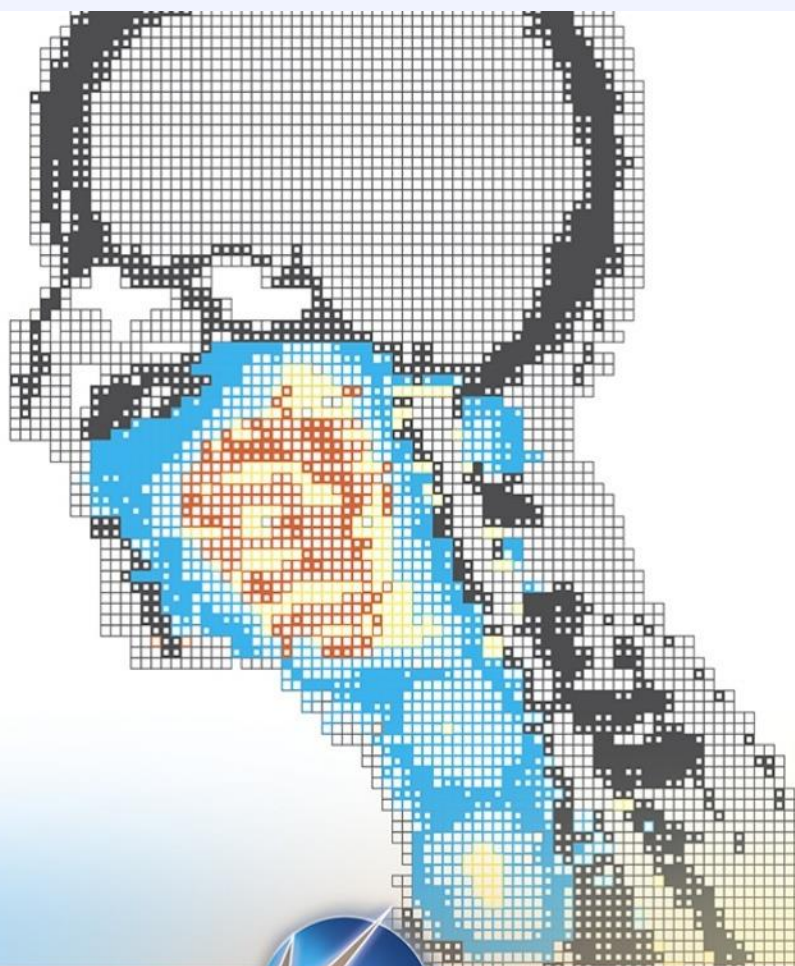


Qa从头到尾适应“每一束、每一段、每一次处理”



STANDARDIMAGING



完成质量保证连续体

DOSEVIEW" 3D

更好的硬件，更好的软件

更好的数据

在www上发现完整的qa解决方案。站ARDIMAGING.COM

三维CT阵列精确放射路径的快速计算

Robert L. Siddon
波士顿哈佛医学院放射治疗系和放射治疗联合中心，
麻萨诸塞州02115

(1984年8月7日收到;1984年11月13日接受发表)

计算机断层扫描(CT)数据在放射治疗中的各种应用已得到充分利用。例如，一些放射治疗计划系统现在在非均匀剂量计算算法中利用CT数据。在放射治疗成像应用中，CT数据被投射到指定的平面上，从而产生“x线片”，与模拟x线片进行比较，以帮助患者正确定位和描绘目标体积。所有这些应用都有一个共同的几何问题，即通过CT阵列评估放射路径。由于三维几何的复杂性和大量的CT数据，准确的评估放射路径已被证明是一个耗时和困难的问题。本文指出了传统的精确评估放射路径的低效方面，因为它将CT数据视为单个体素。本文提出了一种新的精确算法，该算法将CT数据视为由三个正交的等间距平行平面的相交体积组成。对于N3个体素的三维CT阵列，新的精确算法缩放为3N(平面数)，而不是N3(体素数)。该算法在带有浮点选项的VAX 11/ 780上以FORTRAN-77编码，计算1003体素阵列中的平均放射路径大约需要5 ms。

关键词:放射路径，不均匀性校正，CT

介绍

在放射治疗应用中，计算机断层扫描(CT)数据用于各种剂量计算和成像算法。例如，一些放射治疗计划系统现在利用二维CT数据进行基于像素的非均匀剂量计算。其他系统将三维CT数据向前投射到指定平面上，从而形成“x线片”，与模拟x线片进行比较，以帮助患者正确定位和描绘目标体积。所有这些应用，无论是非均匀性计算还是成像应用，本质上都归结为相同的几何问题:计算通过CT阵列的特定射线的放射路径。

虽然原理上非常简单，但要计算出精确的放射路径，需要复杂的计算机算法和大量的计算机时间。Harauz和Ottensmeyer最近强调了所涉及的细节量，他们指出，即使对于二维情况，他们计算精确放射路径的算法也变得越来越笨拙和耗时，同时仍然不可靠。对于三维情况，他们得出结论，确定精确的放射路径是不可行的。本文描述了一种精确、高效、可靠的三维CT阵列放射路径计算算法。

将特定体素密度表示为 $\rho(i,j,k)$ ，该体素所包含的长度表示为 $l(i,j,k)$ ，则放射路径可以写成

$$d = \sum \sum \sum (l(i,j,k) \rho(i,j,k)). \tag{1}$$

对Eq.(1)的直接评估需要一种算法，该算法随求和中的项数(即CT阵列中的体素数)进行缩放。下面描述了一种与CT阵列的线性尺寸之和进行缩放的算法。

方法

体素不是独立的元素，而是被视为等距平行平面的正交集的相交体积。在不失去一般性的情况下，图1说明了二维情况，其中像素被认为是等间距平行线的正交集的相交区域。计算射线与直线的交点，而不是射线与体的交点

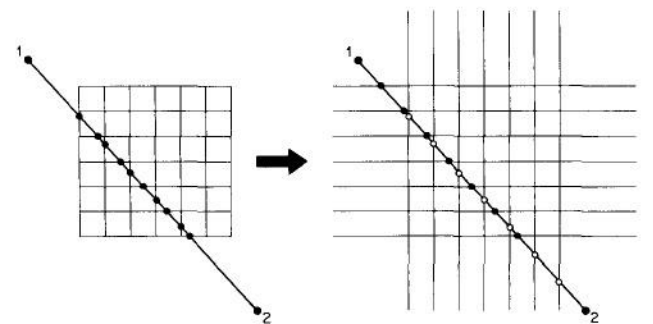


图1所示。CT阵列的像素(左)可以被认为是等距平行线(右)的正交集的交点区域。射线与像素的交点是射线与直线交点的一个子集。射线与直线的交点由两个等间距的集合给出:一组为水平线(填充圆)，另一组为垂直线(开圆)。推广到三维CT阵列是直截了当的。

单个像素。确定光线与等距平行线的交点是一个特别简单的问题。由于直线是等距的，所以只需要确定第一个交点，并通过递归生成其他所有交点。如图1右图所示，交点由两组组成，一组用于与水平线相交的交点(闭合圆)，另一组用于与垂直线相交的交点(开圆)。比较图1的左右插图，很明显，射线与像素的相交是与直线相交的一个子集。识别该子集可以确定放射路径。扩展到三维CT阵列是直截了当的。

从点1到点2的射线可以参数化地表示为

$$\begin{aligned} X(\alpha) &= X_1 + \alpha(X_2 - X_1), \\ Y(\alpha) &= Y_1 + \alpha(Y_2 - Y_1), \\ Z(\alpha) &= Z_1 + \alpha(Z_2 - Z_1), \end{aligned}$$

(2)

其中参数 α 在点1处为零，在点2处为单位。射线与CT阵列侧面的交点如图2所示。如果点1和点2都在阵列外[图2(a)]，则射线与侧面的两个交点对应的参数值由 α_{min} 和 α_{max} 给出。射线与各个平面的所有交点的参数值必须位于 $(\alpha_{min}, \alpha_{max})$ 范围内。对于图2(b)所示的情况，其中点1在数组内， α_{min} 的值为零。同样，对于图2(c)，如果点2在数组内部，则 α_{max} 为1。对于数组内的点1和点2[图2(d)]，则 α_{min} 为零， α_{max} 为1。射线与CT交点的解

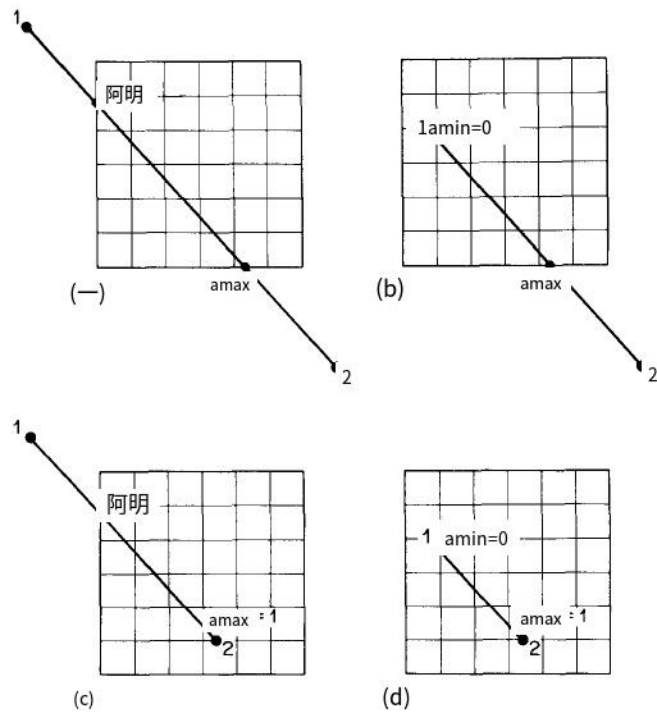


图2所示。min和amax定义了射线与CT阵列侧面相交时允许的参数值范围:(a)阵列外1和2, (b)阵列内1和2, (c)阵列外1和2, (d)阵列内1和2。

voxels紧随其后:在 $(\alpha_{min}, \alpha_{max})$ 范围内，确定射线与每组正交的等间距平行平面的参数交点值。将这三组参数值合并为一组;例如，对集合 $(1,4,7)$ 、 $(2,5,8)$ 和 $(3,6,9)$ 进行合并，得到的结果是合并后的集合 $(1,2,3,4,5,6,7,8,9)$ 。特定像素所包含的射线的长度，以射线长度为单位，就是合并集中两个相邻参数值之间的差。对于每个像素的相交长度，得到相应的像素指数，并对所有相交进行长度和密度的乘积求和，从而得到放射路径。下一节将对该算法进行更详细的描述。

算法

对于 $(N_x, -1, N_x, -1, N_x, -1)$ 体素的CT数组，等间距平行平面的正交集可以写成

$$\begin{aligned} X_{plane}(2) &= X_{plane}(1) + (2-1)d_x \quad (i=1 \dots N_x) \\ X_{plane}(j) &= X_{plane}(1) + (j-1)d_x \quad (j=1 \dots N_y) \\ Z_{plane}(k) &= Z_{plane}(1) + (k-1)d_z \quad (k=1 \dots n), \end{aligned}$$

(3)

式中 d_x ， d_y ，和 d_z ，分别是x、y、z平面之间的距离。量 d_x ， d_y ，和 d_z ，也是像素的边的长度。参数值 α_{min} 和 α_{max} 是由射线与CT阵列的侧面相交得到的。从方程式。(2)、(3)，各边对应的参数值为: $(X_2 - X_1) \neq 0$,

$$\begin{aligned} \alpha(1) &= [X_{plane}(1) - X_1] / (X_2 - X_1), \\ \alpha(N_x) &= [X_{plane}(N_x) - X_1] / (X_2 - X_1), \end{aligned}$$

(4)

相似的表达式 $\alpha(1), \alpha(N_x), \alpha(1)$ 和 $\alpha(N_y)$ 。如果式(4)中的分母 $(X_2 - X_1)$ 等于零，则射线垂直于x轴， α 的对应值没有定义， α 和 α 的对应值也类似。如果 α_x, α_y 或 α_z 的值没有定义，那么这些值在接下来的所有讨论中都被简单地排除。

根据上述参数值，量 α_{min} 和 α_{max} 由式给出

$$\begin{aligned} \alpha_{min} &= \max\{0, \min[\alpha(1), \alpha(N_x)], \\ &\quad \min[\alpha(1), \alpha(N_y)], \min[\alpha(1), \alpha(N_z)]\}, \\ \alpha_{max} &= \min\{1, \max[\alpha(1), \alpha(N_x)], \max[\alpha(1), \alpha(N_y)], \\ &\quad \max[\alpha(1), \alpha(N_z)]\}, \end{aligned}$$

(5)

其中函数min和Max分别从它们的参数列表中选择最小和最大项。如果 α_{max} 小于或等于 α_{min} ，则射线不与CT阵列相交。

在所有相交平面中，只有某些相交平面的参数值在 $(\alpha_{min}, \alpha_{max})$ 范围内。从方程式。(2)、(3)和(5)，对应于这些特定平面的索引(minmax)、(JminJmax)和(kmin,kmax)的范围由下面给出:如果 $(X_2 - X_1) > 0$,

min=Nx-[Xplane (Nx)-amin(X2-X1)- x,]/dx,
max ==1+ [X1 +amax(X2-X1)-Xplane (1)]/dx; (6)
if (X2-X)<0

min=Nx-[Xplane(N)-amax(X2-X)- xi]/dx,
max=1+[X1 +amin(2-X1)-Xplane (1)]/dx

与JminJmax Kmin和kmax类似的表达式
对于给定的索引(minmax), (minmax)和(kmin
skmax)范围, 射线与平面交点对应的参数值{ax},
{a, }和{a,)的集合如下:如果(X2-X)>0,
{ax}=(ax (x分钟. .a(max));

如果(X2-X) < 0,
{ax} = {ax(max),...,ax(min)},
在哪里
ax(i) = [Xplane (2) -X,]/(X2 - x1) =
ax(i - 1) + [dx/(X2 - x1)], 与{a, } 和{
α_}的表达式相似。

如Eq.(7)所示, 集合{a}、{a, }和{a, }都是按升序排列
的。每个集合中的每一项对应于射线与特定平面的交
点。射线与体素的交点是通过将集合{a, }, {a, }和
{a, }合并成一个集合来找到的。为了包括射线的一个
或两个端点可能在CT数组内的情况, 参数值amin和
amax被附加到合并的参数集。项amin> amax>和合
并集{ax}, {a, }和{a, }用集合{a}表示:

{a} = {amin,merge[{ax }, {a, },{a2}],amax }
= (α(0),...,α(n)), (8)

最后一项的指标n由
n=(maxmin +1)+(maxJmin +1)
+(kmax-kmin +1) +1.

(9)集合{a}中相邻的两个项表示射线与特定体素的
交点。对于两个交点m和m-1, 体素交点长度l
(m)由2(m) =d12[a(m)-a(m-1)] (m=1..,)给出, (10)

d1 2是点1到点的距离
4,
d12= [(X2 -X)2+(y - y)P+(Z2-Z)11/2 (11)

体素[i(m), j(m), k (m)]对应于交点m和m-1, 它包含两个交点
的中点。从方程式。(2)、(3)和(5),指数[我(m), j (m), k (m)]给出

ilm) =1+ [X +amid(X2-X)-Xplane (1)]/d,
im) =1+[Y+amia(Y2-Y)-Yplane(1)]/d,, (12)
k(m) =1+[Z +amid(Z2-Z)-Zplane (1)]/d2

其中amid由
Amid = [a(m) + a(m-1)]/2。 (13)

放射路径d [Eq.(1)]现在可以写成

$$D = \sum_{m=1}^{min} l(m) \rho[i(m), j(m), k(m)]$$
$$= d12 \sum_{m=1}^{min} [\alpha(m) - \alpha(m-1)] \rho[i(m), j(m), k(m)],$$
 (14)

其中n由式(9)给出, l (m)由式(10)给出,
指标[i(m), j(m), k (m)]由式(12)给出。

讨论

新的放射路径算法总结在图3的方框图中。对于一个典型问
题, 算法的每个部分所需的相对计算时间量由每个描述性
块右侧的各自百分比给出。新算法用FORTRAN-77编码,
在带有浮点选项的VAX 11/780上运行。目前, 还没有尝试
用机器语言优化代码或调整算法以在数组处理器上运行。
相反, 算法已经以文本中描述的直接方式进行了编码。

对于一个典型的剂量计算问题, 该算法的性能如图4所示。将
CT阵列设为具有N3体素的立方体。射线路径的第1点居中位于
阵列上方。在CT阵列内均匀分布213个点的内部计算网格, 对
应于射线路径的点2。得到每个点的平均计算时间t作为阵列大
小N的函数(图5), 平均时间t是计算的总时间

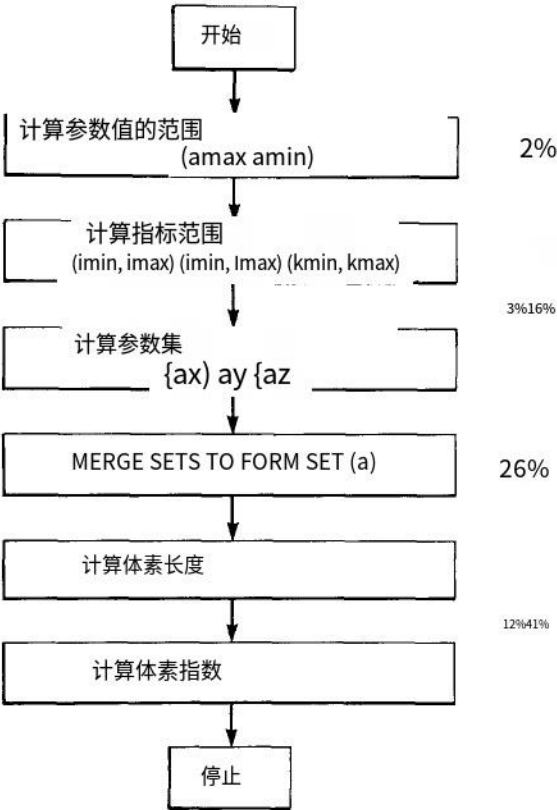


图3所示。计算三维CT阵列放射路径的新算法框图。百分比表示在算法的各个部分花
费的计算时间的相对量。

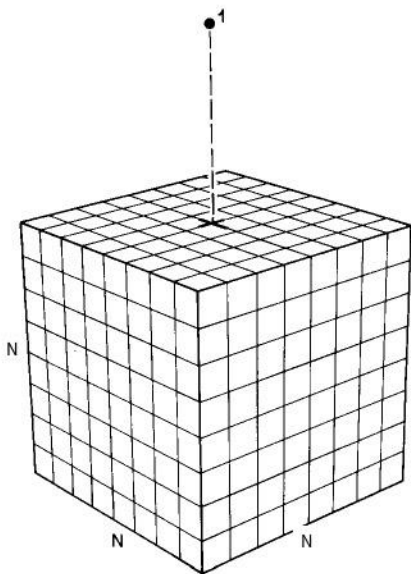


图4所示。在N3体素的CT阵列问题上，说明了新算法的性能。射线路径的点1位于CT阵列的中心上方。在CT阵列内均匀分布213个点的计算网格，对应于射线路径的点2。

所有213个点的放射路径除以点数。如图5所示，对于N3个体素的CT阵列，新算法缩放为N。

结论

本文提出了一种通过三维CT阵列计算射线精确放射路径的算法。该算法不是考虑CT阵列的单个体素，而是用等距平行平面的正交集计算射线的交点。对于N3体素的数组，考虑的是平面而不是

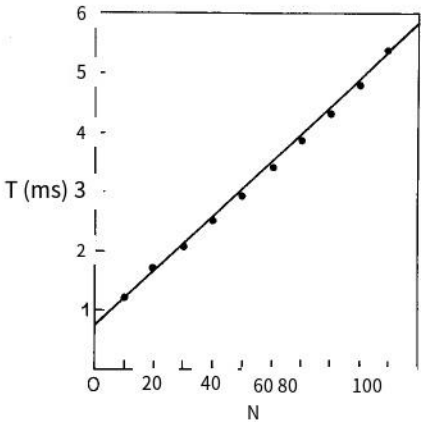


图5所示。图4中每个点的平均计算时间t作为数组大小n的函数，请注意，新算法的尺度是线性大小Nand，而不是体素数N3。

voxels允许算法根据平面的数量(与N成正比)而不是体素的数量(与N3成正比)进行缩放。这些交点被描述为沿着射线的参数值。射线与体素的交点作为射线与平面交点的子集得到。对于每个体素交点长度，获得相应的体素指数，并对所有交点求和相交长度和特定体素密度的乘积，以得到放射路径。该算法精确、高效、可靠，在计算机代码中实现特别简单。

本研究得到了美国国家癌症研究所公共卫生服务研究基金No. 1-P01-CA-34964的部分支持。
G. Harauz和F. P. Ottensmeyer, Phys. 医学。生物学。28,1419(1983)。