

sCT - working title

Christoffer Wadum Larsen

Lasse Ahlbech Madsen

22. april 2014

Indhold

1	Introduktion	2
1.1	Hvad er der skrevet om området	2
1.2	Hvad er målet med vores opgave	2
2	Teori	3
2.1	Kort introduktion til de forskellige type data og dannelse af disse.	3
2.2	Registrering	3
2.3	Attenuation correction	4
2.4	Artifakter i hjerner	4
2.5	Statistikgøjl	4
2.6	Arbejdsgangen	4
2.6.1	FullCT	5
2.6.2	Rekonstruktion	5
3	Metoden	6
3.1	Gaussian Mixture Model	6
3.1.1	At finde modellen	6
3.1.2	At udregne et sCT	6
3.2	Hvordan han vi valgt at implementere den	6
4	Praktisk	8
4.1	Registrering	8
4.1.1	Co-registrering af UTE og T1 billeder	8
4.1.2	Co-registrering af UTE og CT	8
4.1.3	Generering af maske	8
4.2	Metoden	8
4.3	Analyse af implementeringen	8
5	Afprøvning	9
5.1	Hvordan vil vi vurdere resultatet	9
5.2	Planlagte forsøg	9
5.2.1	Leave-one-out cross validation (LOOCV)	9
5.2.2	Udregn sCT til hjerner med artifakter trænet på hjerner uden artifakter	9
5.2.3	Udregn sCT til hjerner trænet på hjerner med artifakter	9

5.2.4	Over tid	10
5.2.5	Test på en masse	10
5.2.6	Hvorfor 20-gaussians?	10
5.3	Test og vurdering af sCT	11
5.4	Test og vurdering af sCT - FullCT	11
5.5	Sammenligning med standard CT og FullCT	11
6	Vurdering	12
6.1	Kvalitet	12
6.2	Problemer fx. Artifakter	12
6.3	Over tid	12
7	Konklusion	13

Gøremålsliste

■ Mangler at beskrive hvad der er sket på området	2
■ Læs	2
■ Læs	3
■ Skriv om PET effekt på MR. Mere om forskel på UTE-sekvenserne .	3
■ Mangler referencer i teori til registrering	3
■ Mangler der noget her?	3
■ Mangler at beskrive AC	4
■ Læs om artefakter	4
■ Mangler at beskrive statistikken	4
■ Overvej ordenen på næste 3 sections	4
■ Arbejdsgangen er ikke beskrevet	4
■ FullCT er ikke beskrevet. Snakker nærmere med Claes og justerer også i ovenstående snit	5
■ Rekonstruktion er ikke beskrevet. Skal snakke med et par folk. Hvor- dan det	5
■ Matematiske ekslemples	6
■ Gennemlæs	6
■ Beregning af sCT er ikke beskrevet	6
■ Læs	6
■ Der mangler referencer til registrering	8
■ Praktisk omkring metoden er ikke beskrevet	8
■ Analysen af implementeringen er ikke beskrevet	8
■ Beskriv joint histogram + mere	9
■ Renskriv, mere tekst, omdøb faldgrupper	9
■ Uddyb	9
■ Udfør LOOCV-forsøget	9
■ Vi mangler at teste sCT	11
■ Vi har ikke vurderet sCT	11
■ Vi mangler at teste sCT ved brug i FullCT	11
■ Vi har ikke vurderet sCT ved brug i FullCT	11
■ Sammenligning med standard CT mangler	11
■ Kvaliteten af vores implementering er ikke beskrevet	12
■ Har ikke skrevet om problemer i forhold til sCT	12
■ Har ikke beskrevet korrektheden over tid	12
■ Mangler at skrive konklusionen	13

1 Introduktion

1.1 Hvad er der skrevet om området

Mangler at beskrive hvad der er sket på området

1.2 Hvad er målet med vores opgave

Læs

Når en patient får foretaget en PET/MR skanning indeholder den kun information om de vandholdige legemer i kroppen. Derfor tager man også en CT for at attenuationskorrigere MR billederne. Der er flere problemer ved denne fremgangsmåde. For det første er at patienten skal flyttes rundt mellem flere skannere, hvilket koster resourcer og tid, derudover kan sammensætningen af de to skanninger, forårsage forringelser af billedkvaliteten og CT scanninger kan også være kræftfremkaldende.

Et forskningshold i Umeå har fundet en metode til at beregne et substitute-CT (sCT) fra PET/MR skanningen som kan erstatte CT skanningen. Metoden benytter 5 MRI sekvenser; fire UTE og en T2. Da vi ikke har T2 på alle patienter, benytter vi T1-vægtede sekvenser i stedet. Ved hjælp af MR sekvenserne og et CT billede trænes en parametriseret Gaussian mixture regression model, som kan bruges til at udregne et sCT for andre patienter.

Vores håb er at vi kan implementere samme metode til brug for Rigshospitalet. Vi vil desvidere undersøge korrektheden og kvaliteten af vores sCT for at se om det kan bruges klinisk.

2 Teori

2.1 Kort introduktion til de forskellige type data og dannelse af disse.

Læs

Skriv om PET effekt på MR. Mere om forskel på UTE-sekvenserne

Til metoden benyttes Magnetic resonance- (MR) og Computed tomography-billedsekvenser (CT). CT er en røngtenscanning, som måler evnen til at blokere stråling, hvilket har en direkte relation til elektrondensitet. Knoglen er meget tydelig i disse billeder. MR magnetiserer kroppen ganske svagt, når dette stoppes vil kroppens magnetisering bruge ganske kort tid på at gendannes, og der måles på denne for at kortlægge struktur.

Vi benytter 5 MR-sekvenser: T1, som måles efter kroppen har gendannet en vis mængde magnetisme, og derudover 4 Ultrashort echo time MR-sekvenser (UTE) taget fra 2 forskellige vinkler og varierende ekko tider. Når man sænker echo tiden betydeligt bliver det muligt at se knogle på MR billeder, men ikke med en præcision, som kan matche CT.

2.2 Registrering

Mangler referencer i teori til registrering

Billeder taget på PET/MR og PET/CT skannere kan som regelt ikke processeres sammen grundet flere faktorer. Patienten ligger sjældent præcis på samme måde, billederne bliver taget i forskellige opløsninger og patienten kan have implantater der forvrænger billederne og de ligger også i forskellige image spaces. For at klargøre billederne skal de derfor co-registreres.

Ved co-registrering forsøger man at få alle billederne til at ligge i samme rum. I forhold til MRI billederne er co-registrering ofte trivielt. At co-registrere et MRI og CT billede er derimod vanskeligere. Derfor har vi valgt to forskellige metoder.

I samme omgang som vi co-registrere billederne er vi interesserede også at finde en maske. Masken skal bruges til at begrænse udregningen af sCT billedet så vi ikke bruger lang tid på at lede efter knogle i luften rundt om patienten.

Mangler der noget her?

2.3 Attenuation correction

Ved PET billeder måles photonen fra materiale man har sprøjtet ind i blodet. Ved at se på hvor photonerne kommer fra kan man se hvor meget blod der flyder til forskellige steder. Det er særligt brugbart til at identificere kræftknuder i hjernen da kræftknuderne har et højere energiforbrug, og dermed får tilført mere blod kan man se hvor de er henne.

Normalt bruges et CT billede for at korrigere for afbøjninger, men det

Mangler at beskrive AC

2.4 Artifakter i hjerner

Artifakter i hjernen betegner mangler i MR-billederne. Ofte er de forårsaget af implantater i tænderne der forstyrrer magnetfelterne. På MR-billederne optræder de som sorte områder uden data.

I forhold til vores metode er der åbenlyse problemer ved både at træne med MR-billeder med artifakter eller udregne sCT-billeder fra MR-billeder med artifakter, eftersom der simpelthen ikke er nogen data at bruge.

Læs om artifakter

2.5 Statistikgøjl

Mangler at beskrive statistikken

Overvej ordenen på næste 3 sections

2.6 Arbejdsgangen

Arbejdsgangen er ikke beskrevet

På Rigshospitalet er fremgangsmåden med MR hjerneskanninger, at man også laver et CT scan. T1 billedet fra MR scanneren og CT co-registreres herefter og sammenlægges til et attenuationskorrigeret uMap kaldet FullCT. Derudover benyttes et Dixon uMap til at sætte dimensioner på det nye uMap. Dette rekonstrueres på hospitalets scanner.

2.6.1 FullCT

FullCT er ikke beskrevet. Snakker nærmere med Claes og justerer også i ovenstående snit

Det er noget funk

2.6.2 Rekonstruktion

Rekonstruktion er ikke beskrevet. Skal snakke med et par folk. Hvordan det

3 Metoden

3.1 Gaussian Mixture Model

3.1.1 At finde modellen

Vi bruger en mixtur af gaussians til at beregne voxel værdier for et sCT. For hver patient har vi 5 MR-billeder og 1 CT billede.

For at øge præcisionen udregner vi for hvert MR-billede to nye billeder. De nye billeder beregnes ved at se på en 3x3x3 kube omkring hvert voxel og finder henholdsvis middelværdi og varians.

Herefter har vi 15 MR-billeder og 1 CT-billede som vi vil klassificere med en mixtur af gaussians. Fra Johansson et al. ved vi at vi kan få gode resultater med 20 gaussiske fordelinger.

For at finde parametrene til hver gaussiske fordeling bruge vi Expectation-Maximization(EM) algoritmen. Vi starter EM algoritmen med tilfældige værdier for ikke at ramme et lokalt minimum. Herefter er det blot at udregne afstanden til hvert voxel-sæt og klassificere dem. Efter klassifikationen udregnes nye parametre for hver gaussiske fordeling.

Vi gentager herefter samme process indtil differencen imellem parametrene bliver små nok.

Matematiske eksempler

Gennemlæs

3.1.2 At udregne et sCT

Beregning af sCT er ikke beskrevet

3.2 Hvordan han vi valgt at implementere den

Læs

Til metoden benytter vi for hvert træningssæt et CT, en T1 vægtet MR-sekvens og 4 MR UTE-sekvenser. Vi benytter Insight Toolkit (ITK) til at udregne et billede med middelværdi og et med varians for hvert MR billede.

Disse henter vi ind i matlab, hvor vi benytter fitgmdist til at lave en gaussisk mixture fordelingsmodel. Med denne kan vi udregne et sCT ud fra

den samme slags MR-sekvenser vi brugte til at lave modellen, samt deres mean- og variansbilleder.

4 Praktisk

4.1 Registrering

Der mangler referencer til registrering

4.1.1 Co-registrering af UTE og T1 billeder

Til co-registrering af UTE og T1 billederne har vi valgt at bruge Insight ToolKit (ITK). Herfra benytter vi en implementation af Mattes Mutual Information algoritme samt lineær translation og interpolering.

4.1.2 Co-registrering af UTE og CT

Co-registrering af UTE og CT billeder er modsat UTE/T1 en ikke-triviell opgave. Vi har valgt en landmark baseret løsning fra MINC's toolkit

4.1.3 Generering af maske

Ligesom ved co-registrering bruge vi ITK for at udregne en maske. I første step bruger vi en implementering af Otsu thresholding algoritme for at finde en binær repræsentation. For at sikre vi ikke misser noget af kanterne udvider vi det binære billede vha. en neighborhood-connected algoritme med 2-3 pixel i x, y og z retningerne. Til sidst inverteres billedet og vi har dermed en binær maske vi kan bruge til at begrænse området sCT algoritmen arbejder på.

4.2 Metoden

Praktisk omkring metoden er ikke beskrevet

4.3 Analyse af implementeringen

Analysen af implementeringen er ikke beskrevet

5 Afprøvning

5.1 Hvordan vil vi vurdere resultatet

Beskriv joint histogram + mere

5.2 Planlagte forsøg

5.2.1 Leave-one-out cross validation (LOOCV)

Renskriv, mere tekst, omdøb faldgrupper

Fremgangsmåde Tag 5 hjerner. Træn på 4 og test på 1 og roter.

Uddyb

Forventning Vi forventer, at vores joint histogram bliver nogenlunde lineær.

Faldgrupper Billeder med artifakter kan forstyrre algoritmen.

Resultat

Udfør LOOCV-forsøget

5.2.2 Udregn sCT til hjerner med artifakter trænet på hjerner uden artifakter

Fremgangsmåde Træn på n hjerner test på m.

Forventning

Faldgrupper

Resultat

5.2.3 Udregn sCT til hjerner trænet på hjerner med artifakter

Fremgangsmåde Iterativt træn på et antal hjerner og introducer hjerner med artifakter. Sammenlign kvaliteten af sCT afhængigt af andelen af hjerner, som har artifakter.

Forventning At sCT's kvalitet forværes for hver introduceret hjerne med artifakt.

Faldgrupper

Resultat

5.2.4 Over tid

Fremgangsmåde Træn på gamle hjerner, test på ny hjerner. Og omvendt.

Forventning Forventningen er sCT af samme kvalitet, som dem ved LOOCV-forsøget.

Faldgrupper

Resultat

5.2.5 Test på en masse

Fremgangsmåde Iterativt træn på $n+1$ hjerner

Forventning Forventning er at efter 7-8 hjerner giver det ikke rigtig nogen kvalitetsforskel.

Faldgrupper Overfitting.

Resultat

5.2.6 Hvorfor 20-gaussians?

Fremgangsmåde Test på forskelligt antal gaussians og sammenlign resultaterne.

Forventning Vi forventer, at kvaliteten falder under 20, men at metoden kræver mere tid efter 20 uden betydelig forbedringer.

Faldgrupper Overfitting.

Resultat

5.3 Test og vurdering af sCT

Vi mangler at teste sCT

Vi har ikke vurderet sCT

5.4 Test og vurdering af sCT - FullCT

Vi mangler at teste sCT ved brug i FullCT

Vi har ikke vurderet sCT ved brug i FullCT

5.5 Sammenligning med standard CT og FullCT

Sammenligning med standard CT mangler

6 Vurdering

6.1 Kvalitet

Kvaliteten af vores implementering er ikke beskrevet

6.2 Problemer fx. Artifakter

Har ikke skrevet om problemer i forhold til sCT

6.3 Over tid

Har ikke beskrevet korrektheden over tid

7 Konklusion



Mangler at
skrive konklusionen