

UNIVERSIDAD MICHOACANA DE SAN NICOLAS DE HIDALGO

FACULTAD DE CIENCIAS FÍSICO MATEMÁTICAS

LUIS MANUEL RIVERA GUTIERREZ

RECONSTRUCCIÓN DE IMÁGENES CON EL MÉTODO DEL
GRADIENTE

PRESENTA: ANTONIO CHÁVEZ VILLA

ASESOR: DR. LUIS MANUEL VILLASEÑOR CENDEJAS

Diciembre 2006

Índice general

1. Introducción	6
1.1. Tomografía Reconstructiva	7
1.2. Desarrollo Histórico	8
1.3. ¿Qué es la tomografía por emisión de positrones?	9
1.4. ¿Por qué se realiza una PET?	10
2. Física de PET	11
2.1. Funcionamiento de PET	11
2.2. Emisión y aniquilación de positrones	12
2.3. Detección de Coincidencias	13
3. Clasificación de métodos	15
3.1. Notación usada	16
3.2. Método de Retro-Proyección Filtrada	18
3.2.1. Proceso de retroproyección y filtrado	19
3.2.2. Algoritmo de retroproyección filtrada	21
3.3. Reconstrucción iterativa	23
3.3.1. Maximización de la Verosimilitud	23
3.3.2. Teoría	26
3.3.3. Método Clásico de maximización de la verosimilitud	27

3.3.4. Método del gradiente para maximizar la verosimilitud .	29
3.4. Fantomas empleados	32
3.5. Imágenes de los fantomas reconstruidas con los tres métodos presentados	33
4. CONCLUSIONES	46

Agradecimientos

A mamá por el ejemplo de fortaleza espiritual que ha sido siempre.

A mis dos inseperables amigas, por el apoyo, amistad y todo lo que saben que significan para mi, Sarai y Susana.

Dedicatoria

A MAMÁ

Capítulo 1

Introducción

Los alcances de la medicina nuclear en el área de imagen médica satisfacen en la actualidad necesidades de diagnóstico para prevención o tratamiento de enfermedades cuyas evidencias físicas no necesariamente se persiben al exterior del organismo de un sujeto. De esta forma el objetivo de toda modalidad de imagen es visualizar los órganos internos del cuerpo de una manera no invasiva, para obtener información estructural, anatómica y fisiológica. En la práctica, en cualquier modalidad tomográfica se puede obtener solamente una estimación de la imagen real del objeto bajo estudio. La fidelidad de la reconstrucción en cada caso dependerá de las respuestas a una serie de preguntas sobre la adquisición y el proceso previo de los datos adquiridos, de la implementación numérica de las fórmulas matemáticas de reconstrucción, y del post-procesado de las imágenes reconstruidas. En general podemos incluir las formas de adquisición de datos en dos aplicaciones: tomografía de transmisión y tomografía de emisión, la primera produce la radiación desde una fuente externa a la región en estudio y en el lado opuesto se coloca el detector de la emisión una vez que ha cruzado por el objeto estudiado, en la segunda la fuente de radiación es distribuida en la región a estudiar y los detectores toman una geometría rodeando la zona. Las imágenes de tomografía de emisión se generan mediante un algoritmo de reconstrucción, a partir de

un conjunto de proyecciones adquiridas del objeto o paciente bajo examen. El procedimiento clásico de reconstrucción de imagen es la retroproyección filtrada(FBP). Este método es rápido y sencillo, pero no utiliza información estadística. Es un buen método para aplicaciones en las que el número de cuentas es alto (como tomografía de rayos X), pero no tiene esa eficiencia cuando el número de cuentas es bajo, como en imágenes de medicina nuclear. Los métodos iterativos de reconstrucción de imagen se han propuesto como alternativas a FBP. Estas técnicas tienen un coste computacional más alto que FBP pero producen imágenes de mejor contraste y relación señal ruido. En el presente trabajo se describe una variación del método de gradiente máximo aplicado a la reconstrucción 2D de imágenes de Tomografía por Emisión de Positrones mediante maximización de la verosimilitud para una estadística de Poisson. Se comparan los resultados obtenidos con este método con los obtenidos por el método directo de FBP y con el método clásico iterativo EM. Se demuestra que el método propuesto produce mejor calidad de imagen que el método directo y converge más rápidamente que el método clásico. Se presentan curvas de evolución de la verosimilitud y de la entropía como función del número de iteraciones comparativas entre el método propuesto y el método EM.

1.1. Tomografía Reconstructiva

La capacidad para visualizar secciones del cuerpo sin la interferencia de otras regiones es una de las grandes metas de la radiología. Este propósito tiene ahora grandes avances con las nuevas técnicas conocidas como Reconstructivas que hacen uso de ordenadores capaces de procesar enormes cantidades de datos. Tal es el caso de la tomografía por rayos X o también la de rayos gama, estas técnicas actualmente no proyectan planos no deseados de tejidos que no estan bajo examen. Si se toma un número suficiente de proyecciones, la distribución de los coeficientes de atenuación (en el caso de la tomografía

de transmisión) o la densidad del radiosotopo (en el caso de la tomografía por emisión) puede ser determinada en el plano bajo estudio.

1.2. Desarrollo Histórico

Las técnicas de reconstrucción de imagen fueron primero desarrolladas para uso en radioastronomía por Bracewell (1956) para identificar regiones del sol con emisión de microondas. Las antenas de microondas no podían enfocar puntos, lo hacían en franjas delgadas que cruzaban la superficie solar. Así la emisión total desde una franja era medida y se reconstruía un mapa de la actividad solar desde una serie de ellas.

El mismo problema se originó en la microscopía del electrón en el estudio de moléculas complejas. En este caso se deseaba reconstruir estructuras moleculares desde una serie de microgramas de transmisión tomados en varios ángulos. Los métodos de reconstrucción fueron desarrollados en forma independiente a los trabajos de Bracewell (DeRosier y Klug 1968, Gordon, Bender y Herman 1970). Técnicas de reconstrucción de imagen fueron también desarrolladas de manera independiente en aplicaciones ópticas (Rowley 1969, Berry y Gibbs 1970).

En el campo de aplicaciones médicas, un escaner CAT (Tomografía Asistida de Computadora) de rayos-X fue introducido en 1972 por EMI Ltd. (Hounsfield 1973) y tuvo un gran impacto en radiología de diagnóstico. Los inicios de la tomografía reconstructiva de rayos X pueden encontrarse en los estudios de tomografía de Takahashi (1957) quien colocó la fuente de rayos X y la película de proyección en el mismo plano. Más tarde Oldendorf (1961) desarrolló un aparato para imagen de transmisión de rayos gama (fuente de ^{131}I). Kuhl y Edwards independientemente desarrollaron un sistema de emisión (fuente de ^{241}Am) y transmisión (Kuhl, Hale y Eaton 1966) usando un sistema de cámara y osciloscopio para procesar y almacenar datos. Estos primeros intentos de reconstrucción usaron variaciones del método conocido como Retroproyección y produjeron imágenes de poca calidad. Un paso

muy importante lo realizó Cormack (1963, 1964) quien desarrollo una técnica matemática para imágenes de reconstrucción aproximada desde proyecciones de rayos X y aplicó sus medidas en fantasmas simples.

1.3. ¿Qué es la tomografía por emisión de positrones?

La tomografía por emisión de positrones (PET, por sus siglas en inglés) es un tipo de procedimiento de medicina nuclear que mide la actividad metabólica de las células de los tejidos del cuerpo. La PET es en realidad una combinación de medicina nuclear y análisis bioquímico. Se utiliza principalmente en pacientes que tienen enfermedades del corazón o del cerebro y cáncer, la PET ayuda a visualizar los cambios bioquímicos que tienen lugar en el cuerpo, como el metabolismo (proceso por el cual las células transforman los alimentos en energía después de que han sido digeridos y absorbidos en la sangre) del músculo cardíaco.

La diferencia entre este estudio y otros exámenes de medicina nuclear es que la PET detecta el metabolismo dentro de los tejidos corporales, mientras que otros tipos de exámenes de medicina nuclear detectan la cantidad de sustancia radiactiva acumulada en el tejido corporal en una zona determinada para evaluar la función del tejido.

Como la PET es un tipo de examen de medicina nuclear, durante el procedimiento se utiliza una pequeña cantidad de sustancia radioactiva llamada radiofármaco (radionúclido o trazador radioactivo) para ayudar en el examen del tejido en estudio. Específicamente, los estudios con tomografías PET evalúan el metabolismo de un órgano o tejido en particular, de manera que se evalúa la información correspondiente a la fisiología (funcionamiento) y la anatomía (estructura) del órgano o tejido, así como sus propiedades bioquímicas. Por ello, las tomografías PET pueden detectar cambios bioquímicos en un órgano o tejido que pueden identificar el comienzo de un proceso patológico antes de que puedan observarse los cambios anatómicos relacionados con la enfermedad a través de otros procedimientos con imágenes, como por

ejemplo, la tomografía computarizada (TC) o la resonancia magnética (MIR, por sus siglas en inglés).

La PET es utilizada frecuentemente por los oncólogos (médicos especialistas en tratamiento del cáncer), los neurólogos y los neurocirujanos (médicos especialistas en el tratamiento y la cirugía del cerebro y el sistema nervioso), y los cardiólogos (médicos especialistas en el tratamiento del corazón). Sin embargo, a medida que continúan los avances en las tecnologías de la PET, este procedimiento se utiliza cada vez más en otras áreas. También puede utilizarse conjuntamente con otros exámenes de diagnóstico, como tomografías computarizadas o estudios de imágenes por resonancia magnética para proporcionar información más concluyente sobre tumores malignos (cancerosos) y otras lesiones. La tecnología más moderna combina la PET y la TC en un estudio conocido como PET/TC, que promete mejoras especialmente para el diagnóstico y el tratamiento del cáncer de pulmón. En un principio, los procedimientos de PET se realizaban en centros especializados ya que además del escáner de PET, debían contar con el equipo necesario para fabricar radiofármacos, como el ciclotrón y un laboratorio de radioquímica. Actualmente, los radiofármacos se producen en muchas áreas y se envían a centros de PET para que sólo se requiera un escáner.

1.4. ¿Por qué se realiza una PET?

En general, la PET se utiliza para evaluar los órganos y tejidos para detectar la presencia de enfermedades u otros trastornos. También puede utilizarse para medir el funcionamiento de órganos como el corazón o el cerebro, pero su uso más frecuente es para detectar el cáncer y evaluar el tratamiento adecuado contra el cáncer.

Capítulo 2

Física de PET

2.1. Funcionamiento de PET

La PET utiliza un dispositivo de exploración (una máquina con un gran hueco en el centro con distintas geometrías) que detecta los positrones emitidos por un radionúclido en el órgano o tejido que se estudia.

Los radionúclidos que se emplean son sustancias químicas utilizadas naturalmente por el órgano o tejido en cuestión durante el proceso metabólico. Se agrega una sustancia radiactiva como las que se muestran en la tabla 1 para las pruebas específicas. Por ejemplo, en las PET cerebrales, se aplica una sustancia radiactiva a la glucosa (azúcar en la sangre) para crear un radionúclido denominado fluorodeoxiglucosa (FDG), ya que el cerebro utiliza glucosa para su metabolismo. La FDG se utiliza en gran medida en los estudios de PET. Pueden utilizarse otras sustancias para los estudios de PET, según el propósito del examen. Si se estudia el flujo de sangre y la perfusión de un órgano o tejido, el radionúclido puede ser un tipo de oxígeno, carbono, nitrógeno o galio radiactivo.

El radionúclido se administra por vía intravenosa (IV) o se inhala como un gas. Luego, el escáner de la PET se mueve lentamente sobre la parte del cuerpo en estudio. Algunos de los isótopos más empleados se observan en la

I	V M min	E P MeV
^{11}C	20.3	0.96
^{13}N	9.97	1.19
^{15}O	2.03	1.70
^{18}F	109.8	0.64
^{68}Ga	67.8	1.89
^{82}Rb	1.26	3.15

Cuadro 2.1:

cuadro 2.1.

2.2. Emisión y aniquilación de positrones

Después de que la inyección de la sustancia radiactiva a sido aplicada el sujeto de estudio de PET es llevado al campo de visualización de la cámara con un número de detectores capaces de registrar rayos gama incidentes. Los isotopos decaen via emisión de positrones, en la cual un protón en el nucleo dá origen a un neutrón, un positrón y un neutrino. Cuando los positrones viajan a través del tejido humano van cediendo su energía cinética principalmente por interacciones Coulomb con electrones. Como la masa de un positron es la misma que la de un electrón, los positrones pueden experimentar grandes desviaciones en la dirección en cada interacción de Coulomb, como se muestra en la figura 2.1.

Cuando los positrones alcanzan su energía térmica????? empiezan a interactuar con los electrones dando lugar a los eventos de aniquilación. El positrón es

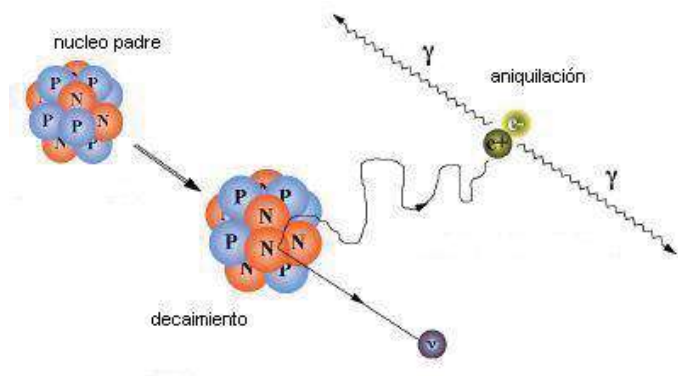


Figura 2.1:

una partícula elemental (antipartícula del electrón) que se aniquila al entrar en contacto con un electrón transformando su masa en energía originando así dos fotones (fotones de aniquilación) de 0.511 MeV cada uno, y estos viajan en sentidos opuestos.

2.3. Detección de Coincidencias

En una cámara de PET, cada detector genera un pulso cuando registra un fotón incidente. Estos pulsos son combinados en un circuito, y si caen en una ventana corta de tiempo son considerados coincidentes. De esta forma la emisión se podrá detectar si los detectores externos a una región, situados en la misma línea que ésta, detectan a la vez un fotón de 0.511 MeV, lo que indicará que el positrón se ha emitido en algún punto de esa misma línea. Si otro radionúclido emisor de positrones, cercano al primero, emite en otra dirección otros dos fotones de aniquilación, que se captan desde el exterior con otros dos detectores, la intersección de esta nueva línea con la anterior indica el punto de origen de los fotones de aniquilación y, por tanto, la situación del radionúclido emisor, el diagrama de la figura 2.2 muestra este concepto.

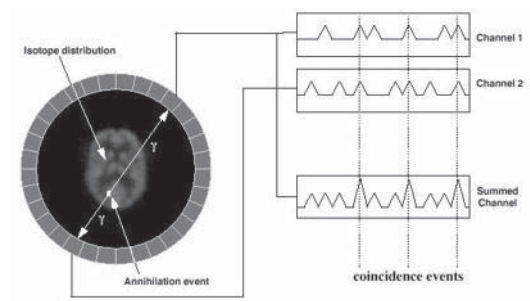


Figura 2.2:

Capítulo 3

Clasificación de métodos

Muchas aproximaciones matemáticas se han usado para reconstrucción de imágenes. El objetivo de este trabajo de tesis es desarrollar una propuesta para reconstrucción de imagen tomográfica maximizando una función, sin embargo, se presentarán en forma breve otras técnicas matemáticas con la intención de hacer un trabajo de comparación de los resultados, así mismo se señalará la existencia de otras formas de reconstrucción por el importante papel que han jugado en sus aplicaciones históricas:

Retro-Proyección. Esta aproximación fue usada en los primeros experimentos, es el más simple en concepto y más fácil de implementar, pero produce reconstrucciones con muchos "artefactos", en la actualidad se incorpora a métodos más exactos.

Reconstrucción analítica. Los métodos analíticos son basados en soluciones exactas a las ecuaciones de la imagen y son entonces más rápidos. Uno muy usado actualmente es el conocido como Retro-Proyección Filtrada y es usado en casi todos los escaners de rayos X comerciales.

Reconstrucción iterativa. Los métodos iterativos pueden pensarse como una manera "forzada" de resolver las ecuaciones de la imagen. Son usados actualmente en la reconstrucción con el empleo de isótopos donde existen compli-

caciones que no han podido ser resueltas por los métodos analíticos.

En este trabajo se presenta una descripción general del método de Retro-Proyección Filtrada con intensiones de comparar los resultados de reconstrucción con los de los métodos iterativos, de estos se mostrará la derivación y aplicación del clásico, conocido como Maximización de la similitud, así mismo se obtendrá un procedimiento novedoso de maximizar esta función comparando también sus resultados con los anteriores.

3.1. Notación usada

Se usa un sistema de coordenadas (x,y) para describir puntos en el plano estudiado. La contribución de cada punto a la señal detectada es denotada por la función de densidad $f(x,y)$. El término "densidad" es usado en un sentido más sugestivo. Para tomografía de rayos X, $f(x,y)$ representa el coeficiente de atenuación lineal μ ; para imagen de radioisótopos, $f(x,y)$ es proporcional a la densidad del radioisótopo. Las trayectorias de rayos son descritas por un sistema coordenado (t,s) que resulta de rotar el sistema x,y en el mismo ángulo que tiene el rayo, tal como se muestra en la figura 3.1. Cada rayo es especificado por coordenadas (t,Θ) , donde Θ es el ángulo del rayo con respecto al eje y , t es su distancia desde el origen. La coordenada s representa el camino.^a lo largo del rayo.

La integral de $f(x,y)$ a lo largo del rayo (t,Θ) es llamada proyección de p , (ec. 3.1).

$$p(t, \Theta) = \int_{t, \Theta} f(x, y) ds \quad (3.1)$$

Un conjunto completo de proyecciones en un ángulo dado es llamado proyec-

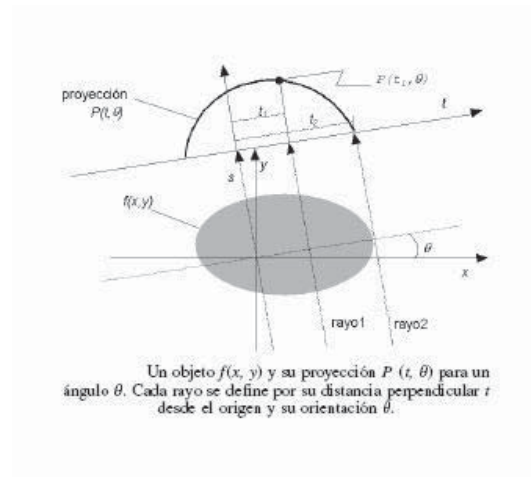


Figura 3.1:

ción o perfil. Idealmente $f(x, y)$ es una función continua en dos dimensiones y se requiere un número infinito de proyecciones para la reconstrucción. En la práctica, $f(x, y)$ es calculada con un número finito de puntos desde un número finito de proyecciones. De hecho, un objeto queda determinado únicamente por el conjunto infinito, pero por ningún conjunto finito, de sus proyecciones. La carencia del conjunto completo de integrales de línea conduce a inexactitudes y distorsiones en la reconstrucción, debidas a efectos no lineales, al ruido y a la insuficiencia de datos. Los efectos no lineales se pueden originar a partir de procesos no lineales en los detectores, mientras que el ruido puede ser la incertidumbre estadística general de una medida o de un componente adicional, como la dispersión. Los datos pueden ser insuficientes debido a un muestreo inadecuado o a la falta de datos de una región. La distribución desconocida de la atenuación puede distorsionar las medidas de la distribución original, dando por resultado errores en la reconstrucción. Los principales símbolos señalados arriba y usados en las siguientes secciones se enlistan ahora:

$f(x, y)$	función de densidad
x, y	coordenadas rectangulares

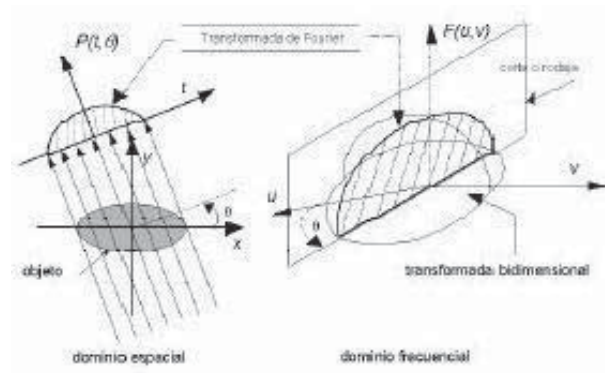


Figura 3.2:

$p(t, \Theta)$	proyección de un rayo
t, Θ	distancia del rayo al origen y ángulo del rayo
A	matriz de transición
L	función de verosimilitud
Y	arreglo con eventos en detectores
s	distancia a lo largo del rayo
μ	coeficiente de atenuación lineal

3.2. Método de Retro-Proyección Filtrada

Los métodos de retroproyección filtrada se basan en el teorema de cortes de Fourier.^o teorema de la proyección, que afirma que (figura 3.2)

"La transformada unidimensional de Fourier de la proyección de una imagen $f(x,y)$, obtenida a partir de rayos paralelos entre sí y formando un ángulo Θ con el eje u ."

Según este teorema, si disponemos de las proyecciones de una imagen es posible determinar cuál es esa imagen calculando una transformada bidimensional inversa de Fourier.

El resultado anterior indica que tomando P proyecciones de un objeto en los

ángulos $\Theta_1, \Theta_2, \dots, \Theta_P$, y obteniendo la transformada continua de Fourier de cada una de ellas, podemos determinar los valores de $F(u, v)$ -transformada bidimensional del objeto- en líneas que pasan por el origen formando los ángulos $\Theta_1, \Theta_2, \dots, \Theta_P$.

Tomando un número infinito de proyecciones podemos determinar $F(u, v)$ en cualquier punto del plano (u, v) y no sólo en los puntos de los ejes radiales. La función $f(x, y)$ se obtiene a partir de $F(u, v)$ usando la transformada inversa,

$$f(x, y) = \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} F(u, v) \exp^{j2\pi(ux+vy)} du dv \quad (3.2)$$

3.2.1. Proceso de retroproyección y filtrado

En forma más cualitativa este proceso de reconstrucción se puede comprender en varios pasos.

1. Proyección de datos

Una cámara de tomógrafo rota alrededor de un paciente, creando así la serie de imágenes planas llamadas proyecciones. Únicamente los fotones que se mueven en forma perpendicular a la cara de la cámara pasan a través del colimador. Como estos fotones son originados desde puntos a distinta "profundidad" en la región estudiada, el resultado es una superposición de todos los órganos emitiendo fotones a lo largo del camino específico, como en un radiógrafo de rayos X el resultado es una superposición de todas las estructuras anatómicas desde tres dimensiones en dos dimensiones. Las proyecciones adquiridas en un tiempo forman un sinograma que representa la proyección de la distribución de la sustancia ra-

radioactiva en el cuerpo en un "plano" de la región estudiada en cada ángulo de adquisición.

2.Transformada de Fourier de los datos

Si los datos del sinograma de proyección se reconstruyen en este punto, podrían aparecer artefactos en la imagen reconstruida debido a la naturaleza de la subsecuente operación de retroproyección. Adicionalmente hay un ruido inherente en los datos que tiende a hacer áspera la imagen reconstruida. Para considerar ambos efectos es necesario filtrar los datos. Podemos filtrar los datos en el espacio de proyección, lo que significa convolucionar los datos por algún tipo de núcleo suave. Sin embargo, la tarea de convolución es muy cara computacionalmente, se puede evitar considerando que este proceso es equivalente en el dominio espacial a una multiplicación en el dominio de las frecuencias. Esto significa que cualquier filtro hecho por la operación de convolución en el dominio espacial normal puede ser realizado por una simple multiplicación cuando transformamos en el dominio de la frecuencia.

3.Filtrado de datos

Una vez que los datos han sido transformados al dominio de las frecuencias, son entonces filtrados para "suavizar" el ruido estadístico. Existen muchos filtros para filtrar los datos y tienen características ligeramente diferentes. Por ejemplo, algunos suavizarán mucho así que no hay orillas agudas, y entonces degradan la resolución final de la imagen. Otros mantendrán una alta resolución mientras suavizan ligeramente. Algunos filtros típicos usados son el filtro Hanning, filtro Butterworth, filtro Weiner, etc. El resultado final es desplegar una imagen relativamente libre de ruido.

4.Transformada inversa de los datos

Como los datos tratados están ahora en el dominio de la fre-

cuencia, debemos transformar al dominio espacial para conseguir la distribución espacial x, y, z . Se hace de la misma manera como la transformación original, excepto que usamos la transformada inversa de Fourier uno dimensional. Los datos en este punto son similares al sinograma original excepto por que ahora están suavizados.

5. Retroproyección

El principal paso de reconstrucción involucra un proceso conocido como retroproyección. Como los datos originales fueron aquellos de los fotones que se emitían en forma perpendicular a la cara de la cámara, la retroproyección considera los datos del "cajón" de la cámara desde el sinograma filtrado regresa a lo largo de las mismas líneas a donde los fotones fueron emitidos. Las regiones donde las líneas de retroproyección desde distintos ángulos se intersecan representan áreas que contienen una concentración más alta de radiofarmaco.

3.2.2. Algoritmo de retroproyección filtrada

Aunque el teorema de cortes de Fourier sugiere un algoritmo sencillo de reconstrucción, es conveniente reescribir las ecuaciones y presentarlas como un nuevo algoritmo. Para ello, se sustituyen las coordenadas rectangulares (u, v) por las polares (ρ, Θ)

$$u = \rho \cos \Theta \quad (3.3)$$

$$v = \rho \sin \Theta \quad (3.4)$$

$$du dv = \rho d\rho d\Theta \quad (3.5)$$

de forma que la transformada inversa de la imagen se convierte en

$$f(x, y) = \int_0^{2\pi} \int_0^{+\infty} F(\rho, \Theta) \exp^{j2\pi\rho(x \cos \Theta + y \sin \Theta)} \rho d\rho d\Theta \quad (3.6)$$

Esta ecuación considerando por separado las variaciones de Θ entre $(0...180]$ y $(180...360]$ y la propiedad

$$F(\rho, \Theta + 180) = F(-\rho, \Theta) \quad (3.7)$$

se puede escribir como

$$f(x, y) = \int_0^\pi \left[\int_{-\infty}^{+\infty} F(\rho, \Theta) |\rho| \exp^{j2\pi\rho t} \rho d\rho \right] d\Theta \quad (3.8)$$

donde hemos simplificado la expresión tomando

$$t = x \cos \Theta + y \sin \Theta \quad (3.9)$$

Si sustituimos la transformada bidimensional $F(\rho, \Theta)$ por la transformada unidimensional de la proyección $S_\Theta(\rho)$, obtenemos,

$$f(x, y) = \int_0^\pi \left[\int_{-\infty}^{+\infty} S_\Theta(\rho) |\rho| \exp^{j2\pi\rho t} \rho d\rho \right] d\Theta \quad (3.10)$$

Esta ecuación representa una operación de filtrado, donde la respuesta en frecuencia del filtro es $|\rho|$. El resultado de esta convolución se conoce por ello como *proyección filtrada*. La suma de las diferentes proyecciones filtradas (una por cada Θ) permiten estimar así la imagen $f(x, y)$.

3.3. Reconstrucción iterativa

El problema de reconstrucción inicialmente radica en resolver la ec. 3.1, sin embargo, debemos considerar principalmente en principio evitar procesar una cantidad infinita de datos, y en alguna forma limitar la resolución espacial. Para métodos iterativos se hace aproximando el objeto en un arreglo de celdas de densidad uniforme, como se muestra en la figura 3.3, la densidad de la j -ésima celda es llamada f_j , el ancho de celda w y el número total de celdas en un dominio de diámetro d es $N \simeq \pi n^2/4$, donde $n = d/w$. Para evitar también la cantidad de datos de proyección, cada perfil es dividido en "franjas", como se indica en la figura 3.3. Por comodidad se usa el término "rayo", sin olvidar que en estos métodos los rayos son realmente franjas. Cada perfil es dividido en rayos de anchura w . Con estas consideraciones se puede reemplazar la ec. 3.1 por el conjunto de ecuaciones algebraicas:

$$p_i = \sum_{j=1}^N a_{ij} f_j \quad (3.11)$$

donde a_{ij} son las componentes de la matriz de transición y representan la contribución de la j -ésima celda a la i -ésima proyección (o también conocido como rayo-suma y/o tubo).

3.3.1. Maximización de la Verosimilitud

En este algoritmo resulta conveniente primero dividir la región de reconstrucción en pixeles y enumerarlos $0 \leq j \leq m$. Lo mismo con los detectores $0 \leq i \leq n$. Los eventos de decaimiento radioactivo en un intervalo de tiempo fijo $[0, \tau]$ son modelados casi exactamente por variables de Poisson.

Sea $P(\cdot)$ y $E(\cdot)$ las funciones de probabilidad y esperanza respectivamente. Las variables de Poisson son medidas en un intervalo de tiempo y asumidas como independientes. Sea N_j la variable de Poisson con esperanza v_j que modela

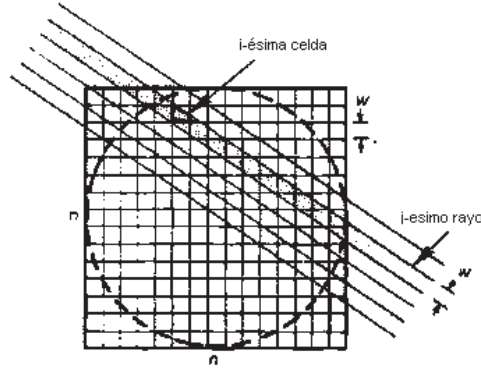


Figura 3.3:

la medida de número de fotones emitidos desde el pixel j . Sea $p_{ij} = P(\text{fotón emitido desde el pixel } j \text{ es detectado en el detector } i)$. Los p_{ij} son derivados desde la geometría del escaner y el mapa de atenuación del tejido. Sea N_{ij} las variables de Poisson con esperanza $v_j p_{ij}$ que modela el número de eventos detectados en el detector i desde la actividad en el pixel j . Sea $\bar{N}_j$ variables de Poisson con esperanza $f_j = v_j \sum_{i=1}^m p_{ij}$ que modela el número de fotones emitidos desde el pixel j que son detectados por algún detector. Finalmente Y_i representa $\gamma_i = \sum_{j=1}^n N_{ij}$ con esperanza $\sum_{j=1}^m v_j p_{ij}$ y denota el número de fotones detectados en el detector i . Es razonable asumir que $\sum_{j=1}^n p_{ij} > 0$ para todo i . Esto es equivalente a dar por hecho que el i -ésimo detector ha medido alguna radiación desde alguna región del cuerpo.

De esta forma vemos que Y_i y p_{ij} son medidas conocidas. Tratamos de encontrar v_j y lo buscamos desde f_j .

Sea $A = (a_{ij})$, donde

$$a_{ij} = \frac{p_{ij}}{\sum_{l=1}^m p_{lj}} \quad (3.12)$$

Entonces

$$E[\gamma_i] = \sum_{j=1}^n v_j p_{ij} = \sum_{j=i}^n \frac{f_j}{\sum_{l=1}^m p_{lj}} p_{ij} = \sum_{j=1}^n f_j a_{ij}, \quad (3.13)$$

Así

$$E[\gamma] = Af \quad (3.14)$$

Los valores de a_{ij} se obtienen en el ordenador para un caso simulado en la siguiente sección.

Dado que los elementos de A son probabilidades, Y son medidas de la actividad de fotones, y f son esperanzas de las medidas de la actividad de fotones, A, Y y f son no negativos. Además, de arriba vemos que $(Af)_i > 0$ para todo i y $\sum_{i=1}^n a_{ij} = 1$ para todo j. Entonces determinamos f maximizando la función de verosimilitud que se describe en el apéndice A.

En este desarrollo se emplean variables de Poisson en la función de verosimilitud, entonces el parametro de las variables es igual a su esperanza. Así, si maximizamos la función de verosimilitud, podemos encontrar f_j con la mayor probabilidad de tener los eventos ocurridos medidos Y_i . Sea p la función de probabilidad de la variable de poisson γ . Así

$$p(k) = \exp^{-(Af)} \frac{(Af)^k}{k!} \quad (3.15)$$

Entonces

$$L(f) \equiv L((Af); Y) = \prod_{i=1}^n p(Y_i; (Af)_i) = \prod_{i=1}^n \frac{(Af)_i^{Y_i}}{(Y_i)!} \exp^{-(Af)_i} \quad (3.16)$$

Dado que maximizar $L(f)$ es lo mismo que maximizar $\log(L(f))$, trabajaremos con la función

$$\log(L(f)) = \log\left(\prod_{i=1}^n \frac{(Af)_i^{Y_i}}{(Y_i)!} \exp^{-(Af)_i}\right) = \sum_{i=1}^n [Y_i \log(Af)_i - (Af)_i - \log(Y_i!)] \quad (3.17)$$

También se puede omitir el término $\log(Y_i)!$ de la suma pues es una constante y buscaremos maximizar esta función.

$$l(f) \equiv \sum_{i=1}^n [Y_i \log(Af)_i - (Af)_i] \quad (3.18)$$

3.3.2. Teoría

Lemma Sea H la matriz hesiana de $l(f)$. Entonces $(x, Hx) \leq 0$ para $x_i \geq 0$, es decir, H es *semidefinida negativa* para $x_i \geq 0$.

Prueba. Sea $H = (\frac{\partial^2 l}{\partial f_i \partial f_j})$. Entonces

$$\frac{\partial l}{\partial f_i} = \frac{\partial}{\partial f_i} \sum_{k=1}^n Y_k \log(Af)_k - (Af)_k \quad (3.19)$$

$$= \sum_{k=1}^n \frac{g_k a_{ki}}{\sum_{q=1}^n a_{kq} f_q} - a_{ki} \quad (3.20)$$

y así

$$\frac{\partial^2 l}{\partial f_i \partial f_j} = \frac{\partial}{\partial f_j} \sum_{k=1}^n \frac{Y_k a_{ki}}{\sum_{q=1}^m a_{kq} f_q} - a_{ki} \quad (3.21)$$

$$= \sum_{k=1}^n Y_k a_{ki} \left(\frac{-a_{kj}}{(\sum_{q=1}^m a_{kq} f_q)^2} \right) \quad (3.22)$$

$$= - \sum_{k=1}^n \frac{Y_k a_{ki} a_{kj}}{(\sum_{q=1}^m a_{kq} f_q)^2} \quad (3.23)$$

Podemos decir entonces que $(H)_{ij} \leq 0$, $(x, Hx) \leq 0$ para $x_i \geq 0$.

3.3.3. Método Clásico de maximización de la verosimilitud

En este método se encuentra una fórmula iterativa a partir de la expresión del grandiente de la función de verosimilitud.

Desde que H es semidefinida negativa, l es concava. Así el máximo local de l(f) es también global y f es un máximo global si y sólo si las condiciones de Kuhn-Tucker se satisfacen.

$$\frac{\partial l}{\partial f_j}(f) = 0 \text{ para } f_j > 0 \quad (3.24)$$

$$\frac{\partial l}{\partial f_j}(f) \leq 0 \text{ para } f_j = 0 \quad (3.25)$$

De 3.20 vemos que

$$\nabla l(f) = A^T \left(\frac{Y}{Af} - 1 \right), \quad (3.26)$$

Donde 1 es un vector de unos y todas las operaciones entre vectores son componente a componente. Entonces cada máximo global $f \geq 0$ de l satisface

$$f A^T \left(\frac{Y}{Af} - 1 \right) = 0. \quad (3.27)$$

Pero sabemos que $A^T 1 = 1$ entonces podemos escribir

$$f = f A^T \frac{Y}{Af} \quad (3.28)$$

Y ahora se define el algoritmo de maximización de la esperanza como el método iterativo que resuelve la ecuación anterior:

$$f^{k+1} = f^k A^T \frac{Y}{A f^k}, k = 0, 1, 2, \dots \quad (3.29)$$

3.3.4. Método del gradiente para maximizar la verosimilitud

Las bases teóricas para esta modificación al método clásico de maximizar la verosimilitud las encontramos en las lecciones de probabilidad condicional (apendice B).

Sean Y y X los eventos de información obtenida en los detectores y las densidades en los pixeles respectivamente, sabemos de la teoría de probabilidad que:

$$P(Y|X) = \frac{P(Y \cap X)}{P(X)} \quad (3.30)$$

Si despejamos $P(Y \cap X) = P(X)P(Y|X)$, es en esta expresión que se sustenta la función de probabilidad de Poisson para el método clásico, sin embargo, la teoría de conjuntos(apendice C) nos permite hacer la siguiente aseveración:

$$P(X|Y) = \frac{P(X \cap Y)}{P(Y)} \quad (3.31)$$

De esta manera podemos expresar la función de poisson y consecuentemente la de verosimilitud en forma distinta a como se hace en el método clásico:

$$P(x) = \exp^{-Y} \frac{Y^{AX}}{(AX)!} \quad (3.32)$$

y

$$L(\vec{X}) = \prod_{i=1}^n \exp^{-Y_i} \frac{Y_i^{\sum_{j=1}^m a_{ij}x_j}}{(\sum_{j=1}^m a_{ij}x_j)!} \quad (3.33)$$

Considerando la propiedad del logitmo como función monotona creciente, podemos trabajar el proceso de maximizar la función con su logartimo, de esta manera tomamos:

$$l(\vec{X}) \equiv \log[L(\vec{X})] = \sum_{i=1}^n [-Y_i + (\sum_{j=1}^m a_{ij}x_j) \log(Y_i) - \log((\sum_{j=1}^m a_{ij}x_j)!)] \quad (3.34)$$

Obtenemos la derivada parcial respecto a x_k

$$\partial_{x_k} l(\vec{X}) = \sum_{i=1}^n [\log(Y_i) a_{ik} - \partial_{x_k} \log((\sum_{j=1}^m a_{ij}x_j)!)] \quad (3.35)$$

Dada la complejidad de la última derivada es recomendable emplear la aproximación de Starling, de esta forma la expresión queda:

$$\partial_{x_k} l(\vec{X}) = \sum_{i=1}^n [\log(Y_i) a_{ik} - \partial_{x_k} \log((\frac{\sum_{j=1}^m a_{ij}x_j}{\exp})^{\sum_{j=1}^m a_{ij}x_j} \sqrt{2\pi \sum_{j=1}^m a_{ij}x_j})] \quad (3.36)$$

Al tomar las derivadas se obtiene:

$$\partial_{x_k} l(\vec{X}) = \sum_{i=1}^n a_{ki} [\log(Y_i) - \log(\sum_{q=1}^m a_{qi}x_q) - \frac{1}{2 \sum_{q=1}^m a_{qi}x_q}] \quad (3.37)$$

Considerando para todas las componentes de $\vec{X}$ se forma la formula la función gradiente:

$$\vec{g}(\vec{X}) = \nabla l(\vec{X}) = A^T [\log Y - \log(AX) - \frac{1}{2AX}] \quad (3.38)$$

Es este paso podemos proponer una fórmula iterativa que nos permita buscar el máximo de la función, elegimos una que nos lleva en la dirección del

gradiente en cada punto, dando "saltos" con un parámetro s para que en cada punto nos ofrezca la oportunidad de cambiar la dirección:

$$\vec{X}^{(K+1)} = \vec{X}^K + S * \frac{\vec{g}^k}{|\vec{g}^{(k)}|} \quad (3.39)$$

El valor de los saltos también puede elegirse a nuestra conveniencia, para este caso se ha tomado un paso inicial con un valor grande (en los ejemplos de la siguiente sección) y los siguientes se dan en el resultado de cambiar la dirección del gradiente en 90 grados tomando el desarrollo en serie de Taylor hasta orden tres:

$$[\vec{g}(\vec{X})] \cdot [\vec{g}(\vec{X} + s * \vec{g})] = 0 \quad (3.40)$$

$$= \vec{g}(\vec{X})[\vec{g}(\vec{X}) + S * \vec{g}'(\vec{X}) + S^2 * \frac{1}{2}\vec{g}''(\vec{X}) + S^3 * \frac{1}{6}\vec{g}'''(\vec{X})] \quad (3.41)$$

El valor del parámetro para orden tres se puede elegir de las raíces del polinomio de este mismo orden donde las derivadas de la función gradiente evaluadas en $\vec{X} + S * \hat{g}$ con $s = 0$ son:

$$\vec{g}'(\vec{X} + S * \hat{g})|_{s=0} = -A^T \left(\frac{A \cdot \hat{g}}{A \cdot \vec{X}} \right) + \frac{1}{2} A^T \left[\frac{A \cdot \hat{g}}{(A \cdot \vec{X})^2} \right] \quad (3.42)$$

Donde $\hat{g}$ es el vector unitario en la dirección del gradiente.

$$\vec{g}''(\vec{X} + S * \hat{g})|_{s=0} = A^T \left(\frac{(A \cdot \hat{g})^2}{(A \cdot \vec{X})^2} \right) - \frac{(A \cdot \hat{g})^2}{(A \cdot \vec{X})^3} \quad (3.43)$$

$$\vec{g}'''(\vec{X} + S * \hat{g})|_{s=0} = A^T \left(-2 \frac{(A \cdot \hat{g})^3}{(A \cdot \vec{X})^3} \right) + 3 \frac{(A \cdot \hat{g})^3}{(A \cdot \vec{X})^4} \quad (3.44)$$

3.4. Fantomas empleados

Este trabajo de tesis es una primera etapa de la investigación de los métodos de reconstrucción, las aplicaciones de los métodos se hicieron en fantomas simulados con el uso del método de Monte Carlo para obtener los valores de los elementos de la matriz de transición y la formación de dos fantomas. El procedimiento es formar un arreglo de celdas en el región en que se construirá la imagen, se lanza un determinado número de rectas en cada celda (la calidad de la imagen aumenta con el número de rectas) con pendientes arbitrarias (función rand de Matlab) y se hacen interceptar con un círculo de radio mayor o igual que la región del arreglo de celdas, estos interceptos se arreglan en un número de pares simulando los detectores que forman los tubos en un tomógrafo, cada celda es un pixel. De esta forma se obtienen las probabilidades de que cada pixel sea "visto" en cada par de "detectores".

Los fantomas utilizados muestran regiones con distinta concentración del radiofármaco, el primero (figura 3.4) es una imagen plana de geometría circular con una zona interna que simula la carencia del consumo del radiofármaco, el segundo (figura 3.5) simula un órgano con la distribución del radiotrazador en cuatro regiones distintas con concentraciones de 0,1,2 y 4 en cada una, tal como se puede apreciar en la imagen tridimensional 3.6.

En la formación de estos fantomas se trabajo con mil rectas por pixel, en

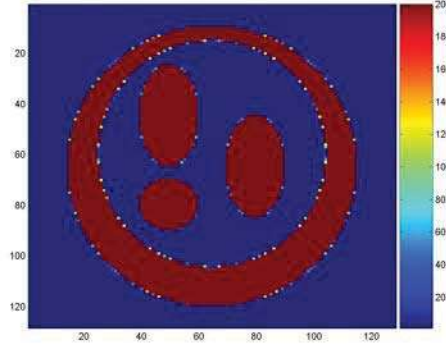


Figura 3.4:

un arreglo cuadrado de 128 pixeles por lado, 100 detectores formando un conjunto de 4950 tubos.

3.5. Imágenes de los fantasmas reconstruidas con los tres métodos presentados

Las imágenes para el fantoma 1 aparecen cada una en cinco partes, la primera ilustración de la izquierda corresponde a la reconstrucción del fantoma con uno de los métodos descritos arriba, la segunda se ubica en la parte superior derecha y es la imagen del fantoma reconstruido, las siguientes se muestran en una segunda fila de las cuales la primera es el resultado de restar los valores de la imagen reconstruida al fantoma de la cual se formó con la intención de visualizar la aproximación que tienen, la de la derecha muestra una superposición de las gráficas de la proyección horizontal de las matrices del fantoma y la reconstrucción, en la última ilustración se pueden observar las proyecciones verticales de las mismas matrices. Los resultados para este fantoma se muestran en la siguiente forma:

Figuras 3.7 y 3.8 muestran resultados para método clásico de maxi-

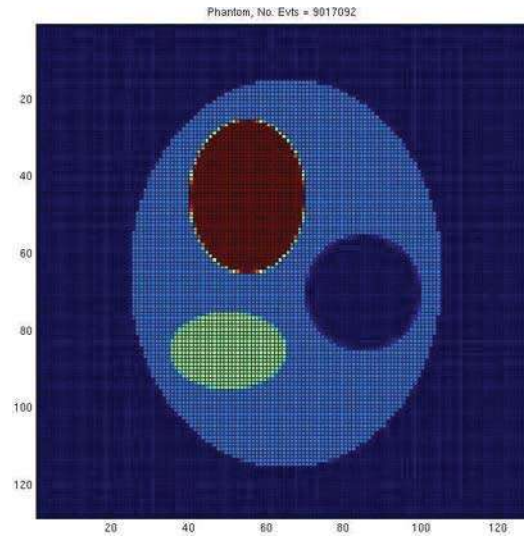


Figura 3.5:

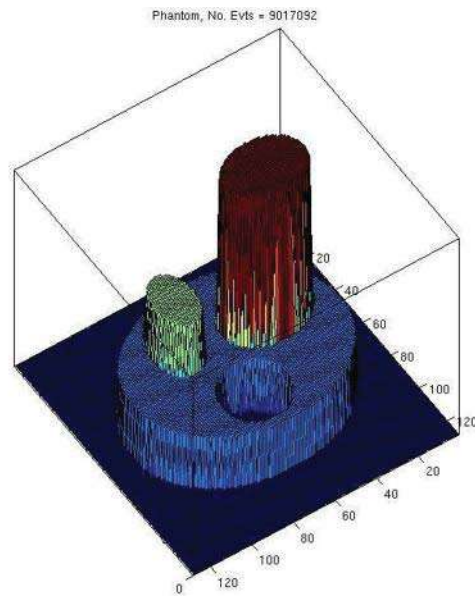


Figura 3.6:

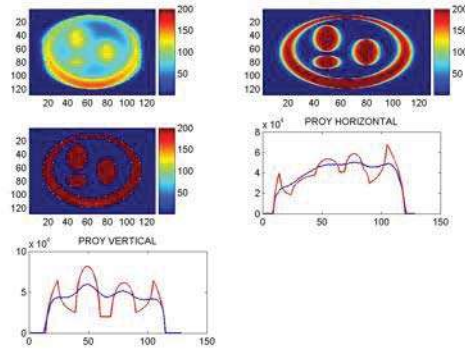


Figura 3.7:

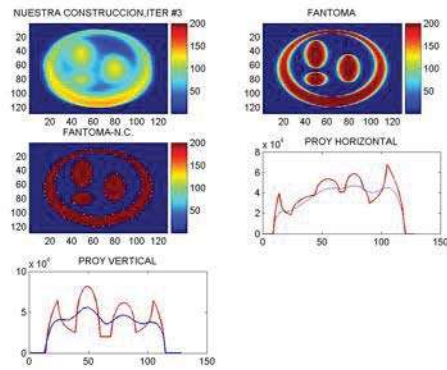


Figura 3.8:

mización de la verosimilitud y método de gradiente respectivamente, ambas para tres iteraciones.

Figuras 3.9 y 3.10 muestran los resultados para los mismos métodos pero para seis iteraciones, de la misma forma aparecen los resultados para nueve iteraciones (figuras 3.11 y 3.12), doce iteraciones (figuras 3.13 y 3.14), quince iteraciones (figuras 3.15 y 3.16) y treinta iteraciones (figuras 3.17 y 3.18).

Para el fantoma 2, las figuras aparecen sólo con cuatro partes, la primera ilustración de la izquierda corresponde al fantoma empleado, la segunda ubicada en la primera línea a la derecha son las proyecciones horizontales de

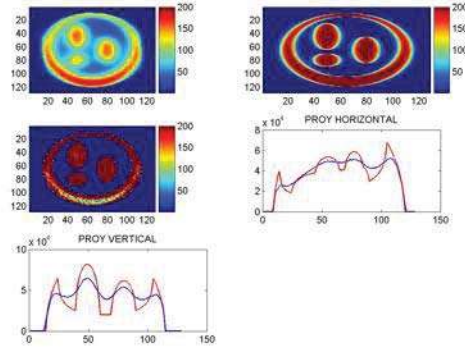


Figura 3.9:

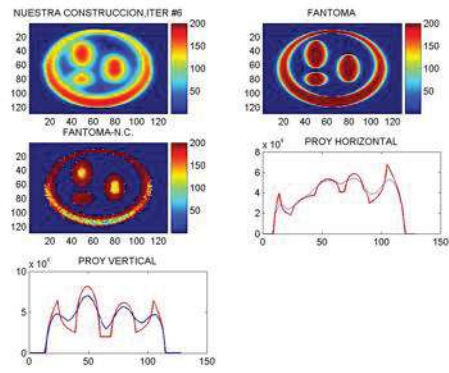


Figura 3.10:

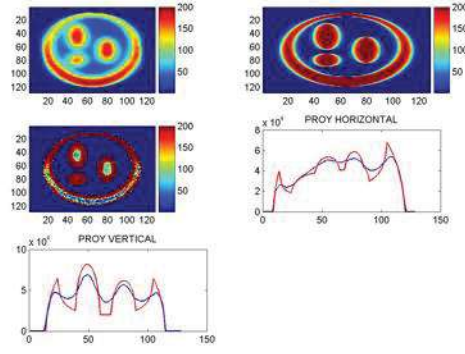


Figura 3.11:

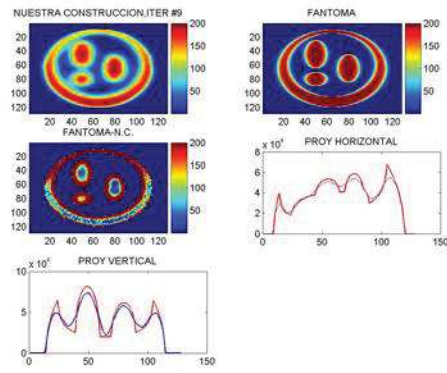


Figura 3.12:

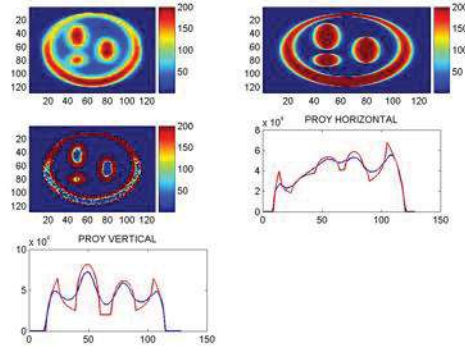


Figura 3.13:

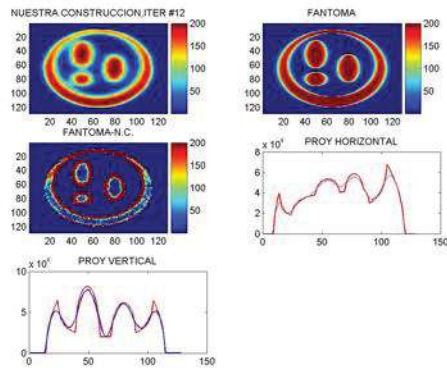


Figura 3.14:

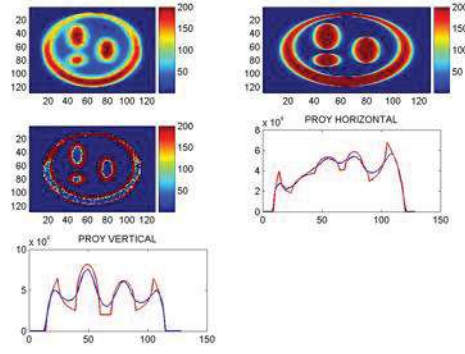


Figura 3.15:

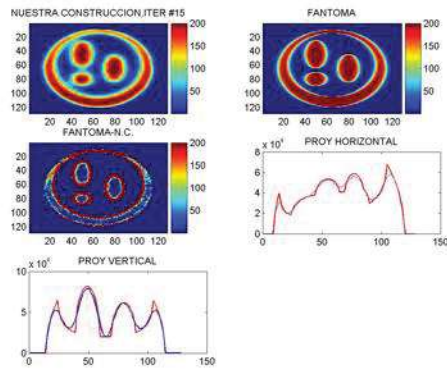


Figura 3.16:

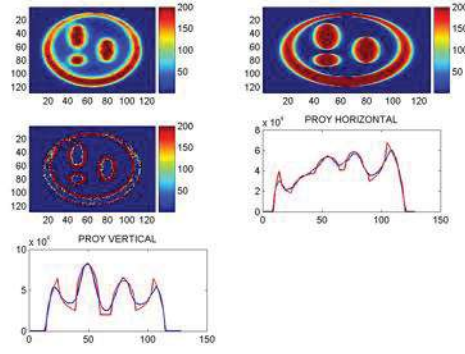


Figura 3.17:

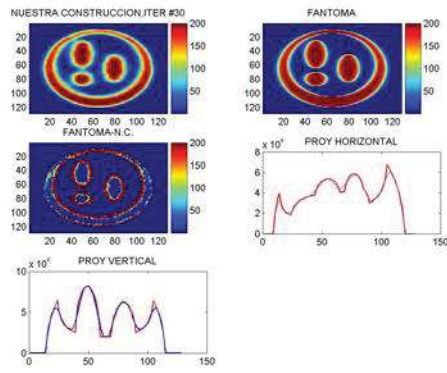


Figura 3.18:

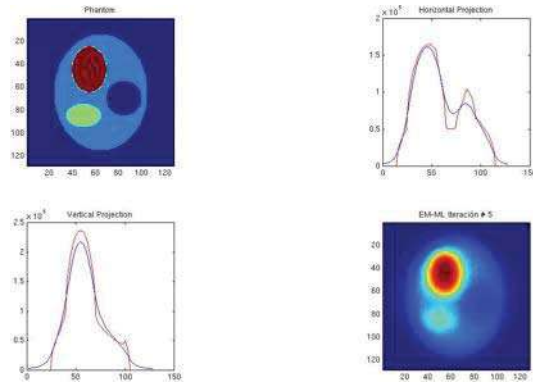


Figura 3.19:

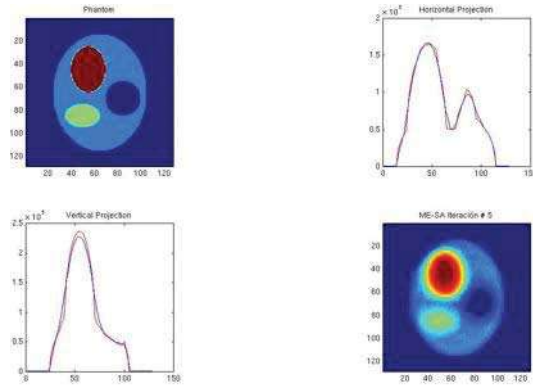


Figura 3.20:

las matrices del fantoma y la contrucción, en la siguiente línea aparecen dos figuras más que corresponden a las proyecciones verticales de las matrices (izquierda) y la última (a la derecha) es la contrucción con uno de los métodos descritos. Las figuras se observan por pares consecutivos con la intención de comparar los resultados para los dos métodos iterativos, primero se muestra el resultado para el clásico y le sigue el del método del gradiente propuesto en este trabajo de tesis. El número de iteraciones correspondiente a cada imagen se muestra en la parte superior de la construcción hecha con los métodos descritos arriba.

En la figura 3.25 se muestra el resultado de aplicar el método de retro-

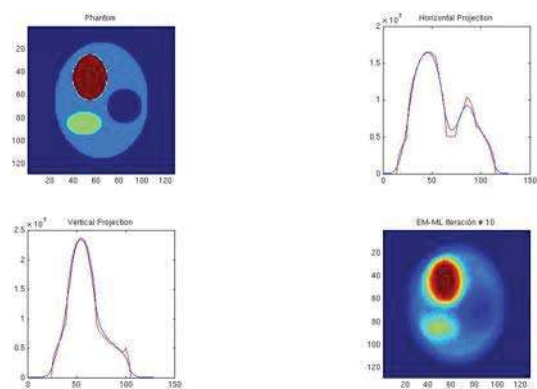


Figura 3.21:

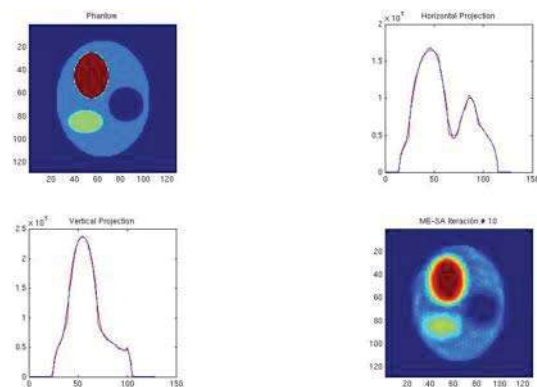


Figura 3.22:

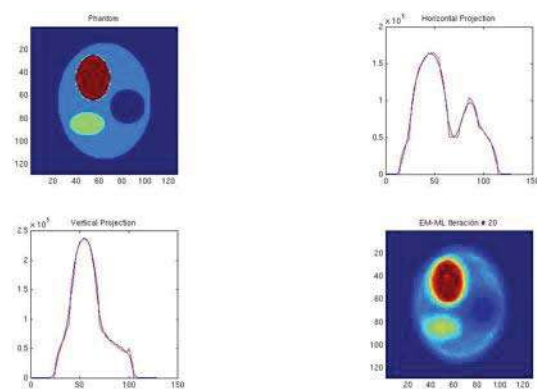


Figura 3.23:

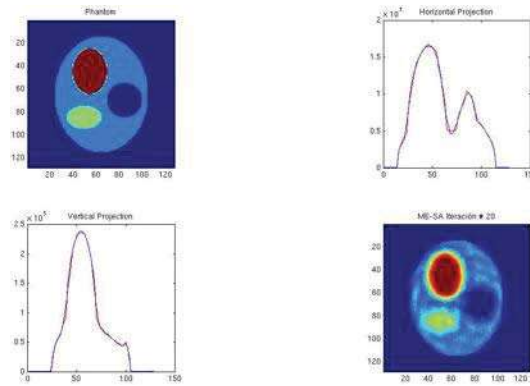


Figura 3.24:

proyecci3n filtrada al fantoma 2 con la intensi3n de destacar los artefactos "granulados" que aparecen en la imagen reconstruida, esto es debido al n3mero de rectas que se emplearon, cuando aumentamos este n3mero este m3todo mejora su calidad de imagen, de forma que si trabajaramos con una cantidad del orden de 10^{17} o m3s datos como los trabajos de rayos X tendríamos posiblemente el mejor m3todo para construcci3n de im3genes de los tres arriba descritos, sin embargo, en PET el orden de esta cantidad de informaci3n no esta muy lejano a 10^7 . La figura 3.26 muestra el mismo m3todo para cuando multiplicamos 4 veces aproximadamente el n3mero de eventos. En estas figuras se puede apreciar en forma visual la diferencia entre aplicar la transformada de Rad3n directamente al fantoma y hacerlo a los datos (gr3ficos superior derecha e inferior izquierda respectivamente).

Cuando buscamos comparar la velocidad de convergencia de varios m3todos conviene mostrar los resultados de las iteraciones en una sola gr3fica. En las gr3ficas de la figura 3.27 se puede apreciar la convergencia al m3ximo de la funci3n de similitud de los m3todos cl3sico y la propuesta de esta tesis (gradiente), los datos se presentan en sus logaritmos y normalizados son los valores para el fantoma 2. Adem3s se muestra la convergencia de ambos m3todos para la entropía con la 3nica intensi3n de hacer notar que la cantidad

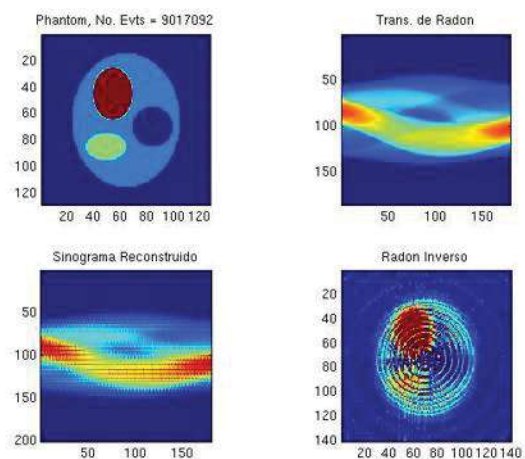


Figura 3.25:

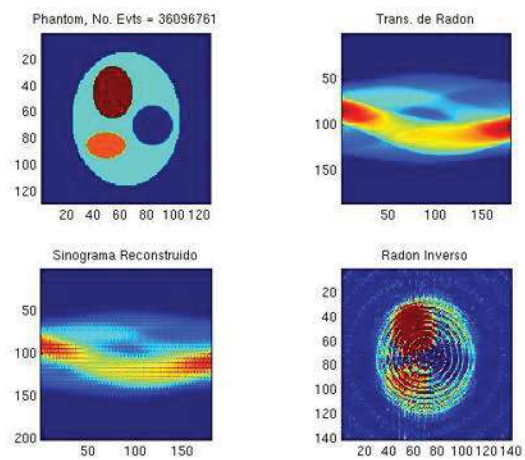


Figura 3.26:

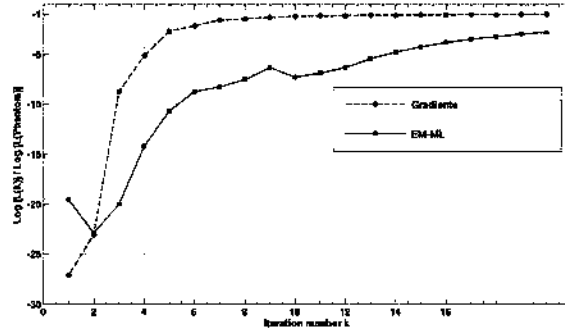


Figura 3.27:

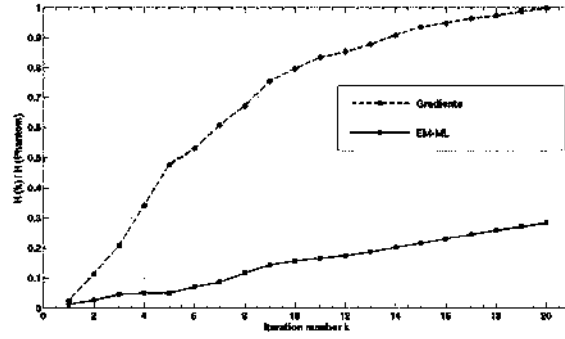


Figura 3.28:

de información también alcanza su máximo en forma diferente, aunque no se pretende ser en ningún sentido ser exhaustivo en este tema.

Capítulo 4

CONCLUSIONES

LOS PROGRAMAS QUE HE UTILIZADO PARA ESTUDIAR ESTOS MÉTODOS ASUMEN UNA COLIMACIÓN PEFECTA, NO HAY DISPERSIÓN, ES ENTONCES DIFÍCIL EMITIR ALGUN TIPO DE JUICIO RESPECTO A LA RAPIDEZ DE SUS CONVERGENCIAS DEBIDO A QUE ESTAS TÉCNICAS DE RECONSTRUCCIÓN SON MUY SENSIBLES A ESTOS EVENTOS , SIN EMBARGO, SE PUEDE APRECIAR QUE EL MÉTODO DEL GRADIENTE PARA MAXIMIZAR LA VEROSIMILITUD OFRECE UN CAMINO MAS RÁPIDO PARA ALCANZAR EL MÁXIMO DE LA FUNCIÓN, LOGRANDO UNA MEJOR CALIDAD DE IMAGEN EN UN NÚMERO MENOR DE ITERACIONES QUE EL MÉTODO CLÁSICO. AUNQUE EL NÚMERO DE OPERACIONES ES MAYOR EN EL PRIMERO, LA POSIBILIDAD DE REDUCIR EL TIEMPO SE HACE POSIBLE CON LA HERRAMIENTA DE SOFTWARE(Matlab) PARA MANEJAR MATRICES CON UN GRAN NUMERO DE CEROS, ESTA ASEVERACIÓN TIENE AUN QUE SOPORTARSE EN APLICACIONES CON DATOS REALES, PUES ESO ARROJARA INFORMACIÓN MÁS CONTUNDENTE DE LA RÁPIDES DEL MÉTODO DEL GRADIENTE.

Bibliografía

- [1] CURSO MODERNO DE CALCULO DE PROBABILIDADES".m. Denis-Papin, URMO S.A. , Edición (1997).
- [2] "INTRODUCCIÓN A LA TEORIA DE PROBABILIDADES E INFERENCIA ESTADÍSTICA". Harold J. Larson, LIMUSA (1978).
- [3] "INTRODUCCIÓN A LA TEORIA DE PROBABILIDADES Y SUS APLICACIONES". William Feller, LIMUSA Segunda Edición.
- [4] Kontaxakis G., Vaquero J. J. y Santos A.: Reconstrucción de imagen en tomografía por emisión de positrones (PET). Rev. R.Acad. Cienc.Exact. Fis.Nat. (Esp) 96(1-2): 45-57, 2002.
- [5] Herman, G. T. y Odhner, D.: Performance evaluation of an iterative image reconstruction algorithm for PET. IEEE Trans. Med. Imag.,10 (3):336-364, 1991.
- [6] Kyle Champley, Oregon State University: SPECT Reconstruccion Using the Expectation Maximization Algorithm and an Exact Inversion Formula
- [7] Rodney A.Brooks and Giovanni Di Chiro, Section on Neuroradiology, National Institute of Neurological and Communicative Disorders and Stroke, Bethesda, USA.: Principles of Computer Assisted Tomography (CAT) in Radiographic and Radioisotopic Imaging.

- [8] George Kontaxakis, Ludwing G. Strauss, Division of Oncological Diagnostics and Therapy, Medical PET Group-Biological Imaging, German Cancer Research Center, Heidelberg, Germany: An efficient implementation of the iterative ML-EM image reconstruction algorithm for PET on a Pentium PC platform.
- [9] Antonio V. Martínez Calvo, Eficacia diagnóstica y utilidad clínica de la tomografía por emisión de positrones (PET) en la recurrencia del cáncer de mama y ovario.
- [10] autores desconocidos, NASA Langley Research Center(NASA grant number NAS1-1847 tkas 49, Filtered Back-Projection Algorithm for Tomographic Image.