|\bar{\mathbf{f}}) \end{aligned} \quad (4.15)$$

Betrachtet man Gleichung 4.15 als Funktion der gesuchten Aktivitätsverteilung $\bar{\mathbf{f}}$, dann gibt die Likelihood-Funktion die bedingte Wahrscheinlichkeit an, dass bei einer erwarteten Aktivitätsverteilung $\bar{\mathbf{f}}$, der Messvektor \mathbf{p} beobachtet wird.

Leider gibt es kein geschlossenes Verfahren zur Bestimmung der Maximumlösung für die Poisson-Likelihood, und es existieren mehrere iterative Verfahren. Shepp u. Vardi (1982) nutzten das Verfahren der Erwartungswert-Maximierung (engl. expectation-maximization, EM) nach Dempster et al. (1977).

Zur Berechnung der Maximum-Likelihood-Lösung wird Gleichung 4.15 zunächst durch Logarithmieren vereinfacht. Der Logarithmus ist eine streng monoton steigende Funktion und hat daher auf die Erwartungswert-Maximierung keinen Einfluss. Nach Vernachlässigung der konstanten Terme ergibt sich die entsprechende Logarithmus-Likelihood-Funktion

$$L(\bar{\mathbf{f}}) = \log(w(\mathbf{p}|\bar{\mathbf{f}})) = \sum_{j=1}^N p_j \log(\bar{p}_j) - \bar{p}_j$$

Um nun die Maximum-Likelihood-Lösung zu bestimmen betrachtet man zunächst die ersten beiden partiellen Ableitungen der Logarithmus-Likelihood-Funktion bezüglich der gesuchten Bildelemente \bar{f}_i . Die 1. Ableitung ist gegeben durch

$$\frac{\partial L(\bar{\mathbf{f}})}{\partial \bar{f}_{i_1}} = \sum_{j=1}^N \left(-a_{j i_1} + \frac{p_j a_{j i_1}}{\sum_{i'=1}^M a_{j i'} \bar{f}_{i'}} \right)$$

und bestimmt die Stelle der Extremalwerte. Für die 2. partielle Ableitung gilt

$$\frac{\partial^2 L(\bar{\mathbf{f}})}{\partial \bar{f}_{i_1} \partial \bar{f}_{i_2}} = - \sum_{j=1}^N \frac{p_j a_{j i_1 j} a_{j i_2}}{\left(\sum_{i'=1}^M a_{j i'} \bar{f}_{i'} \right)^2}$$

Es kann gezeigt werden, dass diese Matrix der zweiten Ableitungen stets negativ semi-definit und $L(\bar{\mathbf{f}})$ konkav ist (Shepp u. Vardi 1985). Folglich stellen alle existierenden Extremalwerte auch globale Maxima dar, und die notwendige und hinreichend Bedingung für eine Maximum von $L(\bar{\mathbf{f}})$ bei $\tilde{\mathbf{f}}$ ist ebenfalls durch die sogenannten Kuhn-Tucker-Bedingungen

$$\bar{f}_i \left. \frac{\partial L(\bar{\mathbf{f}})}{\partial \bar{f}_i} \right|_{\tilde{\mathbf{f}}} = \sum_{j=1}^N \frac{p_j a_{j i} \tilde{f}_i}{\sum_{i'=1}^M a_{j i'} \tilde{f}_{i'}} - \sum_{j=1}^N a_{j i} \tilde{f}_i = 0$$

und

$$\bar{f}_i \left. \frac{\partial L(\bar{\mathbf{f}})}{\partial \bar{f}_i} \right|_{\tilde{\mathbf{f}}} \leq 0, \text{ falls } \tilde{f}_i = 0,$$

für alle $i = 1, \dots, M$ gegeben.

4. Bildrekonstruktion

Die erste Kuhn-Tucker-Bedingung gibt nun die notwendige Bedingung für die Extremstelle $\tilde{\mathbf{f}}$ vor, bei der die erste Ableitung verschwindet und die Logarithmus-Likelihood-Funktion $L(\tilde{\mathbf{f}})$ maximal wird. Aus ihr können nun verschiedene iterative Lösungsverfahren abgeleitet werden. Die von Shepp u. Vardi (1985) verwendete Erwartungswert-Maximierung nach dem Verfahren von Dempster et al. (1977) führt dabei zu der Iterationsvorschrift

$$f_i^{(k+1)} = \frac{f_i^{(k)}}{\sum_{j=1}^N a_{ji}} \sum_{j=1}^N a_{ji} \frac{p_j}{\sum_{i'=1}^M a_{ji'} f_{i'}^{(k)}} \quad (4.16)$$

für $i = 1, \dots, M$.

Beginnt man diese Folge mit positiven Startwerten $f_i^{(0)}$ dann konvergiert sie gegen die gesuchte Maximum-Likelihood-Schätzung $\tilde{\mathbf{f}}$. Der ML-EM-Algorithmus besitzt dabei weitere interessante Eigenschaften:

1. Positivität:

Für positive Startwerte $\mathbf{f}^{(0)}$ ist in allen weiteren Iterationsschritten die Positivität der Werte sichergestellt, das heißt es gilt

$$f_i^{(k)} \geq 0, \text{ für alle } f_i = 1, \dots, M \text{ und } k = 1, 2, \dots; \text{ falls } f_i^{(0)} \geq 0 \text{ für alle } f_i = 1, \dots, M$$

2. Der Algorithmus ist selbstnormierend

und für alle Bildvektoren $\mathbf{f}^{(k)}$ bleibt die Summe der Aktivitäten in allen Iterationsschritten k erhalten und entspricht bis auf den Normalisierungsfaktor der Summe der Aktivität in den Projektionen, das heißt es gilt für alle $k > 1$

$$\sum_{i=1}^M \left(\bar{f}_i^{(k)} \sum_{j=1}^N a_{ji} \right) = \sum_{j=1}^N p_j \text{ falls } \sum_{i=1}^M \bar{f}_i^{(0)} = \sum_{j=1}^N p_j$$

3. Monotonie:

Die Logarithmus-Likelihood-Funktion $L(\mathbf{f})$ ist monoton steigend und vergrößert sich damit mit jedem Iterationsschritt

$$L(\tilde{\mathbf{f}}^{(k+1)}) \geq L(\tilde{\mathbf{f}}^{(k)}),$$

wobei Gleichheit nur für $L(\tilde{\mathbf{f}}^{(k)}) = \max_{\tilde{\mathbf{f}}} L(\tilde{\mathbf{f}})$ gilt.

Vom praktischen Standpunkt der Rekonstruktion stellen dabei die Positivität und die Selbstnormierung die wichtigsten Eigenschaften dar. Insbesondere die Beschränkung auf positive Werte, entspricht einem physikalisch realistischen Bild der Wirklichkeit. Von eher theoretischem Interesse ist die monotone Maximierung der Likelihood-Funktion.

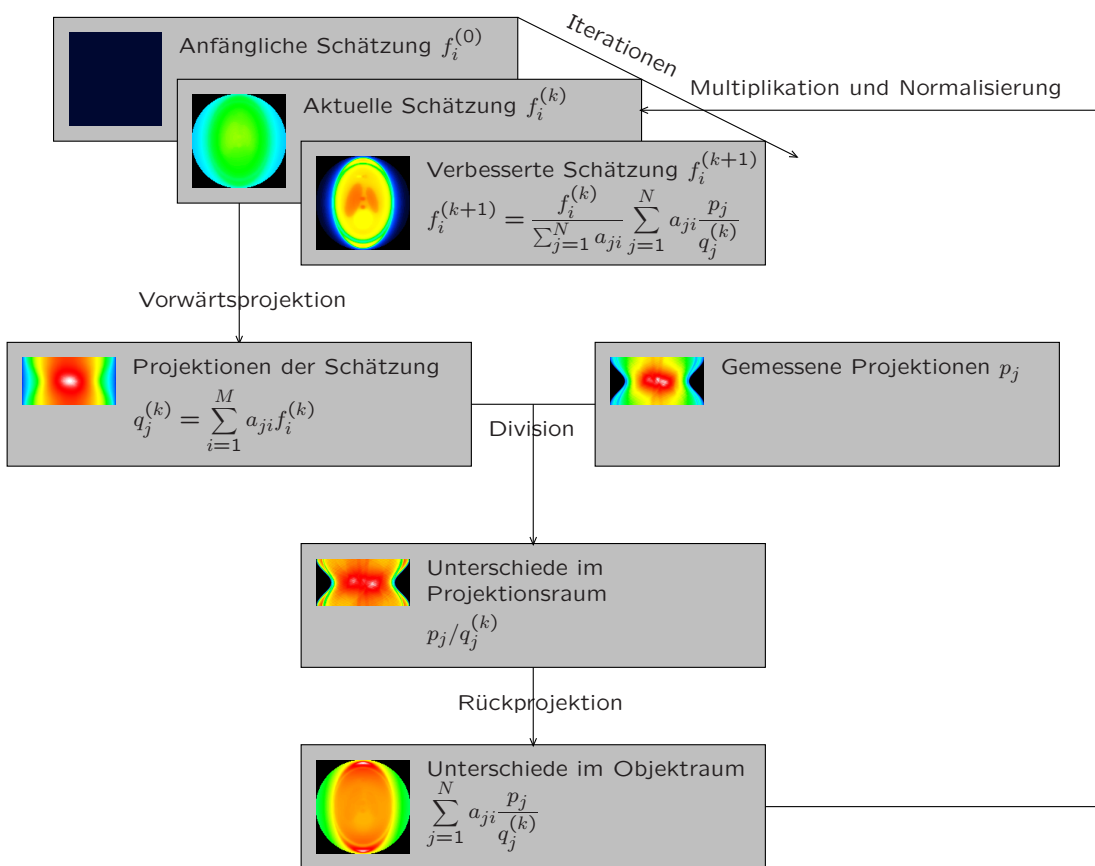


Abbildung 4.13.: Ablauf der ML-EM Reconstruction.

4. Bildrekonstruktion

-
1. Berechnung des konstanten Normalisierungsfaktors (Gleichung 4.19).
 2. Anfangsbild schätzen $\mathbf{f}^{(0)}$, so dass $f_i^{(0)} \geq 0$ für alle i erfüllt ist.
 3. Für alle Messwerte p_j :
 - a) Berechne die theoretischen Messwerte $q_j^{(k)}$ der aktuellen Schätzung durch Vorwärtsprojektion (Gleichung 4.17).
 - b) Teile die gemessenen Projektionswerte p_j durch die geschätzten $q_j^{(k)}$, um den Korrekturfaktor im Projektionsraum zu erhalten.
 - c) Rückprojektion des Korrekturfaktors (Gleichung 4.18) in das Korrekturbild.
 4. Elementweise Multiplikation des Korrekturbildes mit der aktuellen Schätzung und dem Normalisierungsfaktor
 5. Wiederhole Schritt 3. - 4. bis das Abbruchkriterium erfüllt ist.
-

Algorithmus 6: Maximum-Likelihood Expectation-Maximization (ML-EM)

Die Funktionsweise des ML-EM-Algorithmus ist in Abbildung 4.13 und Algorithmus 6 erläutert. Als anfängliche Schätzung der Startverteilung wird normalerweise eine homogene Aktivität angenommen. Als brauchbarer Wert hat sich die mittlere Projektionssumme $\sum_{j=1}^N p_j/N$ herausgestellt. Ausgehend von dieser Schätzung berechnet der ML-EM-Algorithmus zunächst die theoretischen Erwartungswerte für die Messwerte durch Vorwärtsprojektion

$$q_j^{(k)} = \sum_{i=1}^M a_{ji} f_i \quad (4.17)$$

Anschließend werden die Werte der Vorwärtsprojektion $q_j^{(k)}$ mit dem tatsächlich gemessenen Werten p_j verglichen. Die Unterschiede im Projektionsraum werden dabei durch den Quotient $p_j/q_j^{(k)}$ beschrieben. Durch die Rückprojektion des Quotienten

$$\sum_{i=1}^N a_{ji} \frac{p_j}{q_j^{(k)}} \quad (4.18)$$

erhält man dann die Unterschiede im Bildraum, die die Korrekturfaktoren für die aktuelle Schätzung darstellen. Durch elementweise Multiplikation der Korrekturfaktoren mit der aktuellen Schätzung, wird letztere mit den Messwerten konsistenter gemacht. Bevor man nun mit der nächsten Iteration fortfahren kann, muss das Objekt noch normiert werden

$$\frac{1}{\sum_{i=1}^N a_{ji}} \quad (4.19)$$

Der Normalisierungsfaktor ist für alle Iterationen konstant und entspricht den reziproken Werten der einmaligen Rückprojektion aller möglichen Koinzidenzlinien des Scannersystems. Mit ihm wird das inhomogene Abtastmuster der Objekt- bzw. Bildelemente durch die Koinzidenzlinien beschrieben und kompensiert. Dabei werden Bildelemente, die von vielen Koinzidenzlinien abgedeckt werden, abgewertet und Bildelemente, die selten getroffen werden, aufgewertet.

Man beachte, dass der ML-EM-Algorithmus ein langsamer Rekonstruktionsalgorithmus ist. Für eine Iteration wird die komplette Vorwärts- und Rückprojektion aller Koinzidenzlinien benötigt. Damit ist die Rekonstruktionszeit für eine Iteration in etwa doppelt so lang wie bei der gefilterten Rückprojektion. Die Anzahl der notwendigen Iterationen hängt dabei stark von der Güte der Systemmatrix und dem rekonstruierten Objekt ab. Sie beträgt im Schnitt zwischen 10 und 100 Iterationen. Dabei ist die Konvergenz in den ersten Iterationen sehr stark und nimmt dann aber schnell ab. Mit jeder Iteration nehmen dabei die hochfrequenten Anteile des Objektes zu und die Auflösung im rekonstruierten Objekt wird schärfer. Abbildung 4.14 zeigt das anhand der Rekonstruktion eines Shepp-Logan-Phantoms. Man erkennt hier, dass sich in den frühen Iterationen zunächst schnell die grobe Struktur des Objektes herauskristallisiert. Mit steigender Iterationszahl werden die zunächst noch weichen Kanten dann allmählich geschärft. Etwa ab der 45. Iteration erkennt man dann den Einfluß der Entartung auf das Objekt. Dies ist der Punkt an dem die Iteration abgebrochen werden sollte, denn in den homogenen Bereichen macht sich dabei zunehmend das Rauschen bemerkbar. Zusätzlich beginnen sich Artefakte an scharfen Kanten, sogenannte Überschwinger, zu bilden.

4.3.1.2. Ordered-Subset Expectation-Maximization (OS-EM)

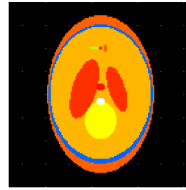
Der OS-EM-Algorithmus von Hudson u. Larkin (1994) stellt eine Erweiterung des ML-EM-Algorithmus dar, um dessen langsames Konvergenzverhalten zu beschleunigen. Die grundlegende Idee besteht dabei darin, für die Berechnung der Korrekturwerte nur noch Teile des gesamten Projektions- bzw. Messdatensatzes heranzuziehen. In jedem Iterationsschritt wird dann eine andere Teilmenge verwendet.

Hierzu wird die Gesamtmenge $\mathbb{S} = \{p_j | p_j \in \mathbf{p}\}$ der Projektionen bzw. der Messwerte in S disjunkte, geordnete Teilmengen (engl. ordered subsets) $\mathbb{S}_1, \mathbb{S}_2, \dots, \mathbb{S}_s$ unterteilt. Für gewöhnlich ergibt sich die Ordnung dabei aus geometrischen Gesichtspunkten wie zum Beispiel der Projektionsrichtung. Möglich sind aber auch chronologische Einteilungen, die vor allem für List-mode Daten sinnvoll sind (s. Kapitel 4.3.1.3).

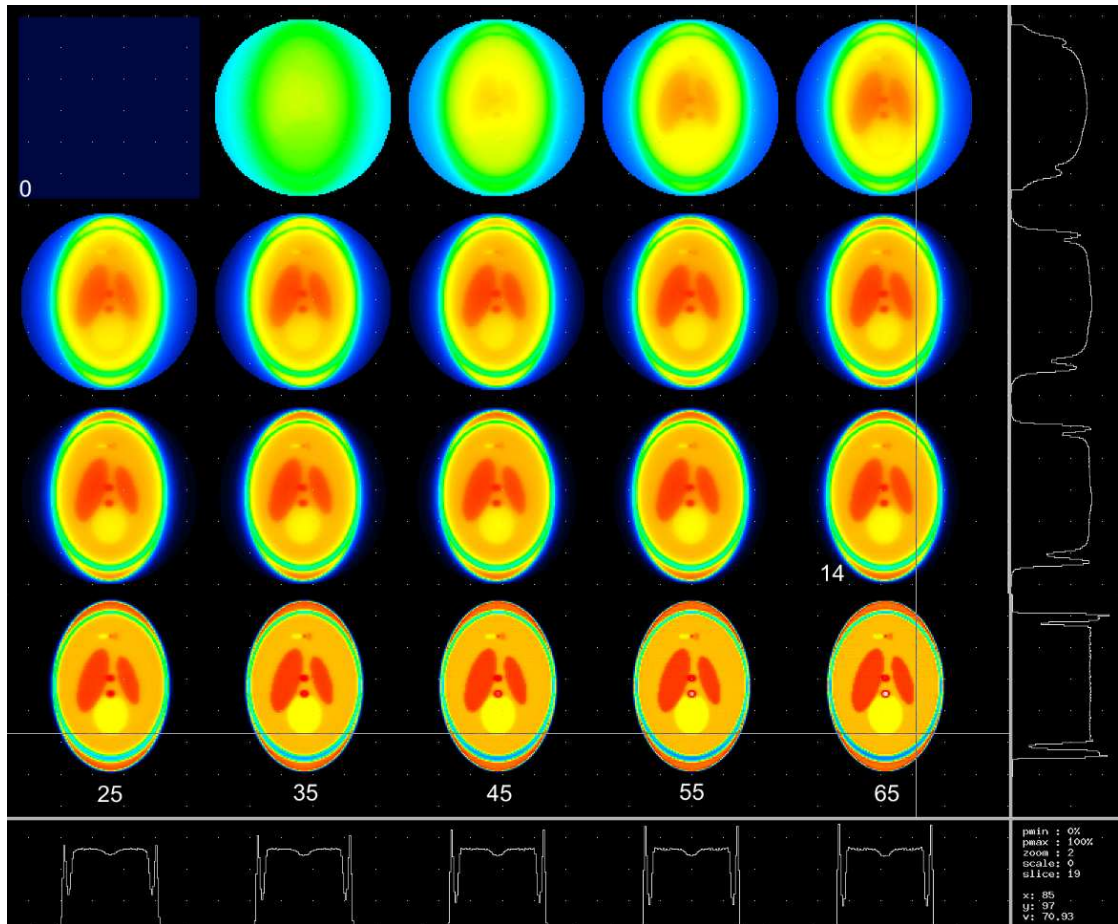
Der OS-EM-Algorithmus rekonstruiert die einzelnen Subsets dann sukzessiv unter Verwendung der ML-EM-Iterationsformel (Gleichung 4.16) und man erhält eine Korrektur der Schätzung bereits nach jedem Subset. Die Rekonstruktion eines einzelnen Subset \mathbb{S}_l ergibt sich demnach zu

$$f_i^{(k,l+1)} = \frac{f_i^{(k,l)}}{\sum_{j=1}^N a_{ji}} \sum_{j \in \mathbb{S}_l} a_{ji} \frac{p_j}{\sum_{i'=1}^M a_{ji'} f_{i'}^{(k,l)}} \quad (4.20)$$

4. Bildrekonstruktion



(a) Phantom



(b) Rekonstruktion

Abbildung 4.14.: ML-EM Rekonstruktion (b) eines mathematischen Shepp-Logan-Phantoms (a). Mit zunehmender Iteration nehmen die hochfrequenten Anteile im Bild zu, so dass die Objektkonturen immer besser hervortreten. Bei höheren Iterationen (hier ca. bei 45) beginnt das Objekt langsam zu entarten und das Rauschen nimmt zu.

-
1. Berechnung des konstanten Normalisierungsfaktors (Gleichung 4.19).
 2. Anfangsbild schätzen $\mathbf{f}^{(0)}$, so dass $f_i^{(0)} \geq 0$ für alle i erfüllt ist.
 3. Aufteilung alle Messwerte p_j in S geordnete Untermengen \mathbb{S}_l , $l = 1, \dots, S$.
 4. Für alle Messwerte $p_j \in \mathbb{S}_l$:
 - a) Berechne die theoretischen Messwerte $q_j^{(k)}$ der aktuellen Schätzung durch Vorwärtsprojektion (Gleichung 4.17).
 - b) Teile die gemessenen Projektionswerte p_j durch die geschätzten $q_j^{(k)}$, um den Korrekturfaktor im Projektionsraum zu erhalten.
 - c) Rückprojektion des Korrekturfaktors (Gleichung 4.18) in Korrekturbild.
 5. Elementweise Multiplikation des Korrekturbildes mit der aktuellen Schätzung und dem Normalisierungsfaktor
 6. Wiederhole Schritt 4. - 5. für alle S Untermengen \mathbb{S}_l .
 7. Wiederhole Schritt 4. - 6. bis das Abbruchkriterium erfüllt ist.
-

Algorithmus 7: Ordered-Subset Expectation-Maximization (OS-EM)

für $i = 1, \dots, M$ und wird auch als innere Iteration (l) bezeichnet. Eine OS-EM-Iteration oder auch äußere Iteration (k) ist komplett, wenn alle S Subsets einmal verwendet wurden. Algorithmus 7 gibt eine Übersicht über den Ablauf der OS-EM-Rekonstruktion.

Bei der vorgestellten Betrachtungsweise des OS-EM-Algorithmus stellt der ML-EM-Algorithmus lediglich den Spezialfall für ein Subset, das heißt $S = 1$, dar. Durch die Aufteilung der Messdaten in Subsets erreicht der OS-EM-Algorithmus dabei eine Beschleunigung des Konvergenzverhaltens um einen Faktor, der der Anzahl der Subsets S entspricht. In anderen Worten bedeutet das, dass bei einer Anzahl von S Subsets eine (äußere) OS-EM-Iteration in etwa S ML-EM-Iterationen bei vergleichbarer Bildqualität entspricht. Der Rechenaufwand einer OS-EM-Iteration ist dabei (durch die häufigere Vektormultiplikation) nur unwesentlich höher als bei einer ML-EM-Iteration.

Der Einteilung der Subsets sind allerdings Grenzen gesetzt, da jedes Subset in etwa die tatsächliche Aktivitätsverteilung des gesamten Messdatensatzes widerspiegeln sollte. Zum einen darf die Anzahl der Messwerte p_j in einem Subset nicht zu klein sein, damit eine ausreichende Statistik für die Rekonstruktion gewährleistet ist. Folglich kann die Anzahl der Subsets nicht beliebig groß gewählt werden. Zum anderen sollten die Messwerte in den einzelnen Subsets aus möglichst unterschiedlichen Projektionsrichtungen stammen und über den gesamten Projektionsbereich verteilt sein, um richtungsabhängige Artefakte bei der Rekonstruktion zu vermeiden. Abbildung 4.15 demonstriert die Aufteilung der Projektionsdaten am Beispiel von drei Subsets für den zweidimensionalen Fall. Zusätzlich ist die triviale Aufteilung der Subsets dargestellt, bei der jedes Subset nur auf-

4. Bildrekonstruktion

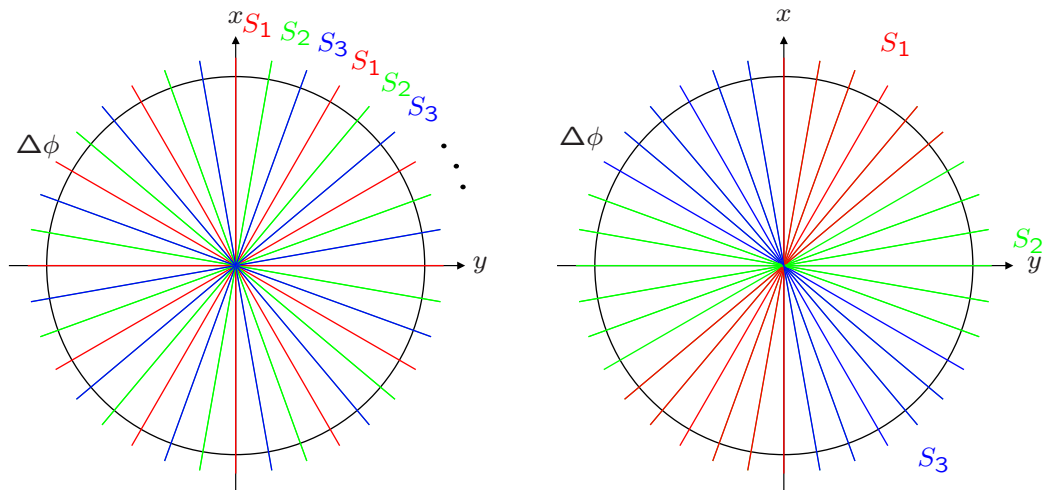


Abbildung 4.15.: Aufteilung der Projektionen in drei Subsets beim OS-EM-Algorithmus nach dem Projektionswinkel ϕ . Rechts ist die triviale Aufteilung des Subsets dargestellt, links die optimierte. Die optimierte Aufteilung reduziert dabei richtungsabhängige Artefakte in der Rekonstruktion.

einander folgende Projektionen enthält und die zu richtungsabhängigen Artefakten bei der Rekonstruktion führt. Ein ausführliche Diskussion mit Rekonstruktionsbeispielen zur Aufteilung der Subsets und Bildung der Richtungsartefakte findet sich bei Kehren (2001). Hier wird auch ein Permutationsverfahren beschrieben, mit der die Verwendungsreihenfolge der Subsets bei der Rekonstruktion optimiert wird, und so die Richtungsartefakte weiter reduziert werden. Die so genannte Herman-Meyer-Permutation (Herman u. Meyer 1993) sorgt dafür, dass die Projektionsdaten aufeinander folgender Subsets möglichst unterschiedliche Informationen aus unterschiedlichen Projektionsrichtungen aufweisen.

Ein Nachteil des Ordered-Subset-Ansatzes ist, dass die Konvergenz nicht mehr garantiert ist. Vielmehr neigt der OS-EM-Algorithmus bei hohen Iterationen dazu, zwischen verschiedenen Lösungen zyklisch zu springen. In der Praxis wird dieser Sachverhalt aber häufig ignoriert. Hsiao et al. (2002) leiten mit dem C-OS-EM-Algorithmus eine konvergente Variante des OS-EM ab, bei der die Likelihood nachweislich monoton steigt. Der Nachteil der konvergenten OS-EM-Varianten ist meist ein leicht erhöhter Rechenaufwand.

Es gibt eine Vielzahl von Algorithmen, die versuchen die Erwartungswert-Maximierung der Maximum-Likelihood durch eine geschickte Wahl von Subsets zu beschleunigen.

Die bekanntesten sind "row-action maximum likelihood algorithm" (RAMLA) von Browne u. Pierro (1996), der als eine Kombination von ART und OS-EM angesehen werden kann, und der "space-alternating generalized EM" Algorithmus (SARGE) von Fessler u. Hero (1994), der die Objektvoxel sequentiell korrigiert. Eine Übersicht über die verschiedenen Ansätze und die Besonderheiten der Algorithmen geben Leahy u. Byrne (2000) und

aktueller Qi u. Leahy (2006).

4.3.1.3. List-mode Expectation-Maximization (LM-EM)

Die in den vorangegangenen Abschnitten vorgestellten Algorithmen lassen sich direkt auf List-mode-Daten anwenden. Der große Vorteil einer List-mode-Rekonstruktion besteht darin, dass die räumliche und zeitliche Auflösung der Messdaten erhalten bleibt. Weiter sinnvoll ist der Einsatz einer List-mode-Rekonstruktion, wenn mehrere Attribute mit den einzelnen Messwerten assoziiert sind und diese in die Rekonstruktion mit einfließen sollen (Barrett et al. 1997).

Die theoretischen Grundlagen der Maximum-Likelihood-Methoden für List-mode-Daten wurden als erstes von Barrett et al. (1997) diskutiert. Reader et al. (1998b) leitete dagegen mit dem so genannten “fast accurate iterative reconstruction”-Algorithmus (FAIR) einen praktischen Rekonstruktionsalgorithmus für List-mode-Daten direkt aus dem ML-EM-Algorithmus ab. Der allgemeine LM-EM-Ansatz ersetzt dabei die Summe über die Projektionselemente durch eine Summation über die Ereignisse e mit $e = 1, \dots, E$, wobei die Messwerte p_j nun implizit eins sind, da nur einzelne Ereignisse gemessen werden. Die LM-EM-Iterationsformel ist demnach gegeben durch

$$f_i^{(k+1)} = \frac{f_i^{(k)}}{\sum_{j=1}^N a_{ji}} \sum_{e=1}^E a_{jei} \frac{1}{\sum_{i'=1}^M a_{jei'} f_{i'}^{(k)}}, \quad (4.21)$$

wobei j_e die LOR des e -ten List-mode-Ereignisses bezeichnet. Der Normalisierungsfaktor $1/\sum_{j=1}^N a_{ji}$ wird wieder aus der einmaligen Rückprojektion aller N möglichen LORs des Scannersystems gebildet. Analog zu dem ML-EM- bzw. OS-EM-Algorithmus kann das Konzept der Subsets auch auf die List-mode-Rekonstruktion übertragen werden (Reader et al. 2001, 2002)

$$f_i^{(k,l+1)} = \frac{f_i^{(k,l)}}{\sum_{j=1}^N a_{ji}} \sum_{e \in \mathbb{S}_l} a_{jei} \frac{1}{\sum_{i'=1}^M a_{jei'} f_{i'}^{(k,l)}} \quad (4.22)$$

Wie beim normalen OS-EM-Algorithmus ist auch hier die Konvergenz nicht gesichert und Gleichung 4.22 neigt dazu, zwischen verschiedenen Lösungen zu springen. Eine konvergente Version für List-mode-Daten leiteten Khurd u. Gindi (2003) basierend auf dem C-OS-EM-Ansatz von Hsiao et al. (2002) ab, mit dem allerdings auch wieder ein leicht erhöhter Rechenaufwand verbunden ist.

Im Unterschied zur Rekonstruktion von Projektionen ist die Einteilung in geordnete Untermengen bei List-mode-Daten sehr einfach. Die Anforderung, dass jedes Subsets möglichst unterschiedliche Informationen aus allen unterschiedlichen Projektionsrichtungen aufweisen sollte, ist bei List-mode-Daten implizit durch die Einteilung des gesamten Messdatensatzes in regelmäßige Zeitintervalle erfüllt. Das liegt in der Tatsache begründet,

4. Bildrekonstruktion

dass die gemessenen LORs keine Ordnung besitzen, das heißt in ihrer “natürlichen Reihenfolge” vorliegen, und somit jedes kürzere Zeitintervall die gleiche Messung allerdings mit geringerer Statistik widerspiegelt.

Ein Nachteil der List-mode-Rekonstruktion gegenüber der ML-EM-Rekonstruktion ist, dass die Anzahl der Ereignisse E , die von der vorhandenen Aktivität und der Messdauer bestimmt werden, oft die Anzahl N der Projektionselemente übersteigt. In Folge dessen erfordert eine Iteration bei der List-mode-Rekonstruktion meist auch deutlich mehr Rechenaufwand als eine Iteration bei der Rekonstruktion von Projektionen. Dafür ist die Anzahl der notwendigen Iterationen bei der List-mode-Daten wesentlich geringer als bei Projektionsdaten, da die Rekonstruktion von der verbesserten räumlichen Auflösung profitiert. Abhängig von der Güte der Systemmatrix reichen oft ein paar, im Optimalfall eine Iteration aus.

Ein weiterer Nachteil entsteht durch die hohe Präzision der List-mode-Daten. Dadurch, dass einzelne Ereignisse nicht mehr in den Projektionsbins zusammengefasst werden, kann die Größe der Systemmatrix erheblich anwachsen, insbesondere wenn das Scannersystem rotiert, wächst die Zahl der möglichen LORs im Scannersystem enorm an.

5. Berechnung der Systemmatrix A

Bei den algebraischen Rekonstruktionsverfahren werden die physikalischen Prozesse, die dem Messvorgang zu Grunde liegen, in der Systemmatrix modelliert. Wie bereits in Kapitel 4.3 erwähnt, gibt die Systemmatrix dabei die Wahrscheinlichkeiten an, dass die Emissionen aus den Voxeln in den LORs detektiert werden. Die Abbildungseigenschaften des Scannersystems werden also in dieser Matrix beschrieben und eine genaue Berechnung ist damit essentiell für eine gute Bildqualität.

Idealerweise sollten alle in Kapitel 2 diskutierten physikalischen Effekte, wie die Reichweite der Positronen, die Abschwächung im Objekt und in den Detektoren, die Nachweiswahrscheinlichkeit der Detektoren, etc. in die Rekonstruktion mit einbezogen werden. Dabei muss vor allem auch die Geometrie des Scannersystems berücksichtigt werden, da sie einen signifikanten Einfluss auf die Nachweiswahrscheinlichkeit der Aktivität einer LOR hat.

Praktisch ist die Einbeziehung aller Effekte bei der Berechnung der Systemmatrix jedoch sehr komplex und oft nur schwer oder gar nicht zu erreichen, so dass bei der Genauigkeit Kompromisse eingegangen werden müssen. Dies liegt zum einen daran, dass alle physikalischen Parameter nicht immer direkt zugänglich sind. Zum anderen werden Vereinfachungen vorgenommen, um die Berechnungszeit zu senken. Letzteres ist vor allem dann von Nöten, wenn die Systemmatrix auf Grund ihrer Größe nicht mehr im Arbeitsspeicher des Rechners gehalten werden kann und ihre Koeffizienten bei Bedarf immer wieder neu (engl. on-the-fly) berechnet werden müssen.

Der gängige Ansatz zur Berechnung der Systemmatrix besteht daher darin, die Systemmatrix zu faktorisieren und die relevanten Effekte weitestgehend getrennt voneinander zu bestimmen. Grundsätzlich gibt es dabei drei verschiedene Methoden die einzelnen Effekte zu bestimmen:

1. Messung
2. Monte-Carlo-Simulation
3. Analytische Berechnung

In der Praxis wird die Systemmatrix dabei meist aus einer Kombination der drei Methoden bestimmt.

In diesem Kapitel werden zunächst die grundsätzlichen Ansätze zur Faktorisierung diskutiert und die Bestimmungsmöglichkeiten der einzelnen Faktoren der Systemmatrix vorgestellt.

5. Berechnung der Systemmatrix \mathbf{A}

Anschließend werden die gängigen Methoden zur Berechnung der Systemmatrix beschrieben, wie sie bei derzeitigen Rekonstruktionen zum Einsatz kommen. Der Schwerpunkt liegt dabei hauptsächlich auf der Berechnung der geometrischen Beiträge durch das Scannersystem.

Im Anschluss wird das im Rahmen dieser Arbeit entwickelte Verfahren zur Berechnung der Systemmatrix vorgestellt, das die bereits existierenden Verfahren erweitert. Abschließend wird das neue Verfahren diskutiert.

5.1. Faktorisierung der Systemmatrix

Ziel der Faktorisierung der Systemmatrix ist es, die im Kapitel 2 diskutierten physikalischen Effekte zu gruppieren und dann diese Gruppen voneinander unabhängig zu bestimmen. Der Ansatz bietet den Vorteil, dass dadurch zum einen die Berechnung der Systemmatrix vereinfacht wird, da die unterschiedlichen Faktoren auch auf unterschiedliche Art und Weise bestimmt werden können, zum anderen kann der Einfluss der einzelnen Faktoren auf die Rekonstruktion gezielter untersucht werden.

Die Literatur zeigt, dass die Faktorisierung nicht bei allen Autoren einheitlich gehandhabt wird und je nach Bedarf und konkretem Anwendungsfall die physikalischen Effekte in unterschiedlichen Gruppen zusammengestellt werden. Viele Autoren folgen dabei den Faktorisierungsansätzen von Mumcuoğlu et al. (1994, 1996a, b)

$$\mathbf{A} = \mathbf{A}_{det_sens} \cdot \mathbf{A}_{det_blur} \cdot \mathbf{A}_{atten} \cdot \mathbf{A}_{geom} \cdot \mathbf{A}_{positron} \quad (5.1)$$

Die einzelnen Faktoren bedeuten:

\mathbf{A}_{geom} ist eine $N \times M$ -Matrix. Ihre Koeffizienten a_{ji} geben die Detektionswahrscheinlichkeit an einer Emission aus dem Voxel i im Detektorpaar j an, die sich aus der geometrischen Anordnung der Detektoren und Voxel ergibt. Die Bestimmung des geometrischen Matrixfaktors stellt das minimal notwendige Modell für eine Systemmatrix dar.

Meist werden die geometrischen Faktoren analytisch berechnet. Oft wird dabei angenommen, dass der Beitrag eines Voxels zu einem Detektorpaar bzw. einer LOR proportional zu dem Schnittbereich (Volumen, Fläche oder Schnittlänge) der beiden ist (vgl. Abbildung 4.11) und lediglich dieser Schnittbereich wird berechnet. Genaugenommen ist das exakte geometrische Gewicht eines Voxels jedoch abhängig von dem Abstand zu den beiden beteiligten Detektoren.

Auf die Berechnung der geometrischen bzw. statistischen Gewichtung wird ausführlich in den folgenden Abschnitten eingegangen.

\mathbf{A}_{det_sens} ist eine $N \times N$ -Diagonalmatrix, die die Detektoreffizienz beschreibt. Diese Matrix erweitert das geometrische Modell \mathbf{A}_{geom} indem sie die variierende Nachweiswahrscheinlichkeit der einzelnen LORs, die nicht durch die Geometrie der beiden Detektoren abgedeckt wird, beschreibt. Diese Variationen ergeben sich unter anderem durch intrinsische Unterschiede der Nachweiswahrscheinlichkeiten in den einzelnen Detektorkristallen.

Ferner hat die Position der Detektorkristalle im Detektorblock und Anordnung im Scannersystem einen starken Einfluss auf die Sensitivität, da einzelne Kristallkombinationen unterschiedlich durch ihre Nachbarn abgeschirmt werden können. Letztendlich fließen in die Detektorsensitivität auch Variationen der Datenausleseelektronik, sowie die Totzeit des Detektorsystems mit ein.

Die Bestimmung der Detektoreffizienz ist für reale Scannersysteme, bei denen immer mehr oder weniger bauliche Variationen auftreten, ebenfalls essentiell, um eine akzeptable Bildqualität zu erreichen.

Da vor allem die baulichen Variationen und das Verhalten der Ausleseelektronik nur schwer mathematisch beschreibbar sind, wird die Detektoreffizienz in der Regel durch Messungen mit einer homogenen Quelle (Zylinder-, Linien oder planare Quelle) bestimmt (Hoffmann et al. 1989; Defrise et al. 1991b; López 2001; Bai et al. 2002; Bailey et al. 2005).

\mathbf{A}_{atten} ist ebenfalls eine $N \times N$ -Diagonalmatrix, die die Schwächungsfaktoren, hervorgerufen durch die Abschwächung im Objekt, für die einzelnen LORs beschreibt. Die Matrix wird in der Regel durch Transmissionsaufnahmen bestimmt. Alternativ können die Schwächungsfaktoren auch durch Vorwärtsprojektion des rekonstruierten Bildes gewonnen werden. Die Berücksichtigung der Objektschwächung in den statistischen Rekonstruktionsverfahren kann dabei zu einer wesentlichen Verbesserung der Bildqualität beitragen (Mumcuoğlu et al. 1996a).

\mathbf{A}_{det_blur} ist eine $N \times N$ -Matrix, die die Ortsunsicherheit eines Messwertes beschreibt. Die Ortsunsicherheit entsteht primär durch Streuung im Detektorblock. Daraus resultiert eine falsche Positionierung der Photonen, so dass diese folglich einer falschen LOR zugewiesen werden. Werden die Messdaten in Sinogrammen registriert, führt dies zu einer Unschärfe in den Sinogrammdaten. Häufig wird auch die Winkelabweichung der Photonen in die Berechnung der Matrix \mathbf{A}_{det_blur} mit einbezogen. Physikalisch ist diese Zuordnung nicht ganz korrekt, da die Breite der Unschärfe von der Position zwischen den beiden beteiligten Detektoren abhängt. Die Effekte sind also ortsabhängig und sollten bei einer exakten Modellierung mit in die geometrische Matrix \mathbf{A}_{geom} einfließen. Allerdings wird der Fehler durch eine ortsunabhängige Modellierung im allgemeinen als nebensächlich eingestuft. Eine exakte Berechnung von \mathbf{A}_{det_blur} ist praktisch nicht durchführbar, deshalb werden Monte-Carlo-Simulationen zur Bestimmung von \mathbf{A}_{det_blur} eingesetzt. Die Unschärfe kann dann durch eine Dekonvolution rückgängig gemacht werden. Auf List-mode-Daten, die per se keine Informationen über ihre benachbarten LORs besitzen, kann der Modellierungsansatz für \mathbf{A}_{det_blur} allerdings nicht direkt übertragen werden.

$\mathbf{A}_{positron}$ ist eine $M \times M$ -Matrix, in der die Positronenreichweite modelliert werden kann. Die Positronenreichweite ist abhängig von dem verwendeten Isotop (vgl. Kapitel 2.1) und kann zum Beispiel durch Monte-Carlo-Simulationen bestimmt werden (Levin u. Hoffman 1999). Die Matrix $\mathbf{A}_{positron}$ wirkt dabei als Unschärfefilter, der auf die Aktivitätsverteilung des Objektes angewendet wird (Terstegge et al. 1996; Terstegge 1997).

5. Berechnung der Systemmatrix \mathbf{A}

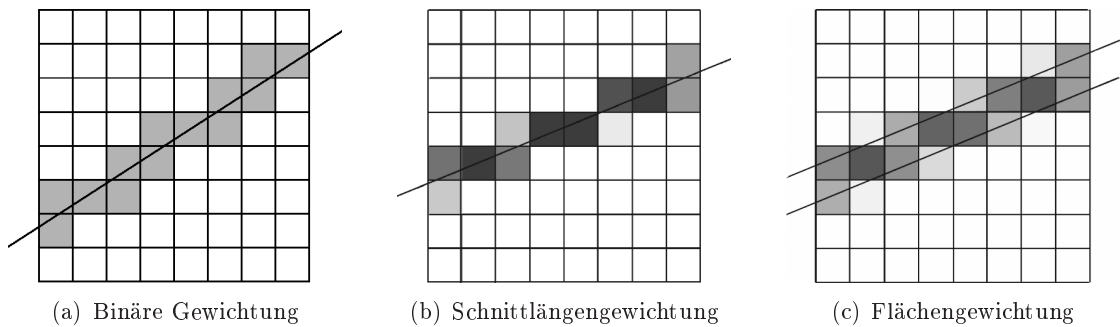


Abbildung 5.1.: Räumlich-invariante, geometrische Gewichte (Kehren 2001).

5.2. Berechnung der geometrischen Gewichtsmatrix \mathbf{A}_{geom}

Wie im vorangegangenen Abschnitt erwähnt stellt die Berechnung der geometrischen Gewichtsmatrix \mathbf{A}_{geom} das grundlegende Modell für die Systemmatrix dar. In der Literatur werden unterschiedliche Verfahren zur Berechnung von \mathbf{A}_{geom} beschrieben, die sich zum Teil erheblich in ihrer Genauigkeit und ihrem Rechenaufwand unterscheiden. Prinzipiell können die Verfahren dabei in zwei grundlegende Gruppen getrennt werden:

1. räumlich-invariante Gewichtungsschemata
2. räumlich-variante Gewichtungsschemata

5.2.1. Räumlich-invariante Gewichtung

Die räumlich-invarianten Gewichtungsschemata setzen voraus, dass die Wahrscheinlichkeit, dass eine Emission aus einem Voxel ein Detektorpaar erreicht, nicht von der Position des Voxels zwischen den beiden Detektoren einer LOR abhängt. Die Berechnung der Wahrscheinlichkeit erfolgt hierbei nur aus dem Schnitt der LOR mit dem Voxel. Der Ansatz hat den Vorteil, dass sich die Schnitte analytisch und dadurch relativ einfach und schnell berechnen lassen. Auch hier gibt es unterschiedliche Ansätze, die sich in ihrer Genauigkeit und ihrem Berechnungsaufwand unterscheiden.

Das einfachste und älteste Verfahren ist die binäre Gewichtung (Abbildung 5.1a). Hierbei wird allen Bildelementen, die von der Verbindungslinie der Detektorzentren getroffen werden, das gleiche Gewicht, nämlich eins, zugeordnet. Diese Methode wurde unter anderem von Gordon et al. (1970) für die ART Rekonstruktion eingesetzt und wird heute eher selten angewendet.

Ein verbessertes Verfahren stellt dagegen die Schnittlängengewichtung dar, bei der der Beitrag eines Voxels zu einer LOR aus der Schnittlänge der LOR mit dem Voxel bestimmt

wird (Abbildung 5.1b). Ein effizientes Verfahren zur Berechnung der Schnittlänge bietet der Siddon-Algorithmus (Siddon 1985).

Sowohl das Verfahren der Schnittlängengewichtung als auch das der binären Gewichtung berücksichtigen nicht die Ausdehnung der Koinzidenzröhre bzw. die Detektorbreite und können zu kammartigen Rekonstruktionsartefakten führen, insbesondere dann wenn die Voxelgröße kleiner ist als die Breite der Koinzidenzröhre (Kehren 2001). Allerdings wird das Verfahren der Schnittlängenberechnung auch heute noch zur Rekonstruktion genutzt, denn es stellt einen guten Kompromiss zwischen Genauigkeit und Schnelligkeit dar. Es wird vor allem dann eingesetzt, wenn große Datenmengen verarbeitet werden müssen, wie zum Beispiel bei der CT- oder List-mode-Rekonstruktion. Zum Beispiel schlagen Reader et al. (2001, 2002) und Rahmin et al. (2004) den Siddon-Algorithmus zur Berechnung der geometrischen Gewichte der Systemmatrix für die List-mode-Rekonstruktion vor. Neben der Berechnung des geometrischen Beitrags für die Systemmatrix kann das Verfahren der Schnittlängengewichtung zusätzlich dazu benutzt werden, den Strahlweg durch die Bildmatrix für die Vor- und Rückprojektion, gegebenenfalls on-the-fly, zu bestimmen. Aufgrund der Verarbeitung großer Datenmengen ist eine computertechnisch effiziente Implementierung notwendig, die zum Beispiel von Jacobs et al. (1998) oder Zhao u. Reader (2002, 2003) vorgestellt wird. Der Siddon-Algorithmus bildet die Grundlage des in dieser Arbeit entwickelten Gewichtungsschemas mittels Strahlverfolgung (engl. ray-tracing) und wird näher in Kapitel 5.3 erläutert.

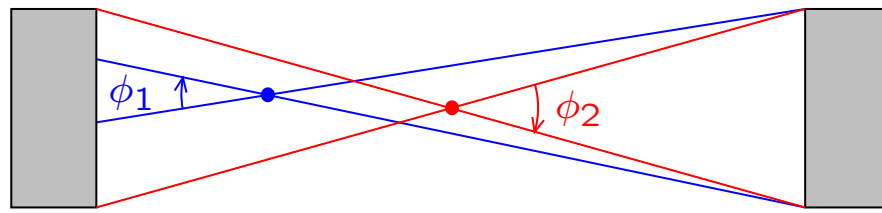
Die Flächengewichtung im Zweidimensionalen bzw. die Volumengewichtung im Dreidimensionalen, erweitert die Koinzidenzlinie zur sogenannten Koinzidenzröhre (engl. tube of response, TOR), die die Ausdehnung der Detektoren berücksichtigt. Analog zu den beiden anderen Verfahren wird hier dann die Schnittfläche bzw. das Schnittvolumen der Koinzidenzröhre mit dem Voxel bestimmt. Es ist das Verfahren mit der größten Genauigkeit und liefert die besten Rekonstruktionsergebnisse der räumlich-invarianten Gewichtungsschemata. Es ist allerdings auch das Verfahren mit dem größten Rechenaufwand im Vergleich zu den anderen beiden Schemata. Eine sehr effektive und analytisch exakte Berechnung wurde zum Beispiel von Scheins et al. (2004) vorgestellt.

In den Arbeiten von Ziemons (1992), Schmidlin et al. (1994) und Kehren (2001) werden die in diesem Abschnitt beschriebenen Gewichtungsschemata genauer untersucht. Hier finden sich auch mathematische Berechnungsmöglichkeiten, und es werden die Auswirkungen auf die Bildqualität und Artefaktbildung untersucht.

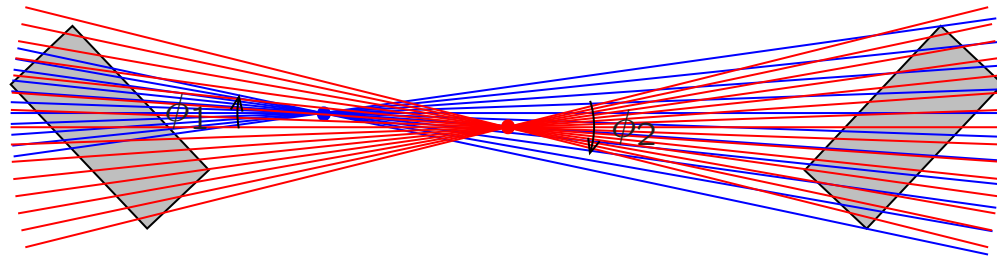
5.2.2. Räumlich-variante Gewichtung

Die räumlich-varianten Gewichtungsschemata berücksichtigen, dass die Wahrscheinlichkeit, dass eine Emission aus einem Voxel ein Detektorpaar erreicht, von der Position des Voxels entlang der LOR abhängig ist. In der deutschen Literatur wird diese Gewichtung oft auch als statistische Gewichtung bezeichnet. In Abbildung 5.2a wird der Sachverhalt an einem zweidimensionalen Beispiel dargestellt. Der Winkelbereich, unter dem die beiden diametral auseinander fliegenden Photonen die beiden Detektoren einer

5. Berechnung der Systemmatrix A



(a) Ausschließliche Berücksichtigung der Detektorvorderseiten



(b) Berücksichtigung der Detektororientierung und Ausdehnung

Abbildung 5.2.: Statistische Gewichtungsschemata und ihre Abhängigkeit vom Emissionsort.

LOR erreichen können, hängt von der Position der Emission ab. Die Wahrscheinlichkeit, dass beide Photonen die Vorderseite der Detektoren erreichen, ist dann näherungsweise proportional zu dem Winkel, der von dem Emissionspunkt und den beiden Eckpunkten des entfernteren Detektors aufgespannt wird

$$a_{ji} \propto \frac{|\phi|}{2\pi}$$

Für dieses Gewichtungsschema ergibt sich damit eine Wahrscheinlichkeitsverteilung innerhalb einer LOR, die im Zentrum zwischen den Detektoren eine Dreiecksform besitzt und sich zu den Detektoren hin in eine immer flacher werdende Trapezform wandelt. In Abbildung 5.3 ist die Wahrscheinlichkeitsverteilung für verschiedene Positionen in einem Ringscanner dargestellt (a).

Dieses statistische Gewichtungsschema wird vor allem dann eingesetzt, wenn es auf eine hohe räumliche Auflösung ankommt. Anwendung fand das Verfahren zum Beispiel beim Jülicher TierPET (Terstegge et al. 1996; Terstegge 1997). Der Nachteil bei diesem Verfahren ist der hohe Rechenaufwand, so dass es in der Praxis seltener angewendet wird. Zum Einsatz kommt es zum Beispiel beim MicroPET (Qi et al. 1998) für die Bildrekonstruktion von Projektionen. Andere in der Literatur beschriebene Studien sind eher von prinzipieller Natur und untersuchen die grundlegenden Eigenschaften auf die

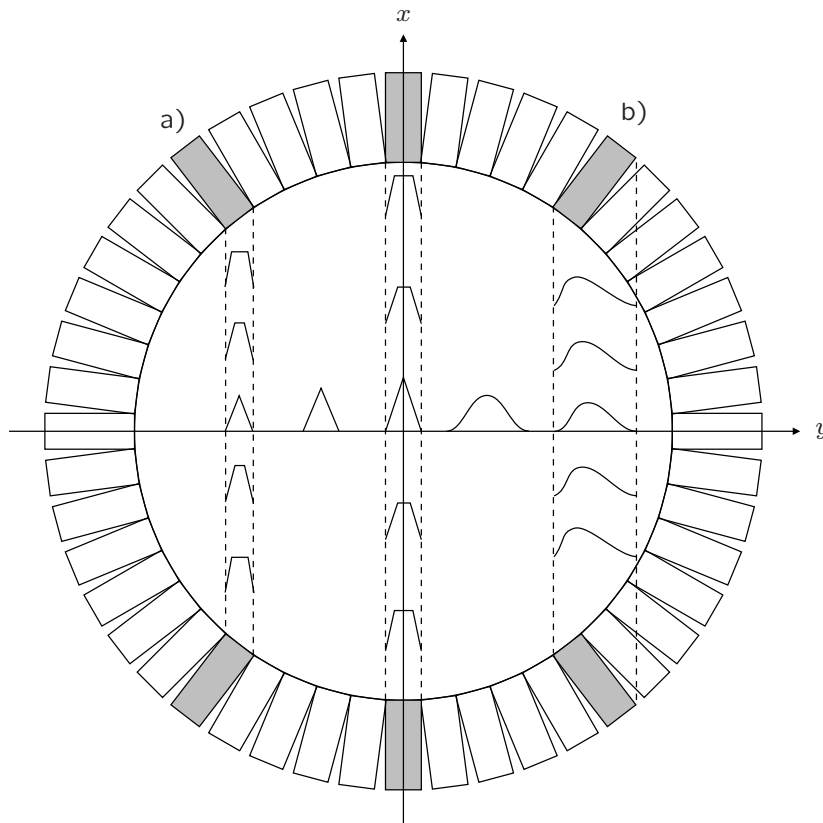


Abbildung 5.3.: Schematische Darstellung der koinzidenten Antwortfunktion als Funktion der Position in einem Ringscanner. Links (a) werden lediglich die Detektorvorderseiten bei der Berechnung berücksichtigt, während rechts (b) sowohl die Detektororientierung als auch die Ausdehnung mit einbezogen sind.

5. Berechnung der Systemmatrix \mathbf{A}

Rekonstruktion (Allison et al. 2006). Auch in der List-mode-Rekonstruktion wird das statistische Gewichtungsverfahren bereits verwendet (Reader et al. 1998b).

Das oben beschriebene statistische Gewichtungsverfahren ist nur für parallel orientierte Detektorflächen genau, da es lediglich die Vorderflächen der Detektoren berücksichtigt, aber noch nicht die Ausdehnung und Orientierung der Detektoren. Dadurch kommt es besonders am Rand des FOV eines Tomographen immer noch zu einem räumlichen Auflösungsverlust, da hier in der Regel die Detektoren gegeneinander verkippt sind und dadurch der Querschnitt der Koinzidenzröhre zunimmt, während die effektive Länge der Kristalle abnimmt. Durch die Verkipfung der Kristalle ändert sich auch die Form der Wahrscheinlichkeitsverteilung, wie schematisch in Abbildung 5.3 (b) zu erkennen ist. Dieser Effekt, der auch als Parallaxeneffekt bezeichnet wird, ist signifikant und sollte bei der Rekonstruktion modelliert werden, wodurch eine weitere Verbesserung der Ortsauflösung am Rand des FOV erzielt werden kann (Lecomte et al. 1984; Schmitt et al. 1988; Karuta u. Lecomte 1992).

Zur Berechnung der statistischen Gewichte unter Einbeziehung des Parallaxeneffektes muss berücksichtigt werden, dass die Nachweiswahrscheinlichkeit der Photonen im Detektor von deren Emissionswinkel aus dem Voxel, sowie von der Länge der Wegstrecke abhängt, die sie im Detektor durchlaufen (Abbildung 5.2b). Solche Modelle sind in der Regel rechnerisch durchaus einfach zu beschreiben, allerdings lassen sie sich nicht in eine analytisch geschlossene Form bringen.

In der Literatur werden Ansätze zur Implementation dieser Verfahren beschrieben, doch es handelt sich hierbei nicht um echte dreidimensionale Implementationen. Die meisten Verfahren, wie zum Beispiel das von Schmitt et al. (1988), sind Näherungsverfahren, die in der Regel nur gültig sind, wenn die Entfernung vom Zentrum des FOV klein im Verhältnis zum Ringradius ist. Strul et al. (2003) testen ein Verfahren für Ringtomographen mit mehreren Layern, das auch für Kleintiertomographen mit kleineren Ringradien geeignet ist. Allerdings werden auch hier die Berechnungen auf die sogenannte "In-plane"-Ebene vereinfacht.

5.3. Ray-tracing der Systemmatrix

Das in dieser Arbeit entwickelte statistische Gewichtungsverfahren berücksichtigt die wahre, dreidimensionale Geometrie und Orientierung der Detektoren bei der Berechnung der Nachweiswahrscheinlichkeiten der Photonen im Detektor. Der Ansatz des Verfahrens ist dabei prinzipiell unabhängig von der Geometrie der Detektorblöcke und der des Scannersystems.

Zur Bestimmung der Koeffizienten a_{ji} einer LOR wird der Weg der Photonen mittels Strahlverfolgung (engl. ray-tracing) durch die Detektoren und das FOV berechnet. Dabei kommt als grundlegendes Verfahren der Siddon-Algorithmus (Siddon 1985) zur Anwendung. Dem hier vorgestellten Ray-tracing-Ansatz liegt dabei das lineare Absorpti-

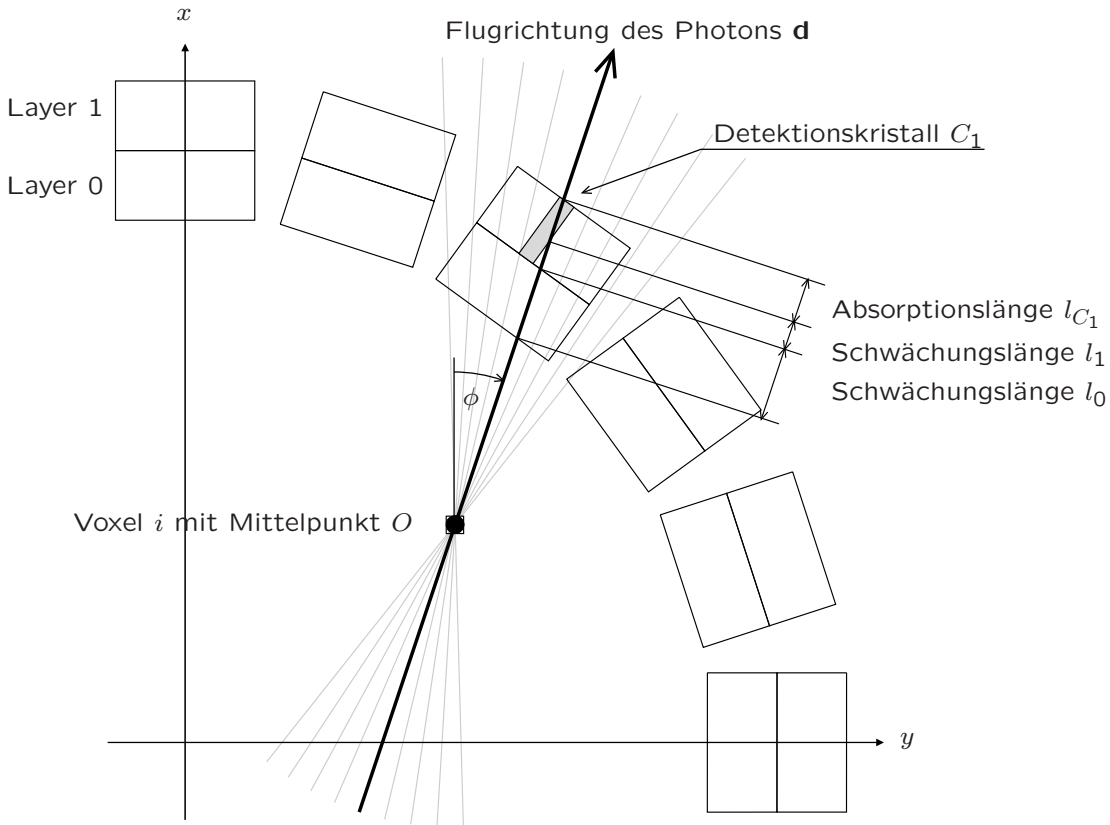


Abbildung 5.4.: Ray-tracing der Flugbahn eines Photons. Die Nachweiswahrscheinlichkeit eines Photons in einem spezifischen Kristall berechnet sich aus den Absorptions- und Schwächungslängen im Detektorblock.

onsmodell zugrunde, wobei Streueffekte, Winkelunsicherheit und Positronenreichweite vernachlässigt werden.

Unter diesen Voraussetzungen und unter Berücksichtigung der Schwächung des Photonenflusses durch die Kristalle ist die Wahrscheinlichkeit $p_C(O, \mathbf{d})$, dass ein einzelnes Photon, emittiert aus dem Voxel i mit dem Mittelpunkt O in Richtung \mathbf{d} , im Kristall C detektiert wird, gegeben durch

$$p_C(O, \mathbf{d}) = \left(1 - e^{-\mu_C L_C(O, \mathbf{d})}\right) e^{-\sum_l \mu_l L_l(O, \mathbf{d})} \quad (5.2)$$

μ_C bzw. μ_l ist der lineare Absorptionskoeffizient des Detektionskristalls bzw. der vorher durchdrungenen Layer l und $L_C(O, \mathbf{d})$ bzw. $L_l(O, \mathbf{d})$ ist die Schnittlänge der Photonenflugbahn mit dem Kristall bzw. dem Layer l . Abbildung 5.4 veranschaulicht den Sachverhalt. Die Skizze entspricht dem vereinfachten Modell der ClearPETTM-Detektorblockgeometrie, wie sie für das List-mode-Rekonstruktionsprogramm implementiert wurde. Hierin sind

5. Berechnung der Systemmatrix \mathbf{A}

die einzelnen Kristalle in einem Layer (mit dem selben Absorptionskoeffizienten) zusammengefasst, um die Schnittlängenberechnung zu beschleunigen.

Für zwei Kristalle C_1 und C_2 in Koinzidenz muss Gleichung 5.2 für beide Kristalle berechnet werden und es folgt damit für die Nachweiswahrscheinlichkeit $p_{C_{1,2}}$ eines Photonenpaares

$$p_{C_{1,2}}(O, \mathbf{d}) = \left(1 - e^{-\mu_{C_1} L_{C_1}(O, \mathbf{d})}\right) \left(1 - e^{-\mu_{C_2} L_{C_2}(O, \mathbf{d})}\right) e^{-\sum_l \mu_l L_l(O, \mathbf{d})} \quad (5.3)$$

Die Gesamtdetektionswahrscheinlichkeit a_{ji} aller emittierten Photonen aus einem Voxel i mit dem Zentrum $O_i = (x, y, z)$ im Detektorpaar j , das durch die Kristalle C_1 und C_2 definiert wird, nachgewiesen zu werden, erhält man durch Integration über den gesamten Raumwinkel

$$a_{ji} = \frac{1}{4\pi} \int_0^{2\pi} \int_0^\pi p_{C_{1,2}}(O_i, \mathbf{d}) \sin \theta \, d\theta \, d\phi \quad (5.4)$$

mit

$$\mathbf{d} = \begin{pmatrix} \cos \phi \cos \theta \\ \sin \phi \cos \theta \\ \sin \phi \end{pmatrix}$$

Dieses Integral ist sehr aufwendig zu berechnen und in der Regel wird es auf den zweidimensionalen Fall reduziert und nur die sogenannten "In-plane"-Effekte, das heißt nur das Integral über ϕ , werden berechnet (Strul et al. 2003). Zur Berechnung der gesamten Systemmatrix muss Gleichung 5.4 nun für alle Voxelpositionen $i = 1, \dots, M$ und alle Detektorpaarkombinationen bzw. LORs $j = 1, \dots, N$ berechnet werden. Prinzipiell bieten sich dazu zwei Vorgehensweisen an:

1. Voxelbasierte Berechnung:

Hier betrachtet man den Emissionsort O_i eines Voxels i zunächst als fest und berechnet dann die Koeffizienten a_{ji} für alle Detektorpaare bzw. LORs j , bevor man die Berechnung mit dem nächsten Voxel wiederholt. Die Berechnung ist effizient, wenn die Koeffizienten gespeichert werden können. Diese Vorgehensweise eignet sich für die Rekonstruktion von Projektionen.

2. LOR-basierte Berechnung:

Bei dieser Vorgehensweise werden nur die Koeffizienten a_{ji} für alle Voxel i , die zu einer festen LOR j einen Beitrag leisten berechnet. Danach wird mit der nächsten LOR fortgefahren. Das Verfahren entspricht der Natur der List-mode-Daten und der Einsatz ist vor allem sinnvoll, wenn die Systemmatrix nicht gespeichert werden kann und zur Rekonstruktion on-the-fly berechnet werden muss. Abhängig von der Genauigkeit bei der Berechnung der Koeffizienten ist die LOR-basierte Berechnung in der Regel weniger effizient als der voxelbasierte Ansatz, da Gleichung 5.4 für einen Voxel wiederholt angewendet werden muss.

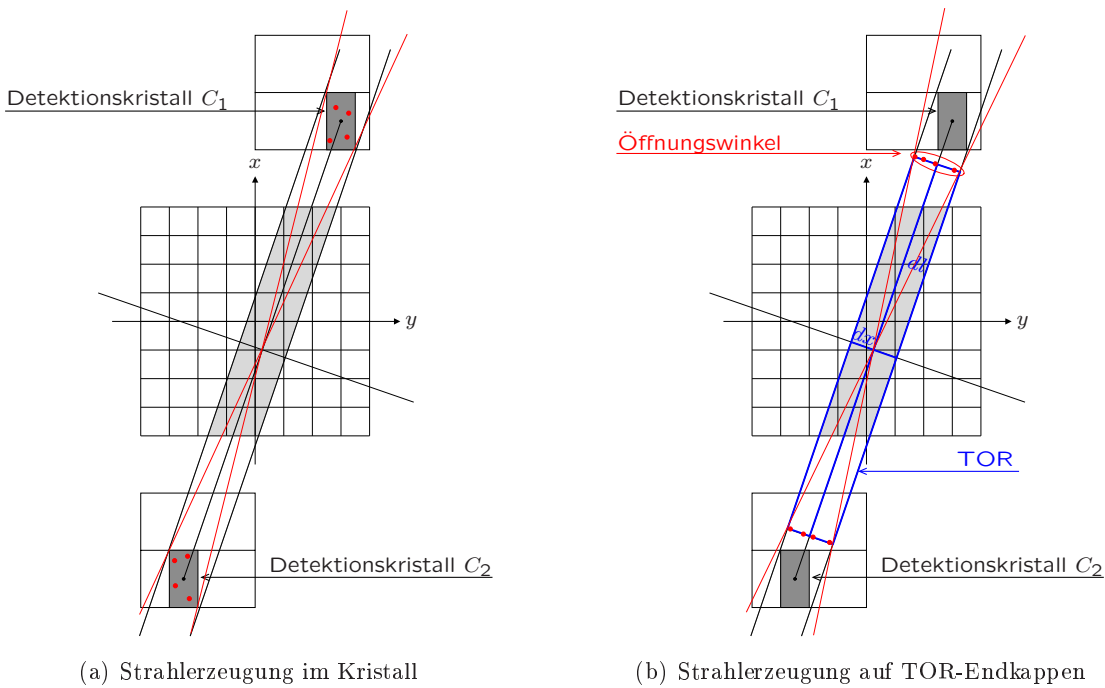


Abbildung 5.5.: Zwei der untersuchten Möglichkeiten zur Strahlerzeugung für den Ray-tracing-Algorithmus. Die Strahlen werden durch die Verbindungsline der zufällig bestimmten Punkte (rot) generiert.

Bei der hier vorgestellten List-mode-Rekonstruktion für das ClearPETTM Neuro kommt das LOR-basierte Verfahren zum Einsatz. Um das Verfahren effizient zu gestalten, müssen zum einen die zu einer LOR beitragenden Voxel eingeschränkt und zum anderen auch der Winkelbereich für die Strahlerzeugung sinnvoll begrenzt werden.

Bei dem gewählten Ray-tracing-Ansatz werden die zu einer LOR beitragenden Voxel durch eine abgewandelte Version des Siddon-Algorithmus berechnet. Für jeden Strahl werden hierbei lediglich die Voxel bestimmt, die von diesem Strahl getroffen werden. Anstatt den getroffenen Voxel die Schnittlänge als Gewicht zuzuweisen, wird die zuvor nach Gleichung 5.3 berechnete Nachweiswahrscheinlichkeit des Strahls auf alle getroffenen Voxel addiert. Die Berechnung der Gewichte hängt dann im Weiteren nur noch von der richtigen Verteilung über den Winkelbereich (ϕ, θ) der erzeugten Strahlen ab.

Eine einfache und schnelle Methode zur Begrenzung des Emissionswinkels der Strahlen ist in Abbildung 5.5a dargestellt. Hier werden zufällige Punkte in den beiden Kristallen einer LOR erzeugt, durch die dann die Strahlen gelegt werden. Der Ansatz hat den Vorteil, dass nur Strahlen erzeugt werden, die durch beide Kristalle laufen und somit auf jeden Fall einen Beitrag zu den Koeffizienten a_{ji} einer LOR leisten. Allerdings ist dieser Ansatz recht ungenau, da die so erzeugten Strahlen, abhängig von der Form und Orientierung

5. Berechnung der Systemmatrix \mathbf{A}

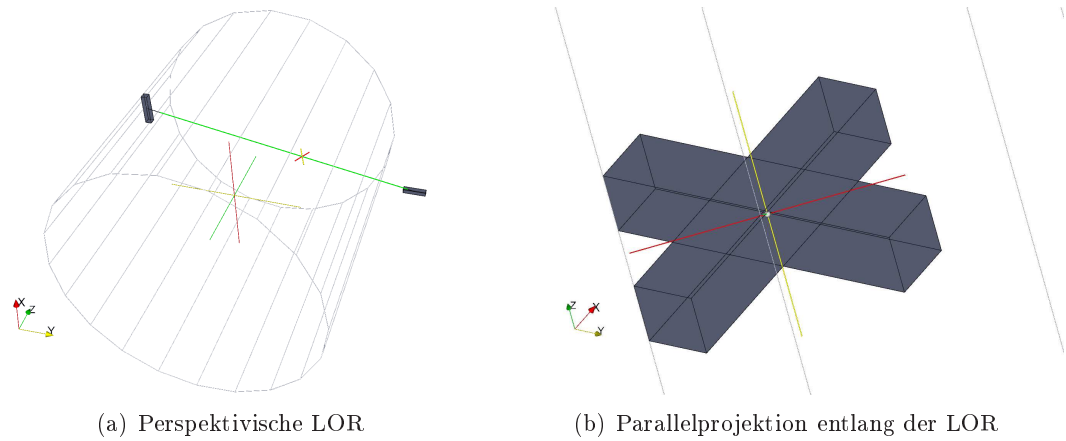


Abbildung 5.6.: Koordinatensystem und Ausdehnung des berechneten Begrenzungsquaders für zwei beliebig orientierte Kristalle. Der Zylinder bildet das FOV für die Rekonstruktion ab und ist hier etwas kleiner als das Messfeld des Scannersystems.

der Kristalle, eine Häufung im Zentrum der LOR aufweisen, so dass der Winkelbereich nicht gleichmäßig abgetastet wird.

Hier wurde ein aufwändigeres aber genaueres Verfahren angewendet, bei dem die Strahlen annähernd gleichmäßig über den Winkelbereich erzeugt werden (Abbildung 5.5b). Um dies zu erreichen, wird zunächst eine quaderförmige Begrenzungsbox (engl. bounding box) für die Koinzidenzröhre bestimmt und anschließend zufällige Strahlen durch die den kristallzugewandten Flächen des Quaders gelegt.

Die Begrenzungsbox wird hierbei durch ihr Zentrum O_{BB} , das Koordinatensystem $(\hat{\mathbf{e}}_x, \hat{\mathbf{e}}_y, \hat{\mathbf{e}}_l)$ und die Ausdehnung $\pm(dx, dy, dl)$ entlang der Koordinatenachsen definiert. Das Zentrum ergibt sich aus dem Mittelpunkt der LOR

$$O_{BB} = (P_{C_1} + P_{C_2})/2,$$

wobei P_{C_1} und P_{C_2} die Zentrumskoordinaten der beiden Kristalle sind. Die Einheitsvektoren des Koordinatensystems des Begrenzungsquaders lassen sich aus dem normierten Richtungsvektor $\mathbf{d}_{LOR} = P_{C_1} + P_{C_2}/|P_{C_1} + P_{C_2}|$ der LOR bestimmen

$$\begin{aligned}\hat{\mathbf{e}}_x &= \mathbf{e}_z \times \mathbf{d}_{LOR} \\ \hat{\mathbf{e}}_y &= \mathbf{d}_{LOR} \times (\mathbf{e}_z \times \mathbf{d}_{LOR}) \\ \hat{\mathbf{e}}_l &= \mathbf{d}_{LOR}\end{aligned}$$

Bei der Berechnung des Einheitsvektors $\hat{\mathbf{e}}_x$ wird die Tatsache ausgenutzt, dass bei allen Kristallen immer eine Achse parallel zur z -Achse des Scannersystems orientiert ist.

Der Querschnitt des Begrenzungsquaders, das heißt die Ausdehnung (dx, dy) , kann anschließend aus der Projektion der Eckpunkte (engl. vertices) $\mathbf{v}_{C_{1,w}}$ und $\mathbf{v}_{C_{2,w}}$ der beiden Kristalle auf die Abschnitte der Koordinatenachsen $\hat{\mathbf{e}}_x$ und $\hat{\mathbf{e}}_y$ bestimmt werden

$$dx = \max\{\hat{\mathbf{e}}_x * \mathbf{v}_{C_{1,w}}, \hat{\mathbf{e}}_x * \mathbf{v}_{C_{2,w}}\}$$

und

$$dy = \max\{\hat{\mathbf{e}}_y * \mathbf{v}_{C_{1,w}}, \hat{\mathbf{e}}_y * \mathbf{v}_{C_{2,w}}\}$$

für $w = 1, \dots, 8$. Die Länge dl des Begrenzungsquaders ergibt sich in etwa aus der Länge der Verbindungslinie der Kristallzentren. Die tatsächliche Länge muss dabei etwas kürzer sein, damit die später generierten Strahlen die beiden Kristalle auch voll überdecken (vgl. Abbildung 5.5b). Die minimal nötige Verkürzung ist auf Grund der komplizierten, realen Form der Koinzidenzröhre im Dreidimensionalen relativ schwer zu berechnen und wurde deshalb lediglich abgeschätzt, indem dl auf beiden Seiten jeweils um die halbe Länge der Kristalle verkürzt wurde. Abbildung 5.6 stellt die Ergebnisse zur Berechnung der Begrenzungsbox einer schrägen LOR für den dreidimensionalen Fall an einem Beispiel aus der Geometrie des ClearPETTM Neuro dar. In der Parallelprojektion entlang der Richtung der LOR (Abbildung 5.6b) ist hierbei sehr gut zu erkennen, dass sich der berechnete Querschnitt des Begrenzungsquaders optimal an die Ausdehnung und Orientierung der Kristalle anpasst.

Mit dem oben beschriebenen Verfahren läßt sich eine gute Approximation der statistischen Gewichte für eine LOR nach Gleichung 5.4 erreichen, die die Detektororientierung, -ausdehnung und Anordnung im Detektorblock berücksichtigt. In Kapitel 6 wird das hier vorgestellte Berechnungsverfahren anhand von Monte-Carlo-Simulationen bestätigt. Allerdings werden bei dem Ray-tracing-Verfahren nicht die absoluten Werte der Koeffizienten a_{ji} , sondern nur relative Werte bestimmt, das heißt die berechneten Koeffizienten sind lediglich proportional zu den absoluten Werten und der Proportionalitätsfaktor hängt von der Anzahl der erzeugten Strahlen ab. Ferner ändert sich der Faktor mit der Ausdehnung (dx, dy, dl) der Begrenzungsbox, da sich mit verändernder Größe logischerweise auch die Strahlendichte in der Box ändert. Um den Proportionalitätsfaktor für alle LORs konstant zu halten, muss die Anzahl der erzeugten Strahlen mit (dx, dy, dl) variiert werden. Der Zusammenhang wurde experimentell bestimmt. Dazu wurde für eine vorgegebene, direkte LOR und eine feste Anzahl von Strahlen die Länge dl und der Querschnitt (dx, dy) des Begrenzungsquaders variiert.

In Abbildung 5.7a ist die Anzahl der zu der LOR beitragenden Strahlen, das heißt die Anzahl der Strahlen, die beide Kristalle treffen, über dem relativen Querschnitt ($x = \text{Breite des Kristalls} / \text{Breite der Begrenzungsbox}$) der Begrenzungsbox aufgetragen. Man erkennt, dass die Anzahl der beitragenden Strahlen mit $1/x^2$ abnimmt. Skaliert man die Anzahl der erzeugten Strahlen folglich mit x^2 bleibt die Anzahl der Strahlen, die beide Kristalle treffen nahezu konstant (Abbildung 5.7b). Der gleiche Zusammenhang gilt für die y -Dimension.

Für die Länge des Begrenzungsquaders gilt der umgekehrte Zusammenhang. Die Strahlendichte oder die Anzahl der beitragenden Strahlen nehmen mit einer Verkürzung der

5. Berechnung der Systemmatrix A

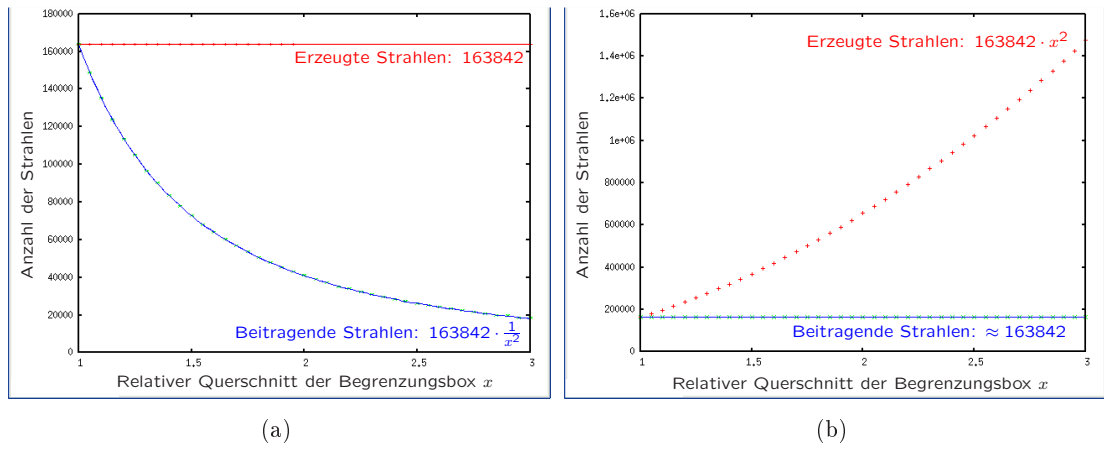


Abbildung 5.7.: Variationen der Strahldichte in Abhängigkeit der relativen x -Ausdehnung der Begrenzungsbox im Verhältnis zur x -Ausdehnung der Kristallgrundfläche a) ohne und b) mit Anpassung der Anzahl an generierten Strahlen.

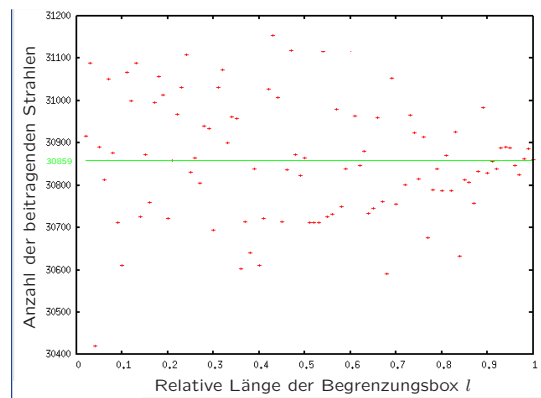


Abbildung 5.8.: Anzahl der beitragenden Strahlen bei Verkürzung der relativen Länge l der Begrenzungsbox und Skalierung der erzeugten Strahlen mit $1/l^2$.

Länge quadratisch ab. Abbildung 5.8 stellt die Anzahl der einen Beitrag leistenden Strahlen über der relativen Länge l der Box nach Korrektur der erzeugten Strahlen um den Faktor $1/l^2$ dar. Die Anzahl zeigt eine zunehmende statistische Schwankung mit abnehmender Länge der Box. Der Mittelwert liegt aber bei dem Wert für $l = 1$. Die Schankungen können durch eine Erhöhung der erzeugten Strahlen gesenkt werden.

Zusammengefasst ergibt sich damit für den Einsatz des Raytracing-Algorithmus in der Rekonstruktion eine notwendige Skalierung der Grundanzahl der zu erzeugenden Strahlen mit dem Faktor

$$\left(\frac{dx \cdot dy}{dl}\right)^2,$$

um keinen Bias zwischen verschiedenen LORs zu erzeugen. Für das ClearPETTM Neuro mit einem Ringdurchmesser von 138 mm ergeben sich folgende Minimal- und Maximalwerte für die Ausdehnung der Bouding-box:

	Minimum	Maximum
dx [mm]	1	4,81
dy [mm]	1	4,96
$2 \cdot dl$ [mm]	≈ 92	≈ 170

6. Simulation (Validierung des Ray-tracing-Algorithmus)

Neben Experiment und Theorie, ist das dritte Standbein der Naturwissenschaften mit voranschreitender Entwicklung der Computertechnologie die Simulation geworden. Sie ermöglicht die Berechnung komplexer physikalischer Systeme. Gegenüber dem aufwendigeren und teureren Experiment hat sie den Vorteil, dass sich Änderungen an einer Messung einfacher umsetzen lassen. Zudem läuft die Untersuchung unter kontrollierten Bedingungen ab.

Zur Beschreibung des radioaktiven Zerfalls und des Verhaltens von Strahlung bzw. Elementarteilchen in Materie sind Monte-Carlo-Methoden ein geeignetes und wichtiges Werkzeug (Zaidi 1999). Für die PET können damit zum Beispiel Untersuchungen zur Streuung (Ziegler u. Kuebler 1993) oder Studien zum Systemdesign von Scannersystemen (Heinrichs 2003; López 2001), sowie Simulationen der Systemmatrix (Böning 2002) durchgeführt werden.

Ziel dieses Kapitels ist es, die Berechnungen des Ray-tracing-Algorithmus durch eine Simulation zu validieren. Zu diesem Zweck werden die Antwortfunktionen einer beispielhaften Detektormodulkombination simuliert, an der senkrechter und schräger Einfall auf die Kristalle untersucht wird.

Im ersten Abschnitt wird das verwendete Programmpaket vorgestellt. Danach folgt der Aufbau der Simulation und die Datenauswertung. Abschließend werden die simulierten und berechneten Antwortfunktionen verglichen und die Ergebnisse diskutiert.

6.1. GATE (GEANT4 Application for Tomographic Emission)

GATE (Jan et al. 2004; Struhl et al. 2003) ist ein weit verbreitetes und gut evaluiertes Simulationswerkzeug, das auf die Berechnung der Phänomene von PET- und SPECT-Systemen zugeschnitten ist.

Dem Anwender stellt GATE eine C++-Bibliothek und eine flexible Script-Sprache bereit, mit der sich die Scanner aufbauen und darstellen lassen. Der Aufbau der Simulation umfasst dabei in erster Linie die Definition der Scanner- und Phantomgeometrie, sowie die Wahl der Materialien.

6.1. GATE (GEANT4 Application for Tomographic Emission)

Zusätzlich lassen sich die zugrunde liegenden physikalischen Modelle wählen bzw. ein- oder ausschalten, wodurch die gezielte Untersuchung von einzelnen Phänomenen, wie z.B. der Streuung oder der Positronenreichweite möglich ist.

Letztendlich wird auch die Detektor- und Ausleseelektronik simuliert, wodurch u. a. Detektortotzeiten und Koinzidenzverhalten beschrieben werden können. Dabei ermöglicht GATE die Simulation von zeitabhängigen Phänomenen wie der Detektorbewegung und des radioaktiven Zerfalls der Quelle und erlaubt somit die Simulation ganzer Messungen unter realistischen Akquisitionsbedingungen.

Für eine spätere Analyse wird der zeitliche Verlauf der bei den Zerfallsprozessen entstandenen Teilchen bzw. Wellen und deren Wechselwirkung mit der umgebenen Materie, sowie viele weitere Parameter aufgezeichnet. Neben einem nativen Textformat besitzt GATE auch eine Anbindung an andere Dateiformate, die bei der Analyse hilfreich sind. Darunter befindet sich auch das List-mode Format LMF.

Zusammengefasst gliedert sich der Aufbau einer GATE Simulation immer in die folgenden Schritte (Jan et al. 2005):

1. Definition der Scannergeometrie und Wahl des Materials
2. Definition der Phantomgeometrie und Wahl des Materials
3. Spezifikation des physikalische Modells
4. Initialisierung der Simulation
5. Spezifikation des Detektormodells und der Ausleseelektronik
6. Definition der Quelle(n)
7. Wahl der Ausgabeformate
8. Starten der Akquisition

Viele Routinen von GATE basieren auf dem Monte Carlo Programmpaket GEANT4 (Allison et al. 2006; Agostinelli et al. 2003). Das Paket wird am CERN, Genf (Schweiz), entwickelt und ist allgemeiner als Werkzeug für die Detektorentwicklung und Simulation im Mittel- (ab 10 eV) und Hochenergiephysikbereich konzipiert.

Die Hauptaufgabe von GEANT besteht in der Berechnung des Transports der Wellen bzw. Teilchen durch die Detektoren. GEANT erstellt dazu die Tabellen mit den Wirkungsquerschnitten und Absorptionskoeffizienten der verwendeten Materialien, aus denen die Wechselkungswahrscheinlichkeiten für die folgende Monte Carlo Simulation bestimmt werden.

6. Simulation (Validierung des Ray-tracing-Algorithmus)

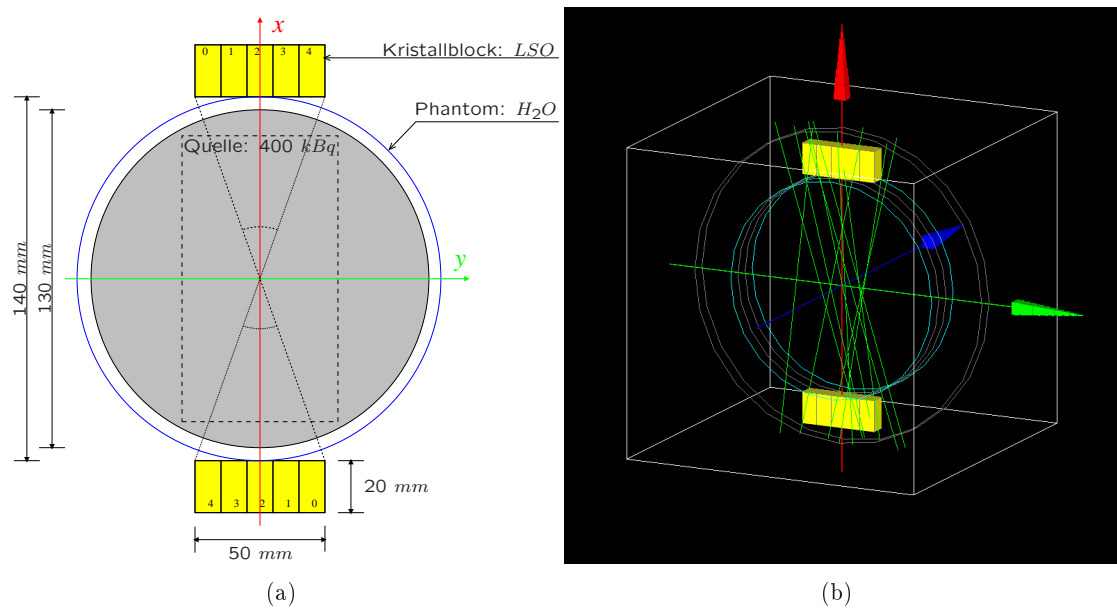


Abbildung 6.1.: Schematischer Aufbau der Simulation (a) und Geometrie in GATE (b). Gelb sind die Detektoren und grün die Pfade der Gammapaare.

6.2. Aufbau der Simulation

Ziel der Simulation mit GATE ist es, die Berechnungen der Systemmatrix durch den Ray-tracing-Algorithmus zu überprüfen. Hierbei sollte insbesondere die korrekte Verteilung der Antwortfunktion innerhalb der direkten Koinzidenzröhre, sowie die Abschwächung durch benachbartes Material bei schrägem Einfall auf die Detektoren untersucht werden.

Zu diesem Zweck wurde eine einfache Detektorgeometrie mit 2 Blöcken simuliert. Die Detektoren haben einen Abstand von 140 mm und bestehen jeweils aus fünf, 10x10x20 mm großen LSO-Kristallen, die in einer Reihe angeordnet sind. Die Geometrie entspricht dem Ausschnitt einer Schicht von zwei gegenüberliegenden Modulen des ClearPETTM Neuro, bei der beide Kristallagen zusammengefasst und die Detektorkristalle in tangentialer und axialer Richtung 10-fach vergrößert sind. Durch die Vergrößerung wird der Querschnitt der Kristalle, respektive der TOR breiter und in Folge die Systemmatrix stärker besetzt.

Das gesamte FOV ist mit einem zylindrisches Phantom aus Wasser gefüllt, das im Falle einer Positronenquelle als Annihilationsmedium dient. Als Quelle wurde darin ein homogener Quader mit einer Aktivität von 400 kBq simuliert. Der Quader schränkt den Untersuchungsbereich auf etwas mehr als den Raum zwischen den Detektoren ein und entspricht dem Bereich aus dem signifikante Beiträge zu den LORs erwartet werden. Abbildung 6.1 zeigt den Aufbau der Simulation im Überblick.

Das physikalische Modell von GATE wurde möglichst nahe an die Gegebenheiten des

Simulationsparameter	Gammaquelle	Positronenreichweite
Quelle	Quader	F^{18} -Zylinder
Aktivität	400 <i>kBq</i>	400 <i>kBq</i>
Teilchenerzeugung der Quelle	2 Gammas	1 Positron
Winkelbereich der Gammas	eingeschränkt	voll
Simulierte Zeit	71 * 20 s	126 * 100 s
Summe der Koinzidenzen	8.004.288	708.288
Zufällige Koinzidenzen	86.735	3.545
Koinzidenzen in direkter LOR (2:2)	320.234	29.253
Koinzidenzen in schräger LOR (0:0)	306.116	26.753
Simulationsdauer (Dual-Core PC)	ca. 3 Wochen	ca. 2 Monate

Tabelle 6.1.: Statistik der beiden Simulationen.

Ray-tracing-Algorithmus angepasst. Zur Simulation des linearen Absorptionsmodells ohne Streuung werden bis auf den Photoelektrischen Effekt alle Wellen-Teilchen-Interaktionen, insbesondere die Compton- und Rayleigh-Streuung, sowie die Gammakonversion deaktiviert.

Des Weiteren wird auch die Positronenreichweite vom Ray-tracing-Algorithmus nicht berücksichtigt und in der simulierten Quelle ebenfalls deaktiviert. Dazu werden statt des Positrons direkt zwei Gammaquanten erzeugt, die ohne Winkelunsicherheit auseinander streben. Zusätzlich wird der Winkelbereich bei der Gammaerzeugung auf den maximalen Winkel zwischen den Detektormodulen beschränkt, wodurch weniger Gammaquanten erzeugt werden, die nicht detektiert werden können. Damit steigt die Zählrate in allen Kristallen erheblich an.

Um den Einfluss der Positronenreichweite, auf die (tangente) Verbreiterung der Antwortfunktion näher zu untersuchen, wurde eine weitere Simulation mit einem homogenen ^{18}F Zylinder gleicher (Anfangs-)Aktivität als Positronenquelle durchgeführt.

In beiden Fällen wurden die Informationen zu den koinzidenten Ereignissen mit einem Zeitfenster von 12 *ns* akquiriert.

Als Ausgabe genügt die Liste der Koinzidenzen im Textformat (`gateCoincidences.dat`), die u.a. den Anihilationsort bzw. den Entstehungsort der beiden Gammaquanten und die registrierenden Kristalle beinhaltet. Beides wird für die spätere Analyse der Antwortfunktion benötigt. Zusätzliche Ausgabeformate können deaktiviert werden, da sie zum Teil erheblichen Speicherbedarf mit sich bringen.

Eine vollständige Liste der gesetzten Parameter der Simulationen können dem GATE-Macro im Anhang A entnommen werden. Tabelle 6.1 fasst die wichtigsten Unterschiede der Simulationen mit und ohne Positronenreichweite nochmal zusammen.

6.3. Methodik der Auswertung

Die Simulationen sollte so lange laufen, bis eine hinreichende Anzahl von Koinzidenzen in den zu untersuchenden LORs akquiriert wurde (Tabelle 6.1). Zur Vermeidung technischer Probleme bei sehr langen Simulationen (Datenvolumen, Programmstabilität) wurde in der Praxis jedoch eine kürzere Zeit gewählt und die Simulation dafür mehrfach wiederholt. Hierbei muss darauf geachtet werden, dass jede Wiederholung mit einem neuen Satz an Zufallszahlen initialisiert wird, um nicht immer wieder das vorangegangene Ergebnis zu reproduzieren. GATE berechnet dabei den neuen Satz an Zufallszahlen automatisch auf Basis der alten, sofern diese noch von der letzten Simulation vorliegen.

Nach der Simulation werden zuerst die zufälligen Koinzidenzen aus der Liste entfernt. Die Sortierung fällt in der Simulation leicht, da für jedes Gammaquant auch die Identifizierungsnummer des erzeugenden Ereignisses aufgezeichnet ist. Insgesamt sind rund 1% alle registrierten Ereignisse zufällige Koinzidenzen. Die geringe Zahl sollte keinen signifikanten Einfluss auf die Ergebnisse zeigen.

Die wahren Koinzidenzen werden dann weiter nach den verschiedenen Kristallkombinationen sortiert. Zur näheren Untersuchung der Antwortfunktion wurden die direkte, zentrale LOR mit der Koinzidenz zwischen den Kristallen der Nummer 2 und die ganz schräge LOR mit der Koinzidenz zwischen den Kristallen der Nummer 0 herangezogen (vgl. Abbildung 6.1a). Da keine Streuung simuliert wurde und so auch kein Übersprechen von Ereignissen in die Nachbardetektoren auftreten kann, sind die Resultate der einzelnen LORs voneinander unabhängig. Somit lässt sich die Statistik nachträglich verbessern, indem die Anihilationsorte einander symmetrischer LORs transformiert und ihre Koinzidenzen summiert werden. Bei der gegebenen Geometrie sind das die fünf direkten LORs, die durch eine Translation entlang der Y-Achse, und jeweils zwei schräge LORs, die durch eine Spiegelung an der X-Achse ineinander überführt werden können. Auf die Ausnutzung weiterer Symmetrien innerhalb einer LOR (Punktsymmetrie zum Zentrum der LOR und axiale Symmetrie) wurde verzichtet, um das Simulationsergebnis besser im Bezug auf seine Statistik beurteilen zu können.

Die Ausnutzung aller Symmetrien wird bei größeren Simulationen, wie z. B. bei der Simulationen der gesamten Systemmatrix zu Rekonstruktionszwecken, jedoch nicht nur wegen der Rechenzeitersparnis obligat, sondern führt auch zu einer stabileren Matrix.

Zum Schluss wird aus den erhaltenen Koinzidenzlisten der LORs der Ort der Annihilation ausgelesen und das Ereignis in eine Volumenmatrix mit 128^3 Voxeln und 1 mm^3 Voxelgröße neu einsortiert, um die simulierte Antwortfunktion zu erhalten.

6.4. Ergebnisse

Abbildung 6.2 zeigt das Ergebnis der Simulation für die direkte LOR und die schräge LOR in zentralen Schnitten und in volumetrischer Ansicht. Die maximale Zählrate in einem Voxel beträgt hierbei nach Ausnutzung der oben genannten Symmetrien und Summation

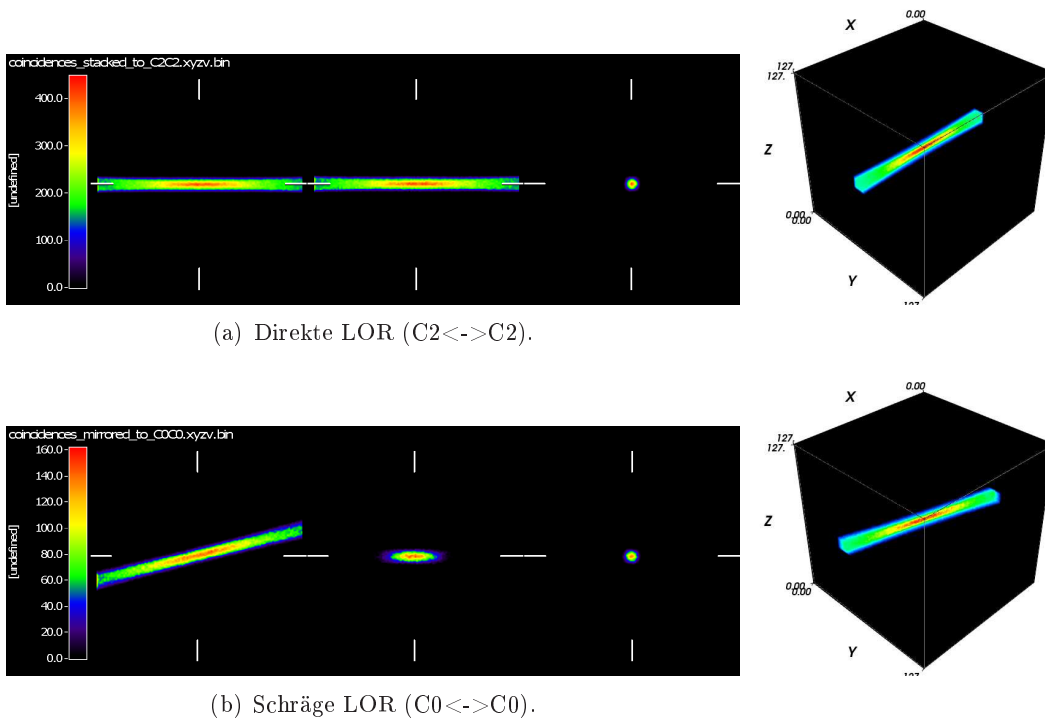


Abbildung 6.2.: Zentrale Schnitte (links) und Maximum Intensity Projection (rechts) der simulierten LORs.

6. Simulation (Validierung des Ray-tracing-Algorithmus)

449 Anihilationen für die direkte LOR bzw. 162 für die schräge LOR. Aufgrund der etwas geringen Zählrate und der Tatsache das die LOR nur 10 Voxel breit ist, sehen die Resultate noch etwas grobkörnig aus, lassen die Verteilung aber dennoch gut erkennen.

Der Vergleich mit den Ergebnissen des Ray-tracing-Algorithmus geschieht dann anhand von Schnitten und Summenprofilen durch die Volumen. Für die gemeinsame Darstellung wird das Maximum der Zählrate in den Volumen (auf eins) normiert.

6.4.1. Direkte LOR

In den Abbildungen 6.3 und 6.4 werden die Simulationsergebnisse der direkten LOR mit den Ergebnissen des Ray-tracing-Algorithmus verglichen. Der Vergleich erfolgt anhand von Profilen der Schicht $z = 63$, die einer axialen Position bei $-0,5 \text{ mm}$ entspricht. (Das zentrale Profil bei der axialen Koordinate von 0 mm existiert aufgrund der geraden Anzahl von Voxeln im Bildvolumen hier nicht.) Die Graphen stellen die Zählrate n , der in den einzelnen Voxeln emittierten und von der LOR registrierten Gammapaare, über der tangentialen Koordinate y und für verschiedene radiale Abstände d vom Zentrum der LOR dar. Für die Simulationsergebnisse wird zusätzlich auch die erwartete Streuung σ (Standardabweichung) der Zählrate berechnet. Bei einer Poissonverteilung gilt dabei für eine mittlere gemessene Zählrate n eine Standardabweichung von $\sigma = \sqrt{n}$.

Bei der Betrachtung der Graphen fällt auf, dass die simulierten Profile stärker als erwartet von der zur erwartenden Trapezform mit der Symmetrie zur Achse $Y = 0 \text{ mm}$ (grüne Linie) abweichen. Der Grund dafür ist in der geringen Statistik und den damit einhergehenden Schwankungen bei der Zählrate zu sehen, die oft augenscheinlich größer als das Poissonintervall ausfallen. Besonders deutlich kann das am Plateau der Trapeze beobachtet werden. Die einzelnen Plateaus sollten idealerweise eben sein; stattdessen differiert die absolute Höhe um bis zu 11% der absoluten Zählrate. Trotz der lokal auftretenden "Ausreißer" wird die allgemeine Form der Profile gut wiedergegeben.

Vergleicht man die Ergebnisse des Ray-tracing-Algorithmus mit der Simulation, so zeichnet sich eine recht gute Übereinstimmung der Profile ab. Insbesondere die Breite der Plateaus stimmt sehr genau überein. Bei Betrachtung der Plateauhöhe fällt auf, dass der Ray-tracing-Algorithmus anscheinend dazu neigt, die Sensitivität in den Voxeln leicht zu überschätzen. Der Effekt ist dabei abhängig von der radialen Position des Profils. Während bei größeren radialen Positionen ($d \approx 50\%$) die Höhen der Plateaus nahezu gleich aufliegen, ist im Zentrum die mittlere Zählrate des Ray-tracing-Algorithmus durchschnittlich 13% höher als die der Simulation. Infolge dessen zeigen auch die Flanken einen steileren Verlauf.

Um die geringe Statistik zu kompensieren und die Ergebnisse besser vergleichen zu können, wurden alle Y -Profile einer LOR gestapelt. Dadurch wird nun die Gesamtzählrate in den entsprechenden Ebenen senkrecht zum Profil verglichen und nicht mehr in jedem Voxel einzeln. Das Ergebnis ist in Abbildung 6.5 (b) dargestellt und zeigt eine sehr gute Übereinstimmung zwischen Simulation und Ray-tracing-Algorithmus. Die Abwei-

6.4. Ergebnisse

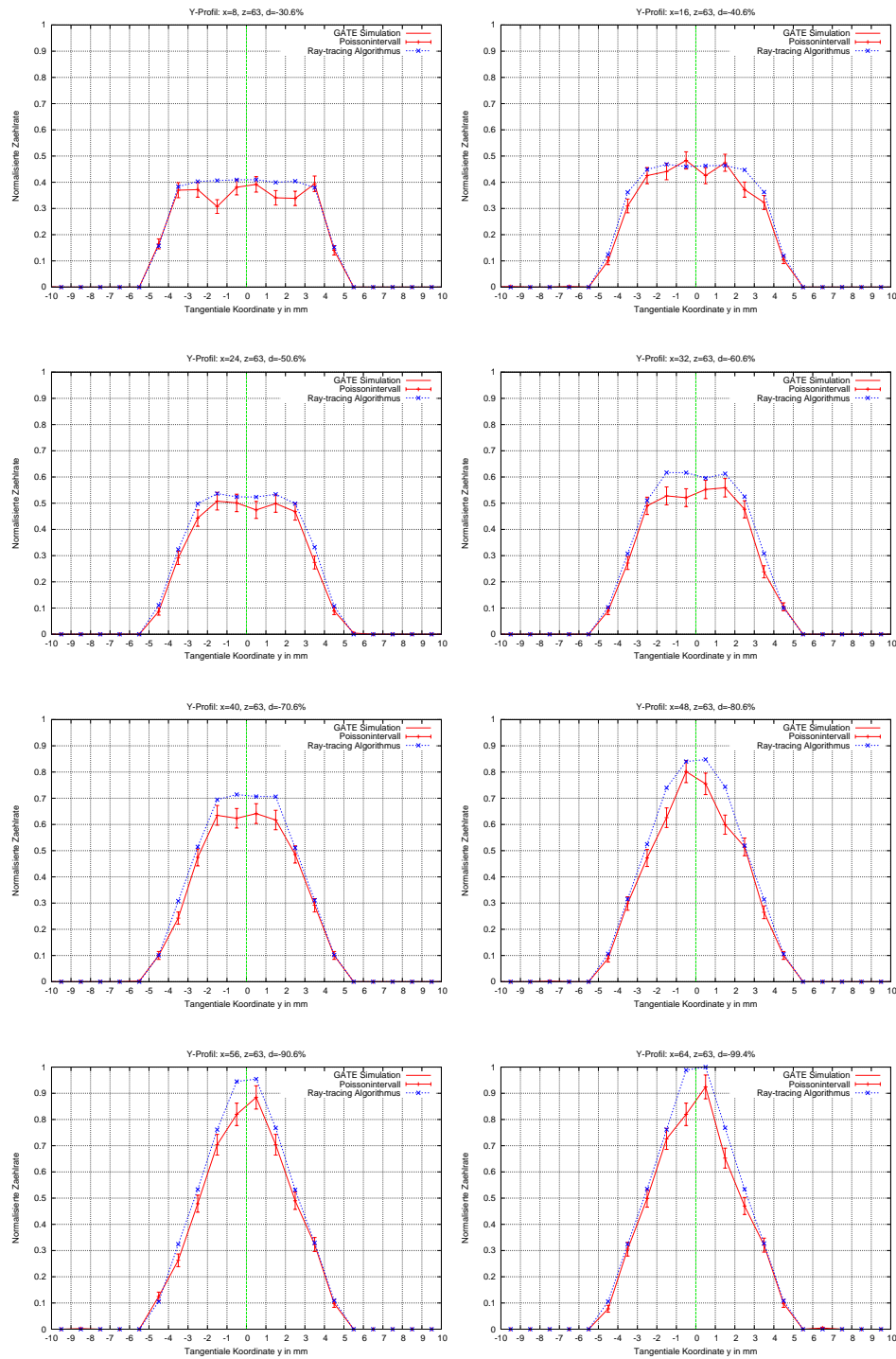


Abbildung 6.3.: Vergleich zwischen simulierten (durchgängig) und berechneten (gestrichelt) Profilen für die direkte LOR.

6. Simulation (Validierung des Ray-tracing-Algorithmus)

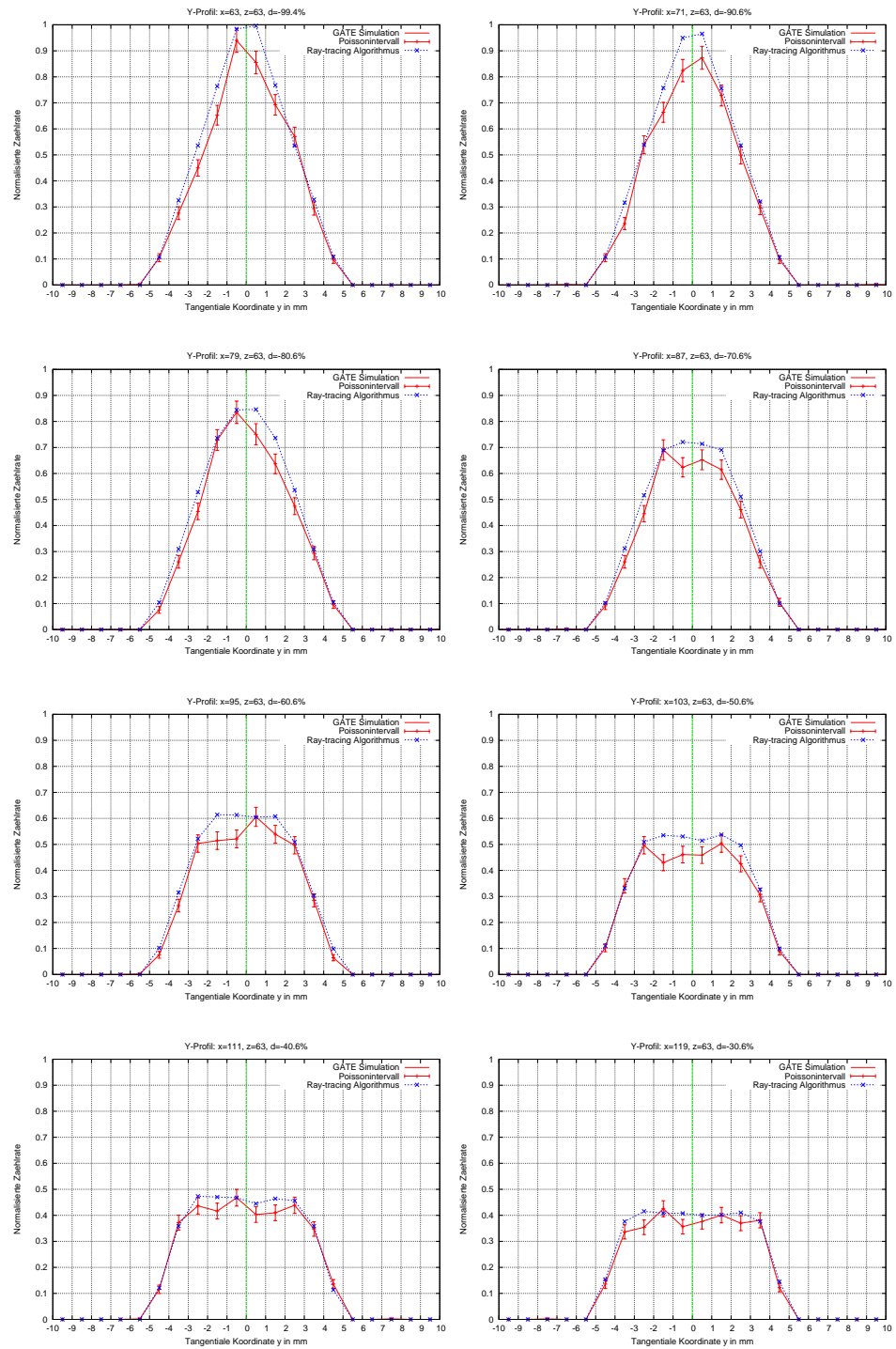


Abbildung 6.4.: Vergleich zwischen simulierten (durchgängig) und berechneten (gestrichelt) Profilen für die direkte LOR. (Fortsetzung von Abbildung 6.3).

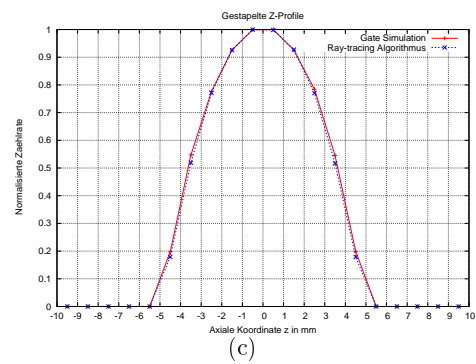
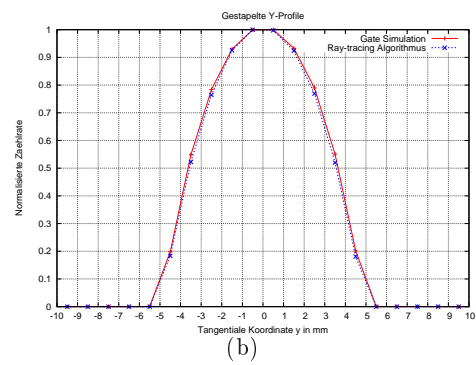
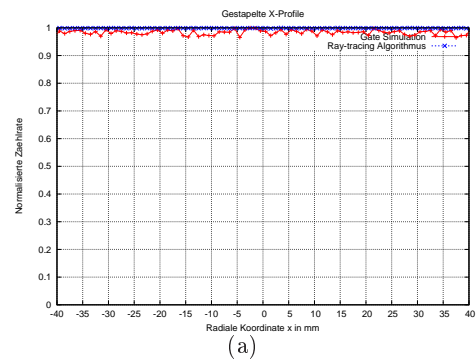


Abbildung 6.5.: Summenprofile der direkten LOR für die verschiedenen Raumrichtungen.

6. Simulation (Validierung des Ray-tracing-Algorithmus)

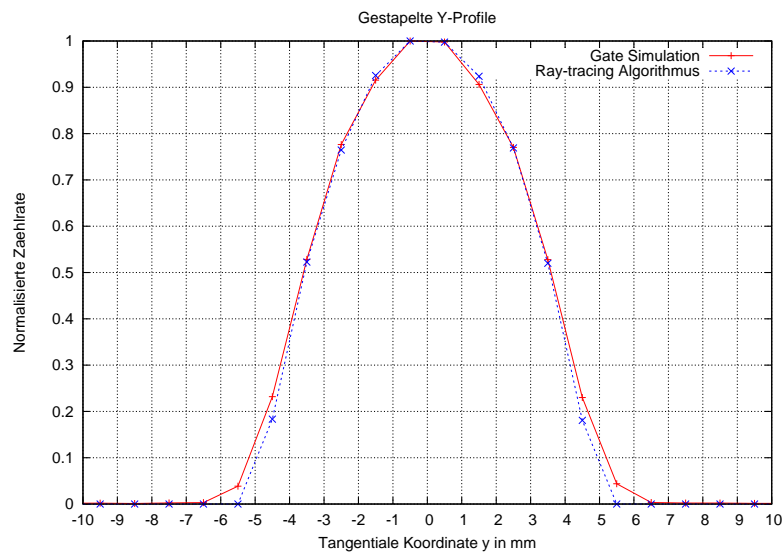


Abbildung 6.6.: Simulation der direkten LOR unter Einbeziehung der Positronenreichweite (gestapelte Y-Profile).

Abweichungen in der Zählrate sind dabei stets unter 3% des Maximums. Gleiches trifft auf die gestapelten Z-Profile zu (c), die aus Symmetriegründen die selbe Verteilung zeigen.

Bei der Stapelung der X-Profile (a) ergibt sich eine konstante Zählrate, da in jeder Schicht senkrecht zur LOR die gleiche Anzahl von Photonen erzeugt und detektiert wird, lediglich die Verteilung innerhalb dieser Schicht ist unterschiedlich, wie die Y-Profile und Z-Profile zeigen. Der Ray-tracing-Algorithmus gibt das auch sehr gut wieder. Bei der Simulation treten allerdings wieder kleinere Abweichungen aufgrund der geringeren Statistik hervor. Die Zählrate in einer Schicht variiert hier zwischen 95-100% der maximalen Zählrate.

Die Einbeziehung der Positronenreichweite in die Simulation einer LOR ist in Abbildung 6.6 dargestellt. Aufgrund des höheren Simulationsaufwandes konnte hier auch nur eine sehr geringe Statistik simuliert werden, so dass das Ergebnis nur in der Stapelung der Y-Profile gezeigt wird. Der Effekt der Positronenreichweite begrenzt sich auf die Basis des Profils, wo sich, wie erwartet, eine Verbreiterung von etwa 1-2 mm ergibt.

6.4.2. Schräge LOR

Abbildung 6.7 und 6.8 stellen die Y-Profile der schrägen LOR dar. Die Darstellung erfolgt ebenso wie bei der direkten LOR.

Durch die Neigung der Kristalle verbreitert sich die LOR tangential auf ca. 14,6 mm. Durch den seitlichen Einfall der Gammaquanten auf die Kristalle und den Parallaxeneffekt ist die Trapezform nun stark gerundet. Die unterschiedlichen Weglängen der Gam-

6.4. Ergebnisse

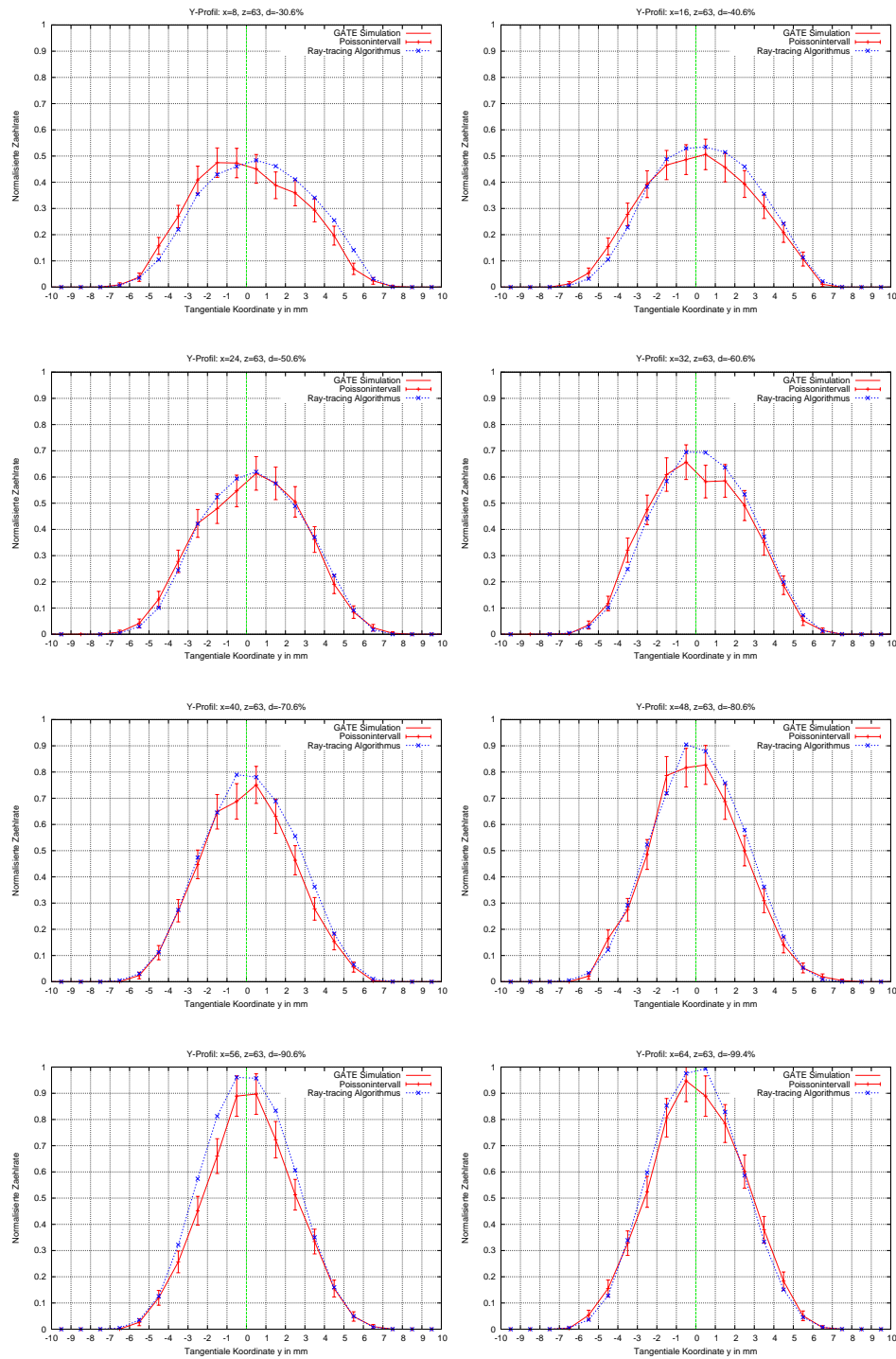


Abbildung 6.7.: Vergleich zwischen simulierten (durchgängig) und berechneten (gestrichelt) Profilen für die schräge LOR.

6. Simulation (Validierung des Ray-tracing-Algorithmus)

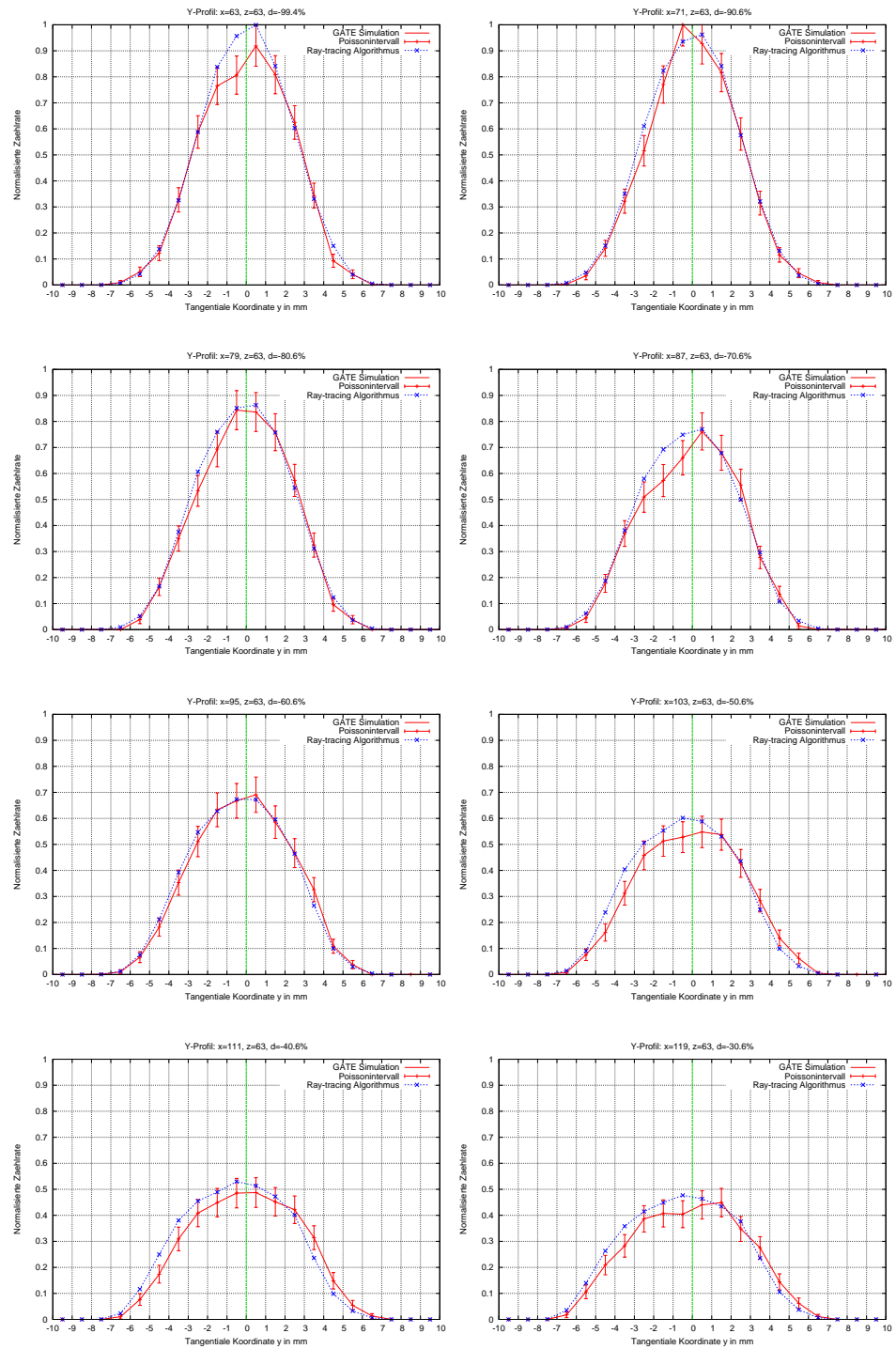


Abbildung 6.8.: Vergleich zwischen simulierten (durchgängig) und berechneten (gestrichelt) Profilen für die schräge LOR. (Fortsetzung von Abbildung 6.7).

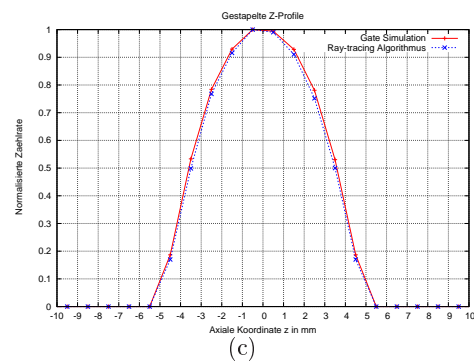
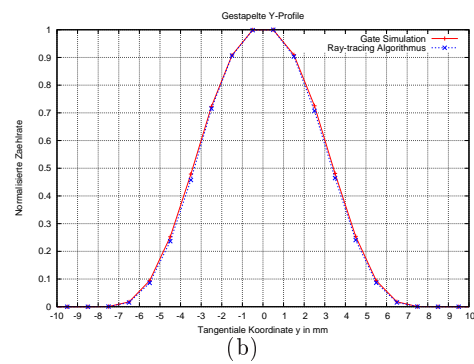
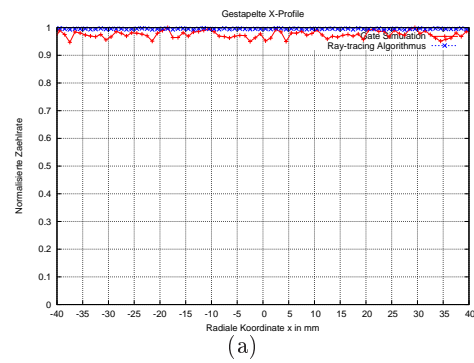


Abbildung 6.9.: Summenprofile der schrägen LOR für die verschiedenen Raumrichtungen.

6. Simulation (Validierung des Ray-tracing-Algorithmus)

maquanten im Kristall und die Abschwächung durch Nachbarkristalle wirken sich zusätzlich in einer leicht asymmetrischen Verteilung aus. Die Position des Maximums auf der Y-Achse verschiebt sich mit zunehmender radialer Koordinate vom Zentrum der LOR jeweils leicht in Richtung der Nachbarkristalle und sollte punktsymmetrisch durch den Ursprung verlaufen. Die Flanken verziehen sich dem entsprechend. Auf der Seite zu der die Verschiebung stattfindet, werden die Flanken steiler und auf der anderen Seite flacher.

Der Vergleich der Simulation mit dem Ray-tracing-Algorithmus zeigt ein ähnliches Bild wie beim Vergleich der direkten LORs. Die allgemeine Form der Graphen stimmt recht gut überein, aber auch hier wird die Zählrate wieder leicht überschätzt und liegt im Zentrum der LOR rund 14% höher als in der Simulation. Außerdem fällt auf, dass mit zunehmendem radialen Abstand vom Zentrum die Profile des Ray-tracing-Algorithmus weniger stark verzerrt werden und insgesamt symmetrischer bleiben. Infolge dessen ist die Zählrate systematisch im Randbereich auf der freien Seite leicht erhöht und auf der abgeschwächten Seite etwas erniedrigt.

Betrachtet man dagegen wieder die gestapelten Profile (Abbildung 6.9), dann zeigt wieder eine sehr gute Übereinstimmung der Zählraten in den jeweiligen Ebenen. Auch die Unterschiede in den Zählraten entsprechen dem, was für die direkten LOR ermittelt und diskutiert wurde.

7. Rekonstruktionsbeispiele

In diesem Kapitel werden Rekonstruktionsbeispiele von realen List-mode-Messdatensätzen gezeigt. Die Datensätze wurden dabei sämtlich mit dem ClearPETTM Neuro aufgenommen. Zur Rekonstruktion wurde der in Kapitel 5.3 vorgestellte Ray-tracing-Algorithmus zur Berechnung der Systemmatrix in den Rahmen eines List-mode-Rekonstruktionsprogrammes nach Gleichung 4.22 implementiert. Das Rekonstruktionsprogramm enthält den OS-EM-Algorithmus, wobei hier die Subsets dynamisch durch Auslesen des Rotationszustandes der Gantry aus den List-mode-Daten bestimmt werden. Aufgrund der 36°-Symmetrie des ClearPETTM Neuro kommen als Subsetintervall nur Vielfache dieses Winkels in Frage, um die statistische Gleichverteilung der Subsets zu gewährleisten. Zusätzlich muss beachtet werden, dass die Anzahl der Ereignisse in einem Subset nicht zu klein wird. Soweit nicht anders angegeben wird für die List-mode-Rekonstruktion ein Objektvolumen von 128^3 Voxeln mit einer isotropen Voxelgröße von 1 mm^3 verwendet. Die Rekonstruktion wurde parallel auf sechs Standard-Desktop-PC mit Taktfrequenzen zwischen 1,6 und 2,4 GHz durchgeführt, die über ein lokales Netzwerk (LAN) verbunden sind. Eine Übersicht über die gemessenen Datensätze und die Rekonstruktionsparameter gibt Tabelle 7.1.

Einige der gemessenen Datensätze wurden zum Vergleich auch mit der Standardrekonstruktion von Sinogrammen rekonstruiert. Dazu wurde die "Software for Tomographic Image Rekonstruktion" STIR mit dem "Ordered-Subset Maximum-A-Posteriori One-Step-Late"-Algorithmus (OSMAPOSL) verwendet (Sauge et al.; Labbe et al. 1999), mit dem nach bisheriger Erfahrung die besten Rekonstruktionsergebnisse für die Rekonstruktion von Sinogrammdaten erzielt werden konnten. Die Rekonstruktion der Sinogramme geschieht hierbei in eine $119 \times 119 \times 95$ große Matrix mit einer Voxelgröße von $1,15 \times 1,15 \times 1,15 \text{ mm}^3$. Die Sinogrammparameter entsprechen den in Kapitel 3.2 beschriebenen Standardwerten. Die Rekonstruktionen wurden mit 20 Iterationen und 6 Subsets durchgeführt.

7.1. Homogener Zylinder

Zunächst wurde ein homogener Zylinder gemessen mit einem Durchmesser von ca. 80 mm. Die axiale Länge erstreckt sich über das gesamte FOV. Das Ergebnis der Rekonstruktion ist in Abbildung 7.1 dargestellt. Es zeigen sich starke Artefakte, die vor allem auf die fehlende Normalisierung für die Detektoreffizienz zurückzuführen sind, die bei der Rekonstruktion nicht berücksichtigt wurde. Die Normalisierung der Rekonstruktion geschah nur durch die einfache Rückprojektion aller im Scannersystem möglichen LORs

Ab-schnitt	Objekt	Radio-isotop	Aktivi-tät [mCi]	Mess-dauer [min]	Anzahl der Ro-tationen der Gantry	Koinzi-dente Ereignisse	Subset-intervall [°]	Anzahl der Subsets	Anzahl der Iter-ationen	Rekon-struk-tionszeit [h]
7.1	Homo-gener Zylinder	^{18}F	0,61	6	1	24.298.433	180	2	5	16
7.2	Derenzo-Phantom Mini-Derenzo-Phantom	^{18}F	0,55	k. A.	1	63.523.571	36	10	4	≈ 144 (2 PCs)
		^{18}F	0,682	24	4	141.624.160	180	2	5	52.9
7.3	Knochen-messung bei einer Ratte	^{18}F	3,0	24	4	84.986.538	360	1	5	45.7

Tabella 7.1.: Übersicht über die gemessenen Datensätze und ihre Rekonstruktionsparameter.

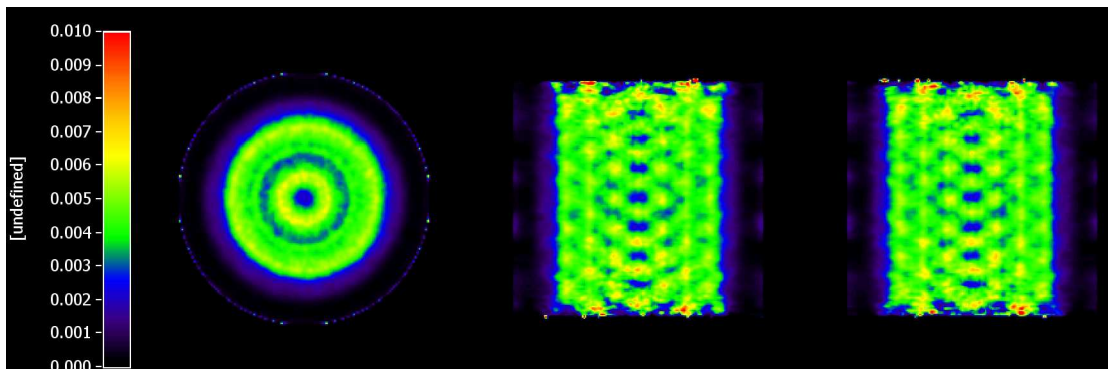


Abbildung 7.1.: Homogener Zylinder.

nach Gleichung 4.19. Allerdings weist gerade das ClearPETTM Neuro mit seiner unkonventionellen Scannergeometrie ein sehr komplexes Verhalten der Detektoreffizienz auf. Zwar wird mit dem Ray-tracing-Algorithmus die Abschirmung der einzelnen Kristalle, das heißt die Schwächung durch ihre umgebenden Kristalle berücksichtigt, allerdings werden Streueffekte im Detektorblock und Übersprechen nicht modelliert. Die Streueffekte in einem Detektorblock haben allerdings einen signifikanten Einfluss auf die Zählrate in den Kristallen, wie eine Monte-Carlo-Simulation eines *LSO*-Layers zeigt (Abbildung 7.2). Durch Compton-Streuung werden hier die Photonen in die Nachbarkristalle gestreut, so dass die Zählrate der Kristalle stark abhängig von der Anzahl der Nachbarn ist. Ebenfalls nicht in die Normalisierung mit einbezogen ist das Antwortverhalten der Detektorelektronik. Für den praktischen Einsatz des Verfahrens muss also noch eine Implementation der Detektornormalisierung im Rekonstruktionsprogramm vorgenommen werden. Die fehlende Normalisierung der Detektoreffizienz verhindert quantitative Aussagen über die Rekonstruktionsergebnisse, so dass im Folgenden nur qualitative Vergleiche angestellt werden können.

Problematisch für die Normalisierung ist außerdem, dass in der Literatur nur unzureichende Informationen über den Wert für die Strahlungslänge bzw. den Absorptionskoeffizienten von *LuYAP* vorhanden sind. Der Einfluss eines ungenauen Wertes auf die Artefaktbildung kann durchaus von Bedeutung sein. Des weiteren schwanken auch leicht die Angaben für die Strahlungslänge für *LSO* (vgl. Tabelle 2.3).

7.2. Derenzo-Phantome

Zur Beurteilung des Auflösungsvermögens des Rekonstruktionsverfahrens wurden zwei Derenzo-Phantome gemessen und mit der Rekonstruktion aus Sinogrammen verglichen. Abbildung 7.3 zeigt das Rekonstruktionsergebnis für das Phantom mit den größeren Röhrendurchmessern. Der Durchmesser der Röhren variiert von 2 *mm* bis 3 *mm* in Schritten von 0,2 *mm*. Es ist deutlich zu erkennen, dass bei der List-mode-Rekonstruktion

7. Rekonstruktionsbeispiele

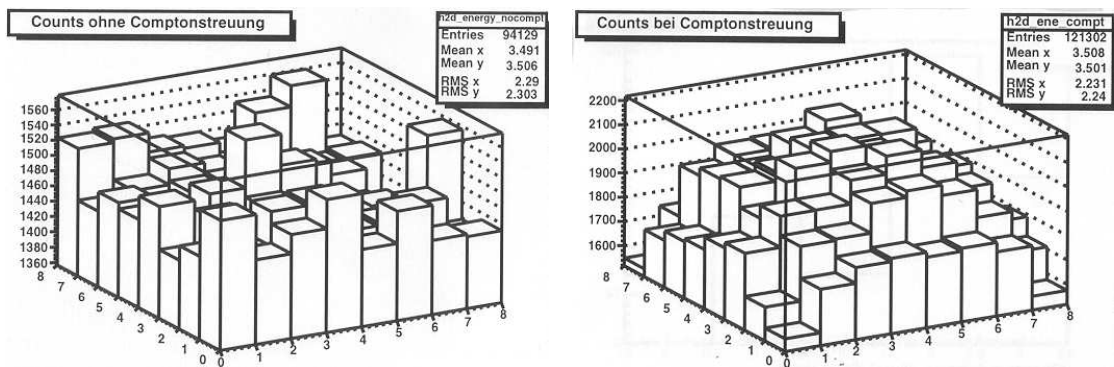


Abbildung 7.2.: Variation der Zählrate mit und ohne Streuung im Detektorblock.

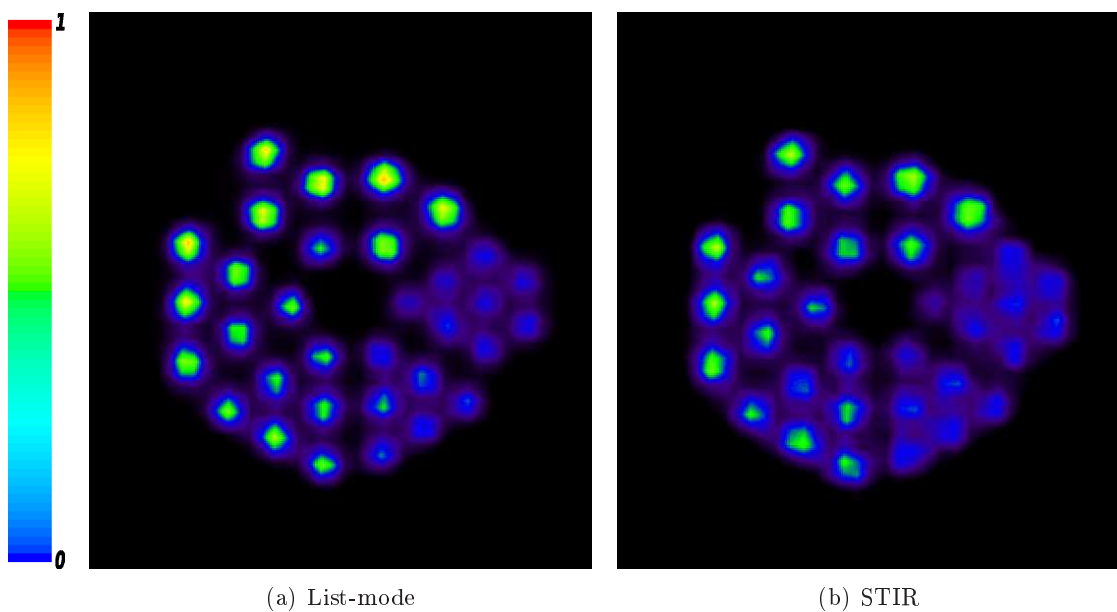


Abbildung 7.3.: Vergleich zwischen der List-mode- und STIR-Rekonstruktion anhand eines Derenzo-Phantoms. Die Rohrendurchmesser reichen von 2 *mm* bis 3 *mm* in 0,2-*mm*-Schritten.

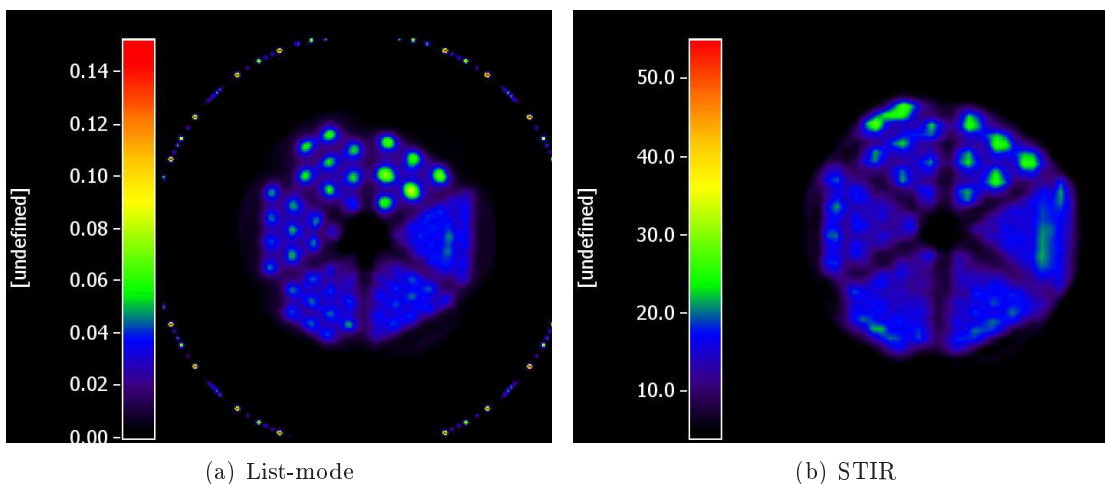


Abbildung 7.4.: Vergleich zwischen der List-mode- und STIR-Rekonstruktion anhand des Mini-Derenzo-Phantoms. Die Rohrendurchmesser reichen von 1 mm bis 2 mm in $0,2\text{-mm}$ -Schritten.

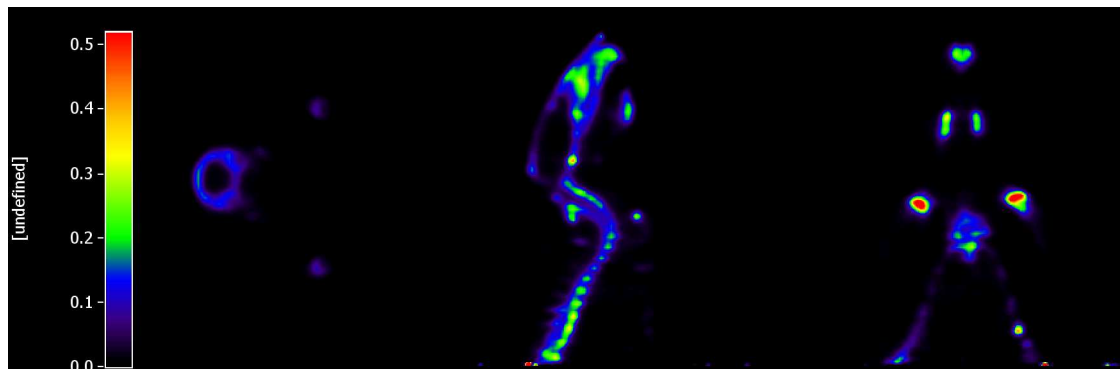
die 2 mm -Röhren schärfer voneinander getrennt sind. Desweiteren scheinen die einzelnen Röhren etwas homogener zu sein.

Gleiches gilt für das Mini-Derenzo-Phantom (Abbildung 7.4). Hier reicht der Durchmesser der Röhren von 1 bis 2 mm , ebenfalls in Schritten von $0,2\text{ mm}$. Bei der List-mode-Rekonstruktion lassen sich die Röhren noch bis zu einer Auflösung von etwa $1,6\text{ mm}$ unterscheiden, während sie bei der Rekonstruktion von Sinogrammen bereits ab $1,8\text{ mm}$ stark ineinander laufen. Bei der List-mode-Rekonstruktion zeichnet sich im inneren Ring ein Sensitivitätsverlust ab, der aber lediglich durch die ungenügende Normalisierung hervorgerufen wird, die an dieser Stelle ebenfalls ein starkes Ringartefakt aufweist.

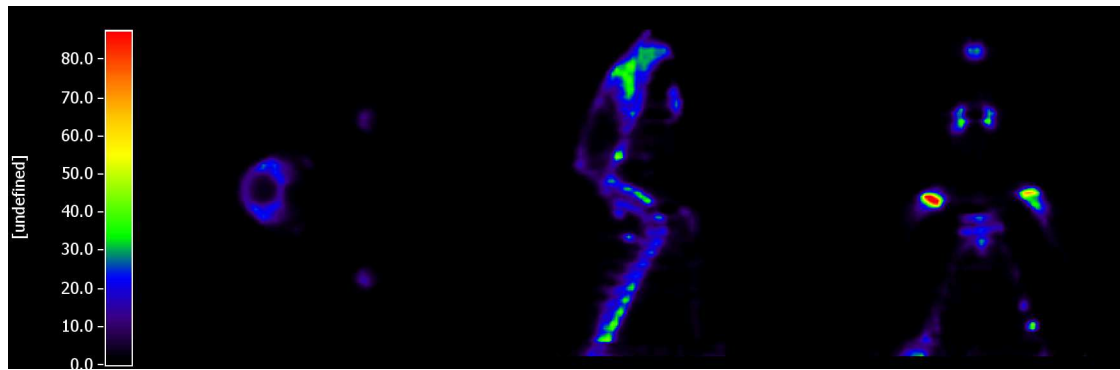
7.3. Knochenmessung einer Ratte

Als Anwendungsbeispiel für das ClearPETTM Neuro wurde die Skelettstruktur einer Ratte gemessen. In Abbildung 7.5 sind die Ergebnisse dargestellt. Vergleicht man das Ergebnis der List-mode-Rekonstruktion (a) mit der Standardrekonstruktion von Sinogrammen mit ± 15 Segmenten (b), erkennt man das auch hier wieder die List-mode-Rekonstruktion eine bessere Trennung der Strukturen liefert. Zu beobachten ist dies insbesondere bei der Auflösung der Wirbelkörper, sowie am Nasenbein. Die List-mode-Rekonstruktion profitiert hierbei, wie bei den anderen Messungen auch, zum einen von der besseren räumlichen Auflösung der Daten, zum anderen aber auch von einer höheren Statistik, da alle Ereignisse zur Rekonstruktion genutzt werden können. Interessant ist daher auch der Vergleich mit der Rekonstruktion von Sinogrammen, bei der die maximale Segmentdifferenz von (hier)

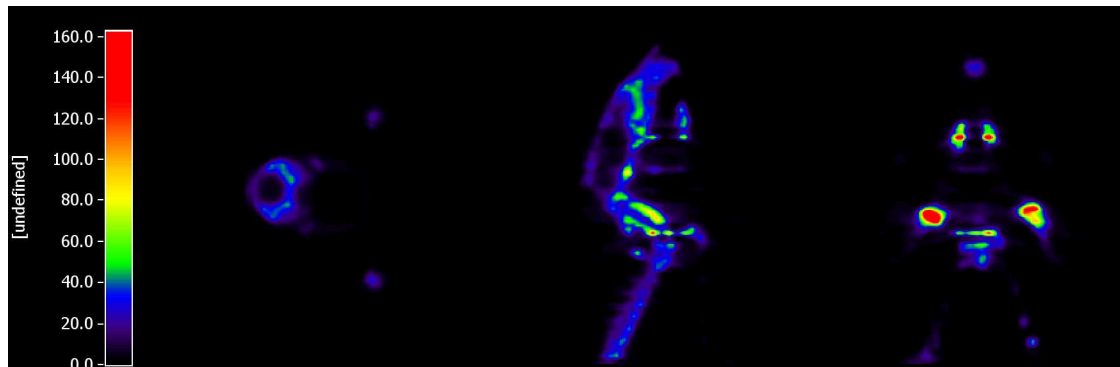
7. Rekonstruktionsbeispiele



(a) List-mode



(b) STIR (Standardparameter)



(c) STIR mit voller Segmentzahl

Abbildung 7.5.: Knochenmessung einer Ratte.

7.3. Knochenmessung einer Ratte

± 47 Segmenten genutzt wird, um ebenfalls alle Ereignisse in die Rekonstruktion mit einzubeziehen. Das Ergebnis ist in Abbildung 7.5c dargestellt. Durch die Einbeziehung aller Segmente ist keinesfalls eine Verbesserung im Rekonstruktionsergebnis zu erzielen, wie bei einer Erhöhung der Statistik erwartet werden könnte. Vielmehr verschlechtert sich die Auflösung wieder. Der Einsatz einer List-mode-Rekonstruktion ist demnach dann besonders sinnvoll, wenn eine hohe Sensitivität erforderlich ist.

8. Diskussion und Ausblick

Das vorgestellte Ray-tracing-Verfahren ermöglicht eine sehr genaue Berechnung und Modellierung der geometrischen Gewichte für die Systemmatrix, dabei werden neben der genauen Detektororientierung und Detektorausdehnung auch Abschwächungseffekte im Detektorblock berücksichtigt. Der vorgestellte Ray-tracing-Ansatz ist dabei leicht auf andere Geometrien übertragbar, da prinzipiell nur die Geometrie der Detektorkristalle mathematisch beschrieben werden muss und eventuell zusätzliche Routinen zur Schnittlängenbestimmung für neue geometrische Formen implementiert werden müssen. Somit ist auch eine Erweiterung des Verfahrens zur Berücksichtigung der Abschwächung im Objekt denkbar. Damit bildet die vorgestellte Implementation ein Rahmenprogramm für die iterative List-mode-Rekonstruktion, dass noch viele Möglichkeiten für zukünftige Erweiterungen lässt.

Die wichtigste noch ausstehende Korrektur, damit das Verfahren artefaktfreie Rekonstruktionsergebnisse liefert, ist die Berücksichtigung und Implementation der Detektoreffizienz. Da das vorgestellte Verfahren bereits die Abschwächung im Detektorblock berücksichtigt, können die in Kapitel 5.1 zitierten Verfahren nicht direkt angewendet werden, da diese in der Regel die Schwächung nicht von den übrigen Effekten der Detektoreffizienz separieren. Hier besteht also noch Entwicklungsbedarf.

Der Schwerpunkt bei der Entwicklung des Rekonstruktionsverfahren lag in der genauen Modellierung des Parallaxeneffektes der Detektorkristalle. Durch eine Simulation konnte gezeigt werden, dass der Effekt recht genau beschrieben wurde. Durch die Kombination des vorgestellten Verfahrens mit der List-mode-Rekonstruktionsmethode wird gezeigt, dass eine wesentliche Verbesserung gegenüber der Rekonstruktion von Projektionen in Bezug auf die räumliche Auflösung erzielt werden kann. Die langen Rechenzeiten des Verfahrens können dabei durch die parallele Implementierung relativiert werden. Allerdings besteht auch hier noch Entwicklungsbedarf bei der Optimierung der Algorithmik des Verfahrens, um die Rechenzeiten weiter zu senken und einen praktischen Einsatz zu ermöglichen.

Der Ansatz der List-mode-Rekonstruktion ist ferner besonders interessant für die hochauflösende Tomographie, da er die Einbeziehung aller Ereignisse in die Rekonstruktion ermöglicht und dadurch die Sensitivität erhöht wird. Damit eignet er sich besonders für Messungen mit niedriger Statistik. In Verbindung mit einem exakten Systemmodell lassen sich somit Ergebnisse erzielen, die qualitativ weit denen der Rekonstruktion auf Sinogrammbasis überlegen sind.

A. GATE Macros

Parameterdatei (.mac) für die Simulation mit GATE.

```
# W O R L D
/gate/world/geometry/setXLength 20. cm
/gate/world/geometry/setYLength 20. cm
/gate/world/geometry/setZLength 20. cm
5 /gate/world/daughters/insert 3axes

# 1. S C A N N E R
/gate/world/daughters/name cylindricalPET
/gate/world/daughters/insert cylinder
10 /gate/cylindricalPET/geometry/setRmax 100. mm
/gate/cylindricalPET/geometry/setRmin 70. mm
/gate/cylindricalPET/geometry/setHeight 10. mm
/gate/cylindricalPET/setMaterial Vacuum

15 # R S E C T O R
/gate/cylindricalPET/daughters/name rsector
/gate/cylindricalPET/daughters/insert box
/gate/rsector/geometry/setXLength 20. mm
/gate/rsector/geometry/setYLength 50. mm
20 /gate/rsector/geometry/setZLength 10. mm
/gate/rsector/placement/setTranslation 80. 0. 0. mm
/gate/rsector/setMaterial Vacuum

# M O D U L E
25 /gate/rsector/daughters/name module
/gate/rsector/daughters/insert box
/gate/module/geometry/setXLength 20. mm
/gate/module/geometry/setYLength 50. mm
/gate/module/geometry/setZLength 10. mm
30 /gate/module/setMaterial Vacuum

# S U B M O D U L E
/gate/module/daughters/name submodule
/gate/module/daughters/insert box
35 /gate/submodule/geometry/setXLength 20. mm
/gate/submodule/geometry/setYLength 50. mm
/gate/submodule/geometry/setZLength 10. mm
/gate/submodule/setMaterial Vacuum
```

A. GATE Macros

```
40 # CRYSTAL
    /gate/submodule/daughters/name crystal
    /gate/submodule/daughters/insert box
    /gate/crystal/geometry/setXLength 20. mm
    /gate/crystal/geometry/setYLength 10. mm
45 /gate/crystal/geometry/setZLength 10. mm
    /gate/crystal/setMaterial Vacuum

# R E P E A T   C R Y S T A L
    /gate/crystal/repeaters/insert cubicArray
50 /gate/crystal/cubicArray/setRepeatNumberX 1
    /gate/crystal/cubicArray/setRepeatNumberY 5
    /gate/crystal/cubicArray/setRepeatNumberZ 1
    /gate/crystal/cubicArray/setRepeatVector 0. 10. 0. mm

55 # L A Y E R   0
    /gate/crystal/daughters/name LSO
    /gate/crystal/daughters/insert box
    /gate/LSO/geometry/setXLength 20. mm
    /gate/LSO/geometry/setYLength 10. mm
60 /gate/LSO/geometry/setZLength 10. mm
    /gate/LSO/setMaterial LSO

# R E P E A T   R S E C T O R
    /gate/rsector/repeaters/insert ring
65 /gate/rsector/ring/setRepeatNumber 2
    /gate/rsector/ring/setAngularSpan 180 deg

# A T T A C H
    /gate/systems/cylindricalPET/rsector/attach rsector
70 /gate/systems/cylindricalPET/module/attach module
    /gate/systems/cylindricalPET/submodule/attach submodule
    /gate/systems/cylindricalPET/crystal/attach crystal
    /gate/systems/cylindricalPET/layer0/attach LSO
    /gate/LSO/attachCrystalSD

75 # 2. P H A N T O M
    /gate/world/daughters/name phantom
    /gate/world/daughters/insert cylinder
    /gate/phantom/geometry/setHeight 30. mm
80 /gate/phantom/geometry/setRmax 70 mm
    /gate/phantom/setMaterial Water

# 3. P H Y S I C S
    /gate/physics/gamma/selectPhotoelectric standard
85 /gate/physics/gamma/selectCompton inactive
    /gate/physics/gamma/selectRayleigh inactive
    /gate/physics/gamma/selectGammaConversion inactive
```

```

# 5. COINCIDENCE SORTER
90 /gate/digitizer/Singles/insert adder
   /gate/digitizer/Singles/insert readout
   /gate/digitizer/Singles/readout/setDepth 3
   /gate/digitizer/Coincidences/setWindow 12. ns
   /gate/digitizer/Coincidences/minSectorDifference 1
95
# 4. INITIALIZE
   /run/initialize
   /geometry/test/recursive_test

100 # 6. SOURCE
    /gate/source/addSource twogamma
    /gate/source/twogamma/setActivity 400000. becquerel
    /gate/source/twogamma/gps/particle backtoback
    /gate/source/twogamma/gps/energytype Mono
105 /gate/source/twogamma/gps/monoenergy 511. keV
    /gate/source/twogamma/gps/type Volume
    /gate/source/twogamma/gps/shape Para
    /gate/source/twogamma/gps/halfz 10. mm
    /gate/source/twogamma/gps/halfy 30. mm
110 /gate/source/twogamma/gps/halfx 65. mm
    /gate/source/twogamma/gps/angtype iso
    /gate/source/twogamma/gps/centre 0. 0. 0. cm
    /gate/source/twogamma/gps/mintheta 86.5 deg
    /gate/source/twogamma/gps/maxtheta 95.5 deg
115 /gate/source/twogamma/gps/minphi -20.0 deg
    /gate/source/twogamma/gps/maxphi 20.0 deg

    /gate/geometry/enableAutoUpdate

120 # 7. OUTPUT
    /gate/output/ascii/setOutFileCoincidencesFlag 1
    /gate/output/root/setSaveRndmFlag 1
    /gate/output/lmf1/disable

125 # RANDOM NUMBERS
    /random/setSavingFlag 1

# 8. START
    /gate/application/setTimeSlice 1. s
130 /gate/application/setTimeStart 0. s
    /gate/application/setTimeStop 20. s
    /gate/application/startDAQ

exit

```

F^{18} -Zylinder als alternative Quelle zur Simulation mit Positronenreichweite (ersetzt Zeile 100-116)

A. GATE Macros

```
100 # S O U R C E
    /gate/source/addSource F18
    /gate/source/F18/setActivity 400000. becquerel
    /gate/source/F18/gps/particle e+
    /gate/source/F18/gps/energytype Fluor18
105 /gate/source/F18/gps/energy 511. keV
    /gate/source/F18/gps/angtype iso
    /gate/source/F18/gps/centre 0. 0. 0. cm
    /gate/source/F18/gps/type Volume
    /gate/source/F18/gps/shape Cylinder
110 /gate/source/F18/gps/halfz 10. mm
    /gate/source/F18/gps/radius 65. mm
```


B. LMF ASCII-Header

Beispiel für eine LMF-ASCII-Header (.cch) des ClearPET™ Neuro. Im ASCII-Header wird vor allem die Scannergeometrie definiert (ab Zeile 32). Zusätzlich werden hier aber auch weitere Parameter zur Messung gespeichert.

```
scan file name: derenzokl_020206-all_coin
scan type: emission
scan date: Feb/02/06
scan start time: 17:37:53
5 detector rotation mode: step&shoot
  bed scan mode: none
  subject identification: none
  tracer identification: none
  isotope identification: none
10 injected dose: 0.682 mCi
  dose injection time: 17:20:00
  injected volume: 0 ml
  subject weight: 0 g
  subject gender: unk
15 subject orientation: unk
  subject temperature: 0 C
  time slice for the count rate record: 1.000 s
  detector rotation: 360 degree
  number of rotations: 4
20 number of angular positions: 360
  detector rotation speed: 200 degree/s
  number of bed positions: 0
  bed axial speed: 0 mm/s
  scan duration: 0 h 24 min 00 sec
25 energy threshold: 0 keV
  axial FOV Trimming: 0
  radial FOV Trimming: 0

  scanner identification: ClearPET Neuro
30 geometrical design type: 1

  ring diameter: 135.7 mm

  rsector axial pitch: 0 cm
35 rsector azimuthal pitch: 18 degree
  z shift rsector 1 mod 2: 9.2 mm
  rsector tangential size: 1.81 cm
```

B. LMF ASCII-Header

```
rsector axial size: 10.09 cm

40 module axial size: 10.09 cm
   module tangential size: 1.81 cm
   module axial pitch: 0.00 cm
   module tangential pitch: 0.00 cm

45 submodule axial size: 1.81 cm
   submodule tangential size: 1.81 cm
   submodule axial pitch: 2.76 cm
   submodule tangential pitch: 0.00 cm

50 crystal axial size: 0.20 cm
   crystal tangential size: 0.20 cm
   crystal radial size: 2.00 cm
   crystal axial pitch: 0.23 cm
   crystal tangential pitch: 0.23 cm

55 layer0 radial size: 1.00 cm
   layer1 radial size: 1.00 cm
   layer0 material: LSO
   layer1 material: LuYAP

60 in layer0 interaction length: 5 mm
   in layer1 interaction length: 5 mm

   angular gantry position: 0
   axial gantry position: 0
65 azimuthal step: 0.1 degree
   axial step: 0 fm
   clock time step: 1 ps
```

Literaturverzeichnis

Agostinelli et al. 2003

AGOSTINELLI, S. ; ALLISON, J. ; AMAKOE, K. ; APOSTOLAKIS, J. ; ARAUJO, H. ; ARCE, P. ; ASAI, M. ; AXEN, D. ; BANERJEE, S. ; BARRAND, G. ; BEHNER, F. ; BELLAGAMBA, L. ; BOUDREAU, J. ; BROGLIA, L. ; BRUNENGO, A. ; BURKHARDT, H. ; CHAUVIE, S. ; CHUMA, J. ; CHYTRACEK, R. ; COOPERMAN, G. ; COSMOAND, G. ; DEGTYARENKO, P. ; DELL'ACQUA, A. ; DEPAOLA, G. ; DIETRICH, D. ; ENAMI, R. ; FELICIELLO, A. ; FERGUSON, C. ; FESEFELDT, H. ; FOLGER, G. ; FOPPIANO, F. ; FORTI, A. ; GARELLI, S. ; GIANI, S. ; GIANNITRAPANI, R. ; GIBIN, D. ; CADENAS, J. J. G. ; GONZÁLEZ, I. ; ABRIL, G. G. ; GREENIAUS, G. ; GREINER, W. ; GRICHINE, V. ; GROSSHEIM, A. ; GUATELLI, S. ; GUMPLINGER, P. ; HAMATSU, R. ; HASHIMOTO, K. ; HASUI, H. ; HEIKKINEN, A. ; HOWARD, A. ; IVANCHENKO, V. ; JOHNSON, A. ; JONES, F. W. ; KALLENBACH, J. ; KANAYA, N. ; KAWABATA, M. ; KAWABATA, Y. ; KAWAGUTI, M. ; KELNER, S. ; KENT, P. ; KIMURA, A. ; KODAMA, T. ; KOKOULIN, R. ; KOSSOV, M. ; KURASHIGE, H. ; LAMANNA, E. ; LAMPÉN, T. ; LARA, V. ; LEFEBURE, V. ; LEI, F. ; LIENDL, M. ; LOCKMAN, W. ; LONGO, F. ; MAGNI, S. ; MAIRE, M. ; MEDERNACH, E. ; MINAMIMOTO, K. ; FREITAS, P. M. ; MORITA, Y. ; MURAKAMI, K. ; NAGAMATU, M. ; NARTALLO, R. ; NIEMINEN, P. ; NISHIMURA, T. ; OHTSUBO, K. ; OKAMURA, M. ; O'NEALE, S. ; OOHATA, Y. ; PAECH, K. ; PERL, J. ; PFEIFFER, A. ; PIA, M. G. ; RANJARD, F. ; RYBIN, A. ; SADILOV, S. ; SALVO, E. D. ; SANTIN, G. ; SASAKI, T. ; SAVVAS, N. ; SAWADA, Y. ; SCHERER, S. ; SEI, S. ; SIROTENKO, V. ; SMITH, D. ; STARKOV, N. ; STOECKER, H. ; SULKIMO, J. ; TAKAHATA, M. ; TANAKA, S. ; TCHERNIAEV, E. ; TEHRANI, E. S. ; TROPEANO, M. ; TRUSCOTT, P. ; UNO, H. ; URBAN, L. ; URBAN, P. ; VERDERI, M. ; WALKDEN, A. ; WANDER, W. ; WEBER, H. ; WELLISCH, J. P. ; WENAU, T. ; WILLIAMS, D. C. ; WRIGHT, D. ; YAMADA, T. ; YOSHIDA, H. ; ZSCHIESCHE, D.: GEANT4 - a simulation toolkit. In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research A* 506 (2003), 250-303. <http://geant4.web.cern.ch/geant4/>

Allison et al. 2006

ALLISON, J. ; AMAKO, K. ; APOSTOLAKIS, J. ; ARAUJO, H. ; DUBOIS, P. A. ; ASAI, M. ; BARRAND, G. ; CAPRA, R. ; CHAUVIE, S. ; CHYTRACEK, R. ; CIRRONE, G. A. P. ; COOPERMAN, G. ; COSMO, G. ; CUTTONE, G. ; DAQUINO, G. G. ; DONSZELMANN, M. ; DRESSEL, M. ; FOLGER, G. ; FOPPIANO, F. ; GENEROWICZ, J. ; GRICHINE, V. ; GUATELLI, S. ; GUMPLINGER, P. ; HEIKKINEN, A. ; HRIVNACOVA, I. ; HOWARD, A. ; INCERTI, S. ; IVANCHENKO, V. ; JOHNSON, T. ; JONES, F. ; KOI, T. ; KOKOULIN, R. ; KOSSOV, M. ; KURASHIGE, H. ; LARA, V. ; LARSSON, S. ; LEI, F. ; LINK, O. ; LONGO, F. ; MAIRE, M. ; MANTERO, A. ; MASCIALINO, B. ; MCLAREN, I. ; LORENZO, P. M.

; MINAMIMOTO, K. ; MURAKAMI, K. ; NIEMINEN, P. ; PANDOLA, L. ; PARLATI, S. ; PERALTA, L. ; PERL, J. ; PFEIFFER, A. ; PIA, M. G. ; RIBON, A. ; RODRIGUES, P. ; RUSSO, G. ; SADILOV, S. ; SANTIN, G. ; SASAKI, T. ; SMITH, D. ; STARKOV, N. ; TANAKA, S. ; TCHERNIAEV, E. ; TOME, B. ; TRINDADE, A. ; TRUSCOTT, P. ; URBAN, L. ; VERDERI, M. ; WALKDEN, A. ; WELLISCH, J. P. ; WILLIAMS, D. C. ; WRIGHT, D. ; YOSHIDA, H.: Geant4 Developments and Applications. In: *IEEE Transactions on Nuclear Science* 53 (2006), S. 270–278

Auffray et al. 2004

AUFFRAY, E. ; BRUYNDONCKX, P. ; DEVROEDE, O. ; FEDOROV, A. ; HEINRICH, U. ; KORJIK, M. ; KRIEGUER, M. ; KUNTNER, C. ; LARTIZIEN, C. ; LECOQ, P. ; LEONARD, S. ; MOREL, C. ; MOSSET, J.-B. ; PEDRINI, C. ; PETROSYAN, A. ; PIETRZYK, U. ; REY, M. ; SALADINO, S. ; SAPPEY-MARINIER, D. ; SIMON, L. ; STREUN, M. ; TAVERNIER, S. ; VIEIRA, J.-M. ; ZIEMONS, K.: The ClearPET project. In: *Nucl. Instr. and Methods A* 527 (2004), S. 171–174

Bai et al. 2002

BAI, B. ; LI, Q. ; HOLDSWORTH, C. H. ; ASMA, E. ; TAI, Y. C. ; CHATZHOANNOU, A. ; LEAHY, R. M.: Model-based normalization for iterative 3D PET image reconstruction. In: *Physics in Medicine and Biology* 47 (2002), S. 2773–2784

Bailey et al. 2005

BAILEY, Dale L. (Hrsg.) ; TOWNSEND, David W. (Hrsg.) ; VALK, Peter E. (Hrsg.) ; MAISEY, Michael N. (Hrsg.): *Positron Emission Tomography*. Springer Verlag, 2005

Barret 1984

BARRET, H. H. ; WOLF, E. (Hrsg.): *The Radon transform and its applications*. Elsevier Science Publishers B.V, 1984

Barrett et al. 1997

BARRETT, Harrison H. ; WHITE, Timothy ; PARRA, Lucas C.: List-mode likelihood. In: *J. Opt. Soc. Am. A* 14 (1997), Nr. 11, S. 2914–2923

Bendriem et al. 1998

BENDRIEM, B. ; TOWNSEND, D. W. ; DEFRISE, M. ; KINAHAN, P. E. ; BAILEY, D. L. ; TOWNSEND, D. W. ; ISOARDI, R. A. ; WIENHARD, K. ; BENDRIEM, Bernhard (Hrsg.) ; TOWNSEND, David W. (Hrsg.): *Developments in Nuclear Medicine*. Bd. 32: *The Theory and Practise of 3D PET*. Dordrecht, Netherlands : Kluwer Academic Publishers, 1998

Böning 2002

BÖNING, Guido: *Verbesserte statistische Bildrekonstruktion für die hochauflösende PET: Bestimmung der Systemmatrix aus Monte Carlo Simulationen, Validierung und Anwendung auf Tiermessungen, sowie Erweiterung für einen Doppellagertomographen*. Deutschland, TU München, Max-Planck-Institut für Physik, Dissertation, 2002

Bracewell 1956

BRACEWELL, R. N.: In: *Australian Journal of Physics* 9 (1956), 198–217 S

Brooks u. Chiro 1976

BROOKS, Rodney A. ; CHIRO, Giovanni D.: Principles of Computer Assisted Tomography (CAT) in Radiographic and Radioisotopic Imaging. In: *Physics in Medicine and Biology* 21 (1976), Nr. 5, S. 689–732

Browne u. Pierro 1996

BROWNE, J. ; PIERRO, A. D.: A row-action alternative to the EM algorithm for maximizing likelihoods in emission tomography. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 15 (1996), S. 687–699

Buzug 2003

BUZUG, Thorsten M.: *Einführung in die Computertomographie: Mathematisch-physikalische Grundlagen der Bildrekonstruktion*. RheinAhrCampus, Remagen : Thorsten M. Buzug, 2003

Carson et al. 2003

CARSON, Richard E. ; BARKER, W. C. ; LIOW, Jehi-San ; JOHNSON, Calvin A.: Design of Motion-Compensation OSEM List-mode Algorithm for Resolution-Recovery Reconstruction for the HRRT. In: *IEEE NSS & MIC*, 2003

Cheung u. Lewitt 1991

CHEUNG, W. K. ; LEWITT, R. M.: Modified Fourier reconstruction method using shifted transform samples. In: *Physics in Medicine and Biology* 36 (1991), S. 269 – 277

Colsher 1980

COLSHER, James G.: Fully three-dimensional positron emission tomography. In: *Physics in Medicine and Biology* 25 (1980), Nr. 1, S. 103–115

Daube-Witherspoon u. Muehllehner 1987

DAUBE-WITHERSPOON, Margaret E. ; MUEHLLEHNER, Gerd: Treatment of Axial Data in Three-Dimensional PET. In: *Journal of Nuclear Medicine* 28 (1987), S. 1717 – 1724

Defrise et al. 1991a

DEFRISE, M. ; TOWNSEND, D. ; CLARK, R.: Favor: a fast reconstruction algorithm for volume imaging in PET. In: *Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference, Conference Record, IEEE* 3 (1991), S. 1919–1923

Defrise et al. 1991b

DEFRISE, M. ; TOWNSEND, D. W. ; BAILEY, D. ; GEISSBUHLER, A. ; MICHEL, C. ; JONES, T.: A normalization technique for 3D PET data. In: *Physics in Medicine and Biology* 36 (1991), S. 939–952

Defrise et al. 1989

DEFRISE, M. ; TOWNSEND, D. W. ; CLARK, R.: Three-dimensional image reconstruction from complete projections. In: *Physics in Medicine and Biology* 34 (1989), S. 573–587

Defrise u. Kinahan 1998

Kapitel 2. Data Acquisition and Image Reconstruction. In: DEFRISE, Michael ; KINAHAN, Paul E.: *Theory and Practise of 3D PET*. Kluwer Academic Publishers, 1998, S. 11–53

Defrise et al. 1997

DEFRISE, Michel ; KINAHAN, P.E. ; TOWNSEND, D.W. ; MICHEL, C. ; SIBOMANA, M. ; NEWPORT, D.F.: Exact and Approximate Rebinning Algorithms for 3-D PET Data. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 16 (1997), Nr. 2, S. 145–158

Dempster et al. 1977

DEMPSTER, A. P. ; LAIRD, N. M. ; RUBIN, D. B.: Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. In: *Journal of the Royal Statistical Society B* 39 (1977), S. 1–38

Dokhale et al. 2004

DOKHALE, P. A. ; SILVERMAN, R. W. ; SHAH, K. S. ; GRAZIOSO, R. ; FARRELL, R. ; GLODO, J. ; MCCLISH, M. A. ; ENTINE, G. ; TRAN, V.-H. ; CHERRY, S. R.: Performance measurements of a depth-encoding PET detector module based on position-sensitive avalanche photodiode read-out. In: *Physics in Medicine and Biology* 49 (2004), S. 4293–4304

Fessler u. Hero 1994

FESSLER, J. ; HERO, A. O.: Space-alternating generalized expectation-maximization algorithm. In: *IEEE Transaction of Signal Processing* 42 (1994), S. 2664–2677

Fessler 1994

FESSLER, J. A.: Penalized weighted least squares image reconstruction for positron emission tomography. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 13 (1994), Nr. 2, S. 290–300

Gilbert 1972

GILBERT, P.: Iterative Methods for the Three-dimensional Reconstruction of an Object from Projections. In: *Journal of Theoretical Biology*, 36 (1972), S. 105–117

Goitein

GOITEIN, M.: Three-Dimensional density reconstruction from a series of two-dimensional projections. In: *Nucl. Instr. Meth.* 101, S. 506–518

Golub u. van Loan 1996

GOLUB, G. H. ; LOAN, C. F.: *Matrix Computations*. 3. Johns Hopkins University Press, 1996

Gordon et al. 1970

GORDON, R. ; BENDER, R. ; HERMAN, G. T.: Algebraic Reconstruction Techniques (ART) for Three-dimensional Electron Microscopy and X-ray Photography. In: *Journal of Theoretical Biology* 29 (1970), S. 471–481

Gundlich et al. 2005

GUNDLICH, Brigitte ; WEBER, Simone ; OEHLER, May: Compensation Strategies for PET Scanners with Unconventional Scanner Geometry. In: *IEEE Nuclear Science Symposium, Conference Record* 5 (2005), S. 2524–2528

Heinrichs 2003

HEINRICHS, Uwe: *Auslegung des Detektorsystems für einen hochauflösenden Positronen-Emissions-Tomographen mit hoher Sensitivität.* Gordon, Universität Lübeck, Diss., 2003

Herman 1980

HERMAN, G. T.: *Image Reconstruction from Projections - The Fundamentals of Computerized Tomography.* Academic Press, 1980

Herman u. Meyer 1993

HERMAN, Gabor T. ; MEYER, Lorraine B.: Algebraic Reconstruction Techniques Can Be Made Computationally Efficient. In: *IEEE Transactions on Nuclear Science* 12 (1993), S. 600–609

Hoffmann et al. 1989

HOFFMANN, E. J. ; GUERRERO, T. M. ; GERMANO, G. ; DIGBY, W. M. ; DAHLBOM, M.: PET system calibration and correction factors for quantitative and spatially accurate images. In: *IEEE Transaction on Nuclear Science* 36 (1989), S. 1108–1112

Holmes 1994

HOLMES, Andrew P.: *Statistical Issues in Functional Brain Mapping,* University of Glasgow, Department of Statistics, Dissertation, 1994

Hsiao et al. 2002

HSIAO, Ing-Tsung ; RANGARAJAN, Anand ; GINDI, Gene: A Provably Convergent OS-EM Like Reconstruction Algorithm for Emissions Tomography. In: SONKA, Milan (Hrsg.) ; FITZPATRICK, J. M. (Hrsg.): *Medical Imaging 2002: Image Processing* Bd. 4684 Proceedings of the Society of Photo-Optical Instrumentation Engineers, 2002, S. 10–19

Hudson u. Larkin 1994

HUDSON, H. M. ; LARKIN, R. S.: Accelerated image reconstruction using ordered subsets of projection data. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 13 (1994), Nr. 4, S. 601–609

Jacobs et al. 1998

JACOBS, Filip ; SUNDERMANN, Erik ; SUTTER, Björn De ; CHRISTIAENS, Mark ; LE-MAHIEU, Ignace: A Fast Algorithm to Calculate the Exact Radiological Path through

a Pixel or Voxel Space. In: *Journal of Computing and Information Technology* CIT 6 (1998), S. 89–94

Jan et al. 2004

JAN, S. ; SANTIN, G. ; AL., D. S.: GATE: a simulation toolkit for PET and SPECT. In: *Physics in Medicine and Biology* 49 (2004), S. 4543–4561

Jan et al. 2005

JAN, S. ; SANTIN, G. ; STRUL, D. ; STAELENS, S. ; ASSIÉ, K. ; AUTRET, D. ; AVNER, S. ; BARBIER, R. ; BARDIÈS, M. ; BLOOMFIELD, P. M. ; BRASSE, D. ; BRETON, V. ; BRUYNDONCKX, P. ; BUVAT, I. ; CHATZIOANNOU, A. F. ; CHOI, Y. ; CHUNG, Y. H. ; COMTAT, C. ; DONNARIEIX, D. ; FERRER, L. ; GLICK, S. J. ; GROISELLE, C. J. ; GUEZ, D. ; HONORE, P.-F. ; KERHOAS-CAVATA, S. ; KIROV, A. S. ; KOHLI, V. ; KOOLE, M. ; KRIEGUER, M. ; LAAN, D. J. d. ; LAMARE, F. ; LARGERON, G. ; LARTIZIEN, C. ; LAZARO, D. ; MAAS, M. C. ; MAIGNE, L. ; MAYET, F. ; MELOT, F. ; MERHEB, C. ; PENNACCHIO, E. ; PEREZ, J. ; PIETRZYK, U. ; RANNOU, F. R. ; REY, M. ; SCHAART, D. R. ; SCHMIDTLEIN, C. R. ; SIMON, L. ; SONG, T. Y. ; VIEIRA, J.-M. ; VISVIKIS, D. ; WALLE, R. V. ; WIEËRS, E. ; MOREL, C.: *GATE Users Guide*. OpenGATE, 2005. <http://opengatecollaboration.healthgrid.org/>

Jeavons et al. 1999

JEAVONS, A. P. ; CHANDLER, R. A. ; DETTMAR, C. A. R.: A 3D HIDAC-PET Camera with Sub-millimetre Resolution for Imaging Small Animals. In: *IEEE Transactions on Nuclear Science* 46 (1999), S. 468–473

Kak u. Slaney 1988

KAK, A. C. ; SLANEY, M.: *Principles of Computerized Tomographic Imaging*. IEEE Press, 1988

Karuta u. Lecomte 1992

KARUTA, Bonaventure ; LECOMTE, Roger: Effect of Detektor Weighting Functions on the Point Spread Function of High-Resolution PET Tomographs: A Simulation Study. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 11 (1992), S. 379–385

Kehren 2001

KEHREN, Frank: *Vollständige iterative Rekonstruktion von dreidimensionalen Positronen-Emissions-Tomogrammen unter Einsatz einer speicherresidenten Systemmatrix auf Single- und Multiprozessor-Systemen*. Deutschland, RWTH Aachen, Forschungszentrum Jülich GmbH, Dissertation, 2001

Khurd u. Gindi 2003

KHURD, P. K. ; GINDI, G. R.: A Globally Convergent Ordered-Subset Algorithm for List-mode Reconstruction. In: *IEEE NSS & MIC Conference Record* (2003). – Portland

Kinahan u. Karp 1994

KINAHAN, Paul E. ; KARP, Joel S.: Figures of merit for comparing reconstruction

algorithms with a volume-imaging PET scanner. In: *Physics in Medicine and Biology* 39 (1994), S. 631–642

Kinahan u. Rogers 1989

KINAHAN, P.E. ; ROGERS, J.G.: Analytic 3D image reconstruction using all detected events. In: *IEEE Transactions on Nuclear Science* 36 (1989), Nr. 1, S. 964–968

Klein u. Nishina 1929

KLEIN, O. ; NISHINA, Y.: Über die Streuung von Strahlen durch freie Elektronen nach der neuen relativistischen Quantendynamik von Dirac. In: *Zeitschrift für Physik* 52 (1929), S. 853–868

Knoll 1989

KNOLL, Glenn F.: *Radiation Detection and Measurement*. John Wiley & Sons, 1989

Krieger et al. 2002

KRIEGER, Magalie ; SIMON, Luc ; MOREL, Christian: The ClearPET Project: List Mode Format Implementation / IIHE/VUB IPHE/UNIL. 2002. – Forschungsbericht

Labbe et al. 1999

LABBE, C. ; THIELEMANS, K. ; BELLUZZO, D. ; BETTINARDI, V. ; GILARDI, M. C. ; HAGUE, D. S. ; JACOBSEN, M. ; KAISER, S. ; LEVKOVITZ, R. ; MARGALIT, T. ; MITRA, G. ; MOREL, C. ; SPINKS, T. ; VALENTE, P. ; ZAIDI, H. ; ZVEROVICH, A.: An Object-Oriented Library for 3D PET Reconstruction using Parallel Computing. In: EVERS, H. (Hrsg.) ; GLOMBITZA, G. (Hrsg.) ; LEHMANN, T. (Hrsg.) ; MEINZER, H.-P. (Hrsg.): *Conference Proceedings of Image Processing in Medicine*. Heidelberg, Deutschland : Springer Verlag, 4-5 März 1999 (Informatik aktuell), S. 268–272

Lawrence 1934

LAWRENCE, Ernest O.: *U.S. Patent 1948384: Method and apparatus for the acceleration of ions*. 1934

Leahy u. Byrne 2000

LEAHY, Richard ; BYRNE, Charles: Editorial - Recent Developments in Iterative Image Reconstruction for PET and SPECT. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 19 (2000), Nr. 4, S. 257–260

Leahy u. Qi 2000

LEAHY, Richard M. ; QI, Jinyi: Statistical approaches in quantitative positron emission tomography. In: *Statistics and Computing* 10 (2000), S. 147–165

Lecomte et al. 1984

LECOMTE, R. ; SCHMITT, D. ; LAMOUREUX, G.: Geometry Study of a High Resolution PET Detection System Using Small Detectors. In: *IEEE Transaction on Nuclear Science* NS-31 (1984), S. 556–561

Levin u. Hoffman 1999

LEVIN, Craig S. ; HOFFMAN, Edward J.: Calculation of positron range and its effect on the fundamental limit of positron emission tomography system spatial resolution. In: *Physics in Medicine and Biology* 44 (1999), S. 781–799

Lewitt 1992

LEWITT, R. M.: Alternatives to voxels for image representation in iterative reconstruction algorithms. In: *Phys. Med. Biol.* 37 (1992), S. 705–716

Lewitt et al. 1994

LEWITT, Robert M. ; MUEHLEHNER, Gerd ; KARP, Joel: Three-dimensional reconstruction for PET by multi-slice rebinning and axial image filtering. In: *Physics in Medicine and Biology* 39 (1994), S. 321 – 339

Lipinski 1995

LIPINSKI, Bernadette: *Rekonstruktion von PET-Bildern unter Einbeziehung anatomischer Informationen*, Rheinisch-Westfälische Technische Hochschule Aachen, Diss., 1995

López 2001

LÓPEZ, María Magdalena R.: *High Resolution Animal PET with Granulated Detectors: Pre-reconstruction Processing and Evaluation of Novel Design Options*. Deutschland, Spanien, TU München, Universitat de València, Dissertation, 2001

Magnussen 1993

MAGNUSSEN, M.: *Linogram and Other Direct Fourier Methods for Tomographic Reconstruction*, Linköping University, Department of Electrical Engineering, Dissertation, 1993

Matej u. Lewitt 2001

MATEJ, S. ; LEWITT, R. M.: 3D-FBP: Direct Fourier reconstruction with Fourier reprojection for fully 3D PET. In: *IEEE Transactions on Nuclear Science* 48 (2001), S. 1378–1385

Matej et al. 1998

MATEJ, Samuel ; KARP, Joel S. ; LEWITT, Robert M. ; BECHER, Amir J.: Performance of the Fourier rebinning algorithm for PET with large acceptance angles. In: *Physics in Medicine and Biology* 43 (1998), S. 787–795

Missimer et al. 2004

MISSIMER, John ; MADI, Zoltan ; HONER, Micheal ; KELLER, Claudia ; SCHUBIGER, August ; AMENTAMEY, Simon-Mensah: Performance evaluation of the 16-module quad-HIDAC small animal PET camera. In: *Physics in Medicine and Biology* 49 (2004), S. 2069–2081

Mumcuoğlu et al. 1996a

MUMCUOĞLU, E. ; LEAHY, R. M. ; CHERRY, S. R. ; HOFFMAN, E.: Accurate geometric and physical response modelling for statistical image reconstruction in high

resolution PET. In: *Nuclear Science Symposium, Conference Record, IEEE* 3 (1996), S. 1569–73

Mumcuoğlu et al. 1996b

MUMCUOĞLU, E. ; LEAHY, Richard M. ; CHERRY, Simon R.: Bayesian reconstruction of PET images: methodology and performance analysis. In: *Physics in Medicine and Biology* 41 (1996), S. 1777–1807

Mumcuoğlu et al. 1994

MUMCUOĞLU, Erkan ; LEAHY, Richard ; CHERRY, Simon R. ; ZHOU, Zhenyu: Fast Gradient-Based Methods for Bayesian Reconstruction of Transmission and Emission PET Images. In: *IEEE Transaction on Medical Imaging* 13 (1994), S. 687–701

Natterer 2001

NATTERER, F.: The Mathematics of Computerized Tomography. In: *Classics in Applied Mathematics, SIAM* Bd. 32. New York : IEEE Press, 2001

Nichols et al. 2002

NICHOLS, Thomas E. ; QI, Jinyi ; ASMA, Evren ; LEAHY, Richard M.: Spatiotemporal Reconstruction of List-Mode PET Data. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 21 (2002), S. 396–404

O’Sullivan 1985

O’SULLIVAN, J. D.: A fast sinc function gridding algorithm for Fourier inversion in computer tomography. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* MI-4 (1985), S. 200 – 207

Phelps 2004

PHELPS, Michael E.: *PET: Molecular Imaging and Its Biological Applications*. New York, Berlin, Heidelberg : Springer Verlag, 2004

Pichler et al. 2004

PICHLER, B. J. ; SWANN, B. K. ; ROCHELLE, J. ; NUTT, R. E. ; CHERRY, S. R. ; SIEGEL, S. B.: Lutetium oxyorthosilicate block detector readout by avalanche photodiode arrays for high resolution animal PET. In: *Physics in Medicine and Biology* 49 (2004), S. 4305–4319

Pietrzyk 1997

PIETRZYK, Uwe: *Positron Emission Tomography - Physical Background and Applications*, Bergische Universität-Gesamthochschule Wuppertal, Fachbereich Physik, Habilitationsschrift, 1997

Qi u. Leahy 2006

QI, Jinyi ; LEAHY, Richard M.: Iterative reconstruction techniques in emission computed tomography. In: *Physics in Medicine and Biology* 51 (2006), S. R541–R578

Qi et al. 1998

QI, Jinyi ; LEAHY, Richard M. ; CHERRY, Simon R. ; CHATZIOANNOU, Arion ; FARQUHAR, Thomas H.: High-resolution 3D Bayesian image reconstruction using the microPET small-animal scanner. In: *Physics in Medicine and Biology* 43 (1998), S. 1001–1013

Radon 1917

RADON, Johann: Über die Bestimmung von Funktionen durch ihre Integralwerte längs gewisser Mannigfaltigkeiten. In: *Berichte der Sächsischen Akademie der Wissenschaften, Leipzig* 29 (1917), Nr. 69, S. 262–279

Rahmin et al. 2003

RAHMIN, A. ; BLOOMFIELD, P. ; HOULE, S. ; LENOX, S. ; MICHEL, C. ; SOSSI, V.: Motion Correction in Histogram-Mode and List-Mode EM Reconstructions. In: *IEEE NSS & MIC Conference*. Portland, 2003

Rahmin et al. 2004

RAHMIN, A. ; READER, M. Lenox A. J. ; MICHEL, C. ; BURBAR, Z. ; RUTH, T. J. ; SOSSI, V.: Statistical list-mode image reconstruction for the high resolution research tomograph. In: *Physics in Medicine and Biology* 49 (2004), S. 4239–4258

Rahmin et al. 2005

RAHMIN, Arman ; CHIEH CHENG ju ; BLINDER, Stephan ; CAMBORDE, Maurie-Laure ; SOSSI, Vesna: Statistical dynamic image reconstruction in state-of-the-art high-resolution PET. In: *Physics in Medicine and Biology* 50 (2005), S. 4887–4912

Reader et al. 1998a

READER, A.J. ; ERLANDSSON, K. ; FLOWER, M.A. ; OTT, R.J.: Fast Accurate Iterative Three-Dimensional Bayesian Reconstruction for Low-Statistics. In: *IEEE Transactions on Nuclear Science* 45 (1998), S. 1090–1095

Reader et al. 2001

READER, Andrew J. ; ALLY, Stijn ; BAKATSELOS, Filippos ; MANAVAKI, Roido ; WALLEGE, Richard J. ; JEAUVONS, Alan P. ; JULYAN, Peter J. ; ZHAO, Sha ; HASTINGS, David L. ; ZWEIT, Jamal: Regularized one-pass list-mode EM algorithm for high resolution 3D PET image reconstruction into large arrays. In: *Nuclear Science Symposium, Conference Record, IEEE* 4 (2001), S. 1853 – 1858

Reader et al. 2002

READER, Andrew J. ; ALLY, Stijn ; BAKATSELOS, Filippos ; MANAVAKI, Roido ; WALLEGE, Richard J. ; JEAUVONS, Alan P. ; JULYAN, Peter J. ; ZHAO, Sha ; HASTINGS, David L. ; ZWEIT, Jamal: One-pass list-mode EM algorithm for high-resolution 3-D PET image reconstruction into large arrays. In: *IEEE Transactions on Nuclear Science* 49 (2002), S. 693 – 699

Reader et al. 1998b

READER, Andrew J. ; ERLANDSSON, K. ; FLOWER, M. A. ; OTT, R. J.: Fast accurate

iterative reconstruction for low-statistics positron volume imaging. In: *Physics in Medicine and Biology* 43 (1998), S. 835–846

Sauge et al.

SAUGE ; LABBE ; MOREL ; JACOBSON ; ZVEROVICH ; THILEMANS: *STIR: Software for Tomographic Image Reconstruction*, <http://stir.hammersmithimanet.com>

Scheins et al. 2004

SCHEINS, J. J. ; HERZOG, H. ; BOSCHEN, H.: Analytical volume calculation of voxel fragments for iterative, fully 3D PET reconstruction. In: *IEEE Nuclear Science Symposium Conference Record* Bd. M2-169, 2004

Schmidlin et al. 1994

SCHMIDLIN, P. ; BELLMANN, M. E. ; DOLL, J.: Iterative PET-Bildrekonstruktion: Einfluss der Projektionsmethode auf das Rauschen. In: *Nuklear Medizin* 33:A78 (1994)

Schmitt et al. 1988

SCHMITT, D. ; KARUTA, B. ; CARRIER, C. ; LECOMTE, R.: Fast Point Spread Function Computation from Aperture Functions in High-Resolution Positron Emission Tomography. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 7 (1988), S. 2–12

Schomberg u. Timmer 1995

SCHOMBERG, H. ; TIMMER, J.: The gridding method for image reconstruction by Fourier transformation. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* 14 (1995), S. 596 – 607

Shepp u. Vardi 1982

SHEPP, L. A. ; VARDI, Y.: Maximum Likelihood Reconstruction for Emission Tomography. In: *IEEE Transactions on Medical Imaging* MI-1 (1982), Nr. 2, S. 113–122

Shepp u. Vardi 1985

SHEPP, L. A. ; VARDI, Y.: A Statistical model for Positron Emission Tomography. In: *J. Amer. Stat. Assoc.* 80 (1985), Nr. 389, S. 8–20

Siddon 1985

SIDDON, R. L.: Fast calculation of the exact radiological path for a three-dimensional CT array. In: *Physics in Medicine and Biology* 43 (1985), S. 252–255

Snyder u. Politte 1983

SNYDER, D. L. ; POLITTE, D. G.: Image reconstruction with list-mode data in an emission tomography system time-of-flight measurements. In: *IEEE Transaction on Nuclear Science* 20 (1983), S. 1843–1849

Stearns et al. 1990

STEARNS, C. W. ; CHESLER, D. A. ; BROWNELL, G. L.: Accelerated image reconstruction for cylindrical positron tomograph using Fourier domain methods. In: *IEEE Transactions on Nuclear Science* 37 (1990), S. 773–777

Streun et al. 2003

STREUN, M. ; BRANDENBURG, G. ; BÖCKEL, M. ; FUSS, L. ; LARUE, H. ; PARL, C. ; ZIMMERMANN, E. ; ZIEMONS, K. ; HALLING, H.: The ClearPET™ Data Acquisition. In: *IEEE NSS MIC Conference Record*. Portland, 2003

Struhl et al. 2003

STRUHL, D. ; SANTIN, G. ; LAZARO, D. ; BRETON, V. ; MOREL, C.: GATE (Geant4 Application for Tomographic Emission): a PET/SPECT general-purpose simulation platform. In: *Nucl. Phys. B (Proc. Suppl.)* 125C (2003), 75-79. <http://www-lphe.epfl.ch/~PET/research/gate>

Strul et al. 2003

STRUL, D ; SLATES, R. B. ; DAHLBOM, M. ; CHERRY, S. R. ; MARSDEN, P K.: An improved analytical detector response function model for multilayer small-diameter PET scanners. In: *Physics in Medicine and Biology* 48 (2003), S. 979–994

Terstegge et al. 1996

TERSTEGGE, A. ; WEBER, S. ; HERZOG, H. ; MULLER-GARTNER, H. W. ; HALLING, H.: High resolution and better quantification by tube of response modelling in 3D PET reconstruction. In: *Proc. IEEE Nuclear Science Symposium and Medical Imaging Conference*. Anaheim, 1996, S. 1603–1607

Terstegge 1997

TERSTEGGE, Andreas: *Entwicklung eines hochauflösenden Positronen-Emissions-Tomographen mit kleinem Meßvolumen - Datenakquisition und Rekonstruktion*. Deutschland, RWTH Aachen, Dissertation, 1997

Toft 1996

TOFT, P.: *The Radon Transformation - Theory and Implementation*, Department of Mathematical Modelling, Section for Digital Signal Processing, Technical University of Denmark, Dissertation, 1996

Townsend u. Defrise 1993

TOWNSEND, Dawid W. ; DEFRISE, Michel: Image Reconstruction Methods in Positron Tomography / CERN European Organization for Nuclear Research. Division de Medecine Nucleaire, Hopital Cantonal Universitaire de Geneve, Geneva, Switzerland, 1993 (2). – Lectures

Zaidi 1999

ZAIDI, H.: Relevance of accurate Monte Carlo modeling in nuclear medical imaging. In: *Med. Phys.* 26 (1999), S. 574–608. – Description of Monte Carlo codes used in Nuclear Medicine. Why the name Monte Carlo.

Zhao u. Reader 2002

ZHAO, Huaxia ; READER, Andrew J.: Fast Projection Algorithm for Voxel Arrays with Object Dependent Boundaries. In: *Nuclear Science Symposium, Conference Record, IEEE* 3 (2002), S. 1490 – 1494

Zhao u. Reader 2003

ZHAO, Huaxia ; READER, Andrew J.: Fast ray-tracing technique to calculate line integral paths in voxel arrays. In: *Nuclear Science Symposium, Conference Record, IEEE* 4 (2003), S. 2808 – 2812

Ziegler u. Kuebler 1993

ZIEGLER, S. I. ; KUEBLER, W. K.: Monte Carlo simulation of the scatter component in small animal volume-imaging devices. In: *Zeitschrift für Medizinische Physik* 3 (1993), S. 83–87

Ziegler et al. 2001

ZIEGLER, Sibylle I. ; PICHLER, Bernd J. ; BÖNING, Guido ; RAFECAS, Magdalena ; PIMPL, Wendelin ; LORENZ, Eckart ; SCHMITZ, Norbert ; SCHWAIGER, Markus: A prototype high-resolution animal positron tomograph with avalanche photodiode arrays and LSO crystals. In: *European Journal of nuclear Medicine* 28 (2001), S. 136–143

Ziemons et al. 2005

ZIEMONS, K. ; AUFRAY, E. ; BARBIER, R. ; BRANDENBURG, G. ; BRUYNDONCKX, P. ; CHOI, Y. ; CHRIST, D. ; COSTES, N. ; DECLAIS, Y. ; DEVROEDE, O. ; DUJARDIN, C. ; FEDOROV, A. ; HEINRICH, U. ; KORJIK, M. ; KRIEGUER, M. ; KUNTNER, C. ; LARGERON, G. ; LARTIZIEN, C. ; LARUE, H. ; LECOQ, P. ; LEONARD, S. ; MARTEAU, J. ; MOREL, Ch. ; MOSSET, J.B. ; PARL, Ch. ; PEDRINI, Ch. ; PETROSYAN, A.G. ; PIETRZYK, U. ; REY, M. ; SALADINO, S. ; SAPPEY-MARINIER, D. ; SIMON, L. ; STREUN, M. ; TAVERNIER, S. ; VIEIRA, J.M.: The ClearPETTM project: development of a 2nd generation high-performance small animal PET scann. In: *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research A* 537 (2005), S. 307–311

Ziemons 1992

ZIEMONS, Karl: *Optimierung der bildaufklärung eines Positronen-Emissions-Tomographen*, RWTH Aachen, mathematisch-naturwissenschaftliche Fakultät, Diss., 1992

Abbildungsverzeichnis

2.1. Schematischer Aufbau und Funktionsweise eines Zyklotrons aus dem Patent von Lawrence (1934). Das Zyklotron besteht prinzipiell aus zwei D-förmigen Elektroden (1, 2), den sogenannten Dees, die zwischen den Polen eines großen Magneten (3) eingebaut sind. Das äußere Magnetfeld zwingt dabei geladene Teilchen durch die Lorentzkraft auf eine Kreisbahn. An den Dees liegt nun eine hochfrequente Wechselspannung (4, e) an, so dass die geladene Teilchen in einem Spalt zwischen den Dees beschleunigt werden. Durch die zunehmende kinetische Energie bewegen sich die Teilchen dann spiralförmig nach außen.	12
2.2. β^+ -Zerfall am Beispiel von ${}^9_{18}F$ und anschließende Annihilation des Positrons (blau) mit einem Elektron (grün). Die entstanden γ -Quanten haben jeweils eine Energie von $511keV$	13
2.3. Prinzip einer PET Messung (Kehren 2001).	15
2.4. Relative Bedeutung der Wechselwirkungen zwischen Photonen und Materie als Funktion der Kernladungszahl der Materie und der Energie des Photons (Knoll 1989). Entlang der (dunklen) Linien sind die entsprechenden Effekte gleich wahrscheinlich. Die senkrechte Linie bei $551 keV$ markiert die Energie der Gammaquanten bei der PET.	16
2.5. Beim Photoeffekt überträgt das Photon seine gesamte Energie auf das Elektron.	17
2.6. Compton-Streuung eines Photons als Folge eines inelastischen Stoßes mit einem Elektron.	18
2.7. Wirkungsquerschnitt in Abhängigkeit vom Streuwinkel θ (Knoll 1989).	19
2.8. Schematisches Energiespektrum eines Szintillators. Der Photoeffekt erzeugt eine scharfe Spitze im Energiespektrum, während die Energie der Compton-gestreuten Ereignisse kontinuierlich ist.	21
2.9. Beispiele für verschiedene Designs von PET-Detektoren. Beim Blockdetektor a) wird die Ortsinformation durch eine Schwerpunktsbildung der Lichtverteilung in den darunterliegenden PMTs gewonnen. Mit der Phoswich-Bauweise b) erhält man zusätzlich Informationen über die Tiefe der Wechselwirkung. Alternativ lassen sich die Detektorkristalle auch direkt auf einen ortsempfindlichen PMT koppeln c).	22
2.10. Verschiedene Möglichkeiten der Koinzidenzbildung und des Koinzidenzverlustes: a) wahre Koinzidenz, b) gestreute Koinzidenz, c) zufällige Koinzidenz und d) verlorene Koinzidenzen.	23

2.11. Zweidimensionale Projektion eines dreidimensionalen Objektes. Die zweidimensionale Projektionsfläche ist definiert als Satz aller paralleler Linienintegrale mit dem azimuthalen Winkel ϕ und dem co-polarem Winkel θ relativ zu den Objektkoordinaten (Defrise u. Kinahan 1998).	25
2.12. Sinogramm von zwei ausgedehnten Punktquellen. Der Name Sinogramm hat seinen Ursprung daher, dass sich eine Punktquelle hierin als sinusoidale Spur abzeichnet.	27
2.13. Parametrisierung einer LOR durch die Ringdifferenz δ und die mittlere axiale Koordinate z für das Sinogrammformat (Defrise u. Kinahan 1998).	27
2.14. Zusammenhang zwischen Projektionen und Sinogrammen.	28
2.15. Beispiel für den Auflösungsverlust durch Interpolation. Links kann der LOR genau ein Matrixelement (Bin) zugeordnet werden. Rechts ist auf Grund der Detektorneigung die LOR verbreitert, so dass sie sich auf drei Bins verteilt, die zusammen allerdings wieder breiter als die wahre LOR sind. In den Randbereichen der beiden äußeren Bins wird also Aktivität suggeriert, die nicht vorhanden ist.	29
3.1. Technischer Aufbau des ClearPET TM Neuro (ohne Vorderwandverkleidung).	33
3.2. Schematischer Aufbau eines Detektorblocks (a) und Anordnung in einer Detektorkassette (b) beim ClearPET TM Neuro. Die einzelnen Kristalle sind $2 \times 2 \times 10$ mm groß.	33
3.3. Schematischer Aufbau des ClearPET TM Neuro. Der gesamte Detektorring besteht insgesamt aus 20 Detektorkassetten, wobei jede zweite Kassette um $9,2$ mm versetzt ist.	34
4.1. Unterscheidung der analytische Rekonstruktionsmethoden nach zwei- und dreidimensionalen Methoden. Die Rebinning-Methoden stellen den Zusammenhang zwischen zwei- und dreidimensionalen Methoden her.	38
4.2. Iterative Rekonstruktionsmethoden als Stellvertreter der algebraischen Methoden. Für die (medizinische) tomographische Bildrekonstruktion sind vor allem die statistischen Methoden relevant.	38
4.3. Zusammenhang zwischen den Objekt- (x, y) und den Projektionskoordinaten (x_r, y_r) . Die Integration verläuft entlang der gestrichelten Linie, die durch ihren Winkel ϕ zur x -Achse und ihrem Abstand x_r zum Ursprung definiert ist.	41
4.4. Veranschaulichung des Fourierscheibentheorems.	42
4.5. Rückprojektion der Aktivitätsverteilung in das Objekt. Ohne die Filterung (a) bildet sich durch konstruktive Überlagerung der Projektionen außerhalb der Aktivitätsquelle das so genannte ein Sternartefakt. Durch die Filterung (b) kommt es zu negativen Beiträgen an den Aktivitätsrändern, die sich mit den positiven destruktiv überlagern (Holmes 1994).	44
4.6. Gebräuchliche Filter ($k_{lim} = 1$) für die gefilterte Rückprojektion.	46
4.7. Beschneidung der Projektionen $p(x_r, y_r, \phi, \theta)$ mit zunehmenden co-polarem Winkel θ aufgrund der axial begrenzten, zylindrischen Scannergeometrie.	48

4.8.	Zweidimensionale Projektionen (a) und ihre Lage im Fourierraum (b). Die direkten Projektionen ($\theta = 0$) bilden sich im Fourierraum als um die z-Achse rotierte Ebenen ab, aus denen das Objekt bereits auf die Z-Ebene bezogen schichtweise rekonstruiert werden kann. Die schrägen Projektionen liegen windschief im Fourierraum und liefern redundante Frequenzinformationen an den Schnittstellen.	49
4.9.	Verteilung der Aktivität einer schrägen LOR auf die direkten Schichten beim SSR (dunkel schattiert) und MSR (hell schattiert).	51
4.10.	Einteilung des Frequenzraumes beim Fourier-Rebinning.	53
4.11.	Ein Element a_{ij} der Systemmatrix enthält den Beitrag eines Voxels i zu einer LOR j . Eine Zeile der Systemmatrix enthält die Beiträge eines jeden Voxels zu einer LOR j	55
4.12.	Prinzip der iterativen Methoden: für ein vorgegebenes Objekt wird der theoretische Messwert berechnet und mit dem tatsächlichen verglichen. Aus dem Unterschied werden Korrekturfaktoren bestimmt, die letztendlich wieder auf das Objekt angewendet werden.	57
4.13.	Ablauf der ML-EM Reconstruction.	63
4.14.	ML-EM Rekonstruktion (b) eines mathematischen Shepp-Logan-Phantoms (a). Mit zunehmender Iteration nehmen die hochfrequenten Anteile im Bild zu, so dass die Objektkonturen immer besser hervortreten. Bei höheren Iterationen (hier ca. bei 45) beginnt das Objekt langsam zu entarten und das Rauschen nimmt zu.	66
4.15.	Aufteilung der Projektionen in drei Subsets beim OS-EM-Algorithmus nach dem Projektionswinkel ϕ . Rechts ist die triviale Aufteilung des Subsets dargestellt, links die optimierte. Die optimierte Aufteilung reduziert dabei richtungsabhängige Artefakte in der Rekonstruktion.	68
5.1.	Räumlich-invariante, geometrische Gewichte (Kehren 2001).	74
5.2.	Statistische Gewichtungsschemata und ihre Abhängigkeit vom Emissionort.	76
5.3.	Schematische Darstellung der koinzidenten Antwortfunktion als Funktion der Position in einem Ringscanner. Links (a) werden lediglich die Detektorvorderseiten bei der Berechnung berücksichtigt, während rechts (b) sowohl die Detektororientierung als auch die Ausdehnung mit einbezogen sind.	77
5.4.	Ray-tracing der Flugbahn eines Photons. Die Nachweiswahrscheinlichkeit eines Photons in einem spezifischen Kristall berechnet sich aus den Absorptions- und Schwächungslängen im Detektorblock.	79
5.5.	Zwei der untersuchten Möglichkeiten zur Strahlerzeugung für den Ray-tracing-Algorithmus. Die Strahlen werden durch die Verbindungslinie der zufällig bestimmten Punkte (rot) generiert.	81
5.6.	Koordinatensystem und Ausdehnung des berechneten Begrenzungsquaders für zwei beliebig orientierte Kristalle. Der Zylinder bildet das FOV für die Rekonstruktion ab und ist hier etwas kleiner als das Messfeld des Scannersystems.	82

5.7.	Variationen der Strahlendichte in Abhängigkeit der relativen x -Ausdehnung der Begrenzungsbox im Verhältnis zur x -Ausdehnung der Kristallgrundfläche a) ohne und b) mit Anpassung der Anzahl an generierten Strahlen.	84
5.8.	Anzahl der beitragenden Strahlen bei Verkürzung der relativen Länge l der Begrenzungsbox und Skalierung der erzeugten Strahlen mit $1/l^2$	84
6.1.	Schematischer Aufbau der Simulation (a) und Geometrie in GATE (b). Gelb sind die Detektoren und grün die Pfade der Gammapaare.	88
6.2.	Zentrale Schnitte (links) und Maximum Intensity Projection (rechts) der simulierten LORs.	91
6.3.	Vergleich zwischen simulierten (durchgängig) und berechneten (gestrichelt) Profilen für die direkte LOR.	93
6.4.	Vergleich zwischen simulierten (durchgängig) und berechneten (gestrichelt) Profilen für die direkte LOR. (Fortsetzung von Abbildung 6.3).	94
6.5.	Summenprofile der direkten LOR für die verschiedenen Raumrichtungen. .	95
6.6.	Simulation der direkten LOR unter Einbeziehung der Positronenreichweite (gestapelte Y -Profile).	96
6.7.	Vergleich zwischen simulierten (durchgängig) und berechneten (gestrichelt) Profilen für die schräge LOR.	97
6.8.	Vergleich zwischen simulierten (durchgängig) und berechneten (gestrichelt) Profilen für die schräge LOR. (Fortsetzung von Abbildung 6.7).	98
6.9.	Summenprofile der schrägen LOR für die verschiedenen Raumrichtungen.	99
7.1.	Homogener Zylinder.	103
7.2.	Variation der Zählrate mit und ohne Streuung im Detektorblock.	104
7.3.	Vergleich zwischen der List-mode- und STIR-Rekonstruktion anhand eines Derenzo-Phantoms. Die Rohrendurchmesser reichen von 2 mm bis 3 mm in 0,2- mm -Schritten.	104
7.4.	Vergleich zwischen der List-mode- und STIR-Rekonstruktion anhand des Mini-Derenzo-Phantoms. Die Rohrendurchmesser reichen von 1 mm bis 2 mm in 0,2- mm -Schritten.	105
7.5.	Knochenmessung einer Ratte.	106

Tabellenverzeichnis

2.1. Positronenemittierende Isotope für die PET und deren Eigenschaften (Townsend u. Defrise 1993).	11
2.2. Beispiele biologischer Tracer für die PET (Pietrzyk 1997)	11
2.3. Beispiele gängiger Detektormaterialien für die PET. Die Werte für die einzelnen Eigenschaften unterscheiden sich dabei zum Teil je nach Literatur. Der Grund dafür liegt in der leicht variierenden chemischen Zusammensetzung beim Herstellungsprozess. Die besten Werte sind jeweils farblich unterlegt.	20
2.4. Beispiel für einen List-mode-Datensatz.	30
6.1. Statistik der beiden Simulationen.	89
7.1. Übersicht über die gemessenen Datensätze und ihre Rekonstruktionsparameter.	102

Algorithmenverzeichnis

1.	Zweidimensionale Fourierrekonstruktion	44
2.	Filtered-backprojection (FBP)	45
3.	Backprojection-filtering (BPF)	45
4.	3D reprojection (3DRP)	48
5.	Fourier-Rebinning (FORE)	53
6.	Maximum-Likelihood Expectation-Maximization (ML-EM)	64
7.	Ordered-Subset Expectation-Maximization (OS-EM)	67

Listings

3.1. Ereignisstruktur für das ClearPET TM Neuro (LMF Version 1.2) (Krieguer et al. 2002)	35
A.1. Gate Macro zur Simulation der LOR	109
B.1. Beispiel für eine LMF-ASCII-Headerdatei	113